Centre d'Etudes Doctorales : Sciences et Techniques et Sciences Médicales

Avis de Soutenance THESE DE DOCTORAT

Présentée par

Madame MOUNIA BOUTAHAR

Discipline : Pathologie humaine et Biomédecine Spécialité : Génétique et biologie moléculaire

Sujet de la thèse

Première étude au Maroc: Identification, diagnostic et caractérisation de Blastocystris sp. Par Séquencage

Formation Doctorale "Sciences Médicales et Recherche Translationnelle"

Thèse présentée et soutenue **le samedi 17 février 2024 à 11h** à la Faculté de Médecine et de Pharmacie et Médecine Dentaire de Fès, devant le jury composé de :

Nom et Prénom	TITRE	ETABLISSEMENT	
Azeddine IBRAHIMI	PES	Faculté de Médecine et de Pharmacie et Médecine Dentaire de Rabat	Président
Mohamed CHIKRI	PES	Faculté de Médecine et de Pharmacie et Médecine Dentaire de Fès	Rapporteur
Hassan HAJJAJ	PES	Faculté des Sciences de Meknès	Rapporteur
Hamid MAZOUZ	PES	Faculté des Sciences de Meknès	Rapporteur
Rachid ELJAOUDI	PES	Faculté de Médecine et de Pharmacie et Médecine Dentaire de Rabat	Examinateur
Tarik AANNIZ	PH	Faculté de Médecine et de Pharmacie et Médecine Dentaire de Rabat	Examinateur
Mohammed ER-RAMI	PES	Faculté de Médecine et de Pharmacie et Médecine Dentaire de Fès	Directeur de Thèse

Laboratoire de recherche : Pathologie humaine, Biomédecine et Environnement Etablissement : Faculté de Médecine et de Pharmacie et Médecine Dentaire de Fès



Centre d'Etudes Doctorales : Sciences et Techniques et Sciences Médicales

Résumé de la thèse

Les analyses de séquençage de Sanger ont révélé que le ST3 était le ST de Blastocystis le plus répandu dans la série de cas étudiés (42,0 %, 21/50), suivi de ST1 (34,0 %, 17/50) et de ST2 (12,0 %, 6/50). Cinq isolats (10,0 %, 5/50) correspondaient à des séquences illisibles associées à la présence de traces de séquences mixtes lors de l'inspection du chromatogramme, représentant probablement des infections mixtes. (2,0 %, 1/50) n'était pas typable.

L'appel d'allèles à l'aide de la base de données en ligne Blastocystis 18S a révélé la présence de l'allèle 4 dans ST1; les allèles 11, 12 et 11+12 ont été observés dans ST2, et les allèles 34 et 34+36 dans ST3. Les infections mixtes impliquant deux allèles ont été résolues en séparant les positions ambiguës (double pic). Les allèles 34 (40,0 %, 20/50) et 4 (34,0 %, 17/50) étaient les variantes génétiques de Blastocystis les plus fréquemment trouvées. En ce qui concerne la variabilité intra-sous-type, l'allèle 4 dans ST1 et l'allèle 12 dans ST2 ont montré le plus haut degré de diversité génétique. Sur les 17 isolats attribués à l'allèle 4, sept étaient identiques à la séquence de référence AB107962, tandis que les dix restants différaient de celle-ci par 2 à 7 polymorphismes nucléotidiques simples (SNP). Les quatre isolats assignés à l'allèle 12 différaient de la séquence de référence MZ496542 par 1 à 3 SNP. En revanche, ST3 présentait une diversité intra-sous-type limitée, l'allèle 34 étant présent (seul ou en combinaison) dans tous les isolats appartenant à ce sous-type. Les 20 isolats identifiés comme allèles 34 étaient identiques à la séquence de référence AB107965.

Le sexe et le groupe d'âge n'ont eu aucun effet sur l'occurrence d'un ST de Blastocystis donné. Lorsque les manifestations cliniques étaient prises en compte, les individus présentant des flatulences étaient plus susceptibles d'héberger le ST2 de Blastocystis.
