HAL open science

Schistosomiase urinaire chez les patients pris en charge au CHU de Marseille. Description des cas et détermination des espèces par séquençage

Maïssane Mehadji

▶ To cite this version:

Maïssane Mehadji. Schistosomiase urinaire chez les patients pris en charge au CHU de Marseille. Description des cas et détermination des espèces par séquençage. Sciences pharmaceutiques. 2021. dumas-03513256

HAL Id: dumas-03513256

https://dumas.ccsd.cnrs.fr/dumas-03513256v1

Submitted on 5 Jan 2022

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial - NoDerivatives 4.0 International License

Faculté de Pharmacie
Aix*Marseille Université

THÈSE

PRÉSENTÉE ET PUBLIQUEMENT SOUTENUE
DEVANT LA FACULTÉ DE PHARMACIE DE MARSEILLE

LE 30 SEPTEMBRE 2021

PAR

Mme Maïssane MEHADJI

Née le 02 Juillet 1995 à ORSAY

EN VUE D'OBTENIR

LE DIPLÔME D'ÉTAT DE DOCTEUR EN PHARMACIE

TITRE:

SCHISTOSOMIASE URINAIRE CHEZ LES PATIENTS PRIS EN CHARGE AU CHU DE MARSEILLE. DESCRIPTION DES CAS ET DÉTERMINATION DES ESPÈCES PAR SÉQUENÇAGE

JURY:

Président : Mme le Pr. Nadine AZAS (PU-PH)

Membres : M. le Dr. DUMETRE Aurélien (MCU)
Mme le Dr. L'OLLIVIER Coralie (MCU-PH)
M. le Dr. DRIOUICH Jean-Sélim

Université d'Aix-Marseille – Faculté de Pharmacie – 27 bd Jean Moulin – CS 30064 - 13385 Marseille cedex 05 - France
Tél. : +33 (0)4 91 83 55 00 - Fax : +33 (0)4 91 80 26 12

Faculté de Pharmacie
Aix-Marseille Université

27 Boulevard Jean Moulin – 13385 MARSEILLE Cedex 05
Tel. : 04 91 83 55 00 – Fax : 04 91 80 26 12

ADMINISTRATION :

Doyen :	Mme Françoise DIGNAT-GEORGE
Vice-Doyens :	M. Jean-Paul BORG, M. François DEVRED, M. Pascal RATHELOT
Chargés de Mission :	Mme Pascale BARBIER, M. David BERGE-LEFRANC, Mme Manon CARRE, Mme Caroline DUCROS, Mme Frédérique GRIMALDI, M. Guillaume HACHE
Conseiller du Doyen :	M. Patrice VANELLE
Doyens honoraires :	M. Patrice VANELLE, M. Pierre TIMON-DAVID,
Professeurs émérites :	M. José SAMPOL, M. Athanassios ILIADIS, M. Henri PORTUGAL, M. Philippe CHARPIOT
Professeurs honoraires :	M. Guy BALANSARD, M. Yves BARRA, Mme Claudette BRIAND, M. Jacques CATALIN, Mme Andrée CREMIEUX, M. Aimé CREVAT, M. Gérard DUMENIL, M. Alain DURAND, Mme Danielle GARÇON, M. Maurice JALFRE, M. Joseph JOACHIM, M. Maurice LANZA, M. José MALDONADO, M. Patrick REGLI, M. Jean-Claude SARI
Chef des Services Administratifs :	Mme Florence GAUREL
Chef de Cabinet :	Mme Aurélie BELENGUER
Responsable de la Scolarité :	Mme Nathalie BESNARD

DEPARTEMENT BIO-INGENIERIE PHARMACEUTIQUE
Responsable : Professeur Philippe PICCERELLE

PROFESSEURS

BIOPHYSIQUE	M. Vincent PEYROT M. Hervé KOVACIC
GENIE GENETIQUE ET BIOINGENIERIE	M. Christophe DUBOIS
PHARMACIE GALENIQUE, PHARMACOTECHNIE INDUSTRIELLE, BIOPHARMACIE ET COSMETOLOGIE	M. Philippe PICCERELLE

MAITRES DE CONFERENCES

BIOPHYSIQUE	M. Robert GILLI Mme Odile RIMET-GASPARINI Mme Pascale BARBIER M. François DEVRED Mme Manon CARRE M. Gilles BREUZARD Mme Alessandra PAGANO
GENIE GENETIQUE ET BIOTECHNOLOGIE	M. Eric SEREE-PACHA Mme Véronique REY-BOURGAREL
PHARMACIE GALENIQUE, PHARMACOTECHNIE INDUSTRIELLE, BIOPHARMACIE ET COSMETOLOGIE	M. Pascal PRINDERRE M. Emmanuel CAUTURE Mme Véronique ANDRIEU Mme Marie-Pierre SAVELLI
BIO-INGENIERIE PHARMACEUTIQUE ET BIOTHERAPIES PHARMACO ECONOMIE, E-SANTE	M. Jérémy MAGALON Mme Carole SIANI

ENSEIGNANTS CONTRACTUELS

ANGLAIS	Mme Angélique GOODWIN

DEPARTEMENT BIOLOGIE PHARMACEUTIQUE

Responsable : Professeur Françoise DIGNAT-GEORGE

PROFESSEURS

BIOLOGIE CELLULAIRE	M. Jean-Paul BORG
HEMATOLOGIE ET IMMUNOLOGIE	Mme Françoise DIGNAT-GEORGE Mme Laurence CAMOIN-JAU Mme Florence SABATIER-MALATERRE Mme Nathalie BARDIN
MICROBIOLOGIE	M. Jean-Marc ROLAIN M. Philippe COLSON
PARASITOLOGIE ET MYCOLOGIE MEDICALE, HYGIENE ET ZOOLOGIE	Mme Nadine AZAS-KREDER

MAITRES DE CONFERENCES

BIOCHIMIE FONDAMENTALE, MOLECULAIRE ET CLINIQUE	M. Thierry AUGIER M. Edouard LAMY Mme Alexandrine BERTAUD Mme Claire CERINI Mme Edwige TELLIER M. Stéphane POITEVIN
HEMATOLOGIE ET IMMUNOLOGIE	Mme Aurélie LEROYER M. Romaric LACROIX Mme Sylvie COINTE
MICROBIOLOGIE	Mme Michèle LAGET Mme Anne DAVIN-REGLI Mme Véronique ROUX M. Fadi BITTAR Mme Isabelle PAGNIER Mme Sophie EDOUARD M. Seydina Mouhamadou DIENE
PARASITOLOGIE ET MYCOLOGIE MEDICALE, HYGIENE ET ZOOLOGIE	Mme Carole DI GIORGIO M. Aurélien DUMETRE Mme Magali CASANOVA Mme Anita COHEN
BIOLOGIE CELLULAIRE	Mme Anne-Catherine LOUHMEAU

ATER

BIOCHIMIE FONDAMENTALE, MOLECULAIRE ET CLINIQUE	Mme Anne-Claire DUCHEZ
BIOLOGIE CELLULAIRE ET MOLECULAIRE	Mme Alexandra WALTON

A.H.U.

HEMATOLOGIE ET IMMUNOLOGIE	Mme Mélanie VELIER

DEPARTEMENT CHIMIE PHARMACEUTIQUE

Responsable : Professeur Patrice VANELLE

PROFESSEURS

CHIMIE ANALYTIQUE, QUALITOLOGIE ET NUTRITION	Mme Catherine BADENS
CHIMIE PHYSIQUE – PREVENTION DES RISQUES ET NUISANCES TECHNOLOGIQUES	M. David BERGE-LEFRANC
CHIMIE MINERALE ET STRUCTURALE – CHIMIE THERAPEUTIQUE	M. Pascal RATHELOT M. Maxime CROZET
CHIMIE ORGANIQUE PHARMACEUTIQUE	M. Patrice VANELLE M. Thierry TERME
PHARMACOGNOSIE, ETHNOPHARMACOGNOSIE	Mme Evelyne OLLIVIER

MAITRES DE CONFERENCES

BOTANIQUE ET CRYPTOGAMIE, BIOLOGIE CELLULAIRE	Mme Anne FAVEL Mme Joëlle MOULIN-TRAFFORT
CHIMIE ANALYTIQUE, QUALITOLOGIE ET NUTRITION	Mme Catherine DEFOORT M. Alain NICOLAY Mme Estelle WOLFF Mme Elise LOMBARD Mme Camille DESGROUAS M. Charles DESMARCHELIER
CHIMIE PHYSIQUE – PREVENTION DES RISQUES ET NUISANCES TECHNOLOGIQUES	M. Pierre REBOUILLON
CHIMIE THERAPEUTIQUE	Mme Sandrine ALIBERT Mme Caroline DUCROS M. Marc MONTANA Mme Manon ROCHE Mme Fanny MATHIAS
CHIMIE ORGANIQUE PHARMACEUTIQUE HYDROLOGIE	M. Armand GELLIS M. Christophe CURTI Mme Julie BROGGI M. Nicolas PRIMAS M. Cédric SPITZ M. Sébastien REDON
PHARMACOGNOSIE, ETHNOPHARMACOLOGIE	M. Riad ELIAS Mme Valérie MAHIOU-LEDDET Mme Sok Siya BUN Mme Béatrice BAGHDIKIAN

MAITRES DE CONFERENCE ASSOCIES A TEMPS PARTIEL (M.A.S.T.)

CHIMIE ANALYTIQUE, QUALITOLOGIE ET NUTRITION	Mme Anne-Marie PENET-LOREC
CHIMIE PHYSIQUE – PREVENTION DES RISQUES ET NUISANCES TECHNOLOGIQUES	M. Cyril PUJOL
DROIT ET ECONOMIE DE LA PHARMACIE	M. Marc LAMBERT
GESTION PHARMACEUTIQUE, PHARMACOECONOMIE ET ETHIQUE PHARMACEUTIQUE OFFICINALE, DROIT ET COMMUNICATION PHARMACEUTIQUES A L'OFFICINE ET GESTION DE LA PHARMAFAC	Mme Félicia FERRERA

A.H.U.

CHIMIE ANALYTIQUE, QUALITOLOGIE ET NUTRITION	M. Mathieu CERINO

ATER

CHIMIE PHYSIQUE – PREVENTION DES RISQUES ET NUISANCES TECHNOLOGIQUES	M. Duje BURIC

DEPARTEMENT MEDICAMENT ET SECURITE SANITAIRE
Responsable : Professeur Benjamin GUILLET

PROFESSEURS

PHARMACIE CLINIQUE	M. Stéphane HONORÉ
PHARMACODYNAMIE	M. Benjamin GUILLET
TOXICOLOGIE ET PHARMACOCINETIQUE	M. Bruno LACARELLE Mme Frédérique GRIMALDI M. Joseph CICCOLINI

MAITRES DE CONFERENCES

PHARMACODYNAMIE	M. Guillaume HACHE Mme Ahlem BOUHLEL M. Philippe GARRIGUE
PHYSIOLOGIE	Mme Sylviane LORTET Mme Emmanuelle MANOS-SAMPOL
TOXICOLOGIE ET PHARMACOCINETIQUE	Mme Raphaëlle FANCIULLINO Mme Florence GATTACECCA
TOXICOLOGIE GENERALE ET PHARMACIE CLINIQUE	M. Pierre-Henri VILLARD Mme Caroline SOLAS-CHESNEAU Mme Marie-Anne ESTEVE

A.H.U.

PHYSIOLOGIE / PHARMACOLOGIE	Mme Anaïs MOYON
PHARMACIE CLINIQUE	M. Florian CORREARD

ATER.

TOXICOLOGIE ET PHARMACOCINETIQUE	Mme Anne RODALLEC

CHARGES D'ENSEIGNEMENT A LA FACULTE

Mme Valérie AMIRAT-COMBRALIER, Pharmacien-Praticien hospitalier
M. Pierre BERTAULT-PERES, Pharmacien-Praticien hospitalier
Mme Marie-Hélène BERTOCCHIO, Pharmacien-Praticien hospitalier
Mme Martine BUES-CHARBIT, Pharmacien-Praticien hospitalier
M. Nicolas COSTE, Pharmacien-Praticien hospitalier
Mme Sophie GENSOLLEN, Pharmacien-Praticien hospitalier
M. Sylvain GONNET, Pharmacien titulaire
Mme Florence LEANDRO, Pharmacien adjoint
M. Stéphane PICHON, Pharmacien titulaire
M. Patrick REGGIO, Pharmacien conseil, DRSM de l'Assurance Maladie
Mme Clémence TABELE, Pharmacien-Praticien attaché
Mme TONNEAU-PFUG, Pharmacien adjoint
M. Badr Eddine TEHHANI, Pharmacien – Praticien hospitalier
M. Joël VELLOZZI, Expert-Comptable

Mise à jour le 23 janvier 2020

REMERCIEMENTS

À Madame le Professeur Nadine AZAS,

Je vous remercie de m'avoir fait l'honneur de présider mon jury de thèse. Recevez toute ma gratitude et tout mon respect.

À Monsieur Aurélien DUMETRE,

Je vous remercie d'avoir bien voulu accepter de devenir mon maître de thèse, de votre bienveillance à cet égard et de l'attention portée à mon travail.

À Madame Coralie L'OLLIVIER,

Je te remercie pour tellement de choses …

Tout d'abord merci d'avoir été un encadrant absolument génial pour l'externe pleine d'étoiles dans les yeux que j'étais. Merci de m'avoir accordé ta confiance et de m'avoir permis de réaliser tous ces travaux différents très formateurs pour moi.
Merci d'avoir bien voulu encadrer cette thèse, de m'avoir proposé ce sujet tellement intéressant et de t'être plongée dans cette masse de travail avec et pour moi. Je ne te l'ai jamais dit mais tu as réellement marqué ma vie et je n'oublierai jamais ces moments partagés. Tu es une personne d'une bienveillance incroyable et d'un dévouement comme on en trouve plus. Ton professionnalisme mais aussi ton altruisme sont sans nom. Je me sens profondément honorée d'avoir pu croiser ton chemin et espère sincèrement le croiser encore et encore.
J'en profite pour te remercier encore de m'avoir donné ma chance pour ce beau projet de recherche qui nous attend. Je crois qu'on peut se sentir chanceux quand on rencontre quelqu'un qui, comme toi, nous donne une chance, croit en nous et se bat pour nous alors merci infiniment.
Tu es mon mentor et pour tout cela tu as mon plus grand respect et mon amitié éternelle.

À Monsieur Jean-Sélim DRIOUICH,

Je te remercie pour toutes nos conversations diverses et variées, des dates d'anniversaires familiales au foot (allez l'OM) en passant par les capitales du monde (que je ne connais toujours pas désolée, mais gardons espoir), sans oublier la musique et j'en passe … Merci d'avoir accepté de siéger à mon jury de thèse aussi, j'espère que tu en garderas un bon souvenir.

À mes parents,

Merci pour votre éducation, pour vos conseils, pour votre acharnement à vouloir faire de moi quelqu'un de bien (j'espère que vous pensez avoir réussi hein …). Merci pour votre soutien dans les épreuves de la vie, merci pour ce toit au dessus de ma tête depuis 26 ans. Merci pour m'avoir toujours gâtée et avoir fait en sorte que je ne manque jamais de rien (jusqu'à faire tout un département pour trouver le carrosse de Barbie). Merci pour m'avoir supportée quand je croyais que j'allais devenir gymnaste dans toutes mes compétitions avec mon justaucorps bleu pétant. Merci d'avoir subi avec le sourire toutes mes entrées chorégraphiées sur le générique de la Star Academy tous les jours à 18h10. Merci pour tout.

À mon Papa,
Merci pour ces passions partagées, pour ces moments incroyables au stade, ces matches fous, notamment face à Milan où on a littéralement pris une douche tellement il pleuvait (mais la ferveur …) et pour ce championnat en 2010 avec ce dernier match où on se savait déjà champions. Merci pour cette passion de la musique que tu m'as transmise. Pour toutes ces longues discussions sur la vie, qui n'aboutissaient pas toujours à un accord mais qui ont permis, je pense, à mon cerveau de se développer différemment :). Et enfin merci pour ces moments de partage, à vélo quand je croyais bombarder, en moto avec nos pronostics à travers nos casques, ou encore à Monaco pour l'achat le plus cliché mais rêvé de ma vie.

À ma Maman,
Merci pour ces moments de complicité, pour cet amour sans limite, pour cette écoute sans faille (et je sais que je t'en ai raconté des choses, même tellement inintéressantes j'en suis désolée). Merci pour tes conseils de maman, de grande sœur et de meilleure amie. Merci pour cette alchimie entre nous, j'adore tellement quand on parle en même temps pour dire exactement la même chose au mot près ou quand on a exactement la même idée improbable en même temps aussi ! Merci pour tellement de choses que je ne saurai toutes les citer. Merci pour ta confiance et ton soutien dans tous les domaines de ma vie. Merci d'être la meilleure des mamans.

À mon frère, mon étoile et mon combat,

Grandir à tes côtés a été incroyable, tu es ma première raison de vivre et d'avancer tous les jours. Tu es mon aîné et à la fois la personne que je souhaite le plus protéger. Ce lien entre nous est inconditionnel et je sais qu'au fond je suis ta sœur préférée :) … Je suis fière de t'avoir à mes côtés depuis ma naissance car je suis certaine qu'évoluer avec toi m'a fait grandir et mûrir comme peu en sont capables. Tu m'as rendue plus adulte, plus responsable et sûrement plus aimante. Tu es une force et un combat perpétuel, que je te promets de toujours mener. Je t'aime très fort grand frère.

À ma sœur, ma Pupuce, mon soleil des îles,

Je crois que la première chose qu'il me vient c'est merci pour ces fous rires. Si nombreux que personne ne peut les compter. Quotidiens, rituels, absurdes, évidents, mais tellement bons. Tu es mon petit bijou depuis le jour où tu es arrivée dans nos vies (je t'ai attendue 7 ans quand même!), même si je n'ai pas pu profiter de toi comme d'une poupée bien longtemps (ma sœur ne veut pas jouer à la Barbie, bon ok …). Tu es mon bébé ça pour toujours, même s'il faut que tu arrêtes de profiter de ça d'ailleurs et je suis très fière de la femme que tu deviens. Tu as toute la vie devant toi et je serai toujours à tes côtés. À notre fratrie, Truc, Truc1 et Truc3 (bah oui parce qu'on est 3!).
Je t'aime pas du tout tu le sais, mais pour une fois je te le dis quand même, je t'aime.

À mes grands-parents,

Pour leur amour depuis toutes ces années, pour leur bienveillance pour m'avoir toujours gâtée et traitée comme une princesse (oui oui je suis la première fifille de la famille c'est normal) et merci pour notre histoire,

À mon Gedé Habib,
Mon papichou, merci pour ton amour inconditionnel dans toutes les situations, pour ton sourire si bienveillant, pour tes petits mots plein d'amour, pour toutes ces histoires quand j'étais petite, ces leçons de jardinage l'été et ces parties de dames, d'échecs, de dominos, et d'Uno. Sans oublier que tu es mon binôme préféré à la ronda.

À ma Mouima,
Merci pour ces moments de rigolade, à se déguiser pour amuser tout le monde. Ces heures à préparer de grands repas de famille, ces goûters interminables à refaire le monde, ces commérages tellement drôles avec Adèla et ces discussions tellement comiques sur tes ambitions de vie et de mariage pour nous tous.

À mon Gedé Lakdar,
Merci pour tous ces fous rires, ces chansons improbables (c'est moi Jim!), ces imitations à pleurer de rire. Merci pour ces heures d'histoires de famille et de légendes urbaines. Merci de toujours dire que mon thé est le meilleur (et mon tiramisu aussi haha). Merci de toujours penser à me préparer les fruits que j'aime, ma glace café et mon ice tea quand j'arrive. Merci de toujours me faire rire tout simplement.

À ma Nena, mon ange partie trop tôt …
Merci pour ta gentillesse, sans égal, pour ton amour sans condition. Merci pour tous ces cadeaux, pour ces dizaines de boucles d'oreille à chaque fois (tu as dépassé la centaine). Merci pour les punch-lines que tu pouvais nous sortir d'un coup sans même t'en rendre compte. J'aurai aimé que tu sois là aujourd'hui, que tu puisses me voir accomplir certaines choses. Mais je suis sûre que tu me regardes quand même d'où tu es et que tu es fière. Je vois très bien ton petit sourire discret se dessiner. Tu me manques.

À toute ma famille,
Merci pour toutes ces années, qu'elles aient été belles ou moins bonnes, ça fait partie de l'histoire d'une vie et ça me construit encore chaque jour. Merci pour les bons moments partagés, pour les vacances, Noël, anniversaires et autres.

À mes oncles,
Vous êtes des super tontons et je n'oublierai pas tous les moments passés depuis mon enfance.

À Lahcen,
Merci d'avoir été un oncle, un presque grand frère, un conseiller d'orientation, un conseiller en image, en littérature ou encore en musique. Merci pour m'avoir emmenée voir la Star Ac' en concert il y a 16 ans hihi. Et merci de toujours me soutenir dans tout ce que j'entreprends.

À mes amis,

À Johanna,
Parce que tu es une personne incroyable merci. Une amie que je souhaite garder toute ma vie. Parce qu'avec toi « loin des yeux loin du cœur » ne fonctionne heureusement pas. Parce que tu es une amie tellement géniale que je n'ai pas de mots. Parce que oui je suis tellement heureuse que tu m'aies appelée avec ton « psssstt » ce fameux jour en TP de galénique.
Merci pour tous ces moments ensemble, pour ton dévouement, ton écoute, tes conseils, pour ton sang froid. Et demande pardon à Marc An pour moi pour tous nos messages vocaux, mais ce sont vraiment mes moments préférés de la semaine ! Hâte (d'enfin) venir en Corse te voir et faire la visite guidée de toute ta vie dont on parle depuis si longtemps.
Ma plus belle réussite en pharma c'est toi. Love you.

À Emma,
Merci pour tous ces aprem tea-time sur ton canapé, pour ces moments de rigolade en haut de l'amphi avec Jo, pour ces déjeuners à l'IB, pour nos confidences de mamie sous un plaid. Je suis tellement fière de toi et du cran que tu as eu de nous quitter pour ta passerelle médecine (même si tu nous as manqué avec Jo en cours). Une amitié pour de longues années !

À Anaïs,
Une amitié née de nos galères pendant cette période toute rose de concours. Merci pour ces heures partagées avec toi à réviser et à s'arracher les cheveux. Merci pour tes plannings au top ! Merci pour ces échanges de confiance qu'on a qu'avec ses vrais amis. Merci aussi pour m'avoir donné la motivation sur plein de sujets différents (et au moins pour la danse!). Hâte de continuer toutes ces aventures avec toi sur nos belles années qui arrivent.

À Marine,
Avec qui tout a commencé en 2013 sur les bancs de la fac. Cette fameuse PACES on l'a eue ! Hâte que tu deviennes mon médecin préféré !

À Tous,
De l'école primaire, au lycée, en passant par le collège, si vous avez participé à ma vie et à mon bonheur merci : Agosta mon petit chat depuis la seconde pour ces fous rires et ces dîners en tête à tête chez toi pour rattraper le temps perdu, Marie depuis la maternelle pour ces vieux souvenirs de nos chorégraphies à jamais gravés dans ma mémoire, Élodie depuis le collège, Sid depuis le lycée aussi pour ton humour et ton personnage que je peux pas m'empêcher d'apprécier (et ta présence bien sûr), Greg pour me martyriser avec les tours spin. Et tous les autres que je n'oublie pas.

À mes amis et collègues de l'IHU,

À Ludivine,
La seule et l'unique. Si tu n'existais pas il faudrait clairement t'inventer ! Déjà merci pour avoir été la première à me former sur toutes ces techniques diverses et variées. Merci pour avoir décidé un jour de me raconter ta vie dans un couloir, ça a lancé le début d'une amitié géniale ! Merci pour ton personnage brut de décoffrage que j'adore, pour ces fous rires sur des sujets tous plus aberrants les uns que les autres. Merci aussi pour ton sérieux quand il fallait et ton écoute. Tu es une personne atypique mais c'est ta plus grande qualité et c'est ce qui fait de toi la personne entière que tu es.

À Julien et Sabine,
Merci pour votre bienveillance et votre amitié, pour votre écoute. Pour tous ces moments « en famille » avec ma petite fraise d'amour, votre princesse de fille que j'aime. Merci pour tous ces Mcdo haha et pour ces heures de rigolade, de bagarre avec Julien et de confidences avec Sabine. Comme je vous dis souvent vive les Baume !

À Majda,
Une belle rencontre, une belle amitié, un chaperon et une conseillère hors-pair. Merci pour ta gentillesse comme on en retrouve peu. Merci pour tes recadrages violents mais aussi pour tes mots rassurants. J'espère vite qu'on va réinstaurer le confessionnal dans ton bureau ! Merci aussi pour ta confiance, ça compte beaucoup pour moi.

À Naouel,
J'attends toujours l'aprem nehneh déjà ! Merci pour ces fous rires pour rien, pour ces expressions typiques qui me cassent le ventre, pour ces claques aussi parce qu'il en faut. Merci pour tous tes encouragements et pour ta bienveillance.

À tous,
Momo, Amael, Aurélie, Nouria, Nico, Safdar, …
Merci pour les rires, les blagues nulles, les repas improvisés, les pauses café (chocolat pour moi), les expressions qui restent pour rien mais qui me font tellement rire (je suis bon public mais c'est tellement drôle) vous êtes tous dans mon cœur et promis il y a beaucoup de place !

À mes amies et collègues de mes pharmacies,

Vanessa, Anaïs, Lolo Champion, Valérie, Coco, Martine, la team poypoy ! Merci pour ces huit mois passés à vos côtés, pour votre accueil mais aussi pour l'aventure COVID qu'on a partagé au moment de son lancement ! Pour ces imitations magiques de Coco, pour le rire de Vanessa, pour les petites danses d'Anaïs quand elle est contente, pour les blagues et proverbes de Lolo (toujours un coup d'avance voire deux si t'es un bon), pour les aventures folles de Martine, et pour la sagesse de Val. Un grand merci.

Hermine, Christine et Anna, merci pour cette aventure (courte mais intense n'est-ce-pas) à vos côtés. Pour ces journées en musique et nos fous rires (J-Lo n'a qu'à bien se tenir). Je vous embrasse.

Carine ma binôme du jeudi tacos, Laetitia, Elisabeth, Amandine, et toute l'équipe Canino, merci pour ces quelques mois de rires aussi, de délires bêtes, de compliments cachés par des piques, et de blagues sur tout et n'importe quoi.

Au Professeur Stéphane RANQUE,
Pour son accueil dans son service de parasitologie au moment de mon externat en mars 2019, pour m'avoir confiée à Coralie et donc avoir participé à égayer mon cursus. Merci aussi pour m'avoir acceptée dans votre équipe sur le projet de recherche qui nous attend et pour avoir bien voulu encadrer mon master de recherche.

À Géraldine,
Pour son aide précieuse pour ce projet de thèse. Merci pour ces manips NGS et merci pour ton aide dans la rédaction de cette partie totalement obscure pour moi.

Au CHU de Clermont-Ferrand,
Pour nous avoir donné un échantillon d'ADN positif qui nous a permis de mettre au point nos techniques de diagnostic

En espérant n'avoir oublié personne …

« FAIS-LE OU NE LE FAIS PAS. IL N'Y A PAS D'ESSAI »
MAÎTRE YODA

« L'Université n'entend donner aucune approbation, ni improbation aux opinions émises dans les thèses. Ces opinions doivent être considérées comme propres à leurs auteurs. »

TABLE DES MATIÈRES

Introduction 1

Généralités 2

Partie 1 : Schistosomiase urinaire, pathologie et agent causal 3
I. *Schistosoma spp* : description 4
1. Taxonomie et description morphologique 4
2. Cycle parasitaire 7
3. Espèces et répartition géographique 10
II. Physiopathologie de la schistosomiase urinaire 12
1. Symptomatologie et manifestations cliniques 12
a) Phase de pénétration cutanée des furcocercaires 12
b) Phase d'invasion 12
c) Phase d'état 12
2. Traitement et prise en charge 13
III. Hybrides et espèces animales 15

Partie 2 : Diagnostic biologique et clinique 18
I. Tableau clinique 19
II. Examen direct : microscopie 20
1. Prélèvement et traitement 20
2. Analyse microscopique 20
III. Autres examens 22
IV. Biologie moléculaire : principe général 24
1. Extraction de l'ADN 24
2. PCR *(Polymerase Chain Reaction)* standard et temps-réel 24

Matériel et Méthodes 27

Partie 3 : Détermination des espèces par séquençage 28
I. Présentation des patients 29
1. Épidémiologie 29
2. Dosage de l'ADN 34
II. Biologie moléculaire 35
1. Extraction sur Nuclisens® EasyMAG (Biomérieux) 35
2. PCR standard 36
3. Électrophorèse de l'ADN sur gel d'agarose 40
III. Séquençage et identification de l'espèce 43
1. Principe général 43
2. Méthode Sanger 43
3. Méthode NGS ou séquençage haut débit 45
4. Traitement des séquences et identification 46

Partie 4 : Résultats et discussion 49
I. Résultats 50
II. Discussion 58
1. Méthodes utilisées et interprétation des résultats 58
2. Enjeux de la prise en charge de la bilharziose 62

Conclusion 63

Bibliographie 64

Annexes 68

LISTE DES FIGURES

Figure 1 : arbre phylogénétique de Schistosoma
Figure 2 : morphologie de schistosomes adultes mâle et femelle
Figure 3 : comparaison morphologique des œufs par espèce (µm)
Figure 4 : œufs de Schistosoma haematobium et Schistosoma mansoni
Figure 5 : Bulinus truncatus dans une boîte de pétri vide
Figure 6 : furcocercaire de S. mansoni au microscope (500µm)
Figure 7 : cycle parasitaire du schistosome
Figure 8 : répartition géographique de la bilharziose selon l'OMS en 2012
Figure 9 : comparaison schématique des œufs de S. bovis et S. curassoni
Figure 10 : illustrations de manifestations cliniques allergiques cutanées de schistosomiase
Figure 11 : microscope et pot stérile à urine
Figure 12 : œuf de S. haematobium mis en évidence chez un patient de notre étude, grossissement x10
Figure 13 : œufs de S. haematobium mis en évidence chez un patient de notre étude, grossissement x40
Figure 14 : schéma du processus de PCR
Figure 15 : séquence de la région répétée Dra1, numéro GenBank DQ1557698.1
Figures 16 - 18 : biopsie vésicale du patient 11 entre lame et lamelle à plusieurs grossissements
Figures 19 - 22 : prélèvement d'urines observé au microscope à plusieurs grossissements
Figure 23 : cchéma du protocole d'utilisation du Qubit pour le dosage d'ADN
Figure 24 : Qubit® 2.0 Fluorometer (Invitrogen by Life Technologies)
Figure 25 : automate NucliSens® easyMAG de Biomérieux
Figure 26 : thermocycler 2720 de AppliedSystems® utilisé pour l'amplification par PCR
Figure 27 : schéma récapitulatif de la réalisation des mix
Figure 28 : programme PCR pour Mix standard
Figure 29 : programme PCR Mix High Fidelity
Figure 30 : schéma d'un gel d'électrophorèse sur lequel on observe plusieurs bandes représentant différentes tailles de segments d'ADN
Figure 31 : E-gel imager (life technologies)
Figure 32: exemple légendé de gel obtenu
Figure 33: échelle de poids moléculaire de BenchTop pGEM® DNA Markers de Promega
Figure 34: schéma récapitulatif de la PCR BigDye
Figure 35: schéma expliquant la composition d'un run au séquenceur
Figure 36: réquenceur utilisé, le 3500 XL Genetic Analyzer de Applied Biosystems
Figure 37: Représentation des étapes de l'amplification clonale en émulsion [UVE]
Figure 38: rhromatogrammes obtenus sur le logiciel ChromasPro pour une amorce sur un des patients de cette étude
Figure 39 : présentation globale du système BLAST
Figure 40 : exemple de résultat obtenu après la reconnaissance de la séquence proposée par la banque de données NCBI
Figure 41 : morphologies des œufs retrouvés dans l'épidémie Corse
Figure 42 : CNOPS et al, tableau comparatif des détections obtenues pour la Dra1PCR avec d'autres types de PCR

LISTE DES TABLEAUX

Tableau 1 : Exemples de caractéristiques morphologiques des œufs de Schistosoma selon l'espèce
Tableau 2 : Répartition des espèces selon leur réservoir et leur zone géographique
Tableau 3 : Différentes possibilités d'hybridation inter-espèces et pays où ces hybrides ont été décrits
Tableau 4 : Présentation de quelques tests sérologiques utilisés pour le diagnostic indirect
Tableau 5 : Séquences des amorces et sonde utilisées pour la PCR Dra1
Tableau 6 : Liste des patients étudiés avec leurs caractéristiques
Tableau 7 : Amorces utilisées dans cette étude
Tableau 8 : Amorces utilisées et dessinées avec l'Unité des Virus émergents
Tableau 9 : Règle de codification universelle et corrections
Tableau 10 : Résultat final séquençage par patient
Tableau 11 : Résultats des gels par patient et selon le couple d'amorces utilisé (ANNEXES)

LISTE DES ABRÉVIATIONS

ADN : Acide DésoxyriboNucléique
ANOFEL : Association Française des enseignants des praticiens hospitaliers titulaires de parasitologie et mycologie médicales
BLAST : Basic Local Alignment Search Tool
CHU : Centre Hospitalo-Universitaire
EIA : Enzyme ImmunoAssay
ELISA : Enzyme Linked Immuno Sorbent Assay
HAI : Hémagglutination Indirecte
HAS : Haute Autorité de Santé
IFI : ImmunoFluorescence Indirecte
IHU : Institut Hospitalo-Universitaire
NCBI : National Center of Biotechnology Information
NFS : Numération Formule Sanguine
NGS : Next Generation Sequencing
OMS : Organisation Mondiale de la Santé
PCR : Polymerase Chain Reaction
RT-PCR : Reverse Transcriptase Polymerase Chain Reaction
S. : Schistosoma
WB : Western-Blot

INTRODUCTION

La schistosomiase, aussi appelée bilharziose, est une affection due à un parasite du genre *Schistosoma* et sévit dans les régions tropicales et subtropicales, principalement en Afrique. Vers plat aussi appelé plathelminthe ou encore trématode, le schistosome se transmet à l'Homme par la pénétration transcutanée de larves lors de bains en eau douce et stagnante généralement aux heures les plus chaudes de la journée. La transmission a lieu quand les personnes atteintes de schistosomiase contaminent les sources d'eau douce avec leurs excréments contenant les œufs du parasite qui vont y éclore. L'hôte intermédiaire est le bulin, un gastéropode d'eau douce.

Il existe plusieurs espèces de *Schistosoma* dont cinq sont considérées comme pathogènes pour l'Homme : *Schistosoma haematobium, Schistosoma mansoni, Schistosoma intercalatum, Schistosoma japonicum* et *Schistosoma mekongi.*
La plus répandue, *Schistosoma haematobium*, est responsable de formes urinaires pouvant aboutir dans les cas graves à une insuffisance rénale terminale si elles ne sont pas prises en charge. Les autres espèces sont responsables de formes intestinales, hépatiques ou encore rectales.

Au total, on estime à 200 millions le nombre de personnes atteintes dans le monde. La schistosomiase touche essentiellement les communautés pauvres et rurales, en particulier les populations d'agriculteurs et de pêcheurs. Les femmes qui accomplissent leurs tâches domestiques dans de l'eau infestée, le lavage du linge par exemple, sont également exposées au risque. Le manque d'hygiène et le contact avec de l'eau contaminée rendent les enfants particulièrement vulnérables à l'infection. L'exode rural et les déplacements de populations introduisent la maladie dans de nouvelles régions. La croissance démographique, allant de pair avec une augmentation des besoins en énergie et en eau, est souvent à l'origine de programmes d'aménagement, et de modifications de l'environnement qui facilitent la transmission. La bilharziose est considérée comme une maladie tropicale négligée, c'est-à-dire une maladie répandue et confinée aux régions en développement. Cela pourrait changer car plusieurs cas sont survenus en Europe depuis 2011, en particulier en Corse, faisant craindre l'émergence de cette parasitose en Europe. De plus avec le développement de l'écotourisme et des voyages hors des sentiers battus, un nombre croissant de touristes contractent la schistosomiase.

Le diagnostic de cette schistosomiase urinaire repose sur la mise en évidence des œufs du parasite à l'examen direct des urines, mais aussi depuis récemment sur la mise en évidence, toujours dans les urines de l'ADN du parasite et on parlera alors de diagnostic moléculaire.

Toutefois, une identification de l'espèce ne peut se faire qu'au travers d'un séquençage génomique de l'ADN extrait. Il s'agira dans ce travail d'identifier la ou les espèces mises en cause chez les patients pris en charge au service des maladies infectieuses de l'IHU Méditerranée-Infection de Marseille par séquençage de gènes nucléaires et mitochondriaux.

GÉNÉRALITÉS

PARTIE 1:

SCHISTOSOMIASE URINAIRE, PATHOLOGIE ET AGENT CAUSAL

I. *Schistosoma spp* : description

1 Taxonomie et description morphologique

Décrit en 1852 par le pathologiste allemand Theodor Bilharz, le schistosome est un parasite à sexes séparés : la femelle filiforme vient se loger dans le canal gynécophore du mâle lors de l'accouplement. Ils sont tous deux très reconnaissables : la femelle possède un corps long (*environ 20mm*) et cylindrique, plutôt étroit tandis que le mâle est plus aplati, plus large et plus court (*~10mm*). La femelle est de teinte foncée, alors que le mâle est blanc.
Quelques différences morphologiques peuvent toutefois être relevées d'une espèce de schistosome à l'autre [1, 2, 4].

Figure 1: arbre phylogénétique de Schistosoma
[1]

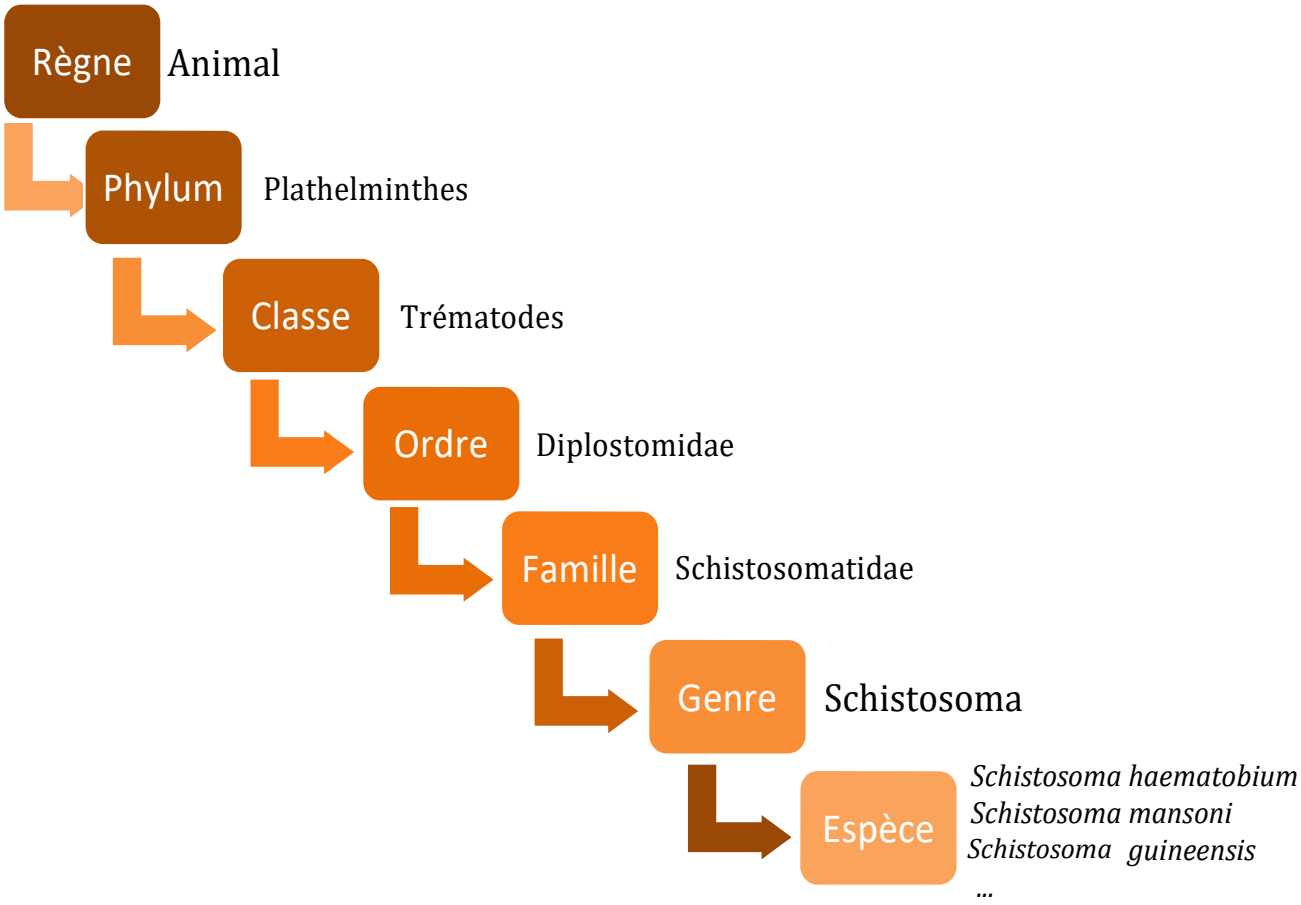
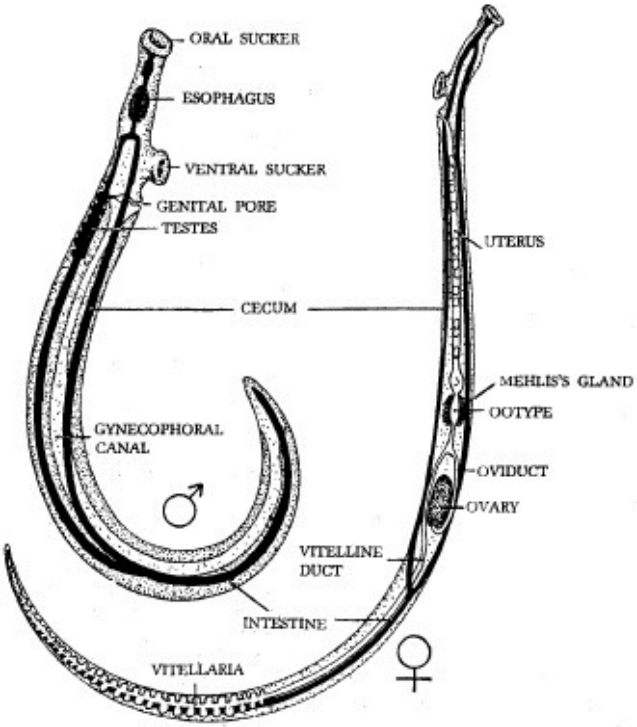


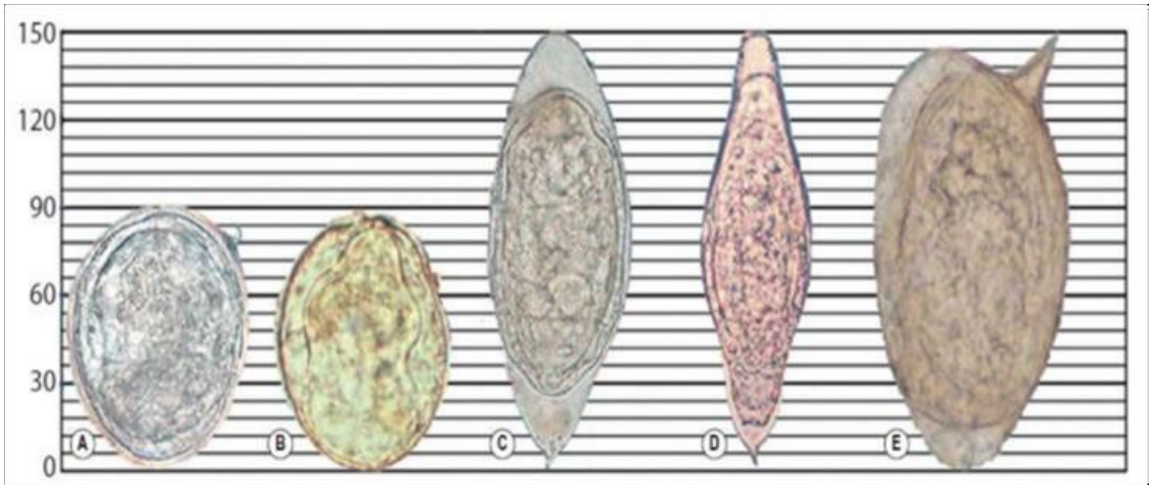
Figure 2: morphologie de schistosomes adultes mâle et femelle



https://www.slideshare.net/rajud521/schistosomes

Chez les deux sexes il existe deux ventouses : la ventouse orale qui s'ouvre dans l'œsophage et qui se dédouble ensuite en deux branches intestinales qui se soudent pour former le caecum, et une ventouse ventrale qui est l'organe de fixation. Leur taille et leur morphologie diffèrent aussi au niveau des œufs.
La longévité de *Schistosoma haematobium* est de plus de 10 ans et l'Homme est son seul hôte définitif [2, 3, 8].

Figure 3 : comparaison morphologique des œufs par espèce (µm) [6]



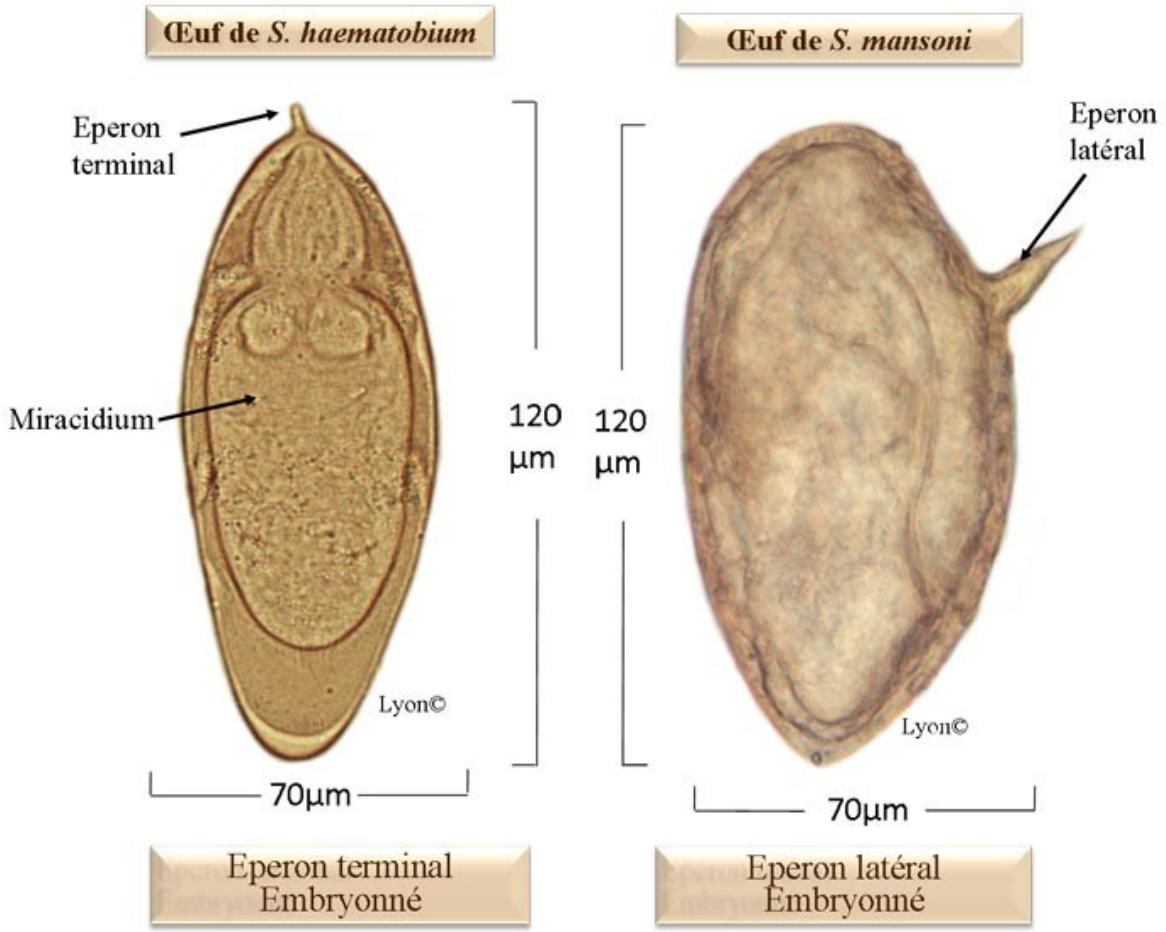
(a)*: Schistosoma japonicum*
(b): *Schistosoma mekongi*
(c): *Schistosoma haematobium*
(d): *Schistosoma intercalatum*
(e): *Schistosoma mansoni*

Tableau 1: exemples de caractéristiques morphologiques des œufs de Schistosoma selon l'espèce [2, 4, 5]

Espèce	Localisation parasite	Nombre d'œufs/jour	Forme des œufs	Prélèvement pour diagnostic
S. haematobium	Plexus veineux uro-génitaux	20-200	Ovalaire à éperon terminal 150/60 µm	Urines Biopsies vésicales
S. mansoni	Veine mésentérique supérieure	100-300	Ovalaire à éperon latéral 140/60 µm	Selles, biopsies rectales
S. guineensis	Plexus veineux périrectal	inconnu	Ovalaire à éperon terminal 200/65 µm	Selles, biopsies rectales

L'œuf de schistosome possède une caractéristique typique : la présence d'un éperon, terminal chez *S. haematobium*, et plutôt latéral chez *S. mansoni*. Il permet de différencier les deux espèces lors de l'examen microscopique d'une lame (sur un prélèvement d'urines principalement).

