
Identification des Ceratopogonidae (Diptera) par MALDI-TOF.

Sambou Masse*^{†1,2}

¹Unité de Recherche sur les Maladies Infectieuses et Tropicales Emergentes (URMITE) – Université de la Méditerranée - Aix-Marseille II, PRES Aix Marseille Université, Inserm : U1095, IFR48, faculté de Médecine, Institut de recherche pour le développement [IRD] : UR198, CNRS : UMR7278 – 27 Bd Jean Moulin 13385 MARSEILLE Cedex 5, France

²Campus International de Hann, IRD – Campus International de Hann, IRD BP 1386 CP 18524 Dakar, Sénégal, Sénégal

Résumé

Auteurs (noms/prénoms) : Masse Sambou^{1, 2}, Maxence Aubadie¹, Ngor Faye², Georges Diatta¹, Hubert Bassène¹, Didier Raoult¹, Oleg Médiannikov¹

Institut de Recherche pour le Développement, URMITE, UM63, CNRS 7278, IRD 198, Inserm 1095, Campus International de Han, IRD BP 1386 CP 18524 Dakar, Sénégal

Introduction

Certains Cératopogonidés du genre *Culicoides* jouent le rôle de vecteurs impliqués dans la transmission de plusieurs virus (virus Oropouche en Amérique du centre et du sud), de différentes espèces de filaires (*Mansonella perstans* en Amérique du centre et du sud et en Afrique) et de protozoaires (*Leishmania* en Inde). La recherche de vecteurs des agents pathogènes de maladies bactériennes, nous a amené à nous intéresser aux Ceratopogonidae, hématophages dans certaines régions du Sénégal.

Matériel et méthodes

Des collectes de Ceratopogonidae ont été effectuées avec des pièges lumineux CDC modifiés, dans les sites de Dielmo-Ndiop, Mlomp et Kédougou de Janvier 2012 à Juillet 2013. Les spécimens capturés ont été triés sur place, ramenés au laboratoire dans l'azote liquide et conservés, soit dans l'éthanol 70°, soit dans un congélateur à -80°. Les échantillons ont été identifiés morphologiquement, puis par MALDI-TOF (VITEK-MS, Biomérieux). La détection de l'ADN des bactéries pathogènes a été réalisée par qPCR ciblée pour les gènes *gltA* (pour *Rickettsia* spp.), *ITS* (*Bartonella* spp.) et *16s* (toutes bactéries).

Résultats préliminaires

Au total, 1819 Ceratopogonidae hématophages appartenant au genre *Culicoides* ont été identifiés morphologiquement. Les espèces *C. enderleini*, *C. subschultzei*, *C. imicola*, *C. wansoni*,

*Intervenant

[†]Auteur correspondant: masse.sambou@ird.fr

C. magnus, *C. quinquefaciatus* étaient plus rencontrées. Des super spectres de *C. enderleini*, *C. subschultzei*, *C. imicola* ont été obtenus par MALDI-TOF. Sur les 1819 Culicoides, 61 individus ont été utilisés en culture bactérienne et ont servi à isoler 37 souches non enregistrées dans la base de données bactérienne SARAMIS. Aucune trace d'ADN de *Rickettsia* ou *Bartonella* n'a été détectée sur les 613 Culicoides, qui ont été testés en biologie moléculaire.

Conclusion

Cette étude a permis de créer la première base de données de spectres de Culicoides en Afrique et a montré l'utilité de la technologie MALDI-TOF pour l'identification des Culicoides. Nous n'avons pas identifié les bactéries pathogènes des genres *Rickettsia* et *Bartonella* chez les Culicoides. Nous avons réussi l'isolement de 37 souches bactériennes à partir des Culicoides. L'identification des souches par biologie moléculaire est en cours.

Mots-Clés: Réservoirs, Vecteurs, Réservoirs, Bactérie