

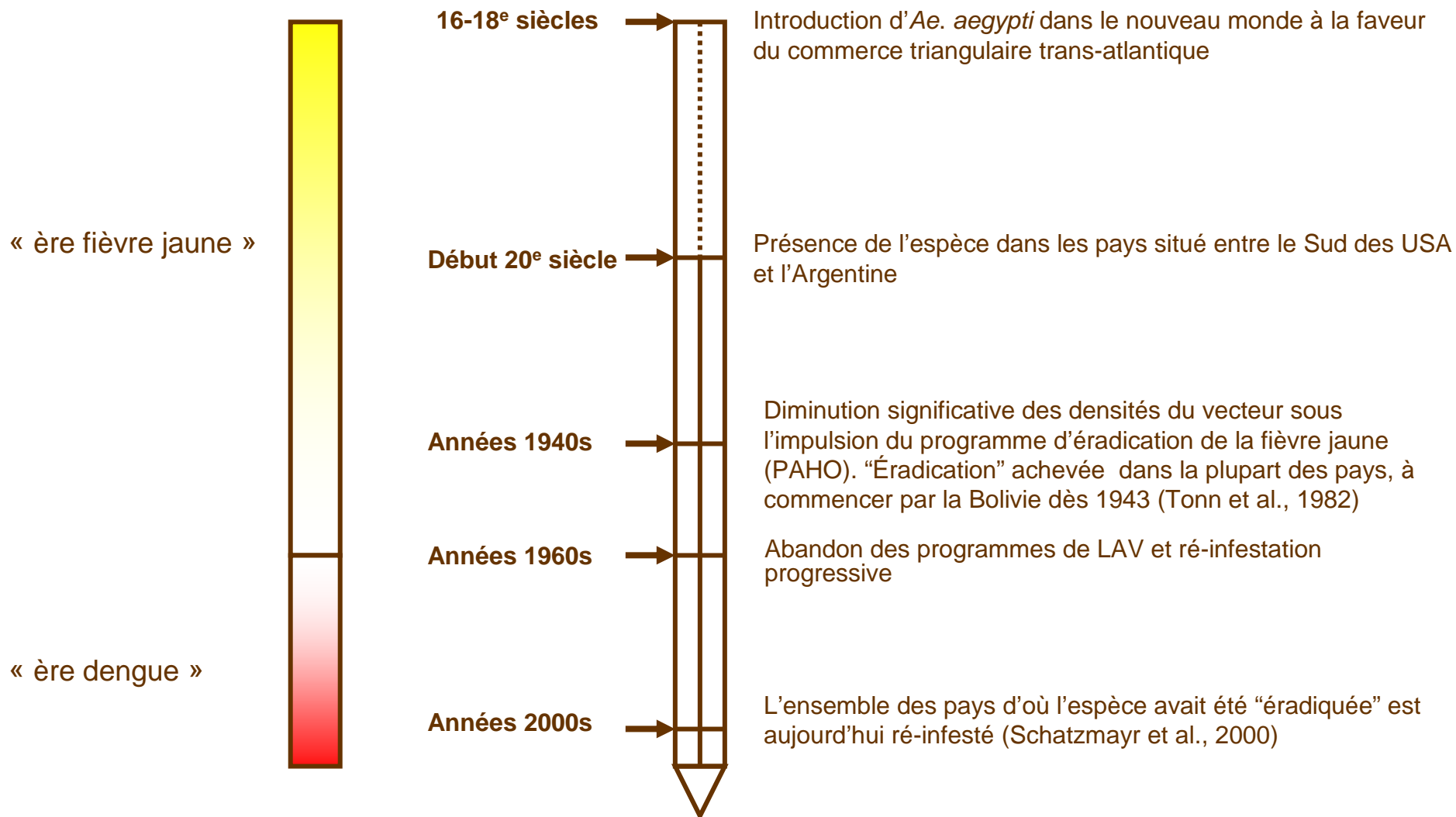
# Structure génétique et phylogéographie des populations d'*Aedes aegypti* de Bolivie

Paupy C., Le Goff G., Brengues C., Guerra Giraldez M., Valdez Zamorano N., Revollo Guzman J. R., Barja Simon Z., Hervé J. P.