Figure 4 : œufs de Schistosoma haematobium et Schistosoma mansoni



http://www.memobio.fr/html/para/pa_fi_shi.html

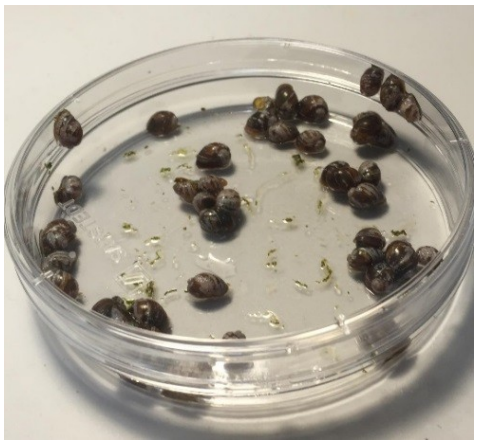
L'œuf de *Schistosoma mansoni* est de plus petite taille que celui de *Schistosoma haematobium.*

Cette caractéristique permet souvent l'identification de l'espèce au microscope, bien qu'une infection à *Schistosoma mansoni* soit beaucoup plus rare en routine.

2 Cycle parasitaire

La schistosomiase est une parasitose due à un vers hématophage, à sexes séparés, vivant dans le système circulatoire des mammifères à son stade adulte et évoluant chez un mollusque d'eau douce qui servira d'hôte intermédiaire, à son stade larvaire. D'une espèce à l'autre, l'hôte intermédiaire n'est pas identique : par exemple pour *S. haematobium* l'hôte est le bulin alors que pour *S. mansoni* l'hôte est la planorbe.

Figure 5 : bulinus truncatus dans une boîte de pétri vide



https://twitter.com/PaulJBrindley/status/635084782075006981/photo/1

L'infection chez l'Homme se fait lorsque les larves du parasite pénètrent par la peau après leur libération par le gastéropode : l'Homme est l'hôte définitif.

On parle de cycle hétéroxène car le parasite a besoin de plusieurs hôtes pour se développer.

Le cycle existe et s'entretient selon des conditions d'hygiène particulières : une fois arrivés au stade adulte chez l'Homme, les vers migrent à contre-courant dans la circulation et le schistosome femelle se loge dans les cavités veineuses de la vessie ou de l'intestin où il va pondre ses œufs qui vont passer par effraction et être rejetés dans les urines ou dans les selles selon l'espèce mise en cause.

Dans des conditions de vie précaires, ces déjections se retrouvent dans le milieu extérieur, dans les eaux douces stagnantes locales notamment. Ainsi, en conditions favorables de pH et de température (pH neutre et température entre 18°C et 33°C), les œufs vont libérer leur forme larvaire ciliée : le miracidium. Cette forme a une durée de vie courte de quelques

heures et doit trouver son hôte intermédiaire, le bulin ou la planorbe, pour survivre. Son évolution chez l'hôte intermédiaire dure environ 1 mois.

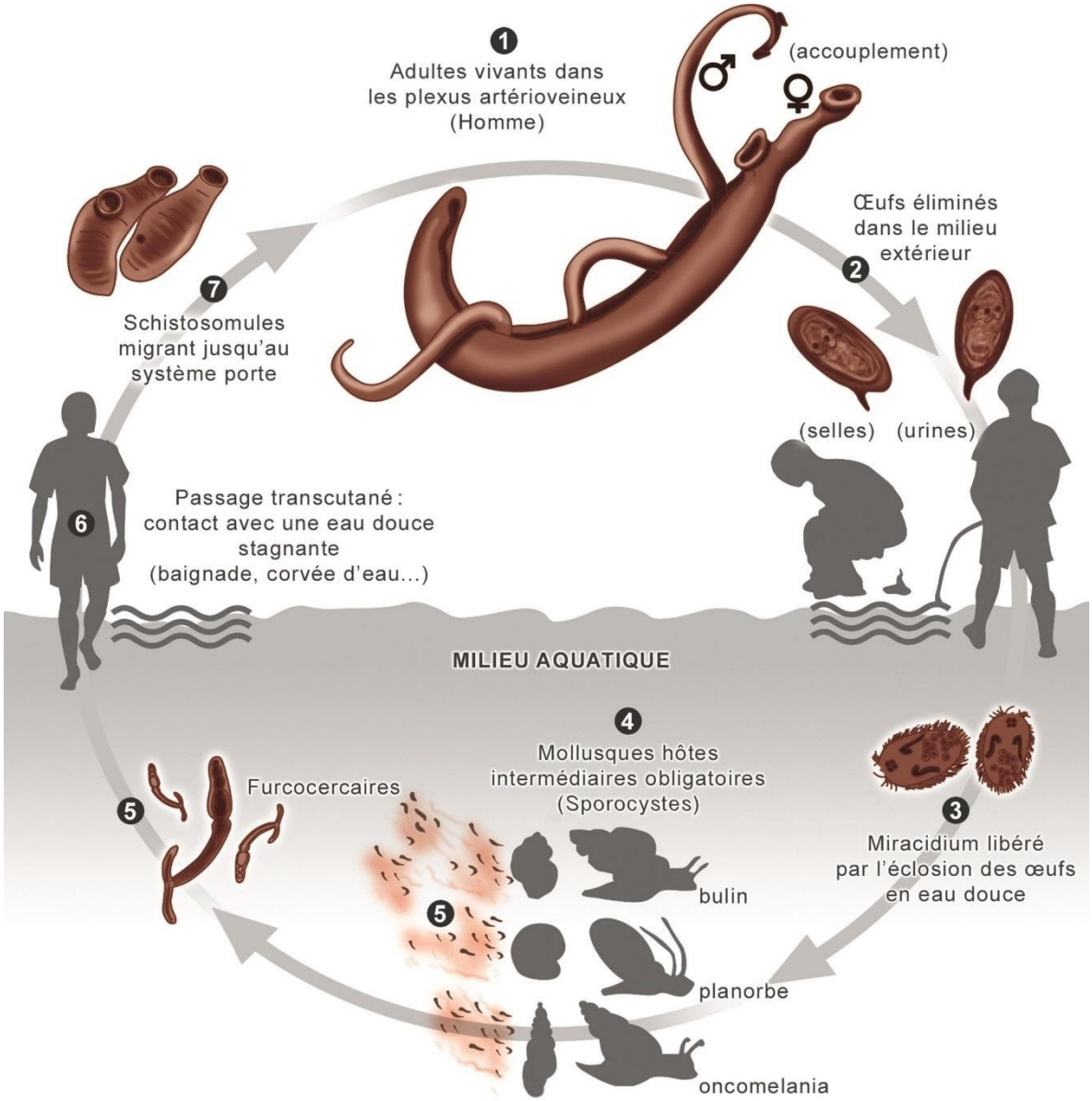
A maturation, le miracidium est à l'origine de la formation de milliers de forme terminale évolutive : le cercaire. Possédant une queue bifide, cette forme, aussi appelée furcocercaire devient donc la forme infestante, circule en eau douce et pénètre par voie transcutanée toute partie du corps humain qui serait immergée en quelques minutes. Il perd sa queue lors de cette pénétration pour devenir un schistosomule [2, 3, 4, 5].

Figure 6 : furcocercaire de S. mansoni au microscope (500µm)
[2]

Si les œufs ne sont pas libérés dans ces conditions favorables, que les défenses de l'organisme de l'Homme arrivent à lutter contre eux ou qu'ils sont pondus dans des organes pleins (poumon, foie) ils ne peuvent pas évoluer et seront retrouvés calcifiés.

Dans le système veineux mésentérique les larves se transforment en forme adulte en environ deux mois puis s'accouplent. Les adultes vivent environ trois à cinq ans mais pour certains cela peut aller jusqu'à vingt voire trente ans !

Figure 7: cycle parasitaire du schistosome
[2]



Certains facteurs sont considérés comme favorisants au développement de cette parasitose :

- Niveau socio-économique faible: utilisation des eaux naturelles pour des besoins domestiques et rejets des excréments, natation ou pêche dans des eaux infestées (enfants jeunes principalement qui sont rendus vulnérables à l'infestation)
- Activités professionnelles: agriculture, élevage, tâches ménagères

Pour lutter contre ce fléau, plusieurs techniques sont mises en place : assainissement approprié des eaux, accès à l'eau potable pour les zones reculées ainsi qu'une lutte contre les gastéropodes qui représentent les hôtes intermédiaires.
Un traitement préventif par du praziquantel est aussi instauré de façon périodique à grande échelle pour limiter le nombre de cas.

3 Espèces et répartition géographique

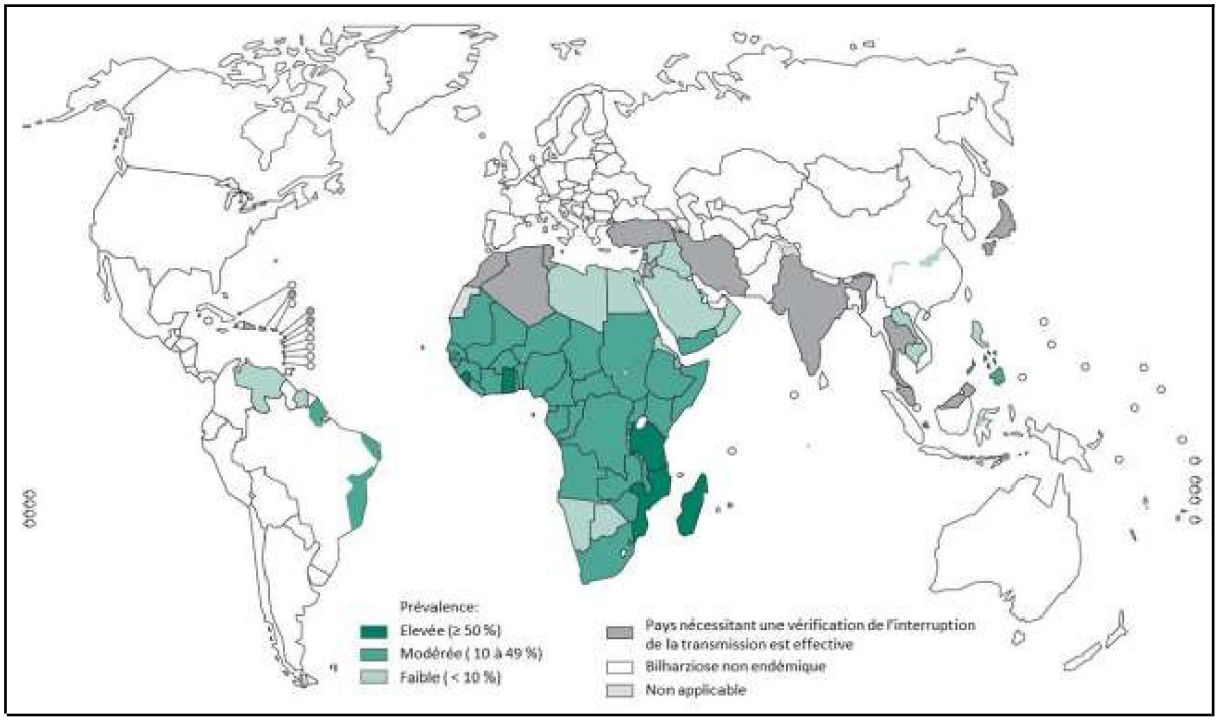
On considère que cinq espèces de *Schistosoma* sont pathogènes pour l'Homme. Elles sont responsables d'infections à localisation différente :

- *Schistosoma haematobium* : bilharziose urogénitale (ou urinaire)
- *Schistosoma mansoni* : bilharziose intestinale, quelques formes hépatospléniques
- *Schistosoma japonicum* : bilharziose hépatique sévère
- *Schistosoma mekongi* : bilharziose hépatique sévère
- *Schistosoma intercalatum* : bilharziose intestinale

L'Homme est considéré essentiellement comme l'hôte définitif des schistosomes.

La principale zone endémique est l'Afrique : on y retrouvera plusieurs espèces et notamment *S. haematobium* et *S. mansoni*, à moindre mesure *S. intercalatum* dans des zones humides d'Afrique centrale [2, 3, 4, 5].

Figure 8: répartition géographique de la bilharziose selon l'OMS en 2012



Schistosoma haematobium est l'espèce la plus répandue, elle est retrouvée au Moyen-Orient, à Madagascar et même exceptionnellement dans le sud-est de la Corse (France) entre 2012 et 2013. Sa caractéristique d'être non zoonotique et les températures élevées nécessaires à son développement expliquent toutefois l'absence de cette pathologie dans la liste des maladies parasitaires présentant un fort risque d'introduction en Europe.

S. mansoni a aussi une prévalence élevée dans les Caraïbes, en Amérique du Sud et a aussi été retrouvé à Madagascar.

Ces deux principales espèces ont aussi été mises en évidence dans la vallée du Nil.
Les espèces *S. japonicum* et *S. mekongi* sont quant à elles plutôt retrouvées sur le continent asiatique (Chine, Indonésie, Philippines, Cambodge).

Tableau 2 : répartition des espèces selon leur réservoir et leur zone géographique
[2, 5, 31]

Espèce *Schistosoma*	**Zoonose**	**Réservoir**	**Zone géographique**
S. haematobium	Non	Hommes Eau	Afrique Moyen-Orient
S. mansoni	**Oui**	Hommes Eau	Amérique du Sud Afrique Moyen-Orient
S. mekongi	**Oui**	Hommes Chiens Eau	Asie
S. japonicum	**Oui**	Hommes Bovins Porcins Singes Rats, souris Eau	Asie
S. intercalatum / *S. guineensis*	Non	Hommes Eau	Afrique
S. bovis	**Oui**	Hommes **Bovins** **Ovins** Eau	Afrique du Nord Europe
S. curassoni	**Oui**	Hommes **Ovins** **Caprins** Bovins Eau	Afrique Occidentale Sénégal ++

II. Physiopathologie de la schistosomiase urinaire

1 Symptomatologie et manifestations cliniques

La bilharziose évolue en trois phases cliniques successives. [2, 4, 7]
Les effets pathogènes sont principalement causés par la présence d'œufs qui provoquent une réaction immunitaire granulomateuse avec hyperlymphocytose (augmentation des lymphocytes circulants) et hyperéosinophilie (augmentation des polynucléaires éosinophiles) : on parle de granulome bilharzien. Cette manifestation immuno-allergique peut devenir à long terme un bilharziome suite à la confluence de plusieurs granulomes bilharziens.
La bilharziose peut aussi être asymptomatique, notamment en zone endémique (40% des cas).

a Phase de pénétration cutanée des furcocercaires

Souvent asymptomatique, elle permet l'orientation du diagnostic quand elle est signalée lors de la phase d'invasion. Elle se manifeste par un prurit et des éruptions cutanées. On peut parler de dermatite cercarienne. Elle survient quelques heures après l'infestation par les furcocercaires et jusqu'à sept jours après.

b Phase d'invasion

Elle correspond à la migration des vers dans le système veineux et se manifeste par de la fièvre, des céphalées, une dyspnée asthmatiforme, hépatomégalie et diarrhée. On retrouve dans cette phase aussi une éruption cutanée de type urticaire. Plus rarement on pourra retrouver une encéphalopathie et/ou une pneumopathie. Elle survient entre deux et douze semaines post-infestation. L'hyperéosinophilie est constante et marquée.
Cette phase peut être inapparente chez le patient vivant en zone d'endémie alors qu'elle sera bien visible chez le voyageur mais ce syndrome pseudo-grippal peut induire en erreur vers une autre pathologie typique d'un retour de zone endémique, le paludisme.

c Phase d'état

C'est la phase qui va différer en fonction de l'espèce impliquée, elle peut se révéler quelques semaines à plusieurs années après l'infestation.

- Bilharziose urinaire ou uro-génitale par *S. haematobium* :
  - ✓ Hématurie macroscopique : signe le plus classique retrouvé dans cette forme de bilharziose, il s'explique par l'effraction des parois vasculaires provoquée par les œufs induisant ainsi des microsaignements
  - ✓ Symptômes typiques d'une cystite : pollakiurie, brûlures mictionnelles
  - ✓ Forte inflammation provoquant des infections et une insuffisance rénale
  - ✓ Atteintes génitales chez la femme : saignements du vagin, douleurs au moment des rapports sexuels, nodules dans la vulve
  - ✓ Un cancer de la vessie peut être une complication en cas de forme avancée
  - ✓ Pathologie des vésicules séminales ou de la prostate chez l'homme
  - ✓ Stérilité possible sur le long terme

Les autres formes de bilharziose auront aussi un tableau clinique typique :

- Bilharziose intestinale par *S. mansoni* et *S. intercalatum* : diarrhées sanglantes, rectorragies, douleurs abdominales et spasmes coliques
- Bilharziose hépatosplénique par *S. mekongi*, *S. japonicum* et *S. mansoni* : hépatite granulomateuse évoluant vers une fibrose

Il existe d'autres formes, plus rares, de type rénales, pulmonaires, cutanées, digestives ou encore cardiaques.

De plus, cette pathologie provoque des séquelles graves notamment chez l'enfant pour lequel on peut observer un retard de croissance, une anémie, une diminution des capacités d'apprentissage comme chez l'adulte qui pourra être limité dans sa capacité de travail. Ces effets sont cependant généralement réversibles en présence de traitement.

2 Traitement et prise en charge

Toute bilharziose évolutive doit être traitée afin d'éviter les complications.

Le traitement de première intention de la bilharziose à *S. haematobium* repose sur l'administration en dose unique de praziquantel (antihelminthique), à titre de 40mg/kg de poids corporel, dose à répéter après un mois. [2]

> Le praziquantel augmente la perméabilité des membranes cellulaires pour les ions calcium par perturbation des phospholipides membranaires. Ce mécanisme induit une contraction des schistosomes et leur tétanisation et ainsi la destruction des téguments. Les parasites morts sont ensuite éliminés par l'immunité de l'hôte par phagocytose ou libérés dans la circulation systémique.
>
> Sa pharmacocinétique est relativement classique : absorption rapide avec pic en 1 à 3 heures, métabolisme hépatique et élimination rénale avec demi-vie de 1h à 1h30.
> Il est conseillé de prendre le traitement au cours d'un repas ou peu après, le soir en cas de prise unique (et dans un intervalle de quelques heures en cas de prises répétées).
>
> Quelques interactions médicamenteuses sont à prendre en compte avec les inducteurs de cytochromes. Le traitement est possible chez la femme enceinte, quel que soit le terme et à surveiller chez l'insuffisant hépatocellulaire ou en cas de troubles du rythme cardiaque. [9, 10]

Il est important de souligner que le praziquantel n'est efficace que sur les formes adultes de schistosome et qu'ainsi il est primordial de retarder le traitement de plusieurs semaines (entre six et huit en moyenne) afin que les schistosomules aient atteint leur maturation : le traitement ne doit jamais être administré en phase d'invasion car il peut aggraver la symptomatologie.
Il est efficace sur toutes les espèces de schistosome.

Un traitement chirurgical peut être proposé si les lésions n'ont pas régressé suite au traitement médicamenteux.

Le traitement doit être répété si lors de l'examen de suivi six semaines après la prise du traitement il persiste encore des œufs.
On pratiquera aura aussi une NFS et une sérologie de contrôle. La surveillance thérapeutique doit se faire à 2 mois, 6 mois et 1 an plus tard.

⚠ Il est à noter que des œufs morts peuvent être émis pendant plusieurs mois.

Un traitement préventif est aussi instauré afin de réduire la morbidité de la pathologie, ciblant les populations pour un traitement à grande échelle (on estime à 52 le nombre de pays touchés par l'endémie).

Dans les zones de forte transmission il est recommandé de traiter les populations à risque tous les ans et ce durant plusieurs années. Cette méthode permet de guérir les symptômes bénins et d'éviter aux sujets infectés de développer la maladie au stade chronique avec une forme sévère.

Mesures préventives :

- éviter le contact avec de l'eau douce contaminée
- bouillir l'eau douce utilisée comme bain pendant au moins 1 minute
- accès à l'eau potable pour les villages reculés
- lutte contre les mollusques
- se sécher vigoureusement la peau avec une serviette en cas de contact avec une eau potentiellement contaminée
- émission des urines et des selles dans des latrines réduit le risque d'infection
- traitement de masse par le praziquantel en ville ou milieu scolaire, régulièrement et sur le long terme

Ce traitement possède l'avantage d'être efficace sur toutes les formes de schistosomiase et de ne pas avoir un coût considérable.

Il est à noter que les réinfestations post-traitement sont toutefois possibles mais que le risque de développer une forme grave est alors fortement diminué voire nul quand les cures ont été initiées dès l'enfance.

III. Hybrides et espèces animales

La diversité génétique de *Schistosoma* ainsi que sa possibilité d'hybridation inter-espèces ont un impact sur la dynamique de transmission, l'interaction hôte-parasite, la virulence du parasite ou encore la sensibilité du traitement. [3, 29, 30, 31, 32]

L'hybridation permet au parasite d'élargir son spectre d'hôte, que ce soit pour l'hôte intermédiaire ou l'hôte définitif.

Les phénomènes migratoires et le réchauffement climatique sont deux phénomènes qui augmentent la probabilité de rencontre entre le parasite et deux hôtes potentiels.

L'hybridation entre espèces génétiquement proches plus souvent rapportée est :
S. haematobium* / S. *bovis* > *S. haematobium* / *S. mansoni

Ces cas d'hybridation sont de plus en plus souvent retrouvés chez l'Homme : *S. mansoni* et *S. rodhaini* au Kenya, *S. mansoni* et *S. haematobium* au Sénégal, *S. guineensis* et *S. haematobium* au Bénin et au Cameroun.
Récemment, un foyer de bilharziose a été mis en évidence en Corse du Sud, plus particulièrement au niveau de la rivière Cavu dont les eaux peuvent approcher les 30°C au cours de l'été. Des cas ont été rapportés en janvier 2014 avec la mise en évidence d'œufs de *Schistosoma* dans les urines d'un jeune garçon pris en charge pour une hématurie. Quelques semaines plus tard, des familles ont aussi été diagnostiquées positives à *Schistosoma haematobium*. Cependant, aucun de ces patients ne faisait état d'un voyage en zone endémique. Il a été ensuite mis en évidence que tous avaient voyagé en Corse.

Schistosoma haematobium est considérée spécifique de l'Homme, qui est le principal réservoir de l'infection. Toutefois, de nombreuses espèces de schistosome sont retrouvées chez l'animal, mais peuvent aussi être retrouvées exceptionnellement chez l'Homme (S. *bovis* notamment).
Dans le foyer Corse, il a été retrouvé une majorité de formes hybrides à *S. haematobium* et *bovis*, quelques formes pures à *S. haematobium* et très rarement des formes de *S. bovis*. [30,31]

L'espèce *S. bovis* est capable de se développer chez les deux types de mollusques (planorbe et bulin) et peut aussi être retrouvée dans les mêmes zones géographiques que *S. haematobium*, avec laquelle elle s'hybride.

Cette hybridation profère de nouvelles capacités infectieuses qui sont alors supérieures : la capacité d'adaptation particulière permet l'infection d'une plus grande diversité d'hôtes.
En effet, *S. bovis* peut infecter le *Bulinus truncatus*, mollusque naturellement présent dans les îles méditerranéennes et dans tout le sud de l'Europe, mais il peut aussi infecter des mollusques du genre *Planorbarius*, retrouvé dans la péninsule ibérique.

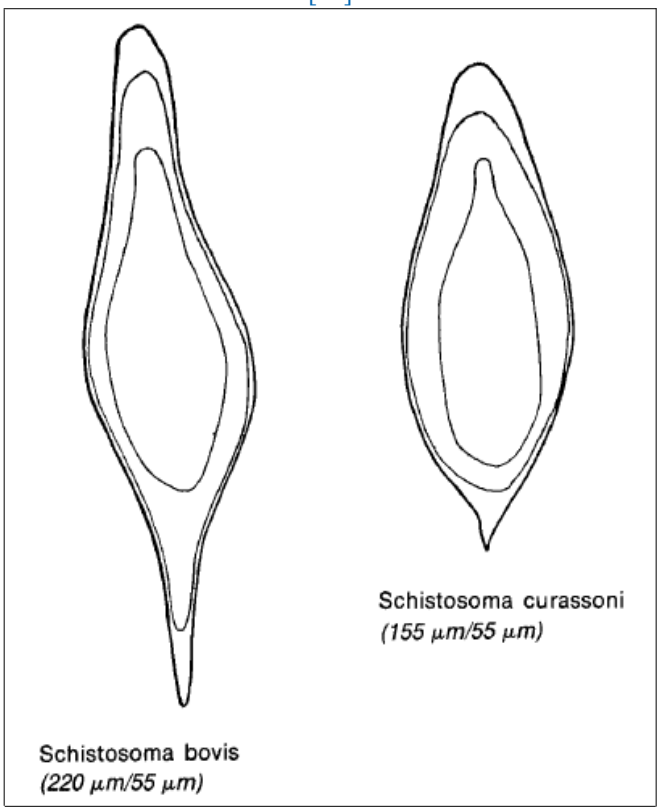
Il n'est cependant pas certain que cet hybride *S. haematobium x S. bovis* puisse être retrouvé dans ce mollusque, ni qu'il puisse infecter des ruminants.

Des études en laboratoire ont montré l'augmentation de la virulence du parasite vis-à-vis de l'Homme suite à une hybridation : 30 % des cercaires de *S. haematobium* sont capables de se développer en parasite adulte, contre 23 % pour *S. intercalatum*. L'hybridation des deux espèces montre une capacité infectante bien supérieure avec 66 %. En conséquence, la pathogénèse induite est elle aussi accrue. [30]

De la même manière, l'excrétion des œufs peut être modifiée ou bien évoluer : chez *S. haematobium* les œufs sont retrouvés dans les urines tandis qu'avec *S. bovis* ils sont émis dans les selles. Dans le cas d'hybride il semblerait que les deux voies d'élimination soient possibles ! Il convient alors de réaliser un examen direct pour les deux types de prélèvement, au risque d'obtenir de faux négatifs par exemple si seules les urines sont recueillies. [30]

Une autre espèce a longtemps été confondue avec *S. bovis* : *S. curassoni*.
Il est retrouvé au Sénégal, et infecte principalement le mollusque *Bulinus umbilicatus*.
Ces deux espèces diffèrent par la morphologie de leurs œufs [41,42] : pour *S. bovis* l'œuf est fusiforme et étiré aux deux extrémités tandis que pour *S. curassoni*, l'œuf est plus petit, arrondi à une extrémité et pointu à l'autre (il ressemble à l'œuf de *S. haematobium*).

Figure 9: comparaison schématique des œufs de S. bovis et S. curassoni [42]



S. bovis est plus répandu car sa distribution est plus large, tandis que *S. curassoni* sera plus localisé, infestant principalement les petits ruminants.

De nombreuses autres possibilités d'hybridation existent et sont retrouvées chez les animaux. Elles sont cependant moins fréquentes.

Tableau 3 : différentes possibilités d'hybridation inter-espèces et pays où ces hybrides ont été décrits
[31]

Hybrides de schistosomes **humains**	*S. haematobium*	*S. intercalatum*	Cameroun, Gabon
	S. haematobium	*S. mansoni*	Sénégal, Côte d'Ivoire
	S. haematobium	*S. guineensis*	Cameron, Bénin
Hybrides de schistosomes **animaux**	*S. bovis*	*S. curassoni*	Sénégal, Mali
Hybrides de schistosomes **humains** et **animaux**	*S. mansoni*	*S. rodhaini*	Kenya, Tanzanie
	S. haematobium	*S. bovis*	Sénégal, Niger, Bénin
	S. haematobium	*S. mattheei*	Afrique du Sud
	S.haematobium	*S. curassoni*	Sénégal

PARTIE 2 :

DIAGNOSTIC BIOLOGIQUE ET CLINIQUE

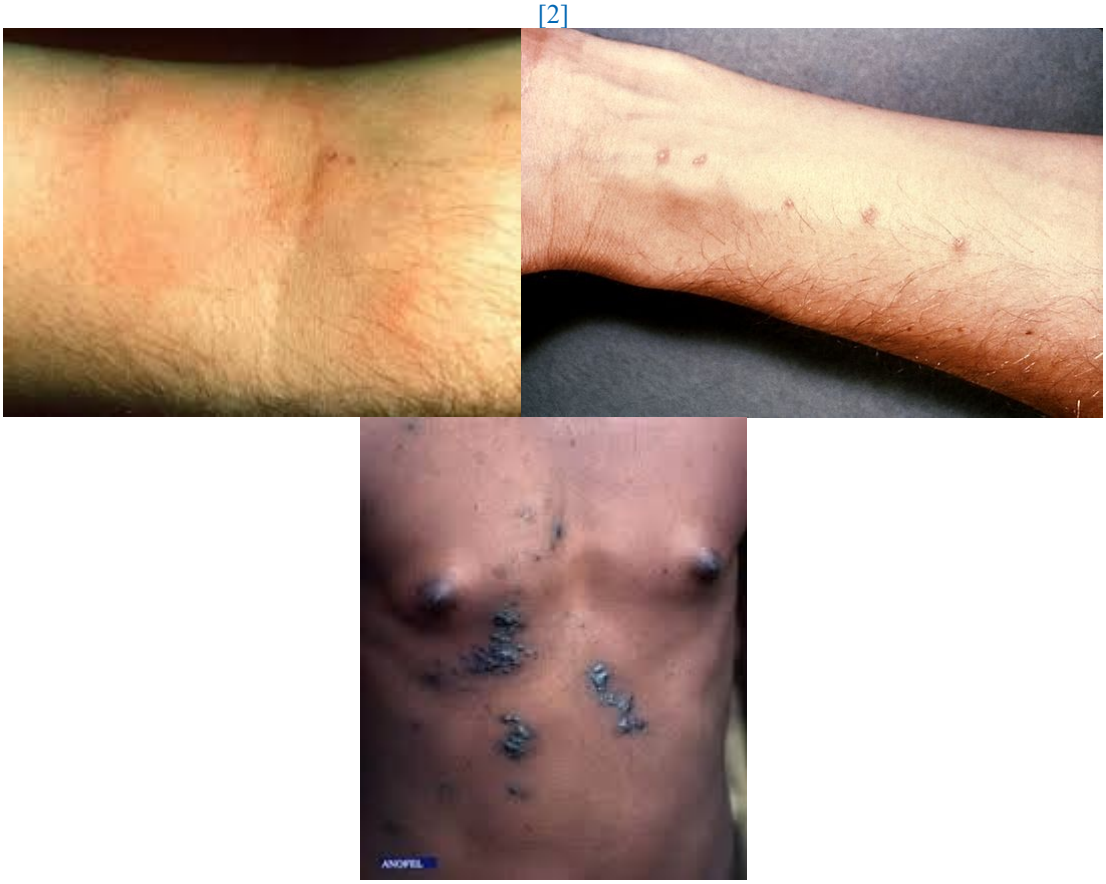
I. Tableau clinique

La schistosomiase urinaire doit être suspectée selon les arguments suivants : [2, 3, 6, 7, 8]

- Épidémiologiques : patient de retour d'une zone endémique avec notamment la notion de baignade ou contact prolongé en eaux douces (étang, marigot, rivière)
- Cliniques : syndrome fébrile (« fièvre des Safaris ») survenant quelques semaines après l'exposition (phase d'invasion), hématurie (phase d'état)
- Biologiques : hyperéosinophilie sanguine, élevée en phase d'invasion mais discrète voire absente en phase d'état

On relève dans les heures qui suivent l'exposition une réaction d'hypersensibilité au cours de la phase d'invasion sous forme de dermatite cercarienne (éruption érythématoprurigineuse) liée à la pénétration de la peau des cercaires. Ces manifestations allergiques sont cependant plus rarement présentes chez le patient vivant en zone d'endémie, on les relèvera principalement chez le voyageur en retour de voyage.

Figure 10 : illustrations de manifestations cliniques allergiques cutanées de schistosomiase [2]



Après une période de quelques semaines de latence, on peut observer le syndrome de Katayama lié à la migration des larves de schistosomules : fièvre, toux sèche, urticaire, myalgies, hyperéosinophilie. Enfin, la phase d'état est peu symptomatique chez le voyageur (faible charge parasitaire) et est plus marquée chez les patients vivant en zone endémique. Dans cette forme uro-génitale, les œufs se fixant au niveau des parois de la vessie et des uretères, ils provoquent une réaction granulomateuse intense avec ulcérations et pseudo-polypes. Cela est responsable de phénomènes de dysurie, de pollakiurie, protéinurie, urétro-hydronéphore, surinfections bactériennes

(*Salmonella spp.*), hématurie terminale et stérilité. Si la prise en charge se fait avant le développement d'une fibrose et de calcifications, les atteintes du système vésical peuvent être réversibles. Dans le cas inverse, l'obstruction du col vésical et le méga-uretère mèneront à une insuffisance rénale terminale.

Il est à noter qu'une schistosomiase urinaire est aussi un facteur de risque de développer un cancer de la vessie tandis que la forme génitale de la maladie peut entraîner des lésions ulcératives et hypertrophiques de l'appareil génital avec comme conséquence une infertilité.

II. Examen direct : microscopie

Le diagnostic de schistosomiase urinaire repose sur la mise en évidence des œufs du parasite dans les urines. En principe, elle est possible à la phase d'état lorsque le ver est arrivé à maturité (soit 2 à 3 mois après l'infestation par les furcocercaires de l'hôte). [2, 3, 5]
Les biopsies ne sont pas un examen de première intention et sont réservées aux lésions macroscopiques suspectes.
Il est à noter que si la présence d'œufs dans un produit biologique affirme le diagnostic de bilharziose, leur absence n'exclut pas l'existence d'une bilharziose évolutive ou chronique. En effet, la ponte n'arrive qu'au bout de quelques semaines et de plus les œufs ne sont pas retrouvés dans tous les cas. La sensibilité de l'examen parasitologique des urines ne dépasse pas les 50 %.

1. Prélèvement et traitement

Les œufs de *S. haematobium* sont recherché dans les urines.
L'analyse se fait idéalement sur des urines de 24h ou à défaut sur des urines collectées en fin de miction matinale, suite à un exercice de contraction de la sangle abdominale ou un effort physique de type marche à pied (permettant le détachement des œufs de la paroi vésicale). Elles sont ensuite concentrées par centrifugation, sédimentation ou filtration. C'est le culot de centrifugation qui est examiné en totalité.

2. Analyse microscopique

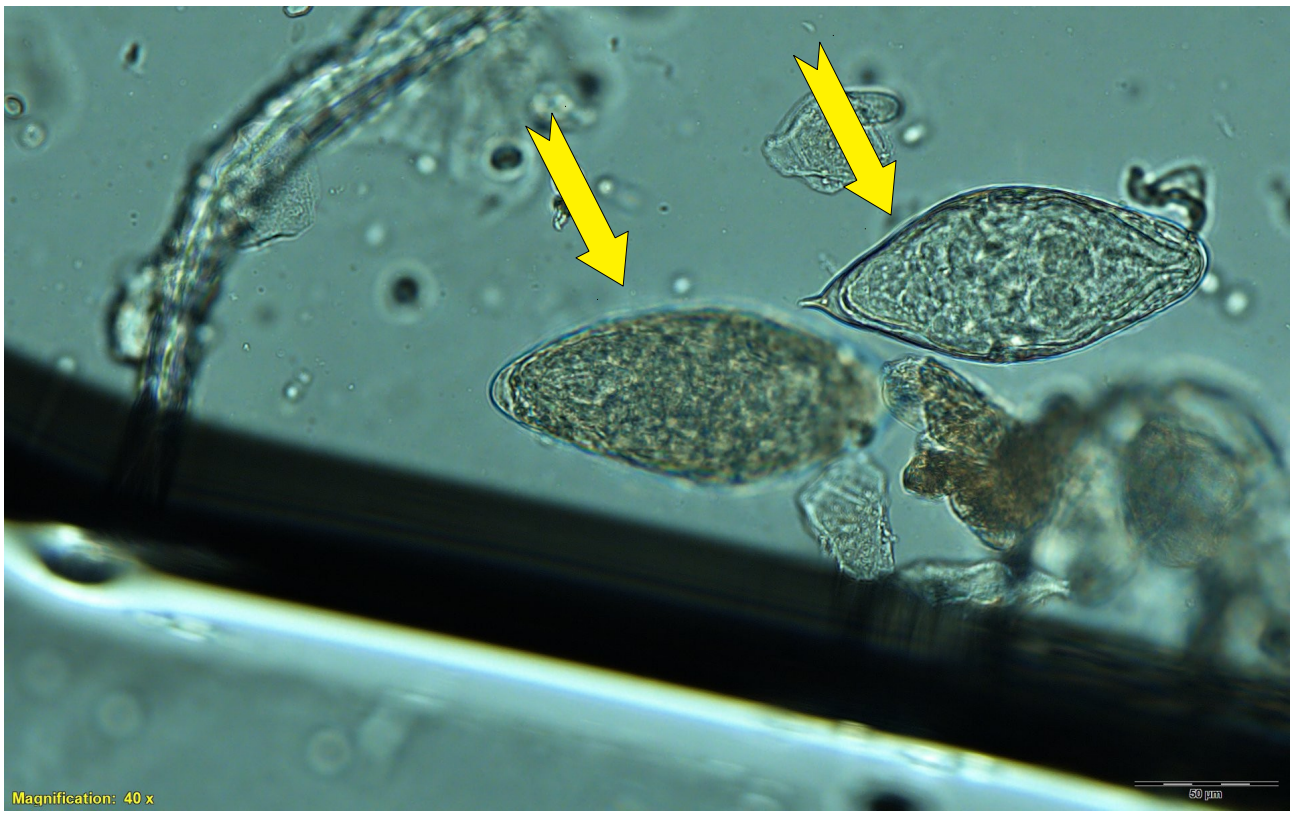
Les œufs de *S. haematobium* mesurent environ 150µm sur 60 µm. Ils sont arrondis, de forme ovalaire sans rétrécissement au pôle opposé à l'éperon. L'éperon est en position terminale.
La coque est épaisse, plus ou moins incolore.

Figure 11 : microscope et pot stérile à urine

https://www.socimed.com/pot-a-urine-sterile-60-ml-en-ps.html

Figure 12 : œuf de S. haematobium mis en évidence chez un patient de notre étude,
grossissement x100

Figure 13 : œufs de S. haematobium mis en évidence chez un patient de notre étude,
grossissement x400



III. Autres examens

L'examen sérologique est indissociable de la recherche directe des œufs dans les urines, il permet une orientation diagnostique aboutissant parfois à la décision thérapeutique en l'absence de preuve parasitologique. Pour une sensibilité optimale, il est recommandé de réaliser deux techniques de sérodiagnostic de dépistage associant des antigènes de natures différentes (ELISA, HAI).
En cas de résultats discordants seul le Western-Blot permet de confirmer ou d'infirmer les diagnostics.
De façon générale, on fait appel à une technique de screening généralement par ELISA suivi d'une technique de confirmation en cas de résultat douteux. [2, 3, 5]

- Immunofluorescence indirecte (IFI) : méthode basée sur l'utilisation de deux anticorps, le premier reconnaît la protéine d'intérêt de façon spécifique tandis que le deuxième est dirigé contre l'anticorps primaire. Ce second anticorps, marqué par un fluorochrome, permet un marquage par haute affinité avec l'anticorps dirigé contre l'antigène recherché.

- Hémagglutination indirecte (HAI) : technique associant des antigènes particulaires et des anticorps peu agglutinants pour laquelle il sera nécessaire de potentialiser l'agglutination par ajout de macromolécules diminuant les forces de répulsion (albumine) ou encore par diminution du potentiel zêta (ajout d'antiglobulines).

- ELISA indirect (Enzyme Linked Immuno Sorbent Assay) ou EIA (Enzyme ImmunoAssay) : technique de détection immunoenzymatique des complexes antigènes-anticorps d'intérêt ; l'antigène spécifique des anticorps recherchés est absorbé sur une microplaque.

- Western blot (WB) : technique qualitative qui permet de mettre en évidence des anticorps dirigés contre les protéines spécifiques de *Schistosoma*, ces protéines étant séparées par électrophorèse dénaturante puis transférées sur une membrane de nitrocellulose.

Tableau 4 : présentation de quelques tests sérologiques utilisés pour le diagnostic indirect

Technique	Avantage	Inconvénient	Caractéristiques
IFI	Sensible Spécifique	Entretien de souches au laboratoire	Utilisation antigène figuré Réaction se positivant à partir de la 5e semaine Négativation 10-15 mois post-guérison
ELISA	Sensible Spécifique	Antigènes ovulaires	Utilisation extrait antigénique
Hémagglutination indirecte	Sensible, simple	Manque de Spécificité	Utilisation extrait antigénique
Western-Blot	Sensible Spécifique		Proposé en test de confirmation en cas de résultat douteux des autres techniques

Les tests ne se positivent en moyenne qu'à partir de la 6e semaine après la contamination. En phase d'invasion, la sérologie est positive dans environ 90% des cas (mais seulement 20% des cas montrent un taux assez élevé pour poser le diagnostic).

En cas de tableau évocateur avec une sérologique négative, la sérologie devra être répétée 15 jours après.

Un rapport récent de la HAS (Janvier 2017) [3], rapporte que la sérologie trouve sa place dans le diagnostic de la schistosomose pour :

- Dépistage de cas autochtones
- Toute personne migrante originaire de zone endémique
- Devant une symptomatologie évocatrice d'une parasitose mais non spécifique de la schistosomose (éosinophilie, fièvre, diarrhée, hématurie …)

La recherche d'anticorps anti-schistosomes se fait par au moins une des deux techniques principales : immunoenzymatique « ELISA » ou d'hémagglutination indirecte (HAI).
La confirmation sérologique devant un résultat positif ou discordant si les deux techniques ont été réalisées se fait par la réalisation d'une immunoempreinte, le western-blot.

Il est à noter que la sérologie ne donne aucune indication sur le caractère ancien ou aigu de l'infection, mais aussi sur l'espèce de *Schistosoma* responsable, la charge parasitaire ou encore le pronostic de la maladie.

D'autres examens pourront être prescrits pour mettre en évidence ces dégradations lors de la phase évolutive de la maladie :

- Cytoscopie : plusieurs stades sont décrits selon le type et le degré d'atteinte d'organe
  - → Stade 1 : « grains de sucre semoule », avec la présence de fines granulations en forme de tête d'épingle, correspondant à un granulome bilharzien centré sur un œuf et sur une muqueuse érythémateuse
  - → Stade 2 : « grains d'acné », avec des nodules plus ou moins ulcérés correspondant à la réunion de lésions primaires et formant des granulomes bilharziens géants centrés par plusieurs œufs
  - → Stade 3 : « tumeur framboisée », avec hyperplasie épithéliale ou papillome bilharzien correspondant à une formation arrondie d'environ 1 cm de diamètre, rougeâtre, siégeant au niveau du bas fond vésical et saignant au contact
  - → Stade cicatriciel : aspect terne et calcifications diffuses, la fibrose s'étend à toute l'épaisseur de la paroi, la rendant inextensible
- Radiographie : calcifications vésicales et urétrales visibles. La vessie peut être entièrement calcifiée (« vessie porcelaine »)
- Urographie intraveineuse : indispensable pour faire le bilan des lésions vésicales et urétrales et pour évaluer le retentissement rénal en amont. 4 stades au niveau rénal : hypotonie *(retard d'excrétion)*, stase *(image nette),* hydronéphrose *(dilatation des cavités),* mutisme
- Echotomographie : permet de repérer les papillomes vésicaux et dilatations rénales

IV. Biologie moléculaire : principe général

L'avènement de la biologie moléculaire a amené naturellement cet outil à être positionné dans la démarche diagnostique de la bilharziose. [2, 7]

Sa grande sensibilité permet de rendre un diagnostic positif pour des charges parasitaires plus faibles. Son utilisation en routine reste encore réservée aux laboratoires spécialisés.

Toutefois elle commence à faire son apparition dans les panels syndromiques commmercialisés.

1. Extraction de l'ADN

L'extraction est une technique permettant d'isoler l'ADN des cellules ou des tissus à partir d'un prélèvement biologique. Elle consiste en un processus complexe nécessitant la lyse des cellules, l'élimination des inhibiteurs de PCR (*polymerase chain reaction*) notamment dans les selles, l'inactivation des nucléases libérées et l'élution des acides nucléiques. [2]

La lyse cellulaire est initiée par des étapes de concentration ou séparation cellulaire (centrifugation par exemple) et utilise un traitement chimique (détergents, agents réducteurs, …), une digestion enzymatique et/ou une rupture mécanique (broyage, chocs thermiques, …).

Le choix de l'échantillon à extraire est déterminé par la pathologie recherchée : dans le cas de parasitoses intestinales, un prélèvement de selles et/ou d'urines sera préféré.

Dans le cas d'une suspicion de schistosomiase, on prélève principalement les urines du patient.
Le prélèvement est traité afin d'en extraire l'ADN total : mélangé dans un tampon de lyse afin d'éclater les parois cellulaires il est vortexé puis centrifugé. Le technique utilisée en routine pour le diagnostic de schistosomiase urinaire sera développée dans la partie 3.

2. PCR *(Polymerase Chain Reaction)* standard et temps-réel

L'ADN obtenu suite à l'extraction est amplifié par PCR ou réaction d'amplification génique. Cette amplification permet d'augmenter considérablement la séquence cible d'ADN d'intérêt recherchée à partir d'amorces spécifiques.

Le but est de multiplier de façon exponentielle le nombre de séquences de l'ADN d'intérêt afin de favoriser son identification.

