HAL open science

Ressources disponibles pour l'identification morphologique des tiques

Olivier Plantard

To cite this version:

Olivier Plantard. Ressources disponibles pour l'identification morphologique des tiques. 8ème réunion du Réseau Ecologie des Interactions Durables, Nov 2012, Saint-Gènes-Champanelle, France. hal-02747928

HAL Id: hal-02747928

https://hal.inrae.fr/hal-02747928

Submitted on 3 Jun 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.

Distributed under a Creative Commons Attribution - ShareAlike 4.0 International License

LA HUITEME REUNION DU GROUPE DE TRAVAIL

"TIQUES ET MALADIES A TIQUES"

AU SEIN DU "RESEAU ECOLOGIE DES INTERACTIONS DURABLES"

Espace Volcan, Saint-Gènes-Champanelle (Puy-de-Dôme) 15-16 novembre 2012

PROGRAMME SCIENTIFIQUE

Mercredi 14 novembre 2012 : Accueil des participants et repas Espace Volcan (Repas du soir entre 20H00 et 22H00)

Jeudi 15 novembre 2012

9h00h-9h10	Introduction	Déroulement et informations diverses
9h10-9H40	Atelier	RESSOURCES DISPONIBLES POUR L'IDENTIFICATION DES TIQUES (Olivier PLANTARD)
9h40-10h00	Communication	UN NOUVEL OUTIL D'INVESTIGATION EPIDEMIOLOGIQUE PERFORMANT POUR LA DETECTION DES AGENTS PATHOGENES VECTORISES PAR LES TIQUES (Lorraine MICHELET)
10H00-10h20	Communication	ESTIMATION BAYESIENNE DU TAUX D'ECHANTILLONNAGE ET DE LA TAILLE DE LA POPULATION DES TIQUES A L'AFFUT PAR LA METHODE DU DRAPEAU (Séverine BORD)
10h20-10h50	**Pause café**	
10H50-11h10	Communication	FIABILITE DE LA COLLECTE D'IXODES RICINUS AU DRAPEAU SUR LA VEGETATION (Albert AGOULON)
11h10-11h30	Communication	PROJETS ENTOMOLOGIQUES PREVUS AU SEIN DU CENTRE DE REFERENCE « BORRELIA » POUR LE PLAN 2012-2015 (Nathalie BOULANGER)
11h30-12h00	Discussion	GROUPE DE TRAVAIL SUR LAV ET TIQUES : NECESSAIRE OU PAS ? (Sarah BONNET)
12h00-13h30	**Déjeuner**	
13h30-14h30	**Balade digestif**	
14h30-14h50	Communication	STRUCTURE DES POPULATIONS ET CIRCULATION DES PATHOGENS CHEZ LES TIQUES DU COMPLEX ORNITHODOROS CAPENSIS (Karen McCOY)
14h50-15h10	Communication	STRUCTURE GENETIQUE DES POPULATIONS DE LA TIQUE AFRICAINE DU BETAIL RHIPICEPHALUS (BOOPHILUS) DECOLORATUS EN AFRIQUE AUSTRALE. (Anais APPELGREN)
15h10-15h30	Communication	COMPOSITION DE LA COMMUNAUTE D'HOTES ET EVOLUTION DE LA SPECIALISATION CHEZ LA TIQUE *IXODES RICINUS* (ACARI, IXODIDAE) (Elsa LEGER)

15h30-15h50	Projet de thèse	THE EFFECT OF PATHOGENS ON THE HOST CHOICE OF VECTORS AND THE FIRST LINE OF HOST DEFENSE, USING TWO STRAINS OF THE BORRELIA SENSU LATO COMPLEX AS A MODEL SYSTEM (Nikolas HUBER)
15h50-16h20	**Pause café**	
16h20-16h40	Communication	LES TAMIAS DE SIBERIE (TAMIAS SIBIRICUS BARBERI) INTRODUITS CONTRIBUENT PLUS AU RISQUE DE LA BORRELIOSE DE LYME QUE LES RONGEURS NATIFS (Gwenael VOURC'H)
16h40-17h00	Communication	EFFETS DE L'IMMUNITÉ ACQUISE SUR LA TRANSMISSION PAR CO-FEEDING D'UNE DES BACTÉRIES RESPONSABLES DE LA MALADIE DE LYME, BORRELIA AFZELII. (Maxime JACQUET)
17h00-18h30	Actualités	Discussion du livre «Tiques et maladies-à-tiques en France : Biologie, écologie, évolution et épidémiologie » -organisation, dates limites, etc
18h30-20h00		Apéro

Vendredi 16 novembre 2012

9h00-9h20	Communication	IDENTIFICATION DE FACTEURS DES GLANDES SALIVAIRES D'IXODES RICINUS IMPLIQUES DANS LA TRANSMISSION DE BARTONELLA HENSELAE (Xiang Ye LIU)
9h20-9h40	Communication	IDENTIFICATION DE CANDIDATS VACCINS CONTRE LA BABESIOSE OVINE DANS LE CADRE DU PROJET EUROPEEN FP7 KBBE PIROVAC : INTERET DE RAP-1 (RHOPTRY-ASSOCIATED-PROTEIN 1) (Quingli NUI)
9h40-10h00	Communication	SALIVE DE TIQUES, IMMUNITÉ DES HÔTES ET ALLERGIES (Jean-Claude GEORGE)
10h00-10h20	Communication	ETUDE DU MODELE FILAIRE LITOMOSOIDES SIGMODONTIS (ONCHOCERCIDEA) AU STADE L3 DANS SON HÔTE INTERMEDIARE *ORNITHONISSUS BACOTI* (ACARIEN DE LA FAMILLE DE MACRONYSSIDEA) (Adélaïde NIEGUITSILA)
10h20-10h50	**Pause café**	
10h50-11h10	Communication	EXPOSITION DES BOVINS AUX MALADIES TRANSMISES PAR LES TIQUES ET PRATIQUES DE PATURAGE (Suzanne BASTIAN)
11h10-11h30	Communication	DETECTION DE COXIELLA BURNETII DANS DES POUSSIERES ET DES TIQUES PRELEVEES DANS UN ELEVAGE OVIN AYANT SUBI DES AVORTEMENTS IMPUTES A LA FIEVRE Q (Elsa JOURDAIN)
11h30-11h50	Communication	EPIDEMIOLOGIE DE L'ENCEPHALITE A TIQUES EN ALSACE : ETUDE DE LA SEROPREVALENCE DU VIRUS TBE CHEZ LES MICROMMAMIFERES (Franck BOUE)
12h00-14H00	**Déjeuner**	
14h00-14h20	Communication	SERODIAGNOSTIC DE LA BORRELIOSE DE LYME AU CHU DE RENNES (Brigitte DEGEILH)

14h20-14h40	Communication	ÉTUDE DE LA DIFFERENCIATION ENTRE LES POPULATIONS DU COMPLEXE D'ESPECE BORRELIA BURGDORFERI INFECTANT TROIS ESPECES DE PETIT MAMMIFERES EN FORET DE SENART (Maude PITHON)
14h40-15h00	Communication	STRUCTURATION DU PROJET PATHO-ID : PATHOBIOME DES RONGEURS ET DE LEURS TIQUES (METAPROGRAMME INRA MEM) (Gwenaël VOURC'H)
15h00-16H00	Discussion générale	Congrès et revues concernant les TMT ; Mis à jour du site web ; Planification de la prochaine réunion, autres…
16h00-16h30	**Pause Café**	
16h30-18h00	Groupes de discussion	Rédaction d'articles, Montage des projets, …

RESUMES

RESSOURCES DISPONIBLES POUR L'IDENTIFICATION MORPHOLOGIQUE DES TIQUES

Olivier PLANTARD
UMR 1300 INRA-Oniris « Biologie, Epidémiologie et Analyse de Risques en santé animale », Ecole Nationale Vétérinaire, Agroalimentaire et de l'Alimentation Nantes Atlantique (Oniris), Atlanpole, La Chantrerie, B.P. 40706, F-44307 Nantes

Même si quelques outils moléculaires existent déjà (ou sont en cours de développement), l'identification morphologique de tiques collectées *in natura* constitue bien souvent l'étape préalable aux différentes investigations que nous réalisons sur nos acariens préférés. Dans un premier temps, nous rappellerons pourquoi cette étape est si cruciale pour la qualité des travaux qui vont en découler. Puis nous passerons en revue, avec un regard critique, les principales ressources disponibles (ouvrages, identiciels…) pour réaliser ces identifications morphologiques, en nous focalisant principalement sur la faune européenne (et plus superficiellement sur d'autres continents). Finalement, nous évoquerons d'autres ressources potentiellement utiles pour la systématique comme des sites internet de dépôts de clichés (Morphbank) ou de ressources bibliographiques anciennes (comme le « Literature Retrieval System » du site américain de l'Armed Forces Pest management Board…).