## Contexte (1) : Historique d'*Ae. aegypti* sur le continent Américain

Origine : Afrique sub-saharienne



## Contexte (2) : La situation en Bolivie

Réimplantation d'*Ae. aegypti* à partir de 1980, dans la ville de Santa Cruz de la Sierra

### → Répercussions épidémiologiques:

#### Dengue :

- Expansion constante de la dengue depuis les années 1980s
- Depuis 1998, circulation de 3 sérotypes (Den-1, -2, -3) au cours de 4 épidémies bien documentées et tendance à l'**endémisation** (Roca et al, 2009)

#### Fièvre jaune :

En revanche peu ou pas d'épidémisation de la fièvre jaune (sauf 1991) et ce malgré l'introduction du virus en milieu urbain (Santa Cruz, 1997-1998 ; Van der Stuft, 1999)

### Les questions posées

Si le lien entre la réintroduction d'*Ae. aegypti* et l'émergence de la dengue en Bolivie et en Amérique du Sud semble incontestable, on peut s'interroger sur :

- L'origine des populations réintroduites?
- La persistance de populations résiduelles?
- La non épidémisation de la Fièvre jaune. Les populations actuelles de vecteur ont elles les mêmes capacités à transmettre le virus que les populations initiales?

## Contexte (3) : l'étude

Approche de génétique des populations visant à évaluer la diversité et la structure génétique des populations d'*Ae. aegypti* en Bolivie

### Objectifs :

Estimer le niveau d'homogénéité des populations et en définir l'origine géographique