Elle consiste en une étape d'initialisation, à haute température (environ 95°C entre 5 et 10 minutes) pour l'activation de l'enzyme utilisée, suivie d'une série de plusieurs cycles de température, en moyenne entre 20 et 40 cycles puis enfin d'une étape finale d'extension.

Cette technique nécessite différents composants :

- Nucléotides (dNTPs) : nécessaires à la synthèse des nouveaux brins d'ADN
- Polymérase : enzyme résistante à la température du processus de dénaturation
- Amorces spécifiques ou *primers* : deux amorces complémentaires (fonctionnant par couples), permettant l'élongation d'un double brin d'ADN
- Solution tampon (permettant un environnement chimique stable pour la polymérase), cations bivalents (principalement le magnésium ou Mg^{2+}), ions potassium monovalent (K+)

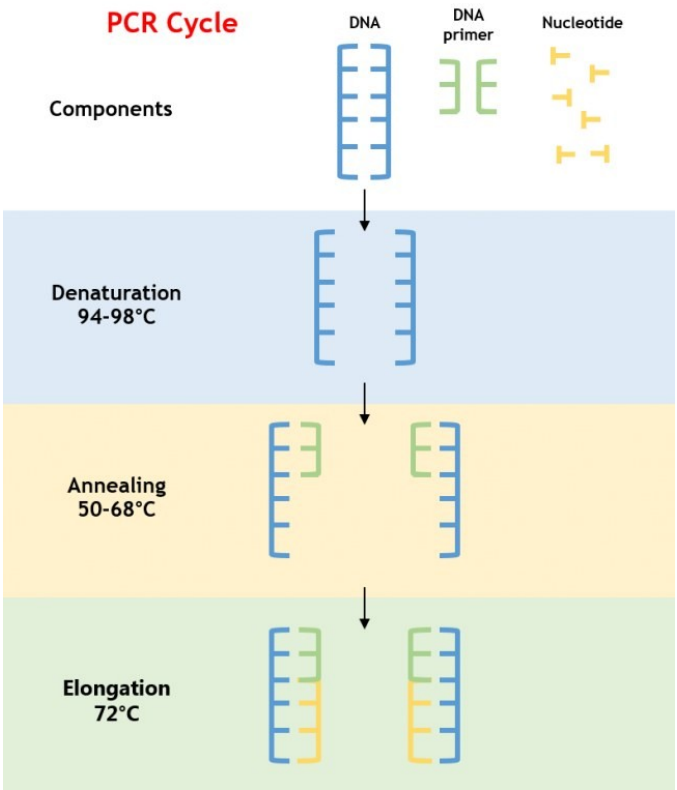
Chaque cycle se compose de 3 étapes se réalisant chacune à une température différente : les températures sont déterminées selon l'enzyme utilisée pour la synthèse d'ADN, la concentration en ions et en dNTPs et la température d'hybridation Tm spécifique des amorces.

→ ***Dénaturation*** : haute température (94-98°C), durant environ 30 secondes. Elle permet de casser les liaisons hydrogènes entre les bases d'ADN du double brin, le séparant ainsi en 2 molécules d'ADN simple brin

→ ***Hybridation*** : température plus faible, spécifique, en moyenne 30 secondes. Elle permet l'hybridation des amorces aux brins d'ADN

→ ***Élongation*** : température moyenne, strictement dépendante de la polymérase utilisée (en moyenne 72°C pour la Taq polymérase, enzyme la plus commune). Elle permet la synthèse d'un nouveau brin complémentaire par ajout de dNTPs.
La durée de cette étape dépend de la polymérase utilisée mais aussi de la longueur du fragment à amplifier

Figure 14 : schéma du processus de PCR



https://www.clinisciences.com/achat/cat-pcr-conventionnelle-3473.html

Actuellement, le diagnostic moléculaire de la schistosomiase se fait par une PCR en temps réel (RT-PCR pour *Real-Time Polymerase Chain Reaction*) alors que la PCR standard est réservée aux techniques de séquençage du génome. Cette RT-PCR repose sur la technique de sonde d'hybridation ciblant le gène Dra1, gène le plus décrit pour le diagnostic de *S. haematobium*. Cette séquence répétée de 121 paires de bases est considérée comme spécifique à *S. haematobium* et elle constitue environ 15 % de son génome. [15, 20, 21]

Figure 15 : séquence de la région répétée Dra1, numéro GenBank DQ1557698.1

```
>DQ157698.1 Schistosoma haematobium repeat region sequence
GATCTCACCTATCAGACGAAACAAAGAAAATTTTAAAATTGTTGGTGGAAGTGCCTGTTTCGCAATATCT
CCGGAATGGTTGGTCGTATCGTTGTGAAAATTGTTTCATATTATTGGTGAC
```

La technique repose sur l'hydrolyse de la sonde d'hybridation qui émet un signal de fluorescence. Les amorces complémentaires dites *forward* et *reverse* utilisées sont celles décrites dans les publications et une sonde fluorescente a été ajoutée pour cette méthode.

Tableau 5 : séquences des amorces et sonde utilisées pour la PCR Dra1

Amorce Forward : ShFW	5'-GATCTCACCTATCAGACGAAAC-3'
Amorce Reverse : ShRV	5'-TCACAACGATACGACCAAC-3'
Sonde	5'-TGTTGGTGGAAGTGCCTGTTTCGCAA-3'

MATÉRIEL ET MÉTHODES

PARTIE 3 :

DÉTERMINATION DES ESPÈCES ET RECHERCHE DES HYBRIDES PAR MÉTHODES DE SÉQUENÇAGE

I. Présentation des patients

1. Épidémiologie

Nous avons retenu pour cette étude des patients pour lesquels le diagnostic de bilharziose a été prouvé par un examen direct positif ou des patients suivis pour leur bilharziose urinaire (échantillon à distance du diagnostic et du traitement).

Les patients de cette étude seront tous anonymisés. Leur numérotation est arbitraire.
L'âge noté correspond à celui au moment du diagnostic.

Le tableau suivant résume les principales caractéristiques de ces patients : âge, sexe, pays d'origine, résultat de l'examen direct au microscope et origine du prélèvement observé, résultat de l'examen biomoléculaire mis en place en routine au laboratoire.

Tableau 6 : Liste des patients étudiés avec leurs caractéristiques
Voir annexe pour tableau complément

PATIENT	AGE	SEXE	Pays d'origine	Examen direct	PCR Dra1	Sérologie	Origine prélèvement
Patient 1	17 ans	M	Non renseigné	+	-	+	Urines
Patient 2	18 ans	M	Guinée	+	-	+	Urines
Patient 3	14 ans	M	Côte d'Ivoire	+	-	Non techniqué	Urines
Patient 4	18 ans	M	Mali	+	+	+	Biopsie vésicale
Patient 5	18 ans	M	Mali	+	+	+	Urines
Patient 6	16 ans	M	Mali	+	+	+	Urines
Patient 7	17 ans	M	Non renseigné	-	+	Non techniqué	Urines
Patient 8	21 ans	M	Tchad	-	+	Non techniqué	Biopsie vésicale
Patient 9	22 ans	M	Libye	+	+	+	Urines
Patient 10	63 ans	M	France *voyages RDC*	+	+	-	Biopsie vésicale
				+	+	-	Biopsie pulmonaire
				-	-	-	Urines
Patient 11	27 ans	F	Guinée	+	-	+	Urines

M : masculin
F : féminin
RDC : République Démocratique du Congo

+ : résultat positif (Ct <40)
– : résultat négatif (Ct >40)
Dra1 : nom du gène cible de la PCR [20,21]

Le patient 10, de nationalité française, est connu pour une bilharziose urinaire sans antécédent médical notable. Des scanners sont réalisés suite à une thrombose veineuse profonde spontanée de la jambe droite dans lesquels trois nodules pulmonaires sont retrouvés associés à un épaississement de la paroi antérieure de la vessie. Des résections au niveau de la vessie et du poumon sont réalisées et leur examen anatomo-histo-pathologique montre la présence d'œufs caractéristiques de schistosomes. La PCR Dra1 revient positive pour les deux types de prélèvements. Les urines sont analysées mais sont négatives à l'examen direct et en biologie moléculaire.

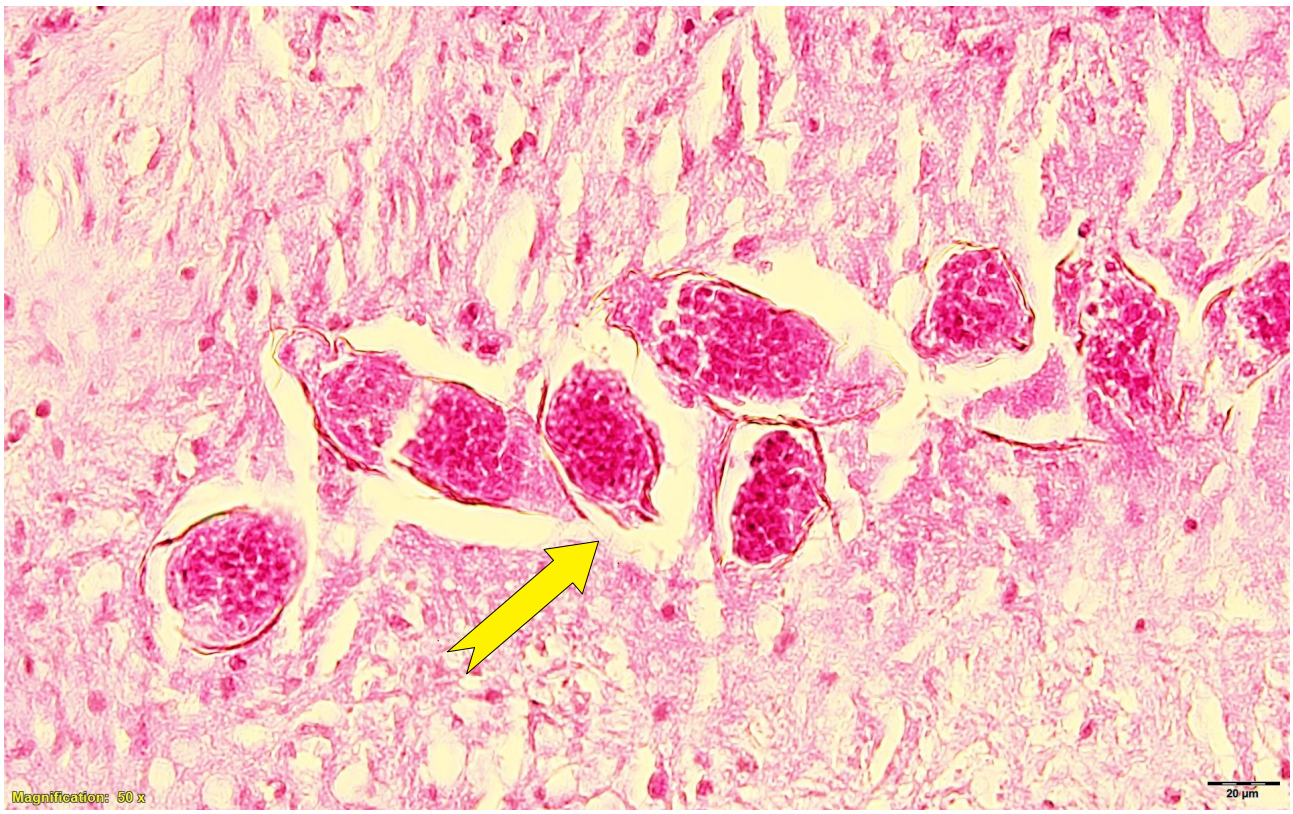
La biopsie vésicale est observée au microscope et montre des œufs caractéristiques à plusieurs grossissement.

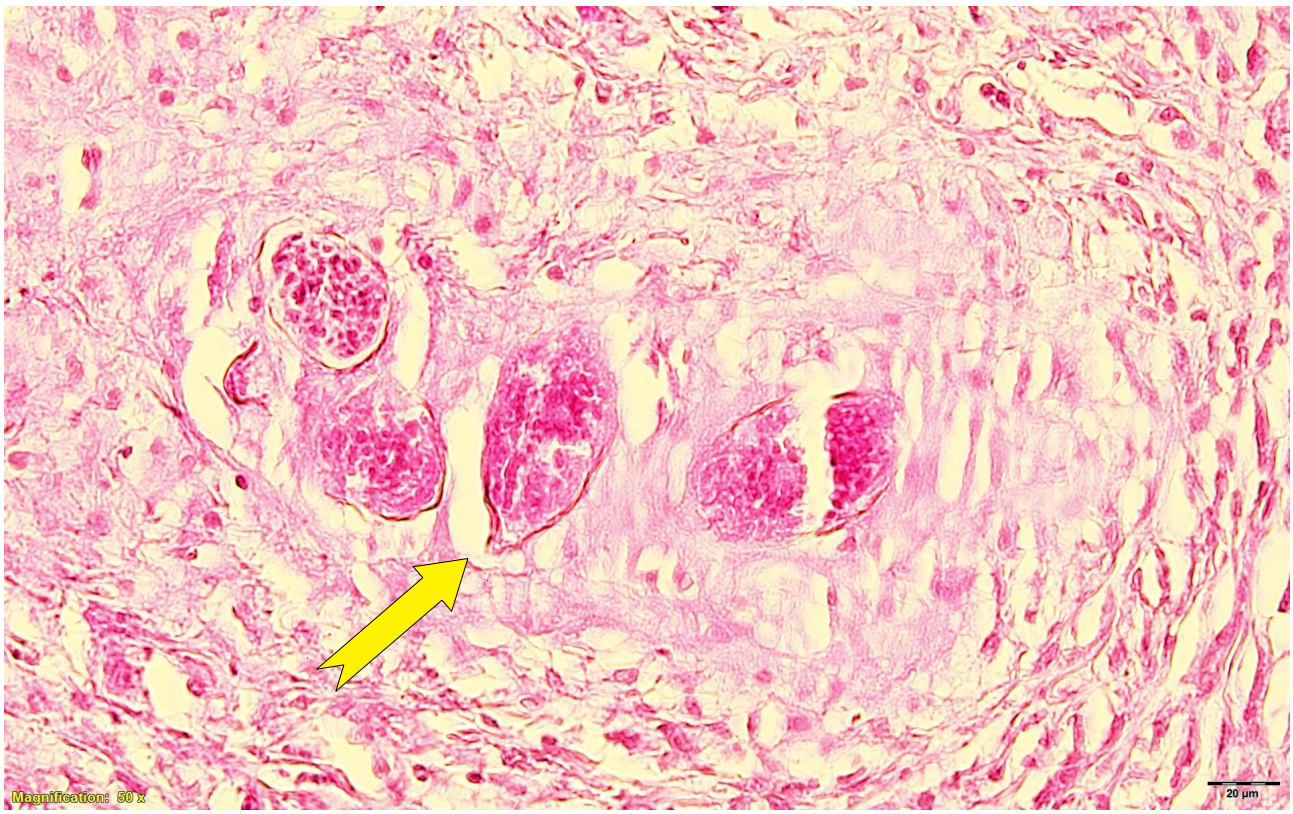
Ils sont photographiés grâce au microscope *Olympus BX53* et au logiciel *CellSens Standard*.
La présence de l'éperon terminal permet d'identifier *Schistosoma haematobium* et est indiqué par une flèche sur les images.

Figures 16 - 18 : Biopsie vésicale du patient 11 entre lame et lamelle à plusieurs grossissements

Grossissement x1000

Grossissement x500





Le patient 2 est à l'initiation de cette étude. Pour ce patient, un prélèvement d'urines a été observé au microscope et des œufs caractéristiques de *S. haematobium* ont été mis en évidence. La RT-PCR Dra1 est quant à elle revenue négative.

Figures 19 - 22 : Prélèvement d'urines observé au microscope à plusieurs grossissements
Grossissement x400

L'éperon de l'œuf en position terminale est visible et permet l'identification de *S. haematobium*. Selon la lame, les œufs sont plus ou moins clairs, parfois rassemblés en amas, et il peut être plus difficile de les identifier selon la qualité de l'urine recueillie.

Ces images ont aussi été capturées comme pour la biopsie du patient 10 grâce au microscope *Olympus BX53* et au logiciel *CellSens Standard*.

2. Dosage de l'ADN

Au cours de l'étape d'optimisation des PCR de séquençage, les ADN des patients de notre étude ont pour la plupart été dosés par la technologie Qubit® 2.0 Fluorometer (*Invitrogen by Life Technologies*).
Cette technique repose sur une quantification par fluorimétrie. Une fois préparés les échantillons sont déposés dans l'automate, le couvercle est bien fermé pour que la lumière n'interfère pas dans la lecture et l'appareil donne la mesure de la concentration en ADN. Cette méthode ne sera pas développée, elle a simplement été un outil supplémentaire pour tenter d'expliquer l'absence de réponse des ADN de certains patients aux amorces utilisées au moment de l'amplification.

Figure 23 : schéma du protocole d'utilisation du Qubit pour le dosage d'ADN

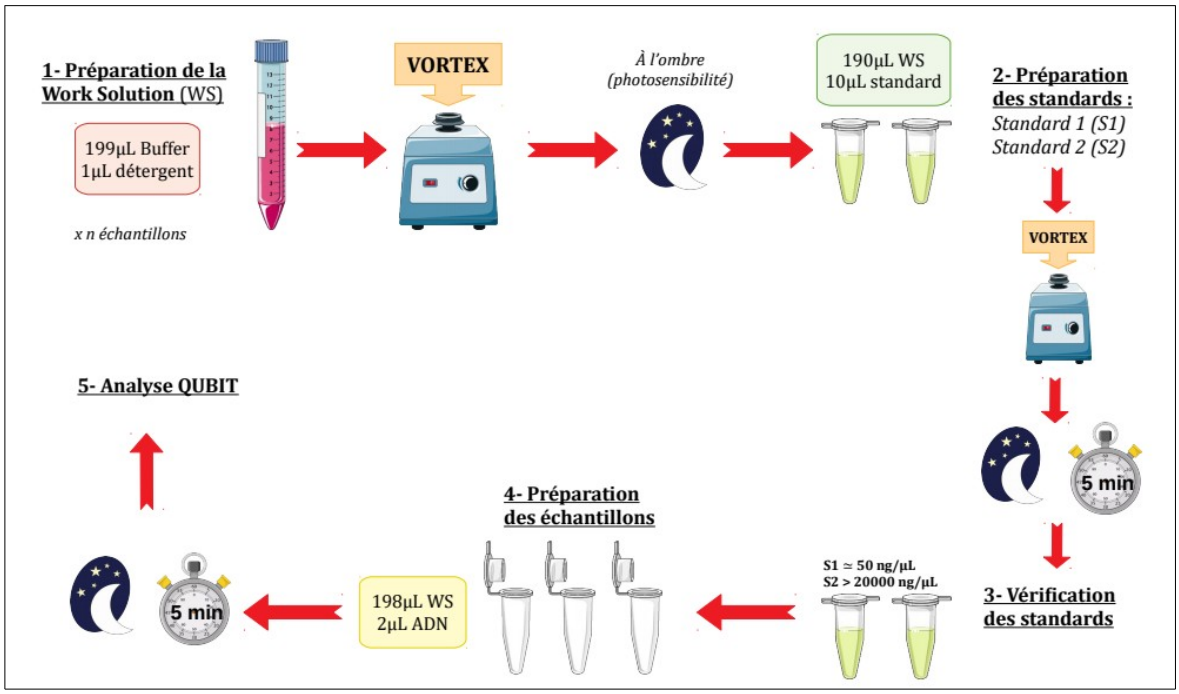


Figure 24 : Qubit® 2.0 Fluorometer (Invitrogen by Life Technologies)

II. Biologie moléculaire

1. Extraction sur NucliSens® EasyMAG (Biomérieux)

L'extraction d'ADN de nos échantillons a été réalisé sur l'automate NucliSens® EasyMAG de Biomérieux selon le protocole suivant :

- les urines sont centrifugées pendant 10 minutes à 3500 rpm (rotation par minute)
- le culot urinaire est repris dans 500µL de tampon de lyse EasyMag (Nuclisens® easyMAG Lysis Buffer) dans des tubes à microbilles de céramique puis vortexé pour éclater les parois des œufs et récupérer l'information génétique
- 800 µL (capacité maximale) de surnageant sont récupérés et envoyés à l'extraction

L'automate traite par « run » se composant de navettes de 8 prélèvements avec une capacité de 3 navettes par lancement. La durée de l'extraction varie d'environ 50 à 61 minutes.

Figure 25 : Automate NucliSens® easyMAG de Biomérieux

2. PCR standard

La PCR est composée d'une étape d'initialisation à haute température puis de la succession de plusieurs cycles de températures correspondant aux étapes de dénaturation, hybridation et d'élongation pour se terminer enfin par une étape d'extension finale. Ces différentes étapes se déroulent dans un thermocycler où le programme de PCR est enregistré manuellement et peut être sauvegardé dans la mémoire de l'appareil.

Figure 26 : Thermocycler 2720 de AppliedSystems® utilisé pour l'amplification par PCR

https://www.htds.fr/sciences-analytiques/thermocycleur-2720/

Au cours de cette étude, plusieurs protocoles ont été mis en place et testés dans un but d'optimisation des résultats.

En s'appuyant largement sur la littérature scientifique (*tableau 7 Annexes*), [20, 21, 22, 23, 25, 26, 27, 28] des amorces ciblant différentes régions du génome de *S. haematobium* (numéro d'accession PRJNA78265 génome complet [13]) ont été utilisées alors que d'autres ont été designées au laboratoire, recouvrant des zones caractéristiques du génome :

- ✓ **COX** ou *cytochrome oxydase* : marqueur mitochondrial à hérédité uniquement maternelle (numéro d'accession DQ157222.2)
- ✓ **ITS** ou *internal transcribed spacer* : marqueur nucléaire à hérédité biparentale
- ✓ **28S** : ARN ribosomique, marqueur nucléaire. Les résultats obtenus avec cette cible n'ont pas été concluants

Les marqueurs *cox* et *its* combinés permettent d'obtenir des résultats concluants pour le séquençage des espèces pures et des hybrides de *Schistosoma*.

Tableau 7 : amorces utilisées dans cette étude (voir Annexes)

Cible	Nom Amorce	Séquence amorce
COX	**1F**	CCTYGGGGATTACTGAGTAAAG
	4F	GTAACATGGTAGTGCTTGAAGAATC
	4R	GATTCTTCAAGCACTACCATGTTAC
	5F	AGTGTCAGTTTGAAGKTCTGGAG
	5R	CTCCAGAKCTTCAAACTGACAGT
	8R	CTMCTAGCTTCAGCATGAACTA
	COIIF	TGAAGAATCAGGCGCTAG
	COIIR	CTATAGGCATATAACTATGTC
	COX1-SCHIST-5'	TCTTTRGATCATAAGCG
	16S-SCHIST-3'	GATAAGAACCAACCTGGC
	UCOBF	TGRCRYCARATGTCNTATTGRGCTGC
	UNAD1R	CCAACCTTDTTHGGNCCCTTACG
	UNAD1F	CGTAAGGGNCCDAAHAAGGTTGG
	UPROR	CCTYAAACACCCAAAGTTYRTATTCT
	UPROF	AGAATAYRAACTTTGGGTGTTTRAGG
	ShCO1R1	GCCTCAAACCTAAACCAATAAAACCCCC
	ShND1_1	TTGGGAGAAGTTTAGTGGGG
	ShND1_2	AACAACGAAAATCATCTGCG
	SsND1_proF1	GTTTTGATTAGCTGACTAC
	SsND1_proR1	ATTCACAAGCAAATATAACC
	ShPro_CO1F1	GAGTTTATAGTGAGTTGGTTAG
	ShPro_CO1R1	GAAAGCAAGCAGTCTTCTAAC
	ShND1_proF1	TGTATGGTGGTTATAGG
	ShND1_proR1	CTCTCCTATAGTCCACTC
28S RNA	**FW**	GTGGAGTTGAACTGCAAGC
	RV1	CCATAGCAGACAGGCAGC
	RV2	GCTCAACAWTAATAGTCAAACCTG
COX	**Sh.R**	TGATAATCAATGACCCTGCAATAA
	Sb.R	CACAGGATCAGACAAACGAGTACC
	Asmit1	TTTTTTGGTCATCCTGAGGTGTAT
COX	**Schisto 3'**	TAATGCATMGGAAAAAAACA
ITS	**ITSF**	TAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA
	ITSR	TGCTTAAGTTCAGCGGGT
	ITS4	TCCTCCGCTTATTGATATGC
	ITS5	GGAAGTAAAAGTCGTAACAAG
ITS	**ITS2 F**	GGAAACCAATGTATGGGATTATTG
	ITS2 R	ATTAAGCCACGACTCGAGCA

Tableau 8 : amorces utilisées et dessinées avec l'Unité des Virus émergents (UVE)

ITS	**1S**	GGTGAACCTGCGGAAGGATC
	965R	CCCGACCTCGGATCAGACG
	58S	GCATGCACCTGGCTTCKYGC
	981R	TTAAGTTCAGCGGGTAATCACG
	525R	GTTGGCTGCACTCTTCATCG
	394S	CTGCATGTACGCTGGCTTAG

COX	**1S**	GATTTGATATCTTGATTTGTCTC
	1160R	CCCATAATAAAMGGCCATCAYC
	121S	TGTGATCCWTATTATAAHTTRRTTYC
	604R	GCAGTACCAAATTTACGATCAAA
	718R	GTCTTACCATACCAAAWCCNGG
	689S	GGTGATCCDDTRTTATTTCARCA

Les premières étapes de mise au point ont utilisé la Taq polymérase de type standard (AmpliTaq Gold 360 Master Mix de Applied Biosystem®), suivant le protocole suivant.

Le mix est réalisé à partir de ces dilutions d'amorces tel que :

⇨ pour **100µL d'AmpliTaq**

- **10 µL amorce (20 µM) R** (dite reverse)
- **10 µL amorce (20 µM) F** (dite forward)
- **60 µL eau PPI**

Ce mix est ensuite réparti dans des cupules pour PCR selon le mélange 23µL de mix + 2µL d'ADN. Celles-ci sont ensuite placées au thermocycler pour amplification (*figure 27*).

Figure 27 : schéma récapitulatif de la réalisation des mix

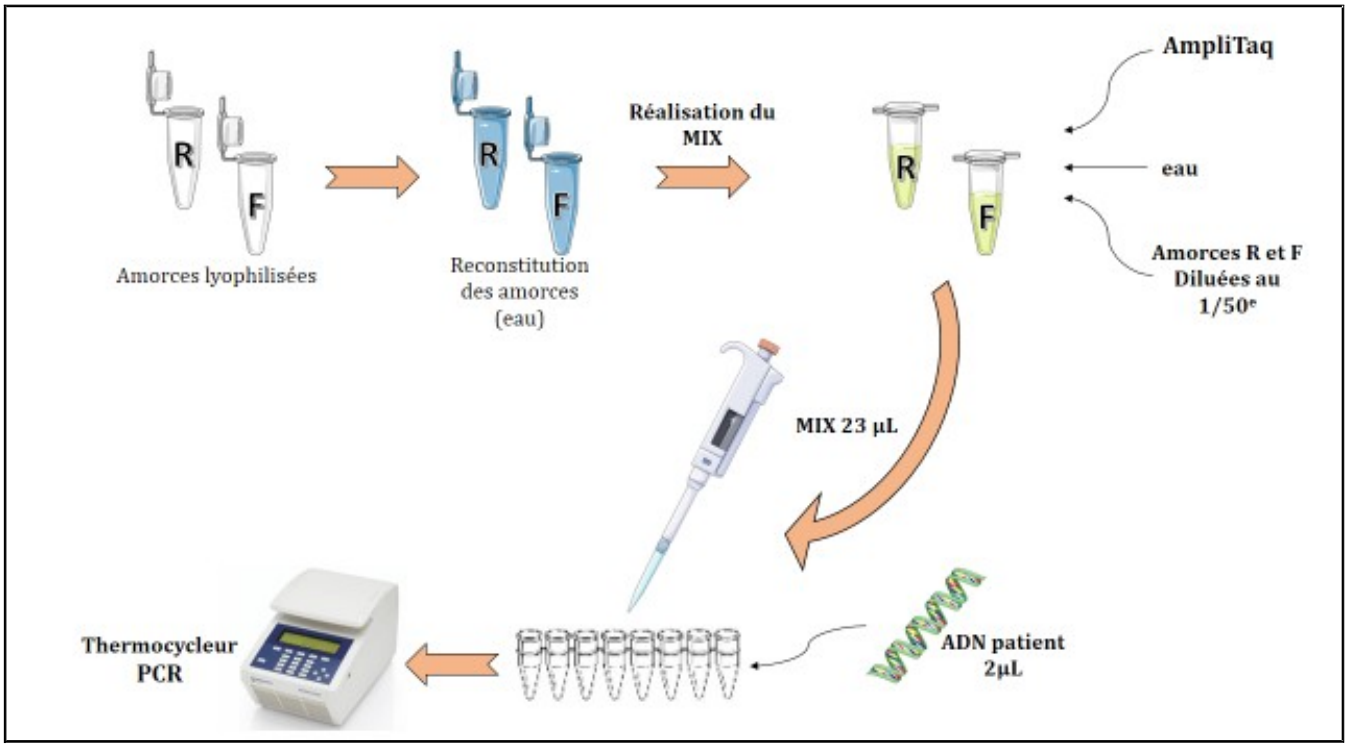
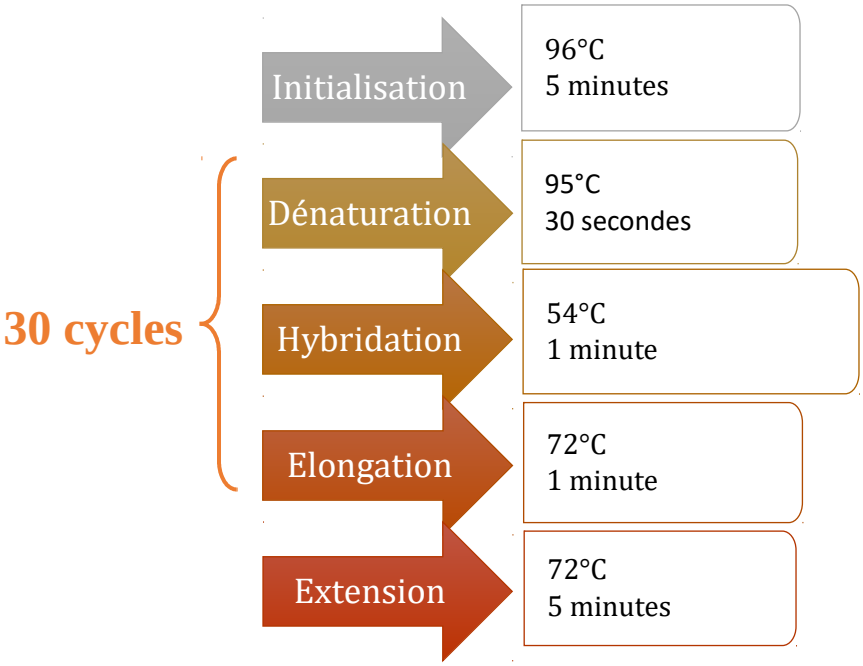


Figure 28 : programme PCR pour Mix standard



Ensuite, une autre polymérase a été testée, dite « *High Fidelity* » pour séquencer des régions plus grandes : la Platinum® PCR SuperMix High Fidelity de Invitrogen (*Thermo Fisher Scientific*). Les mêmes amorces ont été utilisées, selon le schéma suivant :

Le mix est réalisé à partir des dilutions d'amorces tel que :

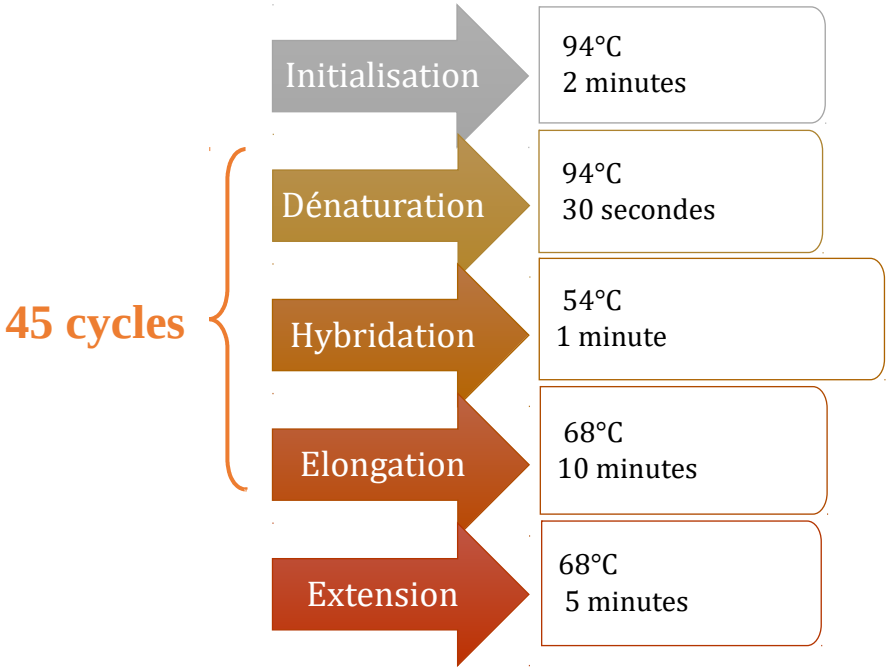
⇨ pour **44µL de Taq Platinum®**

- **0,5 µL amorce (20 µM) R** (dite reverse)
- **0,5 µL amorce (20 µM) F** (dite forward)

Le programme d'amplification est différent, avec une température d'hybridation spécifique de cette nouvelle Taq.

Aussi, le temps d'élongation a été allongé à 10 minutes et le nombre de cycles a été élevé à 45.

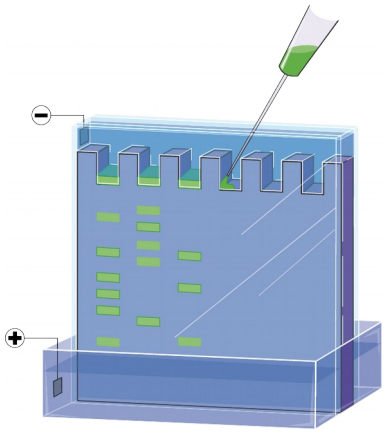
Figure 29 : programme PCR Mix High Fidelity



3. Électrophorèse de l'ADN sur gel d'agarose

Pour valider le résultat de la PCR, un gel d'agarose est réalisé. Cette technique permet de mettre en évidence la présence et la taille des fragments d'ADN. La révélation se fait grâce au SYBR® Safe DNA gel stain (*Invitrogen by ThermoFisher Scientifics*), colorant dont la fluorescence augmente très sensiblement quand il interagit avec l'ADN. Après migration, le gel est placé sous lampe UV pour observer les fragments d'ADN.

Figure 30 : schéma d'un gel d'électrophorèse sur lequel on observe plusieurs bandes représentant différentes tailles de segments d'ADN



Classiquement préparé à 2% d'agarose, dans cette étude les gels sont préparés à 3% d'agarose pour permettre un temps plus long de migration selon le protocole suivant :

- Préparation du TBE (*Tris Borate EDTA-Buffer*) à 0.5X : dilution du TBE 10X au 1/20e avec de l'eau stérile (*Versilène*)
- Dans une bouteille en verre, verser 100mL de TBE 0.5X
- Peser 3g d'agarose sur une balance de précision et le verser dans la bouteille
- Agiter
- Placer au four micro-ondes le mélange et faire chauffer jusqu'à ébullition pour obtenir un mélange translucide (sous surveillance)
- Sous hôte chimique, pipeter 6 µL de Sybr®Safe et dans un *falcon* de 50mL, le mélanger par retournement avec du gel d'agarose chaud
- Couler les 2 *falcons* de 50 mL dans un support de gel avec peigne large
- Laisser refroidir
- Placer le gel solide dans une cuve à électrophorèse.
- Prélever 6 µL de chaque cupule d'ADN amplifié et mélanger à du DNA Loading Buffer (~2 µL) pour que l'échantillon reste au fond du puits
- Déposer sur gel
- Dans un puits, déposer 6 µL de l'échelle de poids moléculaire fournie ou adéquate
- Faire migrer

Dans cette étude, les gels migrent à 135 Volts pendant 1h30 en moyenne.

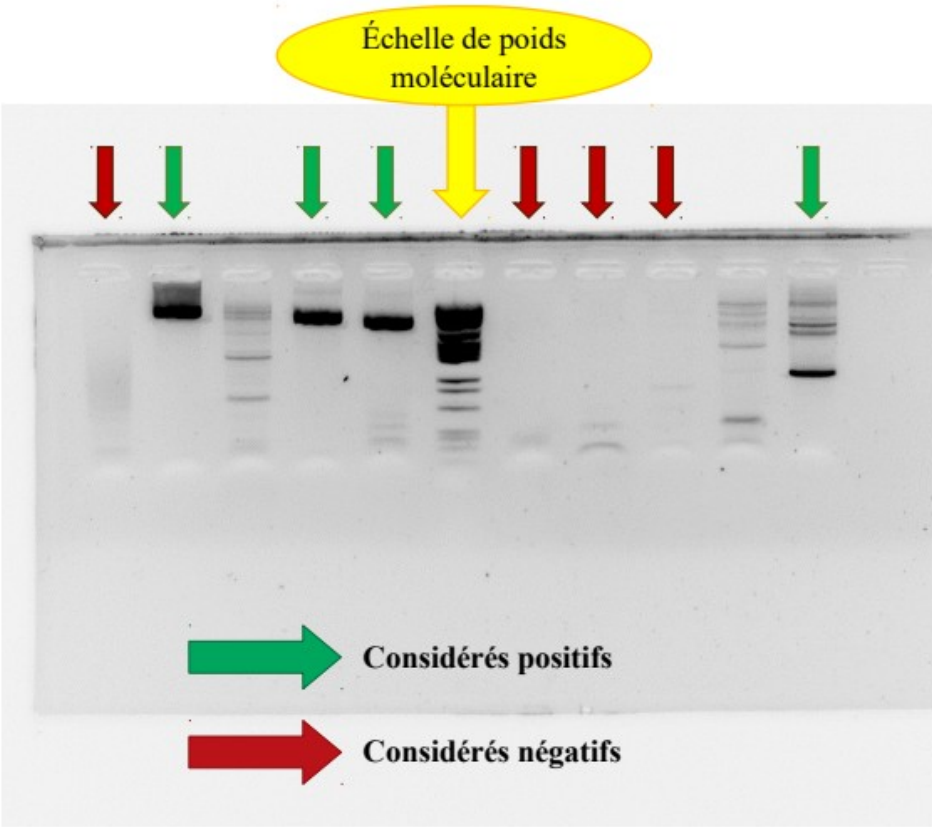
- Retirer le gel et le placer sous lampe UV (E-Gel Imager, life technologies)

- Sur le logiciel GelCapture, sélectionner le mode et régler brillance et luminosité pour avoir l'image de gel la plus nette possible
- Enregistrer les images obtenues sur fond noir ou sur fond blanc (« *invert* »)
- Le gel est ensuite jeté dans la poubelle adéquate et l'appareil nettoyé et éteint

Figure 31 : E-gel imager (life technologies)

Les bandes apparaissant montrent un échantillon positif mais il convient de préciser que dans ce travail tous les échantillons testés sont connus comme étant bilharziose-positifs par la mise en évidence d'œufs caractéristiques à l'examen direct au microscope.

Figure 32 : exemple légendé de gel obtenu



Les flèches vertes indiquent un échantillon positif qui sera séquencé. Les flèches rouges montrent un échantillon négatif, qui ne répond pas au couple d'amorces utilisé. Il ne sera pas séquencé.

<u>NB</u> : les dépôts non indiqués par des flèches représentent des résultats considérés comme douteux. Ils sont quand même séquencés.

Les échantillons sortis positifs en électrophorèse sont ensuite passés au séquençage classique (méthode Sanger) et/ou haut-débit (méthode NGS) pour identification de l'espèce parasitaire. La méthode NGS a été favorisée pour le patient 2.

L'échelle de poids moléculaire utilisée ici (BenchTop pGEM® DNA Markers de Promega) permet de comparer les tailles de fragments obtenus dans nos amplifications, elle propose une échelle étalon.

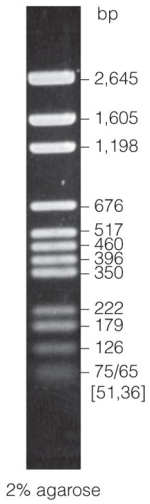


Figure 33 : échelle de poids moléculaire de BenchTop pGEM® DNA Markers de Promega

Les tailles de fragments obtenues après révélation à la lampe UV permettent de reconnaître les potentielles espèces mises en évidence.

III. Séquençage et identification de l'espèce

Les produits d'amplification obtenus peuvent ensuite être séquencés selon plusieurs méthodes. Le but de cette étude est de mettre en évidence la présence de nouvelles espèces ou de populations hybrides de *Schistosoma* dans les prélèvements de nos patients. [11, 12, 13, 14]

1. Principe général

Le séquençage d'ADN est un outil essentiel en biologie moléculaire. Cette méthode permet de déterminer l'ordre dans lequel se succèdent linéairement les bases A, C, G et T de l'ADN (Adénine, Cytosine, Guanine et Thymine). La lecture de cette séquence permet d'étudier l'information génétique et donc biologique qu'elle contient. Cette technique est utilisée dans de nombreuses applications différentes : médecine, enquêtes épidémiologiques, criminelle, anthropologique …

Trois types d'amorces sont utilisées selon la région du génome qu'elles ciblent :

- ✔ la région cible *cox*, pour cytochrome oxydase, est un marqueur mitochondrial à hérédité maternelle.
- ✔ La région 28S, marqueur nucléaire. Des amorces ciblant cette zone ont été utilisées, n'apportant pas de résultats concluants.
- ✔ la séquence cible *its* pour *internal transcribed spacer* à hérédité biparentale, correspond à une portion de l'ADN ribosomique. Elle possède un taux de mutation plus élevé, rendant la comparaison de séquences *its* entre espèces très éloignées infructueuse. A l'inverse, elle est utilisée de façon très pertinente dans l'analyse phylogénétique d'espèces voisines.

Pour la suite de l'étude, seules les régions *cox* et *its* sont exploitées et étudiées.

2. Méthode Sanger

Cette méthode, souvent dite classique ou standard, est la plus utilisée en laboratoire, on parle aussi de séquençage de première génération.

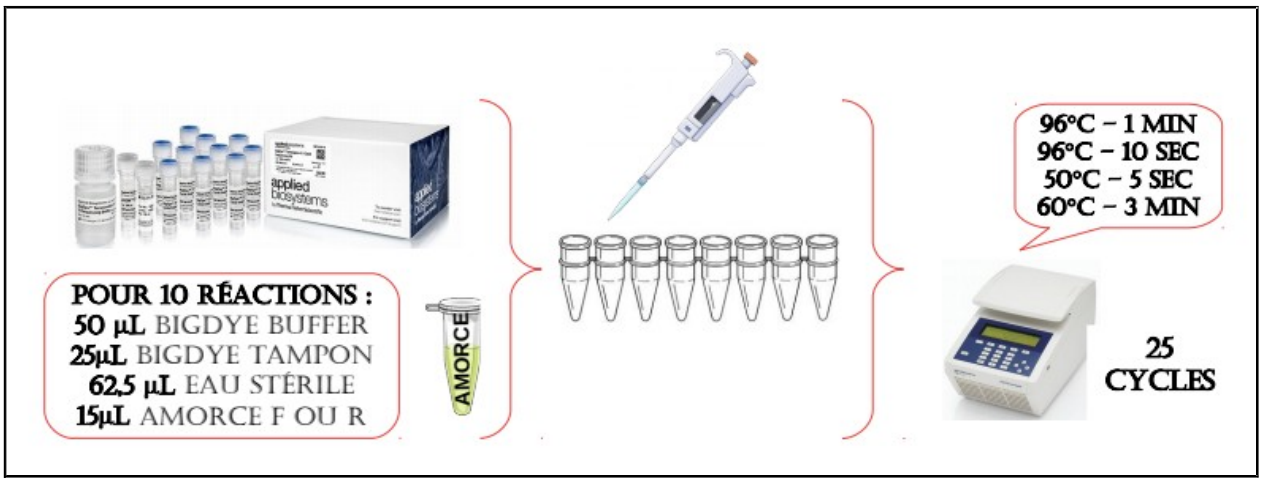
Après amplification de l'ADN par une technique de PCR et mise en évidence des échantillons répondant positivement aux amorces utilisées par un gel d'électrophorèse, ces derniers sont séquencés.

Pour cela, les produits d'amplification sont d'abord traités par deux étapes de purification entre lesquelles on réalise une nouvelle étape d'amplification par une PCR appelée BigDye®.

- ✷ La première purification consiste en l'aspiration sous vide (Millipore®) des produits après un ajout d'eau stérile et homogénéisation à travers une plaque à filtre NucleoFast® 96 PCR Plate Macherey-Nagel durant 10 minutes.
  Les résidus sont remis en suspension avec 20µL d'eau stérile et placés à l'agitation pendant 15 minutes. L'ADN purifié est ensuite récupéré et remis dans des cupules ou dans des tubes micronisés pour une conservation au congélateur.

La PCR BigDye® est réalisée comme une PCR classique dans un thermocycler selon 25 cycles d'amplification avec un programme de PCR spécifique. Cette fois l'amplification ne concerne, à la différence de la PCR classique, qu'un seul brin à la fois.
Le mix est réalisé à partir de BigDye® Terminator v1.1 cycle sequencing kit.

Figure 34 : schéma récapitulatif de la PCR BigDye



NB : on réalise un mix par amorce, chaque brin se séquence séparément

- La deuxième purification utilise une plaque Durapore® Membrane (*96 Wellplate MultiScreen Millipore*) dans laquelle de la Sephadex G-50 Superfine est disposée et sur laquelle on ajoute 300µL d'eau stérile, elle est ensuite couverte et laissée pendant 2 heures pour qu'elle gonfle.
  Elle est ensuite centrifugée 5 min à 1300 tours/min pour enlever l'excédent d'eau.
  13 µL d'ADN purifié et 7µL d'eau stérile sont ajoutés pour le dernier lavage avec en dessous une plaque de séquençage PCR® Microplate pour la récupération de l'ADN final purifié

La plaque est couverte par un septa (Plate Septa 96-Well de Applied Biosystems) et déposée dans le séquenceur. Le plan de plaque est enregistré sur le logiciel d'Applied Biosystems 3500.

L'automate traite un run en 40 minutes, qui correspond à 3 colonnes de la plaque. Il est important de remplir les cupules inutilisées par run lancé avec de l'eau comme sur le schéma suivant.

Figure 35 : schéma expliquant la composition d'un run au séquenceur

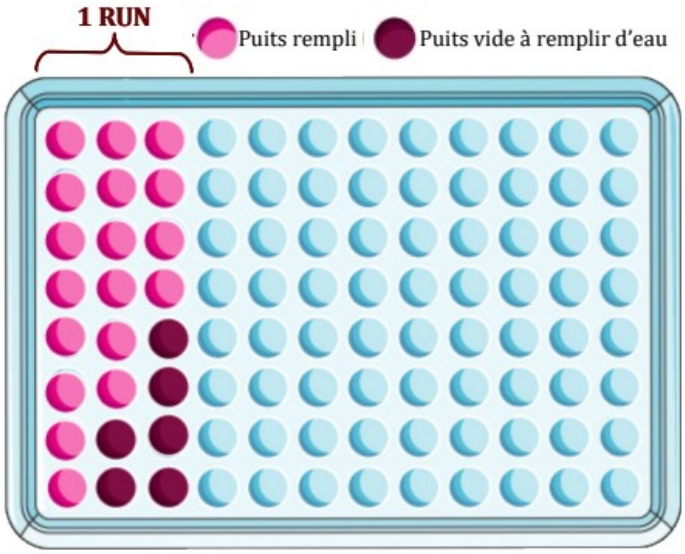


Figure 36 : séquenceur utilisé, le 3500 XL Genetic Analyzer de Applied Biosystems

Une fois l'analyse terminée, les données sont récoltées par dossier et traitées pour correction et analyse des séquences obtenues.

