

UNIVERSITE DE YAOUNDÉ I
UNIVERSITY OF YAOUNDÉ I



FACULTÉ DES SCIENCES
FACULTY OF SCIENCE

DÉPARTEMENT DE BIOLOGIE ET PHYSIOLOGIE ANIMALES

DEPARTMENT OF BIOLOGY AND ANIMAL PHYSIOLOGY

LABORATOIRE DE PARASITOLOGIE ET ÉCOLOGIE

LABORATORY OF PARASITOLOGY AND ECOLOGY

Analyse du risque entomologique d'émergence des épidémies massives d'arboviroses (dengue, chikungunya et Zika) au Cameroun

Thèse

présentée en vue de l'obtention du diplôme de Doctorat/Ph.D en Biologie des
Organismes Animaux, option Parasitologie et Écologie

par

TEDJOU NOUBOUEM Armel

Matricule : **06Q795**

Master ès Sciences

et

soutenue publiquement le 08 décembre 2022 devant le Jury composé de :

BILONG BILONG Charles Félix, Professeur, Université de Yaoundé I.....**Président**

NJIOKOU Flobert, Professeur, Université de Yaoundé I.....**Rapporteur**

WONDJI Charles Sinclair, Professeur, Liverpool School of Tropical Medicine...**Rapporteur**

FOMENA Abraham, Professeur, Université de Yaoundé I.....**Membre**

TORIMIRO Judith, Professeur, Université de Yaoundé I.....**Membre**

KORO KORO Francioli, Maître de Conférences, Université de Douala.....**Membre**

Année 2022



UNIVERSITE DE YAOUNDE I
UNIVERSITY OF YAOUNDE I



FACULTE DES SCIENCES
FACULTY OF SCIENCE

DEPARTEMENT DE BIOLOGIE ET
PHYSIOLOGIE ANIMALES
BP 812 – Tél : (237) 222-56-59
Fax : (237) 233-46-96
CAMEROUN

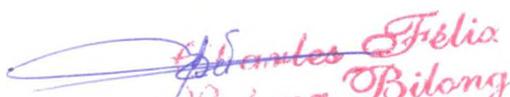
ATTESTATION DE CORRECTION

Conformément à l'autorisation de soutenance de la thèse de Doctorat/Ph.D N°223323/UYI/VREPDTIC/DAAC/DEPE/SSPE/CB-AP du 18 novembre 2022 de Monsieur le Recteur de l'Université de Yaoundé I, la thèse intitulée « **Analyse du risque entomologique d'émergence des épidémies massives d'arboviroses (dengue, chikungunya et Zika) au Cameroun** » a été présentée et soutenue publiquement le **jeudi 08 décembre 2022** par l'étudiant **TEDJOU NOUBOUEM Armel**, Matricule **06Q795**. Le document final a été corrigé suivant les recommandations du jury.

En foi de quoi la présente attestation est délivrée pour servir et valoir ce que de droit.

Fait à Yaoundé, le **12 JAN 2023**

Le Président du Jury


**Charles Félix
Bilong Bilong**
Professeur

Les Examineurs


A. FORENA

Le Chef de Département




**Charles Félix
Bilong Bilong**
Professeur


**J. N.
TORUMBA**

LISTES DES ENSEIGNANTS PERMANENTS DE LA FACULTE DES SCIENCES

| | | |
|--|---|---|
| UNIVERSITÉ DE YAOUNDÉ I Faculté des Sciences Division de la Programmation et du Suivi des Activités Académiques |  | THE UNIVERSITY OF YAOUNDE I Faculty of Science Division of Programming and Follow up of Academic Affairs |
| LISTE DES ENSEIGNANTS PERMANENTS | LIST OF PERMANENT TEACHING STAFF | |

ANNÉE ACADEMIQUE 2022/2023

(Par Département et par Grade)

DATE D'ACTUALISATION : 31 OCTOBRE 2022

ADMINISTRATION

DOYEN : TCHOUANKEU Jean- Claude, *Maître de Conférences*

VICE-DOYEN / DPSAA : ATCHADE Alex de Théodore, *Maître de Conférences*

VICE-DOYEN / DSSE : NYEGUE Maximilienne Ascension, *Professeur*

VICE-DOYEN / DRC : ABOSSOLO ANGUE Monique, *Maître de Conférences*

Chef Division Administrative et Financière : NDOYE FOE Florentine Marie Chantal,
Maître de Conférences

Chef Division des Affaires Académiques, de la Recherche et de la Scolarité

DAARS : AJEAGAH Gideon AGHAINDUM, *Professeur*

1- DÉPARTEMENT DE BIOCHIMIE (BC) (39)

| N° | NOMS ET PRÉNOMS | GRADE | OBSERVATIONS |
|-----------|------------------------|--------------|---------------------|
| 1. | BIGOGA DAIGA Jude | Professeur | En poste |
| 2. | BOUDJEKO Thaddée | Professeur | En poste |
| 3. | FEKAM BOYOM Fabrice | Professeur | En poste |
| 4. | FOKOU Elie | Professeur | En poste |
| 5. | KANSCI Germain | Professeur | En poste |

| | | | |
|----|---------------------|------------|----------------------------|
| 6. | MBACHAM FON Wilfred | Professeur | En poste |
| 7. | MOUNDIPA FEWOU Paul | Professeur | <i>Chef de Département</i> |
| 8. | OBEN Julius ENYONG | Professeur | En poste |

| | | | |
|-----|-----------------------------------|-----------------------|----------------|
| 9. | ACHU Merci BIH | Maître de Conférences | En poste |
| 10. | ATOGHO Barbara MMA | Maître de Conférences | En poste |
| 11. | AZANTSA KINGUE GABIN BORIS | Maître de Conférences | En poste |
| 12. | BELINGA née NDOYE FOE F. M. C. | Maître de Conférences | Chef DAF / FS |
| 13. | DJUIDJE NGOUNOUE Marceline | Maître de Conférences | En poste |
| 14. | EFFA ONOMO Pierre | Maître de Conférences | En poste |
| 15. | EWANE Cécile Annie | Maître de Conférences | En poste |
| 16. | KOTUE TAPTUE Charles | Maître de Conférences | En poste |
| 17. | MOFOR née TEUGWA Clotilde | Maître de Conférences | Doyen FS / UDs |
| 18. | NANA Louise épouse WAKAM | Maître de Conférences | En poste |
| 19. | NGONDI Judith Laure | Maître de Conférences | En poste |
| 20. | NGUEFACK Julienne | Maître de Conférences | En poste |
| 21. | NJAYOU Frédéric Nico | Maître de Conférences | En poste |
| 22. | TCHANA KOUATCHOUA Angèle | Maître de Conférences | En poste |

| | | | |
|-----|-----------------------------------|------------------|----------|
| 23. | AKINDEH MBUH NJI | Chargé de Cours | En poste |
| 24. | BEBEE Fadimatou | Chargée de Cours | En poste |
| 25. | BEBOY EDJENGUELE Sara Nathalie | Chargé de Cours | En poste |
| 26. | DAKOLE DABOY Charles | Chargé de Cours | En poste |

| | | | |
|-----|---------------------------------|------------------|----------|
| 27. | DJUIKWO NKONGA Ruth Viviane | Chargée de Cours | En poste |
| 28. | DONGMO LEKAGNE Joseph Blaise | Chargé de Cours | En poste |
| 29. | FONKOUA Martin | Chargé de Cours | En poste |
| 30. | KOUOH ELOMBO Ferdinand | Chargé de Cours | En poste |
| 31. | LUNGA Paul KEILAH | Chargé de Cours | En poste |
| 32. | MANANGA Marlyse Joséphine | Chargée de Cours | En poste |
| 33. | MBONG ANGIE M. Mary Anne | Chargée de Cours | En poste |
| 34. | OWONA AYISSI Vincent Brice | Chargé de Cours | En poste |
| 35. | Palmer MASUMBE NETONGO | Chargé de Cours | En poste |
| 36. | PECHANGOU NSANGOU Sylvain | Chargé de Cours | En poste |
| 37. | WILFRED ANGIE Abia | Chargé de Cours | En poste |

| | | | |
|-----|------------------------------------|------------------|----------|
| 38. | FOUPOUPOUOGNIGNI Yacouba | Assistant | En poste |
| 39. | MBOUCHE FANMOE Marceline Joëlle | Chargée de Cours | En poste |

2- DÉPARTEMENT DE BIOLOGIE ET PHYSIOLOGIE ANIMALES (BPA) (51)

| | | | |
|----|---------------------------------|------------|---------------------|
| 1. | AJEAGAH Gideon AGHAINDUM | Professeur | <i>DAARS/FS</i> |
| 2. | BILONG BILONG Charles-Félix | Professeur | Chef de Département |
| 3. | DIMO Théophile | Professeur | En Poste |
| 4. | DJIETO LORDON Champlain | Professeur | En Poste |
| 5. | DZEUFJET DJOMENI Paul Désiré | Professeur | En Poste |

| | | | |
|-----|------------------------------|------------|--|
| 6. | ESSOMBA née NTSAMA MBALA | Professeur | <i>Vice Doyen/FMSB/UYI</i> |
| 7. | FOMENA Abraham | Professeur | En Poste |
| 8. | KEKEUNOU Sévilor | Professeur | En poste |
| 9. | NJAMEN Dieudonné | Professeur | En poste |
| 10. | NJIOKOU Flobert | Professeur | En Poste |
| 11. | NOLA Moïse | Professeur | En poste |
| 12. | TAN Paul VERNYUY | Professeur | En poste |
| 13. | TCHUEM TCHUENTE Louis Albert | Professeur | <i>Inspecteur de service Coord. Progr/MINSANTE</i> |
| 14. | ZEBAZE TOGOUET Serge Hubert | Professeur | En poste |

| | | | |
|-----|--|-----------------------|------------------------------|
| 15. | ALENE Désirée Chantal | Maître de Conférences | <i>Chef Service/ MINESUP</i> |
| 16. | BILANDA Danielle Claude | Maître de Conférences | En poste |
| 17. | DJIOGUE Séfirin | Maître de Conférences | En poste |
| 18. | GOUNOUE KAMKUMO Raceline épouse FOTSING | Maître de Conférences | En poste |
| 19. | JATSA BOUKENG Hermine épse MEGAPTCHE | Maître de Conférences | En Poste |
| 20. | LEKEUFACK FOLEFACK Guy B. | Maître de Conférences | En poste |
| 21. | MBENOUN MASSE Paul Serge | Maître de Conférences | En poste |
| 22. | MEGNEKOU Rosette | Maître de Conférences | En poste |
| 23. | MONY Ruth épouse NTONE | Maître de Conférences | En Poste |
| 24. | NGUEGUIM TSOFAK Florence | Maître de Conférences | En poste |
| 25. | NGUEMBOCK | Maître de Conférences | En poste |
| 26. | TOMBI Jeannette | Maître de Conférences | En poste |

| | | | |
|-----|--|------------------|------------------------------|
| 27. | ATSAMO Albert Donatien | Chargé de Cours | En poste |
| 28. | BASSOCK BAYIHA Etienne Didier | Chargé de Cours | En poste |
| 29. | DONFACK Mireille | Chargée de Cours | En poste |
| 30. | ESSAMA MBIDA Désirée Sandrine | Chargée de Cours | En poste |
| 31. | ETEME ENAMA Serge | Chargé de Cours | En poste |
| 32. | FEUGANG YOUMSSI François | Chargé de Cours | En poste |
| 33. | GONWOUO NONO Legrand | Chargé de Cours | En poste |
| 34. | KANDEDA KAVAYE Antoine | Chargé de Cours | En poste |
| 35. | KOGA MANG DOBARA | Chargé de Cours | En poste |
| 36. | LEME BANOCK Lucie | Chargé de Cours | En poste |
| 37. | MAHOB Raymond Joseph | Chargé de Cours | En poste |
| 38. | METCHI DONFACK MIREILLE FLAURE épouse GHOUMO | Chargé de Cours | En poste |
| 39. | MOUNGANG Luciane Marlyse | Chargée de Cours | En poste |
| 40. | MVEYO NDANKEU Yves Patrick | Chargé de Cours | En poste |
| 41. | NGOUATEU KENFACK Omer Bébé | Chargé de Cours | En poste |
| 42. | NJUA Clarisse Yafi | Chargée de Cours | <i>Chef Div. Uté Bamenda</i> |
| 43. | NOAH EWOTI Olive Vivien | Chargée de Cours | En poste |
| 44. | TADU Zephyrin | Chargé de Cours | En poste |
| 45. | TAMSA ARFAO Antoine | Chargé de Cours | En poste |
| 46. | YEDE | Chargé de Cours | En poste |
| 47. | YOUNOUSSA LAME | Chargé de Cours | En poste |

| | | | |
|-----|---------------------------------------|------------|----------|
| 48. | AMBADA NDZENGUE GEORGIA ELNA | Assistante | En poste |
| 49. | FOKAM Alvine Christelle épse KEGNE | Assistante | En poste |
| 50. | MAPON NSANGOU Indou | Assistant | En poste |
| 51. | NWANE Philippe Bienvenu | Assistant | En poste |

3- DÉPARTEMENT DE BIOLOGIE ET PHYSIOLOGIE VÉGÉTALES (BPV) (33)

| | | | |
|----|--------------------------|------------|----------------------------|
| 1. | AMBANG Zachée | Professeur | <i>Chef DAARS /UYII</i> |
| 2. | DJOCGOUE Pierre François | Professeur | En poste |
| 3. | MBOLO Marie | Professeur | En poste |
| 4. | MOSSEBO Dominique Claude | Professeur | En poste |
| 5. | YOUMBI Emmanuel | Professeur | <i>Chef de Département</i> |
| 6. | ZAPFACK Louis | Professeur | En poste |

| | | | |
|-----|---------------------------------|-----------------------|---------------------|
| 7. | ANGONI Hyacinthe | Maître de Conférences | En poste |
| 8. | BIYE Elvire Hortense | Maître de Conférences | En poste |
| 9. | MALA Armand William | Maître de Conférences | En poste |
| 10. | MBARGA BINDZI Marie Alain | Maître de Conférences | <i>DAAC /UDla</i> |
| 11. | NDONGO BEKOLO | Maître de Conférences | <i>CE / MINRESI</i> |
| 12. | NGODO MELINGUI Jean Baptiste | Maître de Conférences | En poste |
| 13. | NGONKEU MAGAPTCHE Eddy L. | Maître de Conférences | <i>CT / MINRESI</i> |
| 14. | TONFACK Libert Brice | Maître de Conférences | En poste |
| 15. | TSOATA Esaïe | Maître de Conférences | En poste |
| 16. | ONANA JEAN MICHEL | Maître de Conférences | En poste |

| | | | |
|-----|---------------------------------------|------------------|---|
| 17. | DJEUANI Astride Carole | Chargé de Cours | En poste |
| 18. | GOMANDJE Christelle | Chargée de Cours | En poste |
| 19. | GONMADGE CHRISTELLE | Chargée de Cours | En poste |
| 20. | MAFFO MAFFO Nicole Liliane | Chargé de Cours | En poste |
| 21. | MAHBOU SOMO TOUKAM. Gabriel | Chargé de Cours | En poste |
| 22. | NGALLE Hermine BILLE | Chargée de Cours | En poste |
| 23. | NNANGA MEBENGA Ruth Laure | Chargé de Cours | En poste |
| 24. | NOUKEU KOUAKAM Armelle | Chargé de Cours | En poste |
| 25. | NSOM ZAMBO EPSE PIAL ANNIE CLAUDE | Chargé de Cours | <i>En détachement/UNESCO MALI</i> |
| 26. | GODSWILL NTSOMBOH NTSEFONG | Chargé de Cours | En poste |
| 27. | KABELONG BANAHOU Louis- Paul-Roger | Chargé de Cours | En poste |
| 28. | KONO Léon Dieudonné | Chargé de Cours | En poste |
| 29. | LIBALAH Moses BAKONCK | Chargé de Cours | En poste |
| 30. | LIKENG-LI-NGUE Benoit C | Chargé de Cours | En poste |
| 31. | TAEDOUNG Evariste Hermann | Chargé de Cours | En poste |
| 32. | TEMEGNE NONO Carine | Chargé de Cours | En poste |

| | | | |
|-----|-------------------|-----------|----------|
| 33. | MANGA NDJAGA JUDE | Assistant | En poste |
|-----|-------------------|-----------|----------|

4- DÉPARTEMENT DE CHIMIE INORGANIQUE (CI) (31)

| | | | |
|----|--------------------|------------|----------------------------|
| 1. | AGWARA ONDOH Moïse | Professeur | <i>Chef de Département</i> |
|----|--------------------|------------|----------------------------|

| | | | |
|----|---------------------------------|------------|-----------------------------------|
| 2. | Florence UFI CHINJE épouse MELO | Professeur | <i>Recteur Univ. Ngaoundéré</i> |
| 3. | GHOGOMU Paul MINGO | Professeur | <i>Ministre Chargé de Miss.PR</i> |
| 4. | NANSEU NJIKI Charles Péguy | Professeur | En poste |
| 5. | NDIFON Peter TEKE | Professeur | <i>CT MINRESI</i> |
| 6. | NDIKONTAR Maurice KOR | Professeur | <i>Vice-Doyen Univ. Bamenda</i> |
| 7. | NENWA Justin | Professeur | En poste |
| 8. | NGAMENI Emmanuel | Professeur | <i>DOYEN FS Univ. Ngaoundéré</i> |
| 9. | NGOMO Horace MANGA | Professeur | <i>Vice Chancellor/UB</i> |

| | | | |
|-----|---------------------------------|-----------------------|---------------------|
| 10. | ACAYANKA Elie | Maître de Conférences | En poste |
| 11. | EMADACK Alphonse | Maître de Conférences | En poste |
| 12. | KAMGANG YOUBI Georges | Maître de Conférences | En poste |
| 13. | KEMMEGNE MBOUGUEM Jean C. | Maître de Conférences | En poste |
| 14. | KENNE DEDZO GUSTAVE | Maître de Conférences | En poste |
| 15. | KONG SAKEO | Maître de Conférences | En poste |
| 16. | MBEY Jean Aime | Maître de Conférences | En poste |
| 17. | NDI NSAMI Julius | Maître de Conférences | En poste |
| 18. | NEBAH Née NDOSIRI Bridget NDOYE | Maître de Conférences | <i>CT/ MINPROFF</i> |
| 19. | NJIOMOU C. épouse DJANGANG | Maître de Conférences | En poste |
| 20. | NJOYA Dayirou | Maître de Conférences | En poste |
| 21. | NYAMEN Linda Dyorisse | Maître de Conférences | En poste |
| 22. | PABOUDAM GBAMBIE Awawou | Maître de Conférences | En poste |

| | | | |
|-----|------------------------|-----------------------|----------|
| 23. | TCHAKOUTE KOUAMO Hervé | Maître de Conférences | En poste |
|-----|------------------------|-----------------------|----------|

| | | | |
|-----|------------------------------|-----------------|----------------------------------|
| 24. | BELIBI BELIBI Placide Désiré | Chargé de Cours | <i>Chef Service/ ENS Bertoua</i> |
| 25. | CHEUMANI YONA Arnaud M. | Chargé de Cours | En poste |
| 26. | KOUOTOU DAOUDA | Chargé de Cours | En poste |
| 27. | MAKON Thomas Beauregard | Chargé de Cours | En poste |
| 28. | NCHIMI NONO KATIA | Chargé de Cours | En poste |
| 29. | NJANKWA NJABONG N. Eric | Chargé de Cours | En poste |
| 30. | PATOUOSSA ISSOFA | Chargé de Cours | En poste |
| 31. | SIEWE Jean Mermoz | Chargé de Cours | En Poste |

5- DÉPARTEMENT DE CHIMIE ORGANIQUE (CO) (38)

| | | | |
|----|-----------------------------|------------|--|
| 1. | DONGO Etienne | Professeur | <i>Vice-Doyen/FSE/UIYI</i> |
| 2. | NGOUELA Silvère Augustin | Professeur | <i>Chef de Département UDS</i> |
| 3. | NYASSE Barthélemy | Professeur | En poste |
| 4. | PEGNYEMB Dieudonné Emmanuel | Professeur | <i>Directeur/ MINESUP/ Chef de Département</i> |
| 5. | WANDJI Jean | Professeur | En poste |
| 6. | MBAZOA née DJAMA Céline | Professeur | En poste |

| | | | |
|-----|--------------------------|-----------------------|---------------------------|
| 7. | Alex de Théodore ATCHADE | Maître de Conférences | <i>Vice-Doyen / DPSAA</i> |
| 8. | AMBASSA Pantaléon | Maître de Conférences | En poste |
| 9. | EYONG Kenneth OBEN | Maître de Conférences | En poste |
| 10. | FOLEFOC Gabriel NGOSONG | Maître de Conférences | En poste |
| 11. | FOTSO WABO Ghislain | Maître de Conférences | En poste |

| | | | |
|-----|---------------------------------|-----------------------|------------------------------------|
| 12. | KAMTO Eutrophe Le Doux | Maître de Conférences | En poste |
| 13. | KENMOGNE Marguerite | Maître de Conférences | En poste |
| 14. | KEUMEDJIO Félix | Maître de Conférences | En poste |
| 15. | KOUAM Jacques | Maître de Conférences | En poste |
| 16. | MKOUNGA Pierre | Maître de Conférences | En poste |
| 17. | MVOT AKAK CARINE | Maître de Conférences | En poste |
| 18. | NGO MBING Joséphine | Maître de Conférences | <i>Chef de Cellule MINRESI</i> |
| 19. | NGONO BIKOBO Dominique Serge | Maître de Conférences | <i>C.E.A/ MINESUP</i> |
| 20. | NOTE LOUGBOT Olivier Placide | Maître de Conférences | <i>DAAC/Uté Bertoua</i> |
| 21. | NOUNGOUE TCHAMO Diderot | Maître de Conférences | En poste |
| 22. | TABOPDA KUATE Turibio | Maître de Conférences | En poste |
| 23. | TAGATSING FOTSING Maurice | Maître de Conférences | En poste |
| 24. | TCHOUANKEU Jean-Claude | Maître de Conférences | <i>Doyen /FS/ UYI</i> |
| 25. | YANKEP Emmanuel | Maître de Conférences | En poste |
| 26. | ZONDEGOUMBA Ernestine | Maître de Conférences | En poste |

| | | | |
|-----|------------------------------|------------------|----------|
| 27. | NGNINTEDO Dominique | Chargé de Cours | En poste |
| 28. | NGOMO Orléans | Chargée de Cours | En poste |
| 29. | OUAHOUE WACHE Blandine M. | Chargée de Cours | En poste |
| 30. | SIELINOUE TEDJON Valérie | Chargé de Cours | En poste |
| 31. | MESSI Angélique Nicolas | Chargé de Cours | En poste |
| 32. | TCHAMGOUE Joseph | Chargé de Cours | En poste |
| 33. | TSAMO TONTSA Armelle | Chargé de Cours | En poste |

| | | | |
|-----|------------------|-----------------|----------|
| 34. | TSEMEUGNE Joseph | Chargé de Cours | En poste |
|-----|------------------|-----------------|----------|

| | | | |
|-----|-----------------------------------|------------|----------|
| 35. | MUNVERA MFIFEN Aristide | Assistant | En poste |
| 36. | NONO NONO Éric Carly | Assistant | En poste |
| 37. | OUETE NANTCHOUANG Judith Laure | Assistante | En poste |
| 38. | TSAFFACK Maurice | Assistant | En poste |

6- DÉPARTEMENT D'INFORMATIQUE (IN) (22)

| | | | |
|----|--------------------------------|------------|--|
| 1. | ATSA ETOUNDI Roger | Professeur | <i>Chef Div. MINESUP</i> |
| 2. | FOUDA NDJODO Marcel Laurent | Professeur | <i>Chef Dpt ENS/Chef IGA.MINESUP</i> |

| | | | |
|----|----------------|-----------------------|----------|
| 3. | NDOUNDAM René | Maître de Conférences | En poste |
| 4. | TSOPZE Norbert | Maître de Conférences | En poste |

| | | | |
|-----|---------------------------|-----------------|-------------------------------------|
| 5. | ABESSOLO ALO'O Gislain | Chargé de Cours | <i>Sous- Directeur/MINFOPRA</i> |
| 6. | AMINOU Halidou | Chargé de Cours | <i>Chef de Département</i> |
| 7. | DJAM Xaviera YOUH - KIMBI | Chargé de Cours | En Poste |
| 8. | DOMGA KOMGUEM Rodrigue | Chargé de Cours | En poste |
| 9. | EBELE Serge Alain | Chargé de Cours | En poste |
| 10. | HAMZA Adamou | Chargé de Cours | En poste |
| 11. | JIOMEKONG AZANZI Fidel | Chargé de Cours | En poste |
| 12. | KOUOKAM KOUOKAM E. A. | Chargé de Cours | En poste |
| 13. | MELATAGIA YONTA Paulin | Chargé de Cours | En poste |
| 14. | MONTHÉ DJIADEU Valery M. | Chargé de Cours | En poste |

| | | | |
|-----|------------------------------|-----------------|---|
| 15. | OLE OLE Daniel Claude Delort | Chargé de Cours | <i>Directeur adjoint ENSET. Ebolowa</i> |
| 16. | TAPAMO Hyppolite | Chargé de Cours | En poste |

| | | | |
|-----|----------------------------------|-----------|----------|
| 17. | BAYEM Jacques Narcisse | Assistant | En poste |
| 18. | EKODECK Stéphane Gaël Raymond | Assistant | En poste |
| 19. | MAKEMBE. S. Oswald | Assistant | En poste |
| 20. | MESSI NGUELE Thomas | Assistant | En poste |
| 21. | NKONDOCK MI BAHANACK N. | Assistant | En poste |
| 22. | NZEKON NZEKO'O Armel Jacques | Assistant | En poste |

7- DÉPARTEMENT DE MATHÉMATIQUES (MA) (30)

| | | | |
|----|-------------------------------|-----------------------|--|
| 1. | AYISSI Raoul Domingo | Professeur | <i>Chef de Département</i> |
| 2. | KIANPI Maurice | Maître de Conférences | En poste |
| 3. | MBANG Joseph | Maître de Conférences | En poste |
| 4. | MBEHOU Mohamed | Maître de Conférences | En poste |
| 5. | MBELE BIDIMA Martin Ledoux | Maître de Conférences | En poste |
| 6. | NOUNDJEU Pierre | Maître de Conférences | <i>Chef Service des Programmes & Diplômes/FS/UYI</i> |
| 7. | TAKAM SOH Patrice | Maître de Conférences | En poste |
| 8. | TCHAPNDA NJABO Sophonie B. | Maître de Conférences | <i>Directeur/AIMS Rwanda</i> |
| 9. | TCHOUNDJA Edgar Landry | Maître de Conférences | En poste |

| | | | |
|-----|-------------------------------|------------------|----------------------------------|
| 10. | AGHOUKENG JIOFACK Jean Gérard | Chargé de Cours | <i>Chef Cellule MINEPAT</i> |
| 11. | BOGSO ANTOINE MARIE | Chargé de Cours | En poste |
| 12. | CHENDJOU Gilbert | Chargé de Cours | En poste |
| 13. | DJIADEU NGAHA Michel | Chargé de Cours | En poste |
| 14. | DOUANLA YONTA Herman | Chargé de Cours | En poste |
| 15. | KIKI Maxime Armand | Chargé de Cours | En poste |
| 16. | MBAKOP Guy Merlin | Chargé de Cours | En poste |
| 17. | MENGUE MENGUE David Joe | Chargé de Cours | <i>Chef Dpt /ENS Uté Bertoua</i> |
| 18. | NGUEFACK Bernard | Chargé de Cours | En poste |
| 19. | NIMPA PEFOUKEU Romain | Chargée de Cours | En poste |
| 20. | OGADOA AMASSAYOGA | Chargée de Cours | En poste |
| 21. | POLA DOUNDOU Emmanuel | Chargé de Cours | <i>En stage</i> |
| 22. | TCHEUTIA Daniel Duviol | Chargé de Cours | En poste |
| 23. | TETSADJIO TCHILEPECK M. E. | Chargé de Cours | En poste |

| | | | |
|-----|------------------------------|------------|----------|
| 24. | BITYE MVONDO Esther Claudine | Assistante | En poste |
| 25. | FOKAM Jean Marcel | Assistant | En poste |
| 26. | LOUMNGAM KAMGA Victor | Assistant | En poste |
| 27. | MBATAKOU Salomon Joseph | Assistant | En poste |
| 28. | MBIAKOP Hilaire George | Assistant | En poste |
| 29. | MEFENZA NOUNTU Thiery | Assistant | En poste |
| 30. | TENKEU JEUFACK Yannick Léa | Assistant | En poste |

8- DÉPARTEMENT DE MICROBIOLOGIE (MIB) (22)

| | | | |
|----|----------------------------------|------------|--------------------------------------|
| 1. | ESSIA NGANG Jean Justin | Professeur | <i>Chef de Département</i> |
| 2. | NYEGUE Maximilienne Ascension | Professeur | <i>VICE-DOYEN / DSSE/FS/UIYI</i> |
| 3. | NWAGA Dieudonné M. | Professeur | En poste |

| | | | |
|----|---|-----------------------|----------|
| 4. | ASSAM ASSAM Jean Paul | Maître de Conférences | En poste |
| 5. | BOUGNOM Blaise Pascal | Maître de Conférences | En poste |
| 6. | BOYOMO ONANA | Maître de Conférences | En poste |
| 7. | KOUITCHEU MABEKU épouse KOUAM Laure Brigitte | Maître de Conférences | En poste |
| 8. | RIWOM Sara Honorine | Maître de Conférences | En poste |
| 9. | SADO KAMDEM Sylvain Leroy | Maître de Conférences | En poste |

| | | | |
|-----|--|------------------|--------------------------------------|
| 10. | BODA Maurice | Chargé de Cours | En position d'absence irrégulière |
| 11. | ESSONO OBOUGOU Germain G. | Chargé de Cours | En poste |
| 12. | NJIKI BIKOÏ Jacky | Chargée de Cours | En poste |
| 13. | TCHIKOUA Roger | Chargé de Cours | En poste |
| 14. | ESSONO Damien Marie | Chargé de Cours | En poste |
| 15. | LAMYE Glory MOH | Chargé de Cours | En poste |
| 16. | MEYIN A EBONG Solange | Chargée de Cours | En poste |
| 17. | NKOUDOU ZE Nardis | Chargé de Cours | En poste |
| 18. | TAMATCHO KWEYANG Blandine Pulchérie | Chargée de Cours | En poste |
| 19. | TOBOLBAÏ Richard | Chargé de Cours | En poste |

| | | | |
|-----|--------------------------------|------------|----------|
| 20. | MONI NDEDI Esther Del Florence | Assistante | En poste |
| 21. | NKOUÉ TONG ABRAHAM | Assistant | En poste |
| 22. | SAKE NGANE Carole Stéphanie | Assistante | En poste |

9. DEPARTEMENT DE PYSIQUE(PHY) (43)

| | | | |
|-----|------------------------------|------------|-------------------------------------|
| 1. | BEN- BOLIE Germain Hubert | Professeur | En poste |
| 2. | DJUIDJE KENMOE épouse ALOYEM | Professeur | En poste |
| 3. | EKOBENA FOU DA Henri Paul | Professeur | <i>Vice-Recteur. Uté Ngaoundéré</i> |
| 4. | ESSIMBI ZOBO Bernard | Professeur | En poste |
| 5. | NANA ENGO Serge Guy | Professeur | En poste |
| 6. | NANA NBENDJO Blaise | Professeur | En poste |
| 7. | NDJAKA Jean Marie Bienvenu | Professeur | <i>Chef de Département</i> |
| 8. | NJANDJOCK NOUCK Philippe | Professeur | En poste |
| 9. | NOUAYOU Robert | Professeur | En poste |
| 10. | PEMHA Elkana | Professeur | En poste |
| 11. | SAIDOU | Professeur | <i>Chef de centre/IRGM/MINRESI</i> |
| 12. | TABOD Charles TABOD | Professeur | <i>Doyen FSUniv/Bda</i> |
| 13. | TCHAWOUA Clément | Professeur | En poste |
| 14. | WOAFO Paul | Professeur | En poste |
| 15. | ZEKENG Serge Sylvain | Professeur | En poste |

| | | | |
|-----|---------------------|-----------------------|-----------------------|
| 16. | BIYA MOTTO Frédéric | Maître de Conférences | <i>DG/HYDRO Mekin</i> |
| 17. | BODO Bertrand | Maître de Conférences | En poste |

| | | | |
|-----|-------------------------------|-----------------------|---------------------------|
| 18. | BOYOMO Marthe | Maître de Conférences | <i>DA / ENSPY</i> |
| 19. | ENYEGUE A NYAM épouse BELINGA | Maître de Conférences | En poste |
| 20. | EYEBE FOU DA Jean sire | Maître de Conférences | En poste |
| 21. | FEWO Serge Ibraïd | Maître de Conférences | En poste |
| 22. | HONA Jacques | Maître de Conférences | En poste |
| 23. | MBINACK Clément | Maître de Conférences | En poste |
| 24. | MBONO SAMBA Yves Christian U. | Maître de Conférences | En poste |
| 25. | NDOP Joseph | Maître de Conférences | En poste |
| 26. | SIEWE SIEWE Martin | Maître de Conférences | En poste |
| 27. | SIMO Elie | Maître de Conférences | En poste |
| 28. | VONDOU Derbetini Appolinaire | Maître de Conférences | En poste |
| 29. | WAKATA née BEYA Annie | Maître de Conférences | <i>Directeur/ENS/UIYI</i> |

| | | | |
|-----|-----------------------------------|------------------|------------------------------------|
| 30. | ABDOURAHIMI | Chargé de Cours | En poste |
| 31. | CHAMANI Roméo | Chargé de Cours | En poste |
| 32. | EDONGUE Hervais | Chargé de Cours | En poste |
| 33. | FOUEDJIO David | Chargé de Cours | <i>Chef Cell. MINADER</i> |
| 34. | MEL'I Joelle Larissa | Chargée de Cours | En poste |
| 35. | MVOGO Alain | Chargé de Cours | En poste |
| 36. | WOULACHE Rosalie Laure | Chargée de Cours | <i>Absente depuis Janvier 2022</i> |
| 37. | AYISSI EYEBE Guy François Valérie | Chargé de Cours | En poste |
| 38. | DJIOTANG TCHOTCHOU Lucie Angennes | Chargée de Cours | En poste |
| 39. | OTTOU ABE Martin Thierry | Chargé de Cours | En poste |
| 40. | TEYOU NGOUPOU Ariel | Chargé de Cours | En poste |

| | | | |
|-----|------------------------------|-----------|----------|
| 41. | KAMENI NEMATCHOUA Modeste | Assistant | En poste |
| 42. | LAMARA Maurice | Assistant | En poste |
| 43. | NGA ONGODO Dieudonné | Assistant | En poste |
| 44. | WANDJI NYAMSI William | Assistant | En poste |

10- DÉPARTEMENT DE SCIENCES DE LA TERRE (ST) (42)

| | | | |
|----|-------------------------------|------------|----------------------------|
| 1. | BITOM Dieudonné-Lucien | Professeur | <i>Doyen / FASA / UDs</i> |
| 2. | FOUATEU Rose épouse YONGUE | Professeur | En poste |
| 3. | NDAM NGOUPAYOU Jules- Remy | Professeur | En poste |
| 4. | NDJIGUI Paul Désiré | Professeur | <i>Chef de Département</i> |
| 5. | NGOS III Simon | Professeur | En poste |
| 6. | NKOUMBOU Charles | Professeur | En poste |
| 7. | NZENTI Jean-Paul | Professeur | En poste |

| | | | |
|-----|-------------------------------|-----------------------|---|
| 8. | ABOSSOLO née ANGUE Monique | Maître de Conférences | <i>Vice-Doyen / DRC</i> |
| 9. | BISSO Dieudonné | Maître de Conférences | <i>Directeur/Projet Barrage Memve'ele</i> |
| 10. | EKOMANE Emile | Maître de Conférences | En poste |
| 11. | FUH Calistus Gentry | Maître de Conférences | <i>Sec. D'Etat/MINMIDT</i> |
| 12. | GANNO Sylvestre | Maître de Conférences | En poste |
| 13. | GHOGOMU Richard TANWI | Maître de Conférences | <i>Chef de Département /Uté Maroua</i> |
| 14. | MOUNDI Amidou | Maître de Conférences | CT/ MINIMDT |
| 15. | NGO BIDJECK Louise Marie | Maître de Conférences | En poste |

| | | | |
|-----|--------------------------------|-----------------------|--|
| 16. | NGUEUTCHOUA Gabriel | Maître de Conférences | CEA/MINRESI |
| 17. | NJILAH Isaac KONFOR | Maître de Conférences | En poste |
| 18. | NYECK Bruno | Maître de Conférences | En poste |
| 19. | ONANA Vincent Laurent | Maître de Conférences | <i>Chef service Maintenance & du Matériel/UYII</i> |
| 20. | TCHAKOUNTE J. épouse NUMBEM | Maître de Conférences | <i>Chef.cell / MINRESI</i> |
| 21. | TCHOUANKOUE Jean-Pierre | Maître de Conférences | En poste |
| 22. | TEMGA Jean Pierre | Maître de Conférences | En poste |
| 23. | YENE ATANGANA Joseph Q. | Maître de Conférences | <i>Chef Div. /MINTP</i> |
| | ZO'O ZAME Philémon | Maître de Conférences | <i>DG/ART</i> |

| | | | |
|-----|----------------------------------|------------------|-----------------------|
| 24. | ANABA ONANA Achille Basile | Chargé de Cours | En poste |
| 25. | BEKOA Etienne | Chargé de Cours | En poste |
| 26. | ELISE SABABA | Chargé de Cours | En poste |
| 27. | ESSONO Jean | Chargé de Cours | En poste |
| 28. | EYONG JOHN TAKEM | Chargé de Cours | En poste |
| 29. | MAMDEM TAMTO LIONELLE ESTELLE | Chargé de Cours | En poste |
| 30. | MBESSE CECILE OLIVE | Chargée de Cours | En poste |
| 31. | MBIDA YEM | Chargé de Cours | En poste |
| 32. | METANG Victor | Chargé de Cours | En poste |
| 33. | MINYEM Dieudonné | Chargé de Cours | <i>CD/ Uté Maroua</i> |
| 34. | NGO BELNOUN Rose Noël | Chargée de Cours | En poste |
| 35. | NOMO NEGUE Emmanuel | Chargé de Cours | En poste |
| 36. | NTSAMA ATANGANA Jacqueline | Chargé de Cours | En poste |

| | | | |
|-----|-------------------------|-----------------|----------|
| 37. | TCHAPTCHET TCHATO De P. | Chargé de Cours | En poste |
| 38. | TEHNA Nathanaël | Chargé de Cours | En poste |
| 39. | FEUMBA Roger | Chargé de Cours | En poste |
| 40. | MBANGA NYOBE Jules | Chargé de Cours | En poste |

| | | | |
|-----|-----------------|-----------|----------|
| 41. | NGO'O ZE ARNAUD | Assistant | En poste |
|-----|-----------------|-----------|----------|

**Répartition chiffrée des Enseignants de la Faculté des Sciences de l'Université de
Yaoundé I**

| NOMBRE D'ENSEIGNANTS | | | | | |
|-----------------------------|--------------------|-------------------------------|-------------------------|-------------------|-----------------|
| DÉPARTEMENT | Professeurs | Maîtres de Conférences | Chargés de Cours | Assistants | Total |
| BCH | 8 (00) | 14 (10) | 15 (05) | 02 (01) | 39 (16) |
| BPA | 14 (01) | 12 (08) | 21 (06) | 04 (02) | 51 (17) |
| BPV | 06 (01) | 10 (01) | 16 (09) | 01 (00) | 33 (11) |
| CI | 09 (01) | 14 (04) | 08 (01) | 00 (00) | 31 (06) |
| CO | 06 (01) | 20 (04) | 08 (03) | 04 (01) | 38 (09) |
| IN | 02 (00) | 02 (00) | 12 (01) | 06 (00) | 22 (01) |
| MAT | 01 (00) | 08 (00) | 14 (01) | 07 (01) | 30 (02) |
| MIB | 03 (01) | 06 (02) | 10 (03) | 03 (02) | 22 (08) |
| PHY | 15 (01) | 13 (02) | 11 (03) | 04 (00) | 43 (06) |
| ST | 07 (01) | 16 (03) | 18 (04) | 01 (00) | 42 (08) |
| Total | 71 (07) | 115 (34) | 133 (36) | 32 (07) | 351 (84) |

Soit un total de **351 (84)** dont :

- Professeurs **71 (07)**
- Maîtres de Conférences **115 (34)**
- Chargés de Cours **133 (36)**
- Assistants **32 (07)**

() = Nombre de Femmes **84**

DÉDICACE

A mes parents,

Feu papa NOUBOUEM Pascal Blaise

et

maman MEITSA Sylvie Georgette.

REMERCIEMENTS

Les travaux de cette thèse ont débuté à l'Unité de Recherche de la Liverpool School of Tropical Medicine (LSTM) basée jadis à l'Organisation de Coordination pour la Lutte contre les Endémies en Afrique Centrale (OCEAC) à Yaoundé et se sont achevés au Centre for Research in Infectious Diseases (CRID) dans la même ville, où ladite Unité a été relocalisée.

Ce travail s'inscrit dans le cadre d'un projet financé par la Wellcome Trust Training Fellowship in Public Health and Tropical Medicine (204862) accordé au Dr KAMGANG MBOUHOM David Basile du CRID.

Qu'il me soit donc permis, avant de restituer ce travail, d'adresser mes remerciements les plus sincères à/au/aux :

- **SEIGNEUR DIEU Tout Puissant** pour la vie, la santé et la protection qui me sont gracieusement accordées ;

- **Pr WONDJI Charles**, Directeur Exécutif du CRID, pour avoir accepté de codiriger cette thèse et de m'avoir donné une opportunité de travailler dans de bonnes conditions scientifiques. Ses encouragements et son sens du travail « très bien fait » ont été des éléments motivateurs tout au long de ce parcours. Qu'il soit remercié pour sa détermination à me pousser vers les sommets de la vie, principalement dans la recherche scientifique ;

- **Pr NJIOKOU Flobert**, pour avoir piloté mon changement de sujet et d'équipe d'encadrement sans retenir sa dévotion et ses corrections scientifiques qui ont peaufiné ce travail en tant que Co-encadreur ;

- **Experts et Membres du Jury** qui ont bien voulu accepter d'évaluer ce travail et dont les corrections et les commentaires ont significativement amélioré la qualité du document final ;

- **Dr KAMGANG MBOUHOM David Basile**, sans qui ce travail n'aurait jamais vu le jour. Etant novice dans le domaine de la bio-écologie des vecteurs *Aedes* et de la biologie moléculaire, il a su me guider de la collecte des données à la rédaction des articles d'une main douce caractérisée par une rigueur scientifique et un sens du devoir bien fait. Ses corrections et conseils ont constitué des marches d'escaliers que j'ai gravies tout au long de cette aventure pour atteindre le niveau actuel. Son sens de l'humour et sa convivialité n'ont pas été en laisse. Faire sa connaissance est a été pour moi le début d'une riche carrière scientifique ;

- **Enseignants du Département de Biologie et Physiologie Animales**, pour la qualité des enseignements reçus. Ils ont été les artisans de ma formation de Parasitologiste-Ecologiste que je deviendrai à la fin de ce travail ;

- **Prs BIGOGA Jude et KEKEUNOU Sévilor**, mes initiateurs en Entomologie Médicale alors que j'entrais en cycle de Master recherche, qui ont su m'animer de passion pour les moustiques ;

- **Pr ETANG Josiane et Dr AWONO-AMBENE Parfait**, qui ont contribué à mon intégration à l'unité de recherche de la LSTM jadis basée à l'OCEAC ;

- **Centre Pasteur de Bangui** pour nous avoir fourni les aliquots d'ADN complémentaire des virus dengue, chikungunya et Zika qui ont servi de contrôles positifs lors de notre travail ;

- **Directeur du Jardin Zoo-Botanique de Mvog-Betsi et toutes les populations** des différentes localités où les moustiques ont été collectées ; qu'ils trouvent ici toute notre reconnaissance pour leur collaboration et leur contribution durant les collectes ;

- **Drs ELANGA N'DILLE Emmanuel Clément, NDO Cyrille, KAMDEM Collince, FOUET Caroline, TENE FOSSOG Billy, SANDEU Marcel, MELACHIO TITO Trésor, SIMO Huguette, DJUICY Delia, TCHOUAKUI Magellan, NGUETE Daniel, MENZE Benjamin, FADEL NAKEBANG Amen, MUGENZI Jean Léon, FONGO-SUH Pierre et YOUNGANG Aurélie Prisca** dont les conseils et les critiques ont été nécessaires durant ce travail ;

- **Mme WONDJI Murielle**, avec qui j'ai appris les principes de la biologie moléculaire, dont les conseils et l'assistance technique ont amélioré la qualité des résultats ;

- **Mme TCHOUPPO Mi-Carême et MM TCHAPGA William, EBAI TERENCE et MBAKAM Bertrand**, techniciens de laboratoire du CRID, pour leur assistance multiple et répétée ;

- **Mmes NGUEMEGNI Carine et YINIKI Falenne et MM TAPOKO Guy-Bertrand et KONTCHOU Esaïe**, personnels administratif et financier du CRID, pour l'aménagement dans les procédures administratives et les facilitations financières durant ma période de stage ;

- **Mmes DJOUNKWA Lynda, SANDEU Ruth, KOUAMO Mersimine, WAMBA Amélie, MAFFO Claudine et SADO Francine, et MM BINYANG Achille, WILSON-BAHUN Theodel, NKEMNGO Francis, NOUTCHII Cédrique, FOTSO Yvan et**

MBOUAKA Calmes, mes Camarades de laboratoire, avec qui l'aventure, au-delà d'être une vie de fraternité, a surtout été des moments d'échanges scientifiques instructifs et déterminants ;

- **MM DAOUDA Robert** et **WIRSIY Charles**, Chauffeurs du CRID, connus sous le nom de « **Pilotes de route** », dont la prudence derrière le volant nous a assuré la sécurité lors des descentes de terrain ;

- **MM ADAMOU, YANOUSSA, KARIMOU et BILOGO**, gardiens du CRID qui ont assuré notre sécurité au sein du bâtiment, même pendant des périodes durant lesquelles la pression du travail nous imposait de rentrer à des heures tardives. Mes remerciements pour cet illustre travail qu'ils assurent au quotidien ;

- **Mme WIRSY Elisabeth**, agent d'entretien au CRID, qui a toujours aménagé notre cadre de travail en apportant la propreté dans tous les espaces chaque matin ;

- **Grandes familles** généalogiques et par alliances auxquelles j'appartiens, pour tout le soutien accordé durant ce parcours ;

- Ma tendre épouse **Me FOTSO HONSO épouse TEDJOU Eliane Marielle** et mes **enfants** dont la seule présence est une source intarissable de courage et d'abnégation à l'achèvement de ce travail.

Que tous ceux qui de près ou de loin ont contribué à la réalisation de ce travail de quelque nature que ce soit, trouvent ici mon élan de gratitude à leur égard.

