

Caractérisation moléculaire de *Giardia* chez le veau dans quelques élevages de la région d'Alger

Molecular Characterization of *Giardia* in calves in some farms of the Algiers region

Baroudi D. (1,2), Khelef D. (2), Goucem R. (2), Hakem A. (3), Abdelazziz A. (2), Xiao L. (1)

(1) Centers for Disease Control and Prevention, Atlanta, USA

(2) École Nationale Supérieure Vétérinaire d'Alger

(3) Université Ziane Achor, Djelfa, Algérie

INTRODUCTION

La giardiose est une parasitose intestinale, due à un protozoaire flagellé, qui affecte plusieurs espèces animales ainsi que l'homme. Chez les ruminants, la maladie est reconnue chez le veau, chez qui elle provoque le plus souvent des diarrhées et un retard de croissance. Dans la version des 3R (2013), un poster ayant pour objet un génotypage préliminaire de *Giardia* chez le veau, dans la région d'Alger, a été publié. La poursuite de la recherche par un échantillonnage plus important a été fortement recommandée, pour une meilleure compréhension des assemblages de *Giardia* existant en Algérie. Ceci est d'autant plus justifié, en raison de la présence fréquente d'assemblages zoonotiques chez le veau et parmi lesquels l'assemblage A (Feng et Xiao, 2008). Cette caractérisation moléculaire de *Giardia* chez le veau est une première en Algérie.

1. MATERIEL ET METHODES

1. 1. ANIMAUX

L'étude concerne 26 échantillons de matières fécales positifs à *Giardia*, identifiés en microscopie après utilisation de la méthode de concentration de Ritchie simplifiée, sur un total de 92 prélèvements, provenant de 14 élevages, situés à Alger. Les échantillons proviennent de veaux âgés de moins de 3 mois, diarrhéiques ou non, réfrigérés à + 4°C et transportés au CDC d'Atlanta, USA, pour analyses moléculaires.

1. 2. METHODES

Les méthodes moléculaires basées sur la PCR nichée et le séquençage de gène TPI (triosephosphate isomérase), sont utilisés pour identifier l'espèce parasitaire et les assemblages. L'analyseur génétique AB 3130 (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA) a été utilisé, les séquences obtenues ont été alignées avec les séquences de référence téléchargées à partir de GenBank, en utilisant le ClustalX (<http://www.clustal.org/>).

2. RESULTATS ET DISCUSSION

2.1. RÉSULTAT GLOBAL

Les résultats montrent que *G. intestinalis* est exclusivement présent dans les élevages enquêtés, avec une prédominance de l'assemblage E, 14 sur 22 séquençages effectués avec succès, suivi de 8 résultats sur 22 pour l'assemblage zoonotique A (tableau 1). Ceci rejoint les résultats de plusieurs études dans le monde dont ceux de Mendonça *et al.* (2007) qui retrouvent une dominance de l'assemblage E, et sont proches de ceux retrouvés par Uehlinger *et al.* (2011), qui obtiennent une association des assemblages A et E. Il en est de même pour les conclusions obtenues en Europe par Sprong *et al.* (2009). Cependant, les différences sont probablement dues à la disparité des âges des animaux prélevés et à l'origine des isolats qui diffèrent d'une région à une autre (Coklin *et al.*, 2007).

Tableau 1 : Fréquence global d'isolement

Total	Nb de positifs	Espèce (PCR-nichée)	Assemblage (séquençage)
92	26 (22,80%)	<i>G. intestinalis</i> 26	-Assemblage E 14/22(63,63%) -Assemblage A 8/22(36,36%)

2.2. VARIATION DES ASSEMBLAGES SUIVANT L'ÂGE

Tableau 2 : Fréquence des assemblages suivant l'âge

Âge (jours)	<i>G. intestinalis</i>	Assemblage
1-20	5	Assemblage A
20-40	7	Assemblage A
> 40	10	Assemblage E

Selon le tableau 2, on remarque que l'assemblage A est plus fréquent chez les veaux âgés de moins de 40 jours. Quant à l'assemblage E, il est exclusivement retrouvé chez les animaux plus âgés. Langkjaer *et al.* (2006), trouvent l'assemblage A chez les jeunes, mais aussi les sujets âgés. En revanche, l'assemblage E est plutôt retrouvé par cet auteur chez les animaux plus âgés.

2.2. FRÉQUENCE D'ISOLEMENT DES ASSEMBLAGES EN FONCTION DES SYMPTÔMES

Tableau 3 : Influence de l'âge et des symptômes

Assemblage	Nombre de cas avec symptômes
Assemblage A	6/8
Assemblage E	4/14
> 40	10

G. intestinalis assemblage A entraîne une expression clinique plus importante que l'assemblage E (tableau 3). Nos résultats rejoignent ceux de Read *et al.* (2002), qui observent que les symptômes de la giardiose sont plus souvent rencontrés avec l'assemblage A. Cette différence est probablement due à la virulence de cet assemblage et qui atteint plus couramment les animaux jeunes dont le système immunitaire n'est pas totalement mature. Quant aux animaux plus âgés, ils sont affectés plus souvent par l'assemblage E qui, apparemment, évolue sous une forme subclinique.

CONCLUSION

La présente caractérisation moléculaire est une première en Algérie, et fournit un aperçu sur la prévalence de *Giardia* et leurs assemblages circulant chez le veau dans les élevages, et qui sont apparemment analogues à ceux retrouvés dans plusieurs autres régions du monde. La présence fréquente de l'assemblage A, zoonotique, dans cette étude, suscite d'autres études pluridisciplinaires, plus étendues, dans d'autres régions du pays, par l'utilisation de méthodes moléculaires, afin d'évaluer la prévalence réelle de ces assemblages et pour mieux comprendre la transmission zoonotique.

Coklin T., Farber J., Parrington L., Dixon B., 2007. *Vet. Parasitol.* 150, 297-305.

Langkjær, R.B., Vigre, H. ENEMARK, H.L., Maddox-Hyttel, C., 2007. *Parasitology*, 134, 309-323.

Mendonça C., Almeida A., Castro A., de Lurdes Delgado M., Soares S., da Costa J.M., Canada N., 2007. *Vet. Parasitol.* 147:47-50.

Read, C., Walters, J., Robertson, I.D., Thompson, R.C., 2002. *Int. J. Parasitol.* 32, 229-231.

Sprong, H., Caccio, SM, van deer Giessen, J.W., 2009. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 3:e558.

Xiao L., Feng Y., 2008. *Clin. Microbiol. Rev.* 24 : 110-140.