UN NOUVEL OUTIL D'INVESTIGATION EPIDEMIOLOGIQUE PERFORMANT POUR LA DETECTION DES AGENTS PATHOGENES VECTORISES PAR LES TIQUES

Lorraine MICHELET[1], Sabine DELANNOY[2], Anna ASPAN[3], Mikael JUREMALM[3], Jan CHIRICO[3], Rene BØDKER[4], Kirstine KLITGAARD SCHOU[4], Thomas Peter BOYE PIHL[4], Fimme VAN DER WAL[5], Patrick FACH[2], Sara MOUTAILLER[1]
[1] UMR BIPAR, Laboratoire de Santé Animale, ANSES, France ; [2] Plateforme IdentyPath, Laboratoire de Sécurité des Aliments, ANSES, France; [3] Département de Bactériologie, SVA, Suède ; [4] Institut National Vétérinaire, DTU, Danemark ; [5] Département de Bactériologie, CVI, Pays-Bas

A l'échelle mondiale, les tiques transmettent une plus grande variété d'agents pathogènes (environ 60 bactéries, 30 parasites et un peu plus de 100 virus) comparativement aux autres groupes d'arthropodes vecteurs. Environ un tiers de ces agents pathogènes sont responsables de zoonoses. Classiquement, la recherche d'agents pathogènes est dépendante de l'espèce de tique collectée : un panel restreint est recherché en partant des données existantes quant à la compétence vectorielle de l'espèce de tiques étudiée vis-à-vis de certains agents pathogènes présents dans la région de collecte. Le développement d'un outil d'investigation épidémiologique permettant de détecter dans chaque échantillon de tique (individuelle ou en pool), un panel d'agents pathogènes zoonotiques (ou non) est indispensable à une meilleure surveillance épidémiologique de ces agents ainsi qu'à la surveillance de l'émergence potentielle de certaines maladies en France (ou en Europe), au sein de différentes espèces de tiques.

Nous avons développé une première puce à PCR temps réel haut débit (BioMark™ dynamic arrays, Fluidigm corporation) ciblant des agents pathogènes de distribution mondiale transmis par les tiques. Un couple d'amorces et une sonde spécifique ont été dessinés pour chaque agent pathogène et leur spécificité a été vérifiée *in silico* à l'aide du logiciel Blast. Dans un premier temps, nous avons ciblé 31 agents pathogènes et 5 espèces de tique. La sensibilité de chaque couple d'amorce et sonde a été testée vis-à-vis

d'une gamme de dilution d'un échantillon de référence de l'agent pathogène ciblé sur un LightCycler 480. La spécificité a ensuite été testée sur une plaque BioMark™.

A ce jour, 31 couples d'amorces et de sonde ont été validés : (i) 5 espèces de tiques ((*I. ricinus, I. persulcatus, I. hexagonus, D. marginatus, D. reticulatus*) (ii) 4/5 *Borrelia* (*B. garinii, B. afzelii, B. valaisiana, B. lusitaniae*), 3/3 *Anaplasma* (*A. phagocytophilum, A. marginale, A. platys*), 3/3 *Ehrlichia* (*E. ewingii, E. chaffeensis, E. ruminatium*), 2/7 *Rickettsia* (*R. helvetica, R. rickettsii*) plus le spotted fever group, 3/3 *Bartonella* (*B. henselae* avec 2 designs, *B. quitana, B. bacilliformis*), *Francisella tularensis* et FLEs (2/2), 2 designs pour *Coxiella burnetii* et (iii) 3/4 *Babesia* (*B. divergens, B. canis, B. vogeli*) and 2/3 *Theileria* (*T. parva, T. annulata*).

Ce système de puce représente un outil d'investigation épidémiologique innovant pour la surveillance des maladies transmises par les tiques. En plus de présenter de nombreux avantages : nombre de réactions élevé sur de faibles volumes, gain de temps non négligeable, et spécificité envers les cibles permettant un screening efficace pour la surveillance épidémiologique ; un tel outil nous permettra : (1) de déterminer les agents pathogènes transmis par les tiques déjà présents sur le territoire français, (2) d'évaluer les maladies émergentes ou ré-émergentes en France, (3) de surveiller l'apparition de nouveaux agents pathogènes.

ESTIMATION BAYESIENNE DU TAUX D'ECHANTILLONNAGE ET DE LA TAILLE DE LA POPULATION DES TIQUES A L'AFFUT PAR LA METHODE DU DRAPEAU

Séverine BORD[1], Gwenaël VOURC'H[1], Patrick GASQUI[1], Pierre DRUILHET[2]
[1] *Unité d'Epidémiologie Animale (UR346), Centre INRA de Theix, 63122 Saint Genès Champanellle*
[2] *Laboratoire de mathématiques, UMR CNRS 6620, Université Blaise Pascal, 63177 Aubière CEDEX, France*

L'efficacité d'échantillonnage des tiques *Ixodes ricinus* à l'affût par la méthode du drapeau est connue pour être variable selon les conditions de prélèvement ; pour autant, celle-ci n'est que peu étudiée et jamais prise en compte dans les modèles de densité de tiques. Cette imperfection de la méthode du drapeau a pour conséquence d'augmenter la variabilité des observations ce qui a pour effet de diminuer la puissance des tests, i.e. la capacité de mettre en évidence un facteur de risque alors qu'il existe. Cette variabilité accrue des observations est classiquement prise en compte dans les modèles de densité par l'ajustement empirique d'une distribution binomiale négative.

L'objectif de notre travail est d'estimer le taux d'échantillonnage de la méthode du drapeau et la taille de la population de nymphes à l'affût de la zone échantillonnée. Pour cela, nous avons réalisé des prélèvements successifs sur une même zone de 10m² à des intervalles de temps entre prélèvements fixés. Afin de tester l'hypothèse d'activation de la population à l'affût par les prélèvements successifs, deux intervalles de temps ont été testés : 2min30 et 60 min.

Deux campagnes de prélèvements ont été réalisées en septembre 2011 et mai 2012 dans la forêt de Sénart. Nous avons échantillonné 61 et 58 zones de 10m² toutes les 2min30 en septembre 2011 et en mai 2012 respectivement. Lors de ces deux périodes nous avons également échantillonné 30 et 32 zones toutes les 60min.

Ces observations sont en cours de modélisation par une approche bayésienne. A terme, l'objectif est double : (1) déterminer la part de la variabilité des observations d'abondance de tiques due à la variabilité du taux d'échantillonnage de la méthode du drapeau, (2) prendre en compte les facteurs responsables de cette variabilité dans la modélisation de l'abondance des tiques.

FIABILITE DE LA COLLECTE D'*IXODES RICINUS* AU DRAPEAU SUR LA VEGETATION.