## Méthodologie

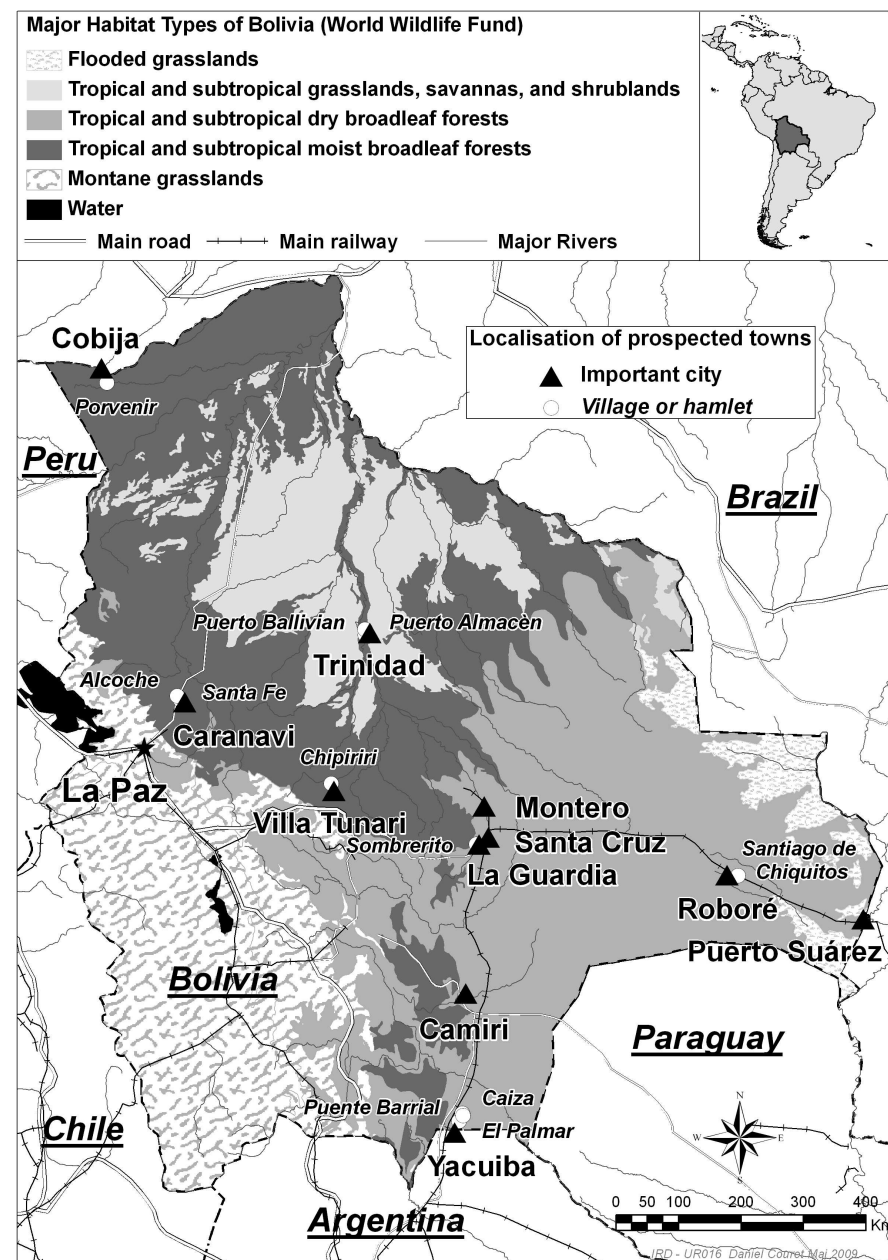
- **Échantillonnage des moustiques**

- œufs, larves, adultes
- 22 échantillons (= populations)
- urbain versus rural
- différents faciès bioclimatiques

- **Élevage et identification taxonomique**

- **Caractérisation génétique**

