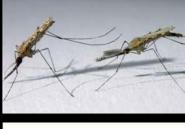


les dossiers d'AGROPOLIS INTERNATIONAL

Compétences de la communauté scientifique







Biodiversité Des sciences pour les humains et la nature

Mobilité des animaux et émergence de maladies dans le bétail

Le buffle africain (Syncerus caffer), espèce emblématique de la grande faune africaine, présente dans les principales aires protégées d'Afrique, partage avec le bétail et avec l'homme un panel important de pathogènes tels que ceux responsables de la fièvre aphteuse, de la brucellose, de la tuberculose, etc. Le modèle buffle-bétail est étudié par l'UPR AGIRs (Cirad) pour la compréhension des interactions épidémiologiques entre les animaux domestiques et sauvages. Plusieurs études sont menées depuis 2007 par des membres de l'équipe dans et autour d'espaces protégés, en Afrique de l'Ouest (Parc régional du W) et en Afrique australe (Parc transfrontalier du Limpopo). Les risques d'interactions entre la faune, le bétail et l'homme sont en effet particulièrement importants en périphérie des espaces protégés de plus en plus contraints par l'élevage et l'agriculture. À partir de contacts entre bovins infectés et buffle en 1960, la tuberculose bovine s'est, par exemple, répandue dans le Parc National Kruger (Afrique du Sud) pour atteindre récemment le Zimbabwe.

Pour comprendre ces dynamiques de transmission de maladies entre troupeaux sauvages et domestiques par contacts directs ou indirects, l'UPR AGIRs s'intéresse à la mobilité des animaux et aux facteurs écologiques ou liés à l'homme qui conditionnent le partage des mêmes ressources et des mêmes espaces. Des buffles et des bovins ont été équipés de colliers GPS qui enregistrent

leurs localisations en continu sur des cycles annuels. Ces données permettent de caractériser les déplacements, les domaines vitaux mais aussi le potentiel de contacts entre troupeaux. Elles sont analysées en regard de variables explicatives telles que végétation, eau, saison, présences humaines, etc. Ces



travaux contribuent à évaluer et, ensuite, mieux contrôler les risques sanitaires mais plus généralement les risques de conflits entre les enjeux de conservation et de développement.

Contact: Marie-Noel De Visscher, visscher@cirad.fr

▲ Pose d'un collier GPS et collecte d'échantillon sur un buffle du parc national de Gonarezhou au Zimbabwe.

Trypanosomes: identification, variabilité génétique, interactions hôtes-parasites

Malgré les efforts consacrés à la lutte contre les trypanosomoses, ces maladies parasitaires représentent encore des problèmes préoccupants de santé publique et de développement. L'arrêt du dépistage de masse, le manque de surveillance médicale des populations à risque, la confrontation accrue des contacts « glossines-hommesbétail » liée entre autres facteurs à des changements climatiqueet démographiques, ainsi que de nombreuses lacunes et inconnues sur les traits de vie des parasites dont leur transmission, font encore de la Trypanosomose Humaine Africaine (THA, maladie du sommeil) une endémie perçue comme « ré-émergente », et une priorité de santé publique pour l'OMS. Les trypanosomoses animales (nagana) constituent également un obstacle majeur au développement de l'élevage en Afrique sub-saharienne ainsi qu'en Amérique latine et en Asie.

Ce constat, renforcé par la rareté des travaux consacrés à une étude globale de « ces maladies à transmission vectorielle », a conduit l'UMR Interactions Hôtes-vecteursparasites dans les Trypanosomoses (Cirad, IRD) à proposer des recherches sur les interactions que les parasites établissent chez

les deux hôtes dont dépend leur pérennité: un insecte hôte-vecteur hématophage-et un mammifère hôte-source de sang de l'insecteafin d'améliorer les moyens de contrôle et de lutte contre ces maladies.

Les recherches menées en parallèle par l'IRD sur les maladies naturelles humaines et par le Cirad sur les maladies animales, ont montré que de nombreuses questions sont communes à ces deux types de maladie en matière d'épidémiologie et de lutte, d'autant que la transmission des parasites est assurée par le même vecteur (glossine ou mouche tsé-tsé). Le regroupement au sein d'une UMR de compétences complémentaires et synergiques permet le développement d'une approche pluridisciplinaire commune déclinée autour de trois objectifs de recherche:

- diagnostiquer et identifier les trypanosomes (chez l'hôte et le vecteur), leur variabilité génétique, les facteurs de virulence et/ ou pathogénicité des souches parasitaires en fonction de leur origine géographique ;
- étudier les interactions hôtesparasites par l'identification des marqueurs impliqués dans la tolérance/susceptibilité à l'infection, dans le développement de la maladie;
- clarifier les modalités de la transmission vectorielle pour un meilleur ciblage de la lutte.

Pour répondre à ces objectifs, l'UMR bénéficie d'équipes implantées dans plusieurs pays où sont diagnostiquées ces maladies et où sont présentes les ressources humaines et financières permettant (i) d'assurer le dépistage, (ii) de détecter et de caractériser les parasites chez les vecteurs et les hôtes, (iii) d'apporter un appui au suivi thérapeutique et au traitement, (iv) de déterminer la structuration génétique des populations de glossines, les éléments-clés de leur compétence vectorielle, (v) d'étudier les relations des trois acteurs de ces écosystèmes parasitaires dans leur environnement, (vi) de réaliser des infections expérimentales (bovins) avec des populations parasitaires différant par des critères biologiquement pertinents.

Ce dispositif au Sud est complété au Nord par le laboratoire commun IRD-Cirad, implanté sur le campus de Montferrier-Baillarguet (France). Ce dernier dispose d'infrastructures opérationnelles pour des explorations aux échelles moléculaire et cellulaire des facteurs prédisposant au développement—ou non—des processus pathogènes ainsi que d'un insectarium où sont maintenues en élevage cinq espèces et sous-espèces de glossine d'importance médicale et vétérinaire permettant de déterminer les différents éléments-clés qui se traduiront par le développement abortif ou, au contraire, optimal des trypanosomes transmissibles à l'hôte mammifère. •••