SOMMAIRE

| | |
|--|---------------|
| LISTES DES ENSEIGNANTS PERMANENTS DE LA FACULTE DES SCIENCES..... | i |
| DÉDICACE..... | xxi |
| REMERCIEMENTS..... | xxii |
| SOMMAIRE..... | xxv |
| LISTE DES FIGURES..... | xxix |
| LISTE DES TABLEAUX..... | xxxii |
| LISTE DES ABRÉVIATIONS ET ACRONYMES..... | xxxiii |
| RÉSUMÉ..... | xxxv |
| ABSTRACT..... | xxxvii |
| INTRODUCTION..... | 1 |
| CHAPITRE I : REVUE DE LA LITTÉRATURE..... | 6 |
| I.1. ARBOVIROSES (DENGUE, CHIKUNGUNYA ET ZIKA) ET VIRUS AGENTS PATHOGÈNES..... | 7 |
| I.1.1. Généralités et historique des arboviroses (dengue, chikungunya et Zika) | 7 |
| I.1.2. Virus agents pathogènes de la dengue (DENV), du chikungunya (CHIKV) et du Zika (ZIKV) | 9 |
| I.1.3. Cycle biologique et transmission des virus DENV, CHIKV et ZIKV..... | 13 |
| I.1.4. Répartition de la dengue, du chikungunya et du Zika dans le monde et en Afrique | 16 |
| I.1.5. Situation de la dengue, du chikungunya et du Zika au Cameroun..... | 20 |
| I.1.6. Signes cliniques et diagnostic de la dengue, du chikungunya et du Zika | 21 |
| I.1.7. Lutte contre la dengue, le chikungunya et le Zika | 23 |

| | |
|---|-----------|
| I-2. Présentation des moustiques <i>Aedes</i> vecteurs des virus de la dengue, du chikungunya et du Zika | 28 |
| I.2.1. Position systématique des moustiques <i>Aedes</i> | 28 |
| I.2.2. Cycle de développement des moustiques <i>Aedes</i> | 30 |
| I.2.3. Description d' <i>Aedes aegypti</i> | 34 |
| I.2.4. Description d' <i>Aedes albopictus</i> | 37 |
| I.2.5. Répartition d' <i>Aedes albopictus</i> et <i>Aedes aegypti</i> en Afrique Centrale et au Cameroun..... | 39 |
| I.3. Interaction entre vecteurs et mécanismes d'immunité impliqués dans la transmission des virus | 40 |
| I.3.1. Interactions entre vecteurs <i>Aedes albopictus</i> et <i>Aedes aegypti</i> | 40 |
| I.3.2. Mécanismes d'immunité impliqués dans la transmission des virus | 41 |
| I.3.2.2. Bases moléculaires de l'immunité chez les moustiques | 43 |
| I.4. Outils moléculaires utilisés pour étudier la diversité génétique et de détecter les infections virales naturelles chez les <i>Aedes</i> vecteurs d'arboviroses..... | 45 |
| I.4.1. Utilisation des marqueurs mitochondriaux | 45 |
| I.4.2. Extraction de l'ADN | 45 |
| I.4.3. Réaction de polymérisation en chaîne (PCR, Polymerase Chain Reaction)..... | 46 |
| I.4.4. Electrophorèse et révélation des amplicons PCR | 49 |
| I.4.5. Séquençage de l'ADN..... | 50 |
| CHAPITRE II : MATÉRIEL ET MÉTHODES | 51 |
| II.1. MATÉRIEL..... | 52 |
| II.1.1. Cadre géographique | 52 |

| | |
|--|------------|
| II.1.2. Matériel utilisé | 64 |
| II.2. MÉTHODES | 65 |
| II.2.1. Clairance éthique | 65 |
| II.2.2. Évaluation de la distribution d' <i>Aedes albopictus</i> et <i>Aedes aegypti</i> à l'échelle du Cameroun et de leur degré de colonisation dans la ville de Yaoundé..... | 65 |
| II.2.3. Détermination du rôle épidémiologique des populations d' <i>Aedes albopictus</i> et <i>Aedes aegypti</i> dans la transmission des virus de la dengue, du chikungunya et du Zika..... | 70 |
| II.2.4. Évaluation de la diversité génétique des populations d' <i>Aedes albopictus</i> et <i>Aedes aegypti</i> à l'aide du gène mitochondrial mtCOI et de deux gènes immunitaires | 77 |
| II.2.5. Exploitation et analyse des données | 81 |
| CHAPITRE III : RÉSULTATS ET DISCUSSION | 89 |
| III-1. RÉSULTATS..... | 90 |
| III.1.1. Distribution d' <i>Aedes albopictus</i> et <i>Aedes aegypti</i> à l'échelle du Cameroun et dans la ville de Yaoundé | 90 |
| III.1.2. Rôle épidémiologique d' <i>Aedes albopictus</i> et <i>Aedes aegypti</i> dans la transmission des virus de la dengue, du chikungunya et du Zika..... | 112 |
| III.1.3. Niveau de diversité génétique des populations d' <i>Aedes albopictus</i> et <i>Aedes aegypti</i> | 114 |
| III-2. DISCUSSION..... | 127 |
| III.2.1. Distribution d' <i>Aedes albopictus</i> et <i>Aedes aegypti</i> à l'échelle du Cameroun | 127 |
| III.2.2. Niveau de colonisation d' <i>Aedes albopictus</i> et <i>Aedes aegypti</i> dans la ville de Yaoundé..... | 130 |

| | |
|---|------------|
| III.2.3. Rôle épidémiologique des populations d' <i>Aedes albopictus</i> et <i>Aedes aegypti</i> dans la transmission des virus de la dengue, du chikungunya et du Zika | 132 |
| III.2.4. Diversité génétique des populations d' <i>Aedes albopictus</i> et d' <i>Aedes aegypti</i> | 134 |
| CONCLUSION, RECOMMANDATIONS ET PERSPECTIVES | 137 |
| RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES..... | 140 |
| ANNEXES..... | 176 |
| ARTICLES PUBLIÉS | 197 |

LISTE DES FIGURES

| | |
|--|----|
| Figure 1 : Structure du virus de la dengue | 11 |
| Figure 2 : Structure du virus du chikungunya | 12 |
| Figure 3 : Structure du virus Zika | 12 |
| Figure 4 : Cycle biologique du virus de la dengue..... | 14 |
| Figure 5 : Cycle de transmission de la dengue, du chikungunya et du Zika..... | 16 |
| Figure 6 : Répartition de la dengue, du chikungunya et du Zika dans le monde | 19 |
| Figure 7 : Cycle biologique du moustique <i>Aedes</i> | 31 |
| Figure 8 : Stades immatures d' <i>Aedes</i> | 32 |
| Figure 9 : Morphologie générale de l'adulte d'un moustique du genre <i>Aedes</i> | 33 |
| Figure 10 : Particularités morphologiques des genres <i>Anopheles</i> , <i>Aedes</i> et <i>Culex</i> | 33 |
| Figure 11 : Différentes formes d' <i>Aedes aegypti</i> | 36 |
| Figure 12 : Mâle d' <i>Aedes albopictus</i> | 37 |
| Figure 13 : Exemples de gîtes colonisés par les stades immatures d' <i>Aedes</i> | 38 |
| Figure 14 : Répartition d' <i>Aedes aegypti</i> et <i>Aedes albopictus</i> au Cameroun | 40 |
| Figure 15 : Processus chimique de la RT-PCR TaqMan | 49 |
| Figure 16 : Principaux domaines climatiques du Cameroun | 54 |
| Figure 17 : Types de couvert végétal du Cameroun | 55 |
| Figure 18 : Sites de collectes des stades immatures d' <i>Aedes</i> spp. au Cameroun..... | 66 |
| Figure 19 : Échantillonnage des stades immatures d' <i>Aedes</i> spp..... | 67 |
| Figure 20 : Sites de collecte des stades immatures et des adultes d' <i>Aedes</i> spp. dans la ville de Yaoundé..... | 68 |

| | |
|--|-----|
| Figure 21 : Collecte et élevage des stades immatures d' <i>Aedes</i> | 69 |
| Figure 22 : Collecte des stades adultes d' <i>Aedes</i> | 71 |
| Figure 23 : Exemples de courbes de fluorescence des échantillons testés par RT-PCR..... | 85 |
| Figure 24 : Répartition géographique d' <i>Aedes albopictus</i> et <i>Aedes aegypti</i> à l'échelle du Cameroun par type d'environnement | 94 |
| Figure 25 : Indices calculés à partir des nymphes d' <i>Aedes albopictus</i> et <i>Aedes aegypti</i> | 104 |
| Figure 26 : Indices calculés à partir des nymphes d' <i>Aedes albopictus</i> et <i>Aedes aegypti</i> | 104 |
| Figure 27 : Distribution spatiale d' <i>Aedes albopictus</i> et <i>Aedes aegypti</i> dans la ville de Yaoundé..... | 111 |
| Figure 28 : Distribution géographique des haplotypes (H1, H2, H3, H4, H5) du gène mtCOI des populations d' <i>Aedes albopictus</i> | 115 |
| Figure 29 : Diversité génétique du gène mtCOI des populations d' <i>Aedes albopictus</i> du Cameroun | 117 |
| Figure 30 : Analyse phylogénétique du gène mtCOI des échantillons d' <i>Aedes albopictus</i> par la méthode de maximum de vraisemblance | 118 |
| Figure 31 : Distribution des haplotypes des gènes immunitaires des échantillons d' <i>Aedes</i> <i>aegypti</i> | 122 |
| Figure 32 : Positions polymorphiques des différents haplotypes à partir des séquences de référence d' <i>Aedes aegypti</i> | 123 |
| Figure 33 : Réseau d'haplotypes et analyses phylogénétiques des gènes DOME et PIAS des échantillons d' <i>Aedes aegypti</i> au Cameroun | 124 |

LISTE DES TABLEAUX

| | |
|---|----|
| Tableau I : Classification des virus DENV, CHIKV et ZIKV. | 9 |
| Tableau II : Composition du milieu réactionnel et programme d'amplification pour la synthèse de l'ADNc..... | 72 |
| Tableau III : Séquences des amorces et des sondes des virus dengue, chikungunya et Zika..... | 73 |
| Tableau IV : Composition du milieu réactionnel et programme d'amplification des gènes 5'-UTR des virus de la dengue, du Zika et E1 du virus du chikungunya..... | 74 |
| Tableau V : Séquences des amorces COI, COXI et Cyt-b | 75 |
| Tableau VI : Composition du milieu réactionnel et programme d'amplification des gènes COI, COXI et Cyt-b. | 76 |
| Tableau VII : Amorces utilisées pour l'amplification des gènes mtCOI chez <i>Aedes albopictus</i> , et DOME et PIAS chez <i>Aedes aegypti</i> | 79 |
| Tableau VIII : Composition du mélange réactionnel et programme d'amplification pour chaque gène | 80 |
| Tableau IX : Valeurs seuils des indices stégomyiens..... | 83 |
| Tableau X : Variables utilisées pour les analyses statistiques | 84 |
| Tableau XI : Abondances des types de gîtes prospectés et positifs au Cameroun | 90 |
| Tableau XII : Distribution des fréquences d' <i>Aedes albopictus</i> et <i>Aedes aegypti</i> à l'échelle du Cameroun par type d'environnement | 91 |
| Tableau XIII : Distribution des fréquences des stades immatures d' <i>Aedes albopictus</i> et d' <i>Aedes aegypti</i> dans les arrondissements et les différents quartiers de la ville de Yaoundé..... | 95 |

| | |
|---|-----|
| Tableau XIV : Type de gîtes colonisés par les stades immatures d' <i>Aedes aegypti</i> et d' <i>Aedes albopictus</i> à Yaoundé. | 98 |
| Tableau XV : Valeurs moyennes des Indice de Maison (IM), Indice de Breteau (IB) et Indice Conteneur (IC), et estimateur du risque potentiel de transmission de la dengue et de la fièvre jaune dans la ville de Yaoundé..... | 103 |
| Tableau XVI : Niveau de colonisation des types de gîtes dans la ville de Yaoundé par <i>Aedes albopictus</i> et <i>Aedes aegypti</i> | 106 |
| Tableau XVII : Caractéristiques environnementales des gîtes larvaires associés à la présence des nymphes et des stades immatures d' <i>Aedes albopictus</i> et <i>Aedes aegypti</i> | 107 |
| Tableau XVIII : Nombre de pools testés par espèce d' <i>Aedes</i> et par localité | 112 |
| Tableau XIX : Origine des repas de sang ingérés par les femelles d' <i>Aedes albopictus</i> et <i>Aedes aegypti</i> | 113 |
| Tableau XX : Diversité génétique et tests statistiques du polymorphisme du gène mtCOI d' <i>Aedes albopictus</i> du Cameroun. | 116 |
| Tableau XXI : Indices de diversité génétique du gène DOME des populations d' <i>Aedes aegypti</i> du Cameroun..... | 120 |
| Tableau XXII : Indices de diversité génétique du gène PIAS des populations d' <i>Aedes aegypti</i> du Cameroun..... | 121 |
| Tableau XXIII: Niveau de polymorphisme du gène DOME sur les populations d' <i>Aedes aegypti</i> du Cameroun..... | 125 |
| Tableau XXIV : Niveau de polymorphisme du gène PIAS sur les populations d' <i>Aedes aegypti</i> du Cameroun..... | 126 |

LISTE DES ABRÉVIATIONS ET ACRONYMES

| | | |
|-------------|---|--|
| BG | : | BioGents |
| CDC | : | Centre for Diseases Control and Prevention |
| CHIKV | : | chikungunya virus |
| CNERSH | : | Comité National Ethique pour la Recherche en Santé Humaine |
| COI | : | cytochrome oxidase I spécifique aux vertébrés |
| COXI | : | cytochrome oxidase I spécifique à l'homme |
| CRID | : | Centre for Research in Infectious Diseases |
| CRISPR-CAS9 | : | Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats-associated protein 9 |
| Ct | : | cycle seuil |
| Cyt-b | : | cytochrome b spécifique aux mammifères |
| DDT | : | dichlorodiphényltrichloroéthane |
| DENV | : | dengue virus |
| dNTPs | : | désoxyribonucléosides triphosphates |
| ECSA | : | Est-Centre-Sud de l'Afrique |
| ELISA | : | enzyme-linked immunosorbent assay |
| GADM | : | Global Administrative Areas |
| GPS | : | Global Positioning System |
| IB | : | Indice de Breteau |
| IC | : | Indice Conteneur |
| IgG | : | immunoglobulines G |
| IM | : | Indice de Maison |
| IMD | : | immunodéficience |
| IN | : | Indice Nymphal |
| INP | : | Indice Nymphal par Personne |
| JAK-STAT | : | Janus Kinase proteins signal transducers and activators of transcription |

| | | |
|--------|---|--|
| JZBM | : | Jardin Zoo-Botanique de Mvog-Betsi |
| kb | : | kilobase |
| LSTM | : | Liverpool School of Tropical Medicine |
| COI | : | Cytochrome oxydase sous unité 1 |
| NS | : | non-structurant |
| NSP | : | protéines non structurales |
| OCEAC | : | Organisation de Coordination pour la lutte contre les Endémies en Afrique Centrale |
| PAHO | : | Pan American Health Organisation |
| pb | : | paires de bases |
| RpRr | : | ARN polymérase dirigé par l'ARN |
| RT | : | reverse transcriptase |
| RT-PCR | : | real time polymerase chain reaction |
| TAE | : | Tris-Acétate-EDTA (TAE) |
| UTR | : | gène à région transcrite non traduite |
| VIH | : | virus de l'immunodéficience humaine |
| WA | : | Ouest Africaine |
| ZIKV | : | Zika virus |

RÉSUMÉ

La dengue, le chikungunya et le Zika représentent des problèmes majeurs de santé publique dans plusieurs parties du monde. Les virus responsables de ces maladies sont transmis par une piqûre infectée de femelle du genre *Aedes* dont les espèces *Aedes albopictus* et *Aedes aegypti* sont les vecteurs majeurs. Au Cameroun, *Ae. aegypti* est une espèce indigène tandis qu'*Ae. albopictus* est d'introduction récente et dont les conséquences restent encore sous-évaluées. En absence d'un vaccin et d'un traitement efficaces contre ces maladies, le contrôle repose essentiellement sur la lutte antivectorielle qui nécessite une bonne connaissance de la bio-écologie des vecteurs. C'est dans ce contexte que notre étude vise à actualiser la distribution géographique au Cameroun, évaluer l'écologie larvaire, le niveau de colonisation dans la ville de Yaoundé, le rôle épidémiologique, ainsi que la diversité génétique des principaux vecteurs : *Ae. aegypti* et *Ae. albopictus*.

Pour ce faire, les stades immatures d'*Ae. aegypti* et *Ae. albopictus* ont été collectés dans 28 localités pour évaluer leur distribution à l'échelle du pays. Le niveau de colonisation et l'écologie larvaire de ces deux espèces ont été évalués dans 30 quartiers de la ville de Yaoundé en utilisant un plan de sondage aléatoire en grappes. Les indices entomologiques ont été calculés pour évaluer le risque entomologique. La détermination de l'infection naturelle des deux espèces collectées à Yaoundé par les virus DENV, CHIKV et ZIKV a été effectuée par PCR quantitative en temps réel. L'origine de repas de sang a été déterminée par séquençage du gène cytochrome oxydase afin d'identifier les hôtes potentiels. La diversité génétique des échantillons d'*Ae. albopictus* de 17 localités et d'*Ae. aegypti* de 9 localités a été évaluée par l'analyse du gène mitochondrial cytochrome oxydase sous-unité 1 (mtCOI) et des gènes immunitaires DOME et PIAS.

L'évaluation de la distribution géographique a permis de collecter 30381 adultes d'*Aedes* spp. dont 69,28% étaient des *Ae. albopictus* et 30,72% des *Ae. aegypti*. *Aedes aegypti* est présente dans toutes les localités prospectées tandis qu'*Ae. albopictus* a une distribution limitée à la partie Sud du pays en deçà de la latitude 6,4°N, suggérant une limitation climatique à l'invasion de la partie septentrionale par cette espèce. L'étude de l'écologie larvaire dans la ville de Yaoundé a montré des niveaux de colonisation élevés pour les deux espèces, avec une prédominance d'*Ae. albopictus* dans les quartiers centraux et périphériques qui confirme l'avantage compétitif de cette espèce sur l'espèce indigène. *Aedes aegypti* a persisté dans les quartiers centraux à forte densité de bâti et dans les zones rurales. Les deux espèces se développent principalement dans les pneus usagés et les récipients abandonnés associés à la

présence de débris végétaux dans le gîte. Les indices Stégomyiens élevés montrent l'existence d'un risque potentiel d'émergence des épidémies d'arboviroses dans la ville de Yaoundé.

A Yaoundé, Aucun spécimen d'*Ae. aegypti* ni d'*Ae. albopictus* n'a été trouvé infecté par les virus DENV, CHIKV et ZIKV et les femelles des deux vecteurs sont essentiellement anthropophages ; ce qui confirme le caractère anthropophage d'*Aedes* spp.. D'autres spécimens d'*Ae. albopictus* se sont gorgés sur un singe (*Papio anubis*) et sur une chauve-souris ; ce qui confirme le caractère trophique opportuniste de cette espèce. Cette observation met en évidence le risque d'émergence de nouvelles infections virales chez l'homme.

L'analyse du gène mtCOI des populations d'*Ae. albopictus* a révélé un faible polymorphisme à cinq haplotypes, l'haplotype 1 étant majoritaire. Ceci confirme une introduction récente de cette espèce au Cameroun à partir d'une population ancestrale. Les analyses des gènes DOME et PIAS des populations d'*Ae. aegypti* ont révélé un polymorphisme élevé avec 28 et 21 haplotypes respectivement, indiquant une grande variabilité de ces populations. Tous les indices de Tajima, de Fu et de Fu et Li ont été négatifs pour les deux gènes et suggèrent l'existence d'un excès d'allèles rares au sein de la population.

Ce travail fournit des données importantes pour la mise en place d'un programme de surveillance des vecteurs d'arbovirus, responsables de potentielles épidémies à travers le pays.

Mots clés : arboviroses, *Aedes albopictus*, *Aedes aegypti*, écologie larvaire, rôle épidémiologique, diversité génétique, Cameroun.

ABSTRACT

Dengue, chikungunya and Zika represent major public health problems in many parts of the world including Africa. The viruses responsible for these diseases are transmitted by an infected bite of female from the genus *Aedes* female, from which the species *Aedes albopictus* and *Aedes aegypti* are the major vectors. In Cameroon, *Ae. aegypti* is the indigenous species while *Ae. albopictus* is of recent introduction whose consequences are still underestimated. In the absence of an effective vaccine and treatment against these diseases, control is essentially based on vector control which requires a good knowledge of the bio-ecology of the vectors. Therefore, our study aims to update the geographical distribution in Cameroon, and assess the larval ecology and the level of colonisation in Yaoundé, the epidemiological role, as well as the genetic diversity of the main vectors, *Ae. aegypti* and *Ae. albopictus*.

For this purpose, immature stages of *Ae. aegypti* and *Ae. albopictus* were collected in 28 localities to assess their distribution throughout the country. The level of colonisation and larval ecology of both species were assessed in 30 neighborhoods of the city of Yaoundé using a cluster random sampling design. Entomological indices were calculated to assess entomological risk. Determination of natural infection of the two species collected in Yaoundé by DENV, CHIKV and ZIKV was performed by real-time quantitative PCR. The origin of blood meals was determined by sequencing the cytochrome oxidase gene of vertebrates. Genetic diversity of *Ae. albopictus* samples from 17 localities and *Ae. aegypti* from 9 localities was assessed by analysis of the mitochondrial cytochrome oxidase subunit 1 (mtCOI) gene and the immune genes DOME and PIAS.

Geographical distribution assessment resulted in the collection of 30381 adults of *Aedes* spp. with 69.28% for *Ae. albopictus* and 30.72% for *Ae. aegypti*. *Aedes aegypti* is present in all the surveyed localities while *Ae. albopictus* has a distribution limited to the southern part of the country around 6.4°N. This result suggests a climatic boundary to the establishment of the invasive species in the northern part of the country. *Aedes albopictus* was the predominant species over *Ae. aegypti* in almost all the localities prospected as well as in downtown and suburban environments. The study of larval ecology in Yaoundé showed high levels of colonisation for both species, with a predominance of *Ae. albopictus* in the downtown and suburban neighborhoods, which confirms the competitive advantage of this species over the indigenous species. Nevertheless, *Ae. aegypti* was persistent in high building and in rural areas. Both species developed primarily in used tires and discarded tanks associated with the presence

of plant debris. The Stegomyian indices were above the established thresholds and highlight the existence of a potential risk for the emergence of arboviruses outbreaks.

No specimens of *Ae. aegypti* and *Ae. albopictus* from Yaoundé were infected with DENV, CHIKV and ZIKV, and females of both vectors were feeding essentially on humans, confirming the anthropophagous nature of both vectors. In addition, other specimens of *Ae. albopictus* were found fed on monkey (*Papio anubis*) and bats, confirming the opportunistic nature of the species. Moreover, these observations highlight the risk of emergence of new human infections by new viruses or new variants of viruses already infecting humans.

Analysis of the mitochondrial COI gene in *Ae. albopictus* populations revealed a low polymorphism of five haplotypes detected of which haplotype 1 was predominant. This confirms a recent introduction of the species into the country from an ancestral population. Analyses of the DOME and PIAS genes of *Ae. aegypti* populations revealed high polymorphism with 28 and 21 haplotypes, respectively, indicating high variability in these populations. All Tajima, Fu, and Fu and Li indices were negative for both genes and suggest the existence of an excess of rare alleles in the population.

This work provides relevant data for the establishment of a vector surveillance program for arbovirus vectors responsible for potential epidemics in Cameroon.

Key words: arboviruses, *Aedes albopictus*, *Aedes aegypti*, larval ecology, epidemiological role, genetic diversity, Cameroon.

INTRODUCTION

Les maladies à transmission vectorielle, de plus en plus émergentes ou ré-émergentes dans plusieurs pays, représentent environ 17% des maladies infectieuses et sont à l'origine de milliers de décès chaque année dans le monde (WHO, 2018). A côté du paludisme, les arboviroses constituent un problème de santé publique sans cesse croissant. Parmi elles, les plus récurrentes et les plus dangereuses sont la dengue, le Zika, le chikungunya et la fièvre jaune. Environ 831 millions de personnes vivent dans des zones à risque d'infection d'au moins une de ces maladies dans le monde avec plus de 70% d'individus en Afrique (Weetman *et al.*, 2018). La dengue est l'arbovirose la plus répandue dans le monde. En l'an 2000, l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) a estimé à environ 390 millions les cas de dengue avec 96 millions de cas cliniques et 40000 décès enregistrés chaque année (WHO, 2020b). Jusque dans les années 2000, les cas de dengue n'étaient signalés qu'en Afrique de l'Est et ne donnaient pas lieu à des épidémies massives (Cornet, 1993; Gubler et Clark, 1995). Cependant, ces dernières années ont été marquées par l'apparition de plusieurs épidémies en Afrique de l'Ouest notamment au Sénégal, au Burkina-Faso, en Côte d'Ivoire (Diagne *et al.*, 2018; Ouedraogo *et al.*, 2019; Dieng *et al.*, 2020), et en Afrique Centrale (Gabon, Angola et Cameroun) (Peyrefitte *et al.*, 2007; Ngoagouni *et al.*, 2015; Weetman *et al.*, 2018), suggérant une modification de l'épidémiologie de ces maladies. Similairement, le virus du chikungunya, qui auparavant causait des épidémies irrégulières en milieu rural en Afrique subsaharienne (Diallo *et al.*, 2012), a récemment émergé dans plusieurs foyers urbains en Afrique Centrale (Weetman *et al.*, 2018). Les cas les plus récents sont survenus au Congo et au Tchad, soit environ 1 649 et 27 540 cas en 2019 et 2020 respectivement (Fritz *et al.*, 2019; WHO, 2020a). Le Zika était autrefois documenté en Asie et en Afrique (Musso et Gubler, 2016; Gubler *et al.*, 2017). Mais en 2007, une épidémie a été rapportée en Micronésie française et s'est répandue par la suite aux Amériques touchant environ 26 pays (Hennessey *et al.*, 2016).

Au Cameroun, plusieurs études ont, ces deux dernières décennies, mis en évidence la circulation de ces virus. C'est ainsi que des travaux ont rapporté la présence des anticorps chez les humains dirigés contre le chikungunya et la dengue dans plusieurs parties du pays (Ndip *et al.*, 2004; Kuniholm *et al.*, 2006; Demanou *et al.*, 2010; Fokam *et al.*, 2010; Demanou *et al.*, 2014). Une étude de la séroprévalence du virus Zika a mis en évidence les titres d'anticorps variables d'une localité à l'autre chez des donneurs de sang au Cameroun (Gake *et al.*, 2017). De plus, le virus de la dengue a été détecté chez des sujets (humains) dans plusieurs localités du pays, notamment à Douala et Kribi (Nemg Simo *et al.*, 2018; Yousseu *et al.*, 2018; Simo

Tchetgna *et al.*, 2021). Ces travaux confirment la circulation de ces virus au sein de la population locale au Cameroun.

La transmission de ces virus est assurée principalement par la piqûre de femelles infectées de moustiques du genre *Aedes* notamment *Aedes albopictus* (Skuse, 1894) (Skuse, 1899) et *Aedes aegypti* Linnaeus, 1762 (Mattingly *et al.*, 1962) qui en sont les vecteurs majeurs (Braack *et al.*, 2018). Ces deux vecteurs sont d'origines différentes. *Aedes aegypti* d'origine africaine, s'est différenciée en deux morphotypes qui ont été bien décrits : la forme sombre selvatique, *Ae. aegypti formosus*, confinée en Afrique ; et la forme claire, *Ae. aegypti aegypti* qui a une distribution cosmotropicale (Gloria-Soria *et al.*, 2016). *Aedes albopictus*, originaire des forêts d'Asie du Sud-Est, a envahi tous les continents au cours des 40 dernières années (Kraemer *et al.*, 2019). Cette dispersion rapide serait le résultat des échanges commerciaux internationaux des pneus usagés couplés à une plasticité écologique, qui confère à cette espèce une capacité d'adaptation à une grande variété d'environnements (Paupy *et al.*, 2009). Cette espèce a été rapportée pour la première fois en Afrique Centrale au début des années 2000 (Fontenille et Toto, 2001), et a rapidement envahi tous les pays de la sous-région (Kamgang MBouhom *et al.*, 2018) où elle tend à supplanter l'espèce indigène *Ae. aegypti* dans les milieux urbains (Kamgang MBouhom *et al.*, 2013; Wilson-Bahun *et al.*, 2020). Cette introduction d'*Ae. albopictus* coïncide avec l'émergence de la dengue, du Zika et du chikungunya dans ladite région (Ngoagouni *et al.*, 2015). Les études antérieures en Afrique Centrale ont montré que dans les milieux où les deux espèces vivent en sympatrie (c'est-à-dire dans le même milieu) et partageant parfois les mêmes habitats larvaires, *Ae. albopictus* prédomine dans les environnements périurbains environnés par la végétation, tandis qu'*Ae. aegypti* préfère les quartiers centraux avec une forte densité de bâti (Kamgang MBouhom *et al.*, 2010; Kamgang MBouhom *et al.*, 2017; Kamgang MBouhom *et al.*, 2018). Toutefois, les deux espèces ont la capacité de se développer dans des gîtes domestiques (récipients de stockage d'eau et pots de fleurs), péri-domestiques (pneus usagés, récipients abandonnés), et naturels tels les creux d'arbres, les creux de rochers et les coquilles d'escargot (Simard *et al.*, 2005; Kamgang MBouhom *et al.*, 2013; Kamgang MBouhom *et al.*, 2017). Les dernières études sur la distribution géographique de ces deux espèces au Cameroun datent de plus d'une décennie. Elles ont révélé qu'*Ae aegypti* était présent dans tout le pays tandis qu'*Ae albopictus* était limité au Sud, en dessous du 6^{ième} parallèle Nord (Kamgang MBouhom, 2011). Il serait donc important d'actualiser les données sur l'écologie et la biologie de ces vecteurs afin de parer d'éventuelles épidémies. En outre, il a été démontré que ces deux espèces sont capables de transmettre les

virus de la dengue, du Zika et du chikungunya en Afrique Centrale (Kamgang MBouhom *et al.*, 2019; Kamgang MBouhom *et al.*, 2020a; Kamgang MBouhom *et al.*, 2020b; Selhorst *et al.*, 2020). Cependant, leurs compétences vectorielles sont contrôlées par plusieurs facteurs parmi lesquels les facteurs génétiques. En effet, il est connu que les gènes immunitaires jouent un rôle régulateur de l'infection des moustiques par les virus (Xi *et al.*, 2008b; Caicedo *et al.*, 2018; Ciota *et al.*, 2018). C'est le cas du gène DOME qui inhibe la multiplication des *Flavivirus* chez *Ae. aegypti* tandis que le gène PIAS possède un effet antagoniste (Anglero-Rodriguez *et al.*, 2017; Jupatanakul *et al.*, 2017). Il serait donc important d'étudier la diversité génétique de ces deux gènes afin d'établir s'il existerait une sélection potentielle due à la circulation d'un virus au sein des populations de vecteurs. En outre, étudier la diversité génétique du gène mitochondrial COI permettrait de connaître l'origine géographique des populations camerounaises d'*Ae. albopictus*. C'est ainsi que nous nous proposons d'étudier le polymorphisme du gène mitochondrial COI chez l'espèce invasive, *Ae. albopictus*, et des gènes de l'immunité chez l'espèce native *Ae. aegypti*.

➤ **Questions de recherche**

La principale question de recherche qui se dégage est la suivante : « Existe-t-il un risque entomologique d'émergence des épidémies de dengue, chikungunya et Zika au Cameroun ? ».

Trois questions de recherche spécifiques peuvent en découler :

- quelle est la distribution des espèces *Ae. albopictus* et *Ae. aegypti* à l'échelle macro-géographique du Cameroun et micro-géographique de la ville de Yaoundé ?
- quel rôle épidémiologique jouent-elles dans la transmission des virus DENV, CHIKV et ZIKV ?
- quel est le niveau de diversité génétique des échantillons d'*Ae. albopictus* et *Ae. aegypti* du Cameroun ?

➤ **Hypothèses de recherche**

A la suite de ces questions de recherche, il ressort une hypothèse générale de recherche : « les espèces d'*Aedes* représentent un risque entomologique d'émergence des épidémies d'arboviroses (dengue, chikungunya et Zika) au Cameroun ».

Les hypothèses spécifiques qui découlent de l'hypothèse générale sont les suivantes :

- les espèces *Ae. albopictus* et *Ae. aegypti* sont uniformément distribuées à l'échelle macro-géographique du Cameroun et micro-géographique de la ville de Yaoundé ;
- les espèces *Ae. albopictus* et *Ae. aegypti* jouent un rôle épidémiologique dans la transmission des virus DENV, CHIKV et ZIKV au Cameroun ;
- le niveau de diversité génétique est élevé dans les populations d'*Ae. albopictus* et *Ae. aegypti* du Cameroun.

➤ Objectifs

L'objectif général de ce travail est de caractériser biologiquement et écologiquement les vecteurs *Ae. aegypti* et *Ae. albopictus* et d'évaluer le risque entomologique d'émergence des épidémies massives d'arboviroses (dengue, Zika et chikungunya) au Cameroun.

Plus spécifiquement, il s'agit pour nous :

- d'analyser la distribution géographique actuelle des espèces *Ae. albopictus* et *Ae. aegypti* à l'échelle macro-géographique au Cameroun et micro-géographique de la ville de Yaoundé ;
- de déterminer le rôle épidémiologique d'*Ae. albopictus* et *Ae. aegypti* en recherchant les infections naturelles des femelles de moustiques par les virus dengue, chikungunya et Zika d'une part et d'autre part, l'origine du repas de sang ingéré ;
- d'estimer le niveau de diversité génétique des échantillons d'*Ae. albopictus* et d'*Ae. aegypti* du Cameroun en utilisant un gène mitochondrial COI et deux gènes immunitaires.

Cette thèse est organisée en trois chapitres encadrés par une introduction et une conclusion. Le premier chapitre résume des connaissances actuelles sur les arboviroses, les virus agents pathogènes, et les *Aedes* vecteurs. L'importance des études de diversité génétique des populations de moustiques dans le cadre de la lutte contre les arboviroses clôture ce chapitre. Dans le deuxième chapitre, après une présentation du cadre géographique, nous développons la méthodologie utilisée pour atteindre nos objectifs et l'analyse des données. Le troisième chapitre présente les résultats qui sont ensuite discutés.

CHAPITRE I : REVUE DE LA LITTÉRATURE

I.1. ARBOVIROSES (DENGUE, CHIKUNGUNYA ET ZIKA) ET VIRUS AGENTS PATHOGÈNES

I.1.1. Généralités et historique des arboviroses (dengue, chikungunya et Zika)

Les arboviroses sont des maladies virales causées par des arbovirus (tiré du terme anglais arthropod-borne viruses). Les arbovirus regroupent l'ensemble des virus transmis de vertébrés à vertébrés par des arthropodes hématophages, suite à la prise d'un repas de sang chez un hôte vertébré infecté. Une fois ingéré, le virus est ensuite capable de se répliquer et d'atteindre les glandes salivaires de l'arthropode, pour être à nouveau transmis lors d'une piqûre ultérieure à un nouvel hôte vertébré (Mellor, 2000). Parmi les 534 virus décrits dans le Catalogue International des Arbovirus, 134 virus peuvent entraîner une maladie chez l'homme ou un hôte vertébré (CDC, 2020). Les arbovirus responsables des problèmes majeurs de santé publique appartiennent principalement à deux familles : les Flaviviridae (*Dengue virus*, *Zika virus*, *Yellow fever virus*), et les Togaviridae (*Chikungunya virus*). Ces virus sont qualifiés de « virus émergents ou ré-émergents » à cause de leur apparition ou réapparition avec des épidémies sévères et récurrentes à travers le monde, alors que leur première mention date de plusieurs siècles (Carvalho et Machado, 2020).

La **dengue**, arbovirose la plus dangereuse et la plus répandue, dont le nom est originaire du Swahili (Christie, 1881), a été mentionnée pour la première fois dans une encyclopédie chinoise pendant la dynastie Chin, et éditée deux fois de suite respectivement en 610 et 992 après Jésus-Christ (Gubler, 1997). La maladie était alors appelée « poison de l'eau » par les chinois qui pensaient qu'elle était liée aux insectes volants associés à l'eau. Sept siècles plus tard, des épidémies ont été enregistrées dans les Antilles Françaises en 1635 et au Panama en 1639 ; toutefois, l'association à la dengue était difficile à prouver (Howe, 1977; McSherry, 1982). Ce n'est qu'à partir de 1779 que la première série d'épidémies a été rapportée dans plusieurs parties du monde (Gubler, 1997), marquant ainsi le début d'une expansion géographique de cette maladie qui coïncide avec la période de croissance des échanges commerciaux maritimes dans le monde, notamment avec le commerce des esclaves (Weaver et Vasilakis, 2009; Gubler, 2014). Une deuxième série d'épidémies d'une maladie semblable à la dengue a duré de 1823 à 1916, se déplaçant de l'Afrique vers l'Inde, l'Océanie et les Amériques (Christie, 1881; More, 1904). Une nouvelle tendance de la dengue a commencé avec la seconde guerre mondiale, qui a apporté des changements écologiques, démographiques et épidémiologiques permettant aux vecteurs d'atteindre des densités élevées et de faciliter la dispersion des sérotypes du virus dans diverses régions géographiques (Hotta, 1952; Gubler,

1997). C'est à partir de cette période que la dengue est devenue une pandémie mondiale et a conduit à la création des programmes de lutte antivectorielle, notamment aux Amériques avec le « Pan American Health Organisation » (PAHO). La première épidémie connue de la dengue hémorragique s'est produite à Manilles aux Philippines, de 1953 à 1954, et les 20 années suivantes ont été caractérisées par une multitude d'épidémies dans toute l'Asie du Sud-Est, la maladie étant devenue une cause majeure d'hospitalisation et de décès chez les enfants (Gubler, 1998). La phase finale de l'expansion de la dengue a commencé à la fin des années 1990, lorsque la transmission du DENV s'est déplacée au-delà des grandes villes vers des zones rurales pour devenir une menace omniprésente dans le monde tropical (Brady *et al.*, 2012). Depuis 1995, le nombre de zones rurales signalant la dengue a triplé et les modèles prédisent une augmentation du nombre de cas pour les années à venir, principalement avec les effets du changement climatique (Messina *et al.*, 2015; Brady et Hay, 2019). Cependant, les grandes zones urbaines conservent une grande diversité virale avec des déplacements fréquents entre les villes et les campagnes ; ce qui favorise le maintien du DENV à une forte prévalence dans les petites communautés (Brady et Hay, 2019).

Confondu à l'origine à la dengue, le **chikungunya** est une maladie qui a probablement sévi en Afrique des siècles auparavant avec des épidémies exportées en Asie et en Amérique au cours des 18^{ième} et 19^{ième} siècles. Elle a été identifiée pour la première fois en 1952 au cours d'une épidémie le long des plateaux côtiers de Mawia, Makondé et Rondo dans la province du Tanganyika (actuelle Tanzanie) en Afrique de l'Est (Robinson, 1955). Quelques temps après, des infections humaines et des primates non humains ont été détectées en Ouganda et au Zimbabwe respectivement en 1958 et en 1964 (Weinbren *et al.*, 1958; Paterson et McIntosh, 1964). C'est à partir de la deuxième moitié du 20^{ième} siècle que le chikungunya a connu une expansion dans plusieurs pays d'Asie tels la Thaïlande et le Cambodge (Hammon *et al.*, 1960), d'Inde, d'Afrique de l'Ouest tels le Sénégal et le Nigéria (Diallo *et al.*, 1999), et d'Afrique Centrale et du Sud (Chhabra *et al.*, 2008) avec des épidémies sporadiques souvent sévères.

Quant au **Zika**, le virus a été identifié en 1947 chez un singe rhésus (*Macaca mulatta*) dans la forêt Zika en Ouganda (Dick *et al.*, 1952). La première infection humaine a été prouvée par la mise en évidence des anticorps neutralisants dans des sérums humains recueillis en Afrique de l'Ouest en 1952 (Macnamara, 1954). Le virus était initialement restreint dans les zones équatoriales d'Afrique et d'Asie jusqu'en 2007, où il a émergé à l'île de Yap à l'Ouest de l'Océan Pacifique avec environ 5000 cas enregistrés (Duffy *et al.*, 2009). En 2010, des épidémies de Zika sont survenues en Asie du Sud-Est (Thaïlande, Malaisie, Philippines, et

Indonésie). En 2013, une épidémie majeure a été rapportée en Polynésie Française et le ZIKV s'est propagé à d'autres îles dans le Pacifique (Petersen *et al.*, 2016). Après avoir envahi les Amériques, des épidémies dévastatrices ont été notées au Brésil et dans la sous-région Amérique Latine avec plus de 750 000 cas enregistrés de 2015 à 2017. Depuis lors, la transmission du ZIKV est active dans toute l'Amérique et dans d'autres parties du monde (Carvalho et Machado, 2020).

I.1.2. Virus agents pathogènes de la dengue (DENV), du chikungunya (CHIKV) et du Zika (ZIKV)

I.1.2.1. Position taxonomique des virus dengue, chikungunya et Zika

La position taxonomique justifiée des virus de la dengue, du chikungunya et du Zika est tirée de l'International Committee of Taxonomy of Viruses (ICTV) (<https://talk.ictvonline.org/taxonomy/>, consulté le 22-08-2020) et présenté dans le tableau I.

Tableau I : Classification des virus DENV, CHIKV et ZIKV.

| | |
|---|--|
| Domaine des Riboviria : Virus codant pour l'ARN-polymérase dirigée par l'ARN (RpRr) et la reverse transcriptase (RT) | |
| Règne des Orthonavirae : virus à ARN codant pour la RpRr | |
| Embranchement des Kitrivicota : virus à ARN monocaténaire positif n'infectant pas les Procaryotes | |
| Classe des Flasuviricetes : virus à portemanteau du supergroupe des Flavivirus | Classe des Alsuviricetes : Virus à portemanteau du supergroupe des Alphavirus |
| Ordre des Amarillovirales : de amarillo signifiant jaune, virus faisant référence au virus de la fièvre jaune | Ordre des Martellivirales |

Famille des Flaviridae : virus sphérique, non segmenté, ARN simple brin à sens positif

Genre *Flavivirus* Fenner, 1974 : ARN plafonné, non polyadénylé servant d'ARNm pour toutes les protéines

Espèces : - *Dengue virus* Van Regenmortel, 2000,
- *Zika virus* Van Regenmortel, 2000

Famille des Togaviridae : virus sphérique à ARN simple brin, monopartite à sens positif,

Genre *Alphavirus* Fenner, 1974 : ARN polyadénylé servant d'ARNm pour les protéines non structurales.

Espèce : *Chikungunya virus* Fenner, 1974

I.1.2.2. Description des virus de la dengue, du chikungunya et du Zika

➤ Virus de la dengue (DENV)

Le *Dengue virus* (DENV), du genre *Flavivirus* appartenant à la famille des Flaviviridae, est un virus à ARN à polarité positive monocaténaire icosaédrique et enveloppé, dont le noyau a un diamètre de 40 à 50 nm et contient la protéine C qui encapsule le génome viral. Il est composé de la capsid, de la membrane et de l'enveloppe qui sont, chacune, une protéine de structure (Figure 1). L'enveloppe lipidique virale, qui entoure le noyau, est elle-même composée de deux protéines, M et E, et de sept protéines non structurales (NSP) qui sont NSP1, NSP2a, NSP2b, NSP3, NSP4a, NSP4b, et NSP5. A présent, 4 sérotypes viraux partageant des relations antigéniques ont été identifiés dont les sérotypes DENV1 et DENV2 au 20^{ième} siècle et DENV3 et DENV4 au 21^{ième} siècle. L'infection par un sérotype particulier offre une protection à vie contre la réinfection à ce même sérotype mais ne procure pas une immunité croisée pour les autres sérotypes (Rodriguez-Roche et Gould, 2013; Sanyaolu *et al.*, 2019).

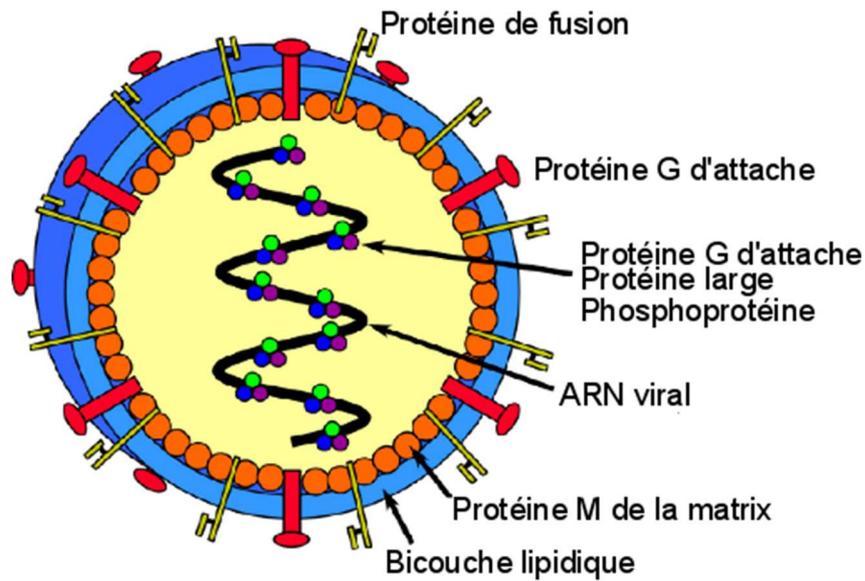


Figure 1 : Structure du virus de la dengue

Source : Tayade *et al.* (2018)

➤ **Le virus du chikungunya (CHIKV)**

Le *Chikungunya virus* (CHIKV) appartient au genre *Alphavirus* de la famille des *Togaviridae*. C'est un virus à ARN monocaténaire et polyadénylé dans une capsule icosaédrique. Le génome de l'ARN de polarité positive code pour quatre protéines non structurales (NSP1 à NSP4) et trois protéines de structure, composées d'une protéine de capsidite et de deux glycoprotéines d'enveloppe (C, E1, E2) (Figure 2). Le virus est associé à une enveloppe phospholipidique, dérivée de la membrane de la cellule hôte pendant le processus de maturation virale. Sur la base des analyses phylogénétiques des séquences du CHIKV provenant des premiers foyers africains, trois lignées du virus ont été identifiées, à savoir la lignée Ouest Africaine (WA) et la lignée Asiatique (Volk *et al.*, 2010), enfin la lignée Est-Centre-Sud de l'Afrique (ECSA) (Powers *et al.*, 2000) de laquelle ont dérivé la sous-lignée de l'Océan Indien et la sous-lignée de l'Inde (Schuffenecker *et al.*, 2006).

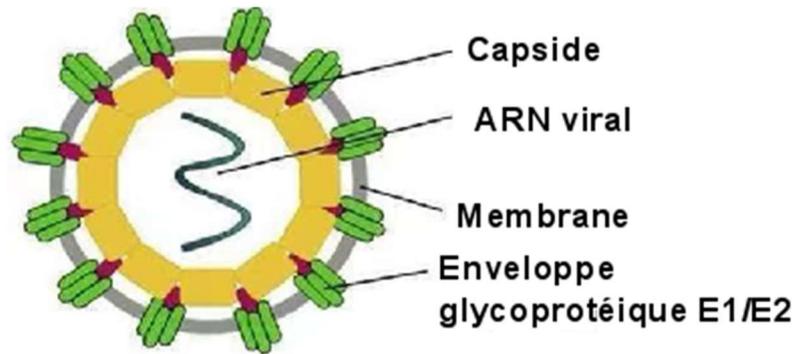


Figure 2 : Structure du virus du chikungunya

Source : Castillo-Macías *et al.* (2017)

➤ **Le virus du Zika (ZIKV)**

Quant au *Zika virus* (ZIKV), il appartient au genre *Flavivirus* de la famille des Flaviviridae. Ce virus fait partie du sérocomplexe Spondweni. C'est un virus enveloppé, à ARN simple brin de polarité positive d'environ 11 kilobases (kb) de longueur, avec deux régions non codantes adjacentes, et un seul cadre de lecture ouvert codant pour une polyprotéine clivée en une capsid précurseur de la membrane, une enveloppe et sept protéines non structurales (Kuno et Chang, 2007) (Figure 3). Des études phylogénétiques sur les souches de virus isolées ont prouvé l'existence de deux lignées du virus qui circulent à travers le monde : la lignée Africaine divisée en deux groupes (la souche MR766 et la souche nigériane) et la lignée Asiatique (Faye *et al.*, 2014) (Sanyaolu *et al.*, 2019).

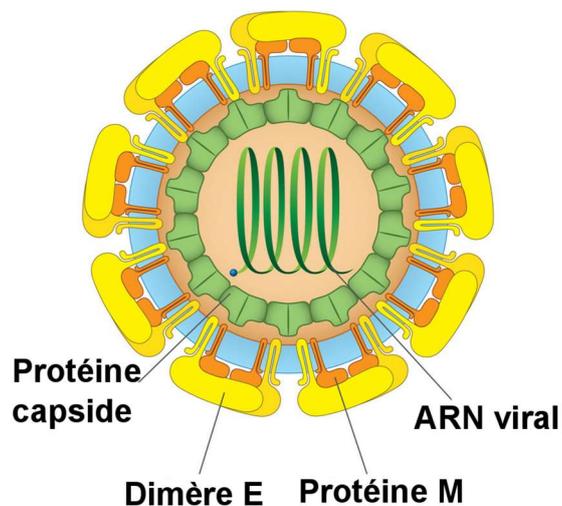


Figure 3 : Structure du virus Zika

Source : Okafor *et al.* (2016)

I.1.3. Cycle biologique et transmission des virus DENV, CHIKV et ZIKV

I.1.3.1. Cycle biologique des virus DENV, CHIKV et ZIKV

Les virus de la dengue, du chikungunya et du Zika sont majoritairement transmis par les femelles de moustiques du genre *Aedes*. La femelle se contamine pendant la période de virémie (présence du virus dans le sang) chez l'hôte (4 à 8 jours pour la dengue, 5 à 7 jours pour le chikungunya et 3 à 12 jours pour le Zika) au cours d'un repas sanguin. Après ingestion, le virus migre dans les cellules épithéliales de l'intestin postérieur du moustique où il va subir une réplication active après une phase de latence. Au terme de la période de multiplication du virus dans le moustique (environ 10 à 12 jours), il envahit ensuite, via l'hémolymphe, les tissus adipeux, le système nerveux central, la chaîne nerveuse ganglionnaire et les glandes salivaires, qui sont le lieu d'une nouvelle phase de réplication et où il demeurera toute la vie du moustique. Au prochain repas de sang, le virus est inoculé avec la salive et un anticoagulant dans le corps de l'hôte vertébré qui va développer l'infection virale après quelques temps (Figure 4). Cependant, la présence du virus dans les glandes salivaires du moustique montre qu'il a traversé les différents obstacles que sont la pénétration dans les cellules intestinales, l'externalisation vers l'hémolymphe et la pénétration dans les cellules des glandes salivaires. Ces étapes sont en partie sous la dépendance des facteurs propres au vecteur, parmi lesquels les facteurs génétiques, la présence de récepteurs spécifiques aux virus au niveau de l'intestin et des glandes salivaires, le niveau de réplication des virus dans les différents tissus du vecteur, et des facteurs sur la bio-écologie du vecteur à savoir le taux journalier de survie du moustique, le taux de dispersion de la femelle, le comportement de ponte des femelles et le taux d'anthropophilie (Wu *et al.*, 2019).

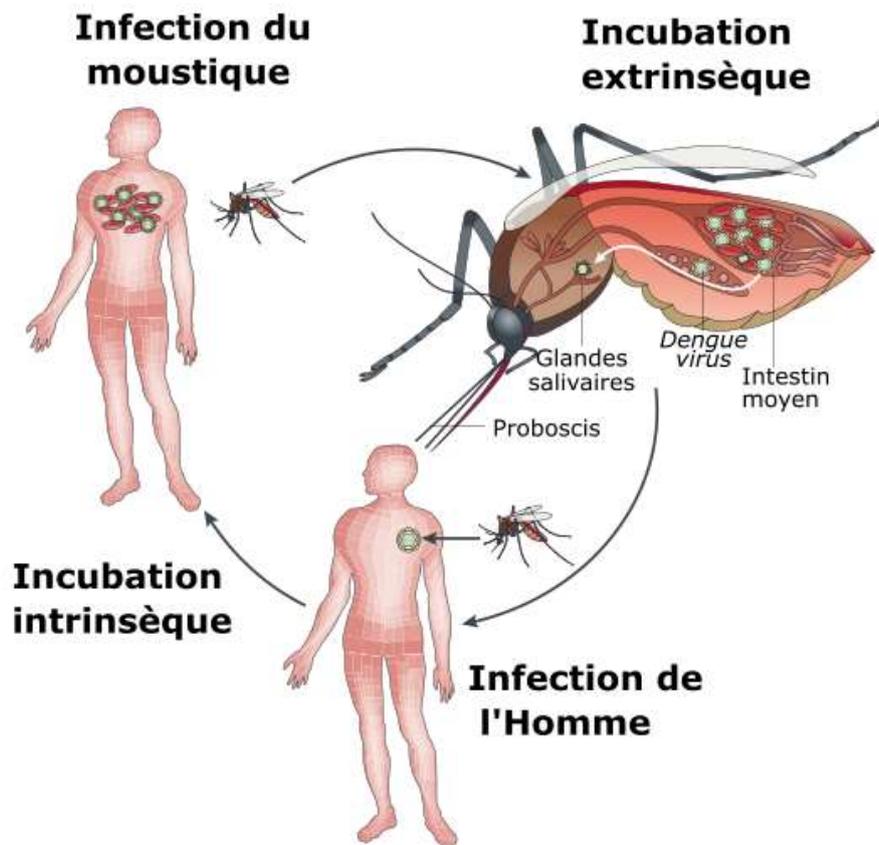


Figure 4 : Cycle biologique du virus de la dengue

Source : Guzman *et al.* (2016)

I.1.3.2. Transmission des virus de la dengue, du chikungunya et du Zika

La transmission des arbovirus de la dengue, du chikungunya et du Zika est maintenue par trois cycles qui peuvent s'interconnecter : le cycle selvatique, le cycle péri-urbain ou rural et le cycle urbain (Figure 5).

Le cycle selvatique (du latin *silva* qui signifie en forêt) implique des hôtes animaux, principalement des primates non humains et des vecteurs du genre *Aedes*. L'homme n'est alors qu'un hôte accidentel. Ce cycle se déroule dans des environnements selvatiques à l'exemple de celui du virus de la dengue dont les foyers ont été bien documentés en Malaisie en Asie du Sud-Est (Cheong *et al.*, 1986) et au Sénégal en Afrique de l'Ouest (Diallo *et al.*, 2003). Au cours de ce cycle, la transmission est assurée par les espèces d'*Aedes* qui vivent dans la canopée des forêts ou des savanes humides et qui piquent des primates non-humains qui semblent être les seuls hôtes d'amplification et réservoir. En Afrique, les principaux vecteurs de ce cycle comprennent *Aedes luteocephalus* Newstead, 1907 du sous-genre *Stegomyia*, et *Ae. taylori*

Edwards, 1936, du sous-genre *Diceromyia* (Hervy *et al.*, 1984; Chen et Vasilakis, 2011). Les primates non-humains réservoirs en Afrique incluent le singe patas (*Erythrocebus patas* Schreber, 1774), le babouin de Guinée (*Papio papio* Desmarest, 1920), le singe vert d'Afrique (*Chlorocebus sabaeus* Linnaeus, 1766), et éventuellement les espèces apparentées telles que *Papio anubis* Lesson, 1827, *Papio ursinus* Kerr, 1792, et *Papio cynocephalus* Linnaeus, 1766 (Vasilakis *et al.*, 2011).

Le cycle péri-urbain ou rural se déroule en zone rurale, dans des villages aux abords des zones forestières. Les vecteurs enzootiques qui atteignent souvent les densités élevées sont connus pour assurer le transfert des virus entre les primates non humains et les humains. Les savanes humides qui entourent les zones rurales d'Afrique et d'Asie sont définies comme des zones d'émergence. En Asie, les études de Rudnick (1978) ont démontré que les vecteurs zoonotiques tels qu'*Ae. niveus* Ludlow, 1903 descendent au sol où *Ae. albopictus* est également abondant, et se nourrissent sur l'homme ; ce qui favorise le transfert du virus à l'organisme humain. Ce scénario est parallèle à ce qui a été observé dans les zones rurales adjacentes aux forêts d'Afrique de l'Ouest, où *Ae. furcifer* Edwards, 1913 est probablement le principal vecteur de liaison entre la forêt et l'homme (Diallo *et al.*, 2003).

Le cycle urbain est le plus important en santé publique sur le plan épidémiologique. Le virus se transmet d'homme à homme *via* les vecteurs, *Ae. aegypti* et *Ae. albopictus*, reconnus comme vecteurs majeurs des virus de la dengue, du chikungunya et du Zika (Weetman *et al.*, 2018). La survenue d'épidémies est alors favorisée dans les zones densément peuplées dans lesquels l'homme constitue hôte vertébré (réservoir et amplificateur) intervenant dans les cycles de transmission de ces virus (Paupy *et al.*, 2010; Salinas *et al.*, 2016).