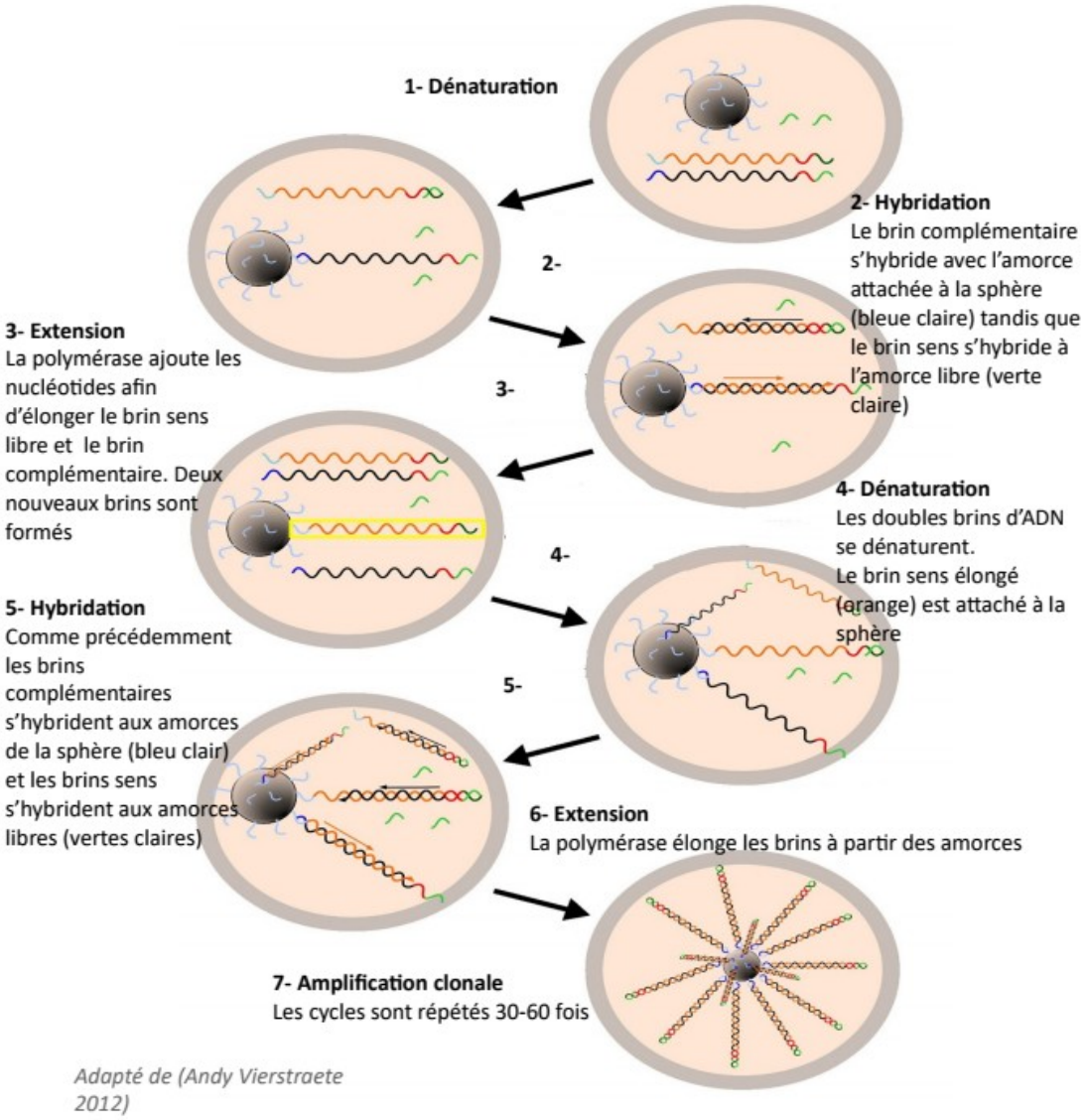
3. Méthode NGS ou séquençage haut débit

Le séquençage à haut débit ou *Next-Generation Sequencing* (NGS) permet un séquençage rapide de milliers à millions de molécules d'ADN ou d'ARN simultanément. Ainsi, plusieurs gènes de plusieurs individus peuvent être séquencés en même temps, en comparant la séquence du patient à une séquence de référence. [17, 18, 19]

De plus en plus utilisé dans divers domaines, le séquençage a aussi évolué au cours du temps. Différentes techniques et automates ont été développés pour donner naissance à plusieurs génération de séquenceurs.
L'ensemble du séquençage haut-débit de cette étude a été réalisée en collaboration avec l'unité des virus émergents [UVE] du Pr De Lamballerie suivant la technique Ion Torrent S5, séquenceur de deuxième génération qui nécessite plusieurs étapes :

- la construction de banques de séquençage ou réalisation d'une librairie : l'ADN extrait est fragmenté suite à un traitement enzymatique puis ses fragments sont ligaturés à des adaptateurs universels
- l'amplification clonale : permet la multiplication de la quantité de molécules matricielles. Cette méthode varie d'un type de séquenceur à un autre. Par exemple elle repose sur la lecture du pH suite à la libération d'un proton (ion H+) pour la société Ion Torrent alors que la société Illumina utilise des nucléotides fluorescents Cette étape est réalisée en émulsion dans cette étude (*figure 37*)
- le séquençage : les fragments issus de l'étape d'amplification sont individualisés pour être lus afin de produire autant de séquences nucléotidiques courtes

Figure 37 : Représentation des étapes de l'amplification clonale en émulsion [UVE]



4. Traitement des séquences et identification

Les séquences obtenues sont ensuite corrigées : dans cette étude, ce sont les logiciels Codon-code® et ChromasPro® qui ont été utilisés. Pour tous les deux, l'utilisation est relativement simple et le principe général est le même.

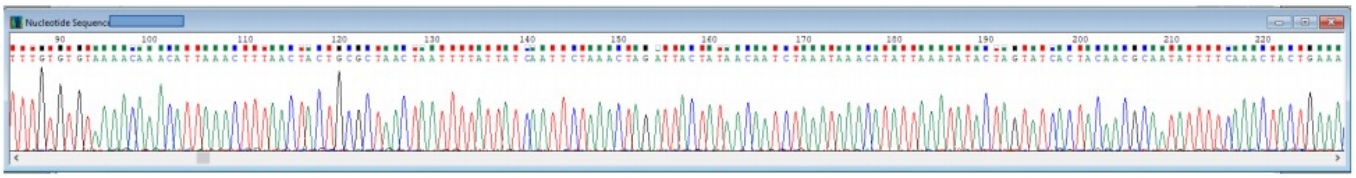
Les séquences sont lues et sont accompagnées d'un graphique comprenant des pics de couleur, chacune correspondant à une base nucléique. Les bases pour lesquelles il existe un doute sont de couleur différente et seront identifiées par une autre lettre. Cette lettre est déterminée selon une règle pré-établie en fonction des bases soupçonnées telle que :

Tableau 9 : règle de codification universelle et corrections

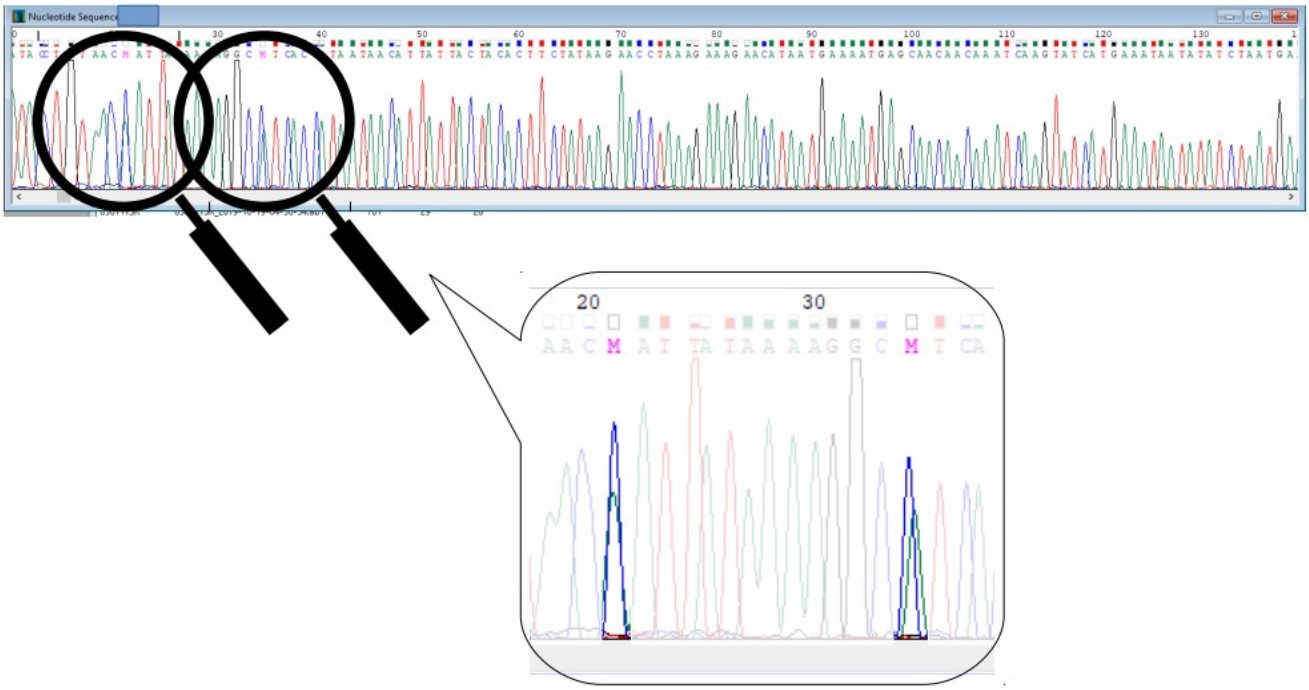
A+T	C+G	T+G	A+C	C+T	A+G
W	**S**	**K**	**M**	**Y**	**R**

C'est en observant le graphique que la correction peut se faire. En effet lorsqu'on observe un pic de couleur bleue et un pic de couleur verte, ce sera celui qui prédomine qui donnera la base présente. Parfois, les deux pics se chevauchent parfaitement aussi il n'y aura pas de correction possible.

Figure 38 : Chromatogrammes obtenus sur le logiciel ChromasPro® pour une amorce sur un des patients de cette étude



Sur ce premier chromatogramme (*figure 38*) dont la partie sélectionnée se trouve approximativement entre les paires de bases 90 et 220 on peut observer des pics uniques donnant pour chacun une base bien déterminée, aucune correction n'est nécessaire.



Sur ce second chromatogramme, les pics mis en surbrillance donnent comme base un M, ce qui correspond à un doute entre la base A et la base C. Cependant on constate que c'est le pic bleu qui prédomine largement sur le pic vert dans les deux cas, on corrigera donc cette base en C.

Une fois corrigées, les séquences des amorces complémentaires sont assemblées afin d'obtenir une séquence dite consensus. Dépendant de la qualité des séquences obtenues, cet assemblage ne fonctionne pas à chaque fois. Il faudra dans ce cas lire les séquences par brin, donc par amorce.

Les séquences obtenues sont ensuite exportées par le logiciel au format FASTA et rassemblées sur un document texte par exemple ou tableur.

Une banque mondiale de données en ligne est disponible et permet d'identifier un espèce biologique selon la séquence observée : NCBI pour *National Center for Biotechnology Information*. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/

National Center for Biotechnology Information NCBI

Les séquences étudiées sont copiées et comparées par le système BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*) avec la banque de données enregistrées en ligne. Une liste d'espèces est alors proposée selon des pourcentages de similitudes avec la séquence d'intérêt. Ceci permet l'identification de l'espèce et/ou de l'hybride recherchés. https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi

Figure 39 : présentation globale du système BLAST

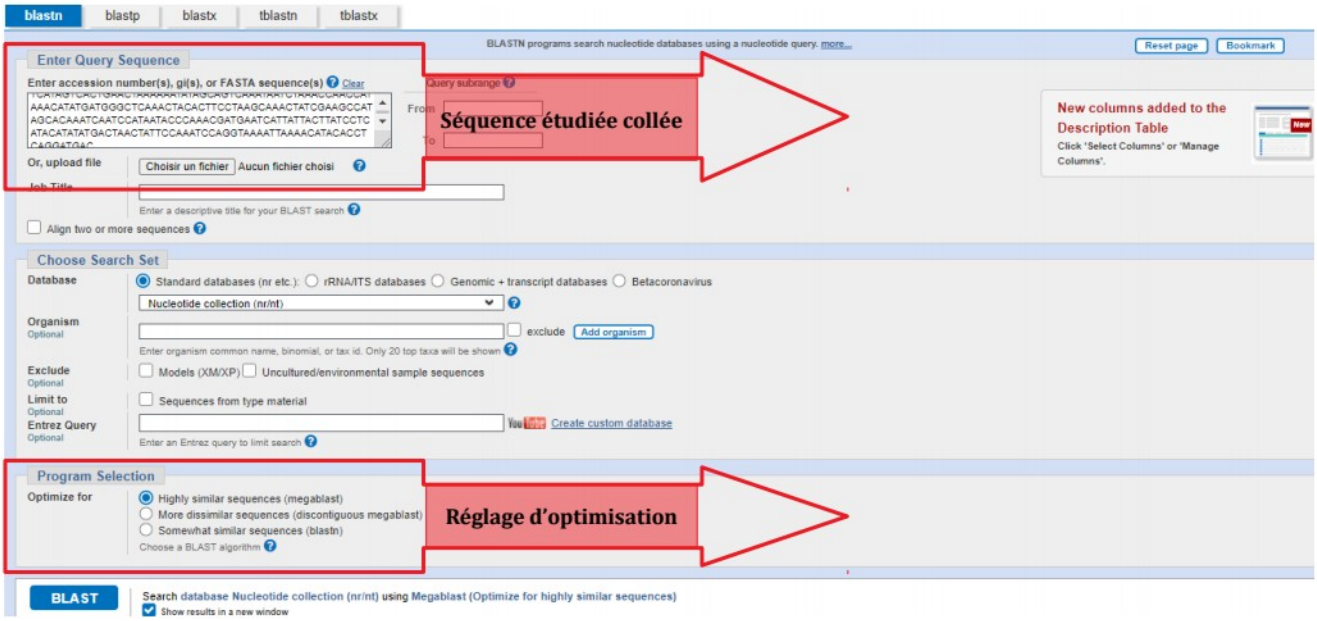
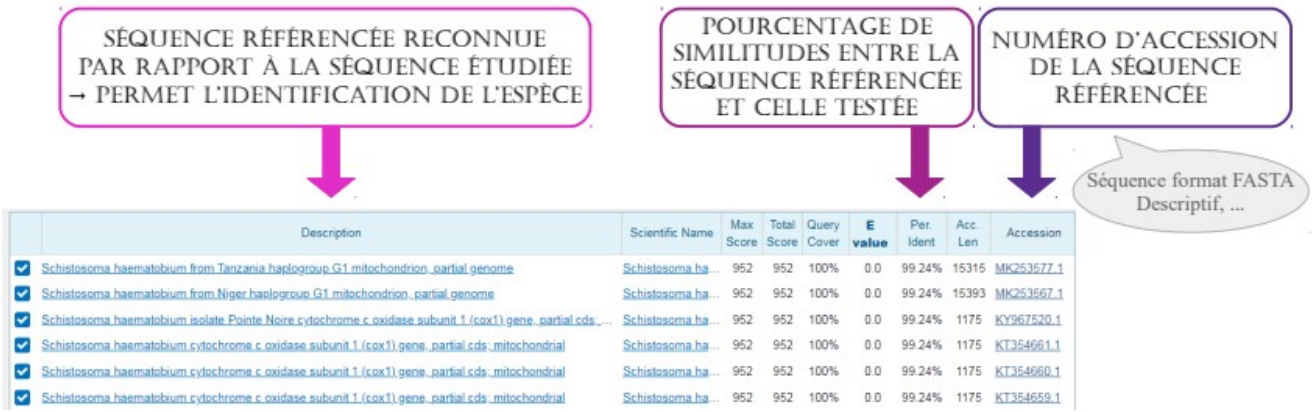


Figure 40 : exemple de résultat obtenu après la reconnaissance de la séquence proposée par la banque de données NCBI



Par exemple, ces résultats obtenus sur un patient « test » à partir du couple d'amorces Asmit1-Sh ciblant la région *cox* montrent une identification de l'espèce *Schistosoma haematobium*.

PARTIE 4 :

RÉSULTATS ET DISCUSSION

I. Résultats

Tous les couples d'amorces utilisés dans cette étude n'ont pas toujours fonctionné pour chaque patient. Plusieurs tests ont été effectués, et seuls les plus probants seront présentés. Seules les séquences consensus, s'il y en a, seront décrites dans cette partie. Le résultat de toutes les séquences obtenues pour chaque patient et par amorce sera détaillé en annexe.

1. Patient 1 : Schistosoma haematobium

Le patient a mal répondu pour la majorité des amorces de l'étude. La séquence obtenue pour l'amorce Schisto3' a donné *Schistosoma haematobium* à l'identification, de même pour le couple d'amorces ITS2 F et ITS2 R avec un pourcentage de similitudes de 100 % avec le numéro d'accession GenBank MT580959.1.

Séquence consensus couple ITS2 F – ITS2 R :
TGGAAACCAATGTATGGGATTATTGGCGTACAACTTTGAGCGGTGGATCACTCGGCTCGTGTGTCG
ATGAAGAGTGCAGCCAACTGTGTGAATTAATGTGAACTGCATACTGCTTTGAACATCGACATCTTG
AACGCATATTGCGGCTACGGGATATCCTGTGGCCACGCCTGTCCGAGGGTCGGCTTTTCATCTATC
ACGGCGCACATTGAGTCGTGGATTGGGCGAGTGCCTGCCGGCGTGTATACCCGCATATCAACGCG
GGTTGCTGGTCGAAGGCTCCGTCCTAATAGTCCGGCCACAGCCTAGTCCGGTCTAGATGACTTGA
TCGAGATGCTGCGGTGGGTTGTGCTCGAGTCGTGGCTTAATA

L'espèce identifiée est *Schistosoma haematobium*, la présence de séquences d'hybrides entre *S. haematobium* et *S. bovis* dans la liste des résultats de reconnaissance de la banque de données ne sera pas retenue car la séquence obtenue par l'amorce Schisto3' ciblant la zone COX du génome donne aussi une identification à *S. haematobium*.

2. Patient 2 : Schistosoma haematobium

Patient à l'initiation de cette étude,avec pour rappel un examen direct positif et une PCR Dra1 négative, il a pu être testé une grande partie des amorces, avec un taux de réponse très faible. La qualité de l'ADN a été un peu remis en question cependant un dosage a été réalisé avec la technologie Qbit® donnant une concentration en ADN de 23,1 ng/µL, supérieure à certains autres patients dont les réponses en PCR étaient meilleures.

À partir des amorces conçues avec l'unité des Virus Émergents de Pr LAMBALLERIE pour un séquençage NGS, il a pu être mis en évidence une positivité pour certains couples, qui ont ensuite été séquencés par la méthode NGS en « poolant » toutes les amorces ayant la même cible : pool COX et pool ITS.

Sur COX l'identification a donné l'espèce *S. haematobium* (numéro d'accession DQ157222.2) avec un pourcentage de similitudes à 98,69 % tandis que sur la cible ITS l'identification propose une hybride *S. haematobium x S. bovis* (numéro d'accession MT158882.1) avec 99,49 % de similitudes.

L'identification finale est *S. haematobium*.

Séquence consensus obtenue sur la cible COX :

TGGGATTAGTATTAGTTTATTTATTTGATAATAGTAGAATTATTAGGTGTAATAATAATAAAAGCTTA
AGTGTAGGTATAATTTATATTGTAATATTAATGTTATCTATTTTTCTTATAATTTAGTAGTTGTACGAG
GAGAAAATGCATTTGAGTAAAGTCCAGATAGTATAATAAAGATAGTAAAAACTTAGTGTTGCAGCA
TATTTTGTTTTGGTCAAAAGGGTGGTTTAGTTGATACCAGTTTTTAAATAGTGTAAATTAATTGTAT
AGTAAGCTGTAAAGGTAGCTGATAGTAGCTTAAGAATCAAAGCATAAGACTCTTAATCTTAGTATG
TTATAGATATGAACCTATTAGCACAGTTGAATTAGGCTATCACTAGGTGCATAGTTAAGTTGATAAA
TAAAAAATGTTTAAATTAAGTTCAGCATTATTAACAGTTATATTTTTAGTATTATTACCAGTTATATTA
ACTCATTATAATGTTTTTGGAGTTAAGAGTTTAAGGGGTAATCATTATAGTAATATATCAGAATGATA
TTCAAGGTTTGAATGTGGGTTTTTAGGGCATGGGTTAAATGAAAAATTTTTTAGCTTTTCTTACTTA
AATCTATTAATATTATTTGTAGTCTTTGATTTAGAAATATCGTTATTATTAAATATAGTTTACGATGGA
ATATGATATTATACATTCTGGTGTTTTTTTGTTGTTTTTTGGTTACATGGTAGAACTTAAGTTAGGTT
ATGTAAGGTGAATTAAATAAGTAGTTAGGAATATTCATATATACATATTGAGAATATGCACTTAGTTT
ATGAAGAATAAAAGTTTGTCATGCTTTTGGTGATTAGATTGTTTATAGTCAGTGTATGAAGATTTAG
TATAATGATATACCATAGTATTTGATATTAGATTTAGTTAATTTAAATGTATAATAGTATGTATATGTTA
GAGTTAGTTTTAAGAATCGAGAGTTTAATAATGACTTTATTATTAGTAGCTTTTTATATAATGAGTGA
GCGTAAGGTCTTGTCATATATACAATTACGCAAGGGACCTAAAAAGGTTGGTATTATGGGACTATT
ACAAAGGTTTGCTGATTTTATAAAGTTAATAAATAAGAGTAAGTTTAAAAAT

Séquence consensus obtenue sur la cible ITS:

ATCCTAGGCTGCAGCGTTAACCATTAGTTCTATGCATTTGGGAAACCAATGTATGGGATTATTGGCG
TACAACTTTGAGCGGTGGATCACTCGGCTCGTGTGTCGATGAAGAGTGCAGCCAACTGTGTGAAT
TAATGTGAACTGTATACTGCTTTGAACATCGACATCTTGAACGCATATTGCGGCTACGGGATATCC

3. *Patient 3 : Schistosoma haematobium*

Des résultats positifs ont été obtenus avec de nombreux couples d'amorces chez ce patient. Le dosage de son ADN au Qbit® a pourtant donné une concentration très faible de 0,15 ng/µL.

Le détails des séquences obtenues par couple d'amorce ainsi que le résultat de leur identification est détaillé en annexe, seuls le résultat ciblant la région COX et obtenu par NGS ainsi qu'un couple ciblant la région ITS (ITSF – ITSR) et obtenu par méthode Sanger seront présentés ici.

Le pool de couple d'amorces COX donne une identification à *S. haematobium* (numéro d'accession MW067227.1) à 99,05 % de similitudes et la région ITS amplifiée donne *S. haematobium* (MT580959.1) avec une pourcentage de similitudes 99,89 %.

Séquence consensus obtenue sur la cible COX :

NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGTATTG
GGATTAGTATTAGTTTATTTATTTGATAATAGTAGAATTATTAGGTGTAATAATAATAAAAGCTTAAG
TGTAGGTATAATTTATATTGTAATATTAATGTTATCTATTTTTCTTATAATTTAGTAGTTGTACGAGGA
GAAAATGCATTTGAGTAAAGTCCAGATAGTATAATAAAGATAGTAAAAACTTAGTGTTGCAGCATA
TTTTGTTTTGGTCAAAAGGGTGGTTTAGTTGATACCAGTTTTTAAATAGTGTAAATTAATTGTATAG
TAAGCTGTAAAGGTGGCTGATAGTAGCTTAAGAATCAAAGCATAAGACTCTTAATCTTAGTATGTT
ATAGATATGAACCTATTAGCACAGTTGAATTAGGCTATCACTAGGTGCATAGTTAAGTTGATAAATA
AAAAATGTTTAAATTAAGTTCAGCATTATTAACAGTTATATTTTTAGTATTATTACCAGTTATATTAAC
TCATTATAATGTTTTTGGAGTTAAGAGTTTAAGGGGTAATCATTATAGTAATATATCAGAATGATATT
CAAGGTTTGAATGTGGGTTTTTAGGGCATGGGTTAAATGAAAAATTTTTTAGCTTTTCTTACTTAAA
TCTATTAATATTATTTGTAGTCTTTGATTTAGAAATATCGTTATTATTAAATATAGTTTATGATGGAATA
TGATATTATACATTCTGGTGTTATTTTTTTTTTTTTTNNNNNNNNNNNTTTTTGGTTACATGGTAGAAC
TTAAGTTAGGTTATGTAAGGTGAATTAAATAAGTAGTTAGGAATATTCATATATACATATTGAGAATA
TGCACTTAGTTTATGAAGAATAAAAGTTTGTCATGCTTTTGGTGATTAGATTGTTTATAGTCAGTGT
ATGAAGATTTAGTATAATGATATACCATAGTATTTGATATTAGATTTAGTTAATTTAAATGTATAATAG
TATGTATATGTTAGAGTTAGTTTTAAGAATCGAGAGTTTAATAATGACTTTATTATTAGTAGCTTTTTA
TATAATGAGTGAGCGTAAGGTCTTGTCATATATACAATTACGCAAGGGACCTAAAAAGGTTGGTAT
TATGGGACTATTACAAAGGTTTGCTGATTTTATAAAGTTAATAAATAAGAGTAAGTTTAAAAATNNN
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN

Séquence consensus couple ITSF – ITSR :

TAACCAAAAATATATAATGATGCATGCACCTGGCTTCTTGCTGGACTGTATGTACCCTGGCTTGGTG
GTTATTACCCTAGGCTTCAGTGGTTGATATTTTCTTGACCGGGGTACCTAGCCTGTCGTATGCCCTG
ATGGTGTTCTCGTAACTTTCGGGTTGCCTGATCTGCCAAGGGCGATGGGACAGTGCATGACGCTAT
TGTTGTGTGCTAGGTTCAAAGAGAATTGTATGCTATATGCATGCAAATCCGCCCCGTTATTGTTCCT
ATTTCAAACTTTTACACTGTTGAAGCGATCCGGTTTGGCTTGCCATTCACGGGTTTGCTGCCTGGC
ATGCACCTGGCTTCGTGCTGGACTGCATGTACGCTGGCTTAGCGGTAAATATCCTAGGCTGCAGCG
TTAACCATTAGTTCTATGCATTTGGGAAACCAATGTATGGGATTATTGGCGTACAACTTTGAGCGGT
GGATCACTCGGCTCGTGTGTCGATGAAGAGTGCAGCCAACTGTGTGAATTAATGTGAACTGCATA
CTGCTTTGAACATCGACATCTTGAACGCATATTGCGGCTACGGGATATCCTGTGGCCACGCCTGTC
CGAGGGTCGGCTTTTCATCTATCACGGCGCACATTGAGTCGTGGATTGGGCGAGTGCCTGCCGGC
GTGTATACCCGCATATCAACGCGGGTTGCTGGTCGAAGGCTCCGTCCTAATAGTCCGGCCACAGCC
TAGTCCGGTCTAGATGACTTGATCGAGATGCTGCGGTGGGTTGTGCTCGAGTCGTGGCTTAATGAC
ATTATACGCGCTCGGGAAGAATCGCACCTATCGTACGCTACGTTGGTCACTTGATCTTGTCTCTATG
GTTCGGTCTACGGTTTGTACCGATGGTGTGTGTAATACGCACGAATTGTATAATKACCCGA

4. *Patient 4 : Schistosoma haematobium*

Ce patient a permis d'obtenir des résultats avec de nombreux couples d'amorces, avec une concentration en ADN de 23 ng/µL, identique à celle du patient 2.
Seuls les résultats d'un couple ciblant la région COX (*Asmit1-Schisto3'*) et d'un couple ciblant ITS (*ITS 58S - ITS 525R*) seront présentés ici. Les autres couples et amorces sont rapportés en annexe.

La séquence obtenue pour le couple d'amorces Asmit1-Schisto3' est similaire à 99,83 % avec la séquence MK253577.1 de *S. haematobium*.
La séquence obtenue avec ITS 58S – 525R est assimilée à 98,77 % à la séquence de *S. curassoni* (numéro d'accession MT580961.1). Cette séquence a été alignée avec celle proposée par le BLAST® correspondant à *S. curassoni* et à *S. haematobium* grâce au logiciel en ligne Multialin® mis à disposition par l' Institut National de Recherche Agronomique (INRA) de Toulouse.
Les séquences s'alignent parfaitement avec les deux espèces *S. curassoni* et *S. haematobium*. Malheureusement ces amorces ciblent une région ITS commune aux deux espèces. A ce stade nous ne pouvons donc pas définitivement conclure à la présence d'un hybride *S. curassoni x S. haematobium*. Par défaut nous retenons la forme pure *S. haematobium*.

Séquence consensus couple Asmit1-Schisto3' :

TTTTTGGTCATCCTGAGGTGTATGTTTTAATTTTACCTGGATTTGGAATAGTTAGTCATATATGTATG
AGGATAAGTAATAATGATTCATCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCTATGGCTTCGATAGTTTG
CTTAGGAAGTGTAGTTTGAGCCCATCATATGTTTATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTTT
TTAGTTCAGTGACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGGTTTTTTCTTGATTATATATGCTT
AAAAGCTGTGGGTCTCGTGTATGAGATCCTATAGTTTGATGATTGGTTGGTTTTATATTTTTATTTAC
GATAGGTGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAGCTTCTTCATTAGATATATTATTTCATGATACTTGATT
TGTTGTTGCTCATTTTCATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATAGAAGTGTAGTAATAATGTTATTATG
GTGATGGCCTTTTATAATTGGTTACAGTATTAATAAGTATTTATTGCAGGGTCATTGATTATTATCAAT
GGTTGGGTTTAATCTTTGTTTTTTTCCTATGCATTA

Séquence consensus couple ITS 58S – ITS 525R :

TGCATGCACCTGGCTTCTCGCTGGACTGTATGTACCCTGGCTTGGTGGTTATTACCCTAGGCTTCA
GTGGTTGATATTTTCTTGACCGGGGTACCTAGCCTGTCGTATGCCCTGATGGTGTTCTCGTAACTTT
CGGGTTGCCTGATCTGCCAAGGGCGATGGGACAGTGCATGACGCTATTGTTGTGTGCTAGGTTCA
AAGAGAATTGTATGCTATATGCATGCAAATCCGCCCCGTTATTGTTCCTATTTCAAACTTTTACACT
GTTGAAGCGATCCGGTTTGGCTTGCCATTCACGGGTTTGCTGCCKGGCATGCACCTGGCTTCGYG
CTGGACTGCATGTACGCTGGCTTAGCGGTAAATATCCTAGGCTGCAGCGTTAACCATTAGTTCTAT
GCATTTGGGAAACCAATGTATGGGATTATTGGCGTACAACTTTAGCGGTGGATCACTCGGCTCGTG
TGTCGATGAAGAGTGCGCCCAACACTATTGTTGTGTGCTAGGTTCAAAGAGAATTGTATGCTATAT
GCATGCAAATCCGCCCCGTTATTGTTCCTATTTCAAACTTTTACACTGTTGAAGCGATCCGGTTTGG
CTTGCCATTCACGGGTTTGCTGCCTGGCATGCACCTGGCTTCKTGCTGGACTGCATGTACGCTGGC
TTAGCGGTAAATATCCTAGGCTGCAGCGTTAACCATTAGTTCTATGCATTTGGGAAACCAATGTATG
GGATTATTGGCGTACAACTTTGAGCGGTGGATCACTCGGCTCGTGTGTCGATGAAGAGTGCAGCC
AACA

5. *Patient 5 : Schistosoma haematobium*

L'analyse des séquences obtenues chez ce patient donne une identification à *S. haematobium* à 99,44 % de similitudes (MK253577.1) et à *S. curassoni* pour les couples ciblant la région ITS 99,79 % (numéro GenBank MT580961.1). Les séquences ITS obtenues avec les couples 58S – 525R et 58S-965R ont été alignées comme pour le patient précédent. .Les séquences s'alignent parfaitement avec les deux espèces *S. curassoni* et *S. haematobium*. Comme précédemment nous ne pouvons pas conclure à la présence d'un hybride de ces deux espèces et nous retenons la forme pure *S. haematobium.*

Tous les couples ciblant la région COX ayant été testés sur ce patient sont revenus positifs et séquencés à *S. haematobium* (MT580959.1), exemple ci-dessous du couple Asmit1-Schisto3'.

Séquence consensus couple Asmit1-Schisto3' :
GGTCATCCTGAGGTGTATGTTTTAATTTTACCTGGATTTGGAATAGTTAGTCATATATGTATGAGGAT
AAGTAATAATGATTCATCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCTATGGCTTCGATAGTTTGCTTAG
GAAGTGTAGTTTGAGCCCATCATATGTTTATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTTTTTAGT
TCAGTGACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGGTTTTTTCTTGATTATATATGCTTAAAAG
CTGTGGGTCTCGTGTATGAGATCCTATAGTTTGATGATTGGTTGGTTTTATATTTTTATTTACGATAG
GTGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAGCTTCTTCATTAGATATATTATTTCATGATACTTGATTTGTTG
TTGCTCATTTTCATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATAGAAGTGTAGTAATAATGTTATTATGGTGAT
GGCCTTTTATAATTGGTTACAGTATTAATAAGTATTTATTGCAGGGTCATKATTATTACA

Séquence consensus couple ITS 58S – ITS 525R :
TGCATGCACCTGGCTTCTYGCTGGACTGTATGTACCCTGGCTTGGTGGTTATTACCCTAGGCTTCA
GTGGTTGATATTTTCTTGACCGGGGTACCTAGCCTGTCGTATGCCCTGATGGTGTTCTCGTAACTTT
CGGGTTGCCTGATCTGCCAAGGGCGATGGGACAGTGCATGACGCTATTGTTGTGTGCTAGGTTCA
AAGAGAATTGTATGCTATATGCATGCAAATCCGCCCCGTTATTGTTCCTATTTCAAACTTTTACACT
GTTGAAGCGATCCGGTTTGGCTTGCCATTCACGGGTTTGCTGCCTGGCATGCACCTGGCTTCGTG
CTGGACTGCATGTACGCTGGCTTAGCGGTAAATATCCTAGGCTGCAGCGTTAACCATTAGTTCTAT
GCATTTGGGAAACCAATGTATGGGATTATTGGCGTACAACTTTGAGCGGTGGATCACTCGGCTCGT
GTGTCGATGAAGAGTGCAGCCAACA

6. *Patient 6 : Schistosoma haematobium*

Les amorces COX Asmit1-Schisto3' donnent une identification de l'espèce *S. haematobium* à 99,83 % (MK253577.1). Un pool d'amorces COX séquencées par méthode NGS a aussi donné une identification de *S. haematobium* à 99,70 % (DQ157222.2).
Pour les amorces ITS l'identification donne un hybride *S. haematobium x S. bovis* pour les couples ITSF – ITSR ainsi qu'ITS4- ITS5 à 99,57 % (MW027655.1).

On peut conclure à la présence certaine de *S. haematobium*.

Séquence consensus couple Asmit1-Schisto3' :
GGTCATCCTGAGGTGTATGTTTTAATTTTACCTGGATTTGGAATAGTTAGTCATATATGTATGAGGAT
AAGTAATAATGATTCATCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCTATGGCTTCGATAGTTTGCTTAG
GAAGTGTAGTTTGAGCCCATCATATGTTTATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTTTTTAGT
TCAGTGACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGGTTTTTTCTTGATTATATATGCTTAAAAG
CTGTGGGTCTCGTGTATGAGATCCTATAGTTTGATGATTGGTTGGTTTTATATTTTTATTTACGATAG
GTGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAGCTTCTTCATTAGATATATTATTTCATGATACTTGATTTGTTG
TTGCTCATTTTCATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATAGAAGTGTAGTAATAATGTTATTATGGTGAT
GGCCTTTTATAATTGGTTACAGTATTAATAAGTATTTATTGCAGGGTCATTGATTATTATCAATGGTT
GGGTTTAATCTTTGTTTTTTTCCTATGCATTA

Séquence consensus couple ITSF – ITSR :
TATAACCAAAAATATATAATGATGCATGCACCTGGCTTCTTGCTGGACTGTATGTACCCTGGCTTGG
TGGTTATTACCCTAGGCTTCAGTGGTTGATATTTTCTTGACCGGGGTACCTAGCCTGTCGTATGCCC

TGATGGTGTTCTCGTAACTTTCGGGTTGCCTGATCTGCCAAGGGCGATGGGACAGTGCATGACGC
TATTGTTGTGTGCTAGGTTCAAAGAGAATTGTATGCTATATGCATGCAAATCCGCCCCGTTATTGTT
CCTATTTCAAACTTTTACACTGTTGAAGCGATCCGGTTTGGCTTGCCATTCACGGGTTTGCTGCCT
GGCATGCACCTGGCTTCGTGCTGGACTGCATGTACGCTGGCTTAGCGGTAAATATCCTAGGCTGCA
GCGTTAACCATTAGTTCTATGCATTTGGGAAACCAATGTATGGGATTATTGGCGTACAACTTTGAGC
GGTGGATCACTCGGCTCGTGTGTCGATGAAGAGTGCAGCCAACTGTGTGAATTAATGTGAACTGY
ATACTGCTTTGAACATCGACATCTTGAACGCATATTGCGGCTACGGGATATCCTGTGGCCACGCCT
GTCCGAGGGTCGGCTTTTCATCTATCACGGCGCACATTGAGTCGTGGATTGGGCGAGTGCCTGCC
GGCGTGTATACCCGCATATCAACGCGGGTTGCTGGTCGAAGGCTCCGTCCTAATAGTCCGGCCAC
AGCCTAGTCCGGTCTAGATGACTTGATCGAGATGCTGCGGTGGGTTGTGCTCGAGTCGTGGCTTA
ATGACATTATACGCGCTCGGGAAGAATCGCACCTATCGTACGCTACGTTGGTCACTTGATCTTGTC
TCTATGGTTCGGTCTACGGTTTGTACCGATGGTGTGTGTAATACGCACGAATTGTATAATKACCCGA
CCCG

7. *Patient 7 : Schistosoma haematobium*

Chez ce patient, les amorces ciblant la région COX ont permis d'identifier l'espèce *S. haematobium* à 98,39 % pour le couple Asmit1-Sh et à 99,65 % pour le couple Asmit1-Schisto3' (MK253577.1)

Séquence consensus couple Asmit1-Sh :
AAGATTAAACCCAACCATTGATWATAATCAATGACCCTGCAATAAATAMTTATTAATRCTGTAACC
CATTATAAAAGGCCTCACCATAATAACATTATTACTACACTTCTATAAGAACCTAAAGAAAGAACAT
AATGAAAATGAGCAACAACAAATCAAGTATCATGAAATAATATATCTAATGAAGAAGCTGATAAAG
CTATACCAGTAACACCACCTATCGTAAATAAAAATATAAAACCAACCAATCATCAAACTATAGGATC
TCATACACGAGACCCACAGCTTTTAAGCATATATAATCAAGAAAAAACCTTTATACCTGTAGGAAT
CCCTATAATCATAGTCACTGAACTAAAAAATATAGCAGTCAAATAATCTAAACCAACCATAAACATA
TGATGGGCTCAAACTACACTTCCTAAGCAAACTATCGAAGCCATAGCACAAATCAATCCATAATAC
CCAAACGATGAATCATTATTACTTATCCTCAACATATATGACAACTATTCCAAATCCAGGTAAATTA
AAACATACACCTYAGGATGACC

Il est à souligner que les couples ciblant la région ITS n'ont donné aucun résultat. L'identification d'un hybride n'est donc pas possible.

8. *Patient 8 : Hybride Schistosoma haematobium x Schistosoma bovis*

Les amorces COX permettent deux identifications : tout d'abord avec les couples Asmit1-Schisto3' et Asmit1-Sh l'espèce identifiée est *S. haematobium* à 99,31 % (MK253577.1).

Cependant avec le couple Asmit1-Sb, dont la seconde amorce cible spécifiquement *S. bovis*, on identifie à 99,28 % de similitudes un hybride *S. haematobium x S. bovis* (MT579427.1).

Les amorces ITS4 – ITS 5 permettent l'identification à 99,58 % de similitudes d'une forme hybride *S. haematobium x S. bovis* (MW027665.1), ce qui fait conclure à la présence de la forme hybride *S. haematobium x S. bovis* et de la forme pure *S. haematobium*.

Séquence consensus couple Asmit1-Sh :
TAATGGCATAGGAAAAAAACAAAGATTAAACCCAACCATTGATAATAATCAATGACCCTGCAATAA
ATACTTATTAATACCTGTAACCATTATAAAAGGCCATCACCATAATAACATTATTACTACACTTCTATA
AGAACCTAAAGAAAGAACATAATGAAAATGAGCAACAACAAATCAAGTATCATGAAATAATATAT
CTAATGAAGAAGCTGATAAAGCTATACCAGTAACACCACCTATCGTAAATAAAAATATAAAACCAA
CCAATCATCAAACTATAGGATCTCATACACGAGACCCACAGCTTTTAAGCATATATAATCAAGAAA
AAACCTTTATACCTGTAGGAATCCCTATAATCATAGTCACTGAACTAAAAAATATAGCAGTCAAATA
ATCTAAACCAACCATAAACATATGATGGGCTCAAACTACACTTCCTAAGCAAACTATCGAAGCCAT
AGCACAAATCAATCCATAATACCCAAACGATGAATCATTATTACTTATCCTCATACATATATGACTAA
CTATTCCAAATCCAGGTAAAATTAAAACATACACCTCAGGATGAC

Séquence consensus couple Asmit1-Sb :
GTCATCCTGAGGTGTATGTTTTAATTTTACCTGGATTGGAATAGTTAGTCATATATGTATGAGGATAA
GTAATAATGATTCATCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCTATGGCTTCGATAGTTTGCTTAGGA
AGTGTAGTTTGAGCTCATCATATGTTTATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTTTTTAGTTC
AGTGACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGGTTTTTTCTTGATTATATATGCTTAAAAGCT
GTGGKTAC

Séquence consensus couple ITS4 – ITS5 :
CTGATCCGAGGTCGGGTCAATTATACAATTCGTGCGTATTACACACACCATCGGTACAAACCGTAG
ACCGAACCATAGAGACAAGATCAAGTGACCAACGTAGCGTACGATAGGTGCGATTCTTCCCGAGC
GCGTATAATGTCATTAAGCCACGACTCGAGCACAACCCACCGCAGCATCTCGATCAAGTCATCTAG
ACCGGACTAGGCTGTGGCCGGACTATTAGGACGGAGCCTTCGACCAGCAACCCGCGTTGATATGC
GGGTATACACGCCGGCAGGCACTCGCCCAATCCACGACTCAATGTGCGCCGTGATAGATGAAAAG
CCGACCCTCGGACAGGCGTGGCCACAGGATATCCCGTAGCCGCAATATGCGTTCAAGATGTCGAT
GTTCAAAGCAGTATGCAGTTCACATTAATTCACACAGTTGGCTGCACTCTTCATCGACACACGAG
CCGAGTGATCCACCGCTCAAAGTTGTACGCCAATAATCCCATACATTGGTTTCCCAAATGCATAGA
ACTAATGGTTAACGCTGCAGCCTAGGATATTTACCGCTAAGCCAGCGTACATGCAGTCCAGCACG
AAGCCAGGTGCATGCCAGGCAGCAAACCCGTGAATGGCAAGCCAAACCGGATCGCTTCAACAGT
GTAAAAGTTTGAAATAGGAACAATAACGGGGCGGATTTGCATGCATATAGCATACAATTCTCTTTG
AACCTAGCACACAACAATAGCGTCATGCACTGTCCCATCGCCCTTGGCAGATCAGGCAACCCGAA
AGTTACGAGAACACCATCAGGGCATACGACAGGCTAGGTACCCCGGTCAAGAAAATATCAACCAC
TGAAGCCTAGGGTAATAACCACCAAGCCAGGGTACATACAGTCCAGCAAGAAGCCAGGTGCATG
CATCATTATATATTTTTGGGTTATATAATATC

9. Patient 9 : Schistosoma haematobium

Tous les couples d'amorces testés pour ce patients et ayant pu être séquencés ont donné une identification à *S. haematobium.*

Le couple COX Asmit1-Schisto3' permet une identification de l'espèce à 99,83 % de similitudes (MK253577.1) et à 99,35 % pour le couple ITSF – ITSR (MT158873.1).

Séquence consensus couple Asmit1-Schisto3' :
GTCATCCTGAGGTGTATGTTTTAATTTTACCTGGATTTGGAATAGTTAGTCATATATGTATGAGGATA
AGTAATAATGATTCATCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCTATGGCTTCGATAGTTTGCTTAGG
AAGTGTAGTTTGAGCCCATCATATGTTTATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTTTTTAGTT
CAGTGACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGGTTTTTTCTTGATTATATATGCTTAAAAGC
TGTGGGTCTCGTGTATGAGATCCTATAGTTTGATGATTGGTTGGTTTTATATTTTTATTTACGATAGG
TGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAGCTTCTTCATTAGATATATTATTTCATGATACTTGATTTGTTGT
TGCTCATTTTCATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATAGAAGTGTAGTAATAATGTTATTATGGTGATG
GCCTTTTATAATTGGTTACAGTATTAATAAGTATTTATTGCAGGGTCATTGATTATTATCAATGGTTG
GGTTTAATCTTTGTTTTTTTCCTATGCATTA

Séquences consensus couple ITSF – ITSR :
TTATATAACCCAAAAATATATAATGATGCATGCACCTGGCTTCTTGCTGGACTGTATGTACCCTGGC
TTGGTGGTTATTACCCTAGGCTTCAGTGGTTGATATTTTCTTGACCGGGGTACCTAGCCTGTCGTAT
GCCCTGATGGTGTTCTCGTAACTTTCGGGTTGCCTGATCTGCCAAGGGCGATGGGACAGTGCATG
ACGCTATTGTTGTGTGCTAGGTTCAAAGAGAATTGTATGCTATATGCATGCAAATCCGCCCCGTTAT
TGTTCCTATTTCAAACTTTTACACTGTTGAAGCGATCCGGTTTGGCTTGCCATTCACGGGTTTGCT
GCCTGGCATGCACCTGGCTTCGTGCTGGACTGCATGTACGCTGGCTTAGCGGTAAATATCCTAGGC
TGCAGCGTTAACCATTAGTTCTATGCATTTGGGAAACCAATGTATGGGATTATTGGCGTACAACTTT
GAGCGGTGGATCACTCGGCTCGTGTGTCGATGAAGAGTGCAGCCAACTGTGTGAATTAATGTGAA
CTGCATACTGCTTTGAACATCGACATCTTGAACGCATATTGCGGCTACGGGATATCCTGTGGCCAC
GCCTGTCCGAGGGTCGGCTTTTCATCTATCACGGCGCACATTGAGTCGTGGATTGGGCGAGTGCC
TGCCGGCGTGTATACCCGCATATCAACGCGGGTTGCTGGTCGAAGGCTCCGTCCTAATAGTCCGGC
CACAGCCTAGTCCGGTCTAGATGACTTGATCGAGATGCTGCGGTGGGTTGTGCTCGAGTCGTGGC
TTAATGACATTATACGCGCTCGGGAAGAATCGCACCTATCGTACGCTACGTTGGTCACTTGATCTT
GTCTCTATGGTTCGGTCTACGGTTTGTACCGATGGTGTSTKTTTTCGCACGAATTGTATAA

10. Patient 10 : Schistosoma haematobium

Pour ce patient, peu d'amorces ont fonctionné. Un couple d'amorces ciblant la région COX a permis d'obtenir une identification de *S. haematobium* mais leur assemblage n'a pas pu donner de séquence consensus. L'amorce ShND1_1 a permis une identification à 100 % (MK253578.1) contre 94,62 % pour l'amorce ShND2_1 (MK253567.1).
Pour la région ITS, l'identification donne 100 % de similitudes avec *S. haematobium* (MT580959.1).