- microsatellites (x9) et mtDNA (COI et ND4)
- Estimation de la diversité et de la structure génétique
- Phylogéographie



## Résultats (1) : analyses des microsatellites

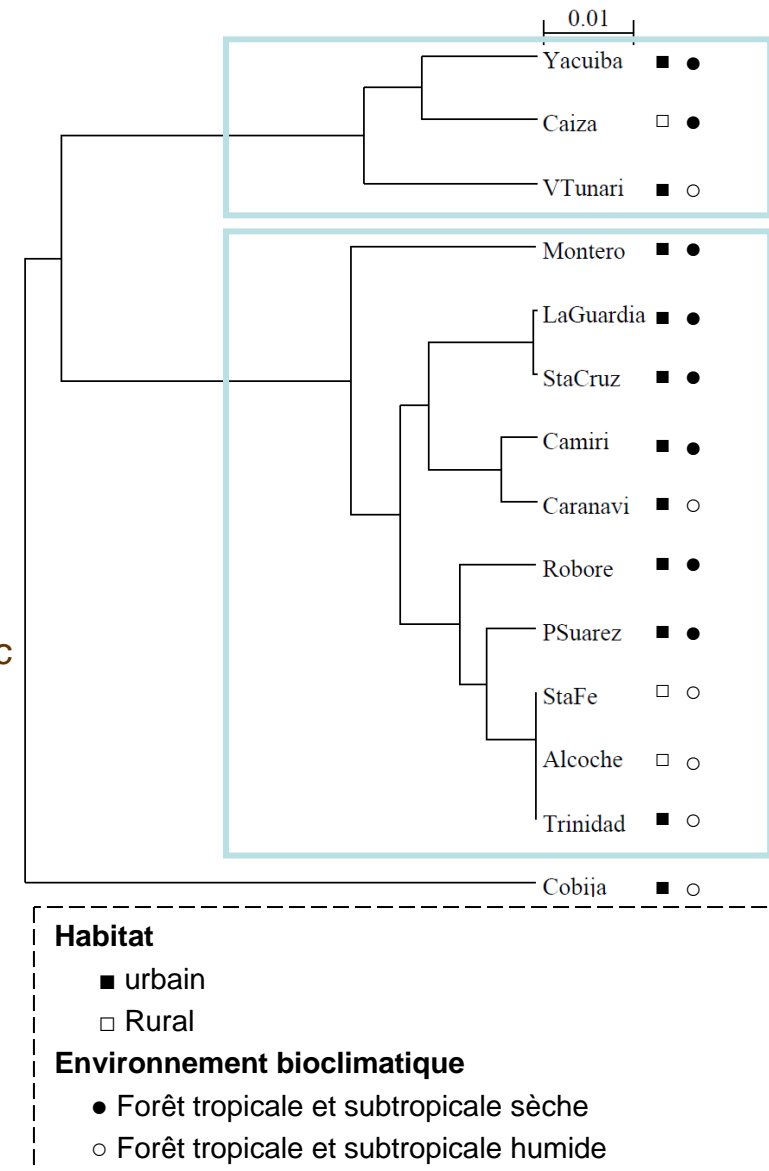
### Analyses marqueurs microsatellites, $F_{ST}$ (GENEPOP)

