

## 15. Biologie des populations de vecteurs d'agents pathogènes

Notre planète subit depuis ces quatre dernières décennies des évolutions écologiques, démographiques et économiques qui s'accroissent et favorisent la résurgence ou l'émergence de maladies à vecteurs, telles que le paludisme, la maladie de Chagas, la dengue ou la fièvre Chikungunya. Le contrôle des insectes vecteurs, qui constitue une arme privilégiée de lutte contre la transmission, est rarement totalement efficace. L'origine des échecs est le plus souvent liée à une connaissance insuffisante du vecteur et de son environnement, à sa résistance à un nombre croissant d'insecticides ou encore à une stratégie inadaptée de lutte antivectorielle. C'est sur la base de ce constat que notre équipe réalise ses programmes de recherche dans plusieurs pays d'Afrique et d'Amérique du Sud sur la biologie, l'écologie, la génétique et l'environnement anthropique et sauvage des vecteurs, ainsi que sur les nouvelles stratégies de lutte antivectorielle.

Avec plus de deux millions de morts par an, le paludisme est une des principales causes de mortalité infantile dans le monde. En Afrique sub-saharienne où les *Plasmodium* parasites sont transmis par cinq vecteurs majeurs, le système vectoriel est particulièrement complexe. En Bolivie, où notre équipe est également implantée, deux espèces d'anophèles sont des vecteurs majeurs de paludisme. La dengue, arbovirose actuellement la plus répandue dans le monde, est une maladie dont le nombre de cas annuels estimés se chiffre à plusieurs centaines de millions, accompagnés de cas de dengue hémorragique de plus en plus nombreux. *Aedes aegypti*, principal vecteur de ce virus et *Ae albopictus*, également vecteur du virus Chikungunya, sont des moustiques extrêmement polymorphes, morphologiquement et génétiquement.

Le parasite *Trypanosoma cruzi*, agent pathogène de la trypanosomose américaine ou maladie de Chagas, est transmis par des punaises Triatominae. Des programmes de lutte antivectorielle ont permis d'interrompre le cycle domestique de l'infection, cependant on assiste à une recolonisation des milieux domiciliaires par des espèces que l'on considérait comme sauvages. Nous nous intéressons aux mécanismes éco-éthologiques et génétiques de ces recolonisations, et aux stratégies à développer pour y faire face.

L'étude de la biologie et l'analyse du polymorphisme des vecteurs se font à un niveau local (polymorphisme d'une espèce dans une station, variations au cours du temps), à un niveau régional (comparaison de différentes populations dans un pays) et, si possible, à l'échelle continentale. Nos recherches visent à identifier les

vecteurs dans le cas de complexes d'espèces et à comprendre les relations des vecteurs avec leur environnement (hôtes, agents pathogènes, milieux), en étudiant la dynamique de la transmission, les comportements sexuel et de recherche d'hôtes, la structure génétique des populations, les mécanismes génétiques d'adaptation et l'expression de l'immunité des insectes vis-à-vis des virus et des parasites.

UR IRD 016 Caractérisation et Contrôle des Populations de Vecteurs,  
LIN – IRD,  
Centre IRD de Montpellier,  
BP 64501,  
F-34394 MONTPELLIER Cédex 5

Didier FONTENILLE  
Courriel: didier.fontenille@mpl.ird.fr  
<http://www.mpl.ird.fr/ur016>

## 16. Génétique des populations de mouches tsé-tsé pour une meilleure lutte antivectorielle

La glossine, ou mouche tsé-tsé, est un insecte vecteur de la maladie du sommeil chez l'homme et des trypanosomoses animales, ou nagana, chez le bétail. Ces dernières constituent de véritables freins au développement de l'Afrique par leur impact sur la santé humaine et l'économie.

La lutte contre les trypanosomoses passe nécessairement, et de plus en plus, par le contrôle des populations de vecteurs afin d'interrompre le cycle de transmission et donc d'épidémisation. Cette notion est actuellement prise en compte par la communauté internationale qui met l'accent sur ces méthodes (FAO/AIEA, Union Africaine/PATTEC, *Pan African Tsetse and Trypanosomiasis Eradication Campaign*). La détermination des sites où des combinaisons de facteurs d'origines diverses (limite de distribution géographique, évolution climatique, pression anthropique, isolement physique) concourent à définir des populations isolées et l'identification des populations réellement vectrices permettront de mieux cibler la lutte antivectorielle, et donc d'en réduire les coûts.

Ceci devrait être possible grâce aux études de génétique des populations (à l'aide de marqueurs microsatellites) associées aux techniques les plus récentes de SIG (systèmes d'information géographique). Des études préliminaires ont d'ailleurs déjà montré, en certains endroits, qu'une structuration des populations existe chez

Fontenille Didier.

Annexe 15 : biologie des populations de vecteurs d'agents pathogènes.

In : Guégan Jean-François (ed.), Choisy Marc (ed.). Introduction à l'épidémiologie intégrative des maladies infectieuses et parasitaires. Bruxelles : De Boeck, 2009, p. 493-494.

(LMD.Licence Maîtrise Doctorat.Cours Biologie). ISBN 978-2-8041-5948-1