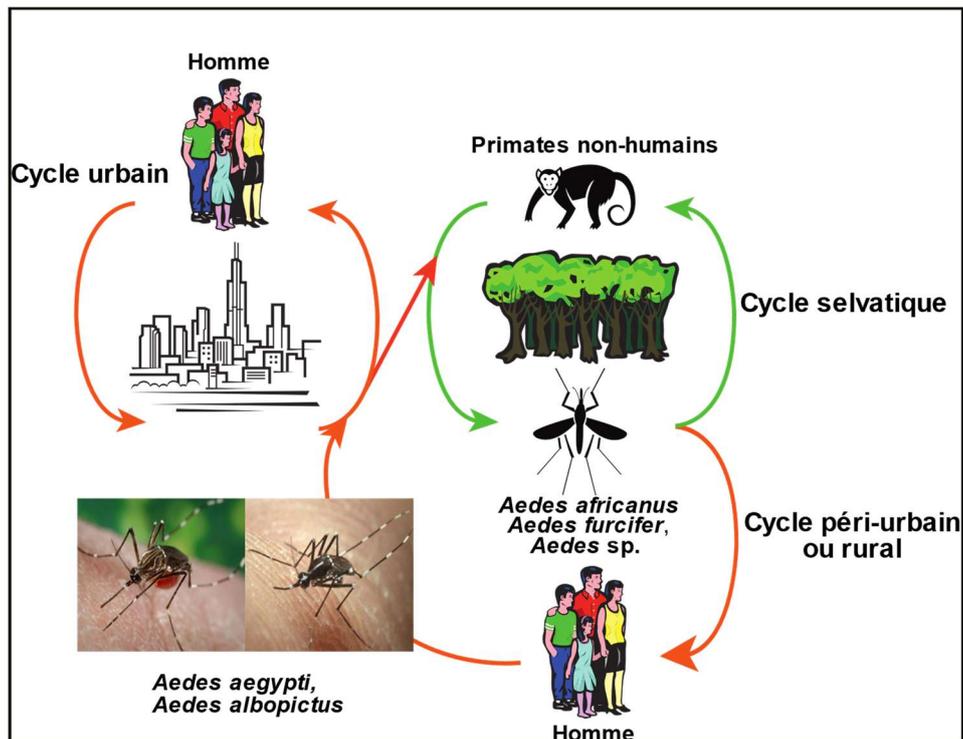


Figure 5 : Cycle de transmission de la dengue, du chikungunya et du Zika

Source : Weaver (2013) modifiée.

I.1.4. Répartition de la dengue, du chikungunya et du Zika dans le monde et en Afrique

Les virus de la dengue, du chikungunya et du Zika ont été signalés dans plusieurs régions du monde où ils sont responsables d'épidémies sévères. Des études antérieures ont mis en évidence la présence d'au moins une de ces maladies dans presque toutes les régions du monde. En 2017, Leta *et al.* (2018) des recherches ont signalé une transmission vectorielle autochtone de la dengue dans 111 pays, du chikungunya dans 106 pays et du Zika dans 85 pays. Ces pays sont situés pour la plupart dans des régions tropicales et sub-tropicales du globe terrestre (Figure 6).

Parmi ces arboviroses, la dengue est la plus répandue, car elle est présente dans tous les continents où elle touche plusieurs pays. C'est le cas en Amérique où 46 Etats ont rapporté une transmission vectorielle autochtone de cette maladie, pareillement en Asie et en Océanie. L'apparition d'une transmission autochtone du virus de la dengue dans trois pays européens (Croatie, France et Portugal) renseigne sur la future propagation de cette maladie dans le monde (Leta *et al.*, 2018). En Afrique, environ 36 pays, dont la grande majorité dans la partie sub-

saharienne, sont touchés par la dengue. Des épidémies ont été enregistrées dans les pays de l'Afrique du Nord comme l'Égypte et le Soudan (Humphrey *et al.*, 2016; Bane *et al.*, 2018), de l'Afrique de l'Ouest à l'instar du Nigeria (Fagbami et Onoja, 2018), du Sénégal (Diagne *et al.*, 2019) et du Burkina Faso (Ouedraogo *et al.*, 2019) et de l'Afrique Centrale comme au Cameroun et au Gabon (Leroy *et al.*, 2009; Paupy *et al.*, 2010; Schwartz *et al.*, 2013). Ces informations suggèrent une modification de la dynamique de cette maladie. Cependant, les formes hémorragiques ont été rapportées seulement en Afrique de l'Est (Kodier *et al.*, 1996; Kanesa-athan *et al.*, 1998) comme l'indique la figure 6a.

Le chikungunya suit la dengue dans la répartition des arboviroses dans le monde. La transmission autochtone de son virus a été enregistrée pour la première fois en Europe en 2007 au cours d'une épidémie localisée dans le Nord-Est de l'Italie où 197 cas avaient été rapportés. En 2010, le virus a continué de provoquer des épidémies en Asie du Sud-Est et à la Réunion. En 2013, la première épidémie documentée de chikungunya à transmission autochtone est apparue sur le continent américain ; elle a commencé par deux cas autochtones confirmés en laboratoire dans la région française de l'île des Caraïbes de Saint-Martin et s'est rapidement étendue à toute la région. C'est en 2014 que l'Europe a enregistré sa plus forte épidémie de chikungunya avec près de 1500 cas, la France et le Royaume-Uni étant les pays les plus touchés. Vers la fin de la même année, des épidémies ont été signalées dans les îles du Pacifique, notamment dans les îles Cook, les îles Marshall, les Samoa américaines, la Polynésie française et Kiribati. En 2015 et 2016, environ un million de cas de chikungunya, avec près de 700000 cas confirmés, ont été enregistrés dans les Amériques avec une forte prévalence en Colombie, au Brésil et en Bolivie (environ 600000 cas suspects pour ces trois pays). L'Argentine a rapporté les premières preuves de transmission autochtone du virus du chikungunya la même année. En Afrique, le Kenya a signalé une épidémie de chikungunya en 2015 qui a entraîné plus de 1700 cas suspects tandis que la ville de Mandera en Somalie a été durement touchée avec environ 80% de la population affectée. A présent, l'Asie et les Amériques ont été les régions les plus touchées par le chikungunya, tandis que la transmission autochtone de la maladie est assurée dans près de 26 pays d'Afrique subsaharienne (Russo *et al.*, 2020). Les épidémies récentes ont été signalées au Soudan en 2018, au Yémen en 2019 et plus récemment, au Cambodge et au Tchad en 2020 (WHO, 2020c) comme l'indique la figure 6b.

L'épidémiologie du Zika semble avoir considérablement changé depuis 2007, après la première grande épidémie survenue sur l'île de Yap dans le Pacifique et dans les États fédérés de Micronésie (Duffy *et al.*, 2009; Hayes, 2009). Depuis lors, des foyers d'infection à Zika ont

été déclarés en Afrique, en Asie du Sud-Est, dans les îles du Pacifique, avec des épidémies constamment déclarées dans certaines de ces régions. Auparavant, le virus Zika n'était connu que pour provoquer des infections sporadiques légères chez l'homme, mais la flambée de 2015 au Brésil a été associée à des symptômes graves tels que des complications neurologiques chez les nouveau-nés (Johansson *et al.*, 2016; Lover, 2016). Cette situation a amené l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) à déclarer la maladie Zika comme une urgence de santé publique en février 2016 (WHO, 2016). Depuis cette épidémie dans les Amériques, une baisse continue du nombre de cas de Zika est enregistrée dans la majorité des pays de cette région et des Caraïbes. De plus, la transmission du virus semble avoir été interrompue dans plusieurs territoires insulaires depuis 2017 ou le début 2018. En Asie, des enquêtes rétrospectives et une surveillance épidémiologique suggèrent une large distribution du Zika (ECDC, 2019). En Afrique, les informations sur la diffusion du Zika restent limitées ; de larges épidémies n'ont pas encore été enregistrées dans le continent qui présente pourtant un environnement favorable au développement des vecteurs, probablement à cause des interactions qui existent dans le complexe virus-hôte-vecteur (Leta *et al.*, 2018; Weetman *et al.*, 2018). Malgré un environnement favorable au développement des vecteurs, la maladie a été rapportée dans seulement 14 pays en Afrique dont le cas le plus récent est le Cap-Vert (Figure 6c) (Fritzell *et al.*, 2018).

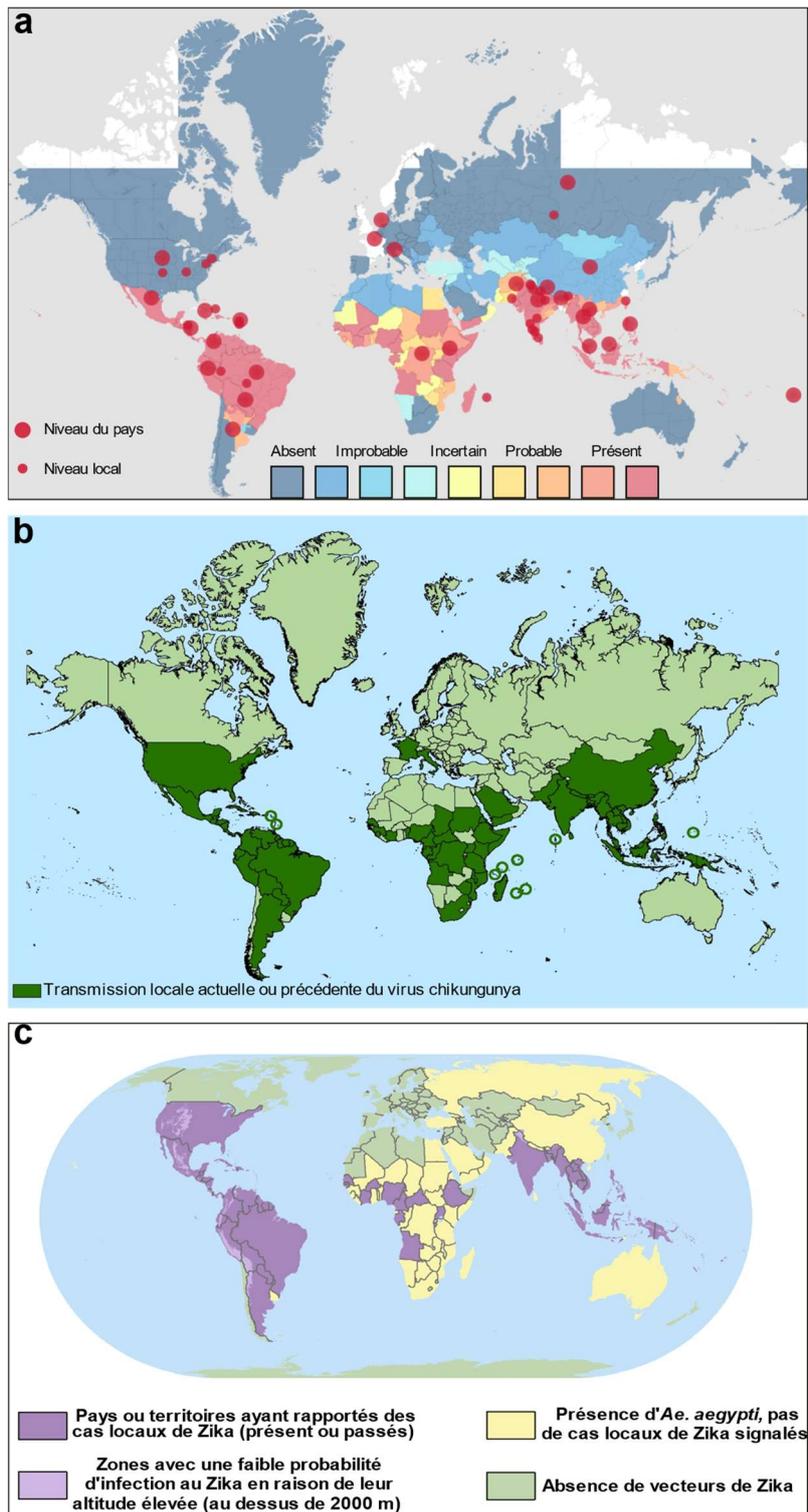


Figure 6 : Répartition de la dengue, du chikungunya et du Zika dans le monde

a, dengue ; b, chikungunya ; c, Zika

Source : a, www.cdc.gov; www.healthmap.org (2021) ; b, www.cdc.gov (30 octobre 2020) et c, <https://www.cdc.gov> (04 novembre 2019).

I.1.5. Situation de la dengue, du chikungunya et du Zika au Cameroun

Aucune épidémie massive de dengue, de chikungunya ou de Zika n'a encore été rapportée au Cameroun. Cependant, plusieurs études au cours des dernières décennies ont mis en évidence la circulation de ces virus dans plusieurs localités du pays.

La présence et la circulation du virus de la dengue ont été démontrées dans plusieurs travaux depuis les années 2000. Au début de la première décennie de ces années, au cours d'une enquête de surveillance du virus de l'immunodéficience humaine (VIH/SIDA), une séroprévalence de 12,5% d'anticorps Immunoglobulines G (IgG) anti-dengue-2 a été rapportée chez 256 adultes vivant dans des zones rurales dans le Sud-Cameroun (Kuniholm *et al.*, 2006). Dans la même lancée, une autre étude de séroprévalence réalisée dans trois villes du Cameroun (Douala, Yaoundé et Garoua) en 2006 et 2007, sur plus de 2000 personnes, a mis en évidence d'une part de forts taux d'IgG anti-dengue dont le plus élevé (24,2%) était trouvé dans la ville de Douala et, d'autre part, la circulation des sérotypes 1 et 2 du virus (Demanou *et al.*, 2014). Une observation similaire a été faite 4 années plus tard dans la région du Sud-Ouest sur près de 102 participants (Fokam *et al.*, 2010). Les récentes études de prévalence de la dengue datent de 2017 et de 2020 au cours desquelles la circulation des sérotypes 1, 2 et 3 a été établie dans la ville de Douala (Yousseu *et al.*, 2018; Simo Tchegnana *et al.*, 2021), et celle du sérotype 1 dans un village riverain de la zone côtière de Kribi (Nemg Simo *et al.*, 2018).

Pour le chikungunya, une enquête épidémiologique sur le VIH dans les zones rurales du Cameroun, réalisée de 2000 à 2003, a permis de mettre en évidence une forte circulation du chikungunya avec 47% de séropositivité IgG anti-chikungunya chez des adultes (Ndip *et al.*, 2004; Kuniholm *et al.*, 2006). Cette observation a été confirmée en 2007 au cours d'une étude transversale rétrospective, avec une séroprévalence des IgG anti-chikungunya de 49,5% (Demanou *et al.*, 2010). Le Cameroun a connu sa première épidémie de chikungunya en 2006 et 2007, qui a frappé des soldats français à Douala et des patients du centre médico-social de l'Ambassade de France à Yaoundé. Il s'agissait alors d'une co-épidémie dengue/chikungunya (Peyrefitte *et al.*, 2007). Le séquençage des gènes de la souche circulant au Cameroun, réalisé en 2013, a indiqué l'apparition d'une mutation au niveau de la couche de protéines de l'enveloppe du virus, suggérant que cette souche serait semblable à la lignée de l'Afrique Centrale et plus virulente. Cette caractéristique expliquerait l'émergence et la réémergence de cette maladie dans la sous-région (Demanou *et al.*, 2015).

Quant au Zika, très peu de données existent sur l'étendue de cette maladie à l'échelle nationale. Cependant, la présence des anticorps anti-Zika IgG a été mise en évidence au sein

des populations locales des villes de Douala, Bertoua, Maroua et Ngaoundéré (Gake *et al.*, 2017) ; ce qui traduirait l'existence d'un risque d'émergence d'épidémies futures de cette maladie.

Toutefois, il est difficile de clairement établir la distribution actuelle de chacune de ces maladies à cause d'un manque d'outils diagnostics des différentes maladies et une confusion avec les signes cliniques du paludisme.

I.1.6. Signes cliniques et diagnostic de la dengue, du chikungunya et du Zika

I.1.6.1. Signes cliniques de la dengue, du chikungunya et du Zika

La dengue, le chikungunya et le Zika partagent plusieurs des manifestations cliniques initiales et non-spécifiques parmi lesquelles on peut citer une fièvre brutale, une polyarthralgie, les maux de tête, les éruptions maculopapuleuses, les myalgies, les douleurs rétro-orbitaires, les lymphadénopathies et les nausées et/ou vomissements (Paixao *et al.*, 2018). Cependant, chaque maladie présente certains signes cliniques spécifiques, surtout lorsque les formes chroniques apparaissent. Ainsi, les complications de la dengue conduisent à une forme hémorragique ou à un syndrome de choc souvent fatales (Seneviratne, 2020). Pour le chikungunya, les cas mortels sont rares ; toutefois certaines personnes ont développé des complications neurologiques, cardiaques et des manifestations cutanées graves. De plus, des cas de fausses couches chez des femmes enceintes infectées et des maladies congénitales chez les nouveau-nés *in utero* ont été rapportés (González-Sánchez et Ramírez-Arroyo, 2018). Pour le Zika, les complications de cette maladie font état de l'apparition des cas de microcéphalie chez les nouveau-nés de femmes infectées et du syndrome de Guillain-Barré, affection rare dans laquelle le système immunitaire attaque les nerfs périphériques (Barbi *et al.*, 2018).

I.1.6.2. Diagnostic des virus de la dengue, du chikungunya et du Zika

I.1.6.2.1. Diagnostic chez les populations humaines

La dengue, le chikungunya et le Zika présentent des signes cliniques similaires, bien que la présence de certains d'entre eux puisse amener à suspecter fortement une de ces maladies. Cependant, seul le diagnostic biologique permet de confirmer les résultats sur la base des tests d'acides nucléiques obtenus en laboratoire dont la technique varie en fonction du virus.

Après l'apparition de la maladie, le DENV peut être détecté dans le sérum, le plasma, les cellules sanguines et autres tissus pendant 4 à 5 jours. Actuellement, les tests d'acides nucléiques et la détection de l'antigène non-structurant 1 (NS1) sont recommandés pour diagnostiquer la dengue puisque les résultats sont disponibles en quelques heures. La thrombocytopénie (faible nombre de plaquettes sanguines dans le sang) est une caractéristique de la dengue et contribue à la différencier des autres arboviroses (Gogireddy *et al.*, 2020).

Le diagnostic de l'infection au CHIKV doit être corroboré en laboratoire. La lymphopénie (faible taux de lymphocytes dans le sang) est un résultat clé, bien que l'augmentation de la thrombocytopénie et de l'hypocalcémie (faible taux de calcium dans le sang) soient fréquemment rencontrés. Ce diagnostic est basé sur les tests d'acides nucléiques dans les échantillons de sang, la culture virale, ou la détection des anticorps IgG et immunoglobulines M (IgM) par des tests sérologiques. L'IgM est utile chez les patients après la phase aiguë, car elle peut être détectable entre 2 et 12 jours et persister pendant plusieurs semaines (González-Sánchez et Ramírez-Arroyo, 2018).

La confirmation au laboratoire d'une infection au virus Zika est faite par les tests d'acides nucléiques et sérologiques comme précédemment, bien que ceux-ci présentent des réactions croisées avec d'autres Flaviviridae, en particulier le virus de la dengue (Montecillo-Aguado *et al.*, 2019). Cependant, un nouveau test ELISA Zika NS1 à blocage obligatoire se révèle sensible à 91,8% et spécifique à 88,9% pour distinguer le virus Zika du virus de la dengue, et peut être utilisé plus de 10 jours après l'apparition de la maladie ou l'exposition présumée (Nascimento *et al.*, 2019). Des études récentes ont montré que l'excrétion virale dans les urines dure 8-15 jours chez 41,4% des patients et 16-30 jours chez 11,2% des patients supplémentaires. Ainsi, la détection par réaction de polymérisation en chaîne en temps réel (RT-PCR, real time polymerase chain reaction en anglais) dans l'urine offre une possibilité de détection plus large et serait plus performante que la sérologie (Lamb *et al.*, 2018).

Toutefois, les connaissances avancées en biologie moléculaire ont permis de mettre sur pied de nouvelles techniques de détection des virus. C'est le cas de la RT-PCR pan-*Flavivirus* qui combine la RT-PCR basée sur le SYBR green et la puce à ADN faible densité (Microarray en anglais), développée en 2017 qui permet de détecter tous les virus du genre *Flavivirus* (Vina-Rodriguez *et al.*, 2017). Similairement, un nouvel outil de diagnostic moléculaire pan-*Alphavirus* a été développé qui cible les virus du genre *Alphavirus*. Cette nouvelle technique offre un grand potentiel pour le diagnostic d'exclusion et la détection d'émergence de potentiels nouveaux virus (Giry *et al.*, 2017). La technique la plus récente est la RT-PCR triplex qui

permet de détecter et de discriminer les virus de la dengue, du chikungunya et du Zika au cours d'une seule réaction ; ce qui est un grand apport pour les pays tropicaux où ces arbovirus circulent couramment. De plus, aucune réaction croisée entre les trois virus n'a été observée dans les échantillons cliniques testés par cette technique (Santiago *et al.*, 2018).

I.1.7. Lutte contre la dengue, le chikungunya et le Zika

La lutte contre les arboviroses repose sur la prise en charge et le traitement des personnes atteintes, associés aux mesures préventives.

I.1.7.1. Prise en charge et traitement des patients

A ce jour, il n'existe aucun traitement spécifique contre la dengue, le chikungunya et le Zika. Dans les trois cas, les traitements sont dirigés contre les symptômes et basés sur l'emploi d'antipyrétiques et d'antalgiques qui permettent de baisser la fièvre et d'atténuer les douleurs musculaires. Cependant, il faut éviter les anti-inflammatoires non-stéroïdiens comme l'ibuprofène et l'aspirine. Ces derniers fluidifient le sang et peuvent rapidement assombrir le diagnostic en présence d'une maladie hémorragique. Pour les cas de dengue sévère ou de complications liées au virus chikungunya ou Zika, une prise en charge rapide et un maintien de la volémie du patient permettent généralement de sauver plus de 20% de cas (PAHO, 2017).

I.1.7.2. Prévention

➤ Cas des vaccins

Plusieurs travaux de recherche sur les vaccins contre les virus DENV, CHIKV et ZIKV sont en cours dans différents laboratoires du monde. A présent, le vaccin le plus avancé a été développé contre la dengue par Sanofi Pasteur en 2015 : le Dengvaxia®. Il est utilisé dans près d'une vingtaine de pays actuellement, mais reste réservé aux personnes âgées de 9 à 45 ans vivant dans des zones endémiques, et qui ont déjà été infectées au moins une fois par le virus de la dengue (Thomas et Yoon, 2019) ; cette condition représente une difficulté à l'utilisation de ce vaccin dans tous les pays du monde.

I.1.7.3. Lutte antivectorielle

En absence de vaccins et de traitements efficaces, le contrôle des arboviroses repose essentiellement sur une lutte antivectorielle intégrée qui, en plus de réduire les densités des moustiques *Aedes*, réduit aussi les densités des autres genres de moustiques. Cette lutte inclut la lutte mécanique, la lutte par les produits biocides, une communication et une mobilisation sociale, et la surveillance entomologique (WHO, 2017).

I.1.7.3.1. Lutte mécanique

Elle est prioritaire et consiste à éliminer les gîtes larvaires naturels ou créés dans l'environnement des particuliers et des collectivités, en vue de réduire fortement la capacité de reproduction et de développement des moustiques. A l'échelle individuelle, il s'agit de repérer et d'éliminer toute collection d'eau qui peut être utilisée comme lieu de ponte des œufs par les femelles dans et autour de chaque habitation. Les gîtes ornementaux (pots de fleurs) et les récipients de stockage d'eau doivent être entretenus et l'eau régulièrement changée. A l'échelle de la collectivité, la lutte mécanique consiste à mettre sur pied un plan efficace de gestion de la voirie de la communauté. Ce travail consiste à repérer les infrastructures qui favorisent la stagnation des eaux, les récipients abandonnés ou tout autre matériel qui peuvent recueillir l'eau de pluie et devenir des lieux de ponte des moustiques. Ce sont principalement les garages, les dépôts d'ordures, les toits en terrasse avec défaut de pente ou de planéité, ou encore les regards et les siphons de sol (Meunier et Foussadier, 2020; Mourlan *et al.*, 2020).

I.1.7.3.2. Luttés chimique et biologique

➤ Lutte chimique

Cette méthode consiste à utiliser les produits chimiques pour éliminer les larves ou les adultes de moustiques. Deux catégories de produits existent : les larvicides pour éliminer les stades de développement juvéniles aquatiques des moustiques, et les adulticides visant à éliminer les moustiques au stade adulte. Plusieurs larvicides chimiques ont été développés à l'exemple du diflubenzuron et du pyriproxifène, qui sont des agents bloquant de la croissance des larves, et du téméphos qui agit sur le système nerveux central de la larve par inhibition de la cholinestérase. Des études menées au Cameroun ont montré que les larves d'*Ae. albopictus*

et *Ae. aegypti* sont sensibles au t m phos ; ce qui offre une possibilit  de lutte contre ces vecteurs d'arboviroses (Yougang *et al.*, 2020a; Yougang *et al.*, 2020b).

Les adulticides les plus utilis s sont de la famille des pyr thrino des, dont la deltam thrine qui est recommand e en situation d' pid mie d clar e (Kumar *et al.*, 2011). Cependant l'utilisation massive et continue de cette substance a engendr  l'apparition de la r sistance des vecteurs   ce produit. Au Cameroun, des  tudes ont montr  qu'*Ae. albopictus*, dans certaines localit s, est r sistant   la familles de pyr thrino des et au dichlorodiph nyltrichloro thane (DDT). Cependant, il est sensible au fenitrothion (Organophosphor ) ; c'est la preuve qu'une strat gie adulticide utilisant ce compos  serait efficace dans la r duction des densit s de ces vecteurs (Yougang *et al.*, 2020a; Yougang *et al.*, 2020b).

➤ **Lutte biologique**

Les larvicides biologiques sont des agents infectieux ayant un effet pathog ne sur les larves de moustiques. *Bacillus thuringiensis var. israelensis* (*Bti*) et *Bacillus sphaericus* (*Bs*) sont des bact ries qui, en sporulant, produisent un cristal prot ique toxique pour les cellules de l'intestin moyen de la larve de certains dipt res (Melo *et al.*, 2016). Des formulations de *Bti* et *Bs* sont largement utilis es dans de nombreux programmes de lutte anti larvaire par un biocide (Baldacchino *et al.*, 2015). Elles ne sont pas nocives pour l'environnement et sont utilisables sur tous les types de g tes larvaires et les lieux de ponte qui ne pourraient pas  tre  limin s m caniquement. Des  tudes men es au Cameroun ont montr  que les populations d'*Ae. albopictus* sont sensibles aux *Bti* ; ce qui offre des solutions pour des strat gies de contr le des moustiques *Aedes* (Yougang *et al.*, 2020a; Yougang *et al.*, 2020b).

I.1.7.3.3. Communication et mobilisation sociale

Cette action consiste   sensibiliser et   informer la population sur le cycle de d veloppement des moustiques, la connaissance des types de g tes larvaires et comment les  liminer. Elle est assur e par les communes et les communaut s auxquelles s'ajoutent les m dias sociaux pour une large participation et un r sultat efficace. Cette strat gie est de plus en plus utilis e dans les campagnes de lutte contre les  pid mies, surtout dans les pays o  les syst mes de communication sont d velopp s (Mourlan *et al.*, 2020).

I.1.7.3.4. Surveillance entomologique

La surveillance entomologique est un maillon essentiel pour tout programme de lutte antivectorielle. Elle permet d'identifier les changements dans la densité et la distribution géographique des vecteurs, afin d'évaluer l'efficacité de l'intervention entomologique adoptée et de faciliter la prise de décisions appropriées et opportunes par les programmes de lutte. Son application requiert une succession de techniques utilisées et une méthodologie précise en cinq étapes (Medeiros *et al.*, 2018; Roiz *et al.*, 2018) :

- la présence et l'abondance des espèces d'*Aedes* sont appréciées à partir des estimations des différents indices Stégomyiens (indice de Maison, indice de Breteau, indice Conteneur) (PAHO, 1994) afin d'établir le risque potentiel d'épidémies ;

- les évaluations entomologiques doivent être faites aux mêmes endroits à intervalle de temps régulier afin d'établir une dynamique saisonnière ou temporelle ;

- la surveillance aux points et/ou voies d'entrée, tels que les ports maritimes, les aéroports et les frontières terrestres, est importante pour la détection précoce de l'introduction d'espèces invasives ;

- le suivi de la propagation des vecteurs (par exemple, à l'aide de réseaux de pondoires pièges) afin d'identifier les zones et/ou les périodes à haut risque potentiel de transmission en fonction de leur colonisation par les vecteurs ;

- l'évaluation du profil de résistance des vecteurs aux différents insecticides afin de guider le choix de l'insecticide à utiliser pour le contrôle des vecteurs.

I.1.7.3.5. Nouvelles approches de lutte antivectorielle

De nos jours, de nouvelles techniques de contrôle des vecteurs sont en cours de développement et sont décrites ci-dessous.

➤ Technique basée sur les moustiques génétiquement modifiés

Expérimentée pour la première fois dans les années 1950 en Floride pour éradiquer les vers à vis (larves de la Lucilie bouchère qui se développent dans les plaies des bétails), c'est une technique prometteuse qui repose sur la production et la libération en masses des mâles stérilisés (par des radiations ionisantes) qui vont s'accoupler avec des femelles sauvages et libérer un sperme stérile qui ne pourra féconder. On assiste ainsi à une réduction de la

population avec le temps (Strugarek *et al.*, 2019). En 2010, la compagnie Oxitec a développé des mâles d'*Ae. aegypti* transgéniques possédant un transgène léthal qui entraîne la mort de la descendance issue du croisement entre ces mâles et les femelles naturelles. Après un lâché d'environ 3,3 millions de mâles dans les Caraïbes, la population naturelle de cette espèce a réduit d'environ 96% après environ 5 à 7 mois (Harris *et al.*, 2012). Son efficacité à réduire considérablement les densités des vecteurs a été également prouvée au Brésil avec une réduction significative de la densité d'*Ae. aegypti* à près de 95% (Carvalho *et al.*, 2015; Bouyer *et al.*, 2020). La contrainte de cette technique repose sur la répétabilité de la production des insectes stérilisés, qui doivent être libérés suivant un rythme régulier afin d'éviter une recolonisation des moustiques sauvages. De plus, cette technique est fortement critiquée par la communauté qui émet des réserves quant aux potentielles catastrophes écologiques et environnementales qui peuvent en découler (Collins, 2018). Toutefois des résultats positifs ont été obtenus lorsqu'elle a été combinée à l'utilisation des symbiontes (Zhang *et al.*, 2020).

Une autre méthode palliative a vu le jour et est en cours de développement : le système CRISPR-CAS9 (Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats-associated protein 9, soit courtes répétitions palindromiques groupées et régulièrement espacées associées à la protéine Cas 9) encore appelée « ciseaux moléculaires ». Elle consiste à couper l'ADN à un endroit cible en utilisant un ARN guide pour amener l'enzyme CAS9 vers la séquence cible de l'ADN. L'enzyme CAS9 agit ensuite comme une paire de ciseaux moléculaires, coupant ou effaçant la séquence cible. Cette technique est appliquée dans le forçage génétique (*gene drive*) qui consiste à modifier certaines séquences CRISPR d'un gène forcé chez les populations de laboratoire pour encoder de nouvelles fonctions. L'organisme est ensuite relâché afin qu'il se reproduise dans la population du milieu naturel, forçant ainsi la transmission du gène modifié et du forçage génétique à sa progéniture. A présent, le forçage génétique n'a été testé que sur de petites populations dans des environnements contrôlés et une seule expérience est parvenue à éliminer entièrement une population d'*Anopheles* en laboratoire (Kyrou *et al.*, 2018). Une autre expérience est en cours au Burkina Faso où environ 10000 moustiques génétiquement modifiés ont été lâchés dans deux villages, avec pour but de réduire et d'éliminer les vecteurs de paludisme (Beisel et Ganle, 2019). Cependant, l'application de cette technique reste un sujet à controverse et se heurte à beaucoup de résistances sur les plans éthique, politique et environnemental.

➤ **Technique d'insectes incompatibles**

C'est une technique qui consiste à réduire les densités de populations de vecteurs par incompatibilité cytoplasmique grâce à une bactérie dont la plus utilisée est la bactérie du genre *Wolbachia* Hertig, 1936. Une souche de *Wolbachia* est introduite de manière stable dans une colonie d'une espèce de moustiques par trans-infection. Contrairement aux approches de modification de la population, seuls les moustiques mâles porteurs de *Wolbachia* sont relâchés dans une population sauvage pour s'accoupler avec des femelles de type sauvage, en raison de l'incompatibilité cytoplasmique induite par *Wolbachia*, aucune progéniture ne sera produite. Si les mâles sont relâchés en nombre suffisant, il y aura davantage d'accouplements incompatibles et, en fin de compte, la population de moustiques s'effondrera. Bien que cette technique soit encore en cours de développement dans plusieurs pays, elle a été mise en œuvre en Australie avec de grands succès enregistrés, une réduction drastique de la densité des vecteurs, et une quasi-disparition des cas de transmissions locales du DENV depuis 2011 (Ritchie, 2018; Ryan *et al.*, 2019).

Toutefois, l'application de ces méthodes énumérées de lutte contre les arboviroses, particulièrement contre leurs vecteurs, repose sur une bonne connaissance de la biologie et de l'écologie des moustiques.

I-2. Présentation des moustiques *Aedes* vecteurs des virus de la dengue, du chikungunya et du Zika

I.2.1. Position systématique des moustiques *Aedes*

La position systématique des moustiques *Aedes* dans le règne animal d'après (Lane et Crosskey, 2012) est la suivante :

Embranchement des Arthropodes :

- corps à symétrie bilatérale ;
- corps métamérisé et recouvert d'une cuticule ;

Sous-Embranchement des Mandibulates (ou Antennates) :

- présence d'une paire d'antennes à rôle sensoriel ;
- présence d'une paire de mandibules ;

Classe des Insectes :

- respiration trachéenne ;

- trois paires d'appendices locomoteurs ;

Sous-Classe des Ptérygotes :

- présence de deux paires d'ailes ;

Section des Oligonéoptères :

- champ jugal évolué ;
- ailes repliées en arrière au repos ;

Super-ordre des Mécoptéroïdes :

- pièces buccales de type suceur ou piqueur ;
- stipes des maxilles divisés transversalement ;

Ordre des Diptères :

- présence d'une seule paire d'ailes et une paire d'haltères ;
- tarsi pentamères ;

Sous-ordre des Nématocères :

- antennes longues, filiformes et à nombreux articles ;
- palpes grêles de deux à cinq articles ;

Infra-ordre des Culicimorphes :

- antennes des mâles touffues spécialisées pour entendre les femelles ;
- pédicelles bulbeux dans les deux sexes ;

Superfamille des Culicoïdea :

- spiracle ouvert ;

Famille des Culicidae :

- appareil buccal constitué d'une trompe allongée ;
- présence d'écailles sur les nervures alaires ;

Sous-famille des Culicinae :

- palpes plus courtes que la trompe chez les femelles ;
- présence d'un siphon respiratoire chez les larves ;

Genre *Aedes* Meigen, 1818 :

- surface des ailes avec des écailles larges plutôt symétriques ;
- larve à siphon court.

Espèces :

- *Aedes albopictus* Skuse, 1894

- Scutum sans taches blanches sur les angles ou sur les lignes dorsocentriques postérieures ;
- milieu du fémur sans tâches blanches avec pédicelle court ;
- lobes latéraux visibles.

- *Aedes aegypti* Linnaeus, 1762

- Scutum avec des lignes antérolatérales blanches en croissant ;
- lignes submédiane et dorsocentrale postérieures blanches ;
- milieu du fémur avec une ligne blanche ;
- tarsomère 4 blanc et vertex sans écailles jaunâtres.

I.2.2. Cycle de développement des moustiques *Aedes*

Le cycle de vie des moustiques *Aedes* est constitué d'une phase pré-imaginale ou phase aquatique et d'une phase imaginale ou aérienne (Figure 7). Les femelles d'*Aedes* sont généralement inséminées par un seul mâle bien que des inséminations multiples aient été observées chez *Ae. albopictus* tout comme chez *Ae. aegypti* (Boyer *et al.*, 2012; Helinski *et al.*, 2012).

I.2.2.1. Phase pré-imaginale ou aquatique

Une fois fécondées, les femelles stockent les spermatozoïdes dans la spermathèque pour toute la vie. Après environ 3 jours d'ovogénèse, elles pondent entre 30 et 300 œufs en une seule fois à la surface de l'eau ou sur la boue. Ces œufs sont bruns, d'environ 0,5 mm, sans flotteur (Figure 8a). Ils sont dits « quiescents » car ils résistent à la dessiccation pendant plusieurs mois grâce à un chorion imperméable à base de chitine (Rezende *et al.*, 2008). Après un ou deux

jours dans l'eau, les œufs éclosent donnant des larves aquatiques (Figure 8b). Ces larves sont microphages et se nourrissent de petites particules dans l'eau grâce à des pièces buccales de type broyeur. Le développement larvaire est composé de quatre stades (L1 à L4) séparés de mues permettant l'augmentation de la taille de la larve après chaque stade, passant ainsi de 1,5 mm au stade L1 à 1 cm au stade L4. Ces larves possèdent un siphon respiratoire bien visible situé à l'extrémité de l'abdomen. Les conditions environnementales telles que la température, la disponibilité des nutriments jouent un rôle important dans le développement larvaire (Tun-Lin *et al.*, 2000). Sous les climats chauds, le stade larvaire dure 4 à 7 jours ou davantage selon les conditions du milieu. La larve de stade 4 mue pour devenir la nymphe (Figure 8c) qui dure entre 1 et 3 jours. La nymphe ne se nourrit pas et respire grâce à deux trompettes respiratoires. Contrairement à la larve, qui a une forme allongée, la nymphe est recourbée en forme de virgule. Lorsqu'elle arrive à maturité, son tégument se divise à une extrémité, livrant passage à un moustique adulte complètement développé. En présence de conditions favorables, le passage de l'œuf à l'imago dure environ 7 à 13 jours (Rozendaal, 1999).

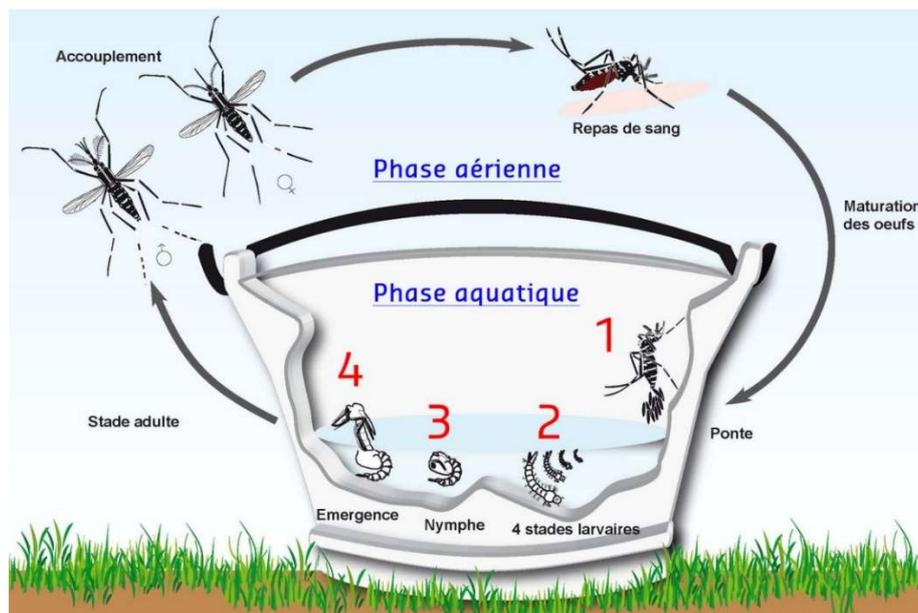


Figure 7 : Cycle biologique du moustique *Aedes*

Source : Calvez (2017)

I.2.2.2. Phase imaginaire ou aérienne

Ce sont généralement les mâles qui émergent en premier. L'adulte peut mesurer de 5 à 20 mm et possède un corps constitué d'une tête, d'un thorax sur lequel sont fixées 3 paires de pattes et une paire d'ailes, et d'un abdomen. C'est au niveau de la tête que l'on trouve le proboscis permettant la piqûre et la succion lors des repas, mais aussi les organes sensoriels tels que les yeux composés et les antennes (Figure 9). Ces antennes sont plus longues et plumeuses chez le mâle que chez la femelle. Le thorax est composé de trois parties (les pro, méso et métathorax) portant chacune une paire de pattes. Le mésothorax possède aussi une paire d'ailes membraneuses, et le métathorax une paire d'haltères (ailes atrophiées) qui assurent la stabilité du moustique lors du vol. Le thorax contient les glandes salivaires qui sont trilobées et qui sécrètent de la salive tout au long de la piqûre par la femelle. L'abdomen est constitué de segments et d'appendices génitaux (Rozendaal, 1999; Carnevale et Robert, 2009). La distinction des moustiques *Aedes* des autres genres de Culicidae à différents stades de leur développement, repose sur des critères morphologiques présentés à la figure 10.

En général, les mâles de moustiques ne sont pas hématophages et se nourrissent exclusivement de solutions sucrées (nectar de fleur), à l'opposé des femelles qui sont hématophages. Le rôle des mâles étant essentiellement de s'accoupler, leur espérance de vie est généralement inférieure à celle de la femelle, soit 1 jour à 2 semaines. Les femelles peuvent se nourrir aussi de jus sucrés mais elles doivent prendre un repas de sang sur un hôte vertébré afin d'assurer la maturation des œufs, par un apport de protéines à la suite de leur fécondation. L'ensemble de phénomènes physiologiques qui se déroulent entre deux repas de sang est appelé cycle gonotrophique. Les femelles ont une espérance de vie moyenne de quelques semaines à plusieurs mois en laboratoire (Duvallet *et al.*, 2017).

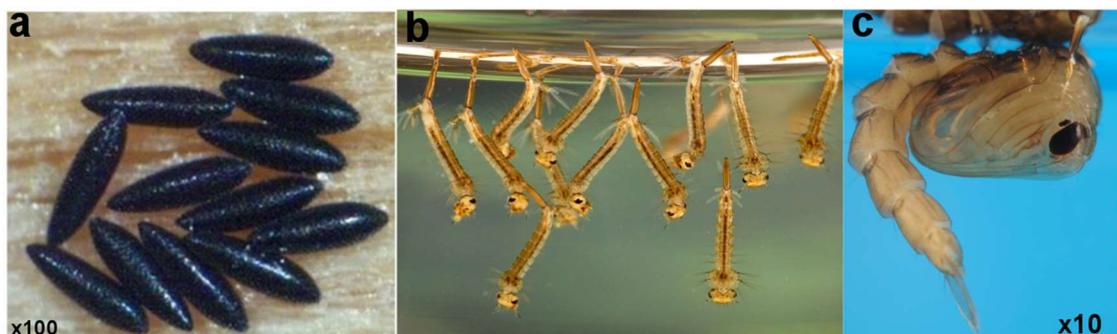


Figure 8 : Stades immatures d'*Aedes*

a, Œufs ; b, larves et c, nymphes d'*Aedes sp.*

Source : Vacus (2012)

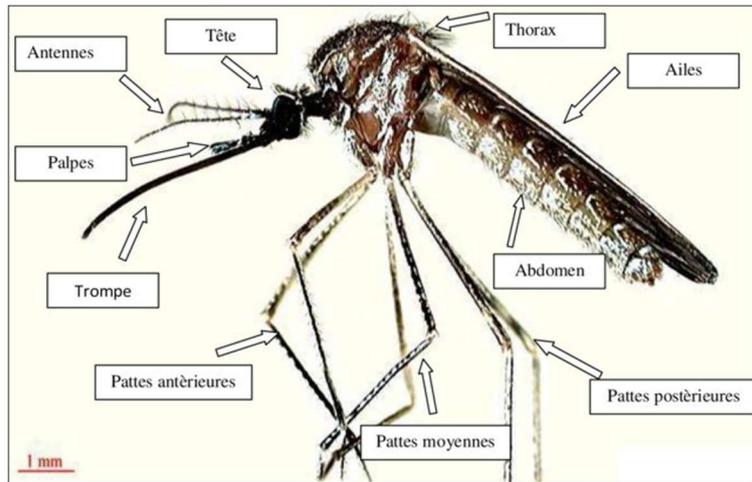


Figure 9 : Morphologie générale de l'adulte d'un moustique du genre *Aedes*

Source : Brunhes *et al.* (2000)

| <i>Anopheles</i> | <i>Aedes</i> | <i>Culex</i> |
|--|---|--|
| <p>Œufs</p> <p>pondus séparément avec flotteurs</p> | <p>Œufs</p> <p>pondus séparément sans flotteurs</p> | <p>Œufs</p> <p>pondus en barquettes sans flotteurs</p> |
| <p>Larves</p> <p>en repos en position parallèle à la surface orifice respiratoire rudimentaire (spiracle)</p> | <p>Larves</p> <p>Au repos en position oblique par rapport à la surface siphon respiratoire siphon respiratoire large et court avec une paire de touffes</p> | <p>Larves</p> <p>Au repos en position oblique par rapport à la surface siphon respiratoire long et grêle avec plusieurs paires de touffes</p> |
| <p>Nymphe (quelques légères différences)</p> | | |
| <p>Imago</p> <p>Trompe dans l'alignement du corps</p> <p>Palpes maxillaires Palpes maxillaires aussi longs que la trompe Ailes tachetées</p> | <p>Imago</p> <p>trompe formant un angle avec le corps</p> <p>Palpes maxillaires Palpes maxillaires plus courts que la trompe Ailes en général de teinte unie En général, extrémité de l'abdomen en pointe chez la femelle</p> | <p>Imago</p> <p>trompe formant un angle avec le corps</p> <p>Palpes maxillaires Palpes maxillaires plus courts que la trompe En général, extrémité de l'abdomen arrondie chez la femelle</p> |

Figure 10 : Particularités morphologiques des genres *Anopheles*, *Aedes* et *Culex*

Source : Rozendaal (1999).

I.2.3. Description d'*Aedes aegypti*

I.2.3.1. Généralités et répartition géographique

Aedes aegypti, moustique originaire d'Afrique, suscite l'attention depuis les années 1900 lorsqu'il a été décrit comme vecteur principal de la fièvre jaune (Mattingly, 1957; Christophers, 1960). Aujourd'hui, il est connu comme le principal vecteur de la dengue, mais aussi du chikungunya et du Zika, particulièrement au cours de la décennie 2010-2020 (Souza-Neto *et al.*, 2019). Alors qu'*Ae. albopictus* a envahi le monde il y a seulement une quarantaine d'années, l'invasion d'*Ae. aegypti* dans les tropiques en dehors du continent africain coïncide avec la croissance du commerce des esclaves entre le 16^{ième} et le 20^{ième} siècles (Brown *et al.*, 2011; Powell et Tabachnick, 2013). Aujourd'hui, *Ae. aegypti* est limité dans les régions tropicales et subtropicales où les températures restent relativement chaudes toute l'année. Cependant, une grande étape dans l'histoire évolutive de cette espèce a été sa « domestication », c'est-à-dire l'adaptation de la forme ancestrale aux collections d'eau générées par l'homme pour le développement des larves, et l'adaptation des humains comme source principale de repas de sang par les femelles. Cette forme domestiquée d'*Ae. aegypti* étroitement associée et dépendante des habitations humaines, s'est répandue dans le monde tropical et subtropical causant de nombreuses épidémies mondiales d'arboviroses. Les deux formes d'*Ae. aegypti* ont été élevées au rang de sous-espèces à savoir *Ae. aegypti formosus*, la forme ancestrale, et *Ae. aegypti aegypti*, la forme domestiquée (Powell et Tabachnick, 2013). De nombreuses hypothèses ont été évoquées sur l'apparition de cette forme domestiquée. La plus populaire stipule que cette forme domestique est la conséquence de l'expansion du désert du Sahara, qui contraint les populations d'*Ae. aegypti* isolées au nord de l'Afrique et vivant autour de la Méditerranée, ou du moins sur ses rivages, à se reproduire dans les seules sources fiables d'eau, celles stockées par l'homme dans les villes et villages. La Méditerranée aurait alors été la source des introductions de cette espèce dans le nouveau monde (Europe, Amérique, Asie) via les échanges commerciaux entre les trois continents au cours des siècles (Tabachnick, 1991).

Cependant, des analyses génétiques des différentes populations ont permis d'établir un scénario plus probable qui sous-tend qu'*Ae. aegypti* aurait été domestiquée *in situ* en Afrique de l'Ouest, lorsque les habitations humaines se sont développées à proximité des forêts. En effet, une grande partie de l'Afrique de l'Ouest connaît des périodes de sécheresse longues au cours de l'année durant lesquelles les gîtes larvaires naturels d'*Ae. aegypti* s'assèchent. Par conséquent, toute habitation humaine stocke de l'eau pendant cette période. Ces réservoirs d'eau servent de sites de ponte pour les femelles de moustiques de la forêt voisine, qui auraient

également développé un appétit pour l'homme, nouvelle source de repas de sang. Historiquement, les forêts et les villages étaient suffisamment proches pour que les deux formes continuent de se croiser assez fréquemment évitant une évolution de l'isolement reproductif. Ce n'est que lorsque les deux formes ont été séparées par l'Océan Atlantique qu'elles ont évolué indépendamment en une forme selvatique et une forme domestiquée. La scission des deux formes daterait d'environ 400 à 550 ans lorsqu'elles ont cessé d'échanger des gènes (Powell *et al.*, 2018).

I.2.3.2. Bio-écologie d'*Aedes aegypti*

Les deux sous-espèces d'*Ae. aegypti* présentent aujourd'hui des divergences écologiques et comportementales qui se sont développées au cours de leur évolution. Sur le plan morphologique, *Ae. aegypti aegypti* est nettement plus pâle et plus brun (au moins chez la femelle) et il présente des écailles pâles sur le premier tergite tandis qu'*Ae. aegypti formosus* présente un aspect noirâtre au niveau des zones sombres du thorax et de l'abdomen, et une absence totale de blanchiment ou d'extension des écailles pâles dures sur toutes les parties du corps (Mattingly, 1957).

La forme sombre selvatique, *Ae. aegypti formosus* (Figure 11a), est confinée dans les forêts et les écotones des régions de l'Afrique subsaharienne. Elle se développe dans les gîtes naturels tels que les creux d'arbres, creux de rochers et préfère les primates non-humains comme sources de repas de sang (Mattingly, 1957; Powell et Tabachnick, 2013). Il a été démontré dans plusieurs villes d'Afrique subsaharienne, sur la base des études morphologiques et génétiques, qu'*Ae. aegypti formosus* se retrouve dans les environnements domestiques et péri-domestiques, où il se nourrit principalement sur l'homme et pond ses œufs dans des pneus de voiture ou des récipients abandonnés ; ce qui traduirait une adoption des sites artificiels comme sites de ponte (Kamgang MBouhom *et al.*, 2013; Sharp *et al.*, 2015; Gloria-Soria *et al.*, 2016; Kamgang MBouhom *et al.*, 2017). Cette adaptation de la sous-espèce forestière aux environnements urbains serait l'une des causes d'émergence des épidémies massives de dengue et de fièvre jaune enregistrées ces dernières années en Afrique (Powell, 2016).

La forme claire domestique, *Ae. aegypti aegypti* (Figure 11b), prédomine dans les régions tropicales et subtropicales en dehors de l'Afrique et présente plusieurs adaptations aux habitations humaines notamment : une forte anthropophilie qui découle en partie des modifications apportées à un récepteur d'odeurs, une capacité à pondre les œufs et à mieux

survivre dans un environnement pauvre en nutriments et une propension à entrer facilement dans les domiciles avec des femelles endophages qui piquent à l'intérieur des habitations. Cette sous-espèce pond dans des collections d'eaux multiples telles que les récipients abandonnés, les récipients de stockage, les abreuvoirs, les pots de fleurs, les épaves de voiture entre autres. En Afrique, les femelles semblent plutôt exophages, qui piquent à l'extérieur des habitations, et exophiles qui se reposent dans les abris extérieurs, principalement la végétation.

Cependant, *Ae. aegypti aegypti* a recolonisé l'Afrique de l'Ouest (Sénégal) et l'Afrique de l'Est (Kenya), où il se croise librement avec la forme selvatique (Sylla *et al.*, 2009; Gloria-Soria *et al.*, 2016). De son côté, *Ae. aegypti formosus* a récemment été introduit en Argentine, où il se croise avec la forme claire, et les hybrides se développent dans les creux d'arbres qui constituent les gîtes d'origine (Mangudo *et al.*, 2015). Les conséquences de ces hybridations croissantes entre les deux sous-espèces restent peu élucidées. Toutefois, des études sur les espèces envahissantes ont montré que l'hybridation conduit à une augmentation de la variation génétique ; ce qui pourrait provoquer une nouvelle propagation (Bock *et al.*, 2018).