Séquence consensus couple ITSF – ITSR :

CGTATGCCCTGATGGTGTTCTCGTAACTTTCGGGTTGCCTGATCTGCCAAGGGCGATGGGACAGT
GCATGACGCTATTGTTGTGTGCTAGGTTCAAAGAGAATTGTATGCTATATGCATGCAAATCCGCCCC
GTTATTGTTCCTATTTCAAACTTTTACACTGTTGAAGCGATCCGGTTTGGCTTGCCATTCACGGGTT
TGCTGCCTGGCATGCACCTGGCTTCGTGCTGGACTGCATGTACGCTGGCTTAGCGGTAAATATCCT
AGGCTGCAGCGTTAACCATTAGTTCTATGCATTTGGGAAACCAATGTATGGGATTATTGGCGTACA
ACTTTGAGCGGTGGATCACTCGGCTCGTGTGTCGATGAAGAGTGCAGCCAACTGTGTGAATTAAT
GTGAACTGCATACTGCTTTGAACATCGACATCTTGAACGCATATTGCGGCTACGGGATATCCTGTG
GCCACGCCTGTCCGAGGGTCGGCTTTTCATCTATCACGGCGCACATTGAGTCGTGGATTGGGCGA
GTGCCTGCCGGCGTGTATACCCGCATATCAACGCGGGTTGCTGGTCGAAGGCTCCGTCCTAATAGT
CCGGCCACAGCCTAGTCCGGTCTAGATGACTTGATCGAGATGCTGCGGTGGGTTGTGCTCGAGTC
GTGGCTTAATGACATTATACGCGCTCGGGAAGAATCGCACCTATCGTACGCTACGTTGGTCACTTG
ATCTTGTCTCTATGGTTCGGTCTACGGTTTGTACCGATGGTGTGTGTAATACGCACGAATTGTA

11. Patient 11 : Schistosoma haematobium

L'identification ici ne repose que sur le couple COX Asmit1-Sh qui est le seul ayant fonctionné. Le dosage de l'ADN a été réalisé et donnait une concentration faible de 1,76 ng/µL mais toutefois quasi équivalente au patient 4 pour qui la plupart des couples d'amorces ont bien répondu.
De plus la séquence obtenue correspond à *S. haematobium* avec 99,16 % de similitudes (MT579447.1), mais aussi avec une forme hybride *S. haematobium x S. bovis* pour le même pourcentage (MT 579443.1).
Aucun couple d'amorces ciblant la région ITS n'a fonctionné.
Ces résultats ne permettant pas de conclure à une forme hybride, la présence de *S. haematobium* sera retenue.

Séquence consensus couple Asmit1-Sh :

AGGTGTATGTTTTAATTTTMCCTGGATTTGGAATAGTTAGTCTATATGTATGAGGATAAGTAATAATG
ATTCATCGTTTGAGTATTATGGATTGATTTGTGCTATGGCTTCGATAGTTTGCTTAGGAAGTGTAGTT
TGAGCCCATCATATGTTTATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTTTTTAGTTCAGTGACTAT
GATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGGTTTTTTCTTGATTATATATGCTTAAAAGCTGTGGGTCTC
GTGTATGAGATCCTATAGTTTGATGATTGGTTGGTTTTATATTTTTATTTACGATAGGTGGTGTTACT
GGTATAGCTTTATCAGCTTCTTCATTAGATATATTATTTCATGATACTTGATTTGTTGTTGCTCATTTT
CATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATAGAAGTGTAGTAATAATGTTATTATGGTGAGGCCTTT

Tableau 10 : résultat final du séquençage par patient

Patient 1	*Schistosoma haematobium*
Patient 2	*Schistosoma haematobium*
Patient 3	*Schistosoma haematobium*
Patient 4	*Schistosoma haematobium*
Patient 5	*Schistosoma haematobium*
Patient 6	*Schistosoma haematobium*
Patient 7	*Schistosoma haematobium*
Patient 8	*Schistosoma* ***haematobium x bovis***
Patient 9	*Schistosoma haematobium*
Patient 10	*Schistosoma haematobium*
Patient 11	*Schistosoma haematobium*

II. Discussion

L'hybridation est un phénomène évolutif fascinant qui soulève la question de savoir comment les espèces maintiennent leur pérennisation. L'hybridation inter-espèces se produit entre certaines espèces de *Schistosoma* qui peuvent causer d'importants problèmes de santé publique et vétérinaire. En particulier, des hybrides entre *S. haematobium* et *S. bovis* associés respectivement à l'Homme et à l'animal sont fréquemment identifiés en Afrique [32, 36, 38, 39, 40].

Le but de cette étude a été de mettre en évidence la présence de formes hybrides ou de nouvelles espèces de *Schistosoma* chez les patients pris en charge à l'IHU depuis 2017. Ce travail a été initié suite à une discordance entre les tests diagnostiques pour un des patients (patient 2) : un examen direct positif (œufs caractéristiques de *S. haematobium* dans les urines) et une PCR Dra1 utilisée en routine négative. Notre hypothèse était alors celle d'une nouvelle espèce.

En s'appuyant largement sur les données de la littérature [21, 22, 23] concernant le séquençage de *Schistosoma* et de ces hybrides, et en dessinant de nouvelles amorces pour la région ITS, plusieurs méthodes d'amplification ont été testées et mises au point ainsi que deux générations de séquençage pour optimiser les résultats obtenus.

1. Méthodes utilisées et interprétation des résultats

Selon l'espèce, le schistosome élimine ses œufs selon le site où vit la femelle gravide. En effet, on sait que pour *S. haematobium* les œufs sont émis dans les urines. Pour *S. bovis*, espèce parasitant des ruminants, les œufs sont retrouvés dans les selles.

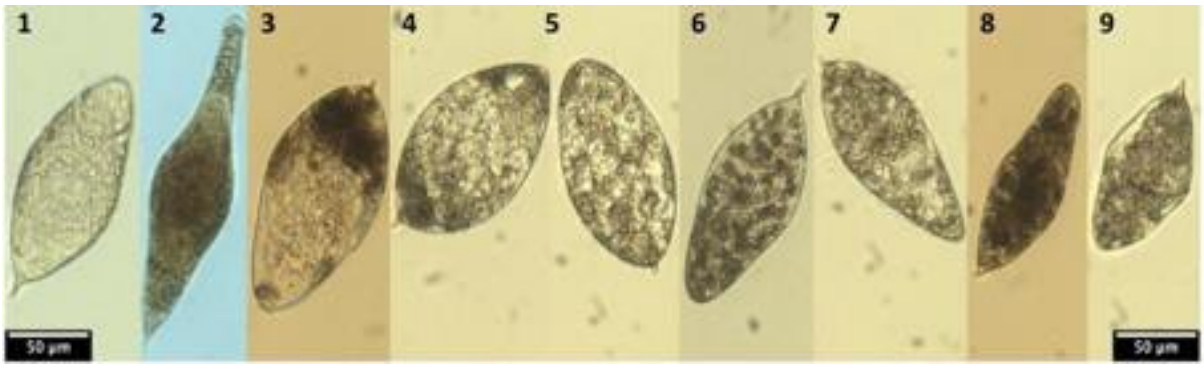
Dans le cas d'une hybridation de deux espèces les œufs pourraient être émis dans les selles et/ou dans les urines [30, 31, 36]. Ainsi par exemple, chez un patient chez qui on suspecte une bilharziose une urine négative à l'examen direct ne pourrait pas totalement exclure un diagnostic positif à *Schistoma* si ce patient était parasité par une forme hybride.
En effet, chez les schistosomes la rencontre entre le mâle et la femelle se produit au niveau de la veine porte. Les deux vers s'accouplent et se dirigent ensuite vers le site de ponte, le mâle portant la femelle dans son canal gynécophore. On peut donc supposer que lors d'un croisement de première génération, le mâle d'une espèce conduit la femelle de l'autre espèce vers son propre site de reproduction. Pour les générations suivantes, le choix du site de ponte pourrait dépendre du niveau d'introgression génétique. En conséquence, il serait maintenant d'usage que pour toute suspicion de bilharziose urinaire, des prélèvements d'urines et de selles soient réalisés systématiquement.

L'une des études les plus récentes rapportant des cas d'hybrides chez l'Homme est celle rapportant l'épidémie de schistosomiase en Corse [30, 31]. En effet plusieurs cas d'hématurie ont été constatés chez des patients consultant en maladies infectieuses et l'anamnèse de ces patients n'a rapporté aucun voyage en zone endémique de bilharziose. Cependant tous avaient voyagé dans une région de Corse où une rivière est connue pour héberger le *Bulinus truncatus,* mollusque hôte intermédiaire de *S. haematobium*. En outre, la température de l'eau dans la rivière du Cavu est très chaude et avoisine les 30 degrés, ce qui en fait un milieu de choix pour le développement de notre parasite.

Seules les urines des patients pris en charge lors de cette épidémie ont été collectées et après analyse, des œufs caractéristiques de *S. haematobium* ont été retrouvés chez certains alors qu'une forme atypique a été identifiée chez un seul patient. Plus tard il a été identifié que ces œufs étaient ceux de *S. bovis.*

Figure 41 : morphologies des œufs retrouvés dans l'épidémie Corse [31]

l'œuf 1 correspond à *S. haematobium*, l'œuf 2 à *S. bovis*
les œufs 3 à 8 correspondent aux formes hybrides retrouvées dans l'épidémie Corse



Sur les 38 patients de l'étude, seuls 6 ont présenté des urines positives à l'examen direct. Pour les autres patients, les auteurs émettent l'hypothèse que les œufs ont été excrétés dans les selles ou alors que la charge parasitaire était trop faible pour être détectée.

Si l'on remonte dans l'histoire, une précédente étude avait déjà montré la présence de *S. bovis* en Corse au cours des années 1920-1930 [33]. Cette identification avait eu lieu dans la région de Porto-Vecchio et de Bonifacio. Le genre *Schistosoma* sous la forme *S. haematobium* ou *S. haematobium x S. bovis* peut donc être considéré comme endémique en Corse.

Diverses équipes scientifiques [33, 34] ont réalisé plusieurs expériences d'hybridation entre différentes espèces en laboratoire montrant une plus grande « vigueur hybride » ou « heterosis » chez les hybrides formés par rapport à leurs espèces pures (fécondité plus élevée, temps de maturation plus court, infectivité plus élevée et spectre d'hôte plus large).

Il est plus commun de retrouver une hybridation à partir d'un mâle *S. haematobium* (information donnée par le résultat du séquençage de la région ITS) et d'une femelle *S. bovis* (dont l'information sera donnée par le résultat de la séquence COX obtenue). Ce croisement a été étudié et testé expérimentalement en laboratoire il y a plusieurs décennies et a montré une descendance viable. [34]

Dans notre étude, trois de nos onze patients (27 % de notre cohorte) sont originaires du Mali. Une étude a été réalisée sur une cohorte de patients de retour de voyage de ce pays [38].
Suite à un voyage au Mali, dix patients rapportaient s'être baignés 15 minutes en eau douce. Ils se présentaient avec un tableau clinique varié dont certains avec une forme grave.. Sur ces dix patients, sept avaient des œufs de schistosomes dans les selles et deux dans les urines. Le séquençage COX et ITS réalisé sur les œufs retrouvés dans les selles a montré chez un patient un hybride *S. haematobium x S. bovis.* Pour les autres patients il a été montré principalement *S. mansoni*.
Aucun séquençage n'a été réalisé sur les urines.

Le séquençage des prélèvements des patients originaires du Mali de notre étude n'a donné que des formes pures à *S. haematobium*.

Le patient 8 qui est le seul ayant donné une forme hybride *S. haematobium x S. bovis* est originaire du Tchad [44]. Nous n'avons pas pu trouvé de description de la présence de cette forme dans ce pays dans la littérature scientifique.

Il est difficile de connaître la prévalence de la présence des hybrides en Afrique.

Des cas d'hybridation *S. haematobium x S. bovis* ont aussi été rapportés lors d'une étude en Côte d'Ivoire [39]. Celle-ci a été menée chez des écoliers dans plusieurs écoles à partir d'échantillons d'urines collectés. Après éclosion des œufs, les miracidiums ont été collectés individuellement [35, 37, 39]. L'analyse moléculaire a été réalisée en fonction des régions COX et ITS2, et après amplification, il a été mis en évidence la présence de formes pures et hybrides de ces deux espèces. Les séquences COX ont donné des identifications de *S. haematobium* pour environ 45 % contre 55 % d'identification à *S. bovis*. Pour la région ITS2, 77,5 % des séquences analysées donnent *S. haematobium* pur, 10 % *S. bovis* pur et 12,5 % des hybrides de *S. haematobium x S. bovis*.

Webster et al [29] ont aussi démontré qu'au niveau des régions ITS les variations entre les espèces et notamment entre *S. haematobium* et *S. bovis* diffèrent peu, à quelques nucléotides près.
Par conséquent, des profils de double chromatogramme doivent être recherchés afin de mettre en évidence la coexistence d'une forme hybride avec une forme pure. Dans ce travail il a été parfois observé des doubles pics corrigés en respectant les règles de codification universelle.
Cependant aucun de ces doubles pics ne correspondait à un hybride. Pour pallier à ce problème de doubles pics chromatographiques, certaines études isolent individuellement les miracidiums du prélèvement par la technique d'extraction par micropipette afin de procéder à l'extraction de l'ADN d'un seul « individu » [37]. Cette technologie de précision n'étant pas disponible au laboratoire de l'IHU-Méditerranée, elle n'a pas pu être réalisée.
Dans ce travail, nous avons donc travaillé sur un extrait d'ADN du culot urinaire. Nous avons donc potentiellement un mélange entre les formes pures et hybrides. La lecture des chromatogrammes a été réalisée sur ChromasPro® attentivement afin de visualiser ces fameux double pics.

À l'inverse, la région COX d'héritage maternelle diffère plus entre *S. haematobium et S. bovis.*

Huyse et al [24] ont montré suite à une analyse précise par paire de base qu'il existait 12 % de divergence de séquences en *S. haematobium* et *S. bovis*, contre 6 % de différence entre *S. bovis* et *S. curassoni*. Ces chiffres peuvent expliquer la difficulté d'identification des espèces présentes au moment du diagnostic par séquençage Sanger. C'est pourquoi pour le patient 2 nous avons essentiellement travaillé en NGS afin d'optimiser les chances d'identifier une potentielle nouvelle espèce.

Au final, des hybrides de *S. haematobium x S. bovis* ont été retrouvés chez un seul patient de notre étude (patient 8).

L'hybridation de ces deux espèces montre qu'il y a eu un changement d'hôte à un moment donné du cycle parasitaire soit des espèces zoonotiques vers un humain soit de l'espèce humaine vers un animal. Ainsi, le site de ponte est probablement modifié lors d'une hybridation mais il n'a pas encore été parfaitement décrit dans quelle proportion avait lieu cette modification au cours des générations ultérieures. Il est seulement supposé que la ponte aurait lieu de la façon préférentielle de l'espèce du vers mâle pour la première génération d'hybrides [29].

Chez l'Homme, *S. haematobium* reste encore l'espèce majoritaire dans des formes urinaires. Une PCR en temps réelle décrite dans la littérature est ainsi utilisée en routine ciblant une séquence répétée du génome de l'espèce parasitaire, le gène Dra1 [20,21].
Cette étude belge a montré que la Dra1-PCR donnait de bons résultats pour le diagnostic de *S. haematobium* avec une détection à environ 15 Ct (cycle de seuil), alors que pour *S. bovis* le signal émis était moyen (environ 30 Ct), faible pour *S. mansoni* (plus de 40 Ct) et enfin inexistant pour *S. japonicum* et *S. mekongi*.

Figure 42 : CNOPS et al, tableau comparatif des détections obtenues pour la Dra1PCR avec d'autres types de PCR

Table 1. Species-specificity of the draPCR in comparison to the Sm1-7PCR and the genusPCR.

complex	species	host	extract from	draPCR	Sm1-7PCR	genusPCR
S. mansoni complex	*S. mansoni*	human	adult worm	41.93*	**15.08**	**21.35**
S. haematobium complex	*S. haematobium*	human	adult worm	**15.21**	29.44	**20.67**
	S. intercalatum	human	adult worm	**16.65**	39.16	**23.64**
	S. guineensis	human	adult worm	**15.12**	38.97	**23.26**
	S. bovis	cattle	adult worm	29.68	**13.49**	**18.92**
S. japonicum complex	*S. japonicum*	human	cercariae	0.00	0.00	**23.52**
	S. mekongi	human	clinical sample	0.00	0.00	**27.98**

Ct-values indicate a strong (Ct<28, highlighted in bold), medium (Ct between 28–38), weak (Ct>38) or no (Ct = 0) recognition of the species.
**a 5-fold dilution series on this DNA demonstrated that the weak signal resulted from cross-amplification and not from a-specific background noise.*
doi:10.1371/journal.pntd.0002413.t001

Notre étude a toutefois montré que des prélèvements de deux patients dont l'examen direct au microscope était positif (présence d'œufs caractéristiques de schisosomes dans les urines) ne sont pourtant pas sortis positifs en RT-PCR, et ce même après ré-extraction des prélèvements et recherche d'inhibiteurs (contrôle interne d'inhibition inclus dans la PCR et dilution de l'échantillon au 1/20e). Aussi, il a été question de mettre en évidence d'éventuelles nouvelles espèces ou des espèces hybrides qui ne seraient pas ou mal diagnostiquées par cette méthode.

Après technique d'amplification et séquençage il a été identifié chez un patient dont le diagnostic moléculaire était négatif (patient 2) une infection à *S. haematobium* ce qui remet donc en question la performance spécifique à cette espèce de la méthode de RT-PCR Dra1.
Plus encourageant, le prélèvement d'un patient (patient 8) avait été diagnostiqué positif en Dra1, laissant donc penser à une forme *S. haematobium* alors qu'il s'agissait en réalité d'une forme hybride *S. haematobium x S. bovis*. Cette cible peut donc mettre en évidence les formes hybrides.

Il est donc indispensable dans des travaux futurs d'élucider l'absence d'amplification de la région Dra1 chez quelques formes pures de *S. haematobium*. Pour rappel la PCR Dra1 cible une région répétée de 121 paires de bases (DQ157698.1) mais aucune information sur sa position au sein du génome n'est accessible.
Il reste donc nécessaire de trouver une meilleure cible commune à *S. haematobium* et de même efficacité pour les hybrides dans le cadre du diagnostic de routine de la bilharziose par PCR.
L'examen direct reste une technique indispensable pour la diagnostic.

2. *Enjeux de la prise en charge de la bilharziose*

La lutte contre la bilharziose vise à réduire la prévalence de la maladie par l'administration périodique de praziquantel à grande échelle.

De la même façon, une démarche préventive dans le but de faire régresser la transmission est instaurée par le traitement et l'assainissement des eaux notamment ou encore grâce à un meilleur accès à l'eau potable et à une éducation sanitaire.

L'OMS coordonne une stratégie de lutte contre la pathologie par la mise en place d'un calendrier chimioprophylactique par le praziquantel de façon régulière pour les populations considérées à risque. Sont visés les enfants en bas âge, les adultes exposés en zone d'endémie, ayant des activités en eaux infestées (agriculteurs, pêcheurs, femmes effectuant des tâches domestiques …).
Dans les zones à forte transmission le traitement préventif est annuel et ce durant plusieurs années avec un suivi indispensable. Celui-ci permet de traiter les symptômes bénins et d'éviter le passage à une forme chronique grave. Enfin, un traitement initié dès l'enfance permet de diminuer fortement le risque de développer une forme sévère même s'il est important de souligner que des réinfections sont possibles.

L'hybridation inter-espèces soulève un problème quant à la virulence du parasite. On retrouve dans la littérature de nombreuses données qui montrent que le croisement entre deux espèces permet au parasite d'élargir son spectre d'hôte mais aussi ses capacités infectieuses vis à vis de l'hôte intermédiaire mais aussi chez l'Homme [29, 30] grâce notamment à une capacité d'adaptation aux milieux et climats. Ces phénomènes d'introgression soulèvent le problème de l'émergence de nouvelles espèces parasites, sous forme d'hybrides, modifiant ainsi la transmission et spectre d'hôtes, l'épidémiologie des parasites (leurs traits de vie, résistance …), l'évolution de la pathologie et donc leur virulence auprès de l'Homme et des espèces animales mais aussi sa prise en charge et ses éventuelles résistances au traitement [31].

Si initialement l'infection touchait principalement les populations pauvres et rurales, elle se retrouve aujourd'hui de plus en plus en dehors de ces zones défavorisées.
En effet, les mouvements de population exportent la maladie dans de nouvelles régions induisant une expansion des zones endémiques. De plus, le développement du « tourisme rural » ou encore « écotourisme » provoque aussi une hausse des infections chez les voyageurs.
En zone endémique, certains changements écologiques (pH de l'eau, salinité) ainsi que l'augmentation de l'irrigation ont créé de nouveaux habitats et permettent le développement ou la prolifération de nouveaux hôtes intermédiaires [24].

La prise en charge de cette parasitose devient donc un enjeu mondial, tant au niveau sanitaire qu'économique.

CONCLUSION

La recrudescence des flux migratoires et le réchauffement climatique que nous subissons depuis maintenant de nombreuses années favorisent le développement des parasitoses et leur exportation. Ces phénomènes sont aussi responsables de l'émergence de nouvelles espèces et de croisements inter-espèces appelés hybrides, de plus en plus décrits. Tous ces changements mettent en difficulté le diagnostic de schistosomiase.

La schistosomiase urinaire doit être surtout suspectée en cas d'hématurie terminale et d'éosinophilie chez un patient potentiellement exposé à l'eau douce dans les zones endémiques. Le diagnostic repose sur l'identification à l'examen microscopique des œufs ou des miracidiums (une forme plus rare du cycle de vie du schistosome) dans l'urine et en biologie moléculaire [31].
Toutes les espèces du parasite sont traitées par une dose unique de praziquantel à 40 mg/kg, dose à répéter après un mois.

Cette étude a eu pour but de déterminer les espèces mises en cause chez des patients atteints par une forme de schistosomiase urinaire. La technique de biologie moléculaire utilisée en routine au laboratoire de parasitologie a été remise en question lorsqu'un patient a été testé négatif à partir d'un prélèvement d'urines pour lequel on observait des œufs caractéristiques de *Schistosoma haematobium* au microscope. Cette méthode d'amplification étant supposée être spécifique à cette espèce, nous avons pu remarquer qu'elle n'avait pas diagnostiqué une infection pourtant présente chez un patient. À l'inverse, elle a permis de diagnostiquer positif un patient infecté par des formes hybrides de schistosomes.
On peut alors conclure que la RT-PCR disponible au laboratoire ne permet pas de diagnostiquer 100 % des schistosomiases, certaines espèces n'étant pas détectées tandis que celle visée par les amorces disponibles peut aussi ne pas être détectée.

Pour un séquençage plus précis des prélèvements étudiés ici, il conviendrait de réaliser l'extraction et l'amplification œuf par œuf. Ceci permettrait un diagnostic précis des espèces présentes chez un patient, chez qui il pourrait être retrouvé plusieurs espèces en cohabitation mais aussi plusieurs formes croisées.

BIBLIOGRAPHIE

1. **Bilharzioses – INPN :** *Inventaire National du Patrimoine Naturel*

2. **Bilharzioses – ANOFEL, 2014 :** *Association Française des Enseignants de Parasitologie et Mycologie*

3. **HAS Argumentaire, 2017** : *Actualisation des actes de biologie médicale relatifs au diagnostic de la schistosomose (bimharziose)*

4. **Orphanet - Schistosomiase***, portail des maladies rares et médicaments orphelins*

5. **OMS – Schistosomiase, 2021 :** *Organisation mondiale de la santé*
   https://www.who.int/fr/news-room/fact-sheets/detail/schistosomiasis

6. **Lancelot Julien, Thèse, 2013** : *Caractérisation des sirtuines de Schistosoma mansoni, cibles thérapeutiques potentielles*

7. **Guiguen et Preney, 2007** : *Schistosoma haematobium, agent de la bilharziose urogénitale*, Elsevier

8. **DAPméd Africa** : *Bilharziose* ; https://www.dapmed-africa.com/pathologies/view/bilharzioses-ou-schistosomoses/

9. **VIDAL** : Praziquantel, https://www.vidal.fr/medicaments/biltricide-600-mg-cp-pellic-quadrisec-2193.html

10. **Pharmacomédical.org - Antihelminthiques** : *Site du Collège National de Pharmacologie Médicale*

11. **Lamoril et al, 2008** : *Les techniques de séquençage de l'ADN : une révolution en marche.* Elsevier
    doi:10.1016/j.immbio.2008.07.016

12. **Aghrouch et al, thèse** : *Séquençage de l'ADN, principe, indication et application*

13. **Young ND et al, 2012** : *Whole-genome sequence of Schistosoma haematobium*. Nature Genetics
    doi.org/10.1038/ng.1065

14. **Stroehlein AJ et al, 2019** : *High-quality Schistosoma haematbium genome achieved by single-molecule and long-range sequencing*. GigaScience.
    Doi:10.1093/gigascience/giz108

15. **Ibironke et al, 2011** : *Validation of a nex test for Schistosoma haematobium based on detection of Dra1 DNA Fragments in urines : evaluation through latent class analysis*. PloS
    doi:10.1371/journal.pntd0001464

16. **Séquençage nouvelle génération (NGS)** - Clinisciences https://www.clinisciences.com/achat/cat-sequencage-nouvelle-generation-3452.html

17. **Dekairelle et al, 2017** : *Le Next Generation Sequencing (NGS), un nouvel outil de biologie moléculaire au service des patients*. Louvain Médical

18. **Audebert et al, 2014** : *Le séquençage haut débit, vers un diagnostic basé que la séquence complète du génome de l'agent infectieux*. M/S Revues
doi:10.1051/medsci/20143012018

19. **Piorkowski G**, Thèse : collaboration avec l'Unité des Virus Emergents

20. **Cnops et al, 2012** : *Schistosoma real-time PCR as diagnostic tool for international travellers and migrants*. Tropical Medicine and International Health.
doi :10.1111/j.1365-3156.2012.03060.x

21. **CNOPS et al, 2012** : *A Schistosoma haematobium-specific real-time PCR for diagnosis of urogenital schistosomiasis in serum samples of international travelers et migrants*. PloS
doi:10.1371/journal.pntd.0002413

22. **Dekvota et al, 2015** : *The Schistosoma indicum species group in Nepal, presence of a new lineage of schistosome and use of the Indoplanorbis exustus species complex of snail hosts*. International Journal of Parasitology
doi : 10.1016/j.ipara.2015.07.008

23. **Timothy et al, 2006** : *The complete mitochondrial genomes of Schistosoma haematobium and Schistosoma spindale and the evolutionary history of mitochondrial genome changes among parasite flatworms*. Elsevier
doi : 10.1016/j.ympev.2005.12.012

24. **Huyse et al, 2009** : *Bidirectional introgressive hybridization between a cattle and human schistosome species*. PloS.
Doi : 10.1371/journal.ppat.1000571

25. **Depaquit et al, 2019** : *No limit in interspecific hybridization in schistosomes, observation from a case report.* Parasite
doi:10.1051/parasite/2019010

26. **Barber et al, 2000** : *PCR-RFLP analysis of the ITS2 region to identify Schistosoma haematobium and S. bovis from Kenya.* Trop Med Hyg Journal
doi:10.4269/ajtmh.2000.62.434

27. **Schols et al, 2019** : *A rapid diagnostic multiplex PCR approach for xenomonitoring of human and animal schistosomiasis in a « One Health » context.* Trop Med Hyg
doi:10.1093/trstmh/trz067

28. **Webster et al, 2010** : *Rapid diagnostic multiplex PCR (RD-PCR) to discriminate Schistosoma haematobium and S. bovis.* Journal of Helminthology
doi:10.1017/S0022149X09990447

29. **Webster et al, 2013** : *Introgressive hybridization of Schistosoma haematobium group species in Senegal, species barrier break down between ruminant and human schistosomes*. PloS
doi:10.1371/journal.pntd.0002110

30. **Boissier et al, 2016** : *Outbreak of urogenital schistosomiasis in Corsica (France), an epidemiological case study.* The Lancet Infectious Diseases
doi : 10.1016/S1473-3099(16)00175-4

31. **Julien Kincaid Smith, Thèse 2018** : *Modification des traits d'histoire de vie au cours de l'hybridation et analyse des mécanismes moléculaires sous-jacents chez les parasites plathelminthes du genre Schistosoma*

32. **Leger E et al, 2016** : *Hybridizations within the genus Schistosoma, implications fort evolution, epidemiology and control*. Parasitology
doi : 10.1017/S0031182016001190

33. **Brumpt E, 1930** : *Cycle évolutif complet de Schistosoma bovis, infection naturelle en Corse et infection expérimentale de Bulinus contortus*. Annales de Parasitologie

34. **Taylor MG, 1970** : Hybridisation experiments on five species of African schistosomes. Jounal of Helminthology
Doi:10.1017/s0022149x00021969

35. **Zanisi L et al, 2018** : *Diagnostic de schistosomiase urinaire par l'identification de miracidiums de Schistosoma haematobium.* Revue Médicale Suisse
14:944-8

36. **Huyse et al, 2013** : *Hybridization between two major African schistosome species of humans.* International Journal Parasitology
doi : 10.1016/j.ijpara.2013.04.001

37. **Beltran et al, 2008** : *Cheap, rapid and efficient DNA extraction method to performe multilocus microsatelline genotyping on all Schistosoma mansoni stages*. Mem Instit Oswaldo Cruz
doi:S0074-02762008000500017

38. **Soentjens P et al, 2016** : *Diagnosis and clinical management of Schistosoma haematobium x Schistosoma bovis hybrid infection in a cluster of traverlers returning from Mali*. Clinical Infectious Diseases.
Doi:10.1093/cid/ciw493

39. **Angora EK et al, 2020** : *High prevalence of Schistosoma haematobium x Schistosoma bovis hybrids in schoolchildren in Côte d'Ivoire.* Parsitology
doi:10.1017/S0031182019001549

40. **Djuikwo-Teukeng et al, 2019** *Population genetic structure of Schistosoma bovis in Cameroon.* Parasites Vectors
doi.org/10.1186/s13071-019-3307-0

41. **Grétillat et al, 1964** : *Différences morphologiques entre Schistosoma bovis et Schistosoma curassoni.*

42. **Diaw et Vassiliades**, 1987: *épidémiologie des schistosomiases du bétail au Sénégal*. Rev Med vet Pays trop, 265-274

43. **Bremond et al, 1993** : *Arguments for the modification of the genome (introgression) of the human parasite Schistosoma haematobium by genes from S. bovis in Niger.* PMID 8019888

44. **Atlas** de la répartition mondiale des schistosomiases, chapitre 6-Tchad.

ANNEXES

Tableau 7 : Amorces utilisées, décrites dans des publications

Article de référence	Cible	Nom Amorce	Séquence amorce
TIMOTHY et al, 2015	*COX*	**1F**	CCTYGGGGATTACTGAGTAAAG
		4F	GTAACATGGTAGTGCTTGAAGAATC
		4R	GATTCTTCAAGCACTACCATGTTAC
		5F	AGTGTCAGTTTGAAGKTCTGGAG
		5R	CTCCAGAKCTTCAAACTGACAGT
		8R	CTMCTAGCTTCAGCATGAACTA
		COIIF	TGAAGAATCAGGCGCTAG
		COIIR	CTATAGGCATATAACTATGTC
		COX1-SCHIST-5'	TCTTTRGATCATAAGCG
		16S-SCHIST-3'	GATAAGAACCAACCTGGC
		UCOBF	TGRCRYCARATGTCNTATTGRGCTGC
		UNAD1R	CCAACCTTDTTHGGNCCCTTACG
		UNAD1F	CGTAAGGGNCCDAAHAAGGTTGG
		UPROR	CCTYAAACACCCAAAGTTYRTATTCT
		UPROF	AGAATAYRAACTTTGGGTGTTTRAGG
		ShCO1R1	GCCTCAAACCTAAACCAATAAAACCCCC
		ShND1_1	TTGGGAGAAGTTTAGTGGGG
		ShND1_2	AACAACGAAAATCATCTGCG
		SsND1_proF1	GTTTTGATTAGCTGACTAC
		SsND1_proR1	ATTCACAAGCAAATATAACC
		ShPro_CO1F1	GAGTTTATAGTGAGTTGGTTAG
		ShPro_CO1R1	GAAAGCAAGCAGTCTTCTAAC
		ShND1_proF1	TGTATGGTGGTTATAGG
		ShND1_proR1	CTCTCCTATAGTCCACTC
CNOPS et al, 2012	28S RNA	**FW**	GTGGAGTTGAACTGCAAGC
		RV1	CCATAGCAGACAGGCAGC
		RV2	GCTCAACAWTAATAGTCAAACCTG
WEBSTER et al, 2010	*COX*	**Sh.R**	TGATAATCAATGACCCTGCAATAA
		Sb.R	CACAGGATCAGACAAACGAGTACC
		Asmit1	TTTTTTGGTCATCCTGAGGTGTAT
HUYSE et al, 2009	*COX*	**Schisto 3'**	TAATGCATMGGAAAAAAACA
	ITS	**ITSF**	TAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA
		ITSR	TGCTTAAGTTCAGCGGGT
		ITS4	TCCTCCGCTTATTGATATGC
		ITS5	GGAAGTAAAAGTCGTAACAAG
SCHOLS et al, 2019	ITS	**ITS 2 F**	GGAAACCAATGTATGGGATTATTG
		ITS2 R	ATTAAGCCACGACTCGAGCA

Tableau 8 : Amorces utilisées et dessinées avec l'Unité des Virus émergents

ITS	**1S**	GGTGAACCTGCGGAAGGATC
	965R	CCCGACCTCGGATCAGACG
	58S	GCATGCACCTGGCTTCKYGC
	981R	TTAAGTTCAGCGGGTAATCACG
	525R	GTTGGCTGCACTCTTCATCG
	394S	CTGCATGTACGCTGGCTTAG

COX	**1S**	GATTTGATATCTTGATTTGTCTC
	1160R	CCCATAATAAAMGGCCATCAYC
	121S	TGTGATCCWTATTATAAHTTRRTTYC
	604R	GCAGTACCAAATTTACGATCAAA
	718R	GTCTTACCATACCAAAWCCNGG
	689S	GGTGATCCDDTRTTATTTCARCA

Tableau 6 complément : Liste des patients étudiés avec leurs caractéristiques

PATIENT	AGE	SEXE	Pays d'origine	Tableau clinique	Examen direct	PCR Dra1	Sérologie	Origine prélèvement
Patient 1	17 ans	M	Non renseigné	*Douleurs dentaires persistantes*	+	-	+	Urines
Patient 2	18 ans	M	Guinée	Douleurs articulaires diffuses	+	-	+	Urines
Patient 3	14 ans	M	Côte d'Ivoire	Non renseigné	+	-	Non techniqué	Urines
Patient 4	18 ans	M	Mali	Hématurie terminale douloureuse chronique	+	+	+	Biopsie vésicale
Patient 5	18 ans	M	Mali	Douleurs abdominales avec vomissements post-prandiaux	+	+	+	Urines
Patient 6	16 ans	M	Mali	Non renseigné	+	+	+	Urines
Patient 7	17 ans	M	Non renseigné	Lombalgies	-	+	Non techniqué	Urines
Patient 8	21 ans	M	Tchad	Hématurie	-	+	Non techniqué	Biopsie vésicale
Patient 9	22 ans	M	Libye	Hématurie	+	+	+	Urines
Patient 10	63 ans	M	France *voyages RDC*	Syndrome pseudo-grippal en retour de zone d'endémie palustre, myalgies diffuses, asthénie et céphalées. (Ø chimioprophylaxie)	+	+	-	Biopsie vésicale
					+	+	-	Biopsie pulmonaire
					-	-	-	Urines
Patient 11	27 ans	F	Guinée	Non renseigné	+	-	+	Urines

M : Masculin
F : Féminin

+ : résultat positif (Ct <40)
– : résultat négatif (Ct >40)

Dra1 : nom du gène cible de la PCR *(CNOPS et al, 2013, PLOS Neglected Tropical Diseases)*

Tableau 11: Résultats des gels par patient et selon le couple d'amorces utilisé

COUPLE D'AMORCES	Patient 1	Patient 2	*Patient test*	Patient 3	Patient 4	Patient 5	Patient 6	Patient 7	Patient 8	Patient 9	Patient 10	Patient 11
Asmit1 – Schisto3'	X	X		X	X	X	X	X	X	X		X
Asmit1 – Sh		X		X		X	X	X	X	X	X	X
Asmit1 – Sb		X					X		X			
ITS F – ITS R	X			X					X	X	X	
ITS 4 – ITS 5	X			X		X	X		X	X	X	
UPROF – ShCO1R1					X							
COX1_schist_5' – 16S_schist_3'		X	X	X	X	X	X	X	X		X	X
1F – 5R												
4F – 8R												
UCOBF – UNAD1R			X		X				X	X		X
ShND1_2 – ShND1_1		X	X	X	X	X	X		X	X		
UNAD1F – UPROR			X		X		X		X	X		
SsND1_proF1 – SsND1_proR1					X							
ShPro_CO1F1 – ShPro_CO1R1					X			X	X	X		
ShND1_proF1 – ShND1_proR1			X		X				X			

RÉSULTATS DES SÉQUENCES OBTENUES POUR CHAQUE PATIENT

Patient 1 : Schistosoma haematobium

Amorce COX :

Schisto 3'

GATTCTCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCCATGGCTTCRATAGTTTGCTTAGGAAGTGTARTTTGAGCCCATCAAAT
GTTTATGGTTGGTTTARATTATTTGACTGCTATATTTTTTAGTTCAGTGACTATGATTATAGGGATTCCTAAGGTGTAAAGG
TTTTTTCTTGATTATTATGCTTAAAAGCTGTGG

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
☑	Schistosoma haematobium isolate RT16.1_NdgR.5 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial c...	Schistosoma ha...	322	322	100%	7e-84	95.50%	1005	MT579447.1

Amorce ITS :

Couple ITS2 F - ITS2R

Séquence CONSENSUS

TGGAAACCAATGTATGGGATTATTGGCGTACAACTTTGAGCGGTGGATCACTCGGCTCGTGTGTCGATGAAGAGTGCAG
CCAACTGTGTGAATTAATGTGAACTGCATACTGCTTTGAACATCGACATCTTGAACGCATATTGCGGCTACGGGATATCCT
GTGGCCACGCCTGTCCGAGGGTCGGCTTTTCATCTATCACGGCGCACATTGAGTCGTGGATTGGGCGAGTGCCTGCCGG
CGTGTATACCCGCATATCAACGCGGGTTGCTGGTCGAAGGCTCCGTCCTAATAGTCCGGCCACAGCCTAGTCCGGTCTAG
ATGACTTGATCGAGATGCTGCGGTGGGTTGTGCTCGAGTCGTGGCTTAATA

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
☑	Schistosoma haematobium voucher RT16_NW51.3 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8...	Schistosoma h...	680	680	99%	0.0	100.00%	927	MT580959.1

>ITS2 F

CTCGGCTCGTGTGTCGATGAAGAGTGCAGCCACTGTGTGAATTAATGTGAACTGCATACTGCTTTGAACATCGACATCTTG
AACGCATATTGCGGCTACGGGATATCCTGTGGCCACGCCTGTCCGAGGGTCGGCTTTTCATCTATCACGGCGCACATTGAGT
CGTGGATTGGGCGAGTGCCTGCCGGCGTGTATACCCGCATATCAACGCGGGTTGCTGGTCGAAGGCTCCGTCCTAATAGTC
CGGCCACAGCCTAGTCCGGTCTAGATGACTTGATCGAGATGCTGCGGTGGGTTGTGCTCGAGTCGTGGCTTAATA

>ITS2 R

TATCTAGACCGGACTAGGCTGTGGCCGGACTATTAGGACGGAGCCTTCGACCAGCAACCCGCGTTGATATGCGGGTATACAC
GCCGGCAGGCACTCGCCCAATCCACGACTCAATGTGCGCCGTGATAGATGAAAAGCCGACCCTCGGACAGGCGTGGCCACA
GGATATCCCGTAGCCGCAATATGCGTTCAAGATGTCGATGTTCAAAGCAGTATGCAGTTCACATTAATTCACACAGTTGGCTG
CACTCTTCATCGACACACGAGCCGAGTGATCCACCGCTCAAAGTTGTACGCCAATAATCCCATACATTGGTTTCCA

Patient 2 : Schistosoma haematobium

Séquençage NGS où les amorces ayant la même cible (COX ou ITS) sont poolées

Amorces ITS :

couples 58S-965R, 58S-981R et 394S-965R

ATCCTAGGCTGCAGCGTTAACCATTAGTTCTATGCATTTGGGAAACCAATGTATGGGATTATTGGCGTACAACTTTGAGCG
GTGGATCACTCGGCTCGTGTGTCGATGAAGAGTGCAGCCAACTGTGTGAATTAATGTGAACTGTATACTGCTTTGAACAT
CGACATCTTGAACGCATATTGCGGCTACGGGATATCC

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
☑	Schistosoma haematobium x Schistosoma bovis isolate Kg2_1 small subunit ribosomal RNA gene, p...	Schistosoma h...	363	363	100%	3e-96	99.49%	946	MT158882.1

Amorces COX :

couples COX1_schist_5'-16S_schist_3', ShND1_2-ShND1_1, UNAD1F-UPROR

TGGGATTAGTATTAGTTTATTTATTTGATAATAGTAGAATTATTAGGTGTAATAATAATAAAAGCTTAAGTGTAGGTATAATT
TATATTGTAATATTAATGTTATCTATTTTTCTTATAATTTAGTAGTTGTACGAGGAGAAAATGCATTTGAGTAAAGTCCAGAT
AGTATAATAAAGATAGTAAAAACTTAGTGTTGCAGCATATTTTGTTTTGGTCAAAAGGGTGGTTTAGTTGATACCAGTTTT
TAAATAGTGTAAATTAATTGTATAGTAAGCTGTAAAGGTAGCTGATAGTAGCTTAAGAATCAAAGCATAAGACTCTTAATC
TTAGTATGTTATAGATATGAACCTATTAGCACAGTTGAATTAGGCTATCACTAGGTGCATAGTTAAGTTGATAAATAAAAAA
TGTTTAAATTAAGTTCAGCATTATTAACAGTTATATTTTTAGTATTATTACCAGTTATATTAACTCATTATAATGTTTTTGGAG
TTAAGAGTTTAAGGGGTAATCATTATAGTAATATATCAGAATGATATTCAAGGTTTGAATGTGGGTTTTTAGGGCATGGGTT
AAATGAAAAATTTTTTAGCTTTTCTTACTTAAATCTATTAATATTATTTGTAGTCTTTGATTTAGAAATATCGTTATTATTAAA
TATAGTTTACGATGGAATATGATATTATACATTCTGGTGTTTTTTTGTTGTTTTTTGGTTACATGGTAGAACTTAAGTTAGGT
TATGTAAGGTGAATTAAATAAGTAGTTAGGAATATTCATATATACATATTGAGAATATGCACTTAGTTTATGAAGAATAAAA
GTTTGTCATGCTTTTGGTGATTAGATTGTTTATAGTCAGTGTATGAAGATTTAGTATAATGATATACCATAGTATTTGATATT
AGATTTAGTTAATTTAAATGTATAATAGTATGTATATGTTAGAGTTAGTTTTAAGAATCGAGAGTTTAATAATGACTTTATTA
TTAGTAGCTTTTTATATAATGAGTGAGCGTAAGGTCTTGTCATATATACAATTACGCAAGGGACCTAAAAAGGTTGGTATT
ATGGGACTATTACAAAGGTTTGCTGATTTTATAAAGTTAATAAATAAGAGTAAGTTTAAAAAT

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
☑	Schistosoma haematobium mitochondrion, complete genome	Schistosoma ha...	2026	2026	100%	0.0	98.69%	15003	DQ157222.2

Patient 3 : Schistosoma haematobium

Amorces COX :

Couple Asmit1-Schisto3' CONSENSUS

ACCTGGATTTGGAATAGTTAGTCATATATGTATGAGGATAAGTAATAATGATTCATCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTG
CTATGGCTTCGATAGTTTGCTTAGGAAGTGTAGTTTGAGCCCATCATATGTTTATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTAT
ATTTTTTAGTTCAGTGACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGGTTTTTTCTTGATTATATATGCTTAAAAGCTGTG
GGTCTCGTGTATGAAATCCTATAGTTTGATGATTGGTTGGTTTTATATTTTTATTTACGATAGGTGGTGTTACTGGTATAGCT
TTATCAGCTTCTTCATTAGATATATTATTTCATGATACTTGATTTGTTGTTGCTCATTTTCATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTT
ATAGAAGTGTAGTAATAATGTTATTATGGTGATGGCCTTTTATAATTGGTTACAGTATTAATAAGTATTTATTGCAGGGTCAT
TGATTATTATCAATGGTTGGGTTTAATCTTTGTTTTTTTCCTATGCATTA

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
☑	Schistosoma haematobium from Tanzania haplogroup G1 mitochondrion, partial genome	Schistosoma ha...	1009	1009	100%	0.0	99.82%	15315	MK253577.1

>Asmit1

GGATTTGGAATAGTTAGTCTATATGTATGAGGATAAGTAATAATGATTCATCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCTATGG
CTTCGATAGTTTGCTTAGGAAGTGTAGTTTGAGCCCATCATATGTTTATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTTTTTAG
TTCAGTGACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGGTTTTTTCTTGATTATATATGCTTAAAAGCTGTGGGTCTCGTGT
ATGAAATCCTATAGTTTGATGATTGGTTGGTTTTATATTTTTATTTACGATAGGTGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAGCTTCT
TCATTAGATATATTATTTCATGATACTTGATTTGTTGTTGCTCATTTTCATTATGTTCTTTCTTTACGTTCTTATCCAAGTGTMAT
AATAATGTTATTATGGTGATGGCCTTTTATAATTGGTTACAGTATTCATAAGTATTTATTGCWGGGTCATTGATTATTATCAATG
GTTGGGTTTAATCTTTGTTTTTTTCCTATGCATTA

>Schisto3'