Albert AGOULON[1,2], **Olivier RAOUX**[1,2], **Benjamin VAH**[1,2]
[1]*LUNAM Université, UMR 1300 BioEpAR, Nantes, F-44307, France*
[2]*Oniris, UMR 1300 BioEpAR, Nantes, F-44307, France*

Les collectes de tiques au drapeau sont couramment utilisées depuis longtemps (Macleod, 1932), principalement dans le but d'estimer des densités de tiques. Néanmoins, les efforts de standardisation de la méthode sont très récents (Vassallo et al., 2000), et les connaissances sur son efficacité et sur sa répétabilité sont très limitées (Tälleklint-Eisen et Lane, 2000 ; Daniels et al., 2000) voire inexistantes pour *Ixodes ricinus*.
Au printemps 2011, nous avons mené une étude de terrain pour tester la fiabilité de la collecte d'*Ixodes ricinus* au drapeau (à savoir l'efficacité et la répétabilité d'un passage unique du drapeau), au sein d'une exploitation bovine laitière proche de Nantes sélectionnée pour la présence abondante de cette espèce de tique. Quarante six transects de 10 m^2 ont été choisis dans des zones *a priori* favorables à *Ixodes ricinus* : bordures de pâtures adjacentes à un boisement, ou intérieur du boisement. Sur chaque transect, un drapeau en flanelle de 1 m^2 (1 m x 1 m) a été tiré à 0,5 m/s sur 10 m de longueur. Les tiques présentes sur le drapeau ont été récupérées et stockées pour identification et comptage ultérieur. Le passage du drapeau a été immédiatement répété sur la même zone selon le même protocole, et ainsi de suite jusqu'à accumuler 20 passages successifs sur un transect. Pour chaque passage (n°1 à n°20 sur un transect), les 3 stades d'*Ixodes ricinus* ont été comptés (larves, nymphes, adultes). L'évolution des comptages a ensuite été analysée sur chacun des 46 transects.
Les résultats ont été les suivants :
a) Pour les nymphes, principal stade d'intérêt, le premier passage a correspondu dans 70% des cas au plus fort comptage. Après 20 passages, l'épuisement n'a parfois pas été total (comptage n°20 non nul dans 37% des cas, principalement pour les plus fortes densités de nymphes au premier passage), même si très peu de nymphes ont été dénombrées sur les derniers comptages : nous avons ainsi considéré que le cumul des 20 comptages représentait correctement le nombre total de nymphes à l'affût, ce qui nous a permis de calculer l'efficacité d'un passage unique du drapeau (= comptage n°1 / cumul des 20 comptages). Cette efficacité a varié principalement de façon aléatoire entre 0 et 50%, avec une moyenne de 26%. La présence d'une litière de feuilles mortes a amélioré légèrement cette efficacité : moyenne de 30% sur une litière de feuilles mortes contre 20% sur l'herbe.
b) Parmi les 21 transects qui ont présenté des adultes, seulement la moitié (10 transects) ont révélé ce stade au premier passage.
c) Parmi les 11 transects qui ont présenté des larves, seulement la moitié (6 transects) ont révélé ce stade au premier passage.

PROJETS ENTOMOLOGIQUES PREVUS AU SEIN DU CENTRE DE REFERENCE « *BORRELIA* » POUR LE PLAN 2012-2015

Nathalie BOULANGER
Faculté de pharmacie de Strasbourg et CNR Borrelia

Depuis le 1er janvier 2012, le centre de référence « *Borrelia* » est regroupé en totalité à Strasbourg pour ses missions en diagnostic de borréliose humaine chez l'homme et en entomologie médicale. Nous prévoyons au cours des 5 années à venir, de faire un nouveau bilan de la densité de tiques en Alsace par rapport à l'étude réalisée en 2003-2004. Nous souhaitons analyser plus précisément le rôle des biotopes en collaboration avec l'ONF (Office national des Forêts) et grâce à son référentiel des types forestiers en Alsace. Nous souhaitons également analyser le rôle de la faune sauvage (rongeurs et cervidés) en collaboration avec l'ANSES. Enfin, nous avons débuté un suivi mensuel de la population de tiques dans un site donné. Ce site sera suivi sur 5 ans afin de mesurer son évolution en population de tiques comme ce qui est fait depuis plusieurs années en Suisse. Les données obtenues en Alsace devraient être comparées à

d'autres prélèvements qui seront faits dans les Alpes puis en Normandie, le but étant d'analyser le rôle du climat et de l'altitude sur la densité des tiques et de leurs pathogènes.

Enfin, nous poursuivons notre recherche fondamentale sur le rôle de l'interface cutanée dans la transmission de *Borrelia* notamment le rôle de l'immunité innée de la peau, sur le rôle des différentes cellules de la peau dans la latence cutanée. La salive de tique est également étudiée comme déterminant clef dans la transmission de *Borrelia*.

STRUCTURE DES POPULATIONS ET CIRCULATION DES PATHOGENS CHEZ LES TIQUES DU COMPLEX ORNITHODOROS CAPENSIS

Karen D. McCOY[1], A. BARBARO[1], J. MORRIS-POCOCK[1], E. GOMEZ-DIAZ[2], J. GONZALEZ-SOLIS[3], R. GARNIER[4], T.BOULINIER[4]
1 MIVEGEC UMR 5290 CNRS/IRD UM1 UM2, Centre IRD Montpellier, France
2 Institut de Biologia Evolutiva (CSIC-UPF), Barcelona, Spain
3 Dept Animal Biology, University of Barcelona, Spain
4 CEFE UMR 5175 CNRS, Montpellier, France

La capacité des oiseaux à disperser des agents pathogènes à de grandes échelles spatiales est maintenant bien reconnue. Ces patrons de dispersion sont relativement faciles à comprendre dans le cas des maladies à transmission directe, mais deviennent plus compliqués pour les maladies à transmission vectorielle car ils ne dépendent pas seulement de la présence d'un hôte susceptible, mais aussi d'un vecteur compétent. Parmi les oiseaux, les oiseaux marins coloniaux sont les plus mobiles, mais on en connait peu sur la circulation des agents pathogènes associés à ces oiseaux à différentes échelles spatiales. Ici, nous avons examiné la structuration des populations de tiques molles (famille Argasidé) qui exploitent fréquemment des oiseaux marins dans des zones tropicales et tempérées, les tiques du complexe *Ornithodoros capensis* sensu lato. Nous mettons cette structuration en liaison avec la prévalence et la diversité d'une bactérie associée à ce système, un agent de la fièvre récurrente, pour mieux comprendre comment les déplacements des oiseaux de mer affectent la dispersion des vecteurs et la circulation des maladies associées.

STRUCTURE GENETIQUE DES POPULATIONS DE LA TIQUE AFRICAINE DU BETAIL RHIPICEPHALUS (BOOPHILUS) DECOLORATUS EN AFRIQUE AUSTRALE.

Anaïs APPELGREN[1], Valérie NOEL[1], Mirko BERGGOETZ[2], Anne-Marié PRETORIUS[3], Michel de GARINE-WICHATITSKY[4], Lise GERN[2], Christine CHEVILLON[1].
[1] MIVEGEC UMR 5290 CNRS/IRD UM1 UM2, Centre IRD Montpellier, France
[2] Univ Neuchâtel, UniMail, Institut de Biologie, Laboratoire d'écologie et évolution des parasites, Rue Emile-Argand 11, CH-2000 Neuchâtel, Suisse
[3] Univ Free State, Fac Hlth Sci, Sch Med, Natl Hlth Lab Serv,Dept Med Microbiol & Virol, Bloemfontein, South Africa
[4] UPR AGIRs, CIRAD, Harare 99, Zimbabwe

Nous avons étudié la structure génétique des populations de la tique africaine du bétail *Rhipicephalus (Boophilus) decoloratus* à l'interface faune sauvage/faune domestique. Le polymorphisme de marqueurs microsatellites sur ds échantillons de l'état du FreeState (République d'Afrique du Sud) nous a permis de mettre clairement en évidence la coexistence de deux entités génétiques distinctes au sein de l'espèce *Rhipicephalus decoloratus*. Bien que cette espèce soit considérée comme un parasite généraliste, les deux entités génétiques discriminées par le polymorphisme microsatellites tendent à différencier les tiques prélevées sur des hôtes bovins de tiques prélevées sur la faune sauvage. Nous discuterons plus avant du

caractère plus ou moins généraliste à l'aide de résultats complémentaires obtenus sur un échantillonnage de tiques prélevées au Zimbabwe sur impalas et bovins domestiques d'un même ranch.