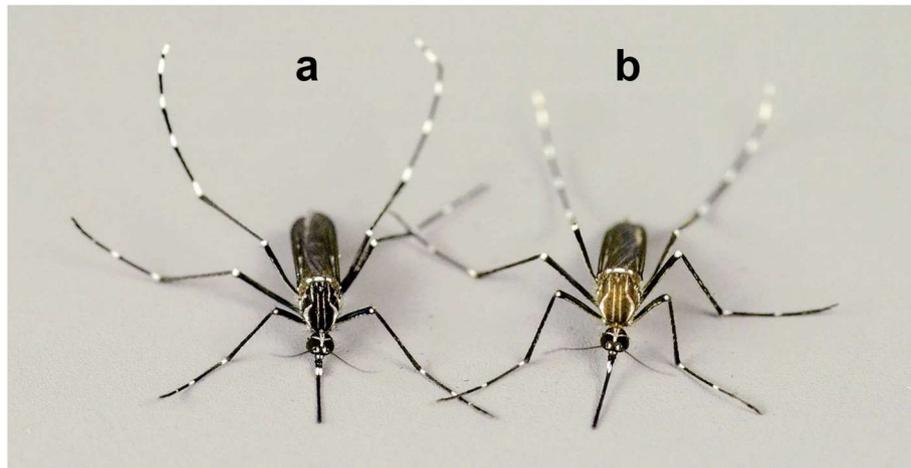


Figure 11 : Différentes formes d'*Aedes aegypti*

a, *Aedes aegypti formosus* ; b, *Aedes aegypti aegypti*

Source : Powell (2016).

I.2.4. Description d'*Aedes albopictus*

I.2.4.1. Généralités et répartition géographique

Aedes albopictus (Skuse, 1894) est une espèce caractérisée morphologiquement par un scutum avec une large ligne médiane d'écailles blanches, qui part de la marge antérieure jusqu'à la zone préscutellaire, et sans tache pâle à l'angle (Figure 12). Il appartient au groupe Scutellaris du sous-genre *Stegomyia*. C'est un moustique originaire des forêts d'Asie du Sud-Est (Smith, 1956) ; il s'est progressivement adapté à l'environnement humain qui offre une grande variété de sources de repas de sang (hommes et animaux) et des collections d'eau nécessaires au développement des larves. Ce rapprochement de l'homme lui a permis de coloniser de nouveaux territoires au gré des déplacements humains et de l'intensification des échanges commerciaux surtout le commerce international des pneus usagés qui constituent d'excellents sites de ponte des *Aedes* (Hawley, 1988; Reiter *et al.*, 1998). Il y a trois décennies, son aire de répartition était limitée au sous-continent Indien, au Sud-Est asiatique, à la Chine, au Japon, à l'Indonésie, aux îles de l'Océan Indien (Madagascar, Ile Maurice, La Réunion entre autres), et à Hawaï. Ces dernières décennies, cette espèce s'est largement répandue en Europe depuis 1979, aux Etats-Unis, en Amérique Centrale et du Sud, dans le Pacifique Sud, dans les Caraïbes depuis 1985, et en Afrique depuis 1989 (Gratz, 2004) où elle s'est par la suite propagée dans presque toute l'Afrique subsaharienne (Weetman *et al.*, 2018). Cette capacité de conquérir et s'installer dans de nouvelles aires géographiques est liée à sa biologie particulière et à sa très forte plasticité écologique (Paupy *et al.*, 2009).



Figure 12 : Mâle d'*Aedes albopictus*

Source : Evans *et al.* (2019)

I.2.4.2. Bio-écologie d'*Aedes albopictus*

Décrit originellement comme une espèce forestière, *Aedes albopictus* est retrouvé de nos jours préférentiellement dans les environnements périurbains, et aussi dans les environnements urbanisés à forte densité du bâti (Paupy *et al.*, 2009; Kamgang MBouhom *et al.*, 2017). Il est doué d'une forte plasticité écologique qui lui permet de s'adapter à une large gamme d'habitats larvaires. Les sites de développement larvaire d'*Ae. albopictus* sont très nombreux et classés en gîtes naturels (creux d'arbres, creux de rochers), gîtes domestiques (pots de fleurs et récipients de stockage), et gîtes péri-domestiques (pneus usagés et récipients abandonnés) (Figure 13).

Bien que de nombreuses exceptions aient été faites en fonction de la saison, la région, la disponibilité des hôtes et la nature de l'habitat humain, *Ae. albopictus* est principalement un moustique diurne et exophage ; il préfère piquer en début de matinée et en fin d'après-midi. Les femelles se gorgent sur un large spectre d'hôtes allant des animaux à sang froid, tels que les amphibiens, aux animaux à sang chaud à l'exemple des reptiles, des oiseaux et des mammifères (Scholte et Schaffner, 2007; Paupy *et al.*, 2009). Leur préférence à se gorger sur les humains en présence d'autres hôtes animaux dans le milieu a été démontrée (Delatte *et al.*, 2010; Kamgang MBouhom *et al.*, 2012). En outre, cette capacité d'*Ae. albopictus* à se nourrir sur différentes espèces animales renforce non seulement ses caractéristiques biologiques (par exemple, la fécondité et la survie), mais aussi le risque de propagation d'agents pathogènes zoonotiques d'un animal à l'autre et/ou d'un animal à l'homme.



Figure 13 : Exemples de gîtes colonisés par les stades immatures d'*Aedes*

Gîtes péri-domestiques (a, pneus usagés et b, récipients abandonnés), gîtes domestiques (c et d, pots de fleurs) et naturels (e, creux d'arbre et f, creux de rocher).

I.2.5. Répartition d'*Aedes albopictus* et *Aedes aegypti* en Afrique Centrale et au Cameroun

Comme mentionné ci-dessus, *Ae. aegypti* est natif d'Afrique. En Afrique Centrale, il est toujours admis que seul *Ae. aegypti formosus* est présente dans tous les milieux. Au Cameroun, il est connu depuis 1950 et largement distribué dans toutes les localités du pays. Ce moustique colonise les environnements urbains, périurbains et ruraux (Simard *et al.*, 2005; Paupy *et al.*, 2009; Kamgang MBouhom *et al.*, 2010) (Figure 14).

A côté de l'espèce native, la propagation mondiale d'*Ae. albopictus* est principalement due aux activités humaines, telles que l'augmentation du commerce intercontinental, en particulier au cours des trois dernières décennies (Weetman *et al.*, 2018). En Afrique, *Ae. albopictus* a été identifiée pour la première fois en Afrique du Sud en 1989, probablement étant importée *via* le commerce de pneus du Japon, où il a été rapidement contrôlé (Cornel et Hunt, 1991). Deux ans plus tard, il a été identifié au Nigeria (Savage *et al.*, 1992). Cette espèce a été décrite pour la première fois en Afrique Centrale, dans les années 2000 au Cameroun (Fontenille et Toto, 2001) et a depuis été trouvée dans la quasi-totalité des pays de la sous-région, notamment en Guinée Equatoriale en 2003, au Gabon en 2007, en République Centrafricaine (RCA) en 2009, et en République du Congo en 2011 (Ngoagouni *et al.*, 2015). Au Cameroun, les enquêtes entomologiques antérieures faites à l'échelle macro-géographique ont révélé qu'*Ae. albopictus* a une distribution limitée dans la partie Sud du pays en deça du 6^{ième} parallèle latitude Nord, caractérisée par un climat équatorial (Simard *et al.*, 2005; Kamgang MBouhom *et al.*, 2010) (Figure 14).

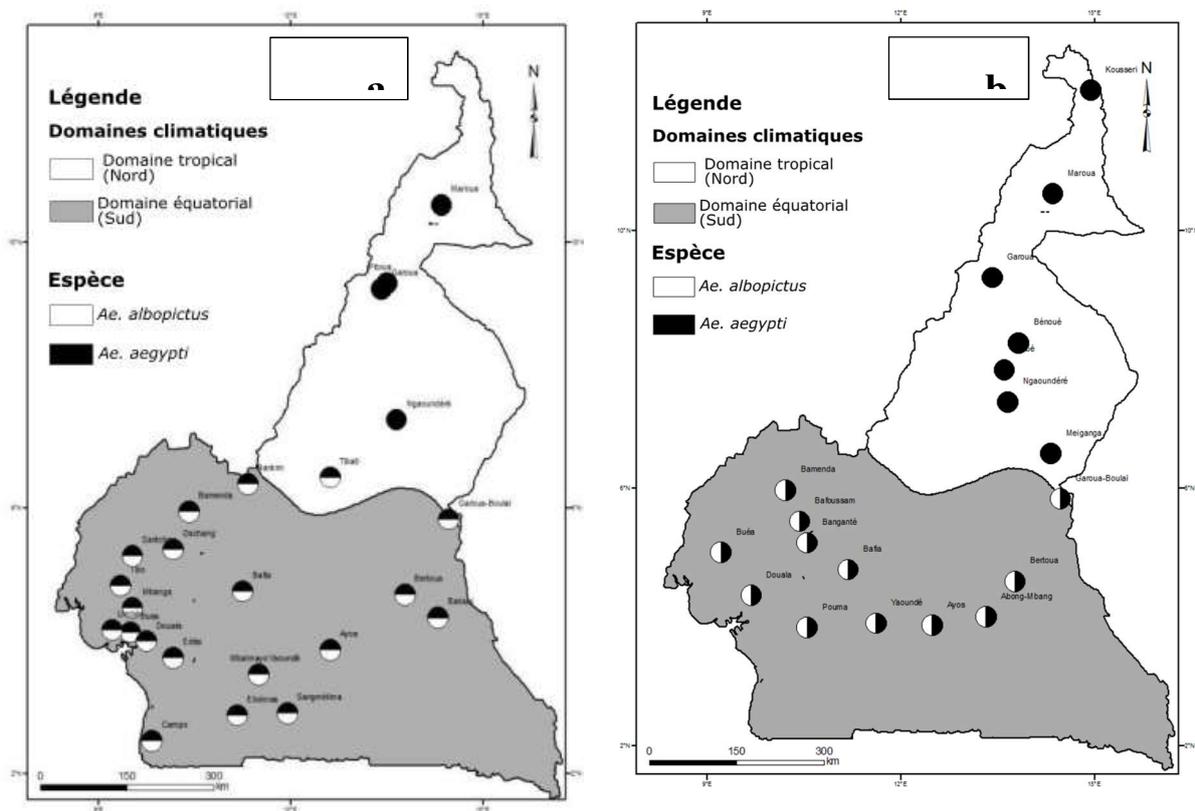


Figure 14 : Répartition d'*Aedes aegypti* et *Aedes albopictus* au Cameroun

a, étude faite en 2003 et b, étude faite en 2005.

Source : Simard *et al.* (2005) et Kamgang MBouhom (2011)

I.3. Interaction entre vecteurs et mécanismes d'immunité impliqués dans la transmission des virus

I.3.1. Interactions entre vecteurs *Aedes albopictus* et *Aedes aegypti*

Une fois introduite dans une nouvelle zone, l'établissement et la propagation d'une espèce invasive se font par l'intermédiaire de facteurs abiotiques (climat et environnement) et de facteurs biotiques. La coexistence spatiale d'*Ae. albopictus* et d'*Ae. aegypti* a été rapportée dans différents endroits du monde, où les stades immatures des deux espèces partagent parfois les mêmes gîtes de développement larvaire. Dans les régions d'Amérique du Sud et d'Asie, où les deux espèces vivent en sympatrie, cette coexistence des deux espèces est favorisée par une ségrégation des habitats larvaires en fonction du degré d'urbanisation (Bracks *et al.*, 2003; Tsuda *et al.*, 2006). *Aedes albopictus* est généralement prédominant dans les zones péri-

urbaines et rurales, tandis qu'*Ae. aegypti* l'est dans les zones urbaines à forte densité de bâti et peuplées. Cependant, *Ae. albopictus* peut coloniser les environnements urbains en absence d'*Ae. aegypti* (Delatte *et al.*, 2008; Ayllón *et al.*, 2018; Heinisch *et al.*, 2019). En raison du partage des mêmes habitats larvaires, les deux espèces entretiennent une interaction compétitive. En effet, des travaux ont rapporté un remplacement d'*Ae. aegypti* aux USA et au Brésil après l'invasion par *Ae. albopictus*. Le même phénomène a été observé à Mayotte et à la Réunion, où *Ae. albopictus* est devenu l'espèce prédominante en zone urbaine après son introduction (Bagny *et al.*, 2009a; Bagny *et al.*, 2009b; Bagny *et al.*, 2012). En Asie par contre, une tendance opposée est observée, avec un avantage compétitif d'*Ae. aegypti* sur *Ae. albopictus*, principalement en milieu urbain (Seng et Jute, 1994; Chen *et al.*, 2006; Tsuda *et al.*, 2006; Rozilawati *et al.*, 2015).

En Afrique Centrale, plusieurs études ont démontré qu'*Aedes albopictus* colonise préférentiellement les gîtes contenant des débris végétaux ou entourés de végétation dans les environnements ruraux, périurbains et urbains, tandis qu'*Ae. aegypti* préfère les gîtes situés dans des environnements urbains à forte densité de bâti. Ainsi, bien que les deux vecteurs soient sympatriques, leurs abondances et leurs distributions spatiales sont influencées par les facteurs tels que le climat, la végétation et la densité du bâti comme démontré dans plusieurs travaux (Kamgang MBouhom *et al.*, 2010; Kamgang MBouhom *et al.*, 2017; Wilson-Bahun *et al.*, 2020). Ces travaux ont également montré que dans les zones sympatriques en Afrique Centrale, *Ae. albopictus* tend à supplanter l'espèce résidente *Ae. aegypti*. Toutefois, des études supplémentaires sont nécessaires à la compréhension de la dynamique spatiale des deux vecteurs dans les milieux sympatriques.

I.3.2. Mécanismes d'immunité impliqués dans la transmission des virus

I.3.2.1. Immunité innée chez le moustique

La plupart des agents pathogènes de l'homme pénètrent les moustiques à l'occasion d'un repas sanguin, qui est une nécessité physiologique pour les femelles pour le développement des œufs (Zhou *et al.*, 2007). Si ces agents pathogènes doivent être transmis à l'hôte par le moustique, il est essentiel qu'ils atteignent la glande salivaire avant ou après avoir proliféré à l'intérieur des cellules sensibles de celui-ci (Dimopoulos, 2003). Contrairement aux organismes supérieurs, les moustiques dépendent entièrement de leur système immunitaire inné pour combattre les infections causées par des agents pathogènes tels que les virus, les bactéries, les

champignons et les autres parasites. Ce système immunitaire est basé sur deux grands types de barrières : les barrières physiques et les barrières physiologiques (Kumar *et al.*, 2018).

I.3.2.1.2. Barrières physiques

Le premier niveau du système immunitaire des insectes comprend les barrières cuticulaires et épithéliales, les réseaux épidermique, intestinal et trachéal. A partir de là, la réponse systémique peut se propager par l'hémolymphe (un système circulatoire ouvert qui remplit l'hémocèle). Les réponses humorales et cellulaires dans l'hémocèle, l'intestin moyen et la glande salivaire permettent aux moustiques de répondre rapidement aux infections.

I.3.2.1.3. Barrières physiologiques

Les barrières physiologiques sont des processus physiologiques qui se produisent dans le corps du moustique en réponse aux agents pathogènes. Selon le lieu et l'état de l'infection, différentes réponses visant à éliminer les agents pathogènes du système se produisent chez le moustique. Il est important pour un agent pathogène de vaincre les barrières physiques et physiologiques afin d'établir avec succès l'infection. Les grandes barrières physiologiques sont décrites à la suite.

I.3.2.1.4. Barrière contre les infections intestinales

Chez les moustiques réfractaires ayant une barrière d'infection de l'intestin moyen, les agents pathogènes ne peuvent pas infecter et/ou se répliquer dans les cellules de l'intestin moyen du moustique. Cela serait dû soit à un manque de récepteurs de surface cellulaire permettant aux agents pathogènes de pénétrer les cellules de l'intestin moyen et une forte réponse immunitaire contre la réplication de l'agent pathogène (Kumar *et al.*, 2018).

I.3.2.1.5. Barrières contre la dissémination des pathogènes dans la cavité générale

Dans le cas de la barrière contre la dissémination des agents pathogènes dans la cavité générale, les moustiques peuvent permettre à ces agents pathogènes de se répliquer dans l'intestin moyen, même à des titres élevés, mais ceux-ci ne peuvent pas sortir de l'intestin moyen pour se disséminer à cause de deux barrières principales : la barrière au niveau de la

lamelle basale qui sert de passage direct, et la barrière au niveau des cellules trachéales qui servent de canal entre l'intestin moyen et l'hémocèle (Passarelli, 2011).

I.3.2.1.6. Barrières contre l'infection des glandes salivaires et l'échappement du pathogène des glandes salivaires

Le fonctionnement de la barrière à l'infection des glandes salivaires et à l'échappement du pathogène des glandes salivaires n'est pas bien défini. Cependant, des hypothèses suggèrent l'existence des barrières de transmission des pathogènes dose-dépendantes et dose-indépendantes dans plusieurs systèmes vecteur-virus (Scott *et al.*, 1990; Turell *et al.*, 2014).

I.3.2.2. Bases moléculaires de l'immunité chez les moustiques

Chaque fois qu'un agent pathogène envahit un moustique, il rencontre plusieurs molécules dérivées de l'hôte qui interagissent avec lui en fonction de sa structure et de ses molécules de surface. Des études ont permis d'élucider les mécanismes moléculaires qui dirigent les réactions immunitaires lors d'une infection d'un moustique par un pathogène. Ainsi, 5 principaux mécanismes ont été décrits dans plusieurs systèmes pathogènes-vecteurs : les mécanismes de reconnaissance, les voies de signalisation immunitaire, les mécanismes de modulation, les mécanismes d'effecteurs, et le mécanisme d'interférence de l'ARN (Kumar *et al.*, 2018). Nous décrirons brièvement le mécanisme des voies de signalisation immunitaire dans lequel nous avons choisi nos gènes immunitaires pour les études de la diversité génétique des populations d'*Ae. aegypti*.

I.3.2.2.1. Mécanismes des voies de signalisation immunitaire

Les voies de signalisation immunitaire protègent les moustiques d'une infection continue aux pathogènes. Ces voies sont activées et déclenchent la production des molécules effectrices pour neutraliser l'invasion des pathogènes. Il a été démontré qu'elles sont activées par plusieurs types d'agents pathogènes tels que les bactéries Gram-positives, les champignons, le *Plasmodium* et les virus. L'induction de ces voies de signalisation conduit à la production de peptides antimicrobiens qui neutralisent les pathogènes. Les trois principales voies de ce mécanisme sont décrites ci-dessous.

➤ **La voie des récepteurs de type Toll (*Toll-like receptors* en anglais)**

Elle a été identifiée pour la première fois lors du dépistage génétique des gènes impliqués dans la phase pré-embryonnaire de la drosophile *Drosophila melanogaster* Meigen, 1830 (Nüsslein-Volhard et Wieschaus, 1980). Le mécanisme moléculaire Toll a été bien étudié chez les moustiques. Les gènes de cette voie sont contrôlés par un facteur de transcription qui joue un rôle central dans la régulation du mécanisme chez le moustique. Le facteur de transcription a deux formes qui sont induites par des inflammations chez les larves ou les femelles adultes. Le facteur de transcription joue également un rôle essentiel dans la régulation de la signalisation de cette voie. Il a été démontré que cette voie active la résistance d'*Ae. aegypti* contre le virus de la dengue après infection. Les récepteurs de type Toll jouent un rôle crucial dans le système immunitaire inné du moustique par reconnaissance des motifs moléculaires associés aux agents pathogènes (Xi *et al.*, 2008a).

➤ **La voie de l'immunodéficienc (IMD)**

La voie IMD est une autre voie de signalisation majeure qui joue un rôle essentiel dans l'immunité des moustiques. Comme la voie Toll, la voie IMD a également été identifiée et étudiée pour la première fois chez la drosophile ; et depuis lors, on a constaté qu'elle joue un rôle essentiel dans le système immunitaire des insectes. Cette voie comporte des molécules qui se chevauchent avec celles de la voie Toll pour provoquer une réponse immunitaire. Comme pour les autres voies de signalisation immunitaire, l'induction de la voie IMD commence par une reconnaissance des molécules de modèles spécifiques codées par le génome et dérivées de l'hôte, qui se lient à des structures conservées présentes dans les agents pathogènes mais pas dans les hôtes. L'activation de la voie IMD a été signalée par des bactéries et des *Plasmodium*, et un effet indirect de la voie IMD a été démontré sur la charge virale des moustiques *Aedes* (Barletta *et al.*, 2017).

➤ **La voie JAK-STAT**

Elle a été identifiée pour la première fois chez la drosophile où elle est connue comme partie intégrante de la réponse antivirale (Dostert *et al.*, 2005). Elle est principalement constituée des peptides ligands impaires (Upd), du récepteur de protéines membranaires (Dome), de la Janus Kinase (JAK) et des protéines STAT (signal transducers and activators of transcription). Le rôle de la voie JAK-STAT dans l'immunité des moustiques a été découvert

pour la première fois chez *Anopheles gambiae* en l'infectant avec des bactéries à savoir *Escherichia coli* Castellani et Chalmers, 1919 et *Micrococcus luteus* Cohn, 1812 (Gupta *et al.*, 2009). Dans le cas des moustiques *Ae. aegypti*, la réplication du DENV dans l'intestin moyen des moustiques a été étudiée sur modulation de la voie JAK-STAT en utilisant des approches de suppression de gènes. La réduction au silence de la protéine inhibitrice pour les STAT a montré une diminution de la réplication du DENV dans l'intestin moyen des moustiques, alors que la destruction des récepteurs Dome a entraîné une augmentation de la réplication virale dans l'intestin moyen. Ces résultats suggèrent que la voie JAK-STAT joue un rôle essentiel dans la défense antivirale des moustiques (Souza-Neto *et al.*, 2009; Jupatanakul *et al.*, 2017).

I.4. Outils moléculaires utilisés pour étudier la diversité génétique et de détecter les infections virales naturelles chez les *Aedes* vecteurs d'arboviroses

L'étude de la diversité génétique des populations consiste à évaluer le degré de variation des gènes au sein d'une même espèce, correspondant encore au nombre total de caractéristiques génétiques dans la constitution génétique de cette espèce.

I.4.1. Utilisation des marqueurs mitochondriaux

L'histoire des populations, depuis le siècle passé, fait l'objet de recherches scientifiques poussées sur la base des études de diversité génétique des marqueurs moléculaires afin d'obtenir des informations qui se rapprochent le plus possible de la réalité. Ces trois dernières décennies, une portion de l'ADN mitochondrial (ADNmt) est le marqueur moléculaire le plus utilisé dans les études de diversité génétique car il est facile à manipuler, non recombinant, à transmission maternelle, et possède un taux de mutations dix fois plus élevé comparé aux marqueurs nucléaires (Brown *et al.*, 1979).

I.4.2. Extraction de l'ADN

L'acide désoxyribonucléique (ADN) constitue l'un des matériaux de base pour les études de biologie moléculaire. Son extraction de l'ADN est donc une technique qui permet son isolement en qualité et en quantité suffisante à partir des cellules d'organismes vivants ou morts. En fonction du type d'ADN, ADN génomique (issu du ou des chromosomes des cellules analysées) ou ADN plasmidique (provenant de plasmides portés le plus souvent par des cellules

bactériennes comme *Escherichia coli*), différents protocoles peuvent être utilisés. De nombreux kits d'extraction d'ADN prêts à l'utilisation ont été produits à ce jour, mais le schéma d'extraction est basé sur 4 étapes principales indépendamment du protocole :

- la lyse des cellules par broyage dans un tampon composé de détergents ayant pour rôle d'émulsifier les bicouches lipidiques des membranes à dénaturer les protéines, particulièrement celles liées à l'ADN dans la chromatine ;

- l'élimination des protéines et des peptides du broyat au moyen de solvants organiques (en général du phénol ou chloroforme) et récupération de l'ADN en solution dans la phase aqueuse supérieure par décantation ou par centrifugation ;

- l'élimination des autres acides nucléiques (ARN) par addition des ribonucléases qui hydrolysent sélectivement l'ARN en laissant l'ADN intact ;

- la concentration de l'ADN par précipitation suite à un ajout d'éthanol ou d'isopropanol dans la phase aqueuse.

Après extraction, l'ADN peut être conservé à -20°C pour des réactions moléculaires ultérieures. Dans le cadre de ce travail, les protocoles « LIVAK » (Livak, 1984) et « QIAGEN DNeasy blood and tissue » (QIAGEN, 2016) ont été utilisés pour l'extraction de l'ADN et « QIAGEN viral mini kit » (QIAGEN, 2014) pour l'extraction de l'ARN.

I.4.3. Réaction de polymérisation en chaîne (PCR, Polymerase Chain Reaction)

Développée en 1985 par Mullis (1987), la réaction de polymérisation en chaîne (traduction du terme anglais Polymerase Chain Reaction, PCR) est une réaction biochimique de synthèse d'ADN réalisée *in vitro* par répétition de séquences d'ADN polymérase en présence d'amorces spécifiques.

I.4.3.1. Principe de la PCR

Elle exploite le processus de la réplication et fait appel pour cela à la capacité de l'ADN polymérase à synthétiser le brin complémentaire d'un ADN servant de matrice. Cette configuration permet à l'ADN polymérase de répliquer les 2 monobrans dans le sens 5' vers 3' et ainsi d'aboutir à la synthèse de nouveaux ADN doubles brins.

La PCR s'effectue en 3 étapes :

- **la dénaturation** : phase au cours de laquelle l'ADN est dénaturé en simple brin par augmentation de la température entre 90 et 97°C. A cette gamme de température, les liaisons hydrogènes sont rompues et les 2 brins de l'ADN se séparent. L'ADN passe sous forme de simple brin dans le milieu ;

- **l'hybridation** : phase de refroidissement au cours de laquelle les amorces s'hybrident à leurs séquences complémentaires sur la séquence cible. Elle se fait généralement entre 50 et 65°C ;

- **l'élongation** : phase au cours de laquelle chaque amorce fixée sur l'un des brins va s'allonger à l'aide de la Taq polymérase (enzyme synthétisée à partir de la bactérie thermostable *Thermophilus aquaticus* jouant le rôle de l'ADN polymérase) qui incorporent les désoxyribonucléiques complémentaires de la séquence de la matrice à laquelle elle est hybridée. Cette étape s'effectue généralement à 72°C.

Toutes ces étapes se déroulent dans un thermocycleur programmable qui expose les tubes contenant le mélange réactionnel aux températures choisies. A l'issue de la PCR, on obtient en théorie après plusieurs (n) cycles, 2ⁿ copies de fragments d'ADN de même taille correspondant à la distance en base qui sépare les amorces.

A ce jour, plusieurs améliorations de cette technique ont été proposées et ont défini d'autres variantes de la PCR telles que la PCR quantitative en temps réel (RT-qPCR), qui a été la technique utilisée dans la détection de l'infection des populations naturelles de moustiques par les arbovirus dans ce travail.

I.4.3.1.1. Détection des virus dengue, chikungunya et Zika chez les populations de vecteurs par RT-PCR

Chez les *Aedes* vecteurs, la PCR quantitative en temps réel (RT-PCR) pour la détection des trois virus suscités est la méthode la plus utilisée dans les pays endémiques ; elle permet de confirmer la transmission des virus par les populations locales de vecteurs (Mansuy *et al.*, 2018; Diouf *et al.*, 2020). Elle permet l'amplification et la détection d'un fragment d'acide nucléique cible, en une seule étape, limitant les risques de contamination entre les différents prélèvements tout en permettant un gain de temps considérable. Elle fait appel à l'utilisation de sondes fluorescentes qui subissent une réorganisation conformationnelle lorsqu'elles se lient à leur cible et émettent une fluorescence dont l'intensité est directement proportionnelle à la quantité d'amplicons. La RT-PCR se caractérise aussi par sa grande sélectivité, qui permet de détecter

la présence d'acide nucléique cible à partir d'un échantillon contenant d'autres molécules d'ADN (Poitras et Houde, 2002; Mathys *et al.*, 2007). Différentes méthodes de détection des amplicons ont été développées parmi lesquelles :

- la méthode des agents se liant à l'ADN double brin (Double stranded DNA binding dyes) telle que le « SYBR green method » (Morrison *et al.*, 1998) ; le SYBR green est un agent intercalant fluorescent qui se lie à l'acide nucléique lors de la RT-PCR ;

- la méthode d'hybridation de 2 sondes (*Hybridation probes*) (Mackay *et al.*, 2002) ;

- la méthode des balises moléculaires (*Molecular Beacons*) (Tyagi et Kramer, 1996) ;

- la méthode des amorces scorpions (*Self-fluorescing amplicon*) (Whitcombe *et al.*, 1999; Thelwell *et al.*, 2000) et ;

- la méthode d'hydrolyse de sondes (*TaqMan assay*) qui a été utilisée dans ce travail et dont nous présenterons le principe (Mackay *et al.*, 2002).

➤ **Principe de la technique *TaqMan***

La technologie *TaqMan* est basée sur l'activité 5'-exonucléasique de la Taq polymérase pour hydrolyser une sonde hybridée à sa séquence cible sur l'amplicon durant l'étape d'hybridation/extension de la PCR. Un fluorochrome émetteur ou "reporter" (cas précis, FAM : 6-carboxyfluorocéine) est fixé à l'extrémité 5' de la sonde d'hybridation, et son émission est inhibée par un second fluorochrome suppresseur ou "quencher" présent à l'extrémité 3' (cas précis, TAMRA : 6-carboxy-tetramethyl-rhodamine). Lorsqu'il est stimulé, le fluorochrome émetteur transfère son énergie au fluorochrome suppresseur voisin par le principe FRET (fluorescence resonance energy transfer), qui dissipe cette énergie sous forme de chaleur plutôt que d'émettre de la fluorescence (Mackay *et al.*, 2002). Étant donné que l'activité 5'-exonucléasique de la Taq polymérase est spécifique à l'ADN double brin, les sondes libres en solution demeurent intactes et aucune fluorescence n'est émise. Lors de l'étape d'hybridation, la sonde et les amorces se fixent à leurs séquences complémentaires respectives. A l'étape suivante, la Taq polymérase débute l'élongation du nouveau brin d'ADN à partir de l'amorce jusqu'à ce qu'elle rencontre sur son passage la sonde hybridée qu'elle déplace et hydrolyse avec son activité 5'-exonucléasique. Le reporter est alors libéré de l'environnement du suppresseur permettant ainsi l'émission de fluorescence qui augmente à chaque cycle proportionnellement au taux d'hydrolyse de la sonde (Mackay *et al.*, 2002) (Figure 15).

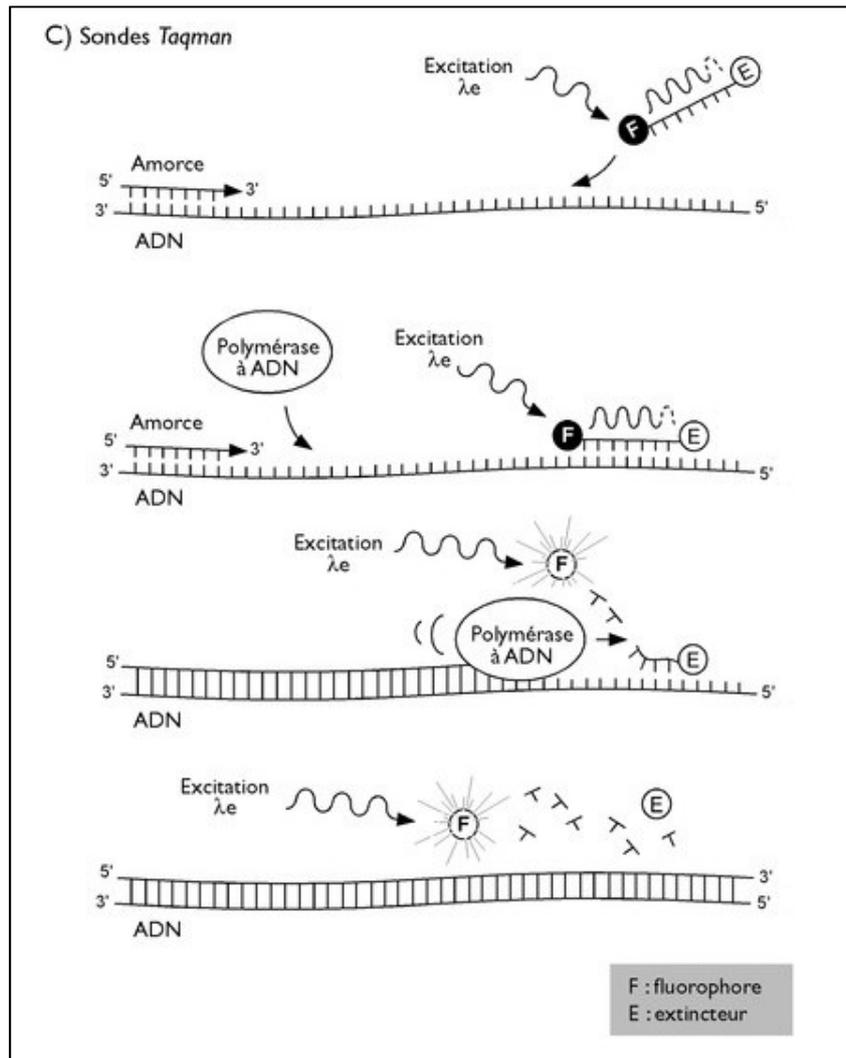


Figure 15 : Processus chimique de la RT-PCR TaqMan

Source : Mackay *et al.* (2002)

I.4.4. Electrophorèse et révélation des amplicons PCR

L'électrophorèse est une technique permettant de séparer des molécules portant une charge électrique (ou ions) à l'instar des acides aminés, des protéines, des acides nucléiques, sous l'effet d'un champ électrique. Chaque ion migre vers son électrode respective, les anions (molécules chargées négativement) vers l'anode (potentiel positif) et les cations (molécules chargées positivement) vers la cathode (potentiel négatif). En fonction de différents paramètres (charge électrique totale, masse moléculaire, nature du support, conditions physico-chimiques et distance parcourue), la vitesse de migration varie et permet la séparation des différentes molécules. Différents types d'électrophorèse ont été développés et l'application dépend du type de molécule recherchée.

Pour la préparation du gel d'agarose, une solution d'agarose mélangée au tris-acétate-EDTA (TAE) à une concentration précise est portée à ébullition dans un four à micro-ondes. Lorsqu'elle devient tiède, un intercalant (Bromure d'Ethidium ou Midori green) est ajouté et la solution est coulée dans un moule d'électrophorèse muni d'un peigne qui formera les puits après refroidissement complet. La migration se déroule sous une tension d'environ 150 volts à 300 mA pendant 15 à 30 min selon la distance du moule. A la fin de l'électrophorèse, les bandes sont révélées par un trans-illuminateur à lumière ultraviolette pour la détection des différentes bandes d'amplification.

I.4.5. Séquençage de l'ADN

Le séquençage de l'ADN est la détermination de l'ordre d'enchaînement des nucléotides qui constituent un fragment d'ADN donné. La méthode de séquençage la plus utilisée dans les études moléculaires est celle développée par Sanger *et al.* (1977).

Elle est basée sur l'interruption de la synthèse enzymatique d'un brin d'ADN complémentaire. L'ADN à séquencer est cloné et de nombreuses molécules d'ADN simple brin sont produites. Une courte amorce d'oligonucléotides (généralement synthétisée chimiquement et éventuellement marquée) est ajoutée à l'ADN. Le point de fixation de l'amorce sert de point de départ pour la synthèse du brin complémentaire. La polymérase est alors ajoutée avec :

- les 4 nucléotides normaux : d-ATP, d-CTP, d-GTP et d-TTP (au moins un d'entre eux est marqué au phosphore 32, au soufre 35 ou au phosphore 33) ;

- une faible concentration de 4 nucléotides analogues dans des incubations séparées : les analogues sont des didésoxynucléotides (ddNTP) qui sont identiques aux nucléotides normaux ; sauf que les groupes hydroxyles (OH) des riboses sont remplacés par des hydrogènes (H). La polymérase ne peut pas distinguer ce substrat des nucléotides normaux.

La synthèse du brin d'ADN complémentaire est initiée au niveau de l'amorce. L'intégration d'un didésoxynucléotide dans le brin synthétisé entraîne l'arrêt de l'élongation en raison de l'absence du groupement OH, nécessaire à l'extension. Les quatre incubations contiennent donc un mélange de molécules partiellement synthétisées d'ADN double brin marqué. La longueur des fragments d'ADN varie en fonction du point d'intégration du didésoxynucléotide (Sanger *et al.*, 1977).

CHAPITRE II : MATÉRIEL ET MÉTHODES

II.1. MATÉRIEL

II.1.1. Cadre géographique

II.1.1.1. Présentation générale du Cameroun

Le Cameroun est situé dans la partie occidentale de l'Afrique Centrale, au fond du golfe de Guinée ; il couvre une superficie d'environ 475650 km² dont 466050 km² de superficie continentale et 9600 km² de superficie maritime. De forme triangulaire, il partage ses frontières avec six Etats et s'étend sur 1250 km sur un axe Nord-Sud, sur 860 km sur un axe Est-Ouest, entre les latitudes 1°40'N et 13°05'N et les longitudes 8°30'E et 16°10'E. Bordé par l'Océan Atlantique, il est constitué de 63% de montagnes dominées par l'un des massifs montagneux les plus hauts d'Afrique, le mont Cameroun d'environ 4100 m de hauteur. Son réseau hydrographique est réparti en cinq grands ensembles à savoir : le bassin de la Sanaga, le bassin des fleuves côtiers, le bassin du Congo, le bassin du Niger et le bassin du lac Tchad. L'ensemble constitue une très grande variété de domaines bio-géographiques, d'où l'appellation d'« Afrique en miniature » (Olivry, 1986). Cette comparaison est poursuivie dans le domaine démographique avec une population estimée à près de 27 millions d'habitants et répartie entre plus de 280 ethnies parlant 24 langues principales (MINEP, 2015).

II.1.1.1.1. Climat

Le Cameroun est situé dans la zone intertropicale où les températures annuelles varient de 20°C à 28°C et augmentent du Sud vers le Nord. Les précipitations varient avec la proximité de la mer, l'altitude et la latitude, et diminuent de la mer vers l'intérieur et du Sud vers le Nord. Cette variation définit une variété de climats allant du climat soudano-sahélien à l'Extrême-Nord au climat de la forêt équatoriale guinéenne au Sud, avec de fortes hétérogénéités climatiques locales dues à d'énormes variations d'altitude (0 à 4100 m au-dessus du niveau de la mer sur le mont Cameroun). Ces unités climatiques sont regroupées en quatre principaux domaines climatiques comme le montre la figure 16 (Suchel, 1972; Letouzey, 1985; Olivry, 1986; Sighomnou, 2004; Djoufack, 2011; MINEP, 2015) :

- le domaine équatorial camerounien dont la pluviométrie varie de 2000 mm à 10000 mm au niveau du Mont Cameroun. Dans les régions côtières, la température moyenne annuelle est de 26°C et l'amplitude thermique annuelle de 2,8°C. Dans les régions d'altitude, la température moyenne annuelle tombe à 21°C et l'amplitude thermique à 2,2°C ;

- le domaine équatorial guinéen avec en moyenne 1500 à 2000 mm de pluie par an, réparties en quatre saisons : une grande saison sèche de mi-novembre à mi-mars, une petite saison de pluies de mi-mars à fin juin, une petite saison sèche de juillet à août et une grande saison de pluies de septembre à mi-novembre. La température moyenne annuelle est d'environ 25°C et l'amplitude thermique moyenne annuelle de 2,4°C ;

- le domaine soudanien ou tropical humide couvre l'ensemble d'une aire englobant le plateau de l'Adamaoua et les monts Mandara. Les précipitations annuelles varient de 900 à 1500 mm. La saison de pluies dure 8 à 9 mois, avec 6 à 7 mois de pluies intenses. La température moyenne annuelle est de 28°C et l'amplitude thermique de 6,4°C ;

- le domaine soudano-sahélien présente une succession de microclimats allant du climat typiquement sahélien de l'extrême-nord au climat soudanien de nuance humide du bassin de la Bénoué. Les précipitations annuelles varient de 400 à 900 mm et la saison pluvieuse dure 4 à 5 mois de juin à octobre. La température moyenne annuelle atteint 28°C et l'amplitude thermique de 7,7°C.

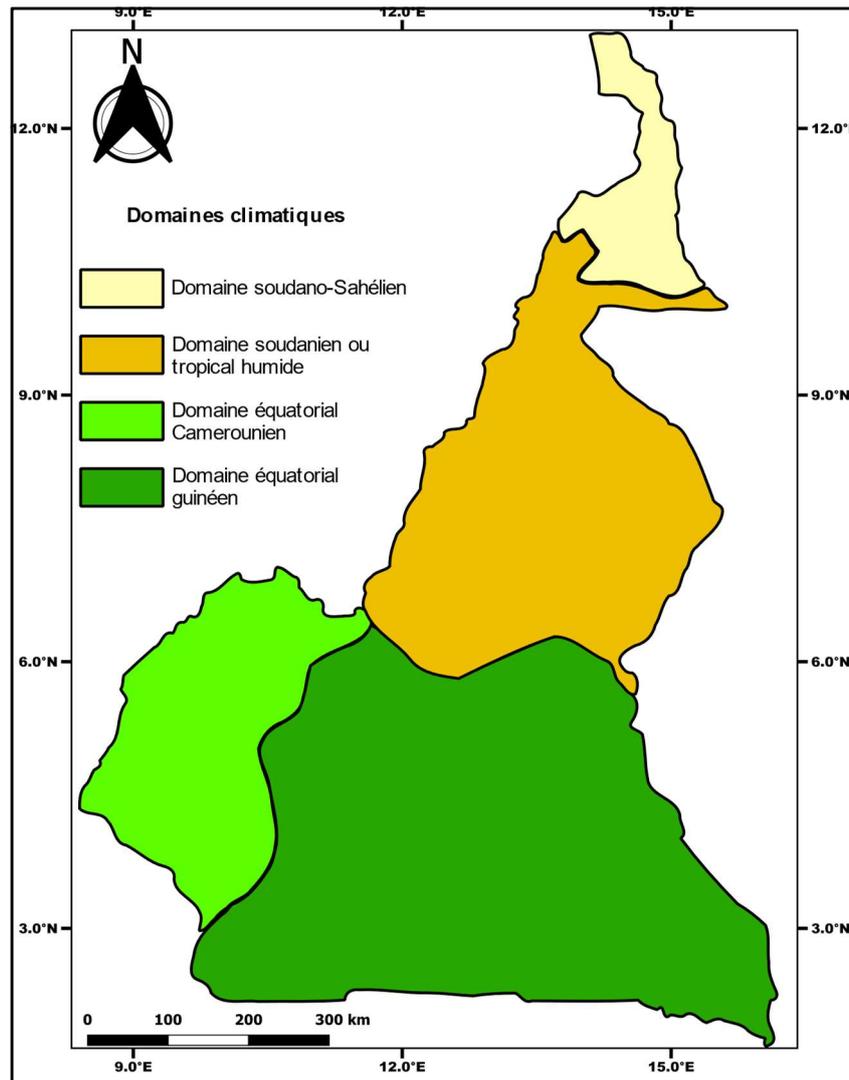


Figure 16 : Principaux domaines climatiques du Cameroun

Source : Olivry (1986).

II.1.1.1.2. Végétation

La végétation camerounaise est répartie en forêts denses et humides dans le Sud, des savanes au Centre, des steppes au Nord et des forêts et prairies de montagne (Olivry, 1986). Les zones phytogéographiques s'organisent selon une répartition latitudinale et altitudinale traduisant la zonalité du climat et du régime des précipitations (Figure 17).

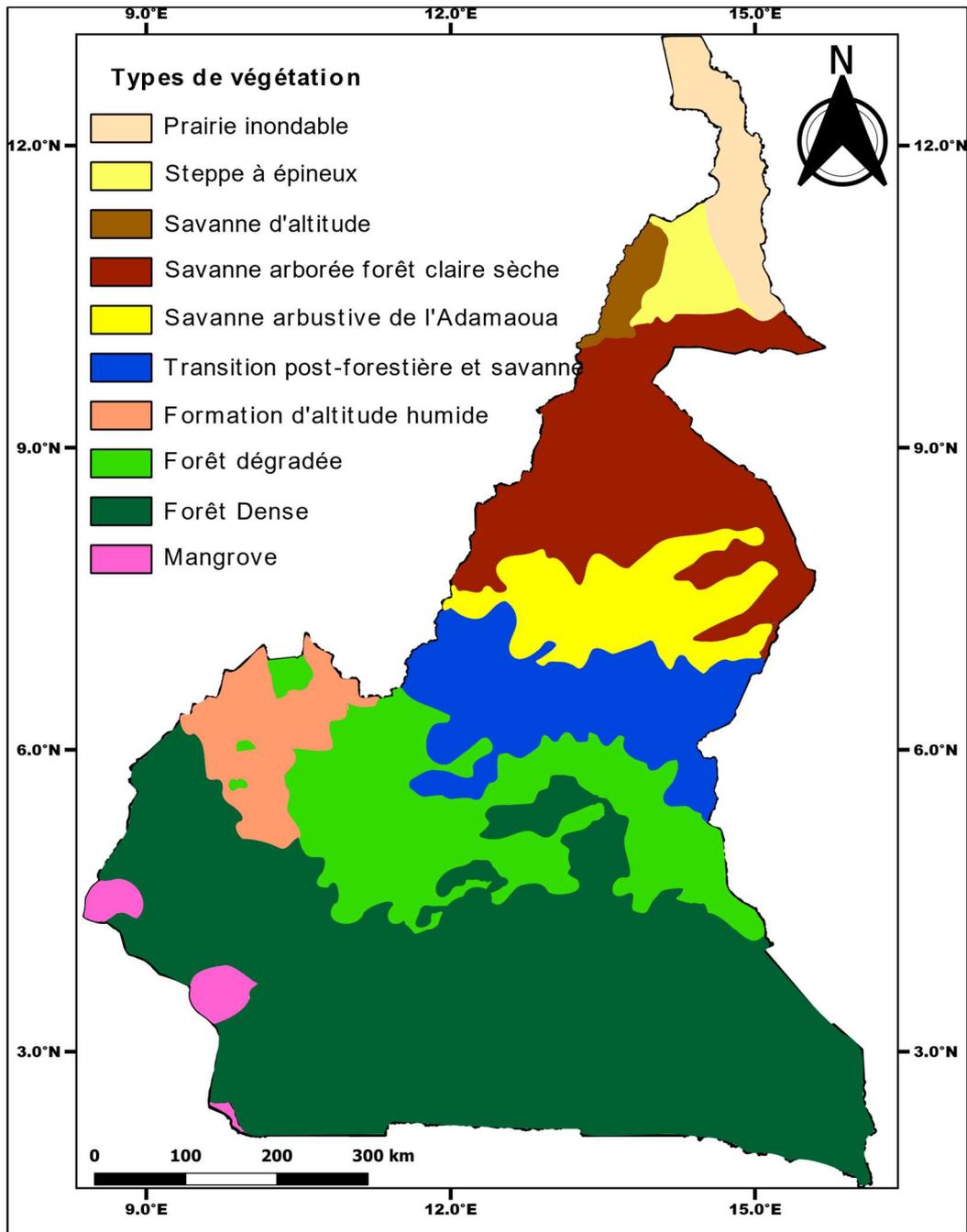


Figure 17 : Types de couvert végétal du Cameroun

Source : Olivry (1986), Santoir et Bopda (1995) modifiée.

II.1.1.2. Sites d'étude

L'échantillonnage des moustiques s'est déroulé à deux échelles spatiales au Cameroun :

- une échelle macro-géographique à travers le pays en suivant les transects Nord-Sud et Est-Ouest qui traversent 28 localités prospectées. Les activités de recherche ont consisté à

actualiser la distribution spatiale et écologique ainsi qu'à évaluer la diversité génétique des vecteurs ;

- une deuxième échelle dite micro-géographique correspondant à la ville de Yaoundé à laquelle nous avons entrepris des collectes en vue d'une caractérisation bio-écologique des populations de vecteurs.

En outre, les adultes de vecteurs ont été collectés dans deux points de la ville de Yaoundé pour évaluer le rôle épidémiologique de ces vecteurs dans la transmission du DENV, CHIKV et ZIKV.

II.1.1.2.1. Description des différentes localités prospectées du Cameroun

Exceptés les articles et/ou documents cités dans certaines descriptions des sites dépendamment des spécificités des informations disponibles, l'essentiel des éléments de description des différentes localités a été tiré des références (Suchel, 1972; Olivry, 1986; BUCREP, 2010).

La ville de **Maroua (10°35'N ; 14°19'E)** est le chef-lieu de la région de l'Extrême-Nord du Cameroun et du département du Diamaré. Sur le plan topographique, elle est dans la plaine du Diamaré, avec son relief réparti en zone de basses terres ou plaines et de hautes terres ou monts. Sa végétation est constituée des steppes épineuses et des prairies périodiquement inondées. Avec ses 1 007 000 habitants, cette ville est occupée par les Guiziga et les Mofus qui pratiquent essentiellement l'agriculture, l'élevage, le commerce et l'artisanat. Elle bénéficie d'un climat de type sahélien sec et chaud, presque semi-désertique. La température moyenne annuelle est de 28,3 C. La moyenne annuelle des précipitations atteint 794 mm³ (Madi *et al.*, 2012).

Garoua (09°16'N ; 13°25'E) est la capitale régionale du Nord avec une population d'environ 400 000 habitants. Elle est située dans la partie septentrionale du pays, au cœur des zones cotonnières. Ville sans grand relief, elle est confrontée à un problème d'étalement urbain peu ou mal maîtrisé. Le climat est de type tropical soudanien avec deux saisons : une longue saison sèche (Octobre à Avril) et une courte saison de pluie (Mai à Septembre). La pluviométrie moyenne annuelle est de 950 mm et la température moyenne annuelle de 28°C. La végétation est de type savane à hautes herbes avec des clairsemés. Elle renforce de nombreuses forêt-reliques et forêts galeries.

Ngaoundéré (07°20'N ; 13°39'E) chef-lieu de la région de l'Adamaoua, est une ville située dans les hautes terres de la Guinée savannicole, dans les zones de moyenne à haute altitude du Cameroun avec des précipitations annuelles de 1200-1600 mm, une saison des pluies de mars à octobre et une température de 23-25°C d'environ 200 000 habitants. Cette région est une importante zone de production bovine du pays et un important fournisseur de bovins de boucherie pour les zones du sud. Les communautés sont principalement des pasteurs et des agropasteurs et pratiquent surtout les systèmes traditionnels d'élevage. Les activités socio-économiques, politiques, culturelles et religieuses des communautés dépendent de la production agricole et de l'élevage de bovins, d'ovins, de caprins, de porcins et de volailles (Awah-Ndukum *et al.*, 2018).

Mbé (07°50'N ; 13°36'E) située sur l'axe Ngaoundéré-Garoua à 70 km de Ngaoundéré se trouve dans le département de la Vina avec une population d'environ 25 000 habitants. Le climat est humide de type soudano-guinéen, avec une distribution unimodale des précipitations. Les précipitations annuelles moyennes sont de 1400 mm. La saison des pluies s'étend de juillet à septembre, avec des quantités maximales en août. La saison sèche s'étend de novembre à mars. La température annuelle moyenne est de 22°C. La population de Mbé est d'environ 13500 habitants dont plus 50 % sont des agriculteurs. Cette population est cosmopolite avec comme tribu dominante les Dii qui, avec les Mboum, constituent les indigènes.

Meïganga (06°32'N ; 14°19'E) est située sur l'axe Garoua-Boulaï-Ngaoundéré, et limitée au nord-est par les arrondissements de Nyambaka, de Bélel et de Djohong, à l'est par l'arrondissement de Ngaoui et la RCA, au sud-est par l'arrondissement de Garoua-Boulaï et à l'ouest par l'arrondissement de Dir. Sa population était de 88 745 habitants en 2005 et répartie dans 59 villages sur une superficie de 7000 Km². Son climat est tropical humide d'altitude, avec une pluviométrie moyenne annuelle de 1600 mm et une température moyenne annuelle de 22°C.

