

Association vecteur-pathogène : étude de la co-structuration entre la tique vectrice *Amblyomma variegatum* (Acari: Ixodidae) et la Rickettsie *Ehrlichia ruminantium*

K. Huber^{1,2}, N Vachiery^{2,1}, H. Adakal³, N Cangui^{2,1,4}, J Gordon^{2,1}, N Haddad⁵, L das Neves⁴ and F. Stachurski^{2,1}

¹ INRA, UMR1309 CMAEE, F-34398 Montpellier, France

² CIRAD, UMR CMAEE, F-34398 Montpellier, France

³ Université De Maradi, Département Sciences et Techniques de l'Elevage (DSTE), Niger

⁴ Eduardo Mondlane Univ, Ctr Biotechnol UEM, Maputo, Mozambique

⁵ Univ Paris Est, Ecole Natl Vet Alfort, UMR BIPAR ENVA Anses UPEC USC INRA, Maisons Alfort, France

La tique dure *Amblyomma variegatum* est le principal vecteur d'*Ehrlichia ruminantium*, bactérie responsable de la cowdriose, une maladie des ruminants domestiques et sauvages. Cette tique est originaire d'Afrique sub-saharienne et est maintenant largement rependue. *A. variegatum* a été signalée pour la première fois à Madagascar en 1899, mais son introduction est probablement bien plus ancienne et vraisemblablement contemporaine à l'importation des premiers bovins sur l'île. Cette tique est également présente à La Réunion, sur l'île Maurice et aux Comores. Dans la Caraïbe cette tique a été introduite avant le milieu du 18ème siècle, par du bétail infesté en provenance d'Afrique. *E. ruminantium* a également été importée dans ces zones à la faveur des mouvements de bovins et de tiques. De nombreux facteurs affectent l'épidémiologie des maladies à transmission vectorielle. Les facteurs environnementaux, qui peuvent être fortement impactés par les activités humaines, jouent un rôle primordial sur les systèmes vecteurs/pathogènes. La création de voies de communication et de routes commerciales, facilitent les déplacements des hommes mais aussi ceux de leurs animaux domestiques, avec leurs pathogènes et leurs vecteurs. Ces interactions complexes vont influencer sur les profils de structuration des pathogènes et de leurs vecteurs. Le but de ce travail est d'étudier les phénomènes génétiques et démographiques ayant façonné la distribution et la structure des populations d'*A. variegatum* en parallèle à celle d'*E. ruminantium*. Une étude phylogéographique a été menée sur *A. variegatum* en analysant deux gènes mitochondriaux et sur *E. ruminantium* par une approche MLST (multilocus sequence typing) sur cinq gènes de ménage. Pour *A. variegatum* cette étude a permis l'identification de deux lignées, une lignée présente sur toute l'aire de répartition de la tique et une lignée restreinte à l'Afrique de l'Est et à l'Océan Indien. L'analyse MLST réalisée sur *E. ruminantium* montre elle aussi deux grands groupes, un groupe « mondial » regroupant des souches de la Caraïbe, d'Afrique de l'Ouest, de l'Océan Indien et d'Afrique du Sud et de l'Est, et un groupe principalement constitué par des souches Ouest africaines. Cet apparent manque de congruence entre ces résultats sera discuté en relations avec le troisième acteur du système, l'hôte mammifère.