
DIVERSITE GENETIQUE DE MSP1 ET MSP 2 DES SOUCHES DE PLASMODIUM FALCIPARUM ISOLEES A THIES.

Tolla Ndiaye^{*1,2}, Daouda Ndiaye^{*†2}, Aida Badiane^{*‡2}, Awa Deme^{*§3}, Baba Diéye^{*¶2},
Yaye Diey Ndiaye^{*||2}, Aminata Mbaye^{**2}, Omar Ndir^{*††4}, Omar Ndir^{*‡‡4}, Doudou
Sow^{*4}, Babacar Faye^{*4}, Jean Louis Ndiaye^{*4}, Roger Tine^{*4}, Mamadou Ndiaye^{*2}, and
Mame Cheikh Seck^{*2}

¹Service : de Parasitologie et de Mycologie, FMPO, Université Cheikh Anta Diop, Dakar, Sénégal

⁴Faculté des Sciences et Techniques, Université Cheikh Anta Diop, Dakar, Sénégal (FMPOS,FST) –
Dakar, Sénégal

²Laboratoire de Parasitologie et Mycologie HALD – Dakar, Sénégal

³Laboratoire de Biologie Moléculaire HALD – Dakar, Sénégal

⁴Parasitologie et Mycologie FMPOS – Dakar, Sénégal

Résumé

Introduction : Plasmodium falciparum présente une large diversité antigénique. Ce polymorphisme conduit à des différences de profil génétique entre les souches plasmodiales. L'étude du polymorphisme des gènes Merozoite Surface Protein 1 et 2 (MSP1 et MSP2) permet de connaître le niveau de transmission du paludisme, mais aussi dans le cadre de la surveillance du traitement de distinguer les recrudescences des infections nouvelles. L'objectif de notre étude est de déterminer la prévalence des infections monoclonales et polyclonales ainsi que celle des allèles des gènes msp1 et msp2 pour les souches de P. falciparum isolés à Thiès en 2010.

Méthodologie : Nous avons mené une étude prospective sur 100 isolats collectés durant la période de transmission sur des patients âgées de 2 à 75 ans venus en consultation au

*Intervenant

† Auteur correspondant: daouda.ndiaye@ucad.edu.sn

‡ Auteur correspondant: asbadiane@gmail.com

§ Auteur correspondant: awademe@gmail.com

¶ Auteur correspondant: dieyebaba2004@yahoo.fr

|| Auteur correspondant: ydieyndiaye@gmail.com

** Auteur correspondant: natou5002@yahoo.fr

†† Auteur correspondant: ogaye@refer.sn

‡‡ Auteur correspondant: ondir@refer.sn

Auteur correspondant: doudsow@yahoo.fr

Auteur correspondant: bfaye67@yahoo.fr

Auteur correspondant: jlndiaye@yahoo.com

Auteur correspondant: rogerline@hotmail.com

Auteur correspondant: mamadound@voila.fr

Auteur correspondant: mcseck2003@yahoo.fr

Service de Lutte Anti Parasitaire (SLAP) et atteints de paludisme simple à *P. falciparum*. Nous avons utilisé la PCR nichée (nested PCR) pour la mise en évidence des allèles des gènes *msp1* et *msp2* de *P.falciparum*.

Résultats : Les résultats préliminaires montrent une prédominance des infections monoclonales ; 78 % (sur 50 échantillons). Le gène *msp2* a montré un plus grand polymorphisme comparé au gène *msp1* (9 contre 2). On note une prédominance de l'allèle K1 du gène *msp1* et de l'allèle IC3D7 du gène *msp2*.

Conclusion : Ces résultats montrent que le paludisme est hypo endémique à Thiès, et que le gène MSP 2 peut être utilisé seul pour étudier la diversité génétique des souches de *P. falciparum*.

Mots-Clés: *Plasmodium falciparum*, diversité génétique, gène MSP1, gène MSP2