Située dans la région de l'Adamaoua, la commune de **Tibati (6°28'N ; 12°38'E)**, chef-lieu du département du Djérem est limitée au nord, par les arrondissements de Galim-Tignère et de Tignère du département de Faro et Déo, et de Martap du département de la Vina. La population est estimée à 108 502 habitants, avec une domination des ethnies Haoussa et Peul, à côté desquels il y a les Mboum, Gbaya, Babouté, Tikar, Bororo, et quelques autres ethnies allogènes. À Tibati, la saison pluvieuse est chaude, lourde et couverte, la saison sèche est très chaude et partiellement nuageuse. Au cours de l'année, la température varie généralement de 12°C à 33°C mais est rarement inférieure à 10°C ou supérieure à 37°C.

Mayo-Darlé (6°28'N ; 11°33'E) est une communauté située dans le département de Mayo-Banyo, dans la région de l'Adamawa. Son nom provient de la rivière principale « Mayo-Darlé » qui traverse la ville. Cette communauté est bordée au nord par le village de Nyawa, au sud par Mayo-Njinga, à l'est par Bambol, et à l'ouest par les monts Mambilas. Avec une superficie totale de 1920 km² et une population de 23137 habitants en 2015, elle est caractérisée par un climat soudano-guinéen composé de deux saisons (sèche et pluvieuse). Sur le plan socio-économique, l'arrondissement de Mayo-Darlé a une économie très diversifiée qui va d'une économie de subsistance caractérisée par des activités agro-pastorales à l'économie en développement relativement commerciale. Les activités les plus pratiquées par les populations sont l'agriculture, l'élevage, l'apiculture, le petit commerce, et l'artisanat (Essapo et Eked, 2020).

Chef-lieu du département du Mayo-Banyo, la ville de **Banyo (6°44'N; 11°48'E)** est une localité dans la région de l'Adamaoua au Cameroun. Son territoire s'étend, de Bankim vers le Sud à Sambolabo au Nord, sur une superficie d'environ 48 000 km². Son altitude moyenne est de 1200 m, la moyenne de température est de 20,5°C avec les maximums de 31,6°C en février et les minimums de 18,2°C en Avril. La pluviométrie annuelle est de 1870 mm ; la saison sèche est beaucoup moins sévère que dans le Nord et les pluies sont régulièrement réparties d'Avril à Octobre avec un maximum en septembre. La végétation est une forêt sèche qui subsiste sous forme de galeries forestières le long des cours d'eaux. Son climat et sa végétation sont similaires à la région de l'Adamoua. Banyo compte environ 93 880 habitants selon les statistiques de 2012, qui pratiquent essentiellement l'élevage et l'agriculture (Hurault, 1969).

La localité de **Bankim (6°04'N ; 11°29'E)** est située dans le département de Mayo-Banyo, région de l'Adamaoua. Le district est situé dans la vallée de la rivière Mape, où un barrage a été construit pour produire de l'énergie hydroélectrique il y a plus de 25 ans. Au cours des deux dernières décennies, l'augmentation de l'irrigation a permis la culture du riz. Les habitants de la région s'adonnent également à la culture du maïs, du manioc et des arachides ainsi qu'à diverses formes de chasse et de pêche. Une grande partie de l'agriculture se fait sur des parcelles de terre située à une certaine distance des villages pendant les mois de janvier à mai. Les mouvements de populations entre les localités voisines du Nigeria sont à la fois fluides et saisonniers, généralement de novembre à Avril, et sont faites principalement à la recherche du travail ou d'approvisionnement (Awah *et al.*, 2018).

Garoua-Boulaï (05°50'N ; 14°28'E), ville frontière entre le Cameroun et la République Centrafricaine, est située dans la région de l'Est, département du Lom-et-Djérem. Sa population

est estimée à environ 47 000 habitants. Cette ville est située sur la zone de transition forêt-savane. Son climat est de type tropical caractérisé par une grande saison de pluie d'avril à octobre avec un maximum en août, et une petite saison sèche de novembre à mars. La pluviométrie moyenne annuelle de 1 600 mm et une température moyenne annuelle de 24°C. Les activités principales sont l'agriculture, l'élevage, l'exploitation minière, la pêche, l'apiculture et le commerce (Mebanga *et al.*, 2020).

Bertoua (04°33'N ; 13°46'E) est la capitale régionale de l'Est et le chef-lieu du département du Lom-et-Djérem. Vaste pénéplaine dont l'altitude varie entre 400 et 900 m, elle est drainée du nord au sud par le cours d'eau dénommé Djadombe. Son climat est de type équatorial à quatre saisons : une grande saison sèche qui va de décembre à mi-mars ; une petite saison de pluies de mi-mars à mi-juillet, une petite saison sèche qui va de mi-juillet à mi-août et une grande saison de pluies de mi-septembre à novembre. La température y est élevée tout au long de l'année, avec un maximum de 30°C et une moyenne qui oscille entre 23 et 25°C. Les précipitations y sont relativement abondantes, soit 1500 à 2000 mm de pluies par an. Sa population est estimée à environ 710 000 habitants.

Abong-Mbang (04°00'N ; 13°19'E), chef-lieu du département du Haut-Nyong, située à 114 km de la ville de Bertoua dans la région de l'Est, a une population d'environ 31 481 habitants dominée par les Maka et les Baka (Kontchou *et al.*, 2012). Son climat est de type subéquatorial guinéen caractérisé par deux saisons sèches et deux saisons de pluies, avec une pluviométrie moyenne annuelle de 1 600 mm et une température moyenne annuelle de 24°C et une forte humidité atmosphérique toute l'année. L'hydrographie est dominée par un fleuve principal qu'est le Nyong, qui est le déversoir de nombreuses rivières.

Foumban (5°43'N ; 10°55'E) est une commune, chef-lieu du département du Noun dans la région de l'Ouest au Cameroun. Considérée par les camerounais comme la Cité des arts, Foumban est la capitale historique du royaume Bamoun. La ville est située dans le bassin versant de la rivière Nchi et sur la route nationale n°6 à 360 km au nord de la capitale Yaoundé et à 70 km au nord-est du chef-lieu régional Bafoussam. La population est estimée à 83 522 habitants avec comme activité principale, l'agriculture.

Bafoussam (05°29'N ; 10°26'E) est le chef-lieu de la région de l'Ouest avec une population estimée à 300 000 habitants répartie sur une superficie de 91 km², soit 18 km² pour la zone urbaine et 73 km² pour la zone rurale. Le climat est également de type équatorial de mousson avec un faciès montagneux, une pluviométrie moyenne annuelle de 1 800 mm et une température moyenne annuelle de 25°C.

Bafang (5°09'N ; 10°10'E) est une ville du Cameroun située dans la région de l'Ouest, chef-lieu du département du Haut-Nkam ; elle couvre une superficie d'environ 80 Km². Le centre-ville s'étend sur un fond de vallée entouré de collines et de montagnes, et est arrosé par plusieurs cours d'eau dont le principal est la Mouankeu, affluent du Matchingo, dans le bassin versant du Nkam. Sa population est estimée à environ 42 847 habitants. Cette ville est dotée d'un climat tropical de type équatorial, avec une température annuelle moyenne de 19°C et des précipitations d'environ 2 085 mm par an.

Douala (04°02'N ; 09°41'E), capitale économique du Cameroun, est située sur les berges du fleuve Wouri. C'est la ville la plus peuplée avec une population estimée à plus de 4 millions d'habitants. Cette ville littorale et sans pente marquée, appartient au domaine équatorial. Elle est confrontée à de gros problèmes d'engorgement des eaux aggravés par l'étalement urbain et par l'urbanisation anarchique, qui ne lui permettent pas d'asseoir correctement son extension. Elle est également l'une des portes d'entrée au Cameroun car dispose le plus grand port fonctionnel du pays. Le climat est de type équatorial de mousson avec une très forte pluviométrie. La précipitation moyenne annuelle est de 4 000 mm et la température moyenne annuelle de 26,5°C. La saison pluvieuse s'étend de mars à novembre.

Melong (5°07'N ; 9°57'E) est une commune du Cameroun située dans le département du Mounjo et dans la région du Littoral. C'est le chef-lieu de l'arrondissement qui porte son nom. Cette ville s'étend sur une superficie d'environ 497 km². La commune est cosmopolite avec 40 villages ; elle est située entre Nkongsamba et Bafang. Lors du recensement de 2005, cette commune comptait 54 279 habitants. Son climat est de type équatorial guinéen. Malgré les perturbations climatiques récentes, les pluies sont abondantes et réparties sur presque toute l'année. Les températures sont basses et peuvent descendre jusqu'à 10°C au sommet des montagnes, avec une amplitude thermique relativement faible.

Située sur la route nationale n°3 à 61 km au sud-est du chef-lieu régional Douala, la ville d'**Edéa (3°48'N ; 10°08'E)** est un des rares points de passage permettant le franchissement de la Sanaga entre Douala et Yaoundé. Aux alentours de cette cité, se trouvent de nombreuses fermes de cultures bananières, de palmiers ou de cacaoyers. La saison pluvieuse est couverte, la saison sèche est nuageuse et le climat est très chaud et oppressant tout au long de l'année. Au cours de l'année, la température varie généralement de 23°C à 32°C et est rarement inférieure à 22°C ou supérieure à 34°C.

Bués (04°09'N ; 09°13'E) est le chef-lieu de la région du Sud-Ouest. C'est l'une des deux régions anglophones du Cameroun, avec une population d'environ 50 000 habitants. Cette

ville se trouve à 72 km environ de Douala et à une trentaine de km de Limbé. Elle est située sur le versant oriental du Mont Cameroun, où se trouve un volcan dont la dernière éruption remonte à 2000. Le climat est de type équatorial de mousson avec une pluviométrie moyenne de 2 900 mm et une température annuelle de 21°C.

Limbé (4°00'N ; 9°13'N), jadis **Victoria** de 1857 à 1982, est une ville côtière baignée par le golfe du Biafra, fondée en 1857 sur le flanc sud du mont Cameroun, elle se présente comme une station balnéaire très prisée. Chef-lieu du département du Fako, elle compte environ 118 210 habitants. La température moyenne annuelle est de 21,6°C. Son climat se caractérise par des précipitations très abondantes, avec parfois plus de 20 jours de pluies par mois.

La ville de **Kumba**, située dans la plaine intérieure de Kumba-Lobé au pied des monts Rumpi, est desservie par la route nationale n°8 à 75 km au nord du chef-lieu régional Buéa. Elle constitue la plus grande ville du département de la Mémé et de la région du Sud-Ouest du Cameroun. Drainée par la rivière Kumba affluent du Moungo, elle se trouve à proximité de trois principaux lacs : le fameux lac Barombi Mbo qui est le plus grand lac volcanique du Cameroun et un réel centre d'attraction, le lac Kumba et le lac Mbanga localement appelé le Mabonjise. Kumba partage ses frontières avec le Nigeria proche de Mamfé, le parc national Korup et le mont Koupé à l'est. Le fleuve Mémé draine le sud des monts Rumpi et constitue la limite occidentale de la communauté urbaine. Kumba est dotée d'un climat tropical humide, avec une température annuelle moyenne de 25,5 °C et des précipitations d'environ 2 751 mm par an. La saison sèche est courte et peu marquée.

Bamenda (05°58'N ; 10°13'E), chef-lieu de la région du Nord-Ouest, et deuxième région anglophone du Cameroun, est une ville d'environ 320 000 habitants. Son climat est de type équatorial de mousson avec un faciès montagneux. La pluviométrie moyenne annuelle est de 2 600 mm et la température moyenne annuelle de 19,4°C.

Bafia (04°44'N ; 11°11'E) est le chef-lieu du département du Mbam et Inoubou située à 70 Km de Yaoundé sur l'axe Bafoussam-Yaoundé, avec une population estimée à 58 000 habitants. Son climat est similaire à celui de Yaoundé.

Limitée au nord et à l'Est par l'arrondissement de la Mefou et afamba, au Sud par celui de Nkolmetet et à l'Ouest par l'arrondissement de Ngoumou, la ville de **Mbalmayo (3°29'N ; 11°29'E)** s'étend sur les rives nord et sud du fleuve Nyong. Elle couvre une superficie d'environ 7 Km². Cette ville présente un relief à l'aspect collinaire relativement aéré ; les collines aux sommets arrondis ne dépassent pas souvent 520 m d'altitude. Quant aux talwegs, ils sont peu

encaissés et relativement larges (atteignant parfois 400 m autour des cours d'eau principaux). Les versants de collines présentent généralement des pentes peu abruptes. Sur l'année, la température moyenne est de 26,5°C et les précipitations sont en moyenne de 2402,8 mm (Mevoa *et al.*, 2015).

La ville d'**Akonolinga (3°48'N ; 12°15'E)**, à une altitude de 670 m, dans la région du Centre, département du Nyong-et-Foumou à 110 km de Yaoundé, est située dans une zone forestière où l'agriculture de subsistance est la principale activité avec une population de 105 789 habitants en 2015. Elle bénéficie d'un climat subtropical avec deux saisons des pluies et deux saisons sèches par an.

La ville d'**Ebolowa (2°54'N, 11°09'E)**, chef-lieu du Département de la Mvila et de la région du Sud, située au cœur de la forêt équatoriale, est reliée à Yaoundé par un axe routier bitumé de 168 Km. La ville d'Ebolowa couvre une superficie de 560 ha. Elle est limitée au Nord et Nord-Est par les villages Ngoa-Ekélé (arrondissement de Biwong-Bane) et Nkan (arrondissement de Mengong), au Sud, après Ekoumdoum à la limite avec le département de la Vallée du Ntem, à l'Est, par la limite de l'Arrondissement d'Ebolowa et à l'Ouest, par les rivières Mvila et Amvam. Bien que cosmopolite, elle est essentiellement peuplée par les Bulu, et compte 120 000 habitants répartis sur 24 quartiers qui la composent (EFA, 2020). La végétation autour de la ville est constituée par une forêt équatoriale qui est dégradée par les activités agricoles. Le climat est de type équatorial guinéen caractérisé par deux saisons de pluies (août-octobre et avril-juin) et deux saisons sèches (novembre-avril et juin-juillet). La moyenne annuelle des précipitations est de 2000 mm, alors que la température annuelle moyenne est de 25°C, et l'humidité moyenne annuelle de 95%.

La ville de **Sangmélima (2°56'N ; 11°58'E)**, est le chef-lieu du département du Dja-et-Lobo dans la région du Sud. Elle se trouve sur le plateau sud-camerounais, à 711 m d'altitude, à 170 km au sud de Yaoundé, à 120 km à l'est d'Ebolowa, et à 130 km de la frontière gabonaise ; la ligne de l'équateur terrestre se trouve à environ 330 km au sud de cette ville. Drainée par la rivière Lobo (ou Lobo Afamba), affluent du Dja, elle se situe dans le vaste bassin versant du fleuve Congo. La So'o, un autre affluent du Nyong, parcourt le territoire communal. Lors du recensement de 2005, la commune comptait 82 513 habitants. Sur l'année, la température moyenne à Sangmélima est de 24,4°C et les précipitations, en moyenne de 865,8 mm.

La ville de **Kribi (2°57'N ; 9°55'E)** est le deuxième pôle économique du Cameroun et par conséquent en plein essor. C'est une ville balnéaire avec une population cosmopolite d'environ 104 000 habitants. Kribi est située au bord du Golfe de Guinée, au sud du Cameroun,

dans le département de l'Océan dont elle est le chef-lieu, à l'embouchure des rivières Kienké et Lobé. Du fait de sa position équatoriale, Kribi possède une courte saison assez sèche et une longue saison très humide. La température moyenne maximale est de 32°C et la température moyenne minimale de 25°C. Le mois de septembre est le plus pluvieux avec 483 mm de pluies. A l'origine, Kribi était habitée par les Pygmées de la tribu des Bagyeli, puis par les Batanga et les Mabi qui sont les plus représentés aujourd'hui (Mbevo Fendoung *et al.*, 2022).

II.1.1.2.2. Localité d'étude de Yaoundé

Yaoundé, capitale du Cameroun, est situé entre les latitudes 3°47' et 3°51'N et les longitudes 11°10' et 11°45'E. C'est l'une des villes les plus urbanisées du pays qui, en 2019, avait environ 18000 ha de zones urbanisées que partagent sept arrondissements (MobiliseYourCity, 2019). La ville est située à une altitude entre 700 et 800 m au-dessus du niveau de la mer ; son environnement est caractérisé par de douces chaînes de collines, de nombreuses vallées et zones humides, et les vestiges de la forêt qui entoure ces zones sont rapidement détruits. Son climat est subéquatorial guinéen (précipitations annuelles moyennes de 1600 mm et une température de 25°C) avec deux saisons des pluies distinctes, la première s'étendant de mi-mars à juin et la seconde de septembre à mi-novembre (Letouzey, 1985). Cette agglomération se compose de nombreuses structures administratives et commerciales discrètement réparties dans la ville. De 2000 à 2017, la population de Yaoundé a considérablement augmenté, atteignant 3,2 millions d'habitants ; soit un taux de croissance de 3,4% en 2018. Cette croissance rapide a entraîné une augmentation du besoin d'espace et d'habitats se traduisant par une forte extension des maisons dans les banlieues de la ville, ses quartiers périphériques étant majoritairement peuplés de vagues d'arrivées récentes (BUCREP, 2010; Anguh Nkwemoh *et al.*, 2017; MobiliseYourCity, 2019).

II.1.1.2.3. Site d'étude du Jardin Zoo-Botanique de Mvog-Betsi

Le **Jardin Zoo-Botanique de Mvog-Betsi (JZBM) (3°51'N ; 11°29'E)** est une aire protégée créée en 1951 qui permet de mettre les animaux en quarantaine et de les préparer soit pour leur déportation, soit pour leur réintroduction dans leur milieu naturel. Il est limité au Nord par le complexe avicole de Mvog-Betsi, au Sud par la rue Ombwa Bissogo, à l'Est par le marché Mvog-Betsi, et à l'Ouest par le centre de santé du quartier. Il couvre une superficie de 2,0647 ha ; 3 classes d'animaux vivant dans des enclos y sont représentées par plusieurs espèces

chacune : la classe des Mammifères (le lion, le potamochère, le Céphalope bleu, les primates non-humains), la classe des Oiseaux (la pintade, le perroquet gris d’Afrique, l’aigle bateleur, le Macaco), la classe des Reptiles (le crocodile du Nil, le crocodile Nain, la tortue sillonnée, la vipère du Gabon, le python d’Afrique, le cobra). Parmi les mammifères, les primates sont les plus représentés avec plus de 77 individus. La liste détaillée des espèces est présentée en Annexe 1. Parallèlement, le JZBM possède une flore diversifiée avec près de 20 familles et 24 espèces réparties sur son espace non loti, parmi lesquelles certaines espèces fruitières sont utilisées pour nourrir les animaux (Ebog, 2019). La présence de la végétation et des gîtes larvaires naturels (creux d’arbres) et artificiels (abreuvoirs) offre un site de développement et de repos favorable aux différentes espèces de moustiques. Avec environ une trentaine d’employés, le jardin reçoit en moyenne 64000 visiteurs par an (Ebog, 2019) qui, avec la présence des vertébrés, représentent une large variété et quantité d’hôtes pour les repas de sang des moustiques.

II.1.1.2.4. Site d’étude de Mokolo Elobi

Étalée sur une superficie d’environ 1 ha, **Mokolo Elobi (3°52’N ; 11°30’E)** est située dans l’arrondissement de Yaoundé II, à proximité des quartiers Mokolo, Tsinga et Ekoudou fortement anthropisés. Cette partie du site est dite semi-industrialisée du fait de la présence des petites et moyennes entreprises. Une partie est inondée en saison des pluies par les cours d’eau Abiegueu et Ekozoa, ce qui donne l’occasion aux populations environnantes de pratiquer l’agriculture maraîchère. Du fait de la présence du marché dont l’afflux de personnes est de plus de 3000 personnes chaque jour, le site représente un lieu de développement favorable à cause de la présence des hôtes humains et des abris en cas de conditions météorologiques défavorables (Oben et Ndi, 2014; Nguelieu, 2017).

II.1.2. Matériel utilisé

Le matériel biologique utilisé a été constitué les moustiques des espèces *Aedes albopictus* et *Aedes aegypti* et du sang des hôtes vertébrés ingéré par les moustiques. Le matériel non biologique est présenté dans la présentation de la méthodologie développée.

II.2. MÉTHODES

II.2.1. Clairance éthique

Cette étude a reçu l'autorisation du Comité National Ethique pour la Recherche en Santé Humaines (CNERSH) qui a délivré une clairance éthique N°2017/05/911/CE/CNERSH/SP (Annexe 2).

II.2.2. Évaluation de la distribution d'*Aedes albopictus* et *Aedes aegypti* à l'échelle du Cameroun et de leur degré de colonisation dans la ville de Yaoundé

II.2.2.1. Évaluation de la distribution d'*Aedes albopictus* et *Aedes aegypti* à l'échelle du Cameroun

➤ Protocole d'enquête et procédure expérimentale

Les stades immatures d'*Aedes* spp. ont été échantillonnés dans 28 localités représentant les grandes zones bio-climatiques du Cameroun, suivant des transects Nord-Sud et Est-Ouest (Figure 18). Ces collectes ont été réalisées de mi-mars à août 2017. Cette période de collecte correspondait à la saison de pluies dans la plupart des localités prospectées, saison à laquelle les densités de moustiques du genre *Aedes* sont optimales (Carnevale et Robert, 2009).

Dans la plupart des localités situées en-dessous de 6,4° latitude Nord, où *Ae. aegypti* et *Ae. albopictus* ont été détectés précédemment (Simard *et al.*, 2005; Kamgang MBouhom *et al.*, 2010), les collectes ont été effectuées à la fois dans le centre-ville (environnement urbain) et à la périphérie (environnement péri-urbain) sur la base sur les résultats des travaux antérieurs, qui avaient montré qu'*Ae. aegypti* est prédominante dans les quartiers centraux à forte densité de bâti et *Ae. albopictus*, dans les quartiers périphériques environnés de végétation (Kamgang MBouhom *et al.*, 2013; Kamgang MBouhom *et al.*, 2017). Pour les localités situées au-dessus de 6,4° latitude Nord, les collectes ont été menées à travers les villes. Dans chaque ville sélectionnée, les gîtes potentiels (gîtes contenant de l'eau) ont été inspectés pour rechercher des stades immatures d'*Aedes* spp.. Un gîte contenant au moins une larve et/ou nymphe d'*Aedes* était considéré comme positif. Les stades immatures présents ont été collectés à l'aide d'une louche et un bac, puis référencés et transportés à l'insectarium du Centre for Research in Infectious Diseases (CRID) (Figure 19) où ils ont été élevés jusqu'à émergence du stade adulte.

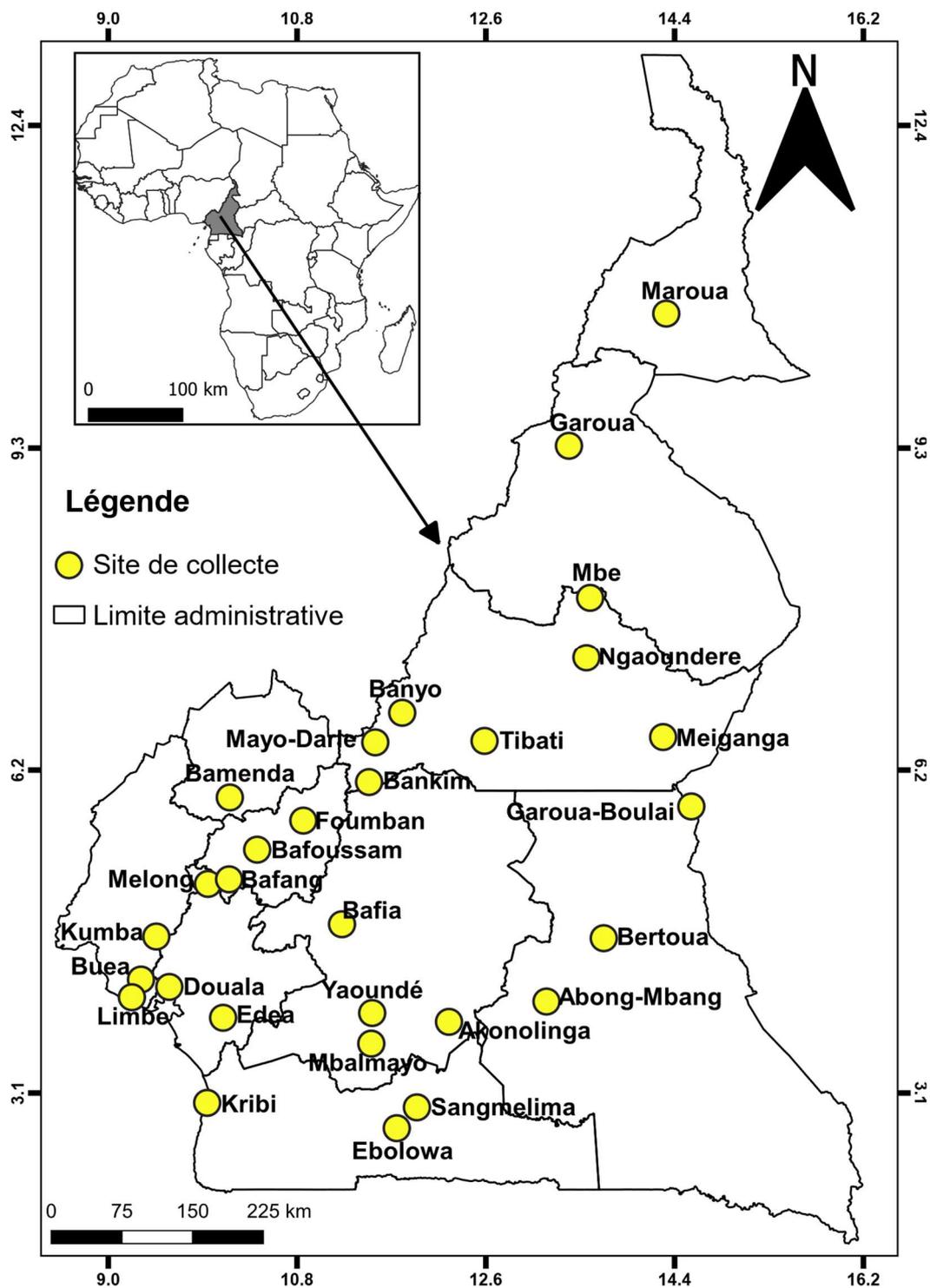


Figure 18 : Sites de collectes des stades immatures d'*Aedes* spp. au Cameroun

Source : Institut National de la Cartographie (INC) modifié



Figure 19 : Échantillonnage des stades immatures d'*Aedes* spp.

a, collecte et b, conservation dans les bouteilles et transport pour l'insectarium.

Les stades adultes ont été identifiés à la loupe binoculaire à partir des critères morphologiques décrits dans les clés d'identification (Edwards, 1941; Gillies et De Meillon, 1968; Jupp, 1996). Les moustiques ainsi identifiés ont été regroupés par espèce, dénombrés, puis référencés et conservés à -20°C en vue des analyses moléculaires.

II.2.2.2 Évaluation du niveau de colonisation et écologie larvaire d'*Aedes albopictus* et *Aedes aegypti* dans la ville de Yaoundé

Le niveau de colonisation de l'espace par les deux espèces, la typologie des gîtes larvaires, et les interactions avec l'environnement sur une échelle micro-géographique ont été évalués dans la ville de Yaoundé.

Une enquête transversale a été réalisée dans la ville de Yaoundé d'avril à mai 2018 pendant la petite saison de pluies. Les enquêtes entomologiques ont été menées suivant un plan d'échantillonnage aléatoire en grappes. Pour ce faire, 28 quartiers ont été tirés au hasard à raison de quatre quartiers par arrondissement. Deux quartiers ont été ajoutés pour l'arrondissement de Yaoundé VII afin d'évaluer la variation d'abondance des deux espèces en fonction du gradient d'urbanisation. Chaque grappe était constituée de 15 maisons par quartier, dont la première était la maison du Chef de quartier ; les autres étaient sélectionnées aléatoirement à partir de cette maison suivant un pas de 100 m (Figure 20).

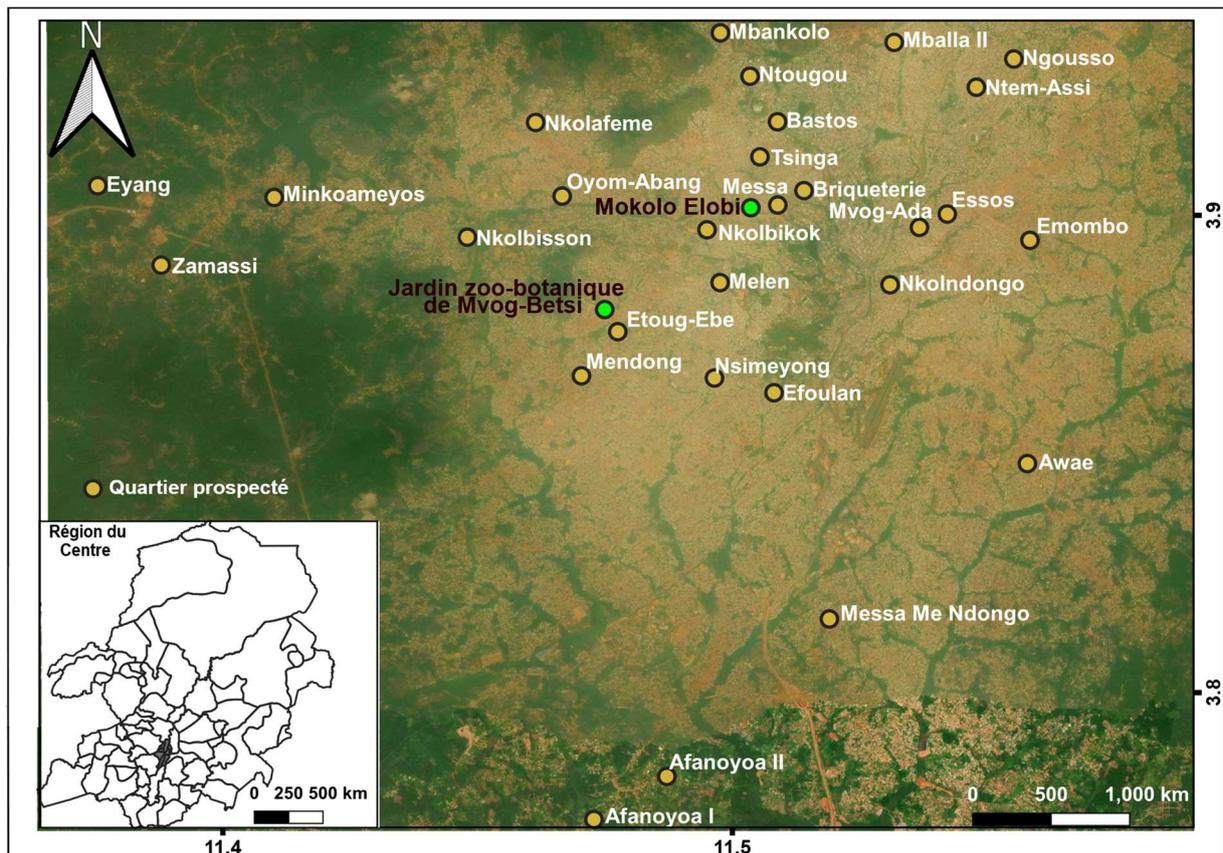


Figure 20 : Sites de collecte des stades immatures et des adultes d'*Aedes* spp. dans la ville de Yaoundé

Source : Environmental System Research Institute (ESRI) et Institut National de la Cartographie (INC)

➤ **Protocole d'enquête et procédure expérimentale**

Chaque maison sélectionnée a été géoréférencée à l'aide d'un GPS de marque GARMIN et prospectée pour la recherche exhaustive des potentiels gîtes naturels et artificiels contenant de l'eau. Le nombre d'habitants par maison a été enregistré. Les gîtes potentiels ont été inspectés et ceux où les stades immatures d'*Aedes* étaient retrouvés étaient considérés comme gîtes positifs (Figure 21a). Chaque gîte potentiel a été caractérisé par sa nature, sa mobilité, son matériau et sa couleur du gîte, sa distance par rapport au bâtiment le plus proche, à la plante la plus proche et au sol, son volume, le volume d'eau dans le gîte, la source d'eau dans le gîte (pluie, eau du robinet, eau de forage), et la qualité (claire, turbide, polluée) de l'eau du gîte, la présence des débris végétaux à l'intérieur du gîte, la présence de végétation autour du gîte, et l'exposition du gîte au soleil. Les gîtes potentiels ont été classés en trois catégories :

domestiques, péri-domestiques et naturels, en fonction de la nature du gîte et de l'usage de l'eau. Les gîtes domestiques (récipients de stockage) sont ceux créés par l'homme dont l'eau est à usage domestique ; les gîtes péri-domestiques (pneus usés et récipients abandonnés) sont ceux dont l'eau n'est destinée à aucun usage ; les gîtes naturels sont créés par la nature (creux d'arbres, creux de rochers, aisselles de plantes).

Pour chaque gîte positif, les larves et/ou les nymphes ont été collectées et ramenées à l'insectarium du CRID (Figure 21b) ; elles ont ensuite été séparées des prédateurs tels que les larves de *Culex tigripes* et *Toxorynchites* sp.. Pour chaque gîte, les nymphes devant servir à évaluer l'indice nymphal et l'indice nymphal par personne ont été isolées des larves le même jour de collecte ; elles ont été comptées et élevées séparément jusqu'à émergence des adultes. Tous les stades immatures ont été maintenues jusqu'à émergence des adultes (Figure 21c).

Les adultes ont été identifiés à l'aide des clés d'identification morphologique (Edwards, 1941; Jupp, 1996). Le nombre de larves d'*Ae. albopictus* et *Ae. aegypti* a été estimé à partir de la proportion d'adultes émergeant de chaque espèce. Le niveau de colonisation de l'espace par les stades immatures a été établi et analysé.



Figure 21 : Collecte et élevage des stades immatures d'*Aedes*

a, collecte des stades immatures d'*Aedes* spp. ; b, conservation des larves et nymphes ; c, adultes dans les cages.

II.2.3. Détermination du rôle épidémiologique des populations d'*Aedes albopictus* et *Aedes aegypti* dans la transmission des virus de la dengue, du chikungunya et du Zika

II.2.3.1. Echantillonnage des *Aedes* adultes

Les moustiques adultes ont été collectés au Jardin Zoo-Botanique de Mvog-Betsi et au quartier Mokolo-Elobi grâce à un aspirateur CDC (Centre for Diseases Control and Prevention) Back-pack et au piège BG (BioGents)-sentinel (Figure 22) (Hock, 2016).

Le piège BG-sentinel (Figure 22a) est constitué d'une boîte sur laquelle est attaché un filet moustiquaire, d'un ventilateur qui retient les moustiques dans le filet et d'une lure (mélange d'acide lactique, d'acide hexanoïque, et d'hydrogénocarbonate d'ammonium) qui imite l'odeur corporelle de l'homme. Le piège est placé à un endroit tempéré où les femelles de moustiques viendraient se reposer. Lorsqu'il est sous-alimentation (batterie 12 volts, 7 ampères), le ventilateur propage l'odeur de la lure qui attire les moustiques qui seront piégés dans le filet attaché à la boîte (Biogents, 2017).

L'aspirateur Back-pack (Figure 22b) permet de capturer les moustiques en vol et ceux gorgés, au repos, tapis dans la végétation. Il est constitué d'un ventilateur qui, sous-alimentation (batterie 12 volts, 17 ampères), produit un courant d'air dirigé vers le tube ; les moustiques à proximité du courant d'air sont entraînés et piégés dans une boîte placée à l'entrée du tuyau d'aspiration (Hock, 2016).

Les adultes collectés ont été ramenés à l'insectarium, assommés à -20°C, et identifiés grâce aux clés d'identification (Edwards, 1941; Jupp, 1996). Toutes les femelles d'*Aedes* spp. ont été groupées par statut (femelles gorgées et femelles non-gorgées), par pool de 30 individus au maximum, et conservées à -80°C dans des tubes Eppendorf 1,5 mL contenant du RNAlater (substance qui empêche la dégradation de toute structure d'ARN présente chez le moustique) (LifeTechnologies, 2011).



Figure 22: Collecte des stades adultes d'*Aedes*

a, piège BG-sentinel ; b, aspirateur back-pack.

II.2.3.2. Détection des infections naturelles des populations d'*Aedes albopictus* et *Aedes aegypti* par les virus dengue, chikungunya et Zika,

II.2.3.2.1. Extraction de l'ARN viral

L'ARN viral potentiellement présent chez un moustique a été extrait sur colonne à l'aide du kit d'extraction Qiagen (mini kit QIAamp-Viral RNA, Qiagen). Brièvement, des pools de moustiques de 30 individus femelles maximum par espèce ont été broyés en utilisant comme tampon de broyage le milieu de culture Leibovitz L-15. Le broyat obtenu a été centrifugé (15 min à 15500 rpm : révolutions par minute du rotor. Le surnageant a été transféré dans un nouveau tube et le tampon a été ajouté pour lyser davantage les cellules et assurer un isolement maximal de tout ARN viral présent. Ce tampon inactive également les RNases (destructeurs des structures d'ARN) potentiellement présentes. La solution obtenue a été ensuite déposée sur une colonne membranaire qui va retenir l'ARN. Deux tampons de lavage sont successivement ajoutés pour décontaminer l'ARN qui sera élué dans un tube Eppendorf 1,5 mL et conservé à -80°C pour la RT-PCR.

II.2.3.2.2. Détection des différents virus par PCR quantitative en temps réel (RT-PCR)

L'ARN extrait a été utilisé pour synthétiser l'ADN complémentaire (ADNc). La composition du mélange réactionnel et les conditions de la PCR sont présentées dans le tableau II.

Les gènes de la région transcrite mais non traduite 5' (UTR) pour les virus de la dengue et du Zika et la protéine de l'enveloppe E1 pour le virus du chikungunya, ont été amplifiés par PCR quantitative en temps réel (RT-PCR) à partir de l'ADNc. Cette PCR permet de visualiser en temps réel la synthèse des fragments d'ADN grâce aux molécules fluorescentes qui se fixent sur les brins d'ADN utilisés. La fluorescence de l'échantillon augmente donc proportionnellement au nombre de molécules d'ADN présentes. Les séquences des amorces et des sondes utilisées sont présentées dans le tableau III. La préparation du mélange réactionnel ainsi que le programme d'amplification sont présentés dans le tableau IV. Pour le virus de la dengue, on teste d'abord la dengue totale sur tous les échantillons et seuls ceux qui sont positifs ont été traités par la suite pour identifier le sérotype. Les contrôles positifs des différents virus ont été fournis par le Centre Pasteur de Bangui.

Tableau II : Composition du milieu réactionnel et programme d'amplification pour la synthèse de l'ADNc

| Réactifs | Concentration initiale | Concentration finale | Volume par tube en μL |
|--------------------------------------|------------------------|----------------------|----------------------------------|
| Tampon transcriptase inverse 10X | 10X | 1X | 5 |
| dNTPs (A, C, G, T) | 100 mM | 4 mM | 2 |
| Amorces d'hexamères aléatoires | 10X | 1X | 5 |
| Enzyme transcriptase inverse | 5U/ μL | 0,25 U | 2,5 |
| Eau (H_2O) stérile | - | - | 10,5 |

| | | | |
|-------|--------------|---|----|
| ARN | ARN dilué au | - | 25 |
| | 1/60 | | |
| Total | - | - | 50 |

| Programme d'amplification | Température | Temps | Nombre de cycles |
|---------------------------|-------------|--------|------------------|
| | 25°C | 10 min | 1 |
| | 37°C | 60 min | 1 |

dNTPs, désoxyribonucléosides triphosphates (A, adénine ; C, cytosine ; G, guanine ; T, Thymine) ; ARN, acide ribonucléique ; μ L, microlitres ; mM, millimolaire ; °C, degrés Celsius ; min, minute ; -, ne s'applique pas.

Tableau III : Séquences des amorces et des sondes des virus dengue, chikungunya et Zika

| Amorces | Séquences (5'-3') | Références |
|-----------------|---------------------------------------|---------------------------------------|
| ZIKV-sens | nt9271-AARTACACATACCARAACAAAgTggT9297 | (Lanciotti <i>et al.</i> , 2008) |
| ZIKV-anti-sens | nt9352-TCCRCTCCCYCTYTggTCTTg-9373 | |
| ZIKV-sonde | nt9304-FAM-CTYAgACCAgCTgAAR-BBQ-9320 | |
| CHIKV-sens | AAGCTYCGCGTCCTTTACCAAG | (Pastorino <i>et al.</i> , 2005) |
| CHIKV-anti-sens | CCAAATTGTCCYGGTCTTCCT | |
| CHIKV-sonde | FAM-CCAATGTCYTCMGCCTGGACACCTTT-TAMRA | |
| DENV-sens | AGGACYAGAGGTTAGAGGAGA | (Leparc-Goffart <i>et al.</i> , 2009) |
| DENV-anti-sens | CGYTCTGTTGCCTGGAWTGAT | |
| DENV-sonde | FAM-ACAGCATATTGACGCTGGGARAGACC-TAMRA | |

Tableau IV : Composition du milieu réactionnel et programme d'amplification des gènes 5'-UTR des virus de la dengue, du Zika et E1 du virus du chikungunya

| Réactifs | Concentration initiale | Concentration finale | Volume par tube en μL |
|--------------------------------------|------------------------|----------------------|----------------------------------|
| Mélange réactionnel PCR 2X* | 2X | 1X | 12,5 |
| Amorce sens | 10 mM | 0,4 mM | 1 |
| Amorce anti-sens | 10 μM | 0,4 μM | 1 |
| Sonde | 10 μM | 0,4 μM | 1 |
| Eau (H_2O) stérile | - | - | 4,5 |
| ADNc | - | - | 5 |
| Total | - | - | 25 |

| Programme d'amplification | Température | Temps | Nombre de cycles |
|---------------------------|-------------|--------|------------------|
| | 50°C | 2 min | 1 |
| | 95°C | 10 min | 1 |
| | 95°C | 15sec | 45 |
| | 60°C | 1 min | |

*, le mélange réactionnel PCR 2X est une solution concentrée de tampon de réaction, de 4 mM de MgCl_2 , de 0,4 mM de dNTPs, d'ADN Taq polymérase (0,05U/ μL) et d'eau stérile ; ADNc, ADN complémentaire ; μL , microlitres ; mM, millimolaire ; °C, degrés Celsius ; min, minute ; sec, secondes ; -, ne s'applique pas.

II.2.3.3. Évaluation de l'origine des repas de sang ingérés par les femelles d'*Aedes albopictus* et *Aedes aegypti*

II.2.3.3.1. Extraction de l'ADN présent dans le reliquat de sang ingéré par le moustique

Pour déterminer l'origine des reliquats des repas de sang ingérés par les moustiques, une extraction d'ADN a été réalisée chez les femelles gorgées des deux espèces. Les abdomens des femelles gorgées ont été séparés du reste du corps à l'aide d'une pince et une lame de bistouri. La tête et le thorax du moustique ont été utilisés pour la détection des infections naturelles aux DENV, CHIKV et ZIKV tel que décrit à la partie II.2.3.2.

L'ADN a été extrait à l'aide du kit Qiagen DNAeasy Blood and Tissue (QIAGEN, 2016). Brièvement, l'abdomen rempli de sang de chaque moustique a été broyé dans un tampon de lyse. Après incubation et ajout de l'éthanol, le mélange a été déposé sur une colonne de membrane qui retient l'ADN. Après deux lavages successifs avec deux tampons qui éliminent les contaminants et les enzymes inhibiteurs, l'ADN est élué dans un tube Eppendorf 1,5 mL et conservé à -20°C.

II.2.3.3.2. Identification de l'origine des repas de sang

Les gènes cytochrome oxydase I (COI) spécifique aux vertébrés, cytochrome oxydase (COXI) spécifique à l'homme et cytochrome b (Cyt-b) spécifique aux mammifères ont été amplifiés en utilisant les amorces spécifiques dont les séquences sont présentées dans le tableau V.

Tableau V : Séquences des amorces COI, COXI et Cyt-b

| Amorces | Séquences (5'-3') | Taille (pb) | Références |
|---------------|------------------------------|-------------|-----------------------------------|
| COI-sens | ACTTCTGGGTGGCCAAAGAATCAGAA | 748 | (Navia-Gine <i>et al.</i> , 2013) |
| COI-anti-sens | TTCTCCAACCACAAAGACATTGGCAC | | |
| Cyt-b-sens | CGAAGCTTGATATGAAAAACCATCGTTG | 772 | |

| | | |
|-----------------|------------------------|-------------------------------|
| Cyt-b-anti-sens | TGTAGTTRTCWGGGTCHCCTA | |
| COXI-sens | TTCGGCGCATGAGCTGGAGTCC | (Parodi <i>et al.</i> , 2002) |
| COX-anti-sens | TATGCGGGGAAACGCCATATCG | 228 |

pb, paire de bases ; COI, cytochrome oxydase I spécifique aux vertébrés ; COXI, cytochrome oxydase I spécifique à l'homme ; Cyt-b, cytochrome oxydase I spécifique aux mammifères.

Le gène COXI a été premièrement amplifié pour tous les échantillons à la taille 228 paires de bases (pb). Les gènes COI et Cyt-b ont par la suite été amplifiés sur tous les échantillons négatifs au COXI aux tailles respectives de 748 et 772 pb. Le milieu réactionnel a été préparé comme indiqué dans le Tableau VI. Le programme d'amplification est présenté dans le même tableau. Seuls les échantillons négatifs au COXI et positifs au COI et/ou au Cyt-b ont été purifiés suivant le protocole ExoSAP-IT (Affymetrix, 2017). Il consiste à mélanger 5 mL d'amplicons à 1 mL d'exonucléase I (EXO) combiné à 1 mL d'alcaline phosphatase (SAP). Le mélange réactionnel est porté à une première incubation à 37°C pendant 10 min, temps durant lequel l'ExoSAP-IT va dégrader les amorces et les nucléotides (dNTPs) en excès dans le milieu, et une deuxième incubation à 80°C pendant 20 min pour inactiver l'exonucléase et l'alcaline phosphatase. Les amplicons purifiés ont été séquencés suivant la méthode de Sanger à la plateforme de génomique de l'Université de Liverpool.

Tableau VI : Composition du milieu réactionnel et programme d'amplification des gènes COI, COXI et Cyt-b.

| Réactifs | Concentration initiale | Concentration finale | Volume en μ L par tube |
|----------------------|------------------------|----------------------|----------------------------|
| Tampon KAPA A* | 10X | 1X | 1,5 |
| MgCL ₂ | 25 mM | 1,25 mM | 0,75 |
| dNTPs** (A, C, G, T) | 10 mM | 0,08 mM | 0,12 |

| | | | |
|--------------------------------------|-----------------------|--------------|-------------------------|
| Amorce sens | 10 μ M | 0,08 μ M | 0,51 |
| Amorce anti-sens | 10 μ M | 0,08 μ M | 0,51 |
| Enzyme KAPA Taq ADN polymérase | 5U/ μ L | 0,04 U | 0,12 |
| Eau (H ₂ O) stérile | - | - | 10,49 |
| ADN | ADN dilué au 1/100 | - | 1 |
| Total | - | - | 15 |
| Programme d'amplification | Température | Temps | Nombre de cycles |
| | 95°C | 5 min | 1 |
| | 94°C | 40 s | 35 |
| | 54°C | 40 s | |
| | 72°C | 1 min | 1 |
| | 72°C | 10 min | 1 |

*, tampon KAPA contient du MgCl₂ à une concentration finale de 1,5 mM ; dNTPs, désoxyribonucléosides triphosphates (A, adénine ; C, cytosine ; G, guanine ; T, thymine) ; ADN, acide désoxyribonucléique ; MgCl₂ ; Chlorure de magnésium ; μ L, microlitres ; mM, millimolaire ; U, unités ; °C, degrés Celsius ; min, minute ; s, secondes.

II.2.4. Évaluation de la diversité génétique des populations d'*Aedes albopictus* et *Aedes aegypti* à l'aide du gène mitochondrial mtCOI et de deux gènes immunitaires

La diversité génétique a été étudiée pour les échantillons d'*Ae. albopictus* de 17 localités et d'*Ae. aegypti* de 9 localités en utilisant respectivement le gène mtCOI et les gènes immunitaires (DOME et PIAS). L'étude du polymorphisme génétique de la sous-unité 1 du

gène mitochondrial cytochrome oxydase (COI) a été menée sur l'espèce *Ae. albopictus* ; celle-ci a montré une faible diversité génétique probablement liée à son introduction récente au Cameroun (Kamgang MBouhom *et al.*, 2011). De même, les études sur la réponse immunitaire des vecteurs *Aedes* ont permis de mettre en évidence des gènes qui jouent un rôle activateur ou inhibiteur en présence d'une infection à un virus. Le cas le plus étudié est la réponse d'*Ae. aegypti* face à l'infection au virus de la dengue, qui a permis de mettre en évidence plusieurs gènes des mécanismes immunitaires impliqués dans la transmission du virus (Souza-Neto *et al.*, 2009; Caicedo *et al.*, 2018). Sur la base des résultats de ces travaux, nous avons sélectionné les gènes DOME et PIAS du mécanisme immunitaire JAK-STAT pour étudier leur diversité génétique dans les échantillons d'*Ae. aegypti*.

II.2.4.1. Extraction de l'ADN

L'ADN total a été extrait sur un échantillon de 20 individus par espèce et par localité suivant le protocole Livak (Livak, 1984). De façon résumée, chaque moustique a été broyé dans 100 µL de tampon Livak préchauffée à 65°C pendant 10 min dans un tube Eppendorf de 1,5 mL, et incubé à 65°C pendant 30 min. Un volume de 14 µL de K-acétate (8 M) a été ajouté, et l'ensemble a été incubé dans la glace pendant 30 min puis centrifugé pendant 20 min à 4°C. Le surnageant a été transféré dans un nouveau tube ; 200 µL d'éthanol 100% ont été ajoutés et le tout mélangé vigoureusement à l'aide d'un vortex. Le contenu a été centrifugé à 13500 rpm à 4°C pendant 15 min, le surnageant a été retiré et le précipité (qui représente l'ADN) rincé avec l'éthanol 70% à froid. Une fois le précipité séché, l'ADN a été suspendu dans 100 µL d'eau pure et incubé à 65°C pendant 10 min. Les concentrations d'ADNs ont été lues au nanodrop Lite (ThermoScientific INC ; Wilmington, USA) et l'ADN extrait a été conservé à -20°C.

II.2.4.2. Amplification des gènes mtCOI, DOME et PIAS par PCR

Des extraits d'ADN de chaque échantillon ont été utilisés comme modèles pour amplifier les fragments des gènes mtCOI, DOME et PIAS de 700 pb, 922 pb et 905 pb respectivement à l'aide d'un thermocycleur (BIOER, Genetouch, Applied Biosystems). Les séquences des amorces utilisées, la composition du milieu réactionnel ainsi que les conditions d'amplification (par PCR) de chaque gène sont présentées dans les tableaux VII et VIII. Les amplicons issus de la PCR ont été visualisés par électrophorèse sur 1,5% de gel d'agarose coloré au Midori vert sous lumière ultraviolette. Un maximum de 15 amplicons des échantillons par

localité a été purifié en utilisant le protocole ExoSAP-IT (Affymetrix, 2017) précédemment décrit. Les produits PCR ont été purifiés puis envoyés à séquencer à la plateforme de génomique de l'Université de Liverpool suivant la méthode de Sanger.

Tableau VII : Amorces utilisées pour l'amplification des gènes mtCOI chez *Aedes albopictus*, et DOME et PIAS chez *Aedes aegypti*.

| Gène | Désignation des amorces | Séquence (5'-3') | Taille (en pb) | Références |
|--------------|-------------------------|---------------------------------|----------------|-----------------------------------|
| mtCOI | albCOI-sens | TTTCAACAAATCATAAAGATAT TGG | 700 | (Maynard <i>et al.</i> , 2017) |
| | albCOI-anti-sens | TAAACTTCTGGGATGACCAAAA AATCA | | |
| DOME | DOME aegyp-sens | CACCTTCTGCTCTCGGTAGG | 922 | (Souza-Neto <i>et al.</i> , 2009) |
| | DOME aegyp-anti-sens | CCGCACTCCGTTAATTTGTT | | |
| PIAS | PIAS aegyp-sens | TACAATAGCGGGGTTTCAGC | 905 | |
| | PIAS aegyp-anti-sens | GAAAGCATGCGTTTTCCATT | | |

mtCOI, sous-unité 1 du gène mitochondrial cytochrome oxydase ; pb, paire de bases.

