Avis de Soutenance

Monsieur YANNICK NGNINDJI YOUDJE

Biologie-Santé - Spécialité Maladies Infectieuses

Soutiendra publiquement ses travaux de thèse intitulés

Outils de pointe pour l'identification des arthropodes et détection des microorganismes associés au Cameroun

dirigés par Monsieur Philippe PAROLA et Monsieur Timoléon TCHUIKAM

Thèse soutenue le ***mercredi 22 novembre 2023*** à 14h00
Lieu : Institut Hospitalo-Universitaire Méditerranée Infection 19-21 Boulevard Jean Moulin 13005 Marseille
Salle : 8

Composition du jury proposé

M. Philippe PAROLA	Aix Marseille Université	Directeur de thèse
Mme Christelle POMARES	Université de Nice-Sophia Antipolis	Rapporteure
M. Jérôme DEPAQUIT	Université de Reims Champagne Ardenne	Rapporteur
M. Arezki IZRI	CHU Paris Seine-Saint-Denis - Hôpital Avicenne	Président
M. Timoléon TCHUINKAM	Univercité de Dschang	Invité

Mots-clés : Arthropodes,MALDI-TOF MS,microorganismes,Biologie moléculaire,Zoonoses,Cameroun

Résumé :

Les moyens de lutte contre les maladies à transmission vecttorielle reposent principalement sur le contrôle des populations arthropodes vecteurs. L'identification des arthropodes nuisants et des vecteurs, ainsi que la compréhension de leur capacité vectorielle, représentent des étapes cruciales dans l'évaluation du risque de transmission des maladies vectorielles. Cette thèse s'articule en deux principaux axes. Le premier est une contribution à l'étude des tiques et des agents pathogènes transmis au Cameroun. Nous avons pu dans un premier temps dressé une liste exhaustive des espèces de tiques (73 espèces) et des agents pathogènes ou non pathogènes qui leur sont associés et que l'on trouve au Cameroun. Par la suite, comme étude de cas, des identifications basées sur les données nucléotidiques, ainsi que les identifications basées sur la morphologie ont été utilisées pour tester la validité des déterminations basées sur les valeurs du profil MS en les comparant à la base de données MALDI-TOF interne. Ceci nous a permi d'identifier une douzaine d'espèces de tique de bovin dans les Hauts plateaux de l'Ouest du Cameroun. Notons que cet outil nous a permi de corriger des erreurs d'identification morphologique de certains specimens de tiques et, d'identifier des femelles gorgées dont l'identification morphologique de l'espèce n'était pas possible. Pour terminer cette partie, nous avons pu détecter par la biologie moléculaire (qPCR, PCR standard et séquencage) 13 espèces de microorganismes appartenant à 5 genres, associés aux tiques. De plus, cette étude montre pour la première fois au Cameroun, la présence de Wolbachia sp. ; ainsi que

d'une potentielle nouvelle espèces de rickettsie dans des tiques du Cameroun. La deuxième partie de ce travail s'intéresse à l'identification des punaises de lit (stade immatures et adultes) collectées dans deux principales villes du Cameroun (Yaoundé et Douala) et, à la détection des potentiels microorganismes associés. On a pu identifier une espèce de punaise de lit, Cimex hemipterus (adultes et immatures). Sur la base de critères morphologiques tels que la mesure de la longueur des antennes (les trois derniers segments) et la largeur du pronotum tel que décrit par Deku et al., 2022, les punaises immatures ont été classées en 4 stades. En outre, la PCR en temps réel et la PCR standard couplée au séquençage ont permis de mettre en évidence la présence de Wolbachia endosymbiont dans des punaises de lit du Cameroun.

LE DOYEN

Georges LEONETTI

Résumé

Les moyens de lutte contre les maladies à transmission vecttorielle reposent principalement sur le contrôle des populations arthropodes vecteurs. L'identification des arthropodes nuisants et des vecteurs, ainsi que la compréhension de leur capacité vectorielle, représentent des étapes cruciales dans l'évaluation du risque de transmission des maladies vectorielles.