STRUCTURE DE LA COMMUNAUTE D'HOTES ET EVOLUTION DE LA SPECIALISATION CHEZ LA TIQUE GENERALISTE *IXODES RICINUS*

Elsa LEGER, Valérie NOEL & Karen D. McCOY

MIVEGEC UMR 5290 IRD CNRS UM1 UM2, Centre IRD, Montpellier

Le niveau de spécialisation des parasites vis-à-vis de leurs hôtes peut fortement modifier la nature et l'issue de l'interaction. Lorsque les parasites sont eux-mêmes vecteurs de microparasites, leur capacité à s'adapter à de nouveaux hôtes, et leur réponse aux changements dans la structure de la communauté d'hôtes peut avoir des conséquences importantes sur la dynamique et l'évolution de leurs populations, mais aussi sur le maintien et la propagation en populations naturelles des microparasites qu'ils transmettent. Bien que les maladies à transmission vectorielle impliquent fréquemment des vecteurs pouvant exploiter différentes espèces hôtes sympatriques, on connait encore très mal le potentiel des vecteurs à se spécialiser en races d'hôtes et encore moins l'impact de telles spécialisations sur le risque de transmission des pathogènes. Une première étape pour mieux appréhender l'importance de ce phénomène sur l'évolution, l'écologie et l'épidémiologie des systèmes vectoriels est d'étudier les patterns de structuration génétique associée à l'hôte à travers différentes populations de vecteurs.

Nous avons utilisé cette approche pour étudier le système hôte-vecteur-pathogène impliquant la tique Ixodes ricinus, ses divers hôtes vertébrés et les bactéries responsables de la maladie de Lyme chez l'Homme (*Borrelia burgdorferi* sensu lato). Précédemment, des niveaux significatifs de structuration génétique entre des tiques d'individus hôtes différents et de types d'hôtes différents ont été observés, mais seulement dans certaines communautés d'hôtes. Afin d'identifier les facteurs pouvant être responsables des variations observées dans les patterns de spécialisation d'hôte, nous avons combiné des échantillonnages sur le terrain dans différentes populations de tiques et des analyses moléculaires basées sur 14 marqueurs microsatellites. Nous supposons que les communautés d'hôtes établies depuis plus longtemps et plus stables devraient montrer des patterns de divergence associée à l'hôte plus forts que les communautés perturbées ou plus récemment colonisées. Nos résultats révèlent un schéma complexe de l'adaptation des parasites dans le paysage européen. Comme les changements au niveau du paysage ont des effets directs sur la composition des communautés d'hôtes, nos résultats devraient nous aider à prévoir les conséquences de ces changements sur la dynamique des populations de vecteurs et le risque de maladies.

THE EFFECT OF PATHOGENS ON THE HOST CHOICE OF VECTORS AND THE FIRST LINE OF HOST DEFENSE, USING TWO STRAINS OF THE BORRELIA SENSU LATO COMPLEX AS A MODEL SYSTEM.

Nikolaus HUBER[1] & **Maarten VOORDOUW**[1]

[1] *Université de Neuchâtel, UniMail, Institut de Biologie, Laboratoire d'écologie et évolution des parasites, Rue Emile-Argand 11, CH-2000 Neuchâtel, Suisse*

For vector-borne diseases, the prevalence of the pathogen is influenced by the host choice of the vector. In numerous vector-pathogen systems the competence of the host for the pathogen and the host preference of the vector are aligned suggesting extensive coevolution. In Europe there are several genospecies of *Borrelia burgdorferi sensu lato*, which are specialized on different vertebrate hosts: *B. afzelii* seems to be specialized on rodent hosts whereas the genospecies *B. garinii* is specialized on avian hosts. Their tick

vector *Ixodes ricinus* transmits both and feeds on avian and rodent hosts alike. The host specificity of the *Borrelia* genospecies is therefore clearly at odds with the "catholic" feeding preferences of the tick vector. To ensure its transmission to the correct host, it would be adaptive for the *Borrelia* genospecies to manipulate the host-seeking behavior of its tick vector. Recent studies showed that tick behavior is influenced by infection with *Borrelia*. In this project we will use a laboratory host choice experiment to test whether Borrelia genospecies that are locally adapted to different host species can manipulate the host choice of their tick vector to maximize their transmission success.

Whereas our main questions are focusing on the effect of *Borrelia* onto its tick vector, we will also look at the dynamics of early immune reactions of the host, being confronted with invading Spirochetes transmitted via their tick vector. Due to the continuous threat from parasites, hosts have evolved a wide array of adaptions to avoid initial parasite infection. Once a parasite was able to transcend the very first barriers of the host, Neutrophil Granulocytes constitute the "first line of defense". Previous papers have shown that Neutrophils play a critical role in controlling infection by *Borrelia* and the shaping of immune responses in general. Besides various hydrolytic enzymes and antimicrobial polypeptides activated leucocytes are able to release reactive oxygen- (and nitrogen-) species, described as oxidative burst. Using a relatively new method called Leukocyte Coping Capacity we will investigate into the dynamics of the capability of Neutrophils challenged with *Borrelia* infection to produce an oxidative burst in vivo.

LES TAMIAS DE SIBERIE (TAMIAS SIBIRICUS BARBERI) INTRODUITS CONTRIBUENT PLUS AU RISQUE DE LA BORRELIOSE DE LYME QUE LES RONGEURS NATIFS

Maud MARSOT[1,2], Jean-Louis CHAPUIS[2], Patrick GASQUI[1], Anne DOZIERES[2], Sébastien MASSEGLIA[1], Benoit PISANU[2], Elisabeth FERQUEL[3], Gwenaël VOURC'H[1]

[1] *INRA, UR 346 Epidémiologie animale, 63122 Saint Genès Champanelle, France.*

[2] *Muséum National d'Histoire Naturelle, Département Ecologie et gestion de la biodiversité, UMR 7204 MNHN-CNRS-P6, 61 rue Buffon, CP 53, 75231 Paris Cedex 05, France.*

[3] *Institut Pasteur, Centre National de Référence des Borrelia, 25-28 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15, France.*

La variation de la diversité des communautés d'hôtes réservoirs peut modifier le risque de maladies impliquant ces espèces. En particulier, l'introduction d'une espèce potentiellement réservoir peut augmenter le risque de maladie, en agissant comme un réservoir supplémentaire et/ou en amplifiant la circulation des agents pathogènes chez les réservoirs autochtones. L'objectif de notre étude était de quantifier la contribution d'une espèce introduite, le tamia de Sibérie (*Tamias sibiricus barberi*), au risque de la borréliose de Lyme, et de comparer cette contribution à celle des réservoirs rongeurs natifs et reconnus de cette maladie, le campagnol roussâtre *Myodes glareolus* et le mulot sylvestre *Apodemus sylvaticus*. La contribution au risque associé à la borréliose de Lyme a été approchée en estimant le nombre de nymphes infectées produites par ha et par jour, pour chaque espèce. Nous avons estimé les contributions à partir des densités saisonnières d'animaux, des taux d'infestation par les tiques et des taux d'infection par *B. burgdorferi* sl, entre 2007 et 2010 pour le tamia et entre 2007 et 2008 pour le campagnol et le mulot. Le tamia était beaucoup plus infesté par *I. ricinus* et infecté par *B. burgdorferi* sl, que les rongeurs natifs. Il a produit plus de nymphes infectées à l'affût que le campagnol et le mulot, pouvant peut-être accroitre ainsi le risque de Borréliose. La contribution du tamia a varié entre années suivant l'effectif de la population, et selon les saisons suivant la disponibilité en tiques. Sa forte contribution pourrait augmenter ainsi le risque pour l'homme.

