

dans la période précédant les collectes. Celle des IgG était très variable d'une ville à l'autre : 60,8 %, 23,3 % et de 9 % respectivement à Douala, Garoua et Yaoundé. Les séroneutralisations réalisées à l'Institut de Médecine Tropicale du Service de Santé des Armées à Marseille sur un échantillon de 260 sérums positifs en IgG (100 à Douala, 94 à Garoua et 66 à Yaoundé) montrent que seuls deux sérotypes (dengue 1 et 2) sont présents dans les trois villes, ce qui est en accord avec les observations de Krippner et Van Laer (2) et de Kuniholm *et al.* (3). Le sérotype 2 est le plus représenté quelle que soit la ville (72 à 80 %). Des cas d'infection mixtes ont également été enregistrés. Etant donné l'approche multidisciplinaire du projet ANR EPIDENGUE associant les aspects géographiques, socio-démographiques et entomologiques, l'analyse plus détaillée de la séroprévalence de la dengue, en fonction des données de ces différents volets est en cours. En conclusion, ces résultats montrent que les arbovirus, notamment la dengue constituent désormais un problème réel de santé publique au Cameroun qu'il faudra prendre en compte.

1. Fontenille D, Toto JC. *Emerg Infect Dis* 2001; 7 : 1066-7.
2. Krippner R, von Laer G. *J Travel Med* 2002; 9 : 273-4.
3. Kuniholm MH *et al.* *Am J Trop Med Hyg* 2006; 74 : 1078-83.

COA 05

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

Genetic structure and phylogeography of *Aedes aegypti* populations in Bolivia

Paupy C^{1,2}, Le Goff G^{3,4}, Brengues C⁴, Guerra Giraldez M^{3,5}, Valdez Zamorano N³, Revollo Guzman JR³, Barja Simon Z³, Hervé JP^{3,4}

1. Institut de Recherche pour le Développement (IRD), UR016, Yaoundé, Cameroun.
2. Laboratoire de Recherche sur le Paludisme, Organisation de Coordination pour la lutte contre les Endémies en Afrique Centrale (OC/AC), Yaoundé, Cameroun.
3. Centro Nacional de Enfermedades Tropicales (CENETROP), Santa Cruz de la Sierra, Bolivia
4. Laboratoire de Lutte contre les Insectes Nuisibles (LIN), Institut de Recherche pour le Développement (IRD), UR016, Montpellier, France.
5. Institut de Recherche pour le Développement (IRD), UR016, La Paz, Bolivia.

■ Correspondance : paupy@ird.fr

A*edes aegypti* est considéré comme le vecteur majeur des virus de la dengue et de la fièvre jaune. Les campagnes d'élimination de la fièvre jaune, initiées en 1915 par la Fondation Rockefeller puis reprises par la PAHO (*Pan American Health Organization*) en 1947, ont conduit à l'élimination de ce vecteur dans 16 pays d'Amérique du Sud et Centrale. La Bolivie est, en 1943, le premier pays de la région à déclarer le vecteur officiellement éradiqué. Cependant, suite au relâchement des campagnes de lutte anti-vectorielle, *Ae. aegypti* regagne dès les années 1970 du terrain dans les pays voisins et en 1980 en Bolivie. Par la suite, le vecteur s'est rapidement propagé, entraînant une recrudescence de la dengue désormais présente à Santa Cruz et dans d'autres villes du pays telle que Cochabamba, mais aussi dans des zones pionnières de la forêt amazonienne. Afin de mieux comprendre les mécanismes impliqués dans la recolonisation du pays, nous avons entrepris dans le cadre du projet EPIDENGUE (ANR/SEST), une étude de la diversité et de la structure génétique des populations d'*Ae. aegypti* en Bolivie incluant une approche de phylogéographie. Dans 20 localités réparties dans l'ensemble du pays, des populations d'*Ae. aegypti* ont été échantillonnées à l'état larvaire ou adulte. Les spécimens ont ensuite fait l'objet d'une caractérisation morphologique, suivie d'une analyse moléculaire par génotypage de 9 marqueurs microsatellites et par séquençage de deux gènes mitochondriaux (COI et ND4). Les logiciels couramment utilisés en génétique des populations et en phylogénie ont été employés pour définir les indices de diversité et la structure génétique des populations de Bolivie. Les 9 marqueurs microsatellite employés se sont révélés polymorphes, avec en fonction des 14 populations analysées, un nombre moyen d'allèles par locus et une richesse allélique respectivement compris entre 1,66 et 3,55 ($2,65 \pm 0,55$) et entre 1,63 et 2,95 ($2,36 \pm 0,41$). L'analyse de la différenciation génétique des populations a révélé un niveau significatif mais modéré de structuration ($F_{ST} = 0,062$; $P < 10^{-6}$). Cependant, bien que l'éloignement géographique semble opérer comme un facteur fortement structurant, l'analyse par paires de populations indique l'existence d'au moins deux lignées génétiques. L'analyse du polymorphisme des marqueurs mitochondriaux, COI et ND4, a permis la détection de 8 ($S = 19$; $\pi = 0,0014$) et 4 ($S = 8$; $\pi = 0,0016$) haplotypes respectivement pour des moustiques provenant de 20 localités. Le niveau de diversité haplotypique observé est comparable avec celui observé dans des pays de la région, mais nettement inférieur aux niveaux récemment observés en Afrique. L'approche phylogéographique, incluant des spécimens originaires de la plus grande partie de l'aire de répartition de l'espèce, confirme l'existence probable de plusieurs lignées génétique en Bolivie ainsi que des changements démographiques récents. L'origine de ces lignées ainsi que leur implication dans l'épidémiologie d'arboviroses et notamment celle de la dengue sont discutées.

Paupy Christophe, Le Goff Gilbert, Brengues Cécile, Guerra Giraldez M., Valdez Zamorano N., Revollo Guzman J.R., Barja Simon Z., Hervé Jean-Pierre (2009)

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

Médecine Tropicale, 69 (4), 364

Actualités du Pharo : Arboviroses Tropicales et Communications Libres sur Tout Thème de Médecine ou Pathologie Tropicales : Session Arboviroses, 15., Marseille (FRA), 2009/09/17-19

ISSN 0025-682X