Cette thèse s'articule en deux principaux axes. Le premier est une contribution à l'étude des tiques et des agents pathogènes transmis au Cameroun. Nous avons pu dans un premier temps dressé une liste exhaustive des espèces de tiques (73 espèces) et des agents pathogènes ou non pathogènes qui leur sont associés et que l'on trouve au Cameroun. Par la suite, comme étude de cas, des identifications basées sur les données nucléotidiques, ainsi que les identifications basées sur la morphologie ont été utilisées pour tester la validité des déterminations basées sur les valeurs du profil MS en les comparant à la base de données MALDI-TOF interne. Ceci nous a permi d'identifier une douzaine d'espèces de tique de bovin dans les Hauts plateaux de l'Ouest du Cameroun. Notons que cet outil nous a permi de corriger des erreurs d'identification morphologique de certains specimens de tiques et, d'identifier des femelles gorgées dont l'identification morphologique de l'espèce n'était pas possible. Pour terminer cette partie, nous avons pu détecter par la biologie moléculaire (qPCR, PCR standard et séquencage) 13 espèces de microorganismes appartenant à 5 genres, associés aux tiques. De plus, cette étude montre pour la première fois au Cameroun, la présence de *Wolbachia* sp. ; ainsi que d'une potentielle nouvelle espèces de rickettsie dans des tiques du Cameroun.

La deuxième partie de ce travail s'intéresse à l'identification des punaises de lit (stade immatures et adultes) collectées dans deux principales villes du Cameroun (Yaoundé et Douala) et, à la détection des potentiels microorganismes associés. On a pu identifier une espèce de punaise de lit, *Cimex hemipterus* (adultes et immatures). Sur la base de critères morphologiques tels que la mesure de la longueur des antennes (les trois derniers segments) et la largeur du pronotum tel que décrit par Deku et al., 2022, les punaises immatures ont été classées en 4 stades. En outre, la PCR en temps réel et la PCR standard couplée au séquençage ont permis de mettre en évidence la présence de *Wolbachia* endosymbiont dans des punaises de lit du Cameroun.

Mots clés : Arthropodes, MALDI-TOF MS, biologie moléculaire, microorganismes, zoonoses, Cameroun

Abstract

The main means of combating vector-borne diseases is to control arthropod vectors. Arthropod pests and vectors identification as well as understanding their vectorial capacity, represent a crucial step in evaluating the risk of vector-borne disease transmission.

This thesis focuses on two aspects. The first part of this thesis is dedicated to studying of ticks and tick-borne pathogens in Cameroon. Initially, we compiled a comprehensive list of tick species and their associated pathogens or non-pathogens found in Cameroon. Subsequently, as a case study, identifications based on nucleotide data, as well as identifications based on morphology were used to test the validity of determinations based on MS profile values by comparing them with the in-house MALDI-TOF database. This enabled us to identify a dozen species of cattle tick in the Western Highlands of Cameroon. It should be noted that this tool enabled us to correct errors in the identification of certain tick specimens and to identify gorged females for which morphological identification of the species was not possible. To conclude this section, we were able to use molecular biology (qPCR, standard PCR and sequencing) to detect 13 species of microorganisms belonging to 5 genera associated with ticks. In addition, this study shows, for the first time in Cameroon, the presence of *Wolbachia* sp., as well as a potential new species of rickettsia in ticks from Cameroon.

The second part of this work focuses on identifying of bed bugs at various life stages (immature and adult stages) collected in two of Cameroon's main cities (Yaoundé and Douala) and the detection of potential associated microorganisms. We were able to identify one species of bedbug, *Cimex hemipterus* (adults and immatures). Based on morphological criteria such as the measurement of the length of the antennae (the last three segments) and the width of the pronotum as described by Deku et al., 2022, immature bedbugs were classified into 4 stages. In addition, real-time PCR and standard PCR coupled with sequencing revealed the presence of *Wolbachia* endosymbiont in bed bugs from Cameroon.

Key words: Arthropods, MALDI-TOF MS, molecular biology, microorganisms, zoonoses, Cameroon.