14 populations ; 9 marqueurs

Estimation de la différenciation génétique ( $F_{ST}$ ): 78 des 91 paires testées sont génétiquement différenciées

- Forte structuration génétique des populations boliviennes
- Exceptée Cobija, pas de relation entre la distance génétique ( $F_{ST} / (1-F_{ST})$ ) et la distance géographique (Mantel test,  $P > 0.5$ ).
- Pas de lien non plus avec l'habitat (i.e. urbain vs rural), ou avec l'environnement bioclimatique

**Exceptée la population de Cobija, très isolée géographiquement, on distingue 2 groupes dont 1 réunissant les populations du sud : Yacuiba et Caiza**

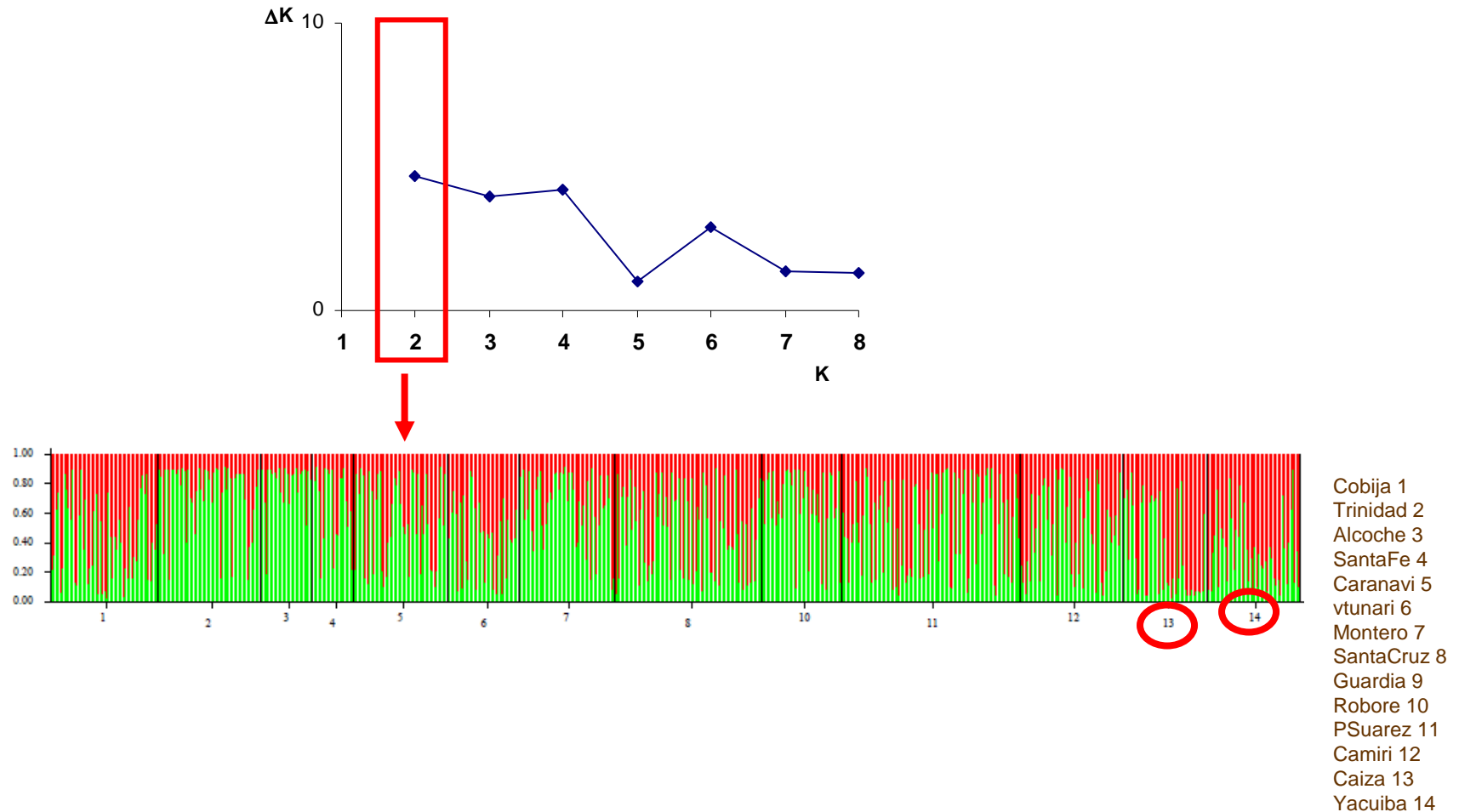


Arbre UPGMA construit à partir des distances génétiques ( $F_{ST} / (1-F_{ST})$ )

## Résultats (2) : analyses des microsatellites

### Analyses marqueurs microsatellites, approche Bayésienne (Structure, 2.3.1)

Estimation du nombre le plus probable de clusters (K) (Evanno 2005)



## Résultats (3) : analyses marqueurs mtDNA *COI* et *ND4*

### *COI* , 8 Haplotypes

128 spécimens (séquences)