Tableau VIII : Composition du mélange réactionnel et programme d'amplification pour chaque gène

| Réactifs | Concentration initiale | Concentration finale | Volume par tube en μL | |
|--|------------------------|----------------------|----------------------------------|--------------|
| | | | mtCOI | DOME et PIAS |
| Tampon KAPA A* | 10X | 1X | 1,5 | - |
| Tampon High Fidelity | 5X | 1X | - | 3 |
| MgCL ₂ | 25 mM | 1,25 mM | 0,75 | - |
| dNTPs (A, C, G, T) | 25 mM | 0,2 mM | 0,12 | 0,12 |
| Amorce sens | 10 μM | 0,34 μM | 0,51 | 0,51 |
| Amorce anti-sens | 10 μM | 0,34 μM | 0,51 | 0,51 |
| Enzyme KAPA Taq ADN polymérase | 5U/ μL | 0,04 U | 0,12 | - |
| Enzyme Phusion Hot Start II ADN polymérase | 2U/ μL | 0,02 U | - | 0,15 |
| Eau (H ₂ O) stérile | - | - | 10,49 | 8,71 |
| ADN | ADN dilué au 1/100 | - | 1 | 2 |
| Programme d'amplification | Température | Temps | Nombre de cycles | |
| | 94°C | 3 min | 1 | |
| mtCOI | 95°C | 30 s | 35 | |
| | 45°C | 40 s | | |

| | | | |
|---------------------|--------------------|--------------|-------------------------|
| | 72°C | 30 s | |
| | 72°C | 5 min | 1 |
| | Température | Temps | Nombre de cycles |
| | 98°C | 1 min | 1 |
| DOME et PIAS | 98°C | 10 s | 35 |
| | 66,3°C | 30 s | |
| | 72°C | 1 min | |
| | 72°C | 10 min | 1 |

*, tampon KAPA contient du MgCl₂ à une concentration finale de 1,5 mM ; MgCl₂, Chlorure de magnésium ; dNTPs, désoxyribonucléosides triphosphates (A, adénine ; C, cytosine ; G, guanine ; T, thymine) ; ADN, acide désoxyribonucléique ; mtCOI, μL, microlitres ; mM, millimolaire ; U, unités ; °C, degrés Celsius ; min, minute ; s, secondes ; -, ne s'applique pas.

II.2.5. Exploitation et analyse des données

Toutes les données ont été saisies dans le logiciel Excel version 2016 ; pour toutes les analyses statistiques, une valeur de probabilité $p < 0,05$ a été considérée comme statistiquement significative.

➤ **Cartographie de la distribution d'*Ae. albopictus* et *Ae. aegypti* aux échelles macro et micro-géographiques.**

Afin de mieux illustrer la distribution des deux espèces d'*Aedes* spp. aux échelles macro et micro-géographiques, les coordonnées du Système Global de Positionnement (GPS) de chaque localité et de chaque point de collecte ont été projetées à l'aide du système de projection WGS84-ESPG 4326, sur des fonds de carte téléchargées sur le site Global administrative Areas (GADM) version 2.8 (Global Administrative Areas, 2018) et/ou obtenus de l'Institut National de la Cartographie (INC). Les proportions de chaque espèce ont été générées grâce au logiciel QGIS version 3.8.1-Madeira (QGIS Development Team, 2019).

➤ **Fréquences relatives d'*Ae. aegypti* et *Ae. albopictus* à l'échelle du Cameroun**

Les fréquences relatives d'*Ae. aegypti* et d'*Ae. albopictus* ont été comparées par environnement, par localité, et par espèce à l'aide du test du Chi-carré.

➤ **Fréquences relatives d'*Ae. aegypti* et d'*Ae. albopictus* à l'échelle de la ville de Yaoundé.**

Les fréquences relatives d'*Ae. aegypti* et d'*Ae. albopictus* ont été comparées par environnement et par quartier à l'aide du test de Chi-carré. Les quartiers ont également été regroupés en environnements urbains, péri-urbains et ruraux.

➤ **Estimation de la colonisation spatiale par des stades immatures**

Le niveau de colonisation spatiale de chacune des deux espèces a été déterminé en calculant les indices « stégomyiens », qui évaluent le risque potentiel d'émergence d'une épidémie d'arbovirose dans une localité prospectée. Ces indices sont les suivants :

- **Indice de Maison (IM)** : il représente le pourcentage de maisons colonisés par des stades immatures ;

- **Indice de Breteau (IB)** c'est le nombre de gîtes positifs pour 100 maisons prospectées ;

- **Indice Conteneur (IC)** : c'est le pourcentage de gîtes larvaires colonisés par des stades immatures.

Les valeurs seuils de l'Indice de Maison et/ou de l'indice de Breteau sont définies par l'OMS et le Pan American Health Organisation (PAHO) pour adresser un risque potentiel des épidémies de dengue et de fièvre jaune. Ces valeurs seuils peuvent également servir pour établir des risques potentiels des épidémies causées par d'autres arbovirus. Elles sont rendues dans le tableau IX ci-dessous (WHO, 2011).

D'autres indices basés sur le nombre de nymphes ont été calculés. Il s'agit de :

- **l'Indice Nymphal (IN)** qui correspond au nombre de nymphes pour 100 maisons prospectées ;

- **l'Indice Nymphal par Personne (INP)** qui correspond au nombre de nymphes pour 100 personnes.

Tableau IX : Valeurs seuils des indices stégomyiens.

| Statut du risque | Fièvre jaune | Dengue |
|----------------------|--|---------------|
| Risque élevé | IM > 35%, IB > 50% et IC > 20% | IM > 5% |
| Risque moyen | 4 < IM < 35% 5 < IB < 50 3 < IC < 20 | 0,1 < IM < 5% |
| Risque faible | IM < 4%, IB < 5% et IC < 3% | IM < 0,1% |

IM, Indice de Maison ; IB, Indice de Breteau ; IC, Indice conteneur ; %, pourcentage.

➤ **Association entre la présence des *Aedes* et les caractéristiques du gîte de développement larvaire**

Cette analyse a été réalisée afin d’explorer la relation éventuelle entre la présence de l’une des espèces d’*Aedes* spp. et les caractéristiques du gîte de développement larvaire. Les variables définies sont qualitatives et quantitatives (tableau X) ; elles sont exprimées sous forme de proportions et de moyennes respectivement. Les différentes proportions ont été comparées en utilisant le test de Chi-Carré tandis que les moyennes ont été comparées en utilisant les tests ANOVA. Les paramètres environnementaux enregistrés ont été classés en modalités pour chacun des paramètres étudiés et sont présentés dans le tableau X. Le niveau d’association entre les paramètres environnementaux et la présence ou l’absence des stades immatures d’*Ae. albopictus* et *Ae. aegypti* a été évaluée grâce à la régression logistique binaire de la fonction du modèle linéaire généralisé. Toutes les analyses statistiques ont été effectuées à l’aide du logiciel R version 3.5.2 et RStudio version 1.1.463 (R Core Team, 2018).

Tableau X : Variables utilisées pour les analyses statistiques

| Variables | (n) Modalités |
|--|---|
| Variables quantitatives | |
| Nombre d'habitants | |
| Distance au bâtiment le plus proche (en m) | (3) : faible (< 5), moyenne [5-20], élevée (> 20) |
| Distance à la plante la plus proche (en m) | (3) : faible (< 5), moyenne [5-20], élevée (> 20) |
| Hauteur par rapport au sol (en m) | (3) : faible (< 1), moyenne [1-3], élevée [3-5] |
| Capacité du gîte (en L) | (4) : faible (< 5), moyenne [5-20], élevée [20-50], très élevée (> 50) |
| Volume de l'eau dans le gîte (en L) | (3) : faible (< 5), moyenne [5-20], élevée [20-50] |
| Nombre de stades immatures | |
| Variables qualitatives | |
| Type de gîte | (8) : récipients de stockage, pots de fleurs, Pneus usagés, récipient abandonnés, abreuvoirs, épaves de voitures, divers, naturels, |
| Type de matériel du gîte | (5) : Caoutchouc, métal, plastique, naturel, divers |
| Mobilité du gîte | (3) : construit, fixé, construit et fixé |
| Couleur du matériel du gîte | (3) : couleur unique, transparent, couleur mixte * |
| Origine de l'eau | (4) : pluie, robinet, puits/forage |
| Qualité de l'eau | (3) : claire, polluée, turbide |

Présence de débris végétaux (2) : oui, non

Présence d'un stade immature d'*Ae. aegypti* (2) : présence, absence

Présence d'un stade immature d'*Ae. albopictus* (2) : présence, absence

* : couleur mixte, gîte dont le matériel présente une association d'au moins deux couleurs ; (n) : nombre de modalités.

➤ **Analyses des données de la RT-PCR**

Les tests RT-PCR étaient validés lorsque les échantillons positifs présentaient des valeurs de cycle seuils (Ct value) au-dessus de la ligne seuil de détection de fluorescence. Ainsi, selon que les valeurs des cycles seuils des échantillons étaient au-dessus ou en dessous de la ligne de détection de fluorescence, les échantillons étaient considérés comme positifs ou négatifs respectivement aux virus testés (Figure 23).

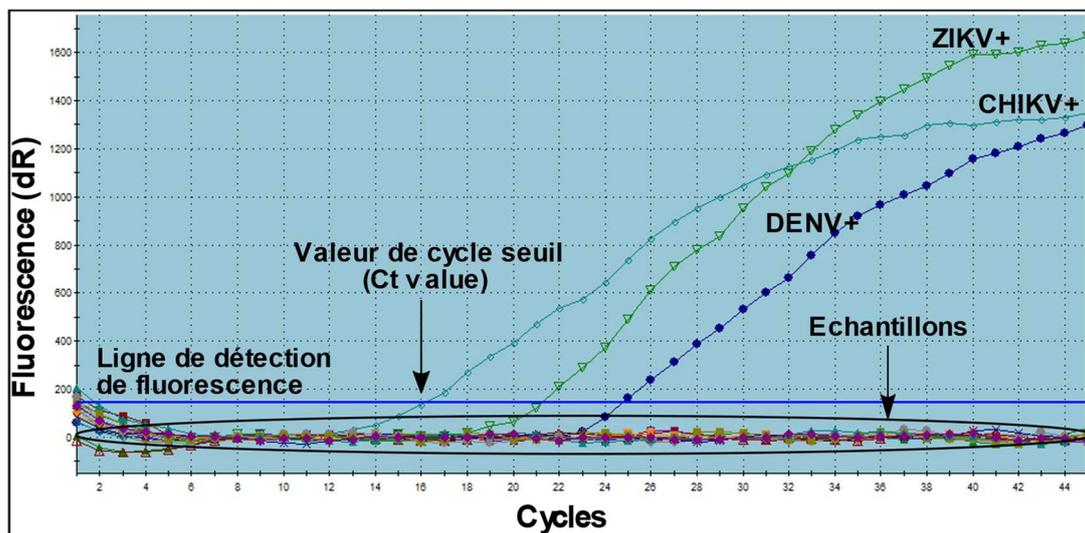


Figure 23 : Exemples de courbes de fluorescence des échantillons testés par RT-PCR

DENV+, contrôle positif du virus de la dengue ; CHIK+, contrôle positif du virus chikungunya ; ZIK+, contrôle positif du virus Zika.

➤ **Analyses des séquences des gènes COI, COXI et Cyt-b des reliquats de sang ingéré par les femelles d'*Aedes albopictus* et *Ae. aegypti***

Les séquences ont été corrigées grâce au logiciel BioEdit et comparées avec les séquences des vertébrés déjà publiées dans des banques de données de GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>) et BOLD SYSTEMS version 2.5 (<http://www.barcodinglife.org>). Seuls les vertébrés pour lesquels séquences correspondaient au moins à 95% de similarité des séquences en ligne ont été retenus comme hôtes préférentielles des femelles de moustiques. Pour chaque espèce de moustique, l'indice de repas de sang pour chaque espèce hôte a été calculé. C'est la proportion des moustiques gorgés contenant un repas de sang pour un hôte précis. Lorsque l'indice est supérieur à 50%, il est dit élevé ; lorsqu'il est inférieur à 50%, il est dit faible (Navia-Gine *et al.*, 2013).

➤ **Analyses des séquences d'ADN des gènes mtCOI, DOME et PIAS**

Les séquences ont été visualisées et corrigées manuellement lorsque nécessaire à l'aide des logiciels Chromas version 2.6.5 (Technelysium, 2018) et BioEdit version 7.0.5.3 (Hall, 1999), ensuite elles ont été alignées à l'aide de la fonction Clustal W (Thompson *et al.*, 1994), en utilisant les séquences de références publiées dans GenBank, provenant d'une souche d'*Ae. albopictus* originaire de la Chine pour le gène mtCOI (numéro d'accès KU738429.1), et de la souche d'*Ae. aegypti* domestiquée à la Liverpool School of Tropical Medicine pour les gènes DOME (numéro d'accès AAEL012471) et PIAS (numéro d'accès AAL026694). Une analyse par correspondance des séquences dans le site NCBI a permis de définir les régions codantes et non codantes des séquences des gènes DOME et PIAS. Les séquences d'introns et d'exons ont été déterminées à l'aide du logiciel DnaSP 5.10 (Librado et Rozas, 2009) pour définir la phase de l'haplotype et évaluer les paramètres génétiques.

➤ **Polymorphisme et diversité génétique**

Le nombre d'haplotypes distincts (h) par population, le nombre de sites polymorphes (s), la diversité haplotypique (dh) et la diversité nucléotidique (π) ont été évalués à l'aide du logiciel DnaSP 5.10. Ces indices sont utilisés pour réécrire l'histoire démographique d'une population. Ainsi :

- de faibles valeurs de dh et de π indiquent un goulot d'étranglement démographique sévère et prolongé ;

- de fortes valeurs de dh et de π signalent que la population d'étude est stable avec une grande taille effective ;

- une forte valeur de d_h et une faible valeur de π signalent une croissance rapide de population à partir d'une population ancestrale à faible effectif et où le temps n'a pas été suffisant pour retrouver une forte diversité entre haplotypes (bottleneck éphémère dans une large population ancestrale) ;

- une faible valeur de d_h et une forte valeur de π signifient qu'il y a eu une chute drastique des effectifs ayant été à l'origine de l'élimination d'un grand nombre d'haplotypes sans nécessairement affecter la diversité nucléotidique (Nei, 1987).

En général, les valeurs sont considérées comme faibles lorsqu'elles sont inférieures à 0,5.

➤ **Tests de neutralité**

Les tests statistiques D de Tajima (Tajima, 1989), D^* et F^* de Fu et Li (Fu et Li, 1993) et F_s de Fu (Fu, 1997) ont été utilisés afin d'estimer la survenue ou non d'un épisode d'expansion démographique de la population d'étude.

- Si la valeur de l'indice F_s est statistiquement significative et les valeurs des indices D^* et F^* sont non significatives, un signal d'expansion de population est supposé ;

- si la valeur de l'indice F_s et les valeurs des indices D^* et F^* sont statistiquement non significatives, alors un phénomène de sélection du gène étudié existerait.

- par ailleurs, si la valeur de l'indice F_s est négative et significative, cela suggère que le gène est en expansion dans la population d'étude.

➤ **Niveau de polymorphisme des gènes DOME et PIAS et pression de sélection**

La pression de sélection que subit chaque gène dans chaque population a été évaluée en calculant le niveau du polymorphisme des gènes DOME et PIAS, soit le ratio du niveau de polymorphisme non-synonyme (p_N) sur le niveau de polymorphisme synonyme (p_S) pour chaque gène et chaque localité (p_N/p_S) (Hughes, 1999). Ainsi, si :

- $p_N/p_S < 1$, cela implique implique une sélection purifiante ou stabilisante ;

- $p_N/p_S = 1$, cela implique implique une sélection neutre ;

- $p_N/p_S > 1$, cela implique implique une sélection positive ou darwinienne.

➤ **Analyses phylogénétiques**

Les relations entre haplotypes des différents gènes ont été évaluées en construisant le réseau d'haplotypes à l'aide des logiciels TCS (Clement *et al.*, 2000) et tcsBU (Murias dos Santos *et al.*, 2016). Ces réseaux d'haplotypes représentent une application de la méthode des liens médians pour montrer les relations phylogénétiques entre les différents haplotypes. Un réseau minimum d'haplotypes se caractérise par des nœuds (cercles) et des branches (liens) qui relient les nœuds. Chaque nœud correspond à un haplotype dont la taille est proportionnelle à la fréquence de l'haplotype dans le jeu de données. Les liens constituent le nombre de pas mutationnels qui séparent les différents nœuds.

Les relations phylogénétiques entre nos séquences et d'autres séquences de référence précédemment publiées dans GenBank, ont été évaluées. Pour le gène mitochondrial COI, ces séquences de référence proviennent des échantillons d'*Ae. albopictus* de Chine, des États-Unis, de Singapour, de Thaïlande, d'Italie, du Japon et de la République du Congo ; tandis que les séquences de référence précédemment citées pour les gènes DOME et PIAS ont été utilisées. Celles-ci ont été utilisées pour construire les arbres phylogénétiques pour chaque gène en utilisant le logiciel MEGA 7.0.9 (Kumar *et al.*, 2016). Avant de construire un arbre, le type de modèle à effectuer a été sélectionné sur la base des critères d'information Bayésienne (BIC) et Akaike corrigé (AICc). Le modèle avec les plus petits scores pour ces deux indices a été adopté pour chacun des gènes. Ainsi, en utilisant la méthode du maximum de vraisemblance, le modèle Tamura à 3 paramètres a été le modèle utilisé pour construire les arbres phylogénétiques des gènes mtCOI et PIAS, tandis que le modèle Tamura à 3 paramètres associé à la distribution Gamma discrète (qui modélise les différences de taux d'évolution entre les sites) a été utilisé pour le gène DOME (Tamura, 1992). Dans ces modèles, un arbre initial est d'abord construit à l'aide d'une méthode rapide mais sous-optimale, puis la longueur de ses branches est ajustée pour maximiser la probabilité de l'ensemble de données de topologie de l'arbre selon le modèle d'évolution choisi. La robustesse des nœuds a été évaluée par le bootstrap au seuil de 1000 répliqués.

CHAPITRE III : RÉSULTATS ET DISCUSSION

III-1. RÉSULTATS

III.1.1. Distribution d'*Aedes albopictus* et *Aedes aegypti* à l'échelle du Cameroun et dans la ville de Yaoundé

III.1.1.1. Distribution d'*Aedes albopictus* et *Aedes aegypti* à l'échelle du Cameroun

III.1.1.1.1. Habitats larvaires prospectés par localité

Les résultats de l'enquête entomologique de 2017 ont permis de répertorier 4054 gîtes larvaires dans 28 localités du Cameroun, parmi lesquels 1103, soit 27,20%, ont été positifs aux stades immatures d'*Aedes*. Ces gîtes ont été classés en huit catégories à savoir : les pneus usagés, les pneus recouvrant les puits, les récipients abandonnés, les épaves de voiture, les boîtes abandonnés, les récipients de stockage, les gîtes naturels, et les gîtes divers (Tableau XI, Annexe 3). Les pneus usagés ont été les gîtes les plus répertoriés à 87,44% (3545/4054) et les plus colonisés à 85,31% (941/1103) par les stades immatures d'*Aedes* spp.. Les fréquences des catégories restantes de gîtes positifs étaient inférieures à 20% avec 19,04% (63/1103) pour les récipients de stockage, 5,07% (56/1103) pour les récipients abandonnés, 4,6% (51/1103) pour les épaves de voitures, 3% (33/1103) pour les pneus recouvrant les puits, 1,45% (16/1103) pour les autres gîtes, 0,63% (7/1103) pour les boîtes de conserve et 0,45% (5/1103) pour les gîtes naturels (Tableau XI, Annexe 3).

Tableau XI : Abondances des types de gîtes prospectés et positifs au Cameroun

| Types de gîtes | Nombre de gîtes prospectés n (%) | Nombre de gîtes positifs n (%) |
|----------------------------|-------------------------------------|-----------------------------------|
| Pneus | 3545 (87,44) | 941 (85,31) |
| Pneus recouvrant les puits | 40 (0,98) | 33 (3) |
| Récipients de stockage | 63 (1,55) | 12 (1,08) |
| Récipients abandonnés | 176 (4,34) | 56 (5,07) |
| Epaves de voiture | 138 (3,4) | 51 (4,62) |
| Boîtes de conserve | 17 (0,41) | 7 (0,63) |
| Gîtes naturels | 9 (0,22) | 5 (0,45) |
| Autres | 33 (0,81) | 16 (1,45) |
| TOTAL | 4054 (100) | 1103 (100) |

n, abondance ; %, pourcentage.

III.1.1.1.2. Répartition d'*Aedes albopictus* et d'*Aedes aegypti* à l'échelle du Cameroun par type d'environnement

Au terme de cette enquête entomologique, environ 30381 adultes d'*Ae. albopictus* et d'*Ae. aegypti* ont été collectés avec une fréquence plus élevée pour *Ae. albopictus* (69,28%) par rapport à *Ae. aegypti* (30,72%) (Tableau XII). *Aedes aegypti* a été retrouvé dans toutes les villes prospectées alors qu'*Ae. albopictus* a une distribution limitée dans la partie sud du pays en dessous du 6,4° latitude Nord (Figure 24). Globalement, dans toutes les localités où les deux espèces ont été retrouvées en sympatrie, *Ae. albopictus* a été plus abondant, excepté à Douala et Edéa urbain. Les analyses comparatives en fonction de l'environnement (centre urbain *versus* péri-urbain) ont révélé qu'*Ae. albopictus* a prédominé dans les deux types d'environnements. La même tendance a été observée dans toutes les villes où les deux espèces sont sympatriques, excepté à Garoua-Boulaï, Douala et Limbe où *Ae. aegypti* a prédominé significativement dans les centres urbains (Tableau XII).

D'autres espèces de moustiques ont été collectées en association avec *Ae. albopictus* et/ou *Ae. aegypti* ; il s'agit d'*Aedes simpsoni* Theobald 1905, *Aedes vittatus* Bigot 1861, *Anopheles gambiae* s.l. Giles 1902, *Culex tigripes* De Grandpré et De Charmoy 1900, *Culex pipiens quinquefasciatus* Say, 1823, *Culex perfuscus* Edwards 1914, *Culex duttoni* Theobald 1901, *Culex antennatus* Beker 1903, *Culex* sp. Linnaeus 1758, *Eretmapodites brevipalpis* Ingram et De Meillon 1927, et *Toxorhynchites brevipalpis* Ribeiro 1991.

Tableau XII : Distribution des fréquences d'*Aedes albopictus* et *Aedes aegypti* à l'échelle du Cameroun par type d'environnement

| Localités | Environnement | <i>Ae. albopictus</i> n (%) | <i>Ae. aegypti</i> n (%) | P |
|--------------|---------------|-----------------------------|--------------------------|---------|
| Kumba | urbain | 717 (96,24) | 28 (3,76) | < 0,001 |
| | péri-urbain | 157 (80,51) | 38 (19,49) | < 0,001 |
| Buea | urbain | 743 (88,45) | 97 (11,55) | < 0,001 |
| | péri-urbain | 697 (88,23) | 93 (11,77) | < 0,001 |
| Limbe | urbain | 313 (41,62) | 439 (58,38) | < 0,001 |
| | péri-urbain | 863 (63,74) | 491 (36,26) | < 0,001 |

| | | | | |
|-------------------|-------------|--------------|-------------|---------|
| Melong | urbain | 347 (60,66) | 225 (39,34) | < 0,001 |
| | péri-urbain | 156 (60,47) | 102 (39,53) | < 0,001 |
| Douala | urbain | 319 (31,71) | 687 (68,29) | < 0,001 |
| | péri-urbain | 214 (35,73) | 385 (64,27) | < 0,001 |
| Edéa | urbain | 164 (47,81) | 179 (52,19) | > 0,05 |
| | péri-urbain | 168 (97,11) | 5 (2,89) | < 0,001 |
| Bamenda | urbain | 245 (83,62) | 48 (16,38) | < 0,001 |
| | péri-urbain | 247 (62,85) | 146 (37,15) | < 0,001 |
| Bafoussam | urbain | 272 (99,27) | 2 (0,73) | < 0,001 |
| | péri-urbain | 294 (53,55) | 255 (46,45) | < 0,05 |
| Bafang | urbain | 1032 (91,17) | 100 (8,83) | < 0,001 |
| | péri-urbain | 182 (81,98) | 40 (18,02) | < 0,001 |
| Foumban | urbain | 442 (67,69) | 211 (32,31) | < 0,001 |
| | péri-urbain | 335 (64,67) | 183 (35,33) | < 0,001 |
| Bafia | urbain | 844 (93,99) | 54 (6,01) | < 0,001 |
| | péri-urbain | 306 (48,73) | 322 (51,27) | > 0,05 |
| Mbalmayo | urbain | 504 (83,17) | 102 (16,83) | < 0,001 |
| | péri-urbain | 1055 (93,86) | 69 (6,14) | < 0,001 |
| Akonolinga | | 1449 (94,89) | 78 (5,11) | < 0,001 |
| Ebolowa | urbain | 305 (97,44) | 8 (2,56) | < 0,001 |
| | péri-urbain | 566 (98,43) | 9 (1,57) | < 0,001 |
| Sangmélina | urbain | 679 (96,86) | 22 (3,14) | < 0,001 |
| | péri-urbain | 437 (92,78) | 34 (7,22) | < 0,001 |
| | urbain | 495 (97,44) | 13 (2,6) | < 0,001 |

| | | | | |
|-------------------|--------------------|----------------------|---------------------|-------------------|
| Kribi | péri-urbain | 1597 (77,94) | 452 (22,06) | < 0,001 |
| Garoua- | urbain | 59 (28,92) | 145 (71,08) | < 0,001 |
| Boulaï | péri-urbain | 430 (92,47) | 35 (7,53) | < 0,001 |
| Abong- | | 656 (77,18) | 194 (22,82) | < 0,001 |
| Bertoua | urbain | 769 (99,1) | 7 (0,9) | < 0,001 |
| | péri-urbain | 867 (97,97) | 18 (2,03) | < 0,001 |
| Maroua | | 0 | 146 (100) | NC |
| Garoua | | 0 | 812 (100) | NC |
| Ngaoundéré | urbain | 0 | 556 (100) | NC |
| | péri-urbain | 0 | 147 (100) | NC |
| Meiganga | | 0 | 484 (100) | NC |
| Mbe | | 0 | 249 (100) | NC |
| Tibati | urbain | 733 (58,5) | 520 (41,5) | < 0,001 |
| | péri-urbain | 359 (60,44) | 235 (39,56) | < 0,001 |
| Mayo-Darle | | 0 | 125 (100) | NC |
| Banyo | | 0 | NC | NC |
| Bankim | | 1031 (69,57) | 451 (30,43) | < 0,001 |
| Total | urbain | 8982 (72,29) | 3443 (27,71) | < 0,001 |
| | péri-urbain | 8930 (74,48) | 3059 (25,52) | < 0,001 |
| | | 3136 (52,56) | 2831 (47,44) | < 0,001 |
| | Total | 21048 (69,28) | 9333 (30,72) | < 0,001 |

n, nombre de moustiques adultes collectés ; %, pourcentage ; P, probabilité ; NC, non calculé.

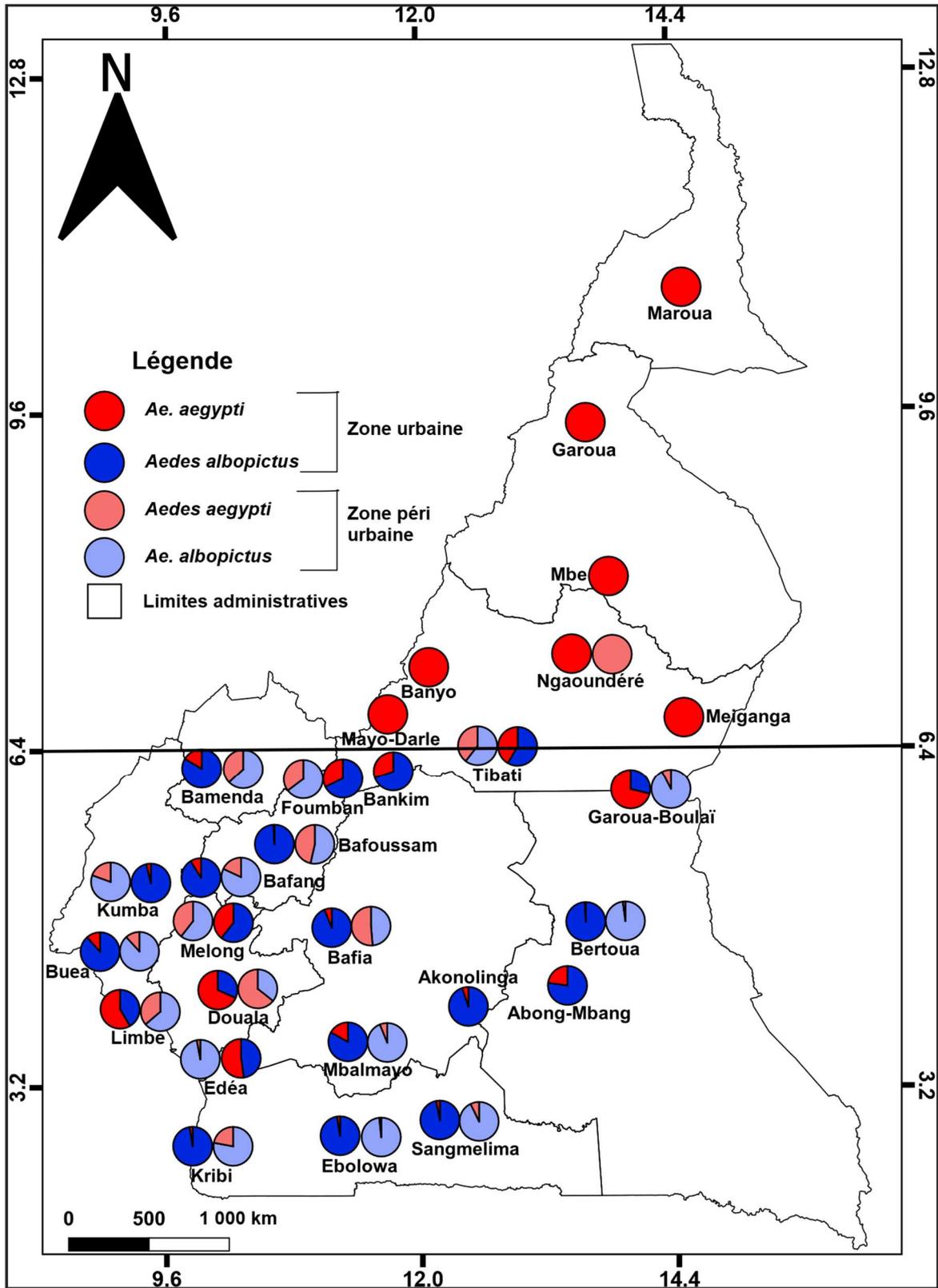


Figure 24 : Répartition géographique d'*Aedes albopictus* et *Aedes aegypti* à l'échelle du Cameroun par type d'environnement

III.1.1.2. Niveau de colonisation des quartiers de la ville de Yaoundé par *Ae. albopictus* et *Ae. aegypti*

III.1.1.2.1. Niveau de colonisation pré-imaginale

Globalement, 447 maisons dans 30 quartiers ont été investiguées où logeaient 4471 habitants, soit une moyenne de 10 personnes par maison. Un total de 955 gîtes potentiels a été prospecté à Yaoundé parmi lesquels 360 (37,7%) ont été positifs aux stades immatures d'*Ae. albopictus* et/ou *Ae. aegypti*. Dans l'ensemble, les gîtes larvaires ont été significativement plus colonisés par *Ae. albopictus* que par *Ae. aegypti* ($\chi^2 = 37,78$; dl = 1 ; $p < 10^{-9}$). Similairement, la proportion des gîtes larvaires colonisés par *Ae. albopictus* (28,1%) a été significativement plus élevée que celle des gîtes larvaires colonisés par *Ae. aegypti* (15%) dans les environnements urbains, comme dans les environnements péri-urbains (*Ae. albopictus* : 44,7% ; *Ae. aegypti* : 18,6%) ($p < 0,01$). Cependant, aucune différence de colonisation significative par ces taxons n'a été trouvée dans les environnements ruraux ($p > 0,05$) (Tableau XIII). Les proportions des gîtes colonisés uniquement par *Ae. albopictus* (49,2%), et par *Ae. aegypti* (10,8%) et des gîtes colonisés par les deux espèces (40%) diffèrent significativement ($\chi^2 = 34,1$; dl = 2 ; $p < 10^{-8}$) (Tableau XIV). Dans la quasi-totalité des arrondissements et quartiers, *Ae. albopictus* a été significativement plus abondant qu'*Ae. aegypti* ($p < 0,05$), excepté les quartiers Messa, Afanoyoa II, Eyang et Minkoameyos. Sur les 30 quartiers prospectés, seul dans le quartier Ekoudou nous n'avons pas récoltés des stades immatures d'*Aedes* dans les maisons prospectées (Tableau XIII).

Tableau XIII : Distribution des fréquences des stades immatures d'*Aedes albopictus* et d'*Aedes aegypti* dans les arrondissements et les différents quartiers de la ville de Yaoundé

| Arrondissements | Quartiers | <i>Ae. aegypti</i> | | <i>Ae. albopictus</i> | | Test de Chi carré | |
|-----------------|------------|--------------------|-----|-----------------------|-----|-------------------|---------|
| | | n | % | n | % | d.l. | p-value |
| Yaoundé I | Bastos | 11 | 0,1 | 327 | 3 | 1 | < 0,001 |
| | Mballa II | 8 | 0,1 | 564 | 5,2 | 1 | < 0,001 |
| | Mballa III | 107 | 1 | 350 | 3,3 | 1 | < 0,05 |

| | | | | | | | |
|--------------------|-------------------|------------|------------|-------------|-------------|----------|-------------------|
| | Ntougou | 4 | 0,1 | 351 | 3,3 | 1 | < 0,001 |
| | Sous-Total | 130 | 1,2 | 1592 | 14,7 | 1 | < 0,001 |
| Yaoundé II | Ekoudou | 0 | 0 | 0 | 0 | NC | NC |
| | Mbankolo | 9 | 0,1 | 472 | 4,4 | 1 | < 0,001 |
| | Messa | 127 | 1,2 | 56 | 0,5 | 1 | > 0,05 |
| | Tsinga | 80 | 0,7 | 224 | 2,1 | 1 | > 0,05 |
| | Sous-Total | 216 | 2 | 752 | 7 | 1 | < 0,001 |
| Yaoundé III | Afanoyoa I | 69 | 0,6 | 76 | 0,7 | 1 | > 0,05 |
| | Afanoyoa II | 172 | 1,6 | 5 | 0,1 | 1 | < 0,001 |
| | Efoulan | 11 | 0,1 | 404 | 3,7 | 1 | < 0,001 |
| | Nsimeyong | 1 | 0,01 | 502 | 4,7 | 1 | < 0,001 |
| | Sous-Total | 253 | 2,3 | 987 | 9,1 | 1 | < 0,001 |
| Yaoundé IV | Awae | 24 | 0,2 | 310 | 2,9 | 1 | < 0,001 |
| | Emombo | 0 | 0 | 52 | 0,5 | NC | NC |
| | Messa Me Ndongo | 72 | 0,7 | 145 | 1,3 | 1 | > 0,05 |
| | Nkolndongo | 21 | 0,2 | 348 | 3,2 | 1 | < 0,001 |
| | Sous-Total | 117 | 1,1 | 855 | 7,9 | 1 | < 0,001 |
| Yaoundé V | Essos | 55 | 0,5 | 337 | 3,1 | 1 | < 0,001 |
| | Mvog-Ada | 97 | 0,9 | 174 | 1,6 | 1 | > 0,05 |
| | Ngoussou | 4 | 0,04 | 163 | 1,5 | 1 | < 0,001 |
| | Ntem-Assi | 13 | 0,1 | 345 | 3,2 | 1 | < 0,001 |
| | Sous-Total | 169 | 1,6 | 1019 | 9,4 | 1 | < 0,001 |
| Yaoundé VI | Etoug-Ebe | 23 | 0,2 | 423 | 3,9 | 1 | < 0,001 |

| | | | | | | | |
|--------------------|-------------------|-------------|-------------|-------------|-------------|----------|-------------------|
| | Melen | 1 | 0,01 | 184 | 1,7 | 1 | < 0,001 |
| | Mendong | 5 | 0,1 | 150 | 1,4 | 1 | < 0,001 |
| | Nkolbikok | 1 | 0,01 | 536 | 5 | 1 | < 0,001 |
| | Sous-Total | 30 | 0,3 | 1293 | 12 | 1 | < 0,001 |
| Yaoundé VII | Eyang | 289 | 2,7 | 30 | 0,3 | 1 | < 0,001 |
| | Minkoameyos | 115 | 1,1 | 71 | 0,7 | 1 | > 0,05 |
| | Nkolafeme | 7 | 0,1 | 407 | 3,8 | 1 | < 0,001 |
| | Nkolbisson | 98 | 0,9 | 882 | 8,2 | 1 | < 0,001 |
| | Oyom-Abang | 84 | 0,8 | 1216 | 11,3 | 1 | < 0,001 |
| | Zamassi | 118 | 1,1 | 71 | 0,66 | 1 | > 0,05 |
| | Sous-Total | 711 | 6,6 | 2677 | 23,9 | 1 | < 0,001 |
| Total | | 1626 | 15,1 | 9175 | 84,9 | 1 | < 0,001 |

n, nombre de larves et nymphes collectées ; %, pourcentage ; NC, non-calculé ; d.l., degré de liberté.

Tableau XIV : Type de gîtes colonisés par les stades immatures d'*Aedes aegypti* et d'*Aedes albopictus* à Yaoundé.

| | | Type de gîtes | | | | | | | Naturels** | Total |
|-----------------|---|---------------|----------------|------------------------|------------------|-----------------------|-------------------|---------|------------|-------|
| | | Domestiques | | | Péri-domestiques | | | | | |
| Arrondissements | | Abreuvoirs | Pots de fleurs | Récipients de stockage | Pneus usagés | Récipients abandonnés | Epaves de voiture | Autres* | | |
| Yaoundé I | Nombre de gîtes | 3 | 4 | 15 | 23 | 52 | 2 | 12 | 1 | 112 |
| | % gîtes positifs | 33,3 | 25 | 53,3 | 47,8 | 38,5 | 50 | 58,3 | 0 | 4,4 |
| | % gîtes positifs à <i>Ae. albopictus</i> seul | 0 | 100 | 37,5 | 72,7 | 55 | 100 | 85,7 | 0 | 61,2 |
| | % gîtes positifs à <i>Ae. aegypti</i> seul | 0 | 0 | 0 | 9,1 | 5 | 0 | 0 | 0 | 4,1 |
| | % gîtes positifs aux deux | 100 | 0 | 62,5 | 18,2 | 40 | 0 | 14,3 | 0 | 34,7 |
| Yaoundé II | Nombre de gîtes | 0 | 9 | 24 | 21 | 34 | 3 | 6 | | 97 |
| | % gîtes positifs | 0 | 0 | 12,5 | 66,7 | 23,5 | 33,3 | 66,7 | | 3,1 |
| | % gîtes positifs à <i>Ae. albopictus</i> seul | 0 | 0 | 0 | 42,9 | 62,5 | 0 | 25 | 0 | 40 |
| | % gîtes positifs à <i>Ae. aegypti</i> seul | 0 | 0 | 0 | 7,1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 3,3 |
| | % gîtes positifs aux deux | 0 | 0 | 100 | 50 | 37,5 | 100 | 75 | 0 | 56,7 |
| Yaoundé III | Nombre de gîtes | 1 | 1 | 25 | 13 | 119 | 2 | 9 | 7 | 177 |
| | % gîtes positifs | 0 | 100 | 28 | 30,8 | 25,2 | 100 | 44,4 | 28,6 | 2,8 |

| | | | | | | | | | | |
|------------|---|------|-----|------|------|------|------|------|------|------|
| | % gîtes positifs à <i>Ae. albopictus</i> seul | 0 | 100 | 57,1 | 75 | 50 | 50 | 25 | 50 | 52 |
| | % gîtes positifs à <i>Ae. aegypti</i> seul | 0 | 0 | 14,3 | 25 | 10 | 50 | 25 | 0 | 14 |
| | % gîtes positifs aux deux | 0 | 0 | 28,6 | 0 | 40 | 0 | 50 | 50 | 34 |
| Yaoundé IV | Nombre de gîtes | 0 | 4 | 6 | 14 | 59 | 1 | 6 | 0 | 90 |
| | % gîtes positifs | 0 | 50 | 33,3 | 57,1 | 32,2 | 0 | 83,3 | 0 | 4 |
| | % gîtes positifs à <i>Ae. albopictus</i> seul | 0 | 100 | 50 | 25 | 42,1 | 0 | 40 | 0 | 41,7 |
| | % gîtes positifs à <i>Ae. aegypti</i> seul | 0 | 0 | 0 | 0 | 10,5 | 0 | 0 | 0 | 5,6 |
| | % gîtes positifs aux deux | 0 | 0 | 50 | 75 | 47,4 | 0 | 60 | 0 | 52,8 |
| Yaoundé V | Nombre de gîtes | 5 | 1 | 19 | 11 | 45 | 9 | 7 | 3 | 100 |
| | % gîtes positifs | 60 | 100 | 47,4 | 54,6 | 44,4 | 44,4 | 42,9 | 66,7 | 4,8 |
| | % gîtes positifs à <i>Ae. albopictus</i> seul | 0 | 100 | 66,7 | 50 | 60 | 50 | 0 | 50 | 52,1 |
| | % gîtes positifs à <i>Ae. aegypti</i> seul | 66,7 | 0 | 0 | 0 | 15 | 0 | 0 | 50 | 12,5 |
| | % gîtes positifs aux deux | 33,3 | 0 | 33,3 | 50 | 25 | 50 | 100 | 0 | 35,4 |
| Yaoundé VI | Nombre de gîtes | 0 | 2 | 3 | 27 | 77 | 3 | 20 | 3 | 135 |
| | % gîtes positifs | 0 | 0 | 0 | 55,6 | 31,2 | 0 | 60 | 0 | 3,8 |
| | % gîtes positifs à <i>Ae. albopictus</i> seul | 0 | 0 | 0 | 86,7 | 70,8 | 0 | 66,7 | 0 | 74,5 |

| | | | | | | | | | | |
|--------------------|--|------|------|------|------|------|-------|-------|-------|------|
| | % gîtes positifs à <i>Ae. aegypti</i> seul | 0 | 0 | 0 | 6,7 | 12,5 | 0 | 16,7 | 0 | 11,8 |
| | % gîtes positifs aux deux | 0 | 0 | 0 | 6,7 | 16,7 | 0 | 16,7 | 0 | 13,7 |
| Yaoundé VII | Nombre de gîtes | 8 | 5 | 30 | 62 | 119 | 3 | 15 | 2 | 244 |
| | % gîtes positifs | 25 | 40 | 10 | 48,4 | 37 | 100 | 66,7 | 100 | 3,9 |
| | % gîtes positifs à <i>Ae. albopictus</i> seul | 0 | 50 | 33,3 | 56,7 | 15,9 | 33,33 | 30 | 50 | 32,3 |
| | % gîtes positifs à <i>Ae. aegypti</i> seul | 0 | 0 | 0 | 0 | 25 | 0 | 30 | 50 | 15,6 |
| | % gîtes positifs aux deux | 100 | 50 | 66,7 | 43,3 | 59,1 | 66,67 | 40 | 0 | 52,1 |
| Total | Nombre de gîtes | 17 | 26 | 122 | 171 | 505 | 23 | 75 | 16 | 955 |
| | % gîtes positifs | 35,3 | 26,9 | 26,2 | 51,5 | 32,7 | 47,83 | 60 | 37,5 | 37,7 |
| | % gîtes positifs à <i>Ae. albopictus</i> seul | 0 | 85,7 | 46,9 | 59,1 | 45,5 | 45,45 | 46,7 | 50 | 49,2 |
| | % gîtes positifs à <i>Ae. aegypti</i> seul | 33,3 | 0 | 3,1 | 4,6 | 13,9 | 9,1 | 13,33 | 33,3 | 10,8 |
| | % gîtes positifs aux deux | 66,7 | 14,3 | 50 | 36,4 | 40,6 | 45,45 | 40 | 16,67 | 40 |

N, nombre de gîtes potentiels prospectés ; % Positif, pourcentage de gîtes colonisés par les stades immatures d'*Ae. albopictus* et/ou *Ae. aegypti* ; % *Ae. albopictus* seul, pourcentage de gîtes colonisés uniquement par les stades immatures d'*Ae. albopictus*; % *Ae. aegypti* seul, pourcentage de gîtes colonisés uniquement par les stades immatures d'*Ae. aegypti*; % Mixte, pourcentage de gîtes colonisés par les stades immatures d'*Ae. aegypti* et *Ae. albopictus* ; *, Autres regroupe principalement les creux de parpaings, les bâches, les gouttières, les épaves et casques de moto, couvercles de marmites, épaves d'appareils électroniques et électroménagers ; **, Naturels regroupent les coquilles d'escargot et de noix de coco, les creux d'arbres et de rochers, les aisselles de plantes.

III.1.1.2.2. Niveaux de colonisation larvaire d'*Aedes albopictus* et d'*Aedes aegypti*

Les indices de Maison (IM), de Breteau (IB) et Conteneur (IC) ont été calculés pour établir le risque potentiel de la transmission de la dengue et de la fièvre jaune à Yaoundé.

L'IM global a été estimé à 40,5% (IC 95% ; 38,2-42,8) à Yaoundé et a varié de 23 à Yaoundé II à 45% à Yaoundé III ($\chi^2 = 10,2$; dl = 6 ; $p > 0,05$) (Tableau XV, Annexe 4a). L'analyse comparée entre les espèces a révélé que l'IM global pour *Ae. albopictus* (38,3% ; IC 95%, 36,0-40,6%) était significativement plus élevé que l'IM global pour *Ae. aegypti* (25,7% ; IC 95%, 23,7-27,8%) ($\chi^2 = 24,7$; dl = 6 ; $p < 0,001$). L'analyse par arrondissement a montré que les IM pour *Ae. albopictus* étaient significativement plus élevés que ceux d'*Ae. aegypti* ($p < 0,05$) (Tableau XV, Annexe 4a).

Globalement, l'IB pour les espèces d'*Aedes* spp. a été de 80,5% (IC 95%, 74,4-86,6%) à Yaoundé et a varié entre 50% à 107,9% mais ne présentant pas de différence significative entre les arrondissements (ANOVA, $F = 1,44$; dl = 6 ; $p > 0,05$). Les analyses en fonction de l'espèce ont montré que l'IB pour *Ae. albopictus* (71,8% ; IC 95%, 66,2-77,4%) a été significativement plus élevé que celui d'*Ae. aegypti*, (41% ; IC 95%, 37-44,8%) (ANOVA, $F = 320,1$; dl = 1 ; $p < 0,001$). Cependant, l'IB pour les populations d'*Ae. albopictus* a varié de 48,3% à Yaoundé II à 91% à Yaoundé VII sans différence significative (ANOVA, $F = 0,93$; dl = 6 ; $p > 0,05$). En revanche, les IB pour les populations d'*Ae. aegypti* ont variés significativement de 26,7% à Yaoundé V à 73% à Yaoundé VII (ANOVA, $F = 3,20$; dl = 6 ; $p < 0,01$) (Tableau XV, Annexe 4b).

Une analyse similaire a été effectuée pour l'Indice Conteneur (IC) et a révélé que l'IC global a été de 33,2% (IC 95%, 31,8-34,6%) avec une différence statistiquement non significative en fonction des arrondissements ($\chi^2 = 13,3$; dl = 6 ; $p > 0,05$). L'Indice Conteneur calculé pour *Ae. albopictus* (29,6% ; IC 95%, 28,2-31%) a été significativement plus élevé que celui d'*Ae. aegypti* (16,9 % ; 95 % IC, 15,7-18 %) dans la ville de Yaoundé ($\chi^2 = 38,4$; dl = 6 ; $p < 0,001$) (Tableau XV, Annexe 4c).

Ces résultats montrent que les valeurs des indices stégomyiens obtenues sont supérieures aux valeurs seuils fixés par l'Organisation Panaméricaine de la Santé (PAHO) et de l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) pour le déclenchement d'une épidémie d'arbovirose dans la ville de Yaoundé si les autres conditions sont réunies (vecteur compétent et anthropophage, population humaine naïve au virus concerné) (Annexe 4).

L'Indice Nymphal (IN) et l'Indice Nymphal par personne (INP) ont aussi été calculés. On a obtenu un IN global de $503,1 \pm 83,5$ qui a varié significativement de 226,7 à Yaoundé II à 785,4 à Yaoundé VII (ANOVA, $F = 8,9$; $p < 0,05$). L'Indice Nymphal pour *Ae. albopictus* était significativement supérieure à celui d'*Ae. aegypti* (ANOVA, $F = 9,05$; $p < 0,01$) (Figure 25). La moyenne des INP a été de $50,3 \pm 3$ avec une différence significative observée entre les INP pour *Ae. albopictus* ($44,6 \pm 4,9$) et *Ae. aegypti* ($5,7 \pm 0,7$) ($p < 0,001$) (Figure 26).

Tableau XV : Valeurs moyennes des Indice de Maison (IM), Indice de Breteau (IB) et Indice Conteneur (IC), et estimateur du risque potentiel de transmission de la dengue et de la fièvre jaune dans la ville de Yaoundé

| Arrondissements | Indice de Maison-IM (IC95%) | | Indice de Breteau-IB (IC95%) | | Indice Conteneur-IC (IC95%) | | Valeurs globales des indices (IC95%) | | | Niveau du risque |
|--------------------|---------------------------------|-----------------------------------|-----------------------------------|-------------------------------|---------------------------------|---------------------------------|--------------------------------------|-----------------------------------|-----------------------------------|---------------------|
| | <i>Ae. albopictus</i> | <i>Ae. aegypti</i> | <i>Ae. albopictus</i> | <i>Ae. aegypti</i> | <i>Ae. albopictus</i> | <i>Ae. aegypti</i> | IM | IB | IC | |
| Yaoundé I | 45 (38,3-51,6) | 23,3 (22-1,7) | 78,3 (64,7-92) | 31,7 (23,3-40,1) | 35,6 (31,4-39,9) | 14,4 (11,3-17,5) | 45 (38,5-51,5) | 81,7 (67,3-96) | 37,1 (14,4-59,8) | élevé |
| Yaoundé II | 23,3 (18,3-28,3) | 16,7 (14,9-18,4) | 48,3 (35,4-61,2) | 30 (62,4-40,2) | 23,5 (19,7-27,3) | 14,4 (11,3-17,6) | 23,3 (17,8-28,8) | 50 (36,7-63,4) | 24 (14,4-33,6) | élevé |
| Yaoundé III | 42,2 (36,5-47,9) | 37,8 (35,8-39,8) | 60 (46,8-73,2) | 51,1 (39,8-62,4) | 23,1 (20-26,2) | 12,9 (10,4-15,4) | 48,9 (41,4-56,4) | 83,33 (68,5-98,2) | 26,88 (12,9-40,8) | élevé |
| Yaoundé IV | 37 (33,6-40,4) | 24,7 (23,6-25,7) | 60,3 (48,3-72,3) | 43,8 (32,6-55) | 30 (25,8-34,4) | 18,6 (14,9-22,3) | 38,4 (32,6-44) | 62 (46,9-77,2) | 31,8 (18,6-45,1) | élevé |
| Yaoundé V | 42,22 (37,4-47) | 20 (19,2-20,8) | 71,1 (56-86,2) | 26,7 (17,5-35,9) | 35 (30,6-39,4) | 19,1 (15,6-22,8) | 44,4 (37-52) | 80 (65,4-94,6) | 40 (19,2-60,8) | élevé |
| Yaoundé VI | 37,3 (31,4-43,3) | 14,7 (14,5-14,8) | 81,3 (66-96,7) | 18,67 (12,8-24,6) | 30,4 (26,61-34,2) | 8,8 (6,45-11,1) | 41,33 (35,6-47) | 85 (66,6- | 34,5 (9,5-59,5) | élevé |
| Yaoundé VII | 41,6 (34,5-54,6) | 40,4 (34,3-42,5) | 91 (74,6- | 73 (61,7-84,417) | 31,2 (28,3-34) | 25 (22,3-27,7) | 43,8 (38,5-49,1) | 107,9 (90,1- | 36,9 (25-5,84) | élevé |
| Total | 38,3 (36-40,6) | 25,7 (23,7-27,8) | 71,8 (66,2-77,4) | 41 (37-44,8) | 29,6 (28,2-31) | 16,9 (15,7-18) | 40,5 (38,2-42,8) | 80,5 (74,4-86,6) | 33,2 (31,8-34,6) | élevé |

IC 95% ; Intervalle de confiance à 95%.