TGACCCTGCAATAAATACTTATTAATACTGYAACCAATTATAAAAGGCCATCACCATAATAACATTATTACTACACTTCTATAAG
AACCTAAAGAAAGAACATAATGAAAATGAGCAACAACAAATCAAGTATCATGAAATAATATATCTAATGAAGAAGCTGATAA
AGCTATACCAGTAACACCACCTATCGTAAATAAAAATATAAAACCAACCAATCATCAAACTATAGGATCTCATACACGAGACC
CACAGCTTTTAAGCATATATAATCAAGAAAAAACCTTTATACCTGTRGGAATCCCTATAATCATAGTCACTGAACTAAAAAATA
TAGCAGTCAAATAATCTAAACCAACCATAAACATATGATGGGCTCAAACTACACTTCCTAAGCAAACTATCGAAGCCATAGCA
CAAATCAATCCATAATACCCAAACGATGAATCATTATTACTTATCCTCATACATATATGACTAACTATTCCAAATCCAGGT

Couple Asmit1-Sh CONSENSUS

TTTTTTGGTCATCCTGAGGTGTATGTTTTAATTTTACCTGGATTTGGAATAGTTAGTCATATATGTATGAGGATAAGTAATAA
TGATTCATCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCTATGGCTTCGATAGTTTGCTTAGGAAGTGTAGTTTGAGCCCATCAT
ATGTTTATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTTTTTAGTTCAGTGACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAA
GGTTTTTTCTTGATTATATATGCTTAAAAGCTGTGGGTCTCGTGTATGAGATCCTATAGTTTGATGATTGGTTGGTTTTATAT
TTTTATTTACGATAGGTGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAGCTTCTTCATTAGATATATTATTTCATGATACTTGATTTGTTG
TTGCTCATTTTCATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATAGAAGTGTAGTAATAATGTTATTATGGTGAGGCCTTTTATAATTG
GTTACAGGTATTAATAAGTATTTATTGCAGGGTCATTGATTATCA

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
☑	Schistosoma haematobium from Tanzania haplogroup G1 mitochondrion, partial genome	Schistosoma ha...	983	983	99%	0.0	99.45%	15315	MK253577.1

>Asmit1

TTACCTGGATTGGAATAGTTAGTCTATATGTATGAGGATAAGTAATAATGATTCATCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCT
ATGGCTTCGATAGTTTGCTTAGGAAGTGTAGTTTGAGCCCATCATATGTTTATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTT
TTTAGTTCAGTGACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGGTTTTTTCTTGATTATATATGCTTAAAAGCTGTGGGTCT
CGTGTATGAGATCCTATAKTTTGATGATTGGTTGGTTTTATATTTTTATTTACGATAGGTGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAG
CTTCTTCATTARATATATTATTTCATGATACTTGATTTGTTGTTGCTCATTTTCATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATAKAAAT
GTAGTAATAATGTTATTATGGTGATGGCCTTTTATAATTGGTTACAGTATTAATAAGTATTTATTGCAGGGTCATTGATTATCA

>Sh

ATACCTGTAACCCATTATAAAAGGCCTCACCATAATAACATTATTACTACACTTCTATAAGAACCTAAAGAAAGAACATAATG
AAAATGAGCAACAACAAATCAAGTATCATGAAATAATATATCTAATGAAGAAGCTGATAAAGCTATACCAGTAACACCACCT
ATCGTAAATAAAAATATAAAACCAACCAATCATCAAACTATAGGATCTCATACACGAGACCCACAGCTTTTAAGCATATATAA
TCAAGAAAAAACCTTTATACCTGTAGGAATCCCTATAATCATAGTCACTGAATAAAAAATATAGCAGTCAAATAATCTAAACC
AACCATAAACATATGATGGGCTCAAACTACACTTCCTAAGCAAACTATCGAAGCCATAGCACAAATCAATCCATAATACCCA
AACGATGAATCATTATTACTTATCCTCATACATATATGACTAACTATTCCAAATCCAGGTAAAATTAAAACATACACCTCAGGA
TGACCAAAAAA

Multiplex COX NGS :

NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGTATTGGGATTAGTATTAGTT
TATTTATTTGATAATAGTAGAATTATTAGGTGTAATAATAATAAAAGCTTAAGTGTAGGTATAATTTATATTGTAATATTAATG
TTATCTATTTTTCTTATAATTTAGTAGTTGTACGAGGAGAAAATGCATTTGAGTAAAGTCCAGATAGTATAATAAAGATAGT
AAAAACTTAGTGTTGCAGCATATTTTGTTTTGGTCAAAAGGGTGGTTTAGTTGATACCAGTTTTTAAATAGTGTAAATTAA
TTGTATAGTAAGCTGTAAAGGTGGCTGATAGTAGCTTAAGAATCAAAGCATAAGACTCTTAATCTTAGTATGTTATAGATAT
GAACCTATTAGCACAGTTGAATTAGGCTATCACTAGGTGCATAGTTAAGTTGATAAATAAAAAATGTTTAAATTAAGTTCA
GCATTATTAACAGTTATATTTTTAGTATTATTACCAGTTATATTAACTCATTATAATGTTTTTGGAGTTAAGAGTTTAAGGGG
TAATCATTATAGTAATATATCAGAATGATATTCAAGGTTTGAATGTGGGTTTTTAGGGCATGGGTTAAATGAAAAATTTTTT
AGCTTTTCTTACTTAAATCTATTAATATTATTTGTAGTCTTTGATTTAGAAATATCGTTATTATTAAATATAGTTTATGATGGA
ATATGATATTATACATTCTGGTGTTATTTTTTTTTTTTTTNNNNNNNNNNNTTTTTGGTTACATGGTAGAACTTAAGTTAGGTT
ATGTAAGGTGAATTAAATAAGTAGTTAGGAATATTCATATATACATATTGAGAATATGCACTTAGTTTATGAAGAATAAAAG
TTTGTCATGCTTTTGGTGATTAGATTGTTTATAGTCAGTGTATGAAGATTTAGTATAATGATATACCATAGTATTTGATATTA
GATTTAGTTAATTTAAATGTATAATAGTATGTATATGTTAGAGTTAGTTTTAAGAATCGAGAGTTTAATAATGACTTTATTATT

AGTAGCTTTTTATATAATGAGTGAGCGTAAGGTCTTGTCATATATACAATTACGCAAGGGACCTAAAAAGGTTGGTATTAT
GGGACTATTACAAAGGTTTGCTGATTTTATAAAGTTAATAAATAAGAGTAAGTTTAAAAATNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNN

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
☑	Schistosoma haematobium mitochondrion, complete genome	Schistosoma ha...	2085	2085	87%	0.0	99.05%	33418	MW067227.1

Amorces ITS :

Couple ITSF – ITSR CONSENSUS

TAACCAAAAATATATAATGATGCATGCACCTGGCTTCTTGCTGGACTGTATGTACCCTGGCTTGGTGGTTATTACCCTAGG
CTTCAGTGGTTGATATTTTCTTGACCGGGGTACCTAGCCTGTCGTATGCCCTGATGGTGTTCTCGTAACTTTCGGGTTGCC
TGATCTGCCAAGGGCGATGGGACAGTGCATGACGCTATTGTTGTGTGCTAGGTTCAAAGAGAATTGTATGCTATATGCAT
GCAAATCCGCCCCGTTATTGTTCCTATTTCAAACTTTTACACTGTTGAAGCGATCCGGTTTGGCTTGCCATTCACGGGTTT
GCTGCCTGGCATGCACCTGGCTTCGTGCTGGACTGCATGTACGCTGGCTTAGCGGTAAATATCCTAGGCTGCAGCGTTAA
CCATTAGTTCTATGCATTTGGGAAACCAATGTATGGGATTATTGGCGTACAACTTTGAGCGGTGGATCACTCGGCTCGTGT
GTCGATGAAGAGTGCAGCCAACTGTGTGAATTAATGTGAACTGCATACTGCTTTGAACATCGACATCTTGAACGCATATT
GCGGCTACGGGATATCCTGTGGCCACGCCTGTCCGAGGGTCGGCTTTTCATCTATCACGGCGCACATTGAGTCGTGGATT
GGGCGAGTGCCTGCCGGCGTGTATACCCGCATATCAACGCGGGTTGCTGGTCGAAGGCTCCGTCCTAATAGTCCGGCCA
CAGCCTAGTCCGGTCTAGATGACTTGATCGAGATGCTGCGGTGGGTTGTGCTCGAGTCGTGGCTTAATGACATTATACGC
GCTCGGGAAGAATCGCACCTATCGTACGCTACGTTGGTCACTTGATCTTGTCTCTATGGTTCGGTCTACGGTTTGTACCGA
TGGTGTGTGTAATACGCACGAATTGTATAATKACCCGA

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
☑	Schistosoma haematobium voucher RT16_NW51.3 internal transcribed spacer 1, partial sequence;...	Schistosoma h...	1685	1685	99%	0.0	99.89%	927	MT580959.1
☑	Schistosoma haematobium x Schistosoma bovis voucher RT15_Ye1-10.6 internal transcribed space...	Schistosoma h...	1685	1685	99%	0.0	99.89%	927	MT580957.1

>ITS F

TAACCaAAAATATATAATGATGCATGCACCTGGCTTCTTGCTGGACTGTATGTACCCTGGCTTGGTGGTTATTACCCTAGGCTTC
AGTGGTTGATATTTTCTTGACCGGGGTACCTAGCCTGTCGTATGCCCTGATGGTGTTCTCGTAACTTTCGGGTTGCCTGATCTG
CCAAGGGCGATGGGACAGTGCATGACGCTATTGTTGTGTGCTAGGTTCAAAGAGAATTGTATGCTATATGCATGCAAATCCGC
CCCGTTATTGTTCCTATTTCAAACTTTTACACTGTTGAAGCGATCCGGTTTGGCTTGCCATTCACGGGTTTGCTGCCTGGCATG
CACCTGGCTTCGTGCTGGACTGCATGTACGCTGGCTTAGCGGTAAATATCCTAGGCTGCAGCGTTAACCATTAGTTCTATGCA
TTTGGGAAACCAATGTATGGGATTATTGGCGTACAACTTTGAGCGGTGGATCACTCGGCTCGTGTGTCGATGAAGAGTGCAG
CCAACTGTGTGAATTAATGTGAACTGYATACTGCTTTGAACATCGACATCTTGAACGCATATTGCGGCTACGGGATATCCTGT
GGCCACGCCTGTCCGAGGGTCGGCTTTTCATCTATCACGGCGCACATTGAGTCGTGGATTGGGCGAGTGCCTGCCGGCGTGT
ATACCCGCATATCAACGCGGTTGCTGGTCGAAGGCTCGTCCTAATAGTCCCGGCCMCAGCCTAGTCCCGGTCTA

>ITS R

TcGGGTMATTATACAATTCGTGCGTaTTACACACACCATCGGTACAAACCGTAGACCGAACCATAGAGACAAGATCAAGTGA
CCAACGTAGCGTACGATAGGTGCGATTCTTCCCGAGCGCGTATAATGTCATTAAGCCACGACTCGAGCACAACCCACCGCA
GCATCTCGATCAAGTCATCTAGACCGGACTAGGCTGTGGCCGGACTATTAGGACGGAGCCTTCGACCAGCAACCCGCGTTG
ATATGCGGGTATACACGCCGGCAGGCACTCGCCCAATCCACGACTCAATGTGCGCCGTGATAGATGAAAAGCCGACCCTCG
GACAGGCGTGGCCACAGGATATCCCGTAGCCGCAATATGCGTTCAAGATGTCGATGTTCAAAGCAGTATgCAGTTCACATTA
ATTCACACAGTTGGCTGCACTCTTCATCGACACACGAGCCGAGTGATCCACCGCTCAAAGTTGTACGCCAATAATCCCATA
CATTGGTTTCCCAAATGCATAGAACTAATGGTTAACGCTGCAGCCTAGGATATTTACCGCTAAGCCAGCGTACATGCAGTCC
AGCACGAAGCCAGGTGCATGCCAGGCAGCAAACCCGTGAATGGCAAGCCAAACCGGATCGCTTCAACAGTGTAAAAGTT
TGAAATAGGAACAATAACGGGGCGGATTTGCATGCATATAGCATACAATTCTCTTTGAACCTAGCACACACATAGCGTCATG
CACTGTCCATCGCCTGCAGATCAG

Couple ITS4 – ITS5 CONSENSUS :

ATCCGTCTGATCCGGGTMGGGTAATTATACAATTCGTGCGTATTACACACACCATCGGTACAAACCGTAGACCGAACCAT
AGAGACAAGATCAAGTGACCAACGTAGCGTACGATAGGTGCGATTCTTCCCGAGCGCGTATAATGTCATTAAGCCACGA
CTCGAGCACAACCCACCGCAGCATCTCGATCAAGTCATCTAGACCGGACTAGGCTGTGGCCGGACTATTAGGACGGAGC
CTTCGACCAGCAACCCGCGTTGATATGCGGGTATACACGCCGGCAGGCACTCGCCCAATCCACGACTCAATGTGCGCCG
TGATAGATGAAAAGCCGACCCTCGGACAGGCGTGGCCACAGGATATCCCGTAGCCGCAATATGCGTTCAAGATGTCGAT
GTTCAAAGCAGTATGCAGTTCACATTAATTCACACAGTTGGCTGCACTCTTCATCGACACACGAGCCGAGTGATCCACC
GCTCAAAGTTGTACGCCAATAATCCCATACATTGGTTTCCCAAATGCATAGAACTAATGGTTAACGCTGCAGCCTAGGATA
TTTACCGCTAAGCCAGCGTACATGCAGTCCAGCACGAAGCCAGGTGCATGCCAGGCAGCAAACCCGTGAATGGCAAGC
CAAACCGGATCGCTTCAACAGTGTAAAAGTTTGAAATAGGAACAATAACGGGGCGGATTTGCATGCATATAGCATACAAT
TCTCTTTGAACCTAGCACACAACAATAGCGTCATGCACTGTCCCATCGCCCTTGGCAGATCAGGCAACCCGAAAGTTAC
GAGAACACCATCAGGGCATACGACAGGCTAGGTACCCCGGTCAAGAAAATATCAACCACTGAAGCCTAGGGTAATAAC
CACCAAGCCAGGGTACATACAGTCCAGCAAGAAGCCAGGTGCATGCATCATTATATATTTTTGGGTTAKATAATATCCTCC
CGCAGGTTCA

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accessio
☑	Schistosoma haematobium x Schistosoma bovis isolate KU10_Hs_Profile8 small subunit ribosomal ...	Schistosoma h...	1733	1733	100%	0.0	98.97%	983	MW027655.1

>ITS 4

ATCCGTCTGATCCGGGTMGGGTAATTATACAATTCGTGCGTATTACACACACCATCGGTACAAACCGTAGACCGAACCATAG
AGACAAGATCAAGTGACCAACGTAGCGTACGATAGGTGCGATTCTTCCCGAGCGCGTATAATGTCATTAAGCCACGACTCG
AGCACAACCCACCGCAGCATCTCGATCAAGTCATCTAGACCGGACTAGGCTGTGGCCGGACTATTAGGACGGAGCCTTCG

ACCAGCAACCCGCGTTGATATGCGGGTATACACGCCGGCAGGCACTCGCCCAATCCACGACTCAATGTGCGCCGTGATAGA
TGAAAAGCCGACCCTCGGACAGGCGTGGCCACAGGATATCCCGTAGCCGCAATATGCGTTCAAGATGTCGATGTTCAAAGC
AGTATGCAGTTCACATTAATTCACACAGTTGGCTGCACTCTTCATCGACACACGAGCCGAGTGATCCACCGCTCAAAGTTG
TACGCCAATAATCCCATACATTGGTTTCCCAAATGCATAGAACTAATGGTTAACGCTGCAGCCTAGGATATTTACCGCTAAGC
CAGCGTACATGCAGTCCAGCACGAAGCCAGGTGCATGCCAGGCAGCAAACCCGTGAATGGCAAGCCAAACCGGATCGCT
TCAACAGTGTAAAAGTTTGAAATAGGAACAATAACGGGGCGGATTTGCATGCATATAGCATACAATTCTCTTTG

>ITS 5

TGAACCTGCGGGAGGATATTATMTAACCCAAAAATATATAATGATGCATGCACCTGGCTTCTTGCTGGACTGTATGTACCCTG
GCTTGGTGGTTATTACCCTAGGCTTCAGTGGTTGATATTTTCTTGACCGGGGTACCTAGCCTGTCGTATGCCCTGATGGTGTT
CTCGTAACTTTCGGGTTGCCTGATCTGCCAAGGGCGATGGGACAGTGCATGACGCTATTGTTGTGTGCTAGGTTCAAAGAG
AATTGTATGCTATATGCATGCAAATCCGCCCCGTTATTGTTCCTATTTCAAACTTTTACACTGTTGAAGCGATCCGGTTTGGCT
TGCCATTCACGGGTTTGCTGCCTGGCATGCACCTGGCTTCGTGCTGGACTGCATGTACGCTGGCTTAGCGGTAAATATCCTA
GGCTGCAGCGTTAACCATTAGTTCTATGCATTTGGGAAACCAATGTATGGGATTATTGGCGTACAACTTTGAGCGGTGGATC
ACTCGGCTCGTGTGTCGATGAAGAGTGCAGCCAACTGTGTGAATTAATGTGAACTGYATACTGCTTTGAACATCGACATCTT
GAACGCATATTGCGGCTACGGGATATCCTGTGGCCACGCCTGTCCGAGGGTCGGCTTTTCATCTATCACGGCGCACATTGAG
TCGTGGATTGGGCGAGTGCCTGCCGGCGTGTATA

Patient 4 : Hybride Schistosoma haematobium

Amorces COX :

Couple Asmit1-Schisto3' CONSENSUS :

TTTTTGGTCATCCTGAGGTGTATGTTTTAATTTTACCTGGATTTGGAATAGTTAGTCATATATGTATGAGGATAAGTAATAAT
GATTCATCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCTATGGCTTCGATAGTTTGCTTAGGAAGTGTAGTTTGAGCCCATCATAT
GTTTATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTTTTTAGTTCAGTGACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGG
TTTTTTCTTGATTATATATGCTTAAAAGCTGTGGGTCTCGTGTATGAGATCCTATAGTTTGATGATTGGTTGGTTTTATATTTT
TATTTACGATAGGTGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAGCTTCTTCATTAGATATATTATTTCATGATACTTGATTTGTTGTTG
CTCATTTTCATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATAGAAGTGTAGTAATAATGTTATTATGGTGATGGCCTTTTATAATTGGTT
ACAGTATTAATAAGTATTTATTGCAGGGTCATTGATTATTATCAATGGTTGGGTTTAATCTTTGTTTTTTTCCTATGCATTA

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
☑	Schistosoma haematobium from Tanzania haplogroup G1 mitochondrion, partial genome	Schistosoma ha...	1072	1072	100%	0.0	99.83%	15315	MK253577.1

>Asmit1

GGAATAGTTAGTCTATATGTATGAGGATAAGTAATAATGATTCATCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCTATGGCTTCGAT
AGTTTGCTTAGGAAGTGTAGTTTGAGCCCATCATATGTTTATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTTTTTAGTTCAGT
GACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGGTTTTTTCTTGATTATATATGCTTAAAAGCTGTGGGTCTCGTGTATGAGA
TCCTATAGTTTGATGATTGGTTGGTTTTATATTTTTATTTACGATAGGTGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAGCTTCTTCATTA
GATATATTATTTCATGATACTTGATTTGTTGTTGCTCATTTTCATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATAGAAGTGTAGTAATAAT
GTTATTATGGTGATGGCCTTTTATAATTGGTTACAGTATTAATAAGTATTTATTGCAGGGTCATTGATTATTATCAATGGTTGGG
TTTAATCTTTGTTTTTTTCCTATGCATTA

>Schisto 3'

TTTTTGGTCATCCTGAGGTGTATGTTTTAATTTTACCTGGATTTGGAATAGTTAGTCATATATGTATGAGGATAAGTAATAATGA
TTCATCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCTATGGCTTCGATAGTTTGCTTAGGAAGTGTAGTTTGAGCCCATCATATGTT
TATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTTTTTAGTTCAGTGACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGGTTTTT
TCTTGATTATATATGCTTAAAAGCTGTGGGTCTCGTGTATGAGATCCTATAGTTTGATGATTGGTTGGTTTTATATTTTTATTTA
CGATAGGTGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAGCTTCTTgATTAGATATATTATTTCATGATACTTGATTTGTTGTTGCTCATTTT
CATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATAGAAGTGTAGTAATAATGTTTTTTTTGGTGATGGCCTTTTATAATTGGTTACAGTATTA
TTTCCTTTATTGCAGGGTCATtATTA

Couple Asmit1-Sh CONSENSUS :

ACCCTGCAATAAATACTTATTAATACWGTAACCAATTATAAAAGGCCATCACCATAATAACATTATTACTACaCTTCTATAA
GAACCTAAAGAAAGAACATAATGAAAATGAGCAACAACAAATCAAGTATCATGAAATAATATATCTAATGAAGAAGCTG
ATAAAGCTATACCAGTAACACCACCTATCGTAAATAAAAATATAAAACCAACCAATCATCAAACTATAGGATCTCATACAC
GAGACCCACAGCTTTTAAGCATATATAATCAAGAAAAAACCTTTATACCTGTAGGAATCCCTATAATCATAGTCACTGAAC
TAAAAAATATAGCAGTCAAATAATCTAAACCAACCATAAACATATGATGGGCTCAAACTACACTTCCTAAGCAAACTATC
GAAGCCATAGCACAAATCAATCCATAATACCCAAACGATGAATCATTATTACTTATCCTCATACATATATGACTAACTATTC
CAAATCCAGGTAAAATTAAAACATACACCTCAGGAtGACCAAAAAA

☑	Schistosoma haematobium from Tanzania haplogroup G1 mitochondrion, partial genome	Schistosoma ha...	972	972	100%	0.0	99.62%	15315	MK253577.1

>

Asmit1

TGTATGAGGATAAGTAATAATGATTCATCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCTATGGCTTCGATAGTTTGCTTAGGAAGT
GTAGTTTGAGCCCATCATATGTTTATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTTTTTAGTTCAGTGACTATGATTATAGGGA
TTCCTACAGGTATAAAGGTTTTTTCTTGATTATATATGCTTAAAAGCTGTGGGTCTCGTGTATGAGATCCTATAGTTTGATGAT
TGGTTGGTTTTATATTTTTATTTACGATAGGTGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAGCTTCTTCATTARATATATTATTTCATGAT
ACTTGATTTGTTGTTGCTCATTTTCATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATARAARTGTAGTAATAATGTTATTATGGTGATGGC
CTTTTATAATTGGTTACWGTATTAATAAGTATTTATTGCAGGGT

>Sh

TTATTACTACaCTTCTATAAGAACCTAAAGAAAGAACATAATGAAAATGAGCAACAACAAATCAAGTATCATGAAATAATATA
TCTAATGAAGAAGCTGATAAAGCTATACCAGTAACACCACCTATCGTAAATAAAAATATAAAACCAACCAATCATCAAACTA
TAGGATCTCATACACGAGACCCACAGCTTTTAAGCATATATAATCAAGAAAAAACCTTTATACCTGTAGGAATCCCTATAATC
ATAGTCACTGAACTAAAAAATATAGCAGTCAAATAATCTAAACCAACCATAAACATATGATGGGCTCAAACTACACTTCCTA
AGCAAACTATCGAAGCCATAGCACAAATCAATCCATAATACCCAAACGATGAATCATTATTACTTATCCTCATACATATATGAC
TAACTATTCCAAATCCAGGTAAAATTAAAACATACACCTCAGGAtGACCAAAAAA

Couple COX1_schist_5'-16S_schist_3'

>COX1_schist_5'

CGCGCTCTGGGAAATTCTTGGATGGGMAATTGTTGGGCCCCGGGCATAGAGTTTGCCTGGGCCAAAATCCCCGATTCMGCT
CGATCCAGGCGGAGCAAGAGATCTCTTGTAAAAAAAGAAAAGAGTATAAAAATTGGACTGTATCCGGACATGAGGAATTT
CTGATCATTTGTCCTTATGAAAGTATTTCTTGWACCAGTAACTTATWAATGAGGTACTGAAAAAAGGCTCTTATTAACTAAA
GGTTCCAAATATTTTATAACTTTAAAATACGTACTCTTAATGCTTTGAATAAACATCCAAGTGTATG

Couple ShND1_1 – ShND1_2:

>ShND1_1

GTATTAGTTTATTTATTTGATAATAGTAGAATTATTAGGTGTAATAATAATAAAAGCTTAAGTGTAGGTATAATTTATATTGTAAT
ATTAATGTTATCTATTTTTCTTATAATTTAGTAGTTGTACGAGGAGAAAATGCATTTGAGTAAAGTCCAGATAGTATAATAAAG
ATAGTAAAAACTTAGTGTTGCAGCATATTTTGTTTTGGTCAAAAGGGTGGTTTAGTTGATACCAGTTTTTAAATAGTGTAAAT
TAATTGTATAGTAAGCTGTAAAGGTGGCTGATAGTAGCTTAAGAATCAAAGCATAAGACTCTTAATCTTAGTATGTTATAGAT
ATGAACCTATTAGCACAGTTGAATTAGGCTATCACTAGGTGCATAGTTAAGTTGATAAATAAAAAATGTTTAAATTAAGTTCA
GCATTATTAACAGTTATATTTTTAGTATTATTACCAGTTATATTAACTCATTATAATGTTTTTGGAGTTAAGAGTTTAAGGGGTA
ATCATTATAGTAATATATCAGAATGATATTCAAGGTTTGAATGTGGGTTTTTAGGGCATGGGTTAAATGAAAAATTTTTTAGCT
TTTCTTACTTAAATCTATTAATATTATTTGTAGTCTTTGATTTAGAAATATCGTTATTATTAAATATAGTTTACGATGGAKATGAT
ATATACATTCTGTGT

☑	Schistosoma haematobium from Niger haplogroup G1 mitochondrion, partial genome	Schistosoma ha...	1253	1253	100%	0.0	99.42%	15819	MK253578.1

>ShND1_2

TTAAACCTTACTCTTATTTATTAACTTTATAAAATCAGCAAACCTTTGTMATAGTCCCATAATACCAACCTTTTTAGGTCCCTT
GCGTAATTGTATATATGACAAGACCTTACGCTCACTCATTATATAAAAAGCTACTAATAATAAAGTCATTATTAAACTCTCGAT
TCTTAAAACTAACTCTAACATATACATACTATTATACATTTAAATTAACTAAATCTAATATCAAATACTATGGTATATCATTATAC
TAAATCTTCATACACTGACTATAAACAATCTAATCACCAAAAGCATGACAAACTTTTATTCTTCATAAACTAAGTGCATATTC
TCAATATGTATATATGAATATTCCTAACTACTTATTTAATTCACCTTACATAACCTAACTTAAGTTCTACCATGTAACCAAAAAA
CAACAAAAAAAAAAAAAAAAAWWAMCCCCRAAGGGTWAAAWACCTTTTTCCMCCSAAACCAATTTTTAAAAAAACCAA
TTTTTTWAAWYMAAAGCCTCCAAWTAATTTTATWRRTTTTARTTAAAAAARSCWAAAAATTTTTTYTTTWACCCMKGGCCY
AAAAACCMMMYTTTMAAMCYTKGRAAAYMWTCCKGTTTTTTACTATKKGGTTYCCCCTTWAACYYYTAAMYYCCAAAA
MAMTTWAWAGGRGTTWATWWASCKGGTAAKAAATMYWAAAAAWWWACKGTTWAWWAWGSSTGAMYTTAWTTTAACM
RTTTTTWTT

☑	Schistosoma haematobium from Niger haplogroup G1 mitochondrion, partial genome	Schistosoma ha...	808	808	59%	0.0	99.55%	15393	MK253567.1

Couple UNAD1F – UPROR CONSENSUS :

GAGTAAGTTTAAAAATTTTAGATTTCGCAGATGATTTTCGTTGTTAGGTTGTATAGTTTTAATTTCATGTTCAGTGTCGATG
GTAATAGTCTATAGATTAGTAAATAGGAATATATGGTGTAATTGAATATTACTTTATTTTTTAGTGGTTGGTTCTATAGTGAG
TTACAGAACTTTATTAATAGGCTGATGTTCGTGATCAAAGTACAGTCTAATTAGTTCTATTCGTGTTTCTTTTTCTAGTGTA
ATGTTCGAGATGATACTAATGTGCATTATGATTTTGTTTGGCTTAATGTATGGTGGTTATAGGAAACCCAGAGTTAGAAGA
GTAATGTTATTCATAGCACCTTTAGCTTTTATTGCATGGTTAATAGTGTTATTAAGAGAGAGTAATCGTACACCATGTGACT
ATTCCGAATCTGAAAGTGAGCTAGTAAGAGGAATTAGAGTGGAATATAGGAGAGTATTATTTTTAGTTATATTTGCTTGCG
AGTATTTAATAATGTTTATATTTAGCTGAGTGAGATTTATAGTATTTTGAAGCATAAATGAAATATTGATAGTAATAAACTTG
ATGTTATTTGTAGTAATGCGTGGTTCATTTTCTCGACTTCGATTTGATATATTTGTTTCAGTAGTTTGAAAATATTGCGTTGT
AGTGATACTAGTATATTTAATATGTTTATTTAGATTGTTATAGTAATCTAGTTTAGAATTGATAATAAAATTAGTTAGCGCAG
TAGTTAAAGTTTAATGTTTGTTTTACACACAAAAGGTGAAGTAAGATCTTAGAATGCTTCCGGCGTTATAATTAATTGTTT

☑	Schistosoma haematobium from Niger haplogroup G1 mitochondrion, partial genome	Schistosoma ha...	1517	1517	100%	0.0	100.00%	15819	MK253578.1

>UNAD1F

GAGTaagTTTAaAAATTTTAGATTTCGCAGATGATTTTCGTTGTTAGGTTGTATAGTTTTAATTTCATGTTCAGTGTCGATGGTA
ATAGTCTATAGATTAGTAAATAGGAATATATGGTGTAATTGAATATTACTTTATTTTTTAGTGGTTGGTTCTATAGTGAGTTACA
GAACTTTATTAATAGGCTGATGTTCGTGATCAAAGTACAGTCTAATTAGTTCTATTCGTGTTTCTTTTTCTAGTGTAATGTTCG
AGATGATACTAATGTGCATTATGATTTTGTTTGGCTTAATGTATGGTGGTTATAGGAAACCCAGAGTTAGAAGAGTAATGTTA
TTCATAGCACCTTTAGCTTTTATTGCATGGTTAATAGTGTTATTAAGAGAGAGTAATCGTACACCATGTGACTATTCCGAATCT
GAAAGTGAGCTAGTAAGAGGAATTAGAGTGGAATATAGGAGAGTATTATTTTTAGTTATATTTGCTTGCGAGTMTTTAATAAT
GTTTATATTTAGCTGAGTGAGATTTATAGTATTTTGAAGCATAAATGAAATATTGATAGTAATAAACTTGATGTTATYTGTAGT
AATGCGTGGTTCATTTTCTCGACTTCGA

>UPROR

AAACAATTAATTATRACGCCGGRAGCATTCTAAGATCTTACTTCACCTTTTGTGTGTAAAACAAACATTAAACTTTAACTACT
GCGCTAACTAATTTTATTATCAATTCTAAACTAGATTACTATAACAATCTAAATAAACATATTAAATATACTAGTATCACTACAA
CGCAATATTTTCAAACTACTGAAACAAATATATCAAATCGAAGTCGAGAAAATGAACCACGCATTACTACAAATAACATCAA
GTTTATTACTATCAATATTTCATTTATGCTTCAAAATACTATAAATCTCACTCAGCTAAATATAAACATTATTAAATACTCGCAA
GCAAATATAACTAAAAATAATACTCTCCTATATTCCACTCTAATTCCTCTTACTAGCTCACTTTCAGATTCGGAATAGTCACAT
GGTGTACGATTACTCTCTCTTAATAACACTATTAACCATGCAATAAAAGCTAAAGGTGCTATGAATAACATTACTCTTCTAAC
TCTGGGTTTCCTATAACCACCATACATTAAGCCAAACAAAATCATAATGCACATTAGTATCATCTCGAACATTACACTAGAAA
AAGAAACACGAATAGAACTAATTAGACTGTACTTTGATCACGAACATCAGCCTATTAATAAAGTTCTGTAACTCACTATAGA
ACCAACCACTAAAAAATAAAGTAATATTCAATTACMCCATWATATTCCTAWTTTACTAA

Amorces ITS :

Couple 58S – 525R :

TGCATGCACCTGGCTTCTCGCTGGACTGTATGTACCCTGGCTTGGTGGTTATTACCCTAGGCTTCAGTGGTTGATATTTTC
TTGACCGGGGTACCTAGCCTGTCGTATGCCCTGATGGTGTTCTCGTAACTTTCGGGTTGCCTGATCTGCCAAGGGCGATG
GGACAGTGCATGACGCTATTGTTGTGTGCTAGGTTCAAAGAGAATTGTATGCTATATGCATGCAAATCCGCCCCGTTATTG
TTCCTATTTCAAACTTTTACACTGTTGAAGCGATCCGGTTTGGCTTGCCATTCACGGGTTTGCTGCCKGGCATGCACCTG

GCTTCGYGCTGGACTGCATGTACGCTGGCTTAGCGGTAAATATCCTAGGCTGCAGCGTTAACCATTAGTTCTATGCATTTG
GGAAACCAATGTATGGGATTATTGGCGTACAACTTTAGCGGTGGATCACTCGGCTCGTGTGTCGATGAAGAGTGCGCCC
AACACTATTGTTGTGTGCTAGGTTCAAAGAGAATTGTATGCTATATGCATGCAAATCCGCCCCGTTATTGTTCCTATTTCA
AACTTTTACACTGTTGAAGCGATCCGGTTTGGCTTGCCATTCACGGGTTTGCTGCCTGGCATGCACCTGGCTTCKTGCTG
GACTGCATGTACGCTGGCTTAGCGGTAAATATCCTAGGCTGCAGCGTTAACCATTAGTTCTATGCATTTGGGAAACCAAT
GTATGGGATTATTGGCGTACAACTTTGAGCGGTGGATCACTCGGCTCGTGTGTCGATGAAGAGTGCAGCCAACA

☑	Schistosoma curassoni voucher RT17_MbG8.6 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ...	Schistosoma c...	867	1437	99%	0.0	98.77%	927	MT580961.1

>ITS 58S

GTCGCTGGCTTGCGGTAATATCCTAGGCTGCAGCGTTASMTTAKTTCTATGCRTTTGGGAAACCAATGTRTGGGATTATTGGC
GTWCAACTTTGAKCGGTGGATCACTCGGCTCGTGTGTCGATGAAGAGTGCGCCCAACACTATTGTTGTGTGCTAGGTTCAA
AGAGAATTGTATGCTATATGCATGCAAATCCGCCCCGTTATTGTTCCTATTTCAAACTTTTACACTGTTGAAGCGATCCGGTT
TGGCTTGCCATTCACGGGTTTGCTGCCTGGCATGCACCTGGCTTCKYGCTGGACTGCATGTACGCTGGCTTAGCGGTAAATA
TCCTAGGCTGCAGCGTTAACCATTAGTTCTATGCATTTGGGAAACCAATGTATGGGATTATTGGCGTACAACTTTGAGCGGT
GGATCACTCGGCTCGTGTGTCGATGAAGAGTGCAGCCAACA

>ITS 525R

GATCMCCGCTMAAGTTGTACGCCAATAATCCCATACATTGGTTTCCCAAATGCATAGAACTAATGGTTAACGCTGCAGCCTA
GGATATTTACCGCTAAGCCAGCGTACATGCAGTCCAGCRMGAAGCCAGGTGCATGCMMGGCAGCAAACCCGTGAATGGC
AAGCCAAACCGGATCGCTTCAACAGTGTAAAAGTTTGAAATAGGAACAATAACGGGGCGGATTTGCATGCATATAGCATAC
AATTCTCTTTGAACCTAGCACACAACAATAGCGTCATGCACTGTCCCATCGCCCTTGGCAGATCAGGCAACCCGAAAGTTA
CGAGAACACCATCAGGGCATACGACAGGCTAGGTACCCCGGTCAAGAAAATATCAACCACTGAAGCCTAGGGTAATAACC
ACCAAGCCAGGGTACATACAGTCCAGCRMGAAGCCAGGTGCATGCA

Patient 5 : Hybride Schistosoma haematobium

Amorces COX :

Couple Asmit1-Schisto 3' CONSENSUS

GGTCATCCTGAGGTGTATGTTTTAATTTTACCTGGATTTGGAATAGTTAGTCATATATGTATGAGGATAAGTAATAATGATT
CATCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCTATGGCTTCGATAGTTTGCTTAGGAAGTGTAGTTTGAGCCCATCATATGTT
TATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTTTTTAGTTCAGTGACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGGTTT
TTTCTTGATTATATATGCTTAAAAGCTGTGGGTCTCGTGTATGAGATCCTATAGTTTGATGATTGGTTGGTTTTATATTTTTA
TTTACGATAGGTGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAGCTTCTTCATTAGATATATTATTTCATGATACTTGATTTGTTGTTGC
TCATTTTCATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATAGAAGTGTAGTAATAATGTTATTATGGTGATGGCCTTTTATAATTGGTTA
CAGTATTAATAAGTATTTATTGCAGGGTCATKATTATTACA

☑	Schistosoma haematobium from Tanzania haplogroup G1 mitochondrion, partial genome	Schistosoma ha...	976	976	99%	0.0	99.44%	15315	MK253577.1

>Asmit1

CTGGTTTGGATAGTTAGTCTATATGTATGAGGATAAGTAATAATGATTCATCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCTATGGC
TTCGATAGTTTGCTTAGGAAGTGTAGTTTGAGCCCCATCATATGTTTATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTTTTTAG
TTCAGTGACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGGTTTTTTCTTGATTATATATGCTTAAAAGCTGTGGGTCTCGTGT
ATGAGATCCTATAGTTTGATGATTGGTTGGTTTTATATTTTTATTTACGATAGGTGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAGCTTCT
TCATTAGATATATTATTTCATGATACTTGATTTGTTGTTGCTCATTTTCATTATGTT

>Schisto 3'

GGTCATCCTGAGGTGTATGTTTTAATTTTACCTGGATTTGGAATAGTTAGTCATATATGTATGAGGATAAGTAATAATGATTCA
TCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCTATGGCTTCGATAGTTTGCTTAGGAAGTGTAGTTTGAGCCCCATCATATGTTTAT
GGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTTTTTAGTTCAGTGACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGGTTTTTTCT
TGATTATATATGCTTAAAAGCTGTGGGTCTCGTGTATGARATCCTAAAKTTTGATGATTGGTTGGTTTTATATTTTTATTTACGA

Couple Asmit1 – Sh :

TGGTCATCCTGAGGTGTATGTTTTAATTTTACCTGGATTTGGAATAGTTAGTCATATATGTATGAGGATAAGTAATAATGATT
CATCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCTATGGCTTCGATAGTTTGCTTAGGAAGTGTAGTTTGAGCCCATCATATGTT
TATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTTTTTAGTTCAGTGACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGGTTT
TTTCTTGATTATATATGCTTAAAAGCTGTGGGTCTCGTGTATGAgATCCTATAGTTTGATGATTGGTTGGTTTTATATTTTTAT
TTACGATAGGTGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAGCTTCTTCATTAGATATATTATTTCATGATACTTGATTTGTTGTTGCT
CATTTTCATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATAGAAGTGTAGTAATAATGTTATTATGGTGATGGCCTTTTATAATTGGTTAC
AGTATTAATAAGTATTTATTGCAGGGTCATTGATTATTATCAATGGTTGGGTTTAATCTTTGTTTTTTTCCTTGS

☑	Schistosoma haematobium from Tanzania haplogroup G1 mitochondrion, partial genome	Schistosoma ha...	1050	1050	99%	0.0	99.82%	15315	MK253577.1

>Asmit1

GAGGATAAGTAATAATGATTCATCGTTTGGGTgTTATGGATTGATTTGTGCTATGGCTTCGATAGTTTGCTTAGGAAGTGTAGT
TTGAGCCCATCATATGTTTATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTTTTTAGTTCAGTGACTATGATTATAGGGATTCCT
ACAGGTATAAAGGTTTTTTCTTGATTATATATGCTTAAAAGCTGTGGGTCTCGTGTATGAgATCCTATAGTTTGATGATTGGTT
GGTTTTATATTTTTATTTACGATAGGTGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAGCTTtTTCATTAGATATATTATTTCATGATACTTGA
TTTGTTGTTGCTCATTTTCATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATAGAAGTGTAGTAATAATGTTATTATGGTGATGGCCTTTTAT
AATTGGTTACAGTATTAATAAGTATTTATTGCAGGGTCATTGATTATTATCAATGGTTGGGTTTAATCTTTGTTTTTTTCCTTGS

>Sh

ATACCTGTAACCcATTATAAAAGGCcTCACCaTWATaACATTATTACtACACTTCTATAAGAACCTAAAGAAAGAACATAATGA
AAATGAGCAACAACAAATCAAGTATCATGAAATAATATATCTAATGAAGAAGCTGATAAAGCTATACCAGTAACACCACCTA
TCGTAAATAAAAATATAAAACCAACCAATCATCAAACTATAGGATCTCATACACGAGACCCACAGCTTTTAAGCATATATAAT
CAAGAAAAAACCTTTATACCTGTAGGAATCCCTATAATCATAGTCACTGAACTAAAAAATATAGCAGTCAAATAATCTAAAC
CAACCATAAACATATGATGGGCTCAAACTACACTTCCTAAGCAAACTATYGAAGCCATAGCACAAATCAATCCATAATACCC
AAACGATGAATCATTATTACTTATCCTCATACATATATGACTAACTATTCCAAATCCAGGTAAAATTAAAACATACACCTCAGG
ATGACCA

Couple COX1_schisto_5' - 16S_schist_3' :

>COX1_schist_5'

CGAAAAAAAAAACAATACATTTGAGAGGCCYCTYCGGGGAGCTGAATACGGGGGCGCGCCTGCTCTGACACAGCAAATG
GGCTTCCTCKTGAAAACGGAATGARGTTGTGAATTGTTTAAAGACCTCACAAACCTCTCCGTTGGGAGTTGAATACAAGGC
CCCCAMGCTTTCATGTGCACACGATGT

Couple ShND1_1 - ShND1_2:

>ShND1_1

GTATTAGTTTATTTATTTGATAATAGTAGAATTATTAGGTGTAATAATAATAAAAGCTTAAGTGTAGGTATAATTTATATTGTAAT
ATTAATGTTATCTATTTTTCTTATAATTTAGTAGTTGTACGAGGAGAAAATGCATTTGAGTAAAGTCCAGATAGTATAATAAAG
ATAGTAAAAACTTAGTGTTGCAGCATATTTTGTTTTGGTCAAAAGGGTGGTTTAGTTGATACCAGTTTTTAAATAGTGTAAAT
TAATTGTATAGTAAGCTGTAAAGGTGGCTGATAGTAGCTTAAAAATCAAAGCATAAGACTCTTAATCTTAGTATGTTATAGAT
ATGAACCTATTAGCACAGTTGAATTAGGCTATCACTAGGTGCATAGTTAAGTTGATAAATAAAAAATGTTTAAATTAAGTTCA
GCATTATTAACAGTTATATTTTTAGTATTATTACCAGTTATATTAACTCATTATAATGTTTTTGGAGTTAAGAGTTTAAGGGGTA
ATCATTATAGTAATATATCAGAATGATATTCAAGGTTTGAATGTGGGTTTTTAGGGCATGGGTTAAATGAAAAATTTTTTAGCT
TTTCTTACTTAAATCTATTAATATTATTTGTAGTCTTTGATTTAGAAATATCGTTATTATTAAATATAGTTTACGATGATATGATAT
ATACATTCTGT

☑	Schistosoma haematobium from Niger haplogroup G1 mitochondrion, partial genome	Schistosoma ha...	1245	1245	99%	0.0	99.42%	15819	MK253578.1

>ShND1_2

TTTTAAACCTTACTCTTATTTATTAACCTTTATAAAATCAGCAAACCTTTGTAATAGTCCCATAATACCAACCTTTTTAGGTCC
CTTGCGTAATTGTATATATGACAAGACCTTACGCTCACTCATTATATAAAAAGCTACTAATAATAAAGTCATTATTAAACTCTC
GATTCTTAAAACTAACTCTAACATATACATACTATTATACATTTAAATTAACTAAATCTAATATCAAATACTATGGTATATCATTA
TACTAAATCTTCATACACTGACTATAAACAATCTAATCACCAAAAGCATGACAAACTTTTATTCTTCATAAACTAAGTGCATA
TTCTCAATATGTATATATGAATATTCCTAACTACTTATTTAATTCACCTTACATAACCTAACTTAAGTTCTACCATGTAACCAAA
AAACAACAAAAAAAAAAAAAAAAAAAWAMCCCCRAAWGGTWWAAWAYCWTTTTCCMCCGWAAACTATTTTTAAWAAWA
ACAATTTTTCTAAWTCAAAGCCWMCAAATAAGGGWAWWAWWMYWAAAAAWWWAACYKKTWAWWAKGSTGAACTTAA
TTWAAMMATTTTTTWTTT

☑	Schistosoma haematobium from Niger haplogroup G1 mitochondrion, partial genome	Schistosoma ha...	857	857	89%	0.0	94.91%	15393	MK253567.1

Amorces ITS :

Couple 58S – 525R :

TGCATGCACCTGGCTTCTYGCTGGACTGTATGTACCCTGGCTTGGTGGTTATTACCCTAGGCTTCAGTGGTTGATATTTTC
TTGACCGGGGTACCTAGCCTGTCGTATGCCCTGATGGTGTTCTCGTAACTTTCGGGTTGCCTGATCTGCCAAGGGCGATG
GGACAGTGCATGACGCTATTGTTGTGTGCTAGGTTCAAAGAGAATTGTATGCTATATGCATGCAAATCCGCCCCGTTATTG
TTCCTATTTCAAACTTTTACACTGTTGAAGCGATCCGGTTTGGCTTGCCATTCACGGGTTTGCTGCCTGGCATGCACCTG
GCTTCGTGCTGGACTGCATGTACGCTGGCTTAGCGGTAAATATCCTAGGCTGCAGCGTTAACCATTAGTTCTATGCATTTG
GGAAACCAATGTATGGGATTATTGGCGTACAACTTTGAGCGGTGGATCACTCGGCTCGTGTGTCGATGAAGAGTGCAGC
CAACA

☑	Schistosoma curassoni voucher RT17_MbG8.6 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ...	Schistosoma c...	894	894	99%	0.0	99.79%	927	MT580961.1

>ITS 58S

CCTAGGCTTAGTGgTTGAATTATTTCTAAGCRTTTGGGAAACCCAGGTRTGGGCTTAGTGGGTGTTAACTTTGCTTTGtGGTT
GACTGAGCTGCCGTGGCGATGGGAGTGCGCATGACRCTATTGTTGTGTGCTAGGTTCAAAGAGAATTGTATGCTATATGCAT
GCAAATCCGCCCCGTTATTGTTCCTATTTCAAACTTTTACACTGTTGAAGCGATCCGGTTTGGCTTGCCATTCACGGGTTTGC
TGCCTGGCATGCACCTGGCTTCgTGCTGGACTGCATGTACGCTGGCTTAGCGGTAAATATCCTAGGCTGCAGCGTTAACCAT
TAGTTCTATGCATTTGGGAAACCAATGTATGGGATTATTGGCGTACAACTTTGAGCGGTGGATCACTCGGCTCGTGTGTCGA
TGAAGAGTGCAGCCAACA