764 nucléotides

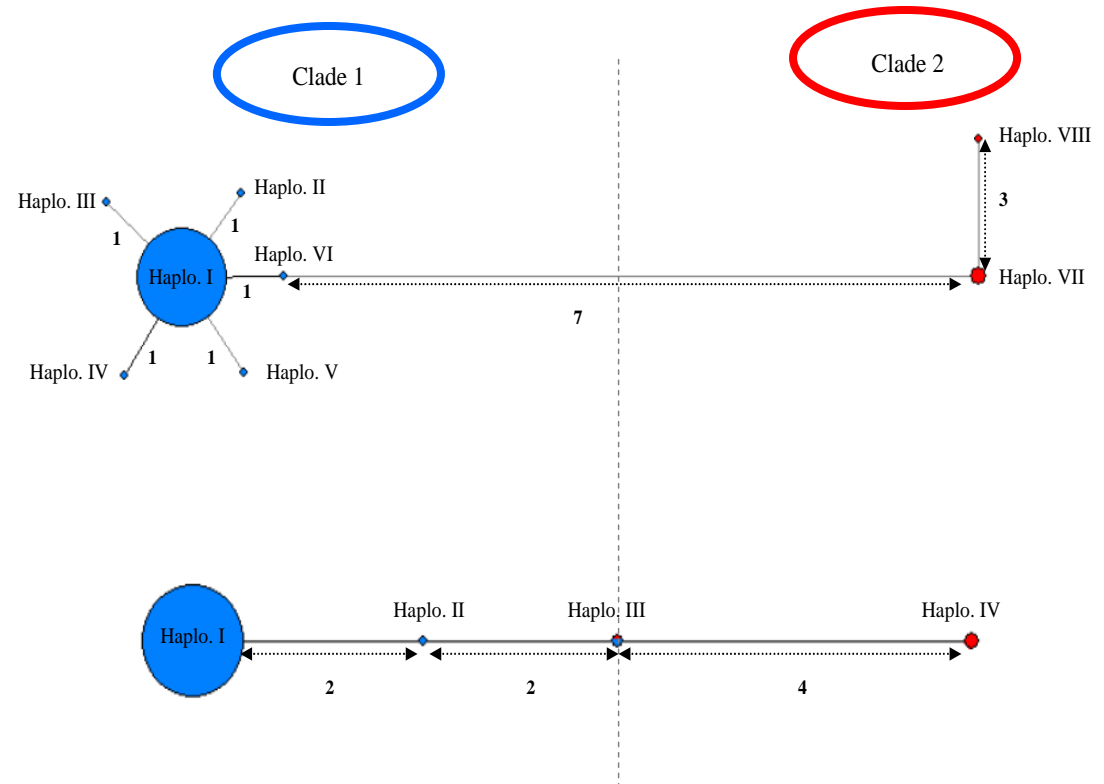
19 sites polymorphes

### *ND4* , 4 Haplotypes

124 spécimens (séquences)

335 nucléotides

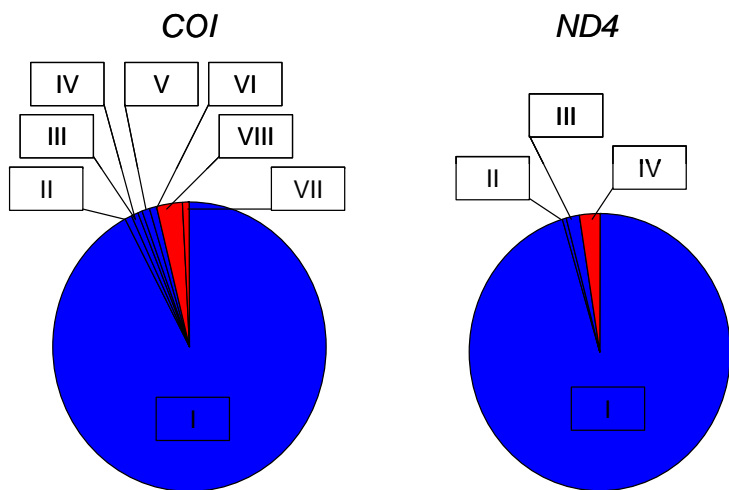
8 sites polymorphes



Statistiques Tajima ( $D$ ) et Fu et Li ( $F^*$  et  $D^*$ ) montrent un écart significatif à l'équilibre  
→ excès d'allèles rares récemment dérivés qui reflète une instabilité démographique : Expansion récente de population