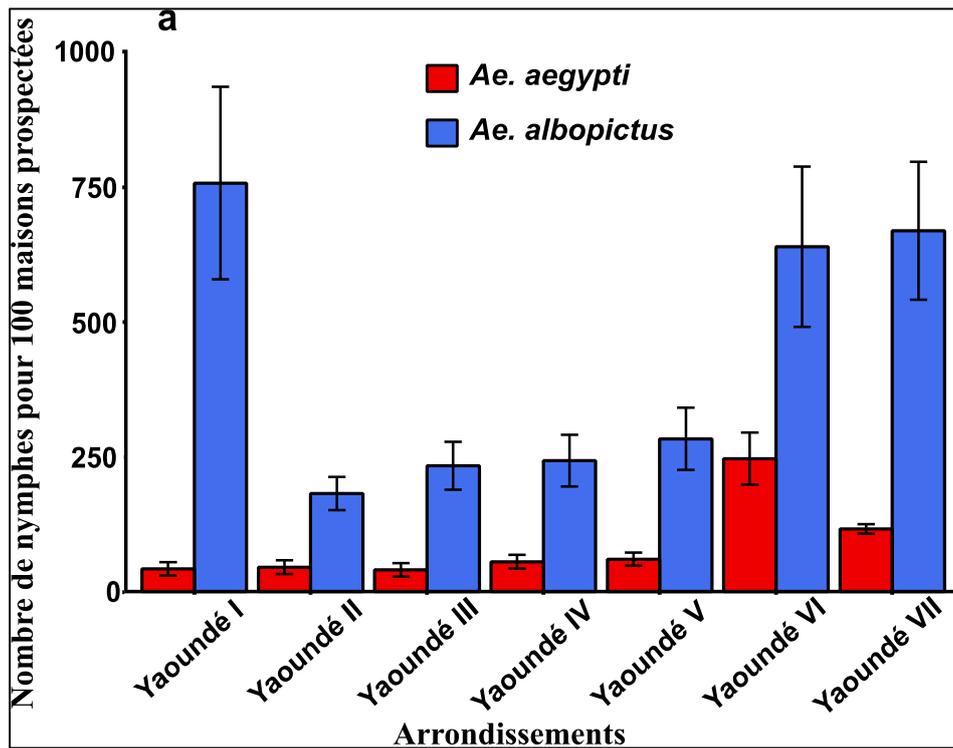


Figure 25 : Indices calculés à partir des nymphes d'*Aedes albopictus* et *Aedes aegypti*
 a, Indice Nymphal (IN) et b, Indice Nymphal par Personne (INP).

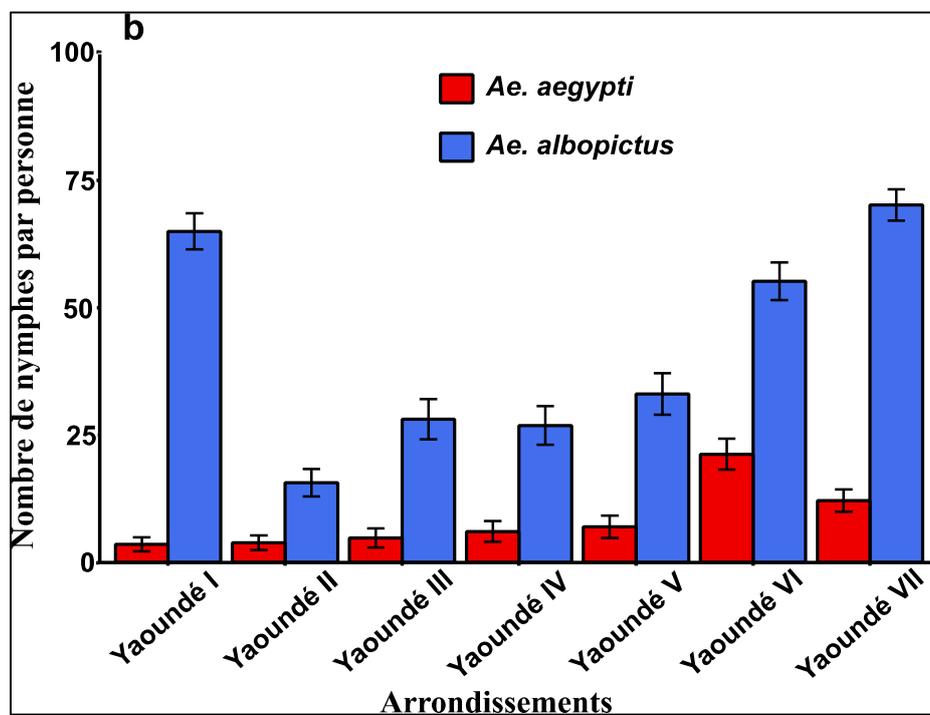


Figure 26 : Indices calculés à partir des nymphes d'*Aedes albopictus* et *Aedes aegypti*
 a, Indice Nymphal (IN) et b, Indice Nymphal par Personne (INP).

III.1.1.2.3. Typologie des habitats larvaires

Les différents gîtes larvaires prospectés ont été classés en trois catégories, les gîtes : domestiques (abreuvoirs pour animaux, pots de fleurs et récipients de stockage), péri-domestiques (récipients abandonnés, pneus usagés, épaves de voitures, et autres), et naturels (coquilles d'escargots et de noix de coco, creux d'arbres et de rochers, et aisselles de plantes). Les gîtes larvaires les plus colonisés pour les deux espèces ont été les récipients abandonnés (45,7%) et les pneus usagés (27,6%) et ont été majoritairement colonisés par *Ae. albopictus* (37,1% et 25,58% respectivement) que par *Ae. aegypti* (8,6% et 2%, respectivement) (Tableau XVI).

Les associations entre les caractéristiques des gîtes larvaires et la présence des stades immatures (larves et nymphes) dans les gîtes ont été explorées grâce à un modèle de régression binaire. Les analyses ont révélé une association positive entre (1) la présence des débris végétaux dans les gîtes larvaires et la présence des stades immatures d'*Ae. albopictus* (RC = 2,1 ; IC 95% = 1,41-3) et d'*Ae. aegypti* (RC = 2,3 ; IC 95%, 1,8-3,1) ($p < 0,05$), entre (2) une eau polluée et une eau turbide et la présence des stades immatures de deux espèces ($p < 0,01$), et entre (3) les pots de fleurs et les pneus usagés respectivement ($p < 0,05$) (Tableau XVII). En outre, la présence des nymphes d'*Ae. albopictus* a été associée aux gîtes à faible contenance (RC = 0,7 ; IC 95% = 0,4-1 ; $p < 0,05$) et à ceux en matériau en caoutchouc (RC = 2,6 ; IC 95% = 1,2-5,1 ; $p < 0,05$). Par contre, la présence des nymphes d'*Ae. aegypti* a été associée à des gîtes situés à une hauteur élevée, entre 3 et 5m, du sol (RC = 21,5 ; IC 95% = 0,8-363,1 ; $p < 0,05$) (Tableau XVII). Les valeurs des rapports de cote pour toutes les modalités sont présentées en Annexe 5.

Tableau XVI : Niveau de colonisation des types de gîtes dans la ville de Yaoundé par *Aedes albopictus* et *Aedes aegypti*.

| Espèces | Type de gîtes | | | | | | | | |
|-----------------------------|---------------------|-------------------------|--------------------------------|-----------------------|-------------------------------|----------------------------|--------------------|-----------------|--------------------|
| | Domestiques | | | Péri-domestiques | | | | Naturels** | Total |
| | Abreuvoirs n (%) | Pots de fleurs n (%) | Réipients de stockage n (%) | Pneus usagés n (%) | Réipients abandonnés n (%) | Epaves de voiture n (%) | Autres* n (%) | n (%) | |
| <i>Ae. albopictus</i> | 42 (0,4) | 176 (1,6) | 654 (6,1) | 2763 (25,58) | 4008 (37,1) | 482 (4,5) | 982 (9,1) | 68 (0,6) | 9175 (85) |
| <i>Ae. aegypti</i> | 33 (0,3) | 3 (0,03) | 105 (1) | 214 (2) | 930 (8,6) | 105 (1) | 221 (2,1) | 15 (0,2) | 1626 (15,1) |
| <i>p-value</i> ^o | > 0,05 | < 0,001 | < 0,001 | < 0,001 | < 0,001 | < 0,001 | < 0,001 | < 0,001 | < 0,001 |
| Total | 75 (0,7) | 179 (1,7) | 759 (7) | 2977 (27,6) | 4938 (45,7) | 587(5,4) | 1203 (11,1) | 83 (0,8) | 10801 (100) |

n, abondance des stades immatures collectés ; %, pourcentage des stades immatures calculé à partir du nombre total de stades immatures ; *, Autres regroupent principalement les creux de parpaings, les bâches, les gouttières, les épaves et casques de moto, couvercles de marmites, épaves d'appareils électroniques et électroménagers ; **, Naturels regroupent les coquilles d'escargot et de noix de coco, les creux d'arbres et de rochers, et les aisselles de plantes ; o, les valeurs de probabilité ont été obtenues à partir du tableau de contingence du test de Chi carré.

Tableau XVII : Caractéristiques environnementales des gîtes larvaires associés à la présence des nymphes et des stades immatures d'*Aedes albopictus* et *Aedes aegypti*.

| Paramètres environnementaux [†] | Modalités | Nymphes | | | | | Stades immatures | | | | |
|--|-----------------------|--------------------|------|--------------------------|-----------------------|-----------------------|--------------------|------|-----------------------|-----------------------|---------------------|
| | | <i>Ae. aegypti</i> | | | <i>Ae. albopictus</i> | | <i>Ae. aegypti</i> | | | <i>Ae. albopictus</i> | |
| | | Nombre | % | RC (IC 95%) | % | RC (IC 95%) | Nombre | % | RC (IC 95%) | % | RC (IC 95%) |
| Hauteur par rapport au sol (m) | faible (< 1) | 214 | 91,7 | 1,7 (0,51-10,64) | 90 | 1 (0,6-1,7) | 373 | 87,9 | 0,8 (0,5-1,6) | 89,5 | 0,9 (0,6-1,5) |
| | moyenne [1-3[| 21 | 5,6 | Réf | 9,5 | Réf | 42 | 10,6 | Réf | 9,8 | Réf |
| | élevée [3-5] | 2 | 2,8 | 21,5 (0,8-363,1)* | 0,5 | 1,8 (0,1-20) | 4 | 1,5 | 10,6 (1-236,8) | 0,7 | 4,3 (0,4-94,5) |
| Exposition solaire | exposé | 94 | 47,2 | 2 (0,9-4,3) | 38,3 | 1,2 (0,8-1,7) | 170 | 44,7 | 1,6 (1,1-2,4)* | 38,7 | 1,20 (0,9-1,6) |
| | partiellement ombragé | 104 | 33,3 | Réf | 45,8 | Réf | 186 | 40,9 | Réf | 46 | Réf |
| | ombragé | 39 | 19,4 | 1,8 (0,7-4,7) | 15,9 | 1,1 (0,7-1,7) | 63 | 14,4 | 1,1 (0,6-1,9) | 15,3 | 1,04 (0,7-1,6) |
| Matériel du gîte | plastique | 127 | 61,1 | 2,3 (0,5-42,1) | 52,2 | 1 (0,51-2,05) | 242 | 65,2 | 1,3 (0,6-3,3) | 54,4 | 0,9 (0,5-1,6) |
| | caoutchouc | 68 | 27,8 | 3,8 (0,7-69,6) | 28,9 | 2,6 (1,2-5,1)* | 101 | 16,7 | 1,2 (0,5-3) | 27,5 | 2,1 (1,1-4)* |

| | | | | | | | | | | | |
|------------------------------------|------------------|-----|------|-----------------|------|-----------------------|-----|------|------------------------|------|-----------------------|
| | métal | 28 | 8,3 | 1,5 (0,2-29,9) | 12,4 | 1,13 (0,5-2,6) | 49 | 12,9 | 1,2 (0,5-3,3) | 11,1 | 0,8 (0,4-1,6) |
| | naturel | 2 | | 0 (0-3,2e+11) | 1 | 1,3 (0,2-6,3) | 2 | | 0 | 0,7 | 0,7 (0,1-3,2) |
| | divers | 12 | 2,8 | Réf | 5,5 | Réf | 25 | 5,3 | Réf | 6,3 | Réf |
| Contenance du gîte (L) | faible < 5 | 72 | 25 | 0,5 (0,2-1,3) | 31,3 | 0,7 (0,4-1)* | 144 | 42,4 | 1,4 (0,8-2,2) | 30,7 | 0,6 (0,4-0,9)* |
| | moyenne [5-20[| 82 | 38,9 | 0,86 (0,4-2) | 33,8 | 0,7 (0,5-1,1) | 138 | 29,5 | 0,9 (0,5-1,5) | 34,5 | 0,7 (0,5-1) |
| | élevée [20-50[| 70 | 30,6 | Réf | 29,4 | Réf | 113 | 22 | Réf | 29,3 | Réf |
| | très élevée > 50 | 13 | 5,6 | 0,6 (0,1-2,5) | 5,5 | 0,6 (0,3-1,2) | 24 | 6,1 | 1 (0,4-2,2) | 5,6 | 0,6 (0,3-1,1) |
| Qualité de l'eau | claire | 132 | 55,6 | Réf | 55,7 | Réf | 243 | 59,1 | Réf | 57,5 | Réf |
| | polluée | 6 | 2,8 | 0,3 (0,02-1,56) | 2,5 | 0,3 (0,1-0,6)* | 10 | 1,5 | 0,2 (0-0,5)* | 2,8 | 0,3 (0,1-0,5)* |
| | turbide | 99 | 41,7 | 2 (1-4)* | 41,8 | 2,4 (1,8-3,4)* | 166 | 39,4 | 1,9 (1,30-2,8)* | 39,7 | 2,5 (1,8-3,4)* |
| Présence de débris végétaux | oui | 88 | 38,9 | Réf | 36,8 | Réf | 167 | 39,4 | Réf | 40,1 | Réf |
| | non | 149 | 61,1 | 1,9 (1-3,9) | 63,2 | 2,5 (1,8-3,5)* | 252 | 60,6 | 2,1 (1,41-3)* | 59,9 | 2,3 (1,8-3,1)* |
| Type de gîte | Abreuvoirs | 1 | 2,8 | Réf | | Réf | 8 | 3,8 | Réf | 1 | Réf |

| | | | | | | | | | | |
|------------------------|-----|------|------------------|------|----|-----|------|---------------------|------|------------------------|
| Divers | 25 | 8,3 | 0,7 (0,1-14) | 10,9 | NC | 51 | 14,4 | 0,8 (0,3-2,8) | 11,1 | 3,5 (1-16) |
| Epaves de voiture | 14 | 11,1 | 3,4 (0,4-69,5) | 5 | NC | 14 | 3,8 | 0,7 (0,2-2,9) | 3,1 | 3 (0,7-15,7) |
| Naturels | 3 | | 0 (0-3,9e+27) | 1,5 | NC | 6 | 1,5 | 0,3 (0-1,9) | 1,4 | 1,6 (0,3-9,3) |
| Pneus usagés | 69 | 27,8 | 1 (0,2-18,8) | 29,4 | NC | 103 | 17,4 | 0,4 (0,1-1,3) | 27,9 | 4,1 (1,3-18,3)* |
| Pots de fleur | 2 | | 0 (0-1,4e+20) | 1 | NC | 6 | 0,8 | 0,1 (0-0,7)* | 1,7 | 1,1 (0,2-6,1) |
| Récipients abandonnés | 101 | 38,9 | 0,46 (0,08-8,51) | 43,3 | NC | 191 | 47,7 | 0,34 (0,12-1,10) | 44,6 | 1,6 (0,5-7) |
| Récipients de stockage | 22 | 11,1 | 0,5 (0,1-11) | 9 | NC | 40 | 10,6 | 0,3 (0,1-1,1) | 9,1 | 1,3 (0,4-5,8) |

RC, rapport de cote ; IC 95%, intervalle de confiance estimée à 95% ; *, association significative à $p < 0,05$; NC, non calculé ; Réf, Référentiel de comparaison pour estimer le rapport de cotes ; †, Seuls les paramètres environnementaux où une association significative a été observée sont présentées dans ce tableau.

III.1.1.2.4. Distribution spatiale des stades immatures d'*Ae. albopictus* et *Ae. aegypti* dans la ville de Yaoundé

Un total de 10801 spécimens d'*Ae. albopictus* et/ou d'*Ae. aegypti* ont été obtenus après émergence des adultes, soit 84,95% d'*Ae. albopictus* et 15,05% d'*Ae. aegypti* (voir Tableau XIII ci-dessus). La distribution spatiale a montré que les deux espèces d'*Aedes* ont été trouvées à travers la ville de Yaoundé avec une fréquence significativement plus élevée d'*Ae. albopictus* en milieu péri-urbain comme en milieu urbain ($p < 0,001$) ; ce qui suggère une expansion efficace et un avantage compétitif de cette espèce sur l'espèce indigène. Toutefois, dans la zone rurale, aucune différence significative n'a été constatée entre les deux espèces d'*Aedes* ($p > 0,05$), bien qu'*Ae. aegypti* semble dominante. En effet, *Ae. albopictus* a été prédominante dans la quasi-totalité des quartiers avec une différence significative ($p < 0,05$), excepté à Afanoyoa II et Eyang (deux zones rurales) où *Ae. aegypti* a significativement prédominé avec des pourcentages supérieurs à 1% contre moins de 0,5% pour l'espèce invasive ($p < 0,001$) (Figure 27).

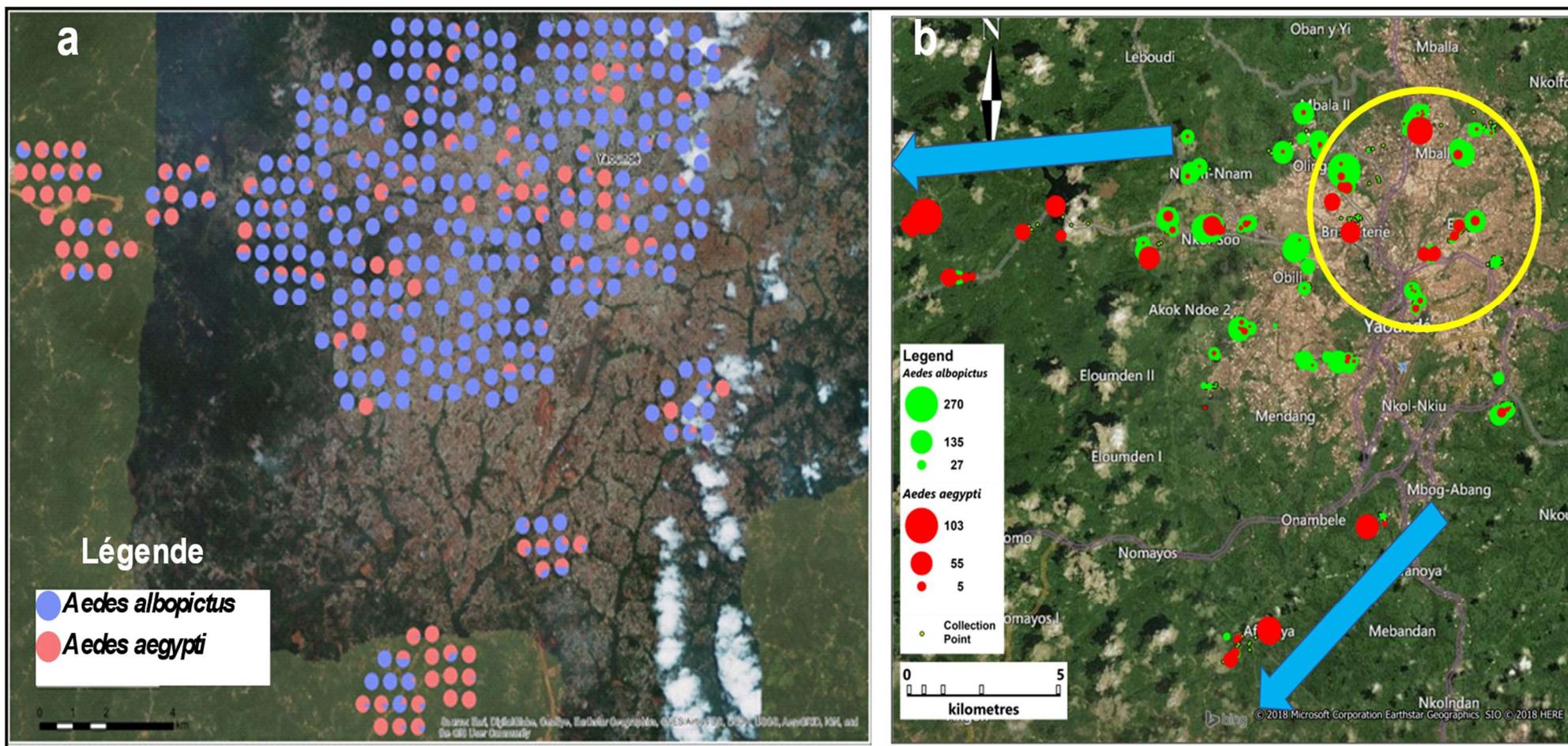


Figure 27 : Distribution spatiale d'*Aedes albopictus* et *Aedes aegypti* dans la ville de Yaoundé

a, distribution des deux espèces par gîte positif, chaque camembert représente les proportions de chaque espèce de moustique dans un gîte positif donné ; b, distribution des deux espèces par quartier, chaque taille de cercle est proportionnelle à son abondance.

III.1.2. Rôle épidémiologique d'*Aedes albopictus* et *Aedes aegypti* dans la transmission des virus de la dengue, du chikungunya et du Zika

Un total de 1712 femelles de moustiques a été collecté après 45 séances de capture au Jardin Zoo-Botanique de Mvog-Betsi (JZBM) et au quartier Mokolo-Elobi. Le genre *Aedes* a été majoritaire avec 62,67%, dont 57,65% pour *Aedes albopictus* et 5,02% pour *Aedes aegypti*. Le genre *Culex* a été représenté à 37,32% (Tableau XVIII).

III.1.2.1. Infections naturelles des populations d'*Aedes albopictus* et d'*Aedes aegypti* par les virus de la dengue, du chikungunya et du Zika

La recherche des virus par RT-PCR a été faite sur un total de 898 individus de femelles d'*Aedes* à jeun, répartis comme indiqué dans le tableau XVIII. Les 31 pools de moustiques testés pour les trois virus (ZIKV, CHIKV et DENV) chez les deux espèces d'*Aedes* se sont révélés négatifs (Tableau XVIII).

Tableau XVIII : Nombre de pools testés par espèce d'*Aedes* et par localité

| Localité | Espèces | Femelles de moustiques à jeun | Femelles de moustiques gorgées | Total | Nombre de pools d' <i>Aedes</i> testés | Nombre de pools d' <i>Aedes</i> positifs |
|--------------|-----------------------|-------------------------------|--------------------------------|-------------|--|--|
| JZBM | <i>Ae. albopictus</i> | 810 | 150 | 960 | 27 | 0 |
| | <i>Culex</i> sp. | 65 | 535 | 600 | - | - |
| Mokolo-Elobi | <i>Ae. albopictus</i> | 20 | 7 | 27 | 1 | 0 |
| | <i>Ae. aegypti</i> | 68 | 18 | 86 | 3 | 0 |
| | <i>Culex</i> sp. | 22 | 17 | 39 | - | - |
| Total | <i>Ae. albopictus</i> | 830 | 157 | 987 | 28 | 0 |
| | <i>Ae. aegypti</i> | 68 | 18 | 86 | 3 | 0 |
| | <i>Culex</i> sp. | 87 | 552 | 639 | - | - |
| | Total | 985 | 727 | 1712 | 31 | 0 |

JZBM, Jardin Zoo-Botanique de Mvog-Betsi

III.1.2.2. Origine des repas de sang ingéré par *Aedes albopictus* et *Aedes aegypti*

L'origine des reliquats de repas de sang ingéré par les femelles d'*Ae. albopictus* et d'*Ae. aegypti* a été évaluée sur un total de 175 femelles gorgées d'*Aedes* (80% *Ae. albopictus*). Globalement, les femelles des *Aedes* se sont gorgées sur 3 catégories d'hôtes : l'homme, un primate non-humain et une chauve-souris. Les indices de repas de sang humain (IRH), primate non-humain (IRP) et chauve-souris (IRC) ont été estimés. Les résultats ont montré que les femelles d'*Aedes* se gorgent préférentiellement sur l'homme à un IRH de 96% (Tableau XIX). Cependant, un hôte primate non-humain, *Papio anubis* (Lesson, 1827) et un mammifère, la chauve-souris appartenant à l'Ordre des Chiroptères ont été retrouvés parmi les hôtes des femelles d'*Ae. albopictus* collectées au JBZM. Pour les espèces de chauve-souris incriminées, la comparaison de la séquence de la chauve-souris obtenue avec les séquences publiées dans les banques de données GenBank et BOLD Systems a indiqué que 4 espèces potentielles auraient servi (un degré de similarité > 95%) pour le gorgement d'*Ae. albopictus* ; il s'agit de : *Hypsignatus montrosus* Allen, 1861 (98% de similarité), *Epomops buettikoferi* Matschie, 1899 (95% de similarité), *Epomops wahlbergi* (96% de similarité), et *Epomops franqueti* Tomes, 1860 (98% de similarité) qui appartiennent toutes à la famille des Pteropodidae.

Tableau XIX : Origine des repas de sang ingérés par les femelles d'*Aedes albopictus* et *Aedes aegypti*

| Localité | Espèces | Femelles gorgées | Homme (IRH) | Singe (<i>Papio anubis</i>) (IRP) | Chauve-souris (IRC) | Hôte non identifié |
|--------------|-----------------------|------------------|--------------------|-------------------------------------|---------------------|--------------------|
| JZBM | <i>Ae. albopictus</i> | 150 | 143 (95,33) | 01 (0,66) | 01 (0,66) | 05 |
| Mokolo-Elobi | <i>Ae. albopictus</i> | 07 | 07 (100) | 0 | 0 | 0 |
| | <i>Ae. aegypti</i> | 18 | 18 (100) | 0 | 0 | 0 |
| Total | <i>Ae. albopictus</i> | 157 | 150 (95,54) | 01 (0,6) | 01 (0,6) | 05 |
| | <i>Ae. aegypti</i> | 18 | 18 (100) | 0 | 0 | 0 |
| | Total | 175 | 168 (96) | 01 (0,57) | 01 (0,57) | 05 |

JZBM, Jardin Zoo-Botanique de Mvog-Betsi ; IRH, Indice de repas de sang humain ; IRP, Indice de repas de sang de primate non-humain, IRC, Indice de repas de sang de Chauve-souris.

III.1.3. Niveau de diversité génétique des populations d'*Aedes albopictus* et *Aedes aegypti*

III.1.3.1. Niveau de diversité génétique des populations d'*Aedes albopictus* à l'aide du gène mitochondrial mtCOI

III.1.3.1.1. Polymorphisme et diversité génétique

L'analyse d'une portion de 636 nucléotides du gène mtCOI de 226 individus d'*Ae. albopictus* collectés dans 17 localités a révélé un faible polymorphisme avec 4 sites mutationnels définissant 5 haplotypes. L'haplotype 1 (H1) majoritaire (79,7%) est présent dans toutes les localités exceptées Bafia et Kribi où les haplotypes 2 et 3 (H2 et H3) ont été prédominants à 51,1% et 51,5% respectivement (Figure 28, Tableau XX). Une faible diversité haplotypique (dH) de 0,32 a été obtenue, variant de 0,13 pour la localité de Garoua-Boulaï à 0,65 pour la localité de Yaoundé. Les fréquences de chaque haplotype par localité sont présentées en Annexe 6. Dans l'ensemble, toutes les valeurs des tests statistiques de Tajima, de Fu et de Fu et Li estimées étaient négatives ($D = -0,43$, $D^* = -0,43$, $F_s = -0,93$, et $F^* = -0,40$), mais statistiquement non significatives (Tableau XX). Ces valeurs négatives suggèrent une récente expansion de la population.

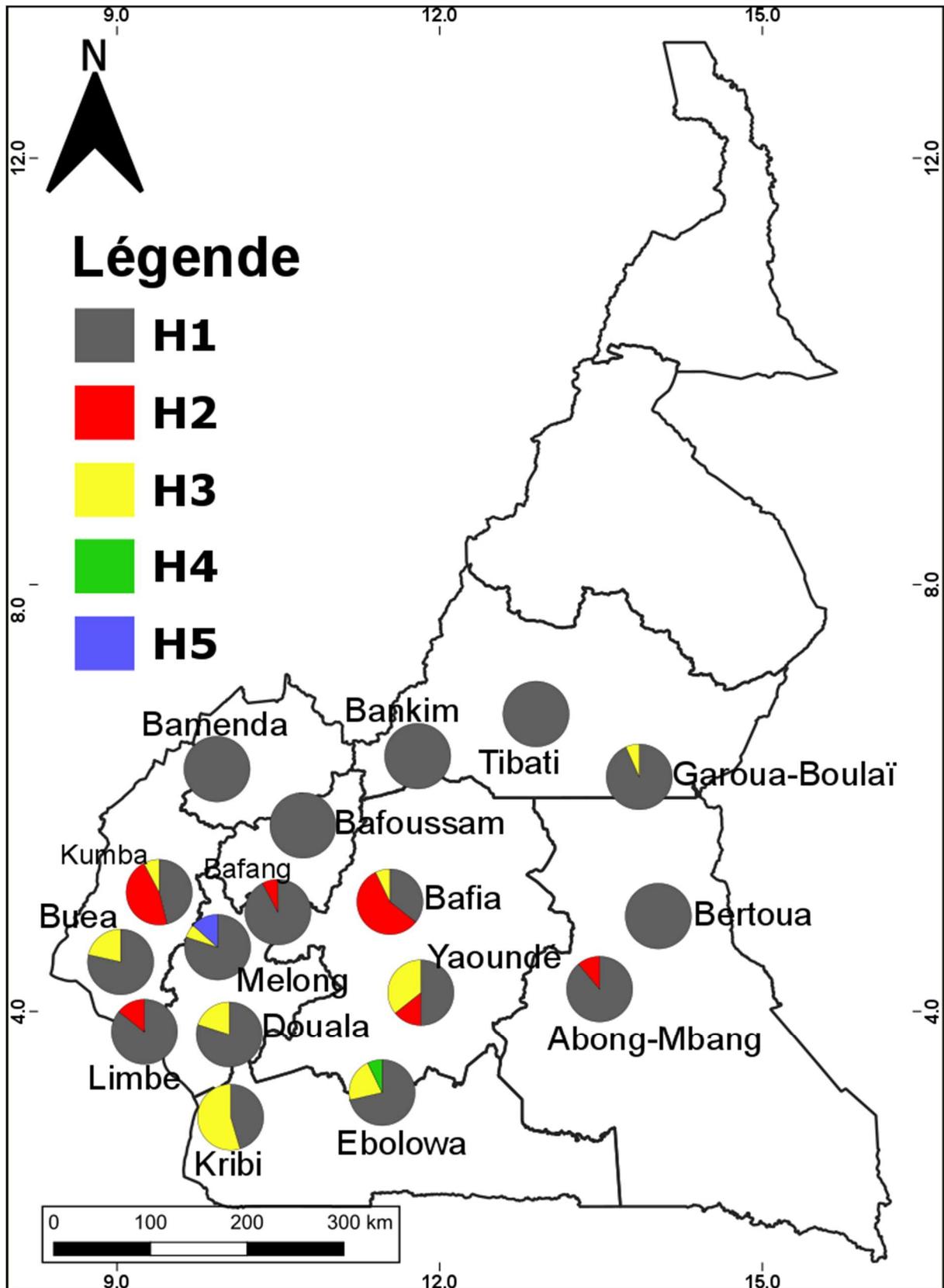


Figure 28 : Distribution géographique des haplotypes (H1, H2, H3, H4, H5) du gène mtCOI des populations d'*Aedes albopictus*

Tableau XX : Diversité génétique et tests statistiques du polymorphisme du gène mtCOI d'*Aedes albopictus* du Cameroun.

| Location | n | Hp | S | dh | π (k) | D | D* | Fs | F* |
|-----------------|------------|------------|----------|-------------|-----------------------------|--------------|--------------|--------------|--------------|
| Bankim | 14 | H1 | 0 | NC | 0,0000 (0,000) | NC | 0,00 | 0,00 | NC |
| Tibati | 14 | H1 | 0 | NC | 0 | NC | 0 | 0 | NC |
| Abong- | 9 | H1, H2 | 2 | 0,22 | 0,0007 (0,444) | -1,36 | -1,51 | 0,67 | -1,50 |
| Bertoua | 15 | H1 | 0 | NC | 0,0000 (0,000) | NC | 0,00 | 0,00 | NC |
| Garoua- | 15 | H1, H3 | 1 | 0,13 | 0,0002 (0,133) | -1,16 | -1,43 | -0,65 | -1,41 |
| Bafia | 14 | H1, H2, H3 | 2 | 0,58 | 0,0016 (1,022) | 1,70 | 0,94 | 0,91 | 1,17 |
| Yaoundé | 14 | H1, H2, H3 | 2 | 0,65 | 0,0013 (0,802) | 0,75 | 0,93 | 0,40 | 0,92 |
| Bafang | 13 | H1, H2 | 2 | 0,15 | 0,0005 (0,308) | -1,47 | -1,78 | 0,36 | -1,75 |
| Bafoussam | 14 | H1 | 0 | NC | 0,0000 (0,000) | NC | 0,00 | 0,00 | NC |
| Bamenda | 13 | H1 | 0 | NC | 0,0000 (0,000) | NC | 0,00 | 0,00 | NC |
| Kumba | 13 | H1, H2, H3 | 2 | 0,62 | 0,0017 (1,077) | 1,88 | 0,95 | 0,93 | 1,23 |
| Melong | 15 | H1, H3, H5 | 2 | 0,36 | 0,0006 (0,381) | -1,00 | -0,48 | -0,92 | -0,64 |
| Douala | 10 | H1, H3 | 1 | 0,36 | 0,0006 (0,355) | 0,015 | 0,80 | 0,42 | 0,63 |
| Buea | 14 | H1, H3 | 1 | 0,36 | 0,0006 (0,363) | 0,32 | 0,72 | 0,64 | 0,64 |
| Limbe | 14 | H1 | 2 | 0,26 | 0,0008 (0,527) | -0,44 | 0,94 | 1,25 | 0,60 |
| Ebolowa | 14 | H1, H3, H4 | 2 | 0,47 | 0,0009 (0,582) | -0,20 | -0,45 | -0,21 | -0,40 |
| Kribi | 11 | H1, H3 | 1 | 0,55 | 0,0009 (0,545) | 1,44 | 0,78 | 1,14 | 0,96 |
| Total | 226 | 5 | 4 | 0,35 | 0,0008 (0,503) | -0,43 | -0,43 | -0,93 | -0,51 |

n, nombre de séquences analysées ; Hp, liste des haplotypes présents ; S, nombre de sites polymorphes sur 636 nucléotides ; π , diversité nucléotidique ; k, nombre moyen des différences nucléotidiques ; dh, diversité haplotypique ; Fs, test statistique de Fu ; D, test statistique de Tajima ; D* et F*, tests statistiques de Fu and Li ; NC, non calculé.

III.1.3.1.2. Phylogénie du gène mtCOI chez les populations d'*Aedes albopictus* du Cameroun

L'analyse des relations phylogénétiques entre les haplotypes du gène mtCOI a montré que ceux-ci dérivent d'un seul ancêtre commun, séparés les uns des autres par un seul pas mutationnel (Figure 29).

L'analyse phylogéographique inclus des séquences d'*Ae. albopictus* précédemment publiés dans GenBank originaire d'Asie, d'Italie, d'Amérique et du Congo. Cette analyse indique que les haplotypes se regroupent en deux lignées génétiques distinctes (Figure 30). La première lignée regroupe les séquences originaires des régions tropicales des USA, la Chine, la Thaïlande, Singapour et le Congo ; et la deuxième lignée regroupe les séquences des régions tempérées du Japon, de l'Italie, et d'autres parties de Singapour et de la Chine. Tous les haplotypes du Cameroun sont liés à la lignée tropicale, suggérant que les populations d'*Ae. albopictus* du Cameroun proviendraient d'autres régions tropicales du monde.

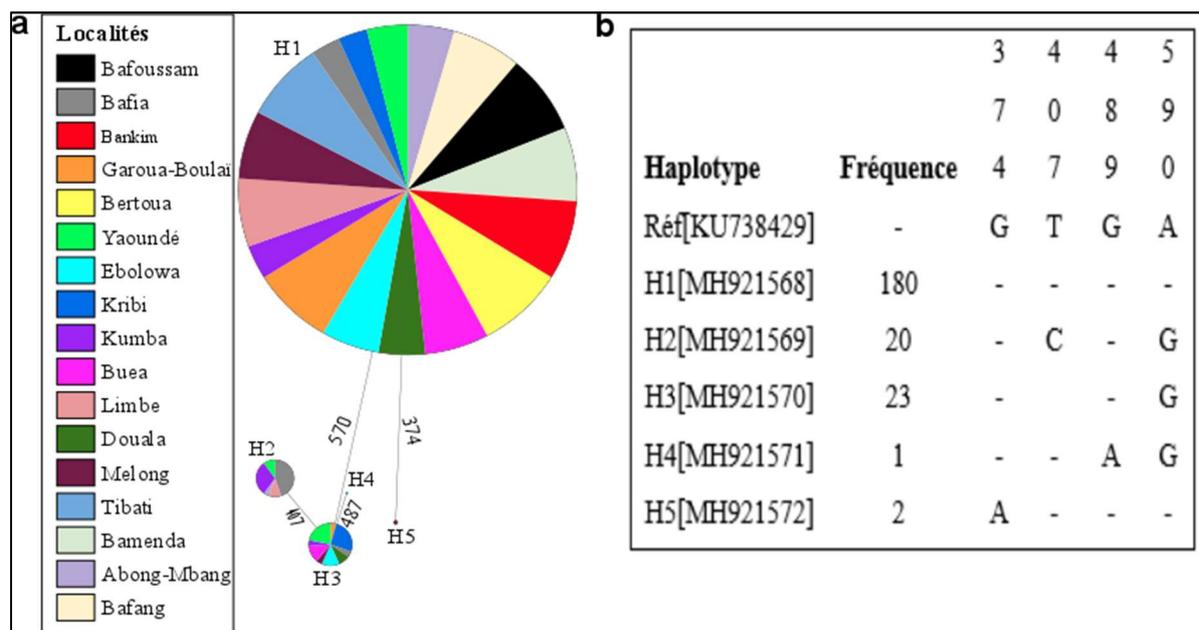


Figure 29 : Diversité génétique du gène mtCOI des populations d'*Aedes albopictus* du Cameroun

a, Réseau d'haplotypes montrant la relation existante entre les 5 haplotypes et b, Positions polymorphiques des différents haplotypes à partir de la séquence de référence d'*Ae. albopictus* originaire de Chine (JF309317). H ; haplotype ; Réf, séquence de référence.

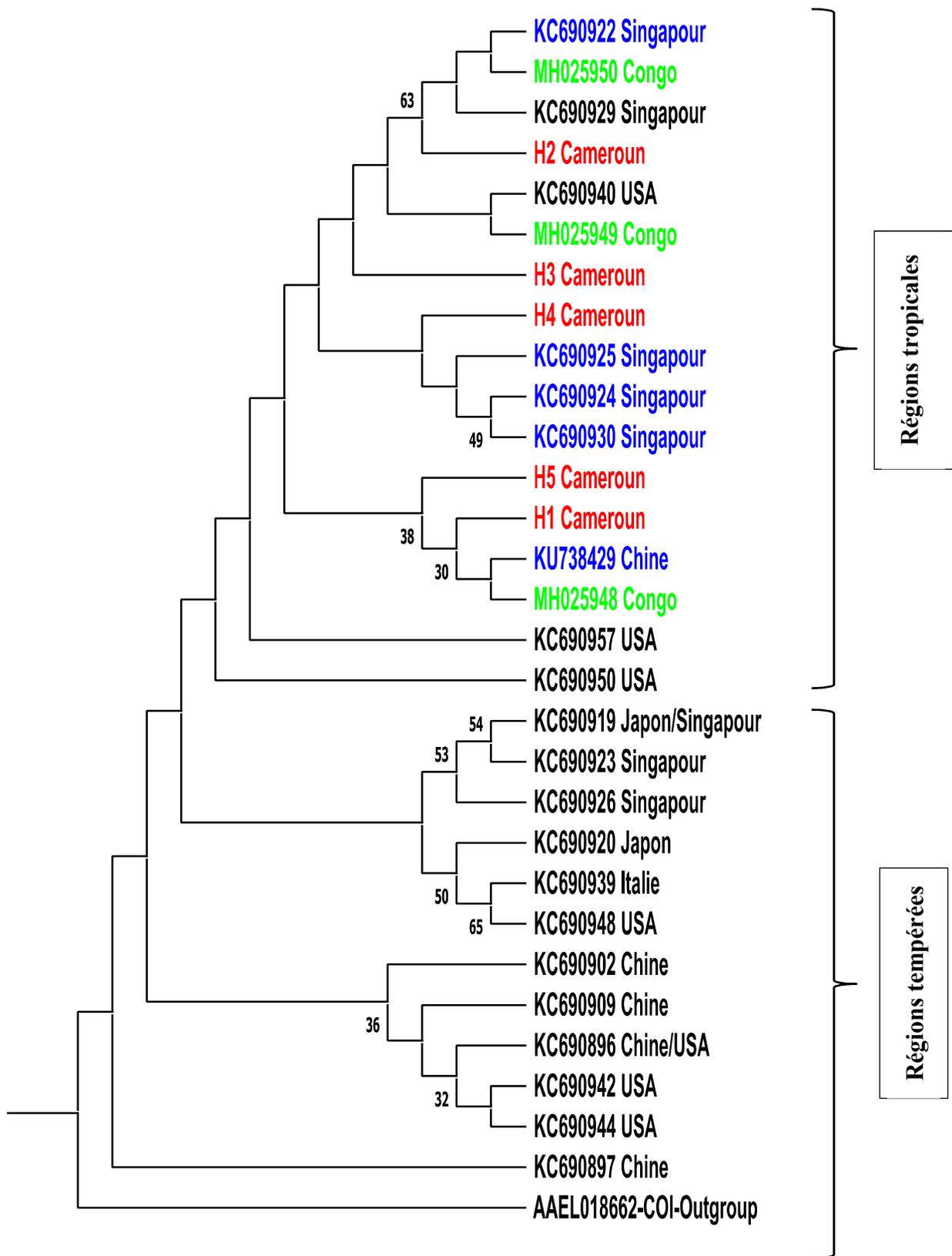


Figure 30 : Analyse phylogénétique du gène mtCOI des échantillons d'*Aedes albopictus* par la méthode de maximum de vraisemblance

L'Outgroup est une séquence d'ADN mitochondrial d'*Aedes aegypti*.

II.1.3.2. Diversité génétique des gènes DOME et PIAS des populations d'*Aedes aegypti*

II.1.3.2.1. Polymorphisme et diversité génétique

Au total, 176 séquences de 922 pb du gène DOME et 112 séquences de 905 pb du gène PIAS, des échantillons d'*Ae. aegypti* de 9 localités du Cameroun, ont été analysées. Un fort polymorphisme a été observé avec 22 et 27 sites mutationnelles définissant 28 et 21 haplotypes pour les gènes DOME et PIAS respectivement. La diversité haplotypique globale a été élevée pour le gène DOME ($dH = 0,82$), avec des valeurs comprises entre 0,62 pour la localité de Melong et 0,89 pour la localité de Garoua (Tableau XXI). Pour le gène PIAS, elle a été 0,64 avec des valeurs comprises entre 0 pour la localité de Parc-Bénoué et 0,8 pour la localité de Yaoundé (Tableau XXII). L'haplotype 2 (H2) a été l'haplotype prédominant pour les deux gènes à 30,11% pour le gène DOME et 58,92% pour le gène PIAS. Cet haplotype majoritaire pour les deux gènes a été retrouvé dans toutes les localités (Figures 31a et 31b), suggérant qu'il serait l'haplotype ancestral. Les fréquences de chaque haplotype par localité sont présentées en Annexes 7 et 8 pour les gènes DOME et PIAS respectivement.

Globalement, les résultats des tests D de Tajima (Tajima, 1989), D^* , F^* de Fu et Li's, et F_s de Fu ont été négatifs et non-significatifs, exceptés pour l'indice de Fu et Li pour le gène DOME ($D^* = 0,39$). Cependant, l'indice de Fu et Li dans la localité de Douala a été positif et significatif pour le gène PIAS ($D^* = 1,61$) (Tableaux XXI et XXII) ; ce qui suggère un signal d'expansion du gène chez les populations d'*Ae. aegypti* dans la localité.

Tableau XXI : Indices de diversité génétique du gène DOME des populations d'*Aedes aegypti* du Cameroun.

| Localités | 2n | Hp | S | dh | π (k) | D | D* | F* | Fs |
|--------------------|------------|-------------------------------------|-----------|-------------|----------------------|--------------|-------------|--------------|---------------|
| Maroua | 28 | H1, H2, H8, H10, H13, H14, H15, H16 | 6 | 0,84 | 2e-3 (1,67) | 0,25 | 0,46 | 0,46 | -2,05 |
| Garoua | 28 | H1, H2, H5, H7, H8, H9, H10, H11 | 7 | 0,89 | 2e-3 (1,72) | -0,12 | 1,27 | 1 | -1,93 |
| Parc-Bénoué | 14 | H1, H2, H10, H17, H18, H19 | 7 | 0,84 | 2,4e-3 (2,09) | -0,17 | 0,76 | 0,59 | -0,84 |
| Ngaoundéré | 22 | H1, H2, H10, H17, H18, H19 | 4 | 0,77 | 1,3e-3 (1,19) | 0,26 | 0,14 | 0,2 | -1,56 |
| Tibati | 28 | H1, H2, H9, H17, H19, H22, H23, H24 | 7 | 0,84 | 3e-7 (2,09) | -0,17 | 0,76 | 0,59 | -0,84 |
| Yaoundé | 16 | H1, H2, H5, H25, H26, H27, H28 | 6 | 0,82 | 2e-3 (1,75) | -0,09 | 1,27 | 1,03 | -2,11 |
| Douala | 16 | H1, H2, H3, H4, H5, H6 | 4 | 0,78 | 1,3e-3 (1,14) | -0,17 | 0,25 | 0,16 | -2,27 |
| Melong | 12 | H1, H2, H10 | 2 | 0,62 | 8e-4 (0,71) | 0,21 | 0,97 | 0,88 | 0,027 |
| Limbe | 12 | H1, H2, H10, H12 | 4 | 0,71 | 1,4e-3 (1,28) | -0,09 | -0,46 | -0,42 | -0,076 |
| Total | 176 | 28 | 22 | 0,82 | 1,8e-3 (1,52) | -1,65 | 0,39 | -0,49 | -23,74 |

2n, nombre de séquences diploïdes ; Hp, liste des haplotypes présents ; S, nombre de sites mutationnels ; dh, diversité haplotypique ; π , diversité nucléotidique ; k, nombre moyen de différences nucléotidiques ; D, indice de Tajima ; D* et F*, indices de Fu et Li ; Fs, indice de Fu.

Tableau XXII : Indices de diversité génétique du gène PIAS des populations d'*Aedes aegypti* du Cameroun.

| Localité | 2n | Hp | S | dh | π (k) | D | D* | F* | Fs |
|--------------|------------|--|-----------|-------------|--------------------|---------------|--------------|--------------|---------------|
| Maroua | 28 | H1, H2, H4, H5, H7, H8, H11, H12, H13 | 5 | 0,73 | 1,6e-3 (1,29) | 0,024 | 0,28 | 0,244 | -4,24 |
| Garoua | 14 | H2, H20 | 3 | 0,26 | 1e-3 (0,79) | -0,49 | 1,07 | 0,75 | 2,03 |
| Parc-Bénoué | 2 | H2 | 0 | 0 | 0 (0) | -0,61 | -0,61 | -0,47 | 0,17 |
| Ngaoundéré | 4 | H2, H21 | 1 | 0,5 | 6,5e-4 (0,5) | -0,61 | -0,61 | -0,47 | 0,17 |
| Yaoundé | 16 | H1, H2, H4, H5, H8, H14, H15, H16, H17 | 10 | 0,85 | 2,8e-3 (2,16) | -1,04 | -0,34 | -0,62 | -3,83 |
| Douala | 6 | H2, H18, H19 | 9 | 0,8 | 6,2e-3 (4,8) | 1,29 | 1,61* | 1,66 | 2,86 |
| Melong | 26 | H1, H2, H6, H7, H8, H9, H10 | 8 | 0,61 | 1,7e-3 (1,3) | -1,18 | -1,11 | -1,31 | -2,05 |
| Limbe | 16 | H1, H2, H3, H4, H5 | 5 | 0,53 | 1,1e-3 (0,84) | -1,45 | -1,05 | -1,33 | -1,87 |
| Total | 112 | 21 | 27 | 0,64 | 2e-3 (1,53) | -2,07* | -1,05 | -1,73 | -14,58 |

2n, nombre de séquences diploïdes ; Hp, liste des haplotypes présents ; S, nombre de sites mutationnels ; dh, diversité haplotypique ; π , diversité nucléotidique ; k, nombre moyen de différences nucléotidiques ; D, indice de Tajima ; D* et F*, indices de Fu et Li ; Fs, indice de Fu.

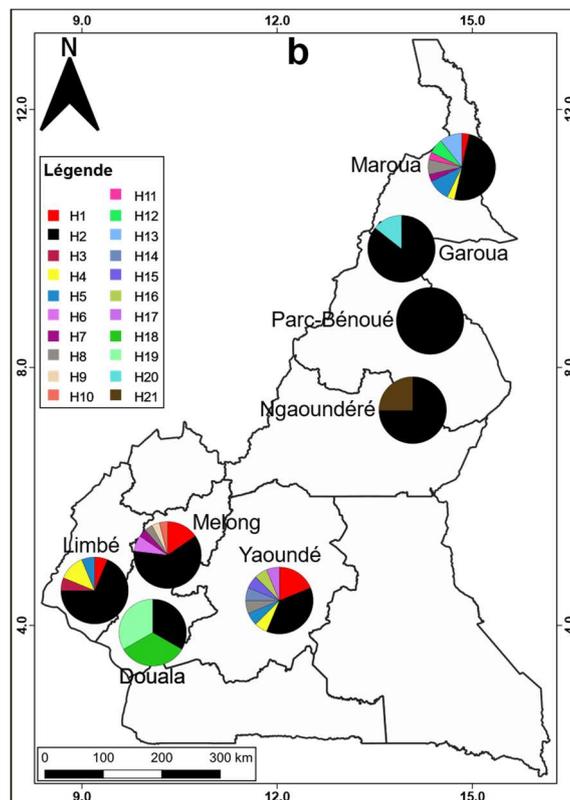
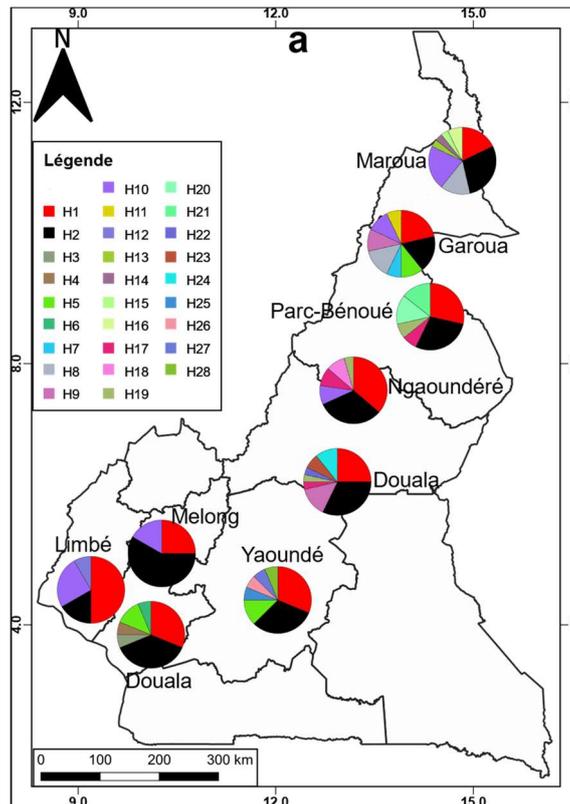


Figure 31 : Distribution des haplotypes des gènes immunitaires des échantillons d'*Aedes aegypti*

a, gène DOME ; b, gène PIAS.