>ITS 525R

GCTaAGTTGTACGCCAATAATCCCATACATTGGTTTCCCAAATGCATAGAACTAATGGTTAACGCTGCAGCCTAGGATATTTA
CCGCTAAGCCAGCGTACATGCAGTCCAGCaCGAAGCCAGGTGCATGCMAGGCAGCAAACCCGTGAATGGCAAGCCAAAC
CGGATCGCTTCAACAGTGTAAAAGTTTGAAATAGGAACAATAACGGGGCGGATTTGCATGCATATAGCATACAATTCTCTTT
GAACCTAGCACACAACAATAGCGTCATGCACTGTCCCATCGCCCTTGGCAGATCAGGCAACCCGAAAGTTACGAGAACAC
CATCAGGGCATACGACAGGCTAGGTACCCCGGTCAAGAAAATATCAACCACTGAAGCCTAGGGTAATAACCACCAAGCCA
GGGTACATACAGTCCAGCRaGAAGCCAGGTGCATGCA

Couple 58S – 965R :

>ITS 58S

GGTAAATACCCTAGGCTGCAGTGTTTGAWTTAtTCTTATGCRTTTGGGAAACCCAGGTRTGGGCTTAGTGGCGTATAACTTTG
AGCGGTGGTTGACTGAGCTCGTGTGTCGTGAAGAGTGCACATGACTGTGTTGATGAGTGCtAAGTGCAAACAGAATTGATG
CTATATGCTGCAAATCATATYGCGGCTTGTTCATATCCTGTGCTCACATCCTGTCCAAGCTATCCaGTTTGGCTTGCCATTCAC
GGGTTTGCTGCCTKGCATGCACCTGGCTTCGTGCTG

☑	Schistosoma curassoni voucher RT17_MbG8.6 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ...	Schistosoma c...	106	106	57%	1e-18	78.82%	927	MT580961.1

>ITS 965R

CGTACCGCAATATGCGTTCAGATGTCGATGTTCAAAGCAGTATGCAGTTCACATTAATTCACACAGTTGGCTGCACTCTTCA
TCGACACACGAGCCGAGTGATCCACCGCTCAAAGTTGTACGCCAATAATCCCATACATTGGTTTCCCAAATGCATAGAACTA
ATGGTTAACGCTGCAGCCTAGGATATTTACCGCTAAGCCAGCGTACATGCAGTCCAGCACGAAGCCAGGTGCATGCMAGGC
AGCAAACCCGTGAATGGCAAGCCAAACCGGATCGCTTCAACAGTGTAAAAGTTTGAAATAGGAACAATAACGGGGCGGAT
TTGCATGCATATAGCATACAATTCTCTTTGAACCTAGCACACAACAATAGCGTCATGCACTGTCCCATCGCCCTTGGCAGATC
AGGCAACCCGAAAGTTACGAGAACACCATCAGGGCATACSACAGGCTAGGTACCCCGGTCAAGAAAATATCAACCACTGA
AGCCTAGGGTAATAACCACCAAGCCAGGGTACATACAGTCCAGCGMGAAGCCAGGTGCATGCA

☑	Schistosoma curassoni voucher RT17_MbG8.6 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ...	Schistosoma c...	992	992	100%	0.0	98.92%	927	MT580961.1

Couple ITS4 – ITS5 :

GATATGCGGGTATACACGCCGGCAGGCACTCGCCCAATCCACGACTCAATGTGCGCCGTGATAGATGAAAAGCCGACCC
TCGGACAGGCGTGGCCACAGGATATCCCGTAGCCGCAATATGCGTTCAAGATGTCGATGTTCAAAGCAGTATGCAGTTC
ACATTAATTCACACAGTTGGCTGCACTCTTCATCGACACACGAGCCGAGTGATCCACCGCTCAAAGTTGTACGCCAATAA
TCCCATACATTGGTTTCCCAAATGCATAGAACTAATGGTTAACGCTGCAGCCTAGGATATTTACCGCTAAGCCAGCGTACA
TGCAGTCCAGCACGAAGCCAGGTGCATGCCAGGCAGCAAACCCGTGAATGGCAAGCCAAACCGGATCGCTTCAACAG
TGTAAAAGTTTGAAATAGGAACAATAACGGGGCGGATTTGCATGCATATAGCATACAATTCTCTTTGAACCTAGCACACA
ACAATAGCGTCATGCACTGTCCCATCGCCCTTGGCAGATCAGGCAACCCGAAAGTTACGAGAACACCATCAGGGCATAC
GACAGGCTAGGTACCCCGGTCAAGAAAATATCAACCACTGAAGCCTAGGGTAATAACCACCAAGCCAGGGTACATACA
GTCCAGCAAGAAGCCAGGTGCATGCATCATTATaTATTTTTGGGGTTAKATAAtaCCTCCGCAGGKTCAC

☑	Schistosoma haematobium x Schistosoma bovis isolate BK24_4 small subunit ribosomal RNA gene…	Schistosoma h…	1266	1266	100%	0.0	99.01%	946	MT158881.1

>ITS 4

GGGTATcCGTCTGATCCGgGTcGGGTcATTATACAATTCGTGCGTATTACACACACCATCGGTACAAACCGTAGACCGAACCAT
AGAGACAAGATCAAGTGACCAACGTAGCGTACGATAGGTGCGATTCTTCCCGAGCGCGTATAATGTCATTAAGCCACGACT
CGAGCACAACCCACCGCAGCATCTCGATCAAGTCATCTAGACCGGACTAGGCTGTGGCCGGACTATTAGGACGGAGCCTTC
GACCAGCAACCCGCGTTGATATGCGGGTATACACGCCGGCAGGCACTCGCCCAATCCACGACTCAATGTGCGCCGTGATAG
ATGAAAAGCCGACCCTCGGACAGGCGTGGCCACAGGATATCCCGTAGCCGCAATATGCGTTCAAGATGTCGATGTTCAAAG
CAGTATGCAGTTCACATTAATTCACACAGTTGGCTGCACTCTTCATCGACACACGAGCCGAGTGATCCACCGCTCAAAGTT
GTACGCCAATAATCCCATACATTGGTTTCCCAAATGCATAGAACTAATGGTTAACGCTGCAGCCTAGGATATTTACCGCTAAG
CCAGCGTACATGCAGTCCAGCACGAAGCCAGGTGCATGCCAGGCAGCAAACCCGTGAATGGCAAGCCAAACCGGATCGC
TTCAACAGTGTAAAAGTTTGAAATAGGAACAATAACGGGG

>ITS 5

GTGAMCCTGCGGAGGtaTTATMTAACCCCAAAAATAtATAATGATGCATGCACCTGGCTTCTTGCTGGACTGTATGTACCCTG
GCTTGGTGGTTATTACCCTAGGCTTCAGTGGTTGATATTTTCTTGACCGGGGTACCTAGCCTGTCGTATGCCCTGATGGTGTT
CTCGTAACTTTCGGGTTGCCTGATCTGCCAAGGGCGATGGGACAGTGCATGACGCTATTGTTGTGTGCTAGGTTCAAAGAG
AATTGTATGCTATATGCATGCAAATCCGCCCCGTTATTGTTCCTATTTCAAACTTTTACACTGTTGAAGCGATCCGGTTTGGCT
TGCCATTCACGGGTTTGCTGCCTGGCATGCACCTGGCTTCGTGCTGGACTGCATGTACGCTGGCTTAGCGGTAAATATCCTA
GGCTGCAGCGTTAACCATTAGTTCTATGCATTTGGGAAACCAATGTATGGGATTATTGGCGTACAACTTTGAGCGGTGGATC
ACTCGGCTCGTGTGTCGATGAAGAGTGCAGCCAACTGTGTGAATTAATGTGAACTGCATACTGCTTTGAACATCGACATCT
TGAACGCATATTGCGGCTACGGGATATCCTGTGGCCACGCCTGTATCACGCGGGTGGCTGTCGAGCTCGTCCTAATAGTC

Patient 6 : Schistosoma haematobium

Amorces COX :

Couple Asmit1-Schisto 3' :

GGTCATCCTGAGGTGTATGTTTTAATTTTACCTGGATTTGGAATAGTTAGTCATATATGTATGAGGATAAGTAATAATGATT
CATCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCTATGGCTTCGATAGTTTGCTTAGGAAGTGTAGTTTGAGCCCATCATATGTT
TATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTTTTTAGTTCAGTGACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGGTTT
TTTCTTGATTATATATGCTTAAAAGCTGTGGGTCTCGTGTATGAGATCCTATAGTTTGATGATTGGTTGGTTTTATATTTTTA
TTTACGATAGGTGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAGCTTCTTCATTAGATATATTATTTCATGATACTTGATTTGTTGTTGC
TCATTTTCATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATAGAAGTGTAGTAATAATGTTATTATGGTGATGGCCTTTTATAATTGGTTA
CAGTATTAATAAGTATTTATTGCAGGGTCATTGATTATTATCAATGGTTGGGTTTAATCTTTGTTTTTTTCCTATGCATTA

☑	Schistosoma haematobium from Tanzania haplogroup G1 mitochondrion, partial genome	Schistosoma ha…	1062	1062	100%	0.0	99.83%	15315	MK253577.1

>Asmit1

TGGAATAGTTAGTCTATATGTATGAGGATAAGTAATAATGATTCATCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCTATGGCTTCGA
TAGTTTGCTTAGGAAGTGTAGTTTGAGCCCATCATATGTTTATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTTTTTAGTTCAG
TGACTATGATTATAGGGATTCCTACGGGTATAAAGGTTTTTTCTTGATTATATATGCTTAAAAGCTGTGGGTCTCCTGTATGAG
ATCCTATAGTTCGATGATTGGTTGGTTTTATATTTTTATTTACGATAGGTGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAGCTTCTTCATT
AGATATATTATTTCATGATACTTGATTTGTTGTTGCTCATTTTCATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATMGAAGTGTAGTAATA
ATGTTATTATGGTGATGGCCTTTTATAATTGGTTACAGTATTAATAAGTATTTATTGCAGGGTCATTGATTATTATCAATGGTTG
GGTTTAATCTTTGTTTTTTTCCTATGCATTA

>Schisto 3'

AATAATAATGACCCTGCAATAAATACTTATTAATACTGTAACCAATTATAAAAGGCCATCACCATAATAACATTATTACTACAC
TTCTATAAGAACCTAAAGAAAGAACATAATGAAAATGAGCAACAACAAATCAAGTATCATGAAATAATATATCTAATGAAGA
AGCTGATAAAGCTATACCAGTAACACCACCTATCGTAAATAAAAATATAAAACCAACCAATCATCAAACTATAGGATCTCATA
CACGAGACCCACAGCTTTTAAGCATATATAATCAAGAAAAAACCTTTATACCTGTAGGAATCCCTATAATCATAGTCACTGAA
CTAAAAAATATAGCAGTCAAATAATCTAAACCAACCATAAACATATGATGGGCTCAAACTACACTTCCTAAGCAAACTATCG
AAGCCATAGCACAAATCAATCCATAATACCCAAACGATGAATCATTATTACTTATCCTCATACATATATGACTAACTATTCCAA
ATCCAGGTAAAATTAAAACATACACCTCAGGATGACC

Couple Asmit1 – Sh CONSENSUS :

GATAAACAATGACCCTGCAATAAATACTTATTAATACCTGTAACCAATTATAAAAGGCCATCACCATAATAACATTATTACT
ACACTTCTATAAGAACCTAAAGAAAGAACATAATGAAAATGAGCAACAACAAATCAAGTATCATGAAATAATATATCTAA
TGAAGAAGCTGATAAAGCTATACCAGTAACACCACCTATCGTAAATAAAAATATAAAACCAACCAATCATCAAACTATAG
GATCTCATACACGAGACCCACAGCTTTTAAGCATATATAATCAAGAAAAAACCTTTATACCTGTAGGAATCCCTATAATCA
TAGTCACTGAACTAAAAAATATAGCAGTCAAATAATCTAAACCAACCATAAACATATGATGGGCTCAAACTACACTTCCT
AAGCAAACTATCGAAGCCATAGCACAAATCAATCCATAATACCCAAACGATGAATCATTATTACTTATCCTCATACATATAT
GACTAACTATTCCAAATCCAGGTAAAATTAAAACATACACCTCAGGATGAC

☑	Schistosoma haematobium from Tanzania haplogroup G1 mitochondrion, partial genome	Schistosoma ha…	970	970	99%	0.0	99.44%	15315	MK253577.1

>Asmit1

TTACCTGGTTTGGAATAGTTAGTCTATATGTATGAGGATAAGTAATAATGATTCATCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCT
ATGGCTTCGATAGTTTGCTTAGGAAGTGTAGTTTGAGCCCATCATATGTTTATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTT
TTTAGTTCAGTGACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGGTTTTTTCTTGATTATATATGCTTAAAAGCTGTGGGTCT
CGTGTATGAGATCCTATAGTTTGATGATTGGTTGGTTTTATATTTTTATTTACGATAGGTGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAG
CTTCTTCATTARATATATTATTTCATGATACTTGATTTGTTGTTGCTCATTTTCATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATAGAAGT
GTAGTAATAATGTTATTATGGTGATGGCCTTTTATAATTGGTTACAGTATTAATAAGTATTTATTGCAGGGTCATTGTTTATC

>Sh

ATACCTGTAACCCATTATAAAAGGCCTCACCATAATAACATTATTACTACACTTCTATAAGAACCTAAAGAAAGAACATAATG
AAAATGAGCAACAACAAATCAAGTATCATGAAATAATATATCTAATGAAGAAGCTGATAAAGCTATACCAGTAACACCACCT
ATCGTAAATAAAAAATATAAAACCAACCAATCATCAAACTATAGGATCTCATACACGAGACCCACAGCTTTTAAGCATATATAA
TCAAGAAAAAACCTTTATACCTGTAGGAATCCCTATAATCATAGTCACTGAACTAAAAAATATAGCAGTCAAATAATCTAAA
CCAACCATAAACATATGATGGGCTCAAACTACACTTCCTAAGCAAACTATCGAAGCCATAGCACAAATCAATCCATAATACC
CAAACGATGAATCATTATTACTTATCCTCATACATATATGACTAACTATTCCAAATCCAGGTAAAATTAAAACATACACCTCAG
GATGAC

Couple Asmit1 – Sb :

TTTTTTGGTCATCCTGAGGTGTATGTTTTGATTCTGCCTGGATTTGGTATAGTTAGTCATATATGTATGAGAATAAGTAATAA
TGATTCATCATTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCTATGGCTTCAATAGTTTGCTTAGGAAGTGTAGTTTGAGCCCACCAT
ATGTTTATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTTTTTAGTTCAGTGACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAA
GGTTTTTTCTTGATTATATATGCTTAAAAGCTGTGGGTCTCGTGTATGAGATCCTATAGTTTGATGATTGGTTGGTTTTATAT
TTTTATTTACGATAGGTGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAGCTTCTTCATTARATATATTATTTCATGATACTTGATTTGTTG
TTGCTCATTTTCATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATAGAAGTGTAGTAATAATGTTATTATGGTGATGGCCTTTTATAATTG
GTTACAGTATTAATAAGTATTTATTGCAGGGTCATTGTTTATC

Schistosoma haematobium mitochondrion, complete genome	Schistosoma ha...	946	946	99%	0.0	98.15%	33418	MW067227.1

>Asmit1

TTACCTGGTTTGGAATAGTTAGTCTATATGTATGAGGATAAGTAATAATGATTCATCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCT
ATGGCTTCGATAGTTTGCTTAGGAAGTGTAGTTTGAGCCCATCATATGTTTATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTT
TTTAGTTCAGTGACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGGTTTTTTCTTGATTATATATGCTTAAAAGCTGTGGGTCT
CGTGTATGAGATCCTATAGTTTGATGATTGGTTGGTTTTATATTTTTATTTACGATAGGTGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAG
CTTCTTCATTARATATATTATTTCATGATACTTGATTTGTTGTTGCTCATTTTCATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATAGAAGT
GTAGTAATAATGTTATTATGGTGATGGCCTTTTATAATTGGTTACAGTATTAATAAGTATTTATTGCAGGGTCATTGTTTATC

>Sb

TTTAGCTATATAATCAGAAAAAACCTTTATACCTGTAGGAATCCCTATAATCATAGTCACAGAACTAAAAAATATAGCTGTCA
AATAATCCAAACCAACCATAAACATATGGTGAGCCCAAACTACACTACCTAAACAAACTATTGAAGCCATAGCACAAATTAA
TCCATAATATCCAAATGATGAATCATTATTACTAATTCTCATACATATATGACTAACTATACCAAATCCTGGCAGAATCAAAAC
ATACACCTCAGGATGACCAAAAAA

NGS CONSENSUS COX :

NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGTATTGGGATTAGTATTAGT
TTATTTATTTGATAATAGTAGAATTATTAGGTGTAATAATAATAAAAGCTTAAGTGTAGGTATAATTTATATTGTAATATTAAT
GTTATCTATTTTTCTTATAATTTAGTAGTTGTACGAGGAGAAAATGCATTTGAGTAAAGTCCAGATAGTATAATAAAGATAG
TAAAAACTTAGTGTTGCAGCATATTTTGTTTTGGTCAAAAGGGTGGTTTAGTTGATACCAGTTTTTAAATAGTGTAAATTA
ATTGTATAGTAAGCTGTAAAGGTGGCTGATAGTAGCTTAAGAATCAAAGCATAAGACTCTTAATCTTAGTATGTTATAGATA
TGAACCTATTAGCACAGTTGAATTAGGCTATCACTAGGTGCATAGTTAAGTTGATAAATAAAAAATGTTTAAATTAAGTTC
AGCATTATTAACAGTTATATTTTTAGTATTATTACCAGTTATATTAACTCATTATAATGTTTTTGGAGTTAAGAGTTTAAGGG
GTAATCATTATAGTAATATATCAGAATGATATTCAAGGTTTGAATGTGGGTTTTTAGGGCATGGGTTAAATGAAAAATTTTT
TAGCTTTTCTTACTTAAATCTATTAATATTATTTGTAGTCTTTGATTTAGAAATATCGTTATTATTAAATATAGTTTACGATGG
AATATGATATTATACATTCTGGTGTTATTTTTTTTTTTTTTTTTNNNNNNTTTTTTGGTTACATGGTAGAACTTAAGTTAGGTT
ATGTAAGGTGAATTAAATAAGTAGTTAGGAATATTCATATATACATATTGAGAATATGCACTTAGTTTATGAAGAATAAAAG
TTTGTCATGCTTTTGGTGATTAGATTGTTTATAGTCAGTGTATGAAGATTTAGTATAATGATATACCATAGTATTTGATATTA
GATTTAGTTAATTTAAATGTATAATAGTATGTATATGTTAGAGTTAGTTTTAAGAATCGAGAGTTTAATAATGACTTTATTATT
AGTAGCTTTTTATATAATGAGTGAGCGTAAGGTCTTGTCATATATACAATTACGCAAGGGACCTAAAAAGGTTGGTATTAT
GGGACTATTACAAAGGTTTGCTGATTTTATAAAGTTAATAAATAAGAGTAAGTTTAAAAATTTTAGATTTCGCAGATGATT
TTCGTTGTTAGGTTGTATAGTTTTAATTTCATGTTCAGTGTCGATGGTAATAGTCTATAGATTAGTAAATAGGAATATATGGT
GTAATTGAATATTACTTTATTTTTTAGTGGTTGGTTCTATAGTGAGTTACAGAACTTTATTAATAGGCTGATGTTCGTGATC
AAAGTACAGTCTAATTAGTTCTATTCGTGTTTCTTTTTCTAGTGTAATGTTCGAGATGATACTAATGTGCATTATGATTTTGT
TTGGCTTAATGTATGGTGGTTATAGGAAACCCAGAGTTAGAAGAGTAATGTTATTCATAGCACCTTTAGCTTTTATTGCAT
GGTTAATAGTGTTATTAAGAGAGAGTAATCGTACACCATGTGACTATTCCGAATCTGAAAGTGAGCTAGTAAGAGGAATT
AGAGTGGAATATAGGAGAGTATTATTTTTAGTTATATTTGCTTGCGAGTATTTAATAATGTTTATATTTAGCTGAGTGAGATT
TATAGTATTTTGAAGCATAAATGAAATATTGATAGTAATAAACTTGATGTTATTTGTAGTAATGCGTGGTTCATTTTCTCGA
CTTCGATTTGATATATTTGTTTCAGTAGTTTGAAAATATTGCGTTGTAGTGATACTAGTATATTTAATATGTTTATTTAGATTG
TTATAGTAATCTAGTTTAGAATTGATAATAAAATTAGTTAGCGCAGTAGTTAAAGTTTAATGTTTGTTTTACACACAAAAG
GTGAAGTAAGATCTTAGAATGCTTCCGGCGTTATAATTAATTGTTTTAAATTTATTTTTGATCAGTTAAGTAGTTTGTATAA
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN

Schistosoma haematobium mitochondrion, complete genome	Schistosoma ha...	3661	3661	94%	0.0	99.70%	15003	DQ157222.2

Amorces ITS :

Couple ITSF – ITSR CONSENSUS :

TATAACCAAAAATATATAATGATGCATGCACCTGGCTTCTTGCTGGACTGTATGTACCCTGGCTTGGTGGTTATTACCCTAG
GCTTCAGTGGTTGATATTTTCTTGACCGGGGTACCTAGCCTGTCGTATGCCCTGATGGTGTTCTCGTAACTTTCGGGTTGC

CTGATCTGCCAAGGGCGATGGGACAGTGCATGACGCTATTGTTGTGTGCTAGGTTCAAAGAGAATTGTATGCTATATGCA
TGCAAATCCGCCCCGTTATTGTTCCTATTTCAAACTTTTACACTGTTGAAGCGATCCGGTTTGGCTTGCCATTCACGGGTT
TGCTGCCTGGCATGCACCTGGCTTCGTGCTGGACTGCATGTACGCTGGCTTAGCGGTAAATATCCTAGGCTGCAGCGTTA
ACCATTAGTTCTATGCATTTGGGAAACCAATGTATGGGATTATTGGCGTACAACTTTGAGCGGTGGATCACTCGGCTCGT
GTGTCGATGAAGAGTGCAGCCAACTGTGTGAATTAATGTGAACTGYATACTGCTTTGAACATCGACATCTTGAACGCATA
TTGCGGCTACGGGATATCCTGTGGCCACGCCTGTCCGAGGGTCGGCTTTTCATCTATCACGGCGCACATTGAGTCGTGGA
TTGGGCGAGTGCCTGCCGGCGTGTATACCCGCATATCAACGCGGGTTGCTGGTCGAAGGCTCCGTCCTAATAGTCCGGC
CACAGCCTAGTCCGGTCTAGATGACTTGATCGAGATGCTGCGGTGGGTTGTGCTCGAGTCGTGGCTTAATGACATTATAC
GCGCTCGGGAAGAATCGCACCTATCGTACGCTACGTTGGTCACTTGATCTTGTCTCTATGGTTCGGTCTACGGTTTGTACC
GATGGTGTGTGTAATACGCACGAATTGTATAATKACCCGACCCG

☑ Schistosoma haematobium x Schistosoma bovis isolate KU10_Hs_Profile8 small subunit ribosomal R...	Schistosoma h...	1687	1687	99%	0.0	99.57%	983	MW027655.1

>ITSF

TATAACCAAAAATATATAATGATGCATGCACCTGGCTTCTTGCTGGACTGTATGTACCCTGGCTTGGTGGTTATTACCCTAGG
CTTCAGTGGTTGATATTTTCTTGACCGGGGTACCTAGCCTGTCGTATGCCCTGATGGTGTTCTCGTAACTTTCGGGTTGCCTG
ATCTGCCAAGGGCGATGGGACAGTGCATGACGCTATTGTTGTGTGCTAGGTTCAAAGAGAATTGTATGCTATATGCATGCAA
ATCCGCCCCGTTATTGTTCCTATTTCAAACTTTTACACTGTTGAAGCGATCCGGTTTGGCTTGCCATTCACGGGTTTGCTGCC
TGGCATGCACCTGGCTTCGTGCTGGACTGCATGTACGCTGGCTTAGCGGTAAATATCCTAGGCTGCAGCGTTAACCATTAGT
TCTATGCATTTGGGAAACCAATGTATGGGATTATTGGCGTACAACTTTGAGCGGTGGATCACTCGGCTCGTGTGTCGATGAA
GAGTGCAGCCAACTGTGTGAATTAATGTGAACTGYATACTGCTTTGAACATCGACATCTTGAACGCATATTGCGGCTACGGG
ATATCCTGTGGCCACGCCTGTCCGAGGGTCGGCTTTTCATCTATCACGGCGCACATTGAGTCGTGGATTGGGCGAGTGCCTG
CCGGCGTGTATAC

>ITSR

CGGGTCGGGTMATTATACAATTCGTGCGTATTACACACACCATCGGTACAAACCGTAGACCGAACCATAGAGACAAGATCA
AGTGACCAACGTAGCGTACGATAGGTGCGATTCTTCCCGAGCGCGTATAATGTCATTAAGCCACGACTCGAGCACAACCCA
CCGCAGCATCTCGATCAAGTCATCTAGACCGGACTAGGCTGTGGCCGGACTATTAGGACGGAGCCTTCGACCAGCAACCCG
CGTTGATATGCGGGTATACACGCCGGCAGGCACTCGCCCAATCCACGACTCAATGTGCGCCGTGATAGATGAAAAGCCGAC
CCTCGGACAGGCGTGGCCACAGGATATCCCGTAGCCGCAATATGCGTTCAAGATGTCGATGTTCAAAGCAGTATRCAGTTC
ACATTAATTCACACAGTTGGCTGCACTCTTCATCGACACACGAGCCGAGTGATCCACCGCTCAAAGTTGTACGCCAATAAT
CCCATACATTGGTTTCCCAAATGCATAGAACTAATGGTTAACGCTGCAGCCTAGGATATTTACCGCTAAGCCAGCGTACATG
CAGTCCAGCACGAAGCCAGGTGCATGCCAGCAGCAAACCCGTGAATGGCAAGCCAAACCGGATCGCTTCAACAGTGTAA
AAGTTTGAAATAGGAACAATAACGGGGCGGATTTGCATGCATATAGCATACAATTCTCTTTGACCTAGCACACAACATAGCG
TCATGCACTG

Couple ITS4 – ITS5 CONSENSUS :

TCTGATCCGGGTCGGGTMATTATWCAATTCGTGCGTATTACACACACCATCGGTACAAACCGTAGACCGAACCATAGAG
ACAAGATCAAGTGACCAACGTAGCGTACGATAGGTGCGATTCTTCCCGAGCGCGTATAATGTCATTAAGCCACGACTCG
AGCACAACCCACCGCAGCATCTCGATCAAGTCATCTAGACCGGACTAGGCTGTGGCCGGACTATTAGGACGGAGCCTTC
GACCAGCAACCCGCGTTGATATGCGGGTATACACGCCGGCAGGCACTCGCCCAATCCACGACTCAATGTGCGCCGTGAT
AGATGAAAAGCCGACCCTCGGACAGGCGTGGCCACAGGATATCCCGTAGCCGCAATATGCGTTCAAGATGTCGATGTTC
AAAGCAGTATGCAGTTCACATTAATTCACACAGTTGGCTGCACTCTTCATCGACACACGAGCCGAGTGATCCACCGCTC
AAAGTTGTACGCCAATAATCCCATACATTGGTTTCCCAAATGCATAGAACTAATGGTTAACGCTGCAGCCTAGGATATTTA
CCGCTAAGCCAGCGTACATGCAGTCCAGCACGAAGCCAGGTGCATGCCAGGCAGCAAACCCGTGAATGGCAAGCCAA
ACCGGATCGCTTCAACAGTGTAAAAGTTTGAAATAGGAACAATAACGGGGCGGATTTGCATGCATATAGCATACAATTCT
CTTTGAACCTAGCACACAACAATAGCGTCATGCACTGTCCCATCGCCCTTGGCAGATCAGGCAACCCGAAAGTTACGAG
AACACCATCAGGGCATACGACAGGCTAGGTACCCCGGTCAAGAAAATATCAACCACTGAAGCCTAGGGTAATAACCACC
AAGCCAGGGTACATACAGTCCAGCAAGAAGCCAGGTGCATGCATCATTATATATTTTTGGGGTTATATAATATCCTCCTCT
GATCCGGGTCGGGTMATTATWCAATTCGTGCGTATTACACACACCATCGGTACAAACCGTAGACCGAACCATAGAGACA
AGATCAAGTGACCAACGTAGCGTACGATAGGTGCGATTCTTCCCGAGCGCGTATAATGTCATTAAGCCACGACTCGAGC
ACAACCCACCGCAGCATCTCGATCAAGTCATCTAGACCGGACTAGGCTGTGGCCGGACTATTAGGACGGAGCCTTCGAC
CAGCAACCCGCGTTGATATGCGGGTATACACGCCGGCAGGCACTCGCCCAATCCACGACTCAATGTGCGCCGTGATAGA
TGAAAAGCCGACCCTCGGACAGGCGTGGCCACAGGATATCCCGTAGCCGCAATATGCGTTCAAGATGTCGATGTTCAAA
GCAGTATGCAGTTCACATTAATTCACACAGTTGGCTGCACTCTTCATCGACACACGAGCCGAGTGATCCACCGCTCAAA
GTTGTACGCCAATAATCCCATACATTGGTTTCCCAAATGCATAGAACTAATGGTTAACGCTGCAGCCTAGGATATTTACCG
CTAAGCCAGCGTACATGCAGTCCAGCACGAAGCCAGGTGCATGCCAGGCAGCAAACCCGTGAATGGCAAGCCAAACC
GGATCGCTTCAACAGTGTAAAAGTTTGAAATAGGAACAATAACGGGGCGGATTTGCATGCATATAGCATACAATTCTCTT
TGAACCTAGCACACAACAATAGCGTCATGCACTGTCCCATCGCCCTTGGCAGATCAGGCAACCCGAAAGTTACGAGAAC
ACCATCAGGGCATACGACAGGCTAGGTACCCCGGTCAAGAAAATATCAACCACTGAAGCCTAGGGTAATAACCACCAAG
CCAGGGTACATACAGTCCAGCAAGAAGCCAGGTGCATGCATCATTATATATTTTTGGGGTTATATAATATCCTCC

☑ Schistosoma haematobium x Schistosoma bovis isolate KU10_Hs_Profile8 small subunit ribosomal ...	Schistosoma h...	1707	3414	99%	0.0	99.05%	983	MW027655.1

>ITS4

TCTGATCCGGGTCGGGTMATTATWCAATTCGTGCGTATTACACACACCATCGGTACAAACCGTAGACCGAACCATAGAGAC
AAGATCAAGTGACCAACGTAGCGTACGATAGGTGCGATTCTTCCCGAGCGCGTATAATGTCATTAAGCCACGACTCGAGCA
CAACCCACCGCAGCATCTCGATCAAGTCATCTAGACCGGACTAGGCTGTGGCCGGACTATTAGGACGGAGCCTTCGACCAG
CAACCCGCGTTGATATGCGGGTATACACGCCGGCAGGCACTCGCCCAATCCACGACTCAATGTGCGCCGTGATAGATGAAA
AGCCGACCCTCGGACAGGCGTGGCCACAGGATATCCCGTAGCCGCAATATGCGTTCAAGATGTCGATGTTCAAAGCAGTAT
GCAGTTCACATTAATTCACACAGTTGGCTGCACTCTTCATCGACACACGAGCCGAGTGATCCACCGCTCAAAGTTGTACGC
CAATAATCCCATACATTGGTTTCCCAAATGCATAGAACTAATGGTTAACGCTGCAGCCTAGGATATTTACCGCTAAGCCAGCG
TACATGCAGTCCAGCACGAAGCCAGGTGCATGCCAGGCAGCAAACCGTGAATGG

>ITS5
GGAGGATATTATATAACCCCAAAAATATATAATGATGCATGCACCTGGCTTCTTGCTGGACTGTATGTACCCTGGCTTGGTGG
TTATTACCCTAGGCTTCAGTGGTTGATATTTTCTTGACCGGGGTACCTAGCCTGTCGTATGCCCTGATGGTGTTCTCGTAACT
TTCGGGTTGCCTGATCTGCCAAGGGCGATGGGACAGTGCATGACGCTATTGTTGTGTGCTAGGTTCAAAGAGAATTGTATG
CTATATGCATGCAAATCCGCCCCGTTATTGTTCCTATTTCAAACTTTTACACTGTTGAAGCGATCCGGTTTGGCTTGCCATTC
ACGGGTTTGCTGCCTGGCATGCACCTGGCTTCGTGCTGGACTGCATGTACGCTGGCTTAGCGGTAAATATCCTAGGCTGCA
GCGTTAACCATTAGTTCTATGCATTTGGGAAACCAATGTATGGGATTATTGGCGTACAACTTTGAGCGGTGGATCACTCGGC
TCGTGTGTCGATGAAGAGTGCAGCCAACTGTGTGAATTAATGTGAACTGYATACTGCTTTGAACATCGACATCTTGAACGC
ATATTGCGGCTACGGGATATCCTGTGGCCACGCCTGTCCGAGGGTCGGCTTTTCATCTATCACGGCGCACATTGAGTCGTGA
TTGGCGAGTGCCTGCCGGCGTGTATACCCGCATATCACGCGGGTTGCT

<u>Patient 7 : Schistosoma haematobium</u>

<u>Amorces COX :</u>

Couple Asmit1-Schisto 3' CONSENSUS :
TTTTTTGGTCATCCTGAGGTGTATGTTTTAATTTTACCTGGATTTGGAATAGTTAGTCATATATGTATGAGGATAAGTAATAA
TGATTCATCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCTATGGCTTCGATAGTTTGCTTAGGAAGTGTAGTTTGAGCCCATCAT
ATGTTTATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTTTTTAGTTCAGTGACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAA
GGTTTTTTCTTGATTATATATGCTTAAAAGCTGTGGGTCTCGTGTATGAGATCCTATAGTTTGATGATTGGTTGGTTTTATAT
TTTTATTTACGATAGGTGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAGCTTCTTCATTAGATATATTATTTCATGATACTTGATTTGTTG
TTGCTCATTTTCATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATAGAAGTGTAGTAATAATGTTATTATGGTGATGGCCTTTTATAATTG
GTTACAGTATTAATAAGTATTTATTGCAGGGTCATTGATTATWATCAATGGTTGGGTTTAATCTT

☑ Schistosoma haematobium from Tanzania haplogroup G1 mitochondrion, partial genome	Schistosoma ha...	1033	1033	100%	0.0	99.65%	15315	MK253577.1

>Asmit1
GCATAGTTGTCTATATGTTGAGGATAAGTMATAATGATTCATCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCTATGGCTTCGATAGTT
TGCTTAGGAAGTGTAGTTTGAGCCCATCATATGTTTATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTTTTTAGTTCAGTGACTAT
GATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGGTTTTTTCTTGATTATATATGCTTAAAAGCTGTGGGTCTCGTGTATGAGATCCTATAG
TTTGATGATTGGTTGGTTTTATATTTTTATTTACGATAGGTGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAGCTTCTTCATTAGATATATTATT
TCATGATACTTGATTTGTTGTTGCTCATTTTCATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATAGAAGTGTAGTAATAATGTTATTATGGTG
ATGGCCTTTTATAATTGGTTACAGYATTAATAAKTATTTATTGCAGGGTCATTGATTATWATCAATGGTTGGGTTTAATCTT
>Schisto 3'
ATGACCCTGCAATAAATACATATTAATACTCCTAACCAATTATAAAAGGCCATCACCATAATAACATTATTACTACACTTCTATA
AGAACCTAAAGAAAGAACATAATGAAAATGAGCAACAACAAATCAAGTATCATGAAATAATATATCTAATGAAGAAGCTGA
TAAAGCTATACCAGTAACACCACCTATCGTAAATAAAAATATAAAACCAACCAATCATCAAACTATAGGATCTCATACACGA
GACCCACAGCTTTTAAGCATATATAATCAAGAAAAAACCTTTATACCTGTAGGAATCCCTATAATCATAGTCACTGAACTAAA
AAATATAGCAGTCAAATAATCTAAACCAACCATAAACATATGATGGGCTCAAACTACACTTCCTAAGCAAACTATCGAAGCC
ATAGCACAAATCAATCCATAATACCCAAACGATGAATCATTATTACTTATCCTCATACATATATGACTAACTATTCCAAATCCA
GGTAAAATTAAAACATACACCTCAGGATGACCAAAAAA

Couple Asmit1 – Sh CONSENSUS :
AAGATTAAACCCAACCATTGATWATAATCAATGACCCTGCAATAAATAMTTATTAATRCTGTAACCCATTATAAAAGGCCT
CACCATAATAACATTATTACTACACTTCTATAAGAACCTAAAGAAAGAACATAATGAAAATGAGCAACAACAAATCAAGT
ATCATGAAATAATATATCTAATGAAGAAGCTGATAAAGCTATACCAGTAACACCACCTATCGTAAATAAAAATATAAAACC
AACCAATCATCAAACTATAGGATCTCATACACGAGACCCACAGCTTTTAAGCATATATAATCAAGAAAAAACCTTTATACC
TGTAGGAATCCCTATAATCATAGTCACTGAACTAAAAAATATAGCAGTCAAATAATCTAAACCAACCATAAACATATGATG
GGCTCAAACTACACTTCCTAAGCAAACTATCGAAGCCATAGCACAAATCAATCCATAATACCCAAACGATGAATCATTATT
ACTTATCCTCAACATATATGACAACTATTCCAAATCCAGGTAAATTAAAACATACACCTYAGGATGACC

☑ Schistosoma haematobium from Tanzania haplogroup G1 mitochondrion, partial genome	Schistosoma ha...	985	985	100%	0.0	98.39%	15315	MK253577.1

>Asmit1
GCATAGTTGTCTATATGTTGAGGATAAGTMATAATGATTCATCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCTATGGCTTCGATAGTT
TGCTTAGGAAGTGTAGTTTGAGCCCATCATATGTTTATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTTTTTAGTTCAGTGACTAT
GATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGGTTTTTTCTTGATTATATATGCTTAAAAGCTGTGGGTCTCGTGTATGAGATCCTATAG
TTTGATGATTGGTTGGTTTTATATTTTTATTTACGATAGGTGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAGCTTCTTCATTAGATATATTATT
TCATGATACTTGATTTGTTGTTGCTCATTTTCATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATAGAAGTGTAGTAATAATGTTATTATGGTG
ATGGCCTTTTATAATTGGTTACAGYATTAATAAKTATTTATTGCAGGGTCATTGATTATWATCAATGGTTGGGTTTAATCTT
>Sh
CCCATTATAAAAGGCCTCACCATAATAACATTATTACTACACTTCTATAAGAACCTAAAGAAAGAACATAATGAAAATGAGC
AACAACAAATCAAGTATCATGAAATAATATATCTAATGAAGAAGCTGATAAAGCTATACCAGTAACACCACCTATCGTAAATA
AAAATATAAAACCAACCAATCATCAAACTATAGGATCTCATACACGAGACCCACAGCTTTTAAGCATATATAATCAAGAAAA
AACCTTTATACCTGTAGGAATCCCTATAATCATAGTCACTGAACTAAAAAATATAGCAGTCAAATAATCTAAACCAACCATAA
ACATATGATGGGCTCAAACTACACTTCCTAAGCAAACTATCGAAGCCATAGCACAAATCAATCCATAATACCCAAACGATGA
ATCATTATTACTTATCCTCATACATATATGACTAACTATTCCAAATCCAGGTAAAATTAAAACATACACCTYAGGATGACC

Patient 8 : Hybride Schistosoma haematobium x Schistosoma bovis

<u>Amorces COX :</u>

Couple Asmit1-Schisto 3' CONSENSUS
GTCATCCTGAGGTGTATGTTTTAATTTTACCTGGATTTGGAATAGTTAGTCATATATGTATGAGGATAAGTAATAATGATTCA
TCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCTATGGCTTCGATAGTTTGCTTAGGAAGTGTAGTTTGAGCCCATCATATGTTTA
TGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTTTTTAGTTCAGTGACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGGTTTTT
TCTTGATTATATATGCTTAAAAGCTGTGGGTCTCGTGTATGAGATCCTATAGTTTGATGATTGGTTGGTTTTATATTTTTATTT

ACGATAGGTGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAGCTTCTTCATTAGATATATTATTTCATGATACTTGATTTGTTGTTGCTCA
TTTTCATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATAGAAGTGTAGTAATAATGTTATTATGGTGATGGCCTTTTATAATTGGTTACA
GTATTAATAAGTATTTATTGCAGGGTCATTGATTATTATCAATGGTTGGGTTTAATCTTTGTTTTTTTCCTATGCCATTA

Schistosoma haematobium from Tanzania haplogroup G1 mitochondrion, partial genome	Schistosoma ha...	1055	1055	100%	0.0	99.65%	15315	MK253577.1

>Asmit1

TGGATTGGAATAGTTAGTCTATATGTATGAGGATAAGTAATAATGATTCATCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCTATGG
CTTCGATAGTTTGCTTAGGAAGTGTAGTTTGAGCCCATCATATGTTTATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTTTTTAG
TTCAGTGACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGGTTTTTTCTTGATTATATATGCTTAAAAGCTGTGGGTCTCGTGT
ATGAGATCCTATAGTTTGATGATTGGTTGGTTTTATATTTTTATTTACGATAGGTGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAGCTTCT
TCATTAGATATATTATTTCATGATACTTGATTTGTTGTTGCTCATTTTCATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATAGAAGTGTAGT
AATAATGTTATTATGGTGATGGCCTTTTATAATTGGTTACAGTATTAATAAGTATTTATTGCAGGGTCATTGATTATTATCAATG
GTTGGGTTTAATCTTTGTTTTTTTCCTATGCCATTA

>Schisto 3'

TTGATAATAATAATGACCCTGCAATAAATACTTATTAATACTGTAACCAATTATAAAAGGCCATCACCATAATAACATTATTACT
ACACTTCTATAAGAACCTAAAGAAAGAACATAATGAAAATGAGCAACAACAAATCAAGTATCATGAAATAATATATCTAATG
AAGAAGCTGATAAAGCTATACCAGTAACACCACCTATCGTAAATAAAAATATAAAACCAACCAATCATCAAACTATAGGATC
TCATACACGAGACCCACAGCTTTTAAGCATATATAATCAAGAAAAAACCTTTATACCTGTAGGAATCCCTATAATCATAGTCA
CTGAACTAAAAAATATAGCAGTCAAATAATCTAAACCAACCATAAACATATGATGGGCTCAAACTACACTTCCTAAGCAAAC
TATCGAAGCCATAGCACAAATCAATCCATAATACCCAAACGATGAATCATTATTACTTATCCTCATACATATATGACTAACTAT
TCCAAATCCAGGTAAAATTAAAACATACACCTCAGGATGAC

Couple Asmit1 – Sh CONSENSUS :

TAATGGCATAGGAAAAAAACAAAGATTAAACCCAACCATTGATAATAATCAATGACCCTGCAATAAATACTTATTAATACC
TGTAACCATTATAAAAGGCCATCACCATAATAACATTATTACTACACTTCTATAAGAACCTAAAGAAAGAACATAATGAAA
ATGAGCAACAACAAATCAAGTATCATGAAATAATATATCTAATGAAGAAGCTGATAAAGCTATACCAGTAACACCACCTAT
CGTAAATAAAAATATAAAACCAACCAATCATCAAACTATAGGATCTCATACACGAGACCCACAGCTTTTAAGCATATATAA
TCAAGAAAAAACCTTTATACCTGTAGGAATCCCTATAATCATAGTCACTGAACTAAAAAATATAGCAGTCAAATAATCTAA
ACCAACCATAAACATATGATGGGCTCAAACTACACTTCCTAAGCAAACTATCGAAGCCATAGCACAAATCAATCCATAAT
ACCCAAACGATGAATCATTATTACTTATCCTCATACATATATGACTAACTATTCCAAATCCAGGTAAAATTAAAACATACAC
CTCAGGATGAC

Schistosoma haematobium from Tanzania haplogroup G1 mitochondrion, partial genome	Schistosoma ha...	1044	1044	100%	0.0	99.31%	15315	MK253577.1

>

Asmit1

TGGATTGGAATAGTTAGTCTATATGTATGAGGATAAGTAATAATGATTCATCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCTATGG
CTTCGATAGTTTGCTTAGGAAGTGTAGTTTGAGCCCATCATATGTTTATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTTTTTAG
TTCAGTGACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGGTTTTTTCTTGATTATATATGCTTAAAAGCTGTGGGTCTCGTGT
ATGAGATCCTATAGTTTGATGATTGGTTGGTTTTATATTTTTATTTACGATAGGTGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAGCTTCT
TCATTAGATATATTATTTCATGATACTTGATTTGTTGTTGCTCATTTTCATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATAGAAGTGTAGT
AATAATGTTATTATGGTGATGGCCTTTTATAATTGGTTACAGTATTAATAAGTATTTATTGCAGGGTCATTGATTATTATCAATG
GTTGGGTTTAATCTTTGTTTTTTTCCTATGCCATTA

>Sh

ATACCTGTAACCATTATAAAAGGCCTCACCATAATAACATTATTACTACACTTCTATAAGAACCTAAAGAAAGAACATAATGAA
AATGAGCAACAACAAATCAAGTATCATGAAATAATATATCTAATGAAGAAGCTGATAAAGCTATACCAGTAACACCACCTATCG
TAAATAAAAATATAAAACCAACCAATCATCAAACTATAGGATCTCATACACGAGACCCACAGCTTTTAAGCATATATAATCAAG
AAAAAACCTTTATACCTGTAGGAATCCCTATAATCATAGTCACTGAACTAAAAAATATAGCAGTCAAATAATCTAAACCAACCA
TAAACATATGATGGGCTCAAACTACACTTCCTAAGCAAACTATCGAAGCCATAGCACAAATCAATCCATAATACCCAAACGAT
GAATCATTATTACTTATCCTCATACATATATGACTAACTATTCCAAATCCAGGTAAAATTAAAACATACACCTCAGGATGAC

Couple Asmit1 – Sb CONSENSUS :

GTCATCCTGAGGTGTATGTTTTAATTTTACCTGGATTGGAATAGTTAGTCATATATGTATGAGGATAAGTAATAATGATTCAT
CGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCTATGGCTTCGATAGTTTGCTTAGGAAGTGTAGTTTGAGCTCATCATATGTTTAT
GGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTTTTTAGTTCAGTGACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGGTTTTTT
CTTGATTATATATGCTTAAAAGCTGTGGKTAC

Schistosoma haematobium x Schistosoma bovis isolate BK17_NS2.1 cytochrome c oxidase subunit I (CO...	Schistosoma ha...	499	499	98%	5e-137	99.28%	487	MT579427.1

>Asmit1

TGGATTGGAATAGTTAGTCTATATGTATGAGGATAAGTAATAATGATTCATCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCTATGG
CTTCGATAGTTTGCTTAGGAAGTGTAGTTTGAGCCCATCATATGTTTATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTTTTTAG
TTCAGTGACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGGTTTTTTCTTGATTATATATGCTTAAAAGCTGTGGGTCTCGTGT
ATGAGATCCTATAGTTTGATGATTGGTTGGTTTTATATTTTTATTTACGATAGGTGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAGCTTCT
TCATTAGATATATTATTTCATGATACTTGATTTGTTGTTGCTCATTTTCATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATAGAAGTGTAGT
AATAATGTTATTATGGTGATGGCCTTTTATAATTGGTTACAGTATTAATAAGTATTTATTGCAGGGTCATTGATTATTATCAATG
GTTGGGTTTAATCTTTGTTTTTTTCCTATGCCATTA

>Sb

GTAGRAATCCCTATAATCATAGTCACTGAACTAAAAAATATAGCAGTCAAATAATCTAAACCAACCATAAACATATGATGAGC
TCAAACTACACTTCCTAAGCAAACWATCGARGCCATAGCACAAATCAWTCCATAATACCCAAACGATGAATCATTATTACTT
ATCCTCATACATATATGACTAACTATTCCAAATCCAGGTAAAATTAAAACATACACCTCAGGATGAC

