

Santé - Génétique

Lutte contre le paludisme : 16 nouveaux génomes de moustiques séquencés

Communiqué de presse | 27 novembre 2014

Le génome complet de 16 espèces d'anophèles originaires des cinq continents vient d'être séquencé. Dix ans de recherches ont permis à un consortium international, coordonné par l'Université du Michigan et l'Université de Notre Dame (Etats-Unis) et associant des chercheurs de l'IRD et de l'Inserm, de publier le 27 novembre 2014 dans la revue *Science*, le séquençage de l'ADN de ces moustiques, vecteurs du paludisme. Ces résultats ouvrent la voie au développement d'études de génomique comparative et permettront d'améliorer les stratégies de lutte antivectorielle, incontournables pour contrôler la maladie en l'absence de vaccin.

Le paludisme cause plus de 600 000 décès par an, principalement en Afrique subsaharienne. Les parasites, *Plasmodium*, sont transmis par des moustiques du genre *Anopheles*. Parmi les 450 espèces d'anophèles présentes sur la planète, seule une douzaine est responsable de la plupart des transmissions à l'homme.



© IRD/ M. Dukhan : femelle
moustique du genre *Anopheles*
sundaci

Afin d'améliorer les stratégies de lutte antivectorielle, les chercheurs s'attachent depuis de nombreuses années à décrypter le génome des anophèles. Celui du moustique africain, *Anopheles gambiae*, vecteur majeur du paludisme, est disponible depuis 2002. Ceux de ses homologues sud-américain (*Anopheles darlingi*) et Indien (*Anopheles stephensi*) ont fait l'objet de publications récentes, respectivement en 2013 et 2014. Jusqu'à présent, le manque de connaissances sur les ressources génétiques d'autres espèces d'anophèles limitait les comparaisons permettant d'identifier les caractéristiques clés qui déterminent la capacité de certains moustiques à transmettre les parasites.

10 ans de recherche en partenariat Nord/Sud

Piloté par le *Broad Institute* de l'Université du Michigan et le *Eck Institute* de l'Université de Notre-Dame (Etats-Unis), le consortium international a mobilisé pendant 10 ans plus d'une centaine de chercheurs provenant de 50 instituts de recherche et universités du Nord (Etats-Unis, Europe) et du Sud (Afrique, Asie, Amérique du Sud, Océanie, Australie).

Les chercheurs ont étudié des spécimens d'anophèles provenant de nombreuses régions du monde : Afrique, Asie, Asie Mineure, Amérique centrale et Océanie. Ils ont combiné les techniques les plus récentes de séquençage, d'assemblage des génomes et des gènes exprimés et de cartographie des chromosomes, avec des méthodologies innovantes d'analyse de séquences et de comparaison de génomes. Grâce à cette approche pluridisciplinaire, les chercheurs ont réussi à séquencer et annoter le génome complet de 16 nouvelles espèces d'anophèles.

Forte évolution génétique des anophèles

Les génomes séquencés s'avèrent très variables, tant dans leur composition que dans leur organisation générale. Ainsi, leur taille varie entre 135 et 275 millions de paires de bases. Entre 10 000 et 16 000 gènes ont été identifiés par espèce. Les premières analyses comparatives mettent en évidence des particularités génétiques fortes, notamment un taux d'évolution moléculaire élevé par rapport à d'autres insectes (drosophile en particulier) et une plasticité importante du génome, avec de nombreux gains et pertes de gènes (ou de groupes entiers de gènes) au cours de l'évolution.

Des analyses menées sur certains groupes de gènes impliqués dans des éléments clés de la biologie des anophèles - tels que la reproduction, le système immunitaire, la résistance aux insecticides, la composition de la cuticule ou de la salive, la perception des odeurs ou la communication hormonale - ont permis aux chercheurs de déterminer un certain nombre de gènes et de traits spécifiques acquis au cours de l'évolution, qui sous-tendent l'apparition de l'anthropophilie¹ et de la transmission des parasites chez les anophèles.

La connaissance de ce matériel génétique améliore la compréhension des mécanismes d'adaptation des vecteurs à l'homme et à leur environnement. Les chercheurs disposent désormais de nouvelles pistes de recherche pour rendre plus efficaces les stratégies de lutte antivectorielle et contrôler la transmission du paludisme.

Contacts presse

→ **Service presse IRD siège** : Cristelle Duos | presse@ird.fr | T : 04 91 99 94 87

→ **Chercheurs : Frédéric Simard**, entomologiste à l'IRD, laboratoire MIVEGEC | frederic.simard@ird.fr | 04 67 41 61 47

Carlo Costantini, entomologiste à l'IRD, laboratoire MIVEGEC | carlo.costantini@ird.fr | 04 67 41 62 99

Stéphanie Blandin, immunologiste à l'Inserm, Institut de biologie moléculaire et cellulaire (IBMC) | stephanie.blandin@inserm.fr | 03 88 41 70 76

Pour aller plus loin

Référence : DE. Neafsey et al. Highly evolvable malaria vectors : the genomes of 16 *Anopheles* mosquitoes, *Science Express*, 27 novembre 2014.

Un second article, qui paraît également dans *Science Express* le 27 novembre 2014, s'intéresse à l'évolution récente et au processus de spéciation chez les moustiques du complexe *Anopheles gambiae*. **Référence** : MC. Fontaine et al. Extensive introgression in a malaria vector species complex revealed by phylogenomics, *Science Express*, 27 novembre 2014.

Laboratoires publics français impliqués dans l'étude :

- [MIVEGEC](#) : Maladies infectieuses et vecteurs, écologie, génétique, évolution et contrôle (IRD/CNRS/UM1 et UM2)
- [IBMC](#) : Institut de biologie moléculaire et cellulaire (CNRS, Inserm et Université de Strasbourg)

¹ Se dit des organismes (végétaux ou animaux) qui vivent au contact de l'homme ou dans des lieux qu'il fréquente.