EFFETS DE L'IMMUNITE ACQUISE SUR LA TRANSMISSION PAR CO-FEEDING D'UNE DES BACTERIES RESPONSABLES DE LA MALADIE DE LYME, *BORRELIA AFZELII*.

Maxime JACQUET & Maarten VOORDOUW.

Université de Neuchâtel, UniMail, Institut de Biologie, Laboratoire d'écologie et évolution des parasites, Rue Emile-Argand 11, CH-2000 Neuchâtel, Suisse.

Au sein du complexe d'espèce de *Borrelia burgdorferi* sensu lato, *Borrelia afzelii* se distingue particulièrement par un type de transmission supplémentaire voire complémentaire de la systémique, le cofeeding. Dans ce type de transmission, les pathogènes sont transmis lorsque des tiques non-infectées se nourrissent en même temps et à proximité de tiques infectées. Comme c'est le cas pour le virus de l'encéphalite à tique, ce mode de transmission pourrait avoir comme fonction d'éviter la réponse immunitaire adaptative d'un hôte ayant déjà rencontré ce pathogène.

Pour tester cette hypothèse, nous avons choisi une approche nécessitant la fabrication de protéines recombinantes spécifiques à certaines souches de *B. afzelii*, celles-ci ayant des dynamiques de transmission différentes. En effet, les protéines de surface OspC étant variables entre les différentes souches, l'immunisation à base de protéines recombinantes s'avère spécifique. Grâce à ces immunisations, nous souhaitons déterminer si la transmission par co-feeding est toujours possible pour la souche concernée.

A l'aide d'infections expérimentales sur des souris de laboratoire vaccinées (immunisées) et non vaccinées, nous testerons l'effet des différents vaccins mis en place face à leur souche cible mais aussi en tests croisés. La transmission par cofeeding à courte et longue distance sera testée entre les nymphes infectées et des larves saines au moment de l'infestation.

Si la vaccination des hôtes réservoirs à partir d'OspC réduit la transmission systémique et non celle par co-feeding, cette stratégie favorisera les souches compétentes pour le co-feeding. Ces changements induits par la vaccination pourraient influencer la dynamique de transmission des bactéries via la fixation des souches se transmettant par cofeeding et modifier les risques de transmission de la maladie de Lyme pour l'homme.

IDENTIFICATION DE FACTEURS DES GLANDES SALIVAIRES D'IXODES *RICINUS* IMPLIQUES DANS LA TRANSMISSION DE *BARTONELLA HENSELAE*

Xiang Ye LIU, Martine COTE, Muriel VAYSSIER-TAUSSAT, Sarah BONNET
USC INRA Bartonella-Tiques (UMR BIPAR ENVA-ANSES-UPEC), Maisons-Alfort, France

Ixodes ricinus est l'espèce de tique la plus répandue en Europe de l'ouest. Elle est responsable de la transmission de beaucoup d'agents pathogènes importants en santé publique et vétérinaire comme des *Bartonella* spp., *Babesia* spp, *Borrelia* spp, *Rickettsia* spp, *Anaplasma* spp ou encore virus de l'encéphalite à tique (TBE). Connaître l'expression différentielle des gènes de la tique au niveau des glandes salivaires lors de la transmission d'agents pathogènes revêt une très grande importance pour la compréhension des interactions entre l'agent et son vecteur. L'expression différentielle des gènes dans les glandes salivaires (GS) de femelles *I. ricinus* en réponse à une infection par *Bartonella henselae*, a été analysée en comparant les transcriptomes de GS de tiques infectées (Bir-SG) avec celui de GS de tiques non-infectées (NIR-SG) par séquençage en 454 et HiSeq2000. Le séquençage a généré 454 24539 isotigs qui représentent environ 27 millions bases. La comparaison des transcriptomes de Bir-SG et NIR-SG ont montré que, en présence de la bactérie, 839 isotigs étaient sur-exprimés, et 517 isotigs étaient sous-exprimés. Les recherches d'homologie de séquences ont permis de mettre en évidence un certain nombre de gènes déjà connus quand d'autres ne présentent aucune homologie avec les séquences présentes dans les banques de données. Parmi les gènes de fonction connue, 9 familles ont été identifies : BPTI/Kunitz family of serine protease inhibitors, Tick Histamine Binding Proteins, Salp15 super-family proteins, Zinc-dependent metalloprotease, Arthropod defensins, Microplusin proteins, Anti-complement proteins, Collagen-Like Salivary secreted Peptide et Heat Shock Proteins. Parmi ces gènes, 5 ont été sélectionnés pour une étude plus appronfondie : trois correspondant aux plus sur-exprimés lors de l'infection bactérienne (BPTI/Kunitz, Salp15 super-family), et deux autres qui sont sous-exprimés lors de l'infection bactérienne (Tick Salivary Peptide Group-1 (TSGP-1), arthropod defensins) et leur expression validées par RT-PCR quantitative. Les ARNm correspondant à ces protéines ont été clonés et des protéines

recombinantes synthétisées. L'immunisation de souris avec ces protéines est actuellement en cours afin de générer des anticorps spécifiques. Lors de la dernière année de thèse, le potentiel vaccinal des protéines recombinantes correspondant aux gènes sélectionnés sera évalué dans le modèle souris, et des expériences de RNA interférence seront réalisées afin de valider leur implication dans la transmission des bartonelles. Cette étude correspond à la première analyse des transcriptomes des tiques en réponse à une infection par *B. henselae* et suggère l'existence de mécanismes moléculaires spoécifiques impliqués dans l'infection, la multiplication et la transmission des agents pathogènes par les tiques.

IDENTIFICATION DE CANDIDATS VACCINS CONTRE LA BABESIOSE OVINE DANS LE CADRE DU PROJET EUROPEEN FP7 KBBE PIROVAC : INTERET DE RAP-1 (RHOPTRY-ASSOCIATED-PROTEIN 1)

Qingli NIU[1], **Jordan MARCHAND**[1], **Claire BONSERGENT**[1], **Guiquan GUAN**[2], **Hong YIN**[2], **Emmanuelle MOREAU**[1], **Laurence MALANDRIN**[1]

[1]*Oniris/INRA, UMR1300 BioEpAR Biology, Epidemiology and Risk Analysis in animal health, F-44307 Nantes, France*

[2]*LVRI, Lanzhou Veterinary Research Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences, China*

Le projet Pirovac est un projet européen (2010-2014) dont le but est d'améliorer et de développer des vaccins contre la theilériose et la babésiose des petits ruminants. Il regroupe 15 participants de 11 pays différents. Outre l'amélioration de vaccins atténués existants et l'approfondissement des connaissances sur les mécanismes de l'atténuation et de la réponse immunitaire contre ces parasites, une part importante est réservée dans ce projet à la recherche de candidats vaccins, en s'adressant aux protéines impliquées dans l'invasion de l'érythrocyte, dans l'objectif de développer des vaccins recombinants. Dans l'UMR BioEpAR, nos travaux portent sur 3 espèces de *Babesia* impliquées dans des cas de babésiose dans différents pays, notamment la Chine : *B. ovis*, *Babesia* sp. BQ1 et *Babesia* sp. Xinjiang. Etant donné nos résultats précédents sur *B. divergens*, la famille RAP-1 nous a semblé être un candidat d'intérêt : il s'agit d'une protéine impliquée dans le processus d'invasion des érythrocytes et des anticorps monoclonaux anti-RAP-1 inhibent la croissance du parasite d'environ 85%. Les travaux sur cette protéine sont complexes en raison du caractère multigénique de cette famille. Les résultats obtenus jusqu'ici portent sur les deux espèces chinoises, *Babesia* sp. BQ1 et *Babesia* sp. Xinjiang.