Amorces ITS :

Couple ITSF – ITSR CONSENSUS :

AAAAATATATAATGATGCATGCACCTGGCTTCTTGCTGGACTGTATGTACCCTGGCTTGGTGGTTATTACCCTAGGCTTCA
GTGGTTGATATTTTCTTGACCGGGGTACCTAGCCTGTCGTATGCCCTGATGGTGTTCTCGTAACTTTCGGGTTGCCTGATC
TGCCAAGGGCGATGGGACAGTGCATGACGCTATTGTTGTGTGCTAGGTTCAAAGAGAATTGTATGCTATATGCATGCAAA

TCCGCCCCGTTATTGTTCCTATTTCAAACTTTTACACTGTTGAAGCGATCCGGTTTGGCTTGCCATTCACGGGTTTGCTGC
CTGGCATGCACCTGGCTTCGTGCTGGACTGCATGTACGCTGGCTTAGCGGTAAATATCCTAGGCTGCAGCGTTAACCATT
AGTTCTATGCATTTGGGAAACCAATGTATGGGATTATTGGCGTACAACTTTGAGCGGTGGATCACTCGGCTCGTGTGTCG
ATGAAGAGTGCAGCCAACTGTGTGAATTAATGTGAACTGCATACTGCTTTGAACATCGACATCTTGAACGCATATTGCGG
CTACGGGATATCCTGTGGCCACGCCTGTCCGAGGGTCGGCTTTTCATCTATCACGGCGCACATTGAGTCGTGGATTGGGC
GAGTGCCTGCCGGCGTGTATACCCGCATATCAACGCGGGTTGCTGGTCGAAGGCTCCGTCCTAATAGTCCGGCCACAGC
CTAGTCCGGTCTAGATGACTTGATCGAGATGCTGCGGTGGGTTGTGCTCGAGTCGTGGCTTAATGACATTATACGCGCTC
GGGAAGAATCGCACCTATCGTACGCTACGTCGGTCACTTGATCTTGTCTCTATAGTTCGGTCTACGGTTTGTACCGATGGT
GTGTTAATACGCACGA

☑ Schistosoma haematobium x Schistosoma bovis voucher RT15_Ye1-10.6 internal transcribed spacer ...	Schistosoma h...	1642	1642	99%	0.0	99.67%	927	MT580957.1

>ITSF

AAAAATATATAATGATGCATGCACCTGGCTTCTTGCTGGACTGTATGTACCCTGGCTTGGTGGTTATTACCCTAGGCTTCAGT
GGTTGATATTTTCTTGACCGGGGTACCTAGCCTGTCGTATGCCCTGATGGTGTTCTCGTAACTTTCGGGTTGCCTGATCTGCC
AAGGGCGATGGGACAGTGCATGACGCTATTGTTGTGTGCTAGGTTCAAAGAGAATTGTATGCTATATGCATGCAAATCCGCC
CCGTTATTGTTCCTATTTCAAACTTTTACACTGTTGAAGCGATCCGGTTTGGCTTGCCATTCACGGGTTTGCTGCCTGGCATG
CACCTGGCTTCGTGCTGGACTGCATGTACGCTGGCTTAGCGGTAAATATCCTAGGCTGCAGCGTTAACCATTAGTTCTATGC
ATTTGGGAAACCAATGTATGGGATTATTGGCGTACAACTTTGAGCGGTGGATCACTCGGCTCGTGTGTCGATGAAGAGTGC
AGCCAACTGTGTGAATTAATGTGAACTGYATACTGCTTTGAACATCGACATCTTGAACGCATATTGCGGCTACGGGATATCC
TGTGGCCACGCCTGTCCGAGGGTCGGC

>ITSR

TCGTGCGTATTAACACACCATCGGTACAAACCGTAGACCGAACTATAGAGACAAGATCAAGTGACCGACGTAGCGTACGAT
AGGTGCGATTCTTCCCGAGCGCGTATAATGTCATTAAGCCACGACTCGAGCACAACCCACCGCAGCATCTCGATCAAGTCA
TCTAGACCGGACTAGGCTGTGGCCGGACTATTAGGACGGAGCCTTCGACCAGCAACCCGCGTTGATATGCGGGTATACACG
CCGGCAGGCACTCGCCCAATCCACGACTCAATGTGCGCCGTGATAGATGAAAAGCCGACCCTCGGACAGGCGTGGCCACA
GGATATCCCGTAGCCGCAATATGCGTTCAAGATGTCGATGTTCAAAGCAGTATGCAGTTCACATTAATTCACACAGTTGGCT
GCACTCTTCATCGACACACGAGCCGAGTGATCCACCGCTCAAAGTTGTACGCCAATAATCCCATACATTGGTTTCCCAAATG
CATAGAACTAATGGTTAACGCTGCAGCCTAGGATATTTACCGCTAAGCCAGCGTACATGCAGTCCAGCACGAAGCCAGGTG
CATGCCAGGCAGCAAACCCGTGAATGGCAAGCCAAACCGGATCGCTTCACAGTGTAAAAGTTTGAAATAGGAACATAACG
GGGCGGATTTGCATGCA

Couple ITS4 – ITS5 CONSENSUS :

CTGATCCGAGGTCGGGTCAATTATACAATTCGTGCGTATTACACACACCATCGGTACAAACCGTAGACCGAACCATAGAG
ACAAGATCAAGTGACCAACGTAGCGTACGATAGGTGCGATTCTTCCCGAGCGCGTATAATGTCATTAAGCCACGACTCG
AGCACAACCCACCGCAGCATCTCGATCAAGTCATCTAGACCGGACTAGGCTGTGGCCGGACTATTAGGACGGAGCCTTC
GACCAGCAACCCGCGTTGATATGCGGGTATACACGCCGGCAGGCACTCGCCCAATCCACGACTCAATGTGCGCCGTGAT
AGATGAAAAGCCGACCCTCGGACAGGCGTGGCCACAGGATATCCCGTAGCCGCAATATGCGTTCAAGATGTCGATGTTC
AAAGCAGTATGCAGTTCACATTAATTCACACAGTTGGCTGCACTCTTCATCGACACACGAGCCGAGTGATCCACCGCTC
AAAGTTGTACGCCAATAATCCCATACATTGGTTTCCCAAATGCATAGAACTAATGGTTAACGCTGCAGCCTAGGATATTTA
CCGCTAAGCCAGCGTACATGCAGTCCAGCACGAAGCCAGGTGCATGCCAGGCAGCAAACCCGTGAATGGCAAGCCAA
ACCGGATCGCTTCAACAGTGTAAAAGTTTGAAATAGGAACAATAACGGGGCGGATTTGCATGCATATAGCATACAATTCT
CTTTGAACCTAGCACACAACAATAGCGTCATGCACTGTCCCATCGCCCTTGGCAGATCAGGCAACCCGAAAGTTACGAG
AACACCATCAGGGCATACGACAGGCTAGGTACCCCGGTCAAGAAAATATCAACCACTGAAGCCTAGGGTAATAACCACC
AAGCCAGGGTACATACAGTCCAGCAAGAAGCCAGGTGCATGCATCATTATATATTTTTGGGTTATATAATATC

☑ Schistosoma haematobium x Schistosoma bovis isolate KU10_Hs_Profile8 small subunit ribosomal ...	Schistosoma h...	1725	1725	100%	0.0	99.58%	983	MW027655.1

>ITS4

CTGATCCGAGGTCGGGTCAATTATACAATTCGTGCGTATTACACACACCATCGGTACAAACCGTAGACCGAACCATAGAGA
CAAGATCAAGTGACCAACGTAGCGTACGATAGGTGCGATTCTTCCCGAGCGCGTATAATGTCATTAAGCCACGACTCGAGC
ACAACCCACCGCAGCATCTCGATCAAGTCATCTAGACCGGACTAGGCTGTGGCCGGACTATTAGGACGGAGCCTTCGACCA
GCAACCCGCGTTGATATGCGGGTATACACGCCGGCAGGCACTCGCCCAATCCACGACTCAATGTGCGCCGTGATAGATGAA
AAGCCGACCCTCGGACAGGCGTGGCCACAGGATATCCCGTAGCCGCAATATGCGTTCAAGATGTCGATGTTCAAAGCAGTA
TGCAGTTCACATTAATTCACACAGTTGGCTGCACTCTTCATCGACACACGAGCCGAGTGATCCACCGCTCAAAGTTGTACG
CCAATAATCCCATACATTGGTTTCCCAAATGCATAGAACTAATGGTTAACGCTGCAGCCTAGGATATTTACCGCTAAGCCAGC
GTACATGCAGTCCAGCACGAAGCCAGGTGCATGCCAGGCAGCAAACCCGTGAATGGCAAGCCAAACCGGATCGCTTCAA
CAGTGTAAAAGTTTGAAATAGGAACAATAACGGG

>ITS5

GATATTATATAACCCAAAAATATATAATGATGCATGCACCTGGCTTCTTGCTGGACTGTATGTACCCTGGCTTGGTGGTTATTA
CCCTAGGCTTCAGTGGTTGATATTTTCTTGACCGGGGTACCTAGCCTGTCGTATGCCCTGATGGTGTTCTCGTAACTTTCGGG
TTGCCTGATCTGCCAAGGGCGATGGGACAGTGCATGACGCTATTGTTGTGTGCTAGGTTCAAAGAGAATTGTATGCTATATG
CATGCAAATCCGCCCCGTTATTGTTCCTATTTCAAACTTTTACACTGTTGAAGCGATCCGGTTTGGCTTGCCATTCACGGGTT
TGCTGCCTGGCATGCACCTGGCTTCGTGCTGGACTGCATGTACGCTGGCTTAGCGGTAAATATCCTAGGCTGCAGCGTTAAC
CATTAGTTCTATGCATTTGGGAAACCAATGTATGGGATTATTGGCGTACAACTTTGAGCGGTGGATCACTCGGCTCGTGTGT
CKATGAAGARTGCAGCCAACTGTGTGAATTAATGTGAACTG

Patient 9 : Schistosoma haematobium

Amorces COX :

Couple Asmit-Schisto 3' CONSENSUS :

GTCATCCTGAGGTGTATGTTTTAATTTTACCTGGATTTGGAATAGTTAGTCATATATGTATGAGGATAAGTAATAATGATTCA
TCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCTATGGCTTCGATAGTTTGCTTAGGAAGTGTAGTTTGAGCCCATCATATGTTTA
TGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTTTTTAGTTCAGTGACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGGTTTTT
TCTTGATTATATATGCTTAAAAGCTGTGGGTCTCGTGTATGAGATCCTATAGTTTGATGATTGGTTGGTTTTATATTTTTATTT

ACGATAGGTGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAGCTTCTTCATTAGATATATTATTTCATGATACTTGATTTGTTGTTGCTCA
TTTTCATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATAGAAGTGTAGTAATAATGTTATTATGGTGATGGCCTTTTATAATTGGTTACA
GTATTAATAAGTATTTATTGCAGGGTCATTGATTATTATCAATGGTTGGGTTTAATCTTTGTTTTTTTCCTATGCATTA

Schistosoma haematobium from Tanzania haplogroup G1 mitochondrion, partial genome	Schistosoma ha...	1061	1061	100%	0.0	99.83%	15315	MK253577.1

>Asmit1

TTACCTGGTTTGGAATAGTTAGTCTATATGTATGAGGATAAGTAATAATGATTCATCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCT
ATGGCTTCGATAGTTTGCTTAGGAAGTGTAGTTTGAGCCCATCATATGTTTATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTT
TTTAGTTCAGTGACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGGTTTTTTCTTGATTATATATGCTTAAAAGCTGTGGGTCT
CGTGTATGARATCCTATAGTTTGATGATTGGTTGGTTTTATATTTTTATTTACGATAGGTGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAG
CTTCTTCATTAGATATATTATTTCATGATACTTGATTTGTTGTTGCTCATTTTCATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATAGAAGT
GTAGTAATAATGTTATTATGGTGATGGCCTTTTATAATTGGTTACAGTATTAATAAGTATTTATTGCAGGGTCATTGATTATTATC
AATGGTTGGGTTTAATCTTTGTTTTTTTCCTATGCATTA

>Schisto 3'

TGATAATAATAATGACCCTGCAATAAATACTTATTAATACTGTAACCAATTATAAAAGGCCATCACCATAATAACATTATTACTA
CACTTCTATAAGAACCTAAAGAAAGAACATAATGAAAATGAGCAACAACAAATCAAGTATCATGAAATAATATATCTAATGA
AGAAGCTGATAAAGCTATACCAGTAACACCACCTATCGTAAATAAAAATATAAAACCAACCAATCATCAAACTATAGGATCT
CATACACGAGACCCACAGCTTTTAAGCATATATAATCAAGAAAAAACCTTTATACCTGTAGGAATCCCTATAATCATAGTCAC
TGAACTAAAAAATATAGCAGTCAAATAATCTAAACCAACCATAAACATATGATGGGCTCAAACTACACTTCCTAAGCAAACT
ATCGAAGCCATAGCACAAATCAATCCATAATACCCAAACGATGAATCATTATTACTTATCCTCATACATATATGACTAACTATT
CCAAATCCAGGTAAAATTAAAACATACACCTCAGGATGAC

Couple Asmit1 – Sh CONSENSUS :

GTCATCCTGAGGTGTATGTTTTAATTTTACCTGGATTTGGAATAGTTAGTCATATATGTATGAGGATAAGTAATAATGATTCA
TCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCTATGGCTTCGATAGTTTGCTTAGGAAGTGTAGTTTGAGCCCATCATATGTTTA
TGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTTTTTAGTTCAGTGACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGGTTTTT
TCTTGATTATATATGCTTAAAAGCTGTGGGTCTCGTGTATGAGATCCTATAGTTTGATGATTGGTTGGTTTTATATTTTTATTT
ACGATAGGTGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAGCTTCTTCATTAGATATATTATTTCATGATACTTGATTTGTTGTTGCTCA
TTTTCATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATAGAAGTGTAGTAATAATGTTATTATGGTGATGGCCTTTTATAATTGGTTACA
GGTATTAATAASTATTTATTGCASGGTCATTGATTATC

Schistosoma haematobium from Tanzania haplogroup G1 mitochondrion, partial genome	Schistosoma ha...	968	968	99%	0.0	99.25%	15315	MK253577.1

>Asmit1

TTACCTGGTTTGGAATAGTTAGTCTATATGTATGAGGATAAGTAATAATGATTCATCGTTTGGGTATTATGGATTGATTTGTGCT
ATGGCTTCGATAGTTTGCTTAGGAAGTGTAGTTTGAGCCCATCATATGTTTATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTT
TTTAGTTCAGTGACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGGTTTTTTCTTGATTATATATGCTTAAAAGCTGTGGGTCT
CGTGTATGAGATCCTATAGTTTGATGATTGGTTGGTTTTATATTTTTATTTACGATAGGTGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAG
CTTCTTCATTAAATATATTATTTCATGATACTTGATTTGTTGTTGCTCATTTTCATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATAGAAGT
GTAGTAATAATGTTATTATGGTGATGGCCTTTTATAATTGGTTACAGTATTAATAASTATTTATTGCASGGTCATTGATTATC

>Sh

ATACCTGTAACCATTATAAAAGGCCTCACCATAATAACATTATTACTACACTTCTATAAGAACCTAAAGAAAGAACATAATGA
AAATGAGCAACAACAAATCAAGTATCATGAAATAATATATCTAATGAAGAAGCTGATAAAGCTATACCAGTAACACCACCTA
TCGTAAATAAAAATATAAAACCAACCAATCATCAAACTATAGGATCTCATACACGAGACCCACAGCTTTTAAGCATATATAAT
CAAGAAAAAACCTTTATACCTGTAGGAATCCCTATAATCATAGTCACTGAACTAAAAAATATAGCAGTCAAATAATCTAAAC
CAACCATAAACATATGATGGGCTCAAACTACACTTCCTAAGCAAACTATCGAAGCCATAGCACAAATCAATCCATAATACCC
AAACGATGAATCATTATTACTTATCCTCATACATATATGACTAACTATTCCAAATCCAGGTAAAATTAAAACATACACCTCAGG
ATGAC

Amorces ITS :

Couple ITSF – ITSR CONSENSUS :

TTATATAACCCAAAAATATATAATGATGCATGCACCTGGCTTCTTGCTGGACTGTATGTACCCTGGCTTGGTGGTTATTACC
CTAGGCTTCAGTGGTTGATATTTTCTTGACCGGGGTACCTAGCCTGTCGTATGCCCTGATGGTGTTCTCGTAACTTTCGGG
TTGCCTGATCTGCCAAGGGCGATGGGACAGTGCATGACGCTATTGTTGTGTGCTAGGTTCAAAGAGAATTGTATGCTATA
TGCATGCAAATCCGCCCCGTTATTGTTCCTATTTCAAACTTTTACACTGTTGAAGCGATCCGGTTTGGCTTGCCATTCACG
GGTTTGCTGCCTGGCATGCACCTGGCTTCGTGCTGGACTGCATGTACGCTGGCTTAGCGGTAAATATCCTAGGCTGCAGC
GTTAACCATTAGTTCTATGCATTTGGGAAACCAATGTATGGGATTATTGGCGTACAACTTTGAGCGGTGGATCACTCGGCT
CGTGTGTCGATGAAGAGTGCAGCCAACTGTGTGAATTAATGTGAACTGCATACTGCTTTGAACATCGACATCTTGAACG
CATATTGCGGCTACGGGATATCCTGTGGCCACGCCTGTCCGAGGGTCGGCTTTTCATCTATCACGGCGCACATTGAGTCG
TGGATTGGGCGAGTGCCTGCCGGCGTGTATACCCGCATATCAACGCGGGTTGCTGGTCGAAGGCTCCGTCCTAATAGTCC
GGCCACAGCCTAGTCCGGTCTAGATGACTTGATCGAGATGCTGCGGTGGGTTGTGCTCGAGTCGTGGCTTAATGACATTA
TACGCGCTCGGGAAGAATCGCACCTATCGTACGCTACGTTGGTCACTTGATCTTGTCTCTATGGTTCGGTCTACGGTTTGT
ACCGATGGTGTSTKTTTTCGCACGAATTGTATAA

Schistosoma haematobium isolate KE14_26 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; int...	Schistosoma h...	1670	1670	100%	0.0	99.35%	946	MT158873.1

>ITSF

TTATATAACCCAAAAATATATAATGATGCATGCACCTGGCTTCTTGCTGGACTGTATGTACCCTGGCTTGGTGGTTATTACCCT
AGGCTTCAGTGGTTGATATTTTCTTGACCGGGGTACCTAGCCTGTCGTATGCCCTGATGGTGTTCTCGTAACTTTCGGGTTG
CCTGATCTGCCAAGGCGATGGGACAGTGCATGACGCTATTGTTGTGTGCTAGGTTCAAAGAGAATTGTATGCTATATGCATG
CAAATCCGCCCCGTTATTGTTCCTATTTCAAACTTTTACACTGTTGAAGCGATCCGGTTTGGCTTGCCATTCACGGGTTTGCT
GCCTGGCATGCACCTGGCTTCGTGCTGGACTGCATGTACGCTGGCTTAGCGGTAAATATCCTAGGCTGCAGCGTTAACCATT
AGTTCTATGCATTTGGGAAACCAATGTATGGGATTATTGGCGTACAACTTTGAGCGGTGGATCACTCGGCTCGTGTGTCGAT
GAAGAGTGCAGCCAACTGTGTGAATTAATGTGAACTGCATACTGCTTTGAACATCGACATCTTGAACGCATATTGCGGCTAC
GGGATATCCTGTGGCCACGCCTGTCCGAGGGTCGGCTTTTCATCTATCACGGCGCACATTGAGTCGTGATT

>ITSR

TTATACAATTCGTGCGAAAAMASACACCATCGGTACAAACCGTAGACCGAACCATAGAGACAAGATCAAGTGACCAACGT
AGCGTACGATAGGTGCGATTCTTCCCGAGCGCGTATAATGTCATTAAGCCACGACTCGAGCACAACCCACCGCAGCATCTC
GATCAAGTCATCTAGACCGGACTAGGCTGTGGCCGGACTATTAGGACGGAGCCTTCGACCAGCAACCCGCGTTGATATGCG
GGTATACACGCCGGCAGGCACTCGCCCAATCCACGACTCAATGTGCGCCGTGATAGATGAAAAGCCGACCCTCGGACAGG
CGTGGCCACAGGATATCCCGTAGCCGCAATATGCGTTCAAGATGTCGATGTTCAAAGCAGTATGCAGTTCACATTAATTCAC
ACAGTTGGCTGCACTCTTCATCGACACACGAGCCGAGTGATCCACCGCTCAAAGTTGTACGCCAATAATCCCATACATTGG
TTTCCCAAATGCATAGAACTAATGGTTAACGCTGCAGCCTAGGATATTTACCGCTAAGCCAGCGTACATGCAGTCCAGCACG
AAGCCAGGTGCATGCCAGGCAGCAACCCGTGAATGGCAAGCCAAACCGGATCGCTTCACAGTGTAAAAGTTTGAAATAGG
AACAATAACGGGGCGGATTGCATGCATATAGCATACA

Couple ITS4 – ITS5 :

>ITS5

CTGATCCGgGTcGGGTaATTATACAATTCGTGCGTATTACACACACCATCGGTACAAACCGTAGACCGAACCATAGAGACAAG
ATCAAGTGACCAACGTAGCGTACGATAGGTGCGATTCTTCCCGAGCGCGTATAATGTCATTAAGCCACGACTCGAGCACAA
CCCACCGCAGCATCTCGATCAAGTCATCTAGACCGGACTAGGCTGTGGCCGGACTATTAGGACGGAGCCTTCGACCAGCAA
CCCGCGTTGATATGCGGGTATACACGCCGGCAGGCACTCGCCCAATCCACGACTCAATGTGCGCCGTGATAGATGAAAAGC
CGACCCTCGGACAGGCGTGGCCACAGGATATCCCGTAGCCGCAATATGCGTTCAAGATGTCGATGTTCAAAGCAGTATRCA
GTTCACATTAATTCACACAGTTGGCTGCACTCTTCATCGACACACGAGCCGAGTGATCCACCGCTCAAAGTTGTACGCCAA
TAATCCCATACATTGGTTTCCCAAATGCATAGAACTAATGGTTAACGCTGAAGCCTAGGATATTTACCGCTAAGCCAGCGTAC
ATGCAGTCCAGCACGAAGCCAGGTGCATGCCAGGCAGCAAACCCGTGAATGGCAAGCCAAACCSGATCGCTTCAACAGTG
TAAAAGTTTGAAAWAGGAACCA

Schistosoma haematobium x Schistosoma bovis isolate KU5_Hs_Profile10 small subunit ribosomal RNA gene...	Schistosoma ha...	1208	1208	99%	0.0	99.11%	982	MW027657.1

>ITS4

CTGATCCGRGTCGGGTCATTATACAATTCGTGCGTATTACACACACCATCGGTACAAACCGTAGACCGAACCATAGAGACAA
GATCAAGTGACCAACGTAGCGTACGATAGGTGCGATTCTTCCCGAGCGCGTATAATGTCATTAAGCCACGACTCGAGCACA
ACCCACCGCAGCATCTCGATCAAGTCATCTAGACCGGACTAGGCTGTGGCCGGACTATTAGGACGGAGCCTTCGACCAGCA
ACCCGCGTTGATATGCGGGTATACACGCCGGCAGGCACTCGCCCAATCCACGACTCAATGTGCGCCGTGATAGATGAAAAG
CCGACCCTCGGACAGGCGTGGCCACAGGATATCCCGTAGCCGCAATATGCGTTCAAGATGTCGATGTTCAAAGCAGTATGC
AGTTCACATTAATTCACACAGTTGGCTGCACTCTTCATCGACACACGAGCCGAGTGATCCACCGCTCAAAGTTGTACGCCA
ATAATCCCATACATTGGTTTCCCAAATGCATAGAACTAATGGTTAACGCTGCAGCCTAGGATATTTACCGCTAAGCCAGCGTA
CATGCAGTCCAGCACGAAGCCAGGTGCATGCCAGCAGCAAACCCGTGAATGGCAAGCCAAACCGGATCGCTTCACAGTGT
AAAAGTTTGAAATAGGAACAATAACGGGGCGGATTTGCATGCATATAGCATACAATTCTCTTTGACTAG

Schistosoma haematobium isolate Mwenje_BGL_7 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; inter...	Schistosoma ha...	1293	1293	99%	0.0	99.17%	985	MT884914.1
Schistosoma haematobium x Schistosoma bovis isolate KU5_Hs_Profile10 small subunit ribosomal RNA gene...	Schistosoma ha...	1290	1290	99%	0.0	99.03%	982	MW027657.1
Schistosoma haematobium x Schistosoma bovis isolate KU10_Hs_Profile8 small subunit ribosomal RNA gene...	Schistosoma ha...	1290	1290	99%	0.0	99.03%	983	MW027655.1

Patient 10 : Schistosoma haematobium

Amorces COX :

Couple ShND1_1 - ShND2_1 :

>ShND1_1

TTTATTTATTTGATAATAGTAGAATTATTAGGTGTAATAATAATAAAAGCTTAAGTGTAGGTATAATTTATATTGTAATATTAATG
TTATCTATTTTTCTTATAATTTAGTAGTTGTACGAGGAGAAAATGCATTTGAGTAAAGTCCAGATAGTATAATAAAGATAGTAA
AAACTTAGTGTTGCAGCATATTTTGTTTTGGTCAAAAGGGTGGTTTAGTTGATACCAGTTTTTAAATAGTGTAAATTAATTGT
ATAGTAAGCTGTAAAGGTGGCTGATAGTAGCTTAAGAATCAAAGCATAAGACTCTTAATCTTAGTATGTTATAGATATGAACC
TATTAGCACAGTTGAATTAGGCTATCACTAGGTGCATAGTTAAGTTGATAAATAAAAAATGTTTAAATTAAGTTCAGCATTATT
AACAGTTATATTTTTAGTATTATTACCAGTTATATTAACTCATTATAATGTTTTTGGAGTTAAGAGTTTAAGGGGTAATCATTAT
AGTAATATATCAGAATGATATTCAAGGTTTG

Schistosoma haematobium from Niger haplogroup G1 mitochondrion, partial genome	Schistosoma ha...	990	990	100%	0.0	100.00%	15819	MK253578.1

>ShND2_1

TTATTTATTAACTTTATAAAATCGCAAACCTTTGTAATAGTCCCATAATACCAACCTTTTTAGGTCCCTTGCGTAATTGTATATA
TGACAAGACCTTACGCTCACTCATTATATAAAAAGCTACTAATAATAAAGTCATTATTAAACTCTCGATTCTTAAAACTAACT
CTAACATATACATACTATTATACATTTAAATTAACTAAATCTAATATCAAATACTATGGTATATCATTATACTAAATCTTCATACA
CTGACTATAAACAATCTAATCACCAAAAGCATGACAAACTTTTATTCTTCATAAACTAAGTGCATATTCTCAATATGTATATAT
GAATATTCCTAACTACTTATTTAATTCACCTTACATAACCTAACTTAAGTTCTACCATGTAACCAAAAAACAACAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAACCCCCAAAGGGTTTAATWCCTTTTCCCMCCGAAAACTATTTTTAAAAAAAACAATTTTTTWAAWCCAA
AGCCTCCAAATAATTTTAAWRR

Schistosoma haematobium from Niger haplogroup G1 mitochondrion, partial genome	Schistosoma ha...	811	811	99%	0.0	94.62%	15393	MK253567.1

Amorces ITS :

Couple ITSF – ITSR CONSENSUS :

CGTATGCCCTGATGGTGTTCTCGTAACTTTCGGGTTGCCTGATCTGCCAAGGGCGATGGGACAGTGCATGACGCTATTGT
TGTGTGCTAGGTTCAAAGAGAATTGTATGCTATATGCATGCAAATCCGCCCCGTTATTGTTCCTATTTCAAACTTTTACACT
GTTGAAGCGATCCGGTTTGGCTTGCCATTCACGGGTTTGCTGCCTGGCATGCACCTGGCTTCGTGCTGGACTGCATGTAC
GCTGGCTTAGCGGTAAATATCCTAGGCTGCAGCGTTAACCATTAGTTCTATGCATTTGGGAAACCAATGTATGGGATTATT
GGCGTACAACTTTGAGCGGTGGATCACTCGGCTCGTGTGTCGATGAAGAGTGCAGCCAACTGTGTGAATTAATGTGAAC
TGCATACTGCTTTGAACATCGACATCTTGAACGCATATTGCGGCTACGGGATATCCTGTGGCCACGCCTGTCCGAGGGTC
GGCTTTTCATCTATCACGGCGCACATTGAGTCGTGGATTGGGCGAGTGCCTGCCGGCGTGTATACCCGCATATCAACGCG

GGTTGCTGGTCGAAGGCTCCGTCCTAATAGTCCGGCCACAGCCTAGTCCGGTCTAGATGACTTGATCGAGATGCTGCGG
TGGGTTGTGCTCGAGTCGTGGCTTAATGACATTATACGCGCTCGGGAAGAATCGCACCTATCGTACGCTACGTTGGTCAC
TTGATCTTGTCTCTATGGTTCGGTCTACGGTTTGTACCGATGGTGTGTGTAATACGCACGAATTGTA

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
☑	Schistosoma haematobium voucher RT16_NW51.3 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8...	Schistosoma h...	1456	1456	100%	0.0	100.00%	927	MT580959.1
☑	Schistosoma haematobium x Schistosoma bovis voucher RT15_Ye1-10.6 internal transcribed spacer 1, ...	Schistosoma h...	1456	1456	100%	0.0	100.00%	927	MT580957.1
☑	Schistosoma haematobium x Schistosoma bovis voucher BK17_FH21.6 internal transcribed spacer 1, p...	Schistosoma h...	1456	1456	100%	0.0	100.00%	927	MT580955.1
☑	Schistosoma haematobium voucher BK17_LLod1.2 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8...	Schistosoma h...	1456	1456	100%	0.0	100.00%	927	MT580954.1
☑	Schistosoma haematobium voucher BK17_BB7.2 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S r...	Schistosoma h...	1456	1456	100%	0.0	100.00%	927	MT580953.1
☑	Schistosoma haematobium x Schistosoma bovis isolate DK23_5 small subunit ribosomal RNA gene, pa...	Schistosoma h...	1456	1456	100%	0.0	100.00%	946	MT158878.1

>ITS F

AAAATATATAATGATGCATGCACCTGGCTTCTTGCTGGACTGTATGTACCCTGGCTTGGTGGTTATTACCCTAGGCTTCAGTG
GTTGATATTTTCTTGACCGGGGTACCTAGCCTGTCGTATGCCCTGATGGTGTTCTCGTAACTTTCGGGTTGCCTGATCTGCCA
AGGGCGATGGGACAGTGCATGACGCTATTGTTGTGTGCTAGGTTCAAAGAGAATTGTATGCTATATGCATGCAAATCCGCCC
CGTTATTGTTCCTATTTCAAACTTTTACACTGTTGAAGCGATCCGGTTTGGCTTGCCATTCACGGGTTTGCTGCCTGGCATGC
ACCTGGCTTCGTGCTGGACTGCATGTACGCTGGCTTAGCGGTAAATATCCTAGGCTGCAGCGTTAACCATTAGTTCTATGCAT
TTGGGAAACCAATGTATGGGATTATTGGCGTACAACTTTGAGCGGTGGATCACTCGGCTCGTGTGTCGATGAAGAGTGCAG
CCAACTGTGTGAATTAATGTGAACTGCATACTGCTTTGAACATCGACATCTTGAACGCATATTGCGGCTACGGGATATCCTG
TGGCCACGCCTGTCCGAGGGTCGGC

>ITS R

TACAATTCGTGCGTATTACACACACCATCGGTACAAACCGTAGACCGAACCATAGAGACAAGATCAAGTGACCAACGTAGC
GTACGATAGGTGCGATTCTTCCCGAGCGCGTATAATGTCATTAAGCCACGACTCGAGCACAACCCACCGCAGCATCTCGATC
AAGTCATCTAGACCGGACTAGGCTGTGGCCGGACTATTAGGACGGAGCCTTCGACCAGCAACCCGCGTTGATATGCGGGTA
TACACGCCGGCAGGCACTCGCCCAATCCACGACTCAATGTGCGCCGTGATAGATGAAAAGCCGACCCTCGGACAGGCGTG
GCCACAGGATATCCCGTAGCCGCAATATGCGTTCAAGATGTCGATGTTCAAAGCAGTATGCAGTTCACATTAATTCACACAG
TTGGCTGCACTCTTCATCGACACACGAGCCGAGTGATCCACCGCTCAAAGTTGTACGCCAATAATCCCATACATGGTTTCCC
AAATGCATAGAACTAATGGTTAACGCTGCAGCCTAGGATATTTACCGCTAAGCCAGCGTACATGCAGTCCAGCACGAAGCC
AGGTGCATGCCAGCAGCAAACCCGTGAATGGCAAGCCAAACCGGATCGCTTCAACAGTGTAAAAGTTTGAAATAGGAACA
ATAACGGGGCGGATTTGCATGCATATAGCATACAACTTCTYTTTGACCT

Patient 11 : Schistosoma haematobium

Amorces COX :

Couple Asmit1 – Sh CONSENSUS :

AGGTGTATGTTTTAATTTTMCCTGGATTTGGAATAGTTAGTCTATATGTATGAGGATAAGTAATAATGATTCATCGTTTGAG
TATTATGGATTGATTTGTGCTATGGCTTCGATAGTTTGCTTAGGAAGTGTAGTTTGAGCCCATCATATGTTTATGGTTGGTT
TAGATTATTTGACTGCTATATTTTTTAGTTCAGTGACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGGTTTTTTCTTGATTA
TATATGCTTAAAAGCTGTGGGTCTCGTGTATGAGATCCTATAGTTTGATGATTGGTTGGTTTTATATTTTTATTTACGATAGG
TGGTGTTACTGGTATAGCTTTATCAGCTTCTTCATTAGATATATTATTTCATGATACTTGATTTGTTGTTGCTCATTTTCATTA
TGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATAGAAGTGTAGTAATAATGTTATTATGGTGAGGCCTTT

99,16 % MT579447.1

MT 579443.1

☑	Schistosoma haematobium isolate RT16.1_NdgR.5 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial c...	Schistosoma ha...	856	856	100%	0.0	99.16%	1005	MT579447.1
☑	Schistosoma haematobium x Schistosoma bovis isolate RT16_NG55.5 cytochrome c oxidase subunit I (C...	Schistosoma ha...	856	856	100%	0.0	99.16%	1005	MT579443.1

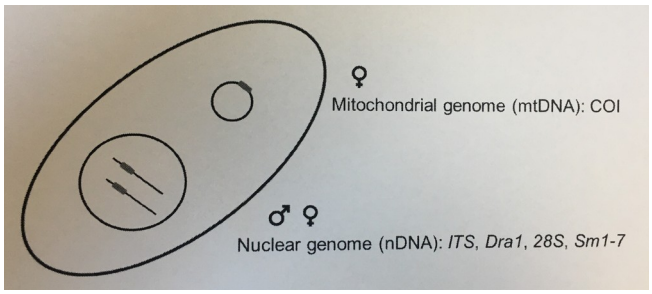
>Asmit1

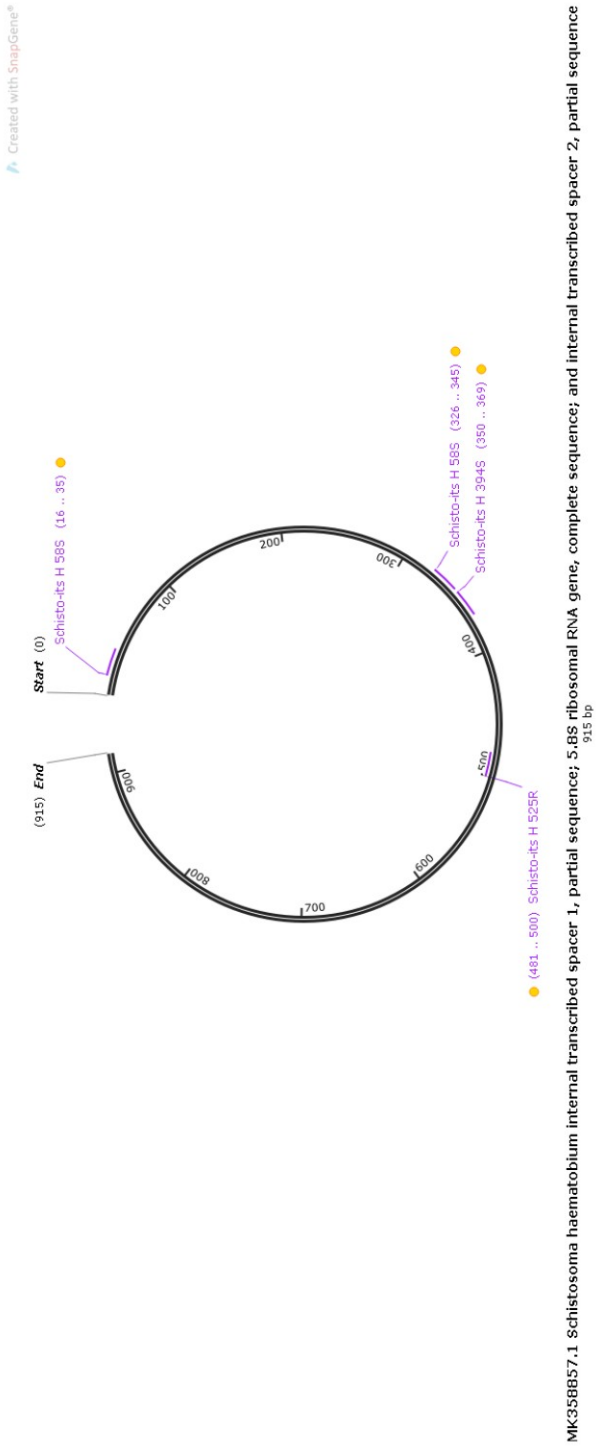
TGGTTTGGATAGTTAGTCTATATGTATGAGGATAAGTAATAATGATTCATCGTTTGAGTATTATGGATTGATTTGTGCTATGGCT
TCGATAGTTTGCTTAGGAAGTGTAGTTTGAGCCCATCATATGTTTATGGTTGGTTTAGATTATTTGACTGCTATATTTTTTAGTT
CAGTGACTATGATTATAGGGATTCCTACAGGTATAAAGGTTTTTTCTTGATTATATATGCTTAAAAGCTGTGGGTCTCGTGTAT
GAGATCCTATAGTTTGATGATTGGTTGGTTTTATATTTTTATTTACGATAGGTGGTGTTACTGGTATASCTTTATCAGCTTCTTC
ATTARATATATTATTTCATGATACTTGATTTGTTGTTGCTCATTTTCATTATGTTCTTTCTTTAGGTTCTTATARAAGTGTAGYAA
TAATGTTATTAT

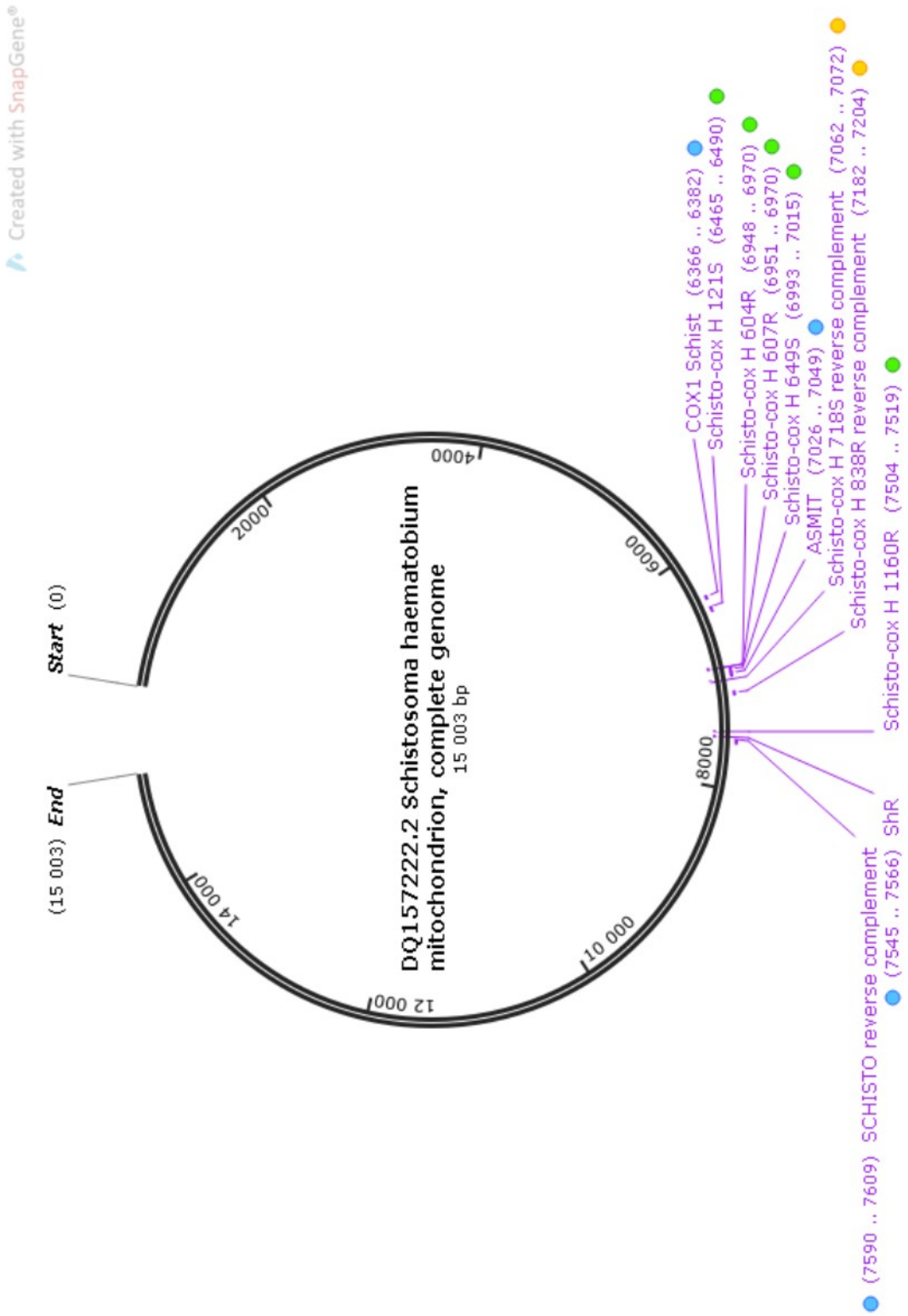
>Sh

AAAGGCCTCACCCAAAAACATTATTACTACACTTCTATAAGAACCTAAAGAAAGAACATAATGAAAATGAGCAACAACAAA
TCAAGTATCATGAAATAATATATCTAATGAAGAAGCTGATAAAGCTATACCAGTAACACCACCTATCGTAAATAAAAATATAA
AACCAACCAATCATCAAACTATAGGATCTCATACACGAGACCCACAGCTTTTAAGCATATATAATCAAGAAAAAACCTTTAT
ACCTGTAGGAATCCCTATAATCATAGTCACTGAACTAAAAAATATAGCAGTCAARTAATCTAAGCCAACCATAAACATATGAT
GGGCTCAAACTACACTTYCTAAGCAAACTATCGAAGCCATAGCACAAATCAATCCATAATACTCAAACGATGAATCATTATT
ACTTATCCTCATACATATATGACTAACTATTCCAAATCCAGGKAAAATTAAAACATACACCT

SCHÉMAS


♀
Mitochondrial genome (mtDNA): COI
♂ ♀
Nuclear genome (nDNA): *ITS*, *Dra1*, *28S*, *Sm1-7*


Created with SnapGene®
Start (0)
Schisto-its H 58S (16 .. 35)
(915) End
100
200
300
400
500
600
700
800
900
Schisto-its H 58S (326 .. 345)
Schisto-its H 394S (350 .. 369)
(481 .. 500) Schisto-its H 525R
MK358857.1 Schistosoma haematobium internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence
915 bp


Created with SnapGene®
Start (0)
(15 003) End
DQ157222.2 Schistosoma haematobium
mitochondrion, complete genome
15 003 bp
2000
4000
6000
8000
10 000
12 000
14 000
COX1 Schist (6366 .. 6382)
Schisto-cox H 121S (6465 .. 6490)
Schisto-cox H 604R (6948 .. 6970)
Schisto-cox H 607R (6951 .. 6970)
Schisto-cox H 649S (6993 .. 7015)
ASMIT (7026 .. 7049)
Schisto-cox H 718S reverse complement (7062 .. 7072)
Schisto-cox H 838R reverse complement (7182 .. 7204)
Schisto-cox H 1160R (7504 .. 7519)
ShR
(7590 .. 7609) SCHISTO reverse complement
(7545 .. 7566)

SERMENT DE GALIEN

Je jure, en présence de mes maîtres de la Faculté, des conseillers de l'Ordre des pharmaciens et de mes condisciples :

- *D'honorer ceux qui m'ont instruit dans les préceptes de mon art et de leur témoigner ma reconnaissance en restant fidèle à leur enseignement.*
- *D'exercer, dans l'intérêt de la santé publique, ma profession avec conscience et de respecter non seulement la législation en vigueur, mais aussi les règles de l'honneur, de la probité et du désintéressement.*
- *De ne jamais oublier ma responsabilité et mes devoirs envers le malade et sa dignité humaine, de respecter le secret professionnel.*
- *En aucun cas, je ne consentirai à utiliser mes connaissances et mon état pour corrompre les mœurs et favoriser des actes criminels.*

Que les hommes m'accordent leur estime si je suis fidèle à mes promesses.

Que je sois couvert d'opprobre, méprisé de mes confrères, si j'y manque.

RÉSUMÉ

La schistosomiase est une maladie causée par les parasites du genre *Schistosoma*. Cinq espèces sont considérées comme pathogènes pour l'Homme. L'espèce la plus retrouvée chez l'Homme, *Schistosoma haematobium*, est responsable de la schistosomiase urinaire.

Cette pathologie est endémique dans la plupart des pays d'Afrique mais a aussi été récemment redécouverte en Corse. Le réchauffement climatique, l'agriculture et le développement de l' « éco-tourisme » ont favorisé l'expansion de la maladie et l'apparition d'hybridations des espèces entre Homme et animal. Il faut également s'attendre à diagnostiquer cette pathologie plus fréquemment dans les pays tempérés, lié à la migration des populations et au tourisme.
De nombreux cas humains infectés par des espèces hybrides ont été rapportés dans la littérature scientifique. Ces hybrides peuvent engendrer des tableaux cliniques différents voire atypiques. Ces formes hybrides associant espèces à élimination urinaire et élimination fécale compliquent le diagnostic, il est désormais nécessaire d'associer prélèvements d'urines et de selles devant toute suspicion de schistosomiase, même urinaire.

Ces phénomènes soulèvent un problème de santé publique au niveau mondial.

Ce travail a pour but de déterminer les espèces mises en cause chez les patients pris en charge au service des maladies infectieuses à l'IHU de Marseille depuis 2017.

Des résultats de diagnostic moléculaire ciblant le gène Dra1 négatifs associés pourtant à une clinique typique et à la présence d'œufs caractéristiques observés dans les urines au microscope ont initié ce travail avec l'hypothèse de la découverte de nouvelles espèces et/ou de formes hybrides non diagnostiquées par la méthode mise en place au laboratoire.

Mots-clés : *Schistosoma haematobium*, hybride, PCR Dra1, séquençage