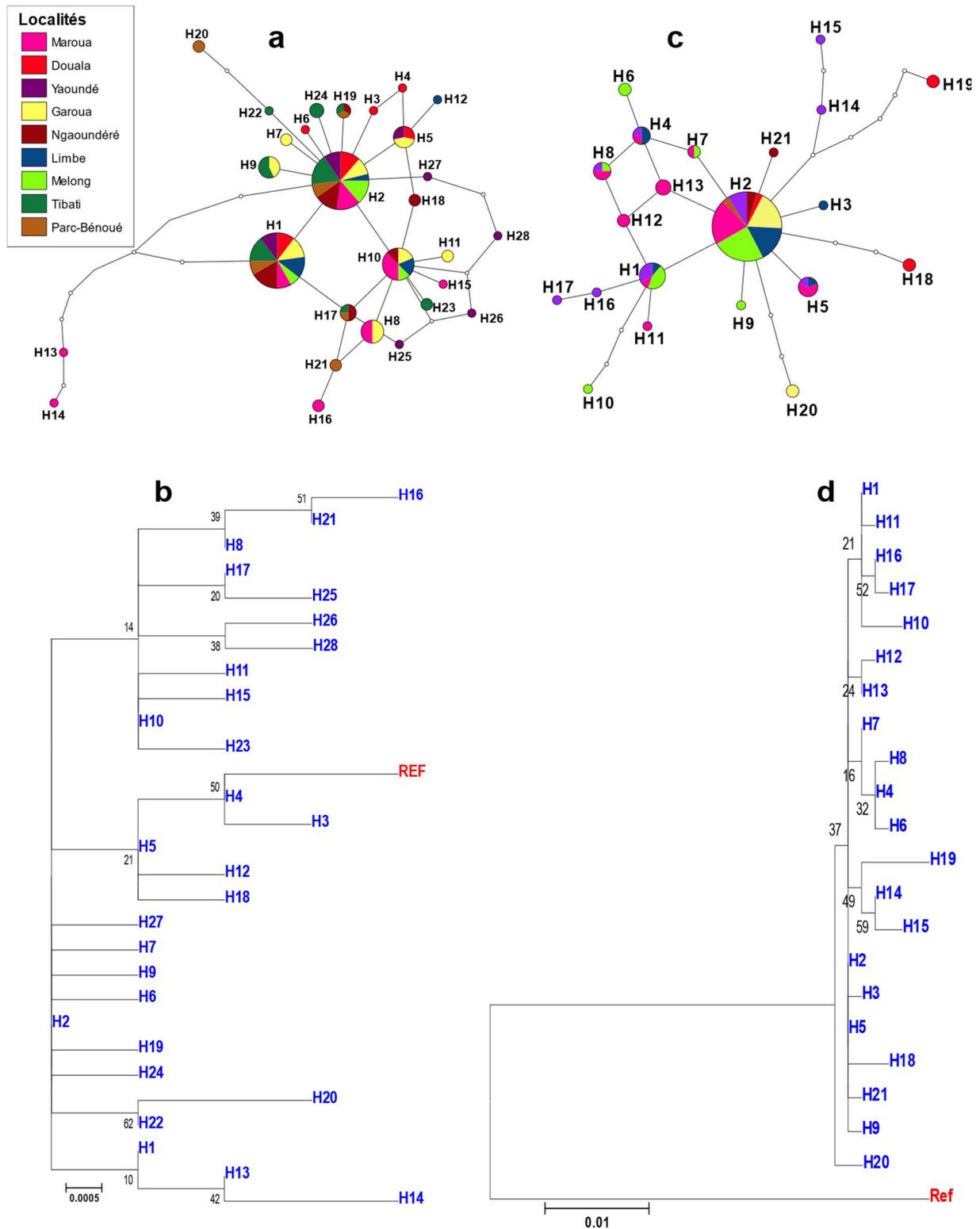


Figure 33 : Réseau d'haplotypes et analyses phylogénétiques des gènes DOME et PIAS des échantillons d'*Aedes aegypti* au Cameroun

a et b, gène DOME ; c et d, gène PIAS.

II.1.3.2.4. Niveau de polymorphisme et test de sélection des gènes DOME et PIAS

La sélection de chaque gène a été évaluée en calculant le ratio niveau de polymorphisme non-synonyme sur niveau de polymorphisme synonyme (pN/pS) dans chaque population. Pour le gène DOME, aucune substitution n'a été observée dans les sites synonymes et par conséquent le ratio ne pouvait être calculé afin d'évaluer la sélection (Tableau XXIII). En revanche, pour le gène PIAS, 4 substitutions dans les sites synonymes contre 15 substitutions dans les sites non-synonymes ont été observées. Ces résultats permettent d'avoir un ratio pN/pS de 1,81 qui suggère une sélection positive de ce gène au sein des populations d'*Ae. aegypti* du Cameroun (Tableau XXIV). La même observation a été faite dans les échantillons de Melong (pN/pS = 1,59), tandis que les sélections quasi-neutre et stabilisante ont été observées pour les populations de Douala (pN/pS = 1,06) et de Yaoundé (pN/pS = 0,71) respectivement (Tableau XXIV).

Tableau XXIII: Niveau de polymorphisme du gène DOME sur les populations d'*Aedes aegypti* du Cameroun.

| Localités | Substitutions synonymes | | | Substitutions non-synonymes | | | Niveau de Polymorphisme |
|--------------------|-------------------------|----------|------------|-----------------------------|----------|---------------|-------------------------|
| | S | m | π (pS) | S | m | π (pN) | pN/pS |
| Maroua | 30,35 | 0 | 0 | 101,65 | 1 | 7e-4 | NC |
| Garoua | 30,33 | 0 | 0 | 101,67 | 0 | 0 | NC |
| Parc-Bénoué | 30,4 | 0 | 0 | 101,6 | 1 | 2,6e-3 | NC |
| Ngaoundéré | 30,33 | 0 | 0 | 101,67 | 0 | 0 | NC |
| Tibati | 30,26 | 0 | 0 | 101,74 | 1 | 0 | NC |
| Yaoundé | 30,33 | 0 | 0 | 101,67 | 0 | 0 | NC |
| Douala | 30,33 | 0 | 0 | 101,67 | 0 | 0 | NC |
| Melong | 30,33 | 0 | 0 | 101,67 | 0 | 0 | NC |
| Limbe | 30,33 | 0 | 0 | 101,67 | 0 | 0 | NC |
| Total | 30,33 | 0 | 0 | 101,67 | 3 | 5,6e-4 | NC |

S, nombre de sites mutationnels sur 922 nucléotides ; m, nombre de mutations, π , diversité nucléotidique par site ; pN, niveau de polymorphisme non-synonyme ; pS, niveau de polymorphisme synonyme ; NC, non calculé.

Tableau XXIV : Niveau de polymorphisme du gène PIAS sur les populations d'*Aedes aegypti* du Cameroun.

| Location | Substitutions synonymes par site | | | Substitutions non-synonymes par site | | | Niveau de Polymorphisme |
|--------------------|----------------------------------|----------|---------------|--------------------------------------|-----------|-------------|-------------------------|
| | S | m | π (pS) | S | m | π (pN) | pN/pS |
| Maroua | 120,1 | 0 | 0 | 446,9 | 3 | 1,7e-3 | NC |
| Garoua | 120,14 | 0 | 0 | 446,86 | 3 | 1,7e-3 | NC |
| Parc-Bénoué | 120,17 | 0 | 0 | 446,83 | 0 | 0 | NC |
| Ngaoundéré | 120,08 | 0 | 0 | 446,92 | 1 | 1,1e-3 | NC |
| Yaoundé | 120,08 | 2 | 3,8e-3 | 446,92 | 6 | 2,7e-3 | 0,71 |
| Douala | 120,94 | 1 | 4,4e-3 | 446,06 | 4 | 4,7e-3 | 1,06 |
| Melong | 120,01 | 2 | 1,2e-3 | 446,99 | 4 | 1,9e-3 | 1,58 |
| Limbe | 120,13 | 0 | 0 | 446,88 | 3 | 1e-3 | NC |
| Total | 120,13 | 4 | 1,1e-3 | 446,87 | 15 | 2e-3 | 1,81 |

S, nombre de sites mutationnels sur 905 nucléotides ; m, nombre de mutations ; π , diversité nucléotidique par site ; pN, niveau de polymorphisme non-synonyme ; pS, niveau de polymorphisme synonyme ; NC, non calculé.

III-2. DISCUSSION

III.2.1. Distribution d'*Aedes albopictus* et *Aedes aegypti* à l'échelle du Cameroun

Les données collectées à l'échelle macro-géographique au Cameroun ont permis d'actualiser la distribution géographique d'*Ae. albopictus* et *Ae. aegypti*. Les résultats révèlent que la distribution d'*Ae. albopictus* reste limitée à la partie sud du pays, en deçà de la latitude 6,4°N, tandis qu'*Ae. aegypti* est présent dans toutes les régions du pays. La prédominance de l'espèce invasive, *Ae. albopictus*, sur l'espèce indigène, *Ae. aegypti*, a été également signalée dans la quasi-totalité des sites où les deux espèces coexistent. Ces observations sont conformes à celles faites précédemment au Cameroun (Simard *et al.*, 2005; Kamgang MBouhom *et al.*, 2010) et en République Centrafricaine en 2012 (Kamgang MBouhom *et al.*, 2013), qui ont montré une limitation de l'invasion d'*Ae. albopictus* au-dessus 6,5°N. Ceci suggérerait une limitation climatique à l'invasion de la partie septentrionale du pays plutôt qu'à un processus d'invasion dynamique comme avait suggéré Simard *et al.* (2005). En effet, les températures moyennes annuelles au Cameroun varient entre 23 et 28°C, et augmentent du Sud vers le Nord où les températures peuvent atteindre 40°C pendant la saison sèche (Gaymard *et al.*, 2015). Bien qu'*Ae. aegypti* et *Ae. albopictus* aient tous deux des œufs résistants à la dessiccation, des études antérieures ont montré que les œufs d'*Ae. aegypti* tolèrent mieux les températures élevées que ceux d'*Ae. albopictus* (Juliano *et al.*, 2002).

Dans certaines localités de la partie Sud du pays telles que Limbe, Edéa, *Ae. aegypti* a prédominé dans les centres urbains, tandis qu'*Ae. albopictus* a prédominé dans les zones périphériques entourées de végétation. A Douala, une des villes côtières du Cameroun, *Ae. aegypti* a prédominé indépendamment de l'environnement. Ces observations sont en adéquation avec celles faites précédentes qui avaient relevé la prédominance d'*Ae. aegypti* dans la ville de Douala de manière globale (Kamgang MBouhom *et al.*, 2010). Cependant, *Ae. albopictus* a prédominé dans les quartiers périphériques dans la quasi-totalité des localités où les deux espèces vivent en sympatrie, parfois aussi dans les quartiers centraux, bien que subsistent les spots d'*Ae. aegypti* dans ces environnements. Cette observation suggère que les conditions environnementales trouvées dans la plupart des villes de la partie Sud du pays, sont plus favorables au développement d'*Ae. albopictus*. Toutefois, des différences de proportions entre les deux espèces présentes dans différents endroits du Cameroun pourraient refléter les différences de facteurs environnementaux tels que le climat, la végétation et la densité du bâti, comme mentionné précédemment (Kamgang MBouhom *et al.*, 2010).

En revanche, il a été démontré qu'*Ae. aegypti* et *Ae. albopictus* coexistent dans les milieux sympatriques, probablement à cause du partage commun de la même niche écologique (habitats larvaires, source de repas de sang). Cette compétition peut entraîner le remplacement de l'espèce indigène par l'espèce invasive dans un environnement (Chan *et al.*, 1971; Lounibos, 2002; Juliano *et al.*, 2004). En effet, plusieurs études menées dans plusieurs parties du monde ont montré des changements de l'aire de répartition et d'abondance de l'espèce indigène *Ae. aegypti*, après l'introduction d'*Ae. albopictus* (O'meara *et al.*, 1995; Bagny *et al.*, 2009a; Bagny *et al.*, 2009b). Au Cameroun, où les deux espèces exploitent les mêmes types de ressources, tels que les ressources alimentaires, il est possible que des phénomènes de concurrence soient en cours. Cependant, ces phénomènes de concurrence restent mal connus ; mais de nombreux auteurs estiment qu'ils pourraient se produire dans la phase pré-imaginale et seraient dirigés par plusieurs facteurs tels que la température, les précipitations, la réaction aux symbiotes, aux parasites, aux prédateurs et aux interférences chimiques retardant la croissance (Lounibos, 2002; Juliano *et al.*, 2004). En outre, d'autres études ont démontré que l'interférence d'accouplement en faveur d'*Ae. albopictus*, appelée satyrisation, est l'une des causes probables du déplacement concurrentiel du résident *Ae. aegypti* par l'envahisseur *Ae. albopictus* dans les milieux où elles coexistent (Bargielowski *et al.*, 2013; Bargielowski et Lounibos, 2016). D'autre part, la coexistence d'*Ae. aegypti* et *Ae. albopictus* a été signalée dans certaines localités de la Floride (États-Unis) deux décennies après des déplacements compétitifs (Lounibos *et al.*, 2016).

Les pneus usagés ont été les gîtes les plus prospectés et les plus positifs en tant que sites de développement à travers le pays. Ce résultat est cohérent avec les études précédentes menées en Afrique Centrale, qui ont démontré que les pneus sont les gîtes les plus productifs pour *Ae. aegypti* et *Ae. albopictus* (Simard *et al.*, 2005; Kamgang MBouhom *et al.*, 2010; Kamgang MBouhom *et al.*, 2013; Ngoagouni *et al.*, 2015). La capacité d'*Ae. aegypti* et d'*Ae. albopictus* à coloniser les pneus usagés serait due au fait que ces espèces sont originaires des forêts d'Afrique pour *Ae. aegypti* et d'Asie pour *Ae. albopictus*. Dans ces environnements, les stades immatures se développent principalement dans les creux d'arbres naturels, qui partagent la caractéristique des pneus, notamment la couleur et l'intérieur sombres qui offrent un repos ou un site de ponte pour les individus des deux espèces comme cela a été suggéré précédemment (Kamgang MBouhom *et al.*, 2013). Néanmoins, dans cette étude, l'échantillonnage a ciblé principalement les garages et les magasins de pneumatiques afin d'augmenter les chances de trouver les larves d'*Aedes* spp. Il est important de souligner la présence remarquable des pneus

usagés utilisés comme protection des puits d'eau dans certaines localités telles que Garoua-Boulai, Bertoua, Bankim et Tibati.

La présence et la fréquence élevées d'*Ae. albopictus* dans le sud du Cameroun peuvent avoir un impact significatif sur l'épidémiologie des maladies arbovirales transmises par les moustiques. En effet, il a été démontré qu'*Ae. albopictus* est capable de transmettre environ 22 arbovirus (Gratz, 2004). Les travaux récents sur la compétence vectorielle en Afrique Centrale ont montré qu'*Ae. albopictus* est apte à transmettre les virus de la fièvre jaune (Kamgang MBouhom *et al.*, 2019), de la dengue (Kamgang MBouhom *et al.*, 2020b) et du Zika (Kamgang MBouhom *et al.*, 2020a). Il est intéressant de noter que l'émergence des virus de la dengue et du chikungunya dans les environnements domestiqués en Afrique Centrale coïncide avec l'introduction d'*Ae. albopictus* dans cette région (Paupy *et al.*, 2010; Mombouli *et al.*, 2013; Ngoagouni *et al.*, 2015). De plus, *Ae. albopictus* a été trouvée infectée par le virus Zika dans des conditions naturelles au Gabon en Afrique Centrale (Grard *et al.*, 2014). Il a également été démontré qu'*Ae. albopictus* originaire de Bangui en République Centrafricaine est capable de transmettre une souche enzootique du virus chikungunya (Ngoagouni *et al.*, 2017). Cette observation suggère que cette espèce peut servir de vecteur transitoire des virus, des zones selvatiques aux zones urbaines d'Afrique Centrale, si elle devient dominante dans les milieux sauvages. D'autres études évaluant la propagation de l'espèce envahissante *Ae. albopictus* en milieu selvatique et rural sont nécessaires pour élucider cette hypothèse.

La différence observée dans la répartition d'*Ae. albopictus* et *Ae. aegypti* à travers le pays, notamment la restriction d'*Ae. albopictus* dans la partie sud, suggère que la mise en œuvre d'un programme de lutte contre les vecteurs devrait tenir compte de la spécificité de chaque zone. Toutefois, les données recueillies à travers le pays montrent qu'un bon système de gestion des déchets d'origine domestique, y compris la destruction des pneus usagés, pourrait contribuer à réduire significativement la densité d'*Ae. aegypti* et *Ae. albopictus* au Cameroun, et à réduire indirectement le risque de transmission des arboviroses transmises par ces moustiques.

III.2.2. Niveau de colonisation d'*Aedes albopictus* et *Aedes aegypti* dans la ville de Yaoundé

L'objectif de cette partie de notre travail était d'évaluer le niveau de colonisation d'*Ae. albopictus* et *Ae. aegypti*, de caractériser la typologie des gîtes larvaires et de cartographier la distribution de ces deux espèces dans la ville de Yaoundé.

Nos analyses ont confirmé la co-occurrence d'*Ae. albopictus* et *Ae. aegypti* à travers la ville de Yaoundé, avec une prédominance d'*Ae. albopictus* dans les quartiers centraux et périphériques. Cette observation est en accord avec celle précédemment faite dans la même ville en 2007 qui soulignait la prédominance d'*Ae. albopictus* (Kamgang MBouhom *et al.*, 2010). La persistance d'*Ae. aegypti* dans quelques points dans les quartiers centraux à forte densité de bâti corrobore les observations précédentes faites en 2016 toujours à Yaoundé (Kamgang MBouhom *et al.*, 2017). La prédominance d'*Ae. albopictus* à travers la ville de Yaoundé suggère qu'il y aurait un avantage compétitif de cette espèce sur l'espèce indigène *Ae. aegypti* comme suggéré dans des travaux précédents (Kamgang MBouhom *et al.*, 2010; Kamgang MBouhom *et al.*, 2017). Des observations similaires ont été faites dans plusieurs pays du monde après l'introduction d'*Ae. albopictus*, notamment au Brésil (Bracks *et al.*, 2004; Camara *et al.*, 2016), en Floride (Bracks *et al.*, 2003; Rey *et al.*, 2006), et en Australie (Muzari *et al.*, 2019). Certains auteurs ont expliqué des facteurs tels que la température, les précipitations, la réaction aux symbiotes, aux prédateurs et aux interférences chimiques seraient les principaux facteurs à l'origine du retard de croissance lors du développement larvaire chez *Ae. aegypti* par rapport à *Ae. albopictus* (Juliano *et al.*, 2002; Juliano *et al.*, 2004). D'autres travaux ont également montré que les deux espèces sont capables de s'accoupler dans la nature avec une habilité pour les mâles d'*Ae. albopictus* de stériliser efficacement les femelles d'*Ae. aegypti* (Tripet *et al.*, 2011; Bargielowski *et al.*, 2013; Bargielowski et Lounibos, 2016).

L'abondance d'*Ae. aegypti*, trouvé dans des zones rurales situées dans deux arrondissements différents de Yaoundé, s'expliquerait par la résistance à l'interférence d'accouplement avec *Ae. albopictus* au sein de cette population ; ce qui leur permet de coexister dans ces localités. Des enquêtes supplémentaires seraient nécessaires pour mieux élucider cette hypothèse. Il est important de souligner que cette étude a été effectuée uniquement pendant la saison des pluies, bien qu'il ait été démontré que la saisonnalité peut affecter la fluctuation d'abondance d'*Ae. albopictus* et d'*Ae. aegypti* (Kamgang MBouhom *et al.*, 2013; Reiskind et Lounibos, 2013). Cependant, des données antérieures collectées dans la ville ont suggéré que cette fluctuation d'abondance entre *Ae. aegypti* et *Ae. albopictus* dépendrait de la différence de

temps d'étude : saison de pluies et saison sèche (Kamgang MBouhom *et al.*, 2017). De manière surprenante, aucun stade immature n'a été trouvé dans les maisons prospectées du quartier Ekoudou. Cependant, les investigations auprès des populations dudit quartier ont révélé l'utilisation d'un larvicide de la classe des Organophosphates pour traiter les sites potentiels de développement des moustiques. D'autres études, notamment socio-anthropologiques, permettraient de clarifier cette mesure de protection locale et évaluer l'impact de ce produit sur la biologie des vecteurs et l'environnement.

Dans l'ensemble, les stades immatures d'*Ae. aegypti* et *Ae. albopictus* ont majoritairement colonisés les gîtes péri-domestiques, notamment les récipients abandonnés et les pneus usagés. Ces observations sont en accord avec les résultats précédents rapportés en Afrique Centrale (Kamgang MBouhom *et al.*, 2013; Kamgang MBouhom *et al.*, 2017). Cependant, une situation inverse a été trouvée dans d'autres parties du monde, en particulier en Asie, où des récipients domestiques tels que des récipients de stockage, représentent la majeure partie des gîtes colonisés par *Ae. aegypti* (Hammond *et al.*, 2007). Toutefois, comme mentionné plus haut, il a été clairement établi que dans les grandes villes à habitations non planifiées, l'amélioration de la gestion des déchets à travers le ramassage, la destruction des pneus usagés et de tout autre type de gîtes, réduisent la quantité de gîtes de développement des moustiques et diminuent ainsi les densités des populations d'*Aedes* (Dutta *et al.*, 1999; Duccombe *et al.*, 2013; WHO, 2017).

Les deux espèces se développent dans les mêmes types de gîtes, notamment les pots de fleurs, les récipients abandonnés, les pneus usagés, les épaves de voitures remplies d'eau trouble, et associées à des débris végétaux dans le gîte. Ces résultats mettent en évidence l'impact des facteurs micro-environnementaux sur la présence d'*Aedes* spp. à l'intérieur des gîtes larvaires. En fait, la présence de matières organiques dans les habitats larvaires pourrait servir de ressources alimentaires (Barrera *et al.*, 2006; Kamgang MBouhom *et al.*, 2013) ou de micro-habitats pour se cacher et éviter les prédateurs (Barrera *et al.*, 2006; Cox *et al.*, 2007). Les situations sympatriques dans certains gîtes suggèrent une possible compétition pour les ressources et d'autres interactions écologiques au stade larvaire qui peuvent influencer les caractéristiques physiologiques comme la taille du moustique et la longueur des ailes, et donc la compétence vectorielle (Alto *et al.*, 2008; Duccombe *et al.*, 2013).

Dans l'ensemble, les indices Stégomyiens étaient supérieurs aux seuils établis par l'OMS pour la transmission du virus de la dengue (DENV) (PAHO, 1994) et du virus de la fièvre jaune (YFV) (WHO, 1971). Les valeurs obtenues suggèrent que la ville de Yaoundé

présente un risque potentiel élevé d'émergence d'une épidémie de dengue dû aux moustiques et un risque potentiel de flambées de fièvre jaune causée par *Ae. albopictus*. Ces résultats mettent en évidence un potentiel élevé d'exposition humaine aux piqûres d'*Ae. aegypti* et/ou d'*Ae. albopictus* à Yaoundé, selon les arrondissements ou les quartiers. En effet, des études antérieures ont montré qu'il existe une coïncidence entre les valeurs élevées des indices et l'apparition des épidémies de dengue dans certains pays africains tels que le Kenya (Lutomiah *et al.*, 2016), l'Éthiopie (Getachew *et al.*, 2015) et la Tanzanie (Mboera *et al.*, 2016). Les valeurs élevées des indices pour *Ae. albopictus* comparée à celles d'*Ae. aegypti* précédemment enregistrées en 2007 à Yaoundé (Kamgang MBouhom *et al.*, 2010) suggèrent une augmentation du risque potentiel de transmission d'arbovirus par cette espèce de moustique. Des résultats similaires ont été également obtenus dans d'autres villes d'Afrique Centrale, à l'instar de Bangui en République Centrafricaine (Kamgang MBouhom *et al.*, 2013). Il est intéressant de noter qu'il a été récemment démontré que les populations d'*Ae. aegypti* et d'*Ae. albopictus* de Yaoundé sont capables de transmettre le virus de la dengue (Kamgang MBouhom *et al.*, 2020b) et le virus Zika (Kamgang MBouhom *et al.*, 2020a) ; ce qui accroît considérablement le risque potentiel de transmission de ces virus. La même observation a été faite pour la population d'*Ae. aegypti* pour le virus de la fièvre jaune (Kamgang MBouhom *et al.*, 2019). Cependant, des études complémentaires incluant la dynamique d'abondance de chaque espèce de moustique en fonction de la saison et du comportement trophique, permettraient d'en savoir plus sur le rôle épidémique de ces deux espèces d'insectes.

III.2.3. Rôle épidémiologique des populations d'*Aedes albopictus* et *Aedes aegypti* dans la transmission des virus de la dengue, du chikungunya et du Zika

Le but de cet objectif était d'évaluer la circulation des arbovirus (DENV, CHIKV et ZIKV) chez les femelles d'*Ae. albopictus* et d'*Ae. aegypti* dans la ville de Yaoundé, et déterminer l'origine des reliquats de repas de sang ingéré par les femelles. Après analyse des résultats, il ressort qu'aucun pool d'*Ae. albopictus* et *Ae. aegypti* n'a été trouvé infecté par les différents virus recherchés. En général, la détection des virus chez les populations d'*Aedes* spp. en période non épidémique est rare (Valentine *et al.*, 2020). Des résultats similaires ont été observés dans des milieux où la circulation du virus de la dengue dans la population humaine a été mise en évidence (Kim *et al.*, 2017). Des investigations futures sur un plus grand nombre de pools d'*Aedes* spp. collectés dans divers localités et faciès écologiques, pourraient accroître les chances de détection de ces virus chez les moustiques.

Nos investigations sur l'origine des reliquats de repas de sang ingéré fournissent des informations sur la préférence trophique des femelles d'*Ae. albopictus* et d'*Ae. aegypti* dans la ville de Yaoundé. Ces résultats ont révélé qu'environ 150 (96%) femelles d'*Ae. albopictus* et 18 (100%) femelles d'*Ae. aegypti* se sont gorgées sur l'homme, ce qui démontre ainsi que les deux espèces de moustiques sont préférentiellement anthropophages. Ces résultats confortent les observations antérieures qui avaient mentionné la préférence d'*Ae. albopictus* à se gorger sur les humains même en présence d'autres hôtes animaux (Kamgang MBouhom *et al.*, 2012). Des conclusions similaires ont également été tirées dans d'autres régions du monde à l'instar des îles Adaman-et-Nicobar en Inde (Sivan *et al.*, 2015), de la Corée (Kim *et al.*, 2017), et à la Réunion (Delatte *et al.*, 2010). En revanche, ces résultats contredisent l'idée généralement admise qu'*Ae. albopictus* est principalement zoophage (Hawley, 1988; Gratz, 2004; Scholte et Schaffner, 2007; Paupy *et al.*, 2009). Toutes les femelles d'*Ae. aegypti* se sont gorgées sur l'homme ; ce qui est en accord avec les observations faites dans d'autres régions du monde en milieu urbain (Scott *et al.*, 1993; Ponlawat et Harrington, 2005; Powell et Tabachnick, 2013).

Nos analyses ont également révélé que d'autres spécimens d'*Ae. albopictus* se sont gorgés sur le singe (*Papio anubis*) et la chauve-souris. Ce résultat confirme le caractère opportuniste de ce moustique. Cette observation est importante sur le plan épidémiologique dans la transmission des arbovirus à l'homme. En effet, des travaux antérieurs rendent compte de la présence de plusieurs arbovirus, notamment le DENV (Chen et Vasilakis, 2011), le CHIKV, le virus de la fièvre jaune (YFV) (Hanley *et al.*, 2013) et le ZIKV (Buechler *et al.*, 2017) chez l'espèce *Papio anubis*. Chez les chauve-souris aussi, des individus de la famille des Pteropodidae sont révélés réservoirs d'environ 17 familles de virus parmi lesquelles on retrouve les familles des Bunyaviridae (virus de la fièvre de la vallée du Rift), Flaviviridae (DENV, ZIKV, virus West Nile), Reoviridae (virus de la fièvre de la peste équine), Rhabdoviridae (virus de la fièvre éphémère bovine) et Togaviridae (CHKIV, virus de l'encéphalite équine occidentale) (Chen *et al.*, 2014; Kuno *et al.*, 2017). De plus, des espèces de chauves-souris réservoirs ont été identifiées dans la région du Centre-Cameroun lors d'une enquête en 2017 (Waghiiwimbom *et al.*, 2020) ; elles constituent donc à un instant précis une source de repas de sang pour les femelles d'*Ae. albopictus*. Nos travaux mettent en évidence le risque d'émergence des épidémies d'arboviroses connues ou de nouveaux types d'arboviroses chez l'homme au travers de ces hôtes réservoirs. Cette hypothèse est soutenue par des études précédentes qui ont démontré la compétence des populations d'*Ae. albopictus* et d'*Ae. aegypti* d'Afrique Centrale

à transmettre le DENV, le CHIKV et le ZIKV (Ngoagouni *et al.*, 2017; Kamgang MBouhom *et al.*, 2020a; Kamgang MBouhom *et al.*, 2020b).

Toutefois, la taille d'échantillons dans le présent travail a été un facteur limitant, qui n'a pas permis d'apprécier efficacement le comportement trophique des vecteurs *Aedes*, dont la connaissance est pourtant nécessaire à la prévention de l'émergence des pathologies zoonotiques chez l'homme. Des études supplémentaires sur un grand nombre d'échantillons, en suivant un transect forêt-milieu péri urbain-centre urbain apporteront certainement des informations plus précises sur le comportement trophique de ces vecteurs.

III.2.4. Diversité génétique des populations d'*Aedes albopictus* et d'*Aedes aegypti*

III.2.4.1. Diversité génétique des populations d'*Aedes albopictus* à l'aide du gène mtCOI

L'analyse de l'ADNmt à l'aide du gène mtCOI dans les populations d'*Ae. albopictus* du Cameroun a révélé un faible polymorphisme, avec seulement cinq haplotypes détectés à travers le pays. Parmi ces haplotypes, trois (H1, H2 et H3) ont été détectés précédemment en République du Congo avec les mêmes amorces (Kamgang MBouhom *et al.*, 2018). Ce faible polymorphisme signalé au Cameroun et en République du Congo est conforme aux études précédentes utilisant une autre partie du mtCOI dans les zones nouvellement colonisées par *Ae. albopictus*, y compris les pays d'Afrique Centrale (Kamgang MBouhom *et al.*, 2011; Kamgang MBouhom *et al.*, 2013; Reis *et al.*, 2017). Il a été précédemment suggéré que ce faible polymorphisme serait principalement dû à l'introduction récente d'*Ae. albopictus* à partir d'une population ancestrale (Kamgang MBouhom *et al.*, 2013). En effet, *Ae. albopictus* a été signalé pour la première fois au Cameroun dans les années 2000 (Fontenille et Toto, 2001). L'analyse phylogénétique a montré que les séquences d'haplotypes mises en évidence au Cameroun sont très proches d'autres séquences isolées des populations originaires de la Chine et du Congo. Ceci suggère que les populations camerounaises et congolaises de cette espèce de moustique pourraient avoir les mêmes origines. Cependant, le fait que l'on trouve davantage d'haplotypes au Cameroun suggère que ce pays serait le point d'entrée d'*Ae. albopictus* en Afrique Centrale, potentiellement à travers le port de Douala qui est le plus important de la sous-région et reçoit des cargaisons en provenance de divers horizons. Les amorces utilisées dans la présente étude diffèrent de celles utilisées dans les études précédentes menées au Cameroun, en République Centrafricaine, et dans l'île de Sao Tomé. Ainsi, il n'a pas été possible de comparer les haplotypes détectés dans cette étude avec ceux précédemment détectés en

Afrique Centrale. Néanmoins, les résultats actuels confirment les résultats précédents qui suggèrent qu'il est probable que la population envahissante d'*Ae. albopictus* qui a colonisé l'Afrique Centrale, proviendrait principalement des autres régions tropicales du monde (Kamgang MBouhom *et al.*, 2011; Kamgang MBouhom *et al.*, 2013). D'autres études incluant des échantillons de toute la région d'Afrique Centrale et utilisant d'autres marqueurs, tels que le « double digestion Restriction site associated DNA sequencing, ddRADseq », sont nécessaires pour évaluer la structure génétique et le niveau de flux de gènes entre les populations d'*Ae. albopictus* d'Afrique Centrale.

III.2.4.2. Diversité génétique des populations d'*Aedes aegypti* à l'aide des gènes immunitaires DOME et PIAS

L'analyse des gènes DOME et PIAS, dans le but d'évaluer la diversité génétique des populations d'*Ae. aegypti* du Cameroun, a révélé un polymorphisme élevé avec respectivement 22 et 27 sites mutationnels définissant 28 et 21 haplotypes respectivement pour les gènes DOME et PIAS. Ces résultats indiquent que les populations d'*Ae. aegypti* sont très variables. Nos analyses ont également révélé que pour ces deux gènes, la diversité haplotypique est plus élevée que la diversité nucléotidique ; ce qui suggère une croissance rapide de la population de cet insecte à partir d'une population ancestrale de taille réduite. Cette observation est confirmée par la présence d'un haplotype majoritaire dans toutes les localités prospectées pour chacun de ces gènes. Toutes les valeurs des indices de Tajima, Fu, et Fu et Li négatives observées pour les deux gènes suggèrent l'existence d'un excès d'allèles rares au sein de la population de cet insecte, et peut expliquer la grande variété d'haplotypes obtenus pour chacun des gènes (Fu et Li, 1993; Fu, 1997). Cette observation traduirait également une récente instabilité démographique probablement due à un début d'expansion démographique des deux gènes, hypothèse qui est confortée par la structure étoilée du réseau d'haplotypes de chacun des gènes (Forster 2001). Cette observation est soutenue par les résultats des tests de sélection des deux gènes, qui suggèrent une sélection positive du gène PIAS au sein des populations d'*Ae. aegypti* du Cameroun. En fait, les gènes immunitaires DOME et PIAS sont antagonistes pour le mécanisme Jak-STAT, et impliqués dans la régulation des infections par les *Flavivirus* chez les arthropodes dont le complexe dengue – *Ae. aegypti* est le plus étudié (Xi *et al.*, 2008b; Ramirez et Dimopoulos, 2010; Ramirez *et al.*, 2012; Kumar *et al.*, 2018). Après infection par un *Flavivirus*, une cascade de réactions immunitaires se déroulent au sein de l'organisme du moustique qui met en œuvre plusieurs mécanismes combinés, parmi lesquels le mécanisme Jak-

STAT, afin soit d'accélérer le développement du parasite, soit de contribuer à son isolement voire son élimination (Kumar *et al.*, 2018). Des travaux antérieurs ont mis en évidence le rôle activateur du gène PIAS dans le développement du virus de la dengue chez le moustique (Souza-Neto *et al.*, 2009; Anglero-Rodriguez *et al.*, 2017; Jupatanakul *et al.*, 2017). La sélection positive de ce gène au sein des populations d'*Ae. aegypti* du Cameroun, serait une évidence de la susceptibilité de ces populations vis-à-vis du virus de la dengue ou tout autre virus de la famille des Flaviviridae. Il a été démontré que le polymorphisme observé suite à l'analyse des séquences d'ADN de certains organismes peut fournir des preuves quant-à savoir si cela est dû à une sélection équilibrante du gène étudié ou pas. L'action de l'équilibre de la sélection peut être évidente dans les distributions de fréquences des allèles ou due au fait que l'équilibre de la sélection favorise les différences de séquences entre les allèles (Hughes et Nei, 1988; Stahl *et al.*, 1999). Chez le complexe *An. gambiae* Giles, 1902 et *Plasmodium falciparum* Welch, 1897 par exemple, les recherches ont démontré que les variations alléliques au sein de la protéine thioester 1 (TEP1), identifiée comme un inhibiteur du développement des stages oocystes du parasite chez le moustique (Blandin *et al.*, 2004), peuvent altérer la capacité des anophèles à transmettre le parasite et que la grande divergence observée entre les allèles de ce gène serait le résultat de possibles actions d'une sélection équilibrante à long terme (Obbard *et al.*, 2008; Eldering *et al.*, 2016; Rono, 2017). En outre, les forces évolutives maintiennent le polymorphisme du système immunitaire chez *An. gambiae*, bien que la sélection couramment observée dans ce cas soit équilibrante (Harris *et al.*, 2010). Toutefois, des études supplémentaires sont nécessaires afin d'étudier en profondeur la corrélation entre une sélection positive des gènes immunitaires et l'infection des vecteurs *Aedes* par des arbovirus.

L'analyse phylogénétique des populations d'*Ae. aegypti* à l'aide des deux gènes, a permis d'observer que tous les haplotypes du gène DOME sont répartis sur plusieurs lignées, tandis que les haplotypes du gène PIAS sont présents sur une seule lignée, par rapport à la lignée de la séquence de référence, avec deux clades qui se distinguent dont le premier porte l'haplotype ancestral. Les longueurs des branches ne sont pas grandes ; c'est la preuve que les haplotypes ne sont pas très séparés les uns des autres. Ceci serait une explication supplémentaire d'un début d'expansion de ce gène dans la population de l'insecte.

CONCLUSION, RECOMMANDATIONS ET PERSPECTIVES

CONCLUSION

Ce travail avait pour objectif d'évaluer le risque entomologique d'émergence des arboviroses (dengue, Zika et chikungunya) au Cameroun. Cette évaluation a été menée à l'échelle macro-géographique et micro-géographique, en se basant sur les caractéristiques bioécologiques et génétiques de deux espèces de moustiques, *Ae. aegypti* et *Ae. albopictus*, ainsi que les indices stégomyiens.

L'évaluation de la distribution des deux espèces a révélé une forte prédominance d'*Ae. albopictus* sur *Ae. aegypti* dans l'ensemble. *Aedes aegypti* est présent dans toutes les localités prospectées tandis qu'*Ae. albopictus* est limitée à la partie sud du pays en deçà du 6° Nord. En outre, dans les endroits sympatriques des milieux urbains et péri-urbains, l'espèce invasive prédomine sur l'espèce indigène, excepté dans les milieux à forte température moyenne. A l'échelle de la ville de Yaoundé, l'étude de la distribution spatiale a aussi montré qu'*Ae. albopictus* prédomine sur *Ae. aegypti* tant dans le milieu péri-urbain que dans le milieu urbain. La présence des moustiques dans les récipients abandonnés et les pneus usagés est favorisée par celle des débris végétaux dans ces gîtes larvaires. Les indices stégomyiens ont permis d'établir un risque potentiel élevé de déclenchement d'épidémies de dengue ou de fièvre jaune dans la ville de Yaoundé.

L'analyse du reliquat de repas de sang a confirmé que l'homme est l'hôte préférentiel des deux espèces de moustiques avec cependant la possibilité que les femelles d'*Ae. albopictus* se gorgent sur d'autres vertébrés, à l'instar des chauves-souris et des primates non-humains. Cette possibilité de se gorger sur des hôtes animaux représente un risque supplémentaire au plan épidémiologique, à cause d'une transition probable des pathogènes zoonotiques des cycles selvatiques aux cycles urbains.

L'analyse de l'ADN mitochondrial chez *Ae. albopictus* a révélé une faible diversité génétique qui conforte l'hypothèse d'une introduction récente de cette espèce au Cameroun. Nos résultats confortent également l'hypothèse que les populations d'*Ae. albopictus* du Cameroun proviendraient d'autres régions tropicales du monde.

L'analyse génétique des populations d'*Ae. aegypti* a permis de mettre en évidence un polymorphisme élevé des gènes immunitaires avec une sélection positive pour le gène PIAS. Les résultats ont révélé que ce gène étudié chez *Ae. aegypti* est en expansion ; ce qui suscite l'intérêt de développer des études approfondies sur l'implication de ces gènes dans la transmission des virus de la dengue, du chikungunya et du Zika au Cameroun.

L'ensemble de nos résultats nous permet de relever un risque potentiel d'émergence d'une épidémie massive de dengue, de chikungunya ou de Zika au Cameroun.

RECOMMANDATIONS

Sur la base des résultats obtenus, nous recommandons :

- aux pouvoirs publics, de mettre urgemment sur pied un plan de veille d'apparitions des cas d'arboviroses et de surveillance des vecteurs au Cameroun et d'améliorer le système de gestion des déchets en milieu urbain ;

- aux chercheurs, de mettre régulièrement à jour les données sur la dynamique du système vectoriel et proposer des stratégies de lutte contre ces maladies ;

- aux populations de respecter les mesures d'hygiène et de salubrité en détruisant les gîtes de développement des *Aedes* et la végétation environnante des domiciles. Ces mesures restent et demeurent le meilleur moyen de limiter le développement des vecteurs et par conséquent réduire la transmission des arboviroses.

PERSPECTIVES

Nous nous proposons dans les travaux futurs :

- d'analyser le degré de colonisation et les indices stégomyiens dans d'autres villes du pays afin d'élucider les potentiels risques d'émergence des épidémies d'arboviroses ;

- d'étendre ce type d'étude dans les environnements forestiers et ruraux afin d'y évaluer l'introduction et l'impact de l'espèce invasive *Ae. albopictus* ;

- d'utiliser les marqueurs génétiques plus sensibles, comme le ddRAD-seq, qui permettront d'adresser les questions de diversité génétique, de flux de gènes et des multiples vagues d'introduction de l'espèce invasive *Ae. albopictus* ;

- d'analyser la corrélation entre une sélection d'un gène immunitaire et la susceptibilité des vecteurs *Ae. aegypti* vis-à-vis des virus de la dengue, du chikungunya et du Zika, afin d'étudier l'évolution génétique entre le vecteur et le virus.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- AFFYMETRIX, I.** (2017). ExoSAP-IT™ PCR Product Cleanup: *Applied Biosystems* : 2 p.
- ALTO, B. W., LOUNIBOS, L. P., MORES, C. N., and REISKIND, M. H.** (2008). Larval competition alters susceptibility of adult *Aedes* mosquitoes to dengue infection. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 275(1633), 463-471.
- ANGLERO-RODRIGUEZ, Y. I., MACLEOD, H. J., KANG, S., CARLSON, J. S., JUPATANAKUL, N., and DIMOPOULOS, G.** (2017). *Aedes aegypti* Molecular Responses to Zika Virus: Modulation of Infection by the Toll and Jak/Stat Immune Pathways and Virus Host Factors. *Front Microbiology*, 8, 1-12.
- ANGUH NKWEMOH, C., TCHINDJANG, M., and NGWATUNG AFUNGANG, R.** (2017). The impact of urbanization on the vegetation of Yaoundé, (Cameroon). *International Journal of Innovative Research and Development*, 6(5), 6-18.
- AWAH-NDUKUM, J., MOUICHE, M. M. M., KOUONMO-NGNOYUM, L., BAYANG, H. N., MANCHANG, T. K., POUEME, R. S. N., KOUAMO, J., NGU-NGWA, V., ASSANA, E., and FEUSSOM, K. J. M.** (2018). Seroprevalence and risk factors of brucellosis among slaughtered indigenous cattle, abattoir personnel and pregnant women in Ngaoundéré, Cameroon. *BMC infectious diseases*, 18(1), 1-13.
- AWAH, P. K., BOOCK, A. U., MOU, F., KOIN, J. T., ANYE, E. M., NOUMEN, D., NICTER, M., and CONSORTIUM, S. B.** (2018). Developing a Buruli ulcer community of practice in Bankim, Cameroon: A model for Buruli ulcer outreach in Africa. *PLoS neglected tropical diseases*, 12(3), e0006238.
- AYLLÓN, T., CÂMARA, D. C. P., MORONE, F. C., GONÇALVES, L. D. S., SAITO MONTEIRO DE BARROS, F., BRASIL, P., CARVALHO, M. S., and HONÓRIO, N. A.** (2018). Dispersion and oviposition of *Aedes albopictus* in a Brazilian slum: Initial evidence of Asian tiger mosquito domiciliation in urban environments. *PLoS One*, 13(4), 1-11.
- BAGNY, L., DELATTE, H., ELISSA, N., QUILICI, S., and FONTENILLE, D.** (2009a). *Aedes* (Diptera: Culicidae) vectors of arboviruses in Mayotte (Indian Ocean): distribution area and larval habitats. *Journal of Medical Entomology*, 46(2), 198-207.
- BAGNY, L., DELATTE, H., QUILICI, S., and FONTENILLE, D.** (2009b). Progressive decrease in *Aedes aegypti* distribution in Reunion Island since the 1900s. *Journal of Medical Entomology*, 46(6), 1541-1545.

- BAGNY, L., ARNOUX, S., DELATTE, H., LAJOIE, G., and FONTENILLE, D.** (2012). Spread of invasive *Aedes albopictus* and decline of resident *Aedes aegypti* in urban areas of Mayotte 2007–2010. *Biological Invasions*, 14(8), 1623-1633.
- BALDACCHINO, F., CAPUTO, B., CHANDRE, F., DRAGO, A., DELLA TORRE, A., MONTARSI, F., and RIZZOLI, A.** (2015). Control methods against invasive *Aedes* mosquitoes in Europe: a review. *Pest Management Science*, 71(11), 1471-1485.
- BANE, S., CISSOKO, Y., DIARRA, B., SOGOBA, N., DIAKITÉ, M., and DAO, S.** (2018). Fièvres hémorragiques virales au Mali: Revue des travaux publiés sur les virus de Lassa, Crimée Congo, Ebola, Fièvre de la Vallée du Rift et Dengue. *Revue Malienne d'Infectiologie et de Microbiologie*, 2(2), 59-63.
- BARBI, L., COELHO, A. V. C., ALENCAR, L. C. A. D., and CROVELLA, S.** (2018). Prevalence of Guillain-Barré syndrome among Zika virus infected cases: a systematic review and meta-analysis. *Brazilian Journal of Infectious Diseases*, 22(2), 137-141.
- BARGIELOWSKI, I. E., LOUNIBOS, L. P., and CARRASQUILLA, M. C.** (2013). Evolution of resistance to satyrization through reproductive character displacement in populations of invasive dengue vectors. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 110(8), 2888-2892.
- BARGIELOWSKI, I. E., and LOUNIBOS, L. P.** (2016). Satyrization and satyrization-resistance in competitive displacements of invasive mosquito species. *Insect Science*, 23(2), 162-174.
- BARLETTA, A. B., NASCIMENTO-SILVA, M. C., TALYULI, O. A., OLIVEIRA, J. H., PEREIRA, L. O., OLIVEIRA, P. L., and SORGINE, M. H.** (2017). Microbiota activates IMD pathway and limits Sindbis infection in *Aedes aegypti*. *Parasites and Vectors*, 10(1), 103-111.
- BARRERA, R., AMADOR, M., and CLARK, G. G.** (2006). Ecological factors influencing *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) productivity in artificial containers in Salinas, Puerto Rico. *Journal of medical entomology*, 43(3), 484-492.
- BEISEL, U., and GANLE, J. K.** (2019). The release of genetically engineered mosquitoes in Burkina Faso: bioeconomy of science, public engagement and trust in medicine. *African Studies Review*, 62(3), 164-173.

- BIOGENTS.** (2017) Instructions manual for the Biogents-Sentinel: An innovative trapping system for mosquitoes and other hematophagous insects. Biogents Mosquito Control : 13 p.
- BLANDIN, S., SHIAO, S.-H., MOITA, L. F., JANSE, C. J., WATERS, A. P., KAFATOS, F. C., and LEVASHINA, E. A.** (2004). Complement-like protein TEP1 is a determinant of vectorial capacity in the malaria vector *Anopheles gambiae*. *Cell Press*, 116(5), 661-670.
- BOCK, D. G., KANTAR, M. B., CASEYS, C., MATTHEY-DORET, R., and RIESEBERG, L. H.** (2018). Evolution of invasiveness by genetic accommodation. *Nature Ecology and Evolution*, 2(6), 991-999.
- BOUYER, J., CULBERT, N. J., DICKO, A. H., PACHECO, M. G., VIRGINIO, J., PEDROSA, M., GARZIERA, L., PINTO, A. M., KLAPTOCZ, A., and GERMANN, J.** (2020). Field performance of sterile male mosquitoes released from an uncrewed aerial vehicle. *Science Robotics*, 5(43), 1-11.
- BOYER, S., TOTY, C., JACQUET, M., LEMPÉRIÈRE, G., and FONTENILLE, D.** (2012). Evidence of multiple inseminations in the field in *Aedes albopictus*. *PLoS One*, 7(8), 1-5.
- BRAACK, L., GOUVEIA DE ALMEIDA, A. P., CORNEL, A. J., SWANEPOEL, R., and DE JAGER, C.** (2018). Mosquito-borne arboviruses of African origin: review of key viruses and vectors. *Parasites and Vectors*, 11(1), 1-26.
- BRACKS, M. A. H., LOURENCO-DE-OLIVEIRA, R., JULIANO, S. A., HONORIO, N. A., and LOUNIBOS, L. P.** (2003). Convergent habitat segregation of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) in Southeastern Brazil and Florida. *Faculty Publications-Biological Sciences*, 40(6), 785-794.
- BRACKS, M. A. H., HONORIO, N. A., LOUNIBOS, L. P., LOURENÇO-DE-OLIVEIRA, R., and JULIANO, S. A.** (2004). Interspecific Competition Between Two Invasive Species of Container Mosquitoes, *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae), in Brazil. *Annals of the Entomological Society of America*, 97(1), 130-139.
- BRADY, O. J., GETHING, P. W., BHATT, S., MESSINA, J. P., BROWNSTEIN, J. S., HOEN, A. G., MOYES, C. L., FARLOW, A. W., SCOTT, T. W., and HAY, S. I.**

- (2012). Refining the global spatial limits of dengue virus transmission by evidence-based consensus. *PLoS Neglected of Tropical Diseases*, 6(8), 1-15.
- BRADY, O. J., and HAY, S. I.** (2019). The global expansion of dengue: How *Aedes aegypti* mosquitoes enabled the first pandemic arbovirus. *Annual Review of Entomology*, 65, 191-208.
- BROWN, J. E., MCBRIDE, C. S., JOHNSON, P., RITCHIE, S., PAUPY, C., BOSSIN, H., LUTOMIAH, J., FERNANDEZ-SALAS, I., PONLAWAT, A., CORNEL, A. J., BLACK, W. C. T., GORROCHOTEGUI-ESCALANTE, N., URDANETA-MARQUEZ, L., SYLLA, M., SLOTMAN, M., MURRAY, K. O., WALKER, C., and POWELL, J. R.** (2011). Worldwide patterns of genetic differentiation imply multiple 'domestications' of *Aedes aegypti*, a major vector of human diseases. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 278(1717), 2446-2454.
- BROWN, W. M., GEORGE, M., and WILSON, A. C.** (1979). Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 76(4), 1967-1971.
- BRUNHES, J., HASSAÏNE, K., RHAÏEM, A., and HERVY, J.-P.** (2000). Les Culicidés de l'Afrique méditerranéenne: espèces présentes et répartition (Diptera, Nematocera). *Bulletin de la Société Entomologique de France*, 105(2), 195-204.
- BUCREP.** (2010). Projections Démographiques (2010 ed. Vol. III). Yaoundé, Cameroun: BUCREP : 91 p.
- BUECHLER, C. R., BAILEY, A. L., WEILER, A. M., BARRY, G. L., BREITBACH, M. E., STEWART, L. M., JASINSKA, A. J., FREIMER, N. B., APETREI, C., and PHILLIPS-CONROY, J. E.** (2017). Seroprevalence of Zika virus in wild African green monkeys and baboons. *mSphere*, 2(2), 1-7.
- CAICEDO, P. A., SERRATO, I. M., SIM, S., DIMOPOULOS, G., COATSWORTH, H., LOWENBERGER, C., and OCAMPO, C. B.** (2018). Immune response-related genes associated to blocking midgut dengue virus infection in *Aedes aegypti* strains that differ