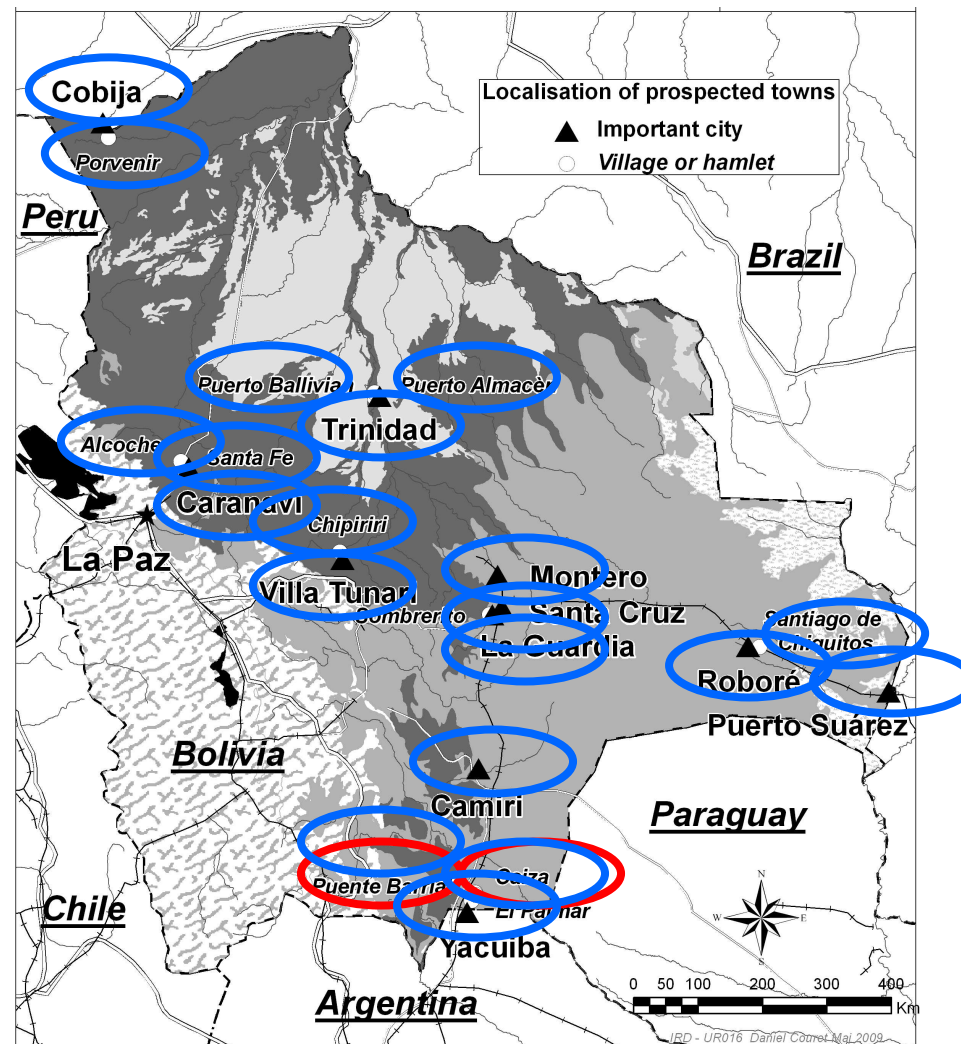


## Résultats (4) : analyses marqueurs mtDNA COI et ND4

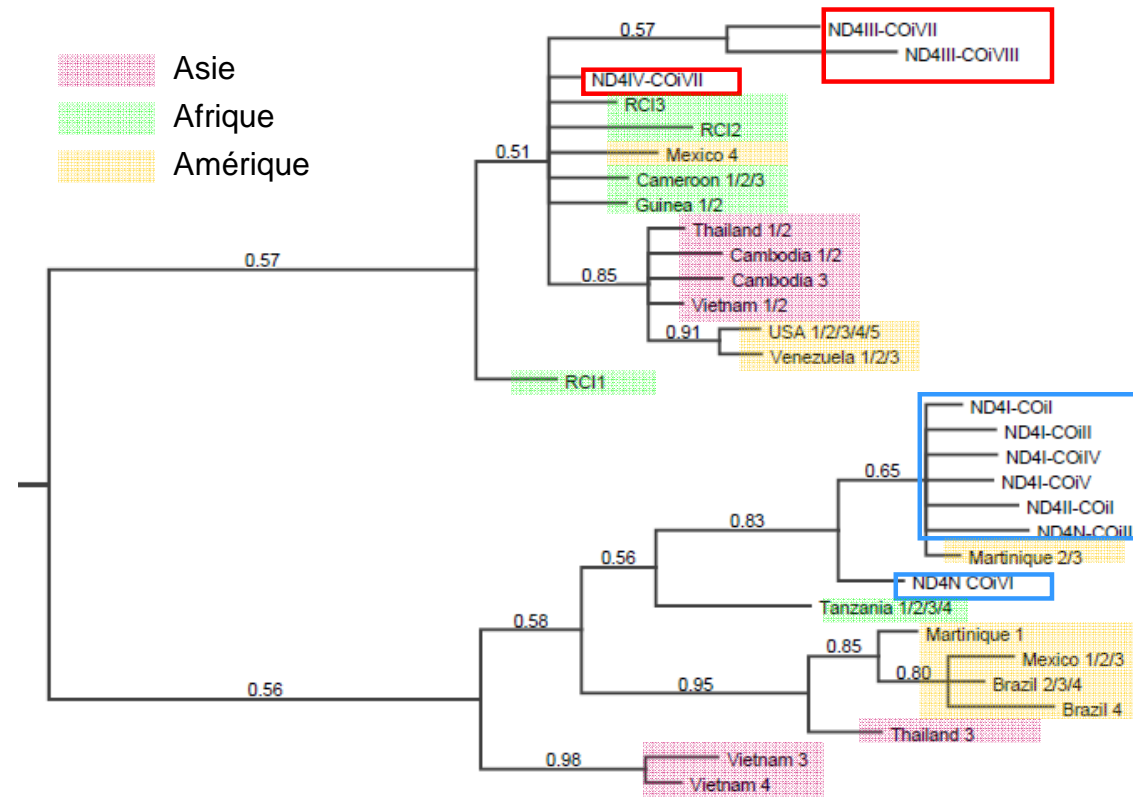


Distribution de la lignée 1, majoritaire, dans l'ensemble du pays et des environnements

Distribution de la lignée 2 restreinte au Sud du Pays et dans l'environnement rural



## Résultats (5) : analyses marqueurs mtDNA COI et ND4



Phylogénie à partir de la combinaison des marqueurs COI/ND4, Mr Bayes

- De manière surprenante, les spécimens « outgroups » originaires d'Asie et d'Amérique se séparent en deux lignées correspondant aux 2 lignées retrouvées en Bolivie.
- La lignée 2 est proche des taxons d'Afrique de l'Ouest

## Discussions et Conclusions

- **Persistance de deux lignées d'*Ae. aegypti* en Bolivie**
  - ➔ Résultats similaires au Pérou, Argentine, Brésil, Venezuela
- **Une lignée minoritaire proche de taxons ouest africains**
  - Lignée résiduelle de l'ère « pré-éradication »?
    - ➔ pose la question de l'éradication effective en Bolivie
  - Maintien ou ré-introduction (depuis l'Am. du Nord où l'éradication n'a jamais été achevée)?
  - Ré-introductions multiples?
- **Implications épidémiologiques**
  - L'hypothèse d'une succession de populations génétiquement distinctes en Bolivie semble valide
    - ➔ il est légitime de s'interroger sur les capacités respectives de ces populations à transmettre les virus de la fièvre jaune et de la dengue

## Perspectives

- Confirmation de l'existence des 2 lignées avec un échantillonnage régional (Am. Nord, Centrale et du Sud)
- Constitution de souches des 2 lignées et études comparatives :
  - Biologie/physiologie
  - Compétence vectorielle Dengue vs Fièvre Jaune
  - Résistance aux insecticides

## Partenaires



### **IRD/UR016:**

Paupy Christophe  
Le Goff Gilbert  
Bregues Cécile  
Guerra Giraldez Mabel  
Hervé Jean Pierre



### **CENETROP (Centro Nacional de Enfermedades Tropicales):**

Valdez Zamorano Norman  
Revollo Guzman Jimmy  
Barja Simon Zaira

## Financements



Ce travail a été effectué dans le cadre du programme  
EPIDENGUE financé par l'ANR (05 SEST 010 01)