

Première identification du pathogène zoonotique *Enterocytozoon bieneusi* chez le veau en Algérie

First report of the zoonotic pathogen *Enterocytozoon bieneusi* from calves in Algeria

BAROUDI D.(1,2), HAKEM A. (3), LYSSEN C. (1), ABDELAZIZ A. (2), ROELLIG D. (1), KHELEF D. (2) , XIAO L. (1)

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

(2) École Nationale Supérieure Vétérinaire d'Alger

(3) Université Ziane Achor, 17000, Djelfa, Algérie

INTRODUCTION

La microsporidiose est une parasitose, opportuniste émergente, due aux spores d'*Enterocytozoon bieneusi*, parasite intracellulaire obligatoire, qui affecte les animaux et l'homme et qui se manifeste principalement par des troubles gastro-entériques. Chez le veau, les premiers cas ont été signalés par Rinder *et al.* (2000), en Allemagne, chez trois veaux diarrhéiques. Les études d'épidémiologie moléculaire récentes, basées sur l'analyse de gène ITS (Internal Transcriber Reverse), ont permis l'identification de sources potentielles de contamination pour l'homme et les animaux, par comparaison de génotypes d'*E. bieneusi* isolés de différents hôtes et sources, ces génotypes sont soit spécifiques d'hôte (BEB3, BEB10, PtEb XI...) ou zoonotiques (BEB4, J, I...) (Santin et Fayer, 2011). Le veau est porteur des deux types; il constitue une source de contamination potentielle pour l'homme. En Algérie, aucune donnée n'est disponible sur ce parasite chez le veau. La présente étude est conduite pour étudier, par l'utilisation des méthodes moléculaires, le portage d'*E. bieneusi* chez le veau en Algérie.

1. MATERIEL ET METHODES

1. 1. ANIMAUX

L'étude concerne 102 échantillons de fèces de veaux âgés de moins de 3 mois, diarrhéiques ou non, issus de 19 élevages dans la région d'Alger, réfrigérés à + 4°C et transportés aux CDC d'Atlanta, USA, pour analyses

1. 2. METHODES

Les méthodes moléculaires basées sur la PCR nichée et le séquençage de gène ITS, sont utilisées pour identifier *E. bieneusi* et ses génotypes. 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

E. bieneusi a été détecté dans 11 (10,78%) des 102 échantillons par PCR nichée. Le séquençage de l'ADN a permis l'identification de six génotypes connus différents : BEB3, BEB6, I, J, PtEb XI et BEB4. Un échantillon a généré un double pic au séquençage en raison de la présence d'infection mixte (tableau 1). Ce résultat rejoint celui de DelCoco *et al.* (2014) en Argentine qu'il a obtenu sur des veaux non sevrés. Parmi les 6 génotypes détectés, PtEb XI, BEB3 et BEB6 sont spécifiques aux bovins. Quant aux 3 autres génotypes I, J, et BEB4, ils sont isolés à la fois des bovins et chez l'homme (Jiang *et al.*, 2015).

Tableau 1: Fréquence global d'isolement

Total	Nombre de positifs <i>E. bieneusi</i> (PCR-nichée)	Nombre des génotypes (séquençage)
102	11(10,78%)	-BEB3(1), - I (1) -BEB4(3), -PtEb XI(1) -BEB6(2), -J(1), - Infection mixte (1)

2.2. FREQUENCE DES GENOTYPES D'*E. BIENEUSI* EN FONCTION DE L'AGE ET LEUR EXPRESSION CLINIQUE

Le taux d'infection est plus élevé chez les veaux âgés de 2 et 3 mois que chez ceux ayant un mois d'âge, respectivement, 17.1% (6/35), 10.5% (4/38) et 3.4% (1/29). Les génotypes zoonotiques d'*E. bieneusi* (I, J, BEB4), sont identifiés chez trois veaux moins âgés, souffrant de diarrhées (tableau 2). Dans l'étude de Rinder *et al.* (2000), parmi les génotypes d'*E. bieneusi* isolés chez des veaux diarrhéiques, le génotype I était présent. Santin et Fayer. (2009), trouvent une faible prévalence chez les veaux non sevrés par rapport aux veaux sevrés et aux génisses, mais, aucune indication de la présence de diarrhées malgré l'isolement de génotypes BEB4, I et J. Les facteurs favorisant l'apparition de la diarrhée à *E. bieneusi* sont mal connus. *E. bieneusi* est un parasite opportuniste, son infection semble évoluer sous une forme asymptomatique et il est probable que l'apparition de la diarrhée soit liée à une atteinte par des génotypes hautement pathogènes (génotypes zoonotiques), qui affectent le veau dans une période de sensibilité au jeune âge.

Tableau 2 : Distribution des génotypes d'*E. bieneusi* en fonction de l'âge et leur expression clinique

Âge (mois)	Total veaux / veaux avec diarrhées	Génotypes <i>E. bieneusi</i>	
		Avec diarrhée	Sans diarrhée
1 mois	29/11	I (1)	00
2 mois	35/9	BEB4(1), J (1)	BEB4 (2) BEB6 (1) PtEb XI (1)
3 mois	38/1	00	BEB3 (1) BEB4 (1) BEB6 (1) Mixte (1)
Total	102/21	03	08

CONCLUSION

Cette étude montre pour la première fois la présence d'*E. bieneusi* en Algérie et constitue la première caractérisation moléculaire. Trois des six génotypes identifiés sont zoonotiques, ce qui laisse penser que les veaux pourraient être une source de génotypes zoonotiques. D'autres études sont nécessaires pour connaître d'autres éléments épidémiologiques et pathologiques de cette maladie, et pour mieux évaluer le rôle réel des veaux comme source de génotypes zoonotiques d'*E. bieneusi* en Algérie.

Del Coco, V.F., Córdoba, M.A., Bilbao, G., de Almeida Castro, P., Basualdo, J.A., Mónica Santín, M., 2014. *Vet. Parasitol.* 199, 112–115.

Jiang, Y., Tao, W., Wan, Q., Li, Q., Yang, Y., Lin, Y., Zhang, S., Li, W., 2015. *Appl. Environ. Microbiol.* 81, 3326–3335.

Rinder, H., Thomschke, A., Dengjel, B., Gothe, R., Löscher, T., Zahler, M., 2000. *J. Parasitol.* 86,185–188.

Santin, M., Fayer, R., 2009. *Parasitol. Res.* 105, 141–144.

Santín, M., Fayer, R., 2011. *Res. Vet. Sci.* 90, 363–371.