

S 3. B

- Systématique infraspécifique.  
- Infraspécific systematics.

S 3. B 54

P.+O

SONDES D'ADN SPECIFIQUES DES CLONES MAJEURS DE *TRYPANOSOMA CRUZI*:  
INSTRUMENTS DE RECHERCHE ET DE DIAGNOSTIC POUR LA MALADIE DE CHAGAS.

Francisco VEAS, Simone Frédérique BRENIERE, Gérard CUNY, Cécile BRENGUES et Michel TRIBAYRENC  
ORSTOM, Laboratoire de Génétique des Parasites et des Vecteurs, 2051 Av. du Val de Montferland, BP 5045,  
34032 Montpellier Cédex, France.

(*Trypanosoma cruzi*, sondes, PCR, klnétoplaste, structure clonale)

Une étude approfondie de la variabilité génétique (isoenzymes) de *Trypanosoma cruzi* a montré que les populations naturelles de ce parasite sont constituées de nombreux clones génétiquement très diversifiés dont certains sont fréquents et ubiquistes ("clones majeurs"). Dans ce travail, des sondes d'ADN spécifiques de plusieurs clones majeurs ont été élaborées.

La Réaction de Polymérisation en Chaîne ("PCR") a été utilisée pour amplifier les régions variables (250 bp) des minicercles de l'ADN klnétoplastique (ADNk, extranucléaire). Ces séquences ainsi générées à partir de souches différentes après 30 cycles ont été purifiées et triées pour être utilisées comme sondes. Les différentes séquences ont été radio-marquées et hybridées sur un vaste échantillonnage d'ADNs préalablement transférés sur membrane de nylon ("slot blot" et Polymorphisme de Longueur de Fragments de Restriction) provenant de souches génétiquement diversifiées. Plusieurs séquences ainsi produites se sont avérées être des sondes spécifiques de clones. La sensibilité et la spécificité de ces sondes a été également testée dans différents prélèvements biologiques: sang, organes de mammifères, urines, lait, et fécès de vecteurs.

D'une façon générale, des sondes peuvent être produites (i) pour détecter des populations parasitaires présentant des propriétés biologiques différentes ou (ii) pour identifier des populations parasitaires préalablement caractérisées sur des bases de génétique des populations. C'est la deuxième approche que nous avons adoptée. Compte tenu de la structure de l'ADN k et de son parallélisme évolutif avec des marqueurs nucléaires éprouvés (isoenzymes), la Réaction de Polymérisation en Chaîne des séquences des régions hypervariables de cet ADN s'est avérée une stratégie de choix pour la production (en grandes quantités) de sondes spécifique des clones. Ces sondes constituent un instrument prometteur pour comparer les propriétés épidémiologiques et médicales des clones majeurs de *Trypanosoma cruzi*.

S 3. B 55

P.

PRELIMINARY INDICATIONS OF THE POPULATION STRUCTURE OF *Strongyloides ratti* (NEMATODA)

M.E. Vinev, D. Walliker, B.E. Matthews. Departments of Genetics and Zoology,  
University of Edinburgh, West Mains Road, Edinburgh EH9 3JN, UK

Nematode - Population structure

Studies currently underway in this laboratory are concerned with the genetics of *S. ratti*. As part of this work twelve British isolates and a single American isolate have been analysed for genetic variation using isoenzyme and two dimensional electrophoresis. The isoenzyme electrophoresis results have shown complete homogeneity between all of these isolates. Previous studies of *Strongyloides* spp. from primates including man, using the same methods, have shown very high levels of heterogeneity both within and between populations. Preliminary results from the two dimensional electrophoresis studies of the same *S. ratti* isolates have revealed a small number of differences between the isolates although a high level of inter-isolate homogeneity is still apparent. These preliminary results taken together would suggest that there is less genetic variation within *S. ratti* compared to species of *Strongyloides* from primates. It remains to be seen whether such a population structure in *S. ratti* is a result of the genetic mechanisms involved in its life-cycle.

ORSTOM Fonds Documentaire

N° : 31-317. ex 1

Cote : B

259

11 FEV. 1991

P15 M