Chez *Babesia* sp. BQ1, trois types de gènes *rap-1* ont été identifiés. Nous les avons nommés *rap-1a*, *rap-1b* et *rap-1c* en raison de leur forte homologie avec ceux décrits chez *B. bigemina*, parasite du bovin. L'organisation de ces gènes au niveau du locus est également comparable à celle décrite chez *B. bigemina* : plusieurs copies de *rap-1a* intercalées avec des copies du gène *rap-1b*, et le gène *rap-1c* en fin de locus. Toutefois, la présence de 3 loci différents sur le génome est fortement suspectée. Comme chez *B. bigemina*, le gène *rap-1b* est parfaitement conservé. Deux groupes de gènes *rap-1a* proches sont distingués, avec au moins 4 gènes qui ne se différencient que par 3 mutations ponctuelles dans l'un de ces groupes. Les analyses d'expression de ces gènes sont en cours afin de déterminer la cible la plus pertinente. Une analyse du polymorphisme de ces gènes sera menée sur plusieurs souches et espèces proches pour rechercher les zones conservées et ensuite analyser leur intérêt vaccinal.

Chez *Babesia* sp. Xinjiang, seul le gène *rap-1a* est présent, avec au moins 17 copies différentes. Le très fort polymorphisme de ce gène est limité à une portion du gène, et nous avons identifié une zone très conservée de 900 pb dont nous allons évaluer l'intérêt vaccinal.

SALIVE DE TIQUES, IMMUNITÉ DES HÔTES ET ALLERGIES.

Jean-Claude GEORGE

Médecin généraliste, Souilly, France.

Les tiques sont des arthropodes hématophages qui ont la particularité de se gorger lentement pour parvenir à réplétion et assurer leur cycle biologique. L'ancrage de leur robuste hypostome et l'injection de salive les exposent à de vives réactions de défense des hôtes vertébrés qu'ils parasitent. En effet, dès le début de leur co-évolution avec les tiques, les vertébrés ont perfectionné leur système hémostatique et leur immunité en raison de la pression de sélection qu'elles exercent. De leur côté, pour contourner ces défenses, les tiques ont été obligées de se doter de moyens de plus en plus sophistiqués : elles ont enrichi leur salive de quantité de substances possédant des propriétés analgésiques, vasodilatatrices, anti-hémostatiques et immunomodulatrices. Le rôle favorisant de ces substances dans la transmission d'agents pathogènes est maintenant bien connu, par contre on commence seulement à reconnaître et à étudier les allergies qu'elles occasionnent. Nazario S. *et al*. ont montré en 1998 que l'infestation répétée de cobayes naïfs par des larves et des nymphes d'*Ixodes scapularis* exemptes d'agents pathogènes conduisait à la réduction de durée du temps de fixation de tiques venant se gorger ultérieurement. Chez l'homme, la morsure provoque fréquemment de simples réactions locales, mais des réactions allergiques sont possibles, retardées ou immédiates qui peuvent aller jusqu'à l'anaphylaxie. Tout récemment, un nouveau type d'allergie a été identifié suite à l'observation de cas survenant dès la première administration de cetuximab, un anticorps monoclonal recombinant chimérique homme-souris. Il a pu être montré que la salive de différentes espèces de tiques dont *I. ricinus*, entraîne la production d'immunoglobulines E contre le galactose-alpha-1,3-galactose (α-Gal). Cette glycoprotéine est présente dans le cetuximab, on la trouve aussi dans la viande rouge et les abats des mammifères (primates exceptés), dans leur lait, leurs phanères et leurs déjections, ainsi que dans la gélatine. L'allergie se traduit par des urticaires prurigineuses et des anaphylaxies dans les minutes qui suivent l'administration intraveineuse d'Erbitux® ou dans les 3 à 6 heures après ingestion ou l'inhalation d'α-Gal.

ETUDE DU MODELE FILAIRE *LITOMOSOIDES SIGMODONTIS* (ONCHOCERCIDEA) AU STADE L3 DANS SON HÔTE INTERMEDIARE *ORNITHONISSUS BACOTI* (ACARIEN DE LA FAMILLE DE MACRONYSSIDEA)

Adélaïde NIEGUITSILA[1,2], Laurent GAVOTTE[2], Roger FRUCTOS[3], Catherine MOULIA[2], Nathaly LHERMITTE-VALLARINO[1], Odile BAIN[1], Coralie MARTIN[1]
[1] *UMR 7245 MCAM MNHN CNRS, UMR 7205 OSEB MNHN CNRS Muséum National d'Histoire Naturelle*
[2] *UMR5554 Institut des sciences de l'évolution de Montpellier, Université Montpellier 2*
[3] *UMR17- Cirad –Ird, Montpellier*

Dans la nature, la transmission d'une filaire est biologique car elle réalise une partie de son cycle dans un vecteur (hôte intermédiaire), avant d'être transmise à l'hôte définitif lors d'un repas sanguin. Le vecteur naturel de Litomosoides sigmodontis est l'acarien Ornithonyssus bacoti, appartenant aux arthropodes ectoparasites hématophages. Cet acarien est principalement utilisé expérimentalement afin d'obtenir les stades infestants.

Dans ce projet, l'infection des acariens par la filaire a été analysée. Un modèle expérimental de gorgement des acariens infestés sur souris a été mis au point. Il a permis de montrer une excellente efficacité d'inoculation des larves infestantes à l'hôte définitif. De plus la reproduction des acariens n'est pas affectée par l'infection par la filaire. L'observation journalière des acariens infectés a mis en évidence que les microfilaires contenues dans le sang effectuent leurs mues à l'extérieur de l'hémocèle, cavité constitutive du corps de l'acarien où la digestion du sang a lieu. 9 à 12 jours après le gorgement, les larves infestantes réapparaissent dans l'hémocèle. La transmission se fait via les pièces buccales de l'arthropode. Sa salive exerce alors sur la peau de l'hôte vertébré des actions diverses : vasodilatatrices, antiagrégants plaquettaires, anticoagulantes, immunomodulatrices et antidouleurs. Plusieurs composants peuvent effectuer la même action et un même composant peut en effectuer plusieurs. Une récupération des

produits d'excrétion des acariens dans une solution saline (8% NaCl) a été réalisée. Les protéines qu'ils contiennent ont été dosées et sont plus nombreuses chez les acariens non infectés. Des cultures de cellules présentatrices d'antigènes (APC) ont été réalisées et stimulées par ces produits excrétés. Puis, des cytokines et chimiokines sont en cours de dosage par ELISA sur leurs surnageants.

Les résultats semblent indiquer que, lors du gorgement des acariens infectés, les larves infestantes ont quasi totalement été inoculées à l'hôte vertébré, et que les excrétions protéiques des acariens contaminés sont différentes de celles des acariens sains.

EXPOSITION DES BOVINS AUX MALADIES TRANSMISES PAR LES TIQUES ET PRATIQUES DE PATURAGE.

Guillaume DERAM & Suzanne BASTIAN[1]
[1]UMR 1300 Oniris-INRA Biologie Epidémiologie et Analyse de Risques, Atlanpole La Chantrerie CS 40706, 44307 Nantes cedex 03 - France

Les agro-écosystèmes bocagers ont évolué ces 50 dernières années vers une diminution globale et une fragmentation des haies et des surfaces boisées. En parallèle, les usages des sols ont été intensifiés, avec une part plus ou moins importante des terres dévolues au pâturage, dans les zones d'élevage bovin. La sensibilité du bétail aux maladies transmises par les tiques est fonction de l'âge, de l'abondance des tiques à l'affut, du niveau de prévalence des agents transmissibles dans ces tiques et de l'exposition antérieure des animaux. Le risque de maladie due à des agents transmis par les tiques chez les bovins peut ainsi varier fortement en fonction des pratiques de conduite du pâturage et du contexte paysager.

Ces pratiques ont été étudiées par enquête directe auprès de 15 agriculteurs, dans une zone bocagère de l'Ille et Vilaine (Ouest de la France) ayant des caractéristiques paysagères contrastées. L'enquête a également visé à connaître les perceptions des éleveurs vis-à-vis du danger de maladies transmises par les tiques et les mesures de prévention pratiquées. Une analyse spatiale quantitative de la conduite du pâturage et des caractéristiques paysagères des parcelles a été faite sur Système d'Information Géographique dans ces 15 élevages. Cette étude s'inscrit dans un projet de recherche national (ANR Oscar) visant à cartographier le risque de transmission des maladies transmises par les tiques (Babésiose, Anaplasmose et Borréliose) en fonction des caractéristiques du paysage proche.

Les principaux résultats permettent, sans surprise, de conclure à une présence sporadique des deux maladies Babésiose et Anaplasmose à *Anaplasma phagocytophilum* sur la zone d'étude. La première maladie est bien connue des éleveurs et survient dans un contexte paysager de prairies à risque, mais principalement sur des animaux adultes naifs par rapport à la maladie (récemment introduits dans le troupeau ou n'ayant jamais pâturé sur la zone). La gestion des cas et la prévention n'engendrent que rarement des modifications drastiques dans la conduite du pâturage. Celle-ci semble, de fait, être favorable à une prévention des cas de maladie, grâce à l'entretien régulier et les clôtures en pied de haie, ainsi que par l'utilisation préférentielle des pâtures à risque par les jeunes animaux.

DETECTION DE *COXIELLA BURNETII* DANS DES POUSSIERES ET DES TIQUES PRELEVEES DANS UN ELEVAGE OVIN AYANT SUBI DES AVORTEMENTS IMPUTES A LA FIEVRE Q

Elsa JOURDAIN[1], Karine LAROUCAU[2], Jennifer MAÏANO[1], Valérie POUX[1], Raphaël MASSOT[3,4], Elisabeth LEPETITCOLIN[5], Luc CHABANNE[4], Lionel ZENNER[3,4] & Elodie ROUSSET[6]
[1.] INRA UR346, Saint Genès Champanelle, France
[2.] ANSES Unité Zoonoses Bactériennes, Maisons-Alfort, France

[3.] *Laboratoire de Biologie et Ecologie Evolutive, Lyon, France*
[4.] *VetagroSup, Marcy l'Etoile, France*
[5.] *UNICOR, Millau, France*
[6.] *ANSES Laboratoire National de Référence Fièvre Q, Sophia-Antipolis, France*

La fièvre Q est une zoonose qui provoque des troubles de la reproduction chez les ruminants domestiques. L'agent étiologique est une bactérie intracellulaire (*Coxiella burnetii*) qui a été détectée chez une large gamme d'espèces de mammifères domestiques et sauvages, d'oiseaux, de reptiles et d'arthropodes. La souche de référence Nine Mile ayant été isolée d'une tique *Dermacentor andersoni* aux Etats-Unis en 1935, la fièvre Q est historiquement décrite comme une maladie vectorielle transmise par les tiques. La compétence vectorielle a été expérimentalement démontrée pour quelques espèces de tique des genres *Dermacentor*, *Ixodes*, *Haemaphysalis* et *Hyalomma*. La transmission de la fièvre Q peut également se faire par voie directe ou indirecte par inhalation de poussières contaminées notamment par des pseudospores très résistantes dans l'environnement. La voie aérienne est aujourd'hui considérée comme la voie principale de transmission de la maladie à l'homme et entre animaux d'élevage. Toutefois, les investigations épidémiologiques de terrain étant rares dans les élevages infectés, il est possible que le rôle des tiques dans la transmission et la persistance de la maladie soit sous-estimé. Dans cette étude, nous avons suivi, pendant 7 mois, l'excrétion de *C. burnetii* chez 10 brebis ayant avorté à l'automne 2010 et évalué en parallèle la contamination des bâtiments d'élevage en effectuant des prélèvements d'air et de poussières. La bactérie a également été recherchée chez des micromammifères capturés à l'automne 2011 ainsi que sur des tiques collectées sur les brebis et les chiens de l'élevage ou prélevées à l'affût dans les pâtures au printemps et à l'automne 2011. La présence de *C. burnetii* était recherchée par réaction de polymérisation en chaîne (PCR) par amplification du gène IS1111 en utilisant le kit *ADIAVET® COX REALTIME* (Adiagène) pour les prélèvements effectués sur les brebis et les micromammifères, et le kit *TAQVET Fièvre Q Fèces et Environnement®* (LSI) pour les poussières et les tiques. *C. burnetii* était toujours détectable dans les bâtiments en juillet 2011 bien que l'excrétion par les brebis soit devenue négligeable à partir d'avril. Les 97 micromammifères dont la rate ou les poumons ont été testés en PCR étaient négatifs et aucun des 82 individus testés en sérologie avec le kit *ID Screen Q fever Indirect Multi-species* (IDVet) n'était porteur d'anticorps spécifiques. *C. burnetii* a par contre été détecté sur 10 des 60 tiques (genres *Ixodes* et *Dermacentor*) collectées à l'affût (1/41) ou sur des animaux de l'élevage (9/19). Des analyses PCR complémentaires sur l'ADN 16s sont en cours pour mieux caractériser les coxielles détectées chez les tiques.

EPIDEMIOLOGIE DE L'ENCEPHALITE A TIQUES EN ALSACE : ETUDE DE LA SEROPREVALENCE DU VIRUS TBE CHEZ LES MICROMMAMIFERES

Gérald UMHANG[1], Elodie DEVILLERS[2], Jean-Michel DEMERSON[1], Christophe CAILLOT[1], Jacqueline SCHAEFFER[1], Marie MOINET[1], Philippe DESPRES[4], Yves HANSMANN[3], Sara MOUTAILLER[2] et Franck BOUE[1]
[1] *Unité de Pathologie de la Faune Sauvage, Laboratoire de la rage et de la faune sauvage, ANSES Nancy, France; gerald.umhang@anses.fr*
[2] *UMR BIPAR, USC BIPAR, Laboratoire de Santé Animale de Maisons-Alfort, ANSES, INRA , ENVA, UPEC, France;*
[3] *Service des Maladies Infectieuses et Tropicales, Nouvel Hôpital Civil, Strasbourg, France;*
[4] *Unité Interactions Moléculaires Flavivirus-Hôtes, Institut Pasteur Paris, France.*

Le Flavivirus de l'Encéphalite à tiques (TBEV) est l'arbovirus le plus fréquent en Europe. Le nombre de cas liés à ce virus fluctue d'un pays à l'autre et d'une année sur l'autre, mais semble en très nette augmentation depuis une dizaine d'années dans la plupart des pays Européens. Le cycle sauvage du virus implique principalement les populations de tiques et de micromammifères sauvages (mulots, campagnols), l'ensemble micromammifères – tiques étant capable de maintenir le virus dans le milieu extérieur. En Europe de l'Ouest, la transmission du virus entre les mammifères est assurée par les tiques de l'espèce *Ixodes ricinus*. En France, il semble que les cas humains de TBEV soient essentiellement

localisés en région Alsace. L'un des objectifs de nos travaux est d'étudier la présence du TBEV chez les rongeurs en parallèle de l'objectivation de sa présence chez les tiques afin de caractériser l'épidémiologie de la TBE dans les zones de foyers alsaciens.
Le site d'étude de Murbach (Haut-Rhin) se situe dans la zone de contamination d'un cas humain en 2008. Des collectes au drapeau de tiques à l'affut en 2010 et 2011 ont permis d'identifier des pools de nymphes positives par RT-qPCR pour ce virus. En 2012, 5 sessions de piégeage de rongeurs de type capture-marquage-recapture ont été réalisées d'avril à octobre sur 4 parcelles de 1 ha chacune (49 pièges UGGLAND/ parcelle). Pour chaque rongeur piégé, le relevé de l'espèce, du poids, du sexe ainsi que la présence/absence de tiques et une prise de sang ont été réalisés. Les sérums ont été analysés pour la présence d'anticorps anti-TBE par un test ELISA maison mis au point à partir d'une protéine recombinante du gène d'enveloppe du TBEV.
Au total en 2012, 1120 captures de mulots à collier (*Apodemus flavicollis*) et de campagnols roussâtre (*Myodes glareolus*) ont été réalisées (0.4 capture/nuit/piège). Les résultats de présence de tiques sur rongeurs ainsi que de séroprévalence observées en fonction de la période, de la parcelle, de l'espèce et du sexe seront présentés.
Ultérieurement le développement de cet outil sérologique en parallèle du diagnostic sur tiques par RT-qPCR devra nous permettre d'objectiver la présence du TBEV dans les départements français limitrophes de l'Alsace, mais aussi de l'Italie et de la Suisse où le TBEV circule.

SERODIAGNOSTIC DE LA BORRELIOSE DE LYME AU CHU DE RENNES

Brigitte DEGEILH
Laboratoire de Parasitologie et Mycologie, CHU de Rennes, rue Henri le Guilloux, 35033 RENNES cedex

L'expression clinique de la borréliose de Lyme est très polymorphe. Si le diagnostic du stade primaire est relativement aisé et ne nécessite pas de sérodiagnostic de confirmation, en revanche il est parfois très difficile de confirmer ou d'infirmer un stade secondaire voire tertiaire.

De 2001 à 2010 nous avons réalisé 8168 recherches d'anticorps dont 1610 sur LCR, 1138 échantillons positifs ou douteux en IgG et / ou IgM ont bénéficié d'un western blot de confirmation dont 151 LCR. Seulement 198 diagnostics de borréliose ont été retenus. Pendant cette période nous avons utilisé plusieurs « Kits » diagnostic en fonction des performances ou des retraits de commercialisation. Bien que les résultats soient biaisés en raison de notre appartenance hospitalière, notre service ou d'autres unités de consultation ont diagnostiqué 46 érythèmes migrants (EM) (23%). Dans 23 cas il s'agissait d'EM isolé, dans 22 cas il était associé à des manifestations générales (fièvres, asthénies, céphalées, perturbation du bilan hépatique dans un cas) et nous avons observé un EM multiple. Nous avons aussi noté 36 EM ayant précédé une phase secondaire.

La manifestation du stade secondaire la plus fréquemment rencontrée est la neuroborréliose (112 cas soit 56% des diagnostics) et la symptomatologie la plus fréquente est la paralysie faciale avec réaction méningée (51 cas). Les autres manifestations les plus fréquentes sont les méningoradiculites et les radiculonévrites. Le diagnostic sérologique de la neuroborréliose précoce peut-être difficile, en effet la séroconversion intervient parfois quelques jours après la mise en route du traitement devant des arguments épidémiologiques (notion de séjour en forêt, voire piqure et / ou EM) et biologiques (méningite lymphocytaire). Depuis 2 ans nous effectuons la recherche de synthèse intrathécale d'immunoglobulines spécifiques qui permet d'affirmer la neuroborréliose et qui est beaucoup moins consommatrice de LCR que le western blot.

Les manifestations articulaires ne concernent que 20 patients (10%) dont 10 monoarthrites du genou. Les autres atteintes sont cardiaques (3 cas) à type de BAV(2) et une myocardite, ophtalmiques (4 cas) dont une uvéite associée à une méningite lymphocytaire. Trois diagnostics de lymphocytome ou pseudo lymphome borrélien et 4 cas d'acrodermatite chronique atrophiante ont été établis. Enfin 8 syndromes algiques ont été associés à une borréliose de Lyme.

La notion de piqûre n'est retrouvée que chez 83 patients (40%) et ce chiffre tombe à moins de 50 si le mot « tique » est précisé.

En Bretagne les trois principales espèces pathogènes *(B. burgdorferi* sensu stricto*, B. garinii, B. afzelii*) sont présentes, mais l'espèce nettement prédominante dans nos forêts est *B. burgdorferi* ss. Paradoxalement l'expression clinique la plus fréquente est la neuroborréliose (habituellement liée à *B. garinii*) et dans les 2 cas où l'espèce a pu être authentifiée, il s'agissait de *B. burgorferi* ss dans un LCR et *B. afzelii* dans une articulation !!

ÉTUDE DE LA DIFFERENCIATION ENTRE LES POPULATIONS DU COMPLEXE D'ESPECE BORRELIA BURGDORFERI INFECTANT TROIS ESPECES DE PETIT MAMMIFERES EN FORET DE SENART

Maude PITHON[1], Maxime BISSEUX[1], Maud MARSOT[1], Sébastien MASSEGLIA[1], Jean-Louis CHAPUIS[2], Gwenaël VOURC'H[1], Xavier BAILLY[1]
[1] *UR 346 INRA, Epidémiologie Animale, 63122 Saint Genès Champanelle*
[2] *UMR 7204 MNHN-CNRS-UP6, Conservation des espèces, restauration et suivi des populations, 61 rue Buffon, 75231 Paris cedex 05*

La maladie de Lyme est une zoonose causée par différentes espèces du complexe d'espèces *Borrelia burgdorferi* sensu lato (sl). Ces pathogènes transmis par des tiques infectent de nombreuses espèces hôtes, plus au moins distantes taxonomiquement. Dans ce contexte épidémiologique, il est important de définir les différents cycles de transmission des bactéries et de déterminer lesquels sont à l'origine du risque zoonotique. Entre 2005 et 2010, des rongeurs de trois espèces (*Tamias sibiricus, Myodes glareolus, Apodemus sylvaticus*) ont été échantillonnés dans une forêt péri-urbaine. Pour environ 230 rongeurs infectés par *B. burgdorferi* sl, nous avons séquencé des amplifiats de deux gènes de ces pathogènes par une approche 454. Les deux marqueurs ne sont, a priori, pas soumis aux mêmes contraintes évolutives. Le premier est le gène chromosomique rplB. C'est un gène de ménage qui ne devrait pas subir les pressions de sélection exercées par les différents hôtes. Le second est le gène ospC situé sur un plasmide. Il code pour une protéine antigénique et son évolution est donc influencée par les pressions de sélection exercées par les systèmes immunitaires des hôtes. Pour les deux espèces de Borrelia majoritairement retrouvées, *B. burgdorferi* sensu stricto et *B. afzelii*, et pour chacun des deux marqueurs séquencés, nous avons observé que les populations associées aux différents hôtes échantillonnés sont différenciées et forment des ensembles distincts.

STRUCTURATION DU PROJET PATHO-ID : PATHOBIOME DES RONGEURS ET DE LEURS TIQUES (METAPROGRAMME INRA MEM)

Muriel TAUSSAT[1], Gwenaël VOURC'H[2], Sarah BONNET[1], Jean-François COSSON[3]
[1] *USC INRA Bartonella-Tiques (UMR BIPAR ENVA-ANSES-UPEC), Maisons-Alfort, France*
[2] *INRA, UR 346 Epidémiologie animale, 63122 Saint Genès Champanelle, France.*
[3] *CBCP, F-34988 Montferrier Sur Lez, France*

Rodents are reservoirs of many human and livestock pathogens, most of them being vectored by ticks. Tick-borne diseases are very diverse and responsible for high morbidity and mortality rates around the world. Besides typical cases, patients bitten by ticks can be infected by many pathogens that are very difficult to detect because they are poorly known or unknown to date. There is some clear evidence of co-infections of those pathogens in ticks and rodents, with an unknown effect of these co-infections on pathogen transmission. Moreover, within ticks, pathogens co-exist with many other microorganisms (symbionts and commensals), the effect of tick microbiota on pathogen transmission has never been investigated.The general objective of our project is to describe the pathobiome (i.e., pathogens in their

microbial environment) of ticks and rodents. This involves: 1) to establish a catalog of tick- and rodent-associated microorganisms including new putative pathogens for humans and livestock; 2) to identify their distribution in individuals of ticks and rodents in natural populations and 3) to enlighten possible interactions between pathogens or between pathogens and other microorganisms that could interfere with their transmission. This project will provide INRA a leadership in terms of using NGS for discovery of new pathogens in animal reservoirs and vectors, for large-scale epidemiological survey and for modeling microorganism interactions. The approach that will be developed here could benefit to the study of other microbial ecosystems in plants and animals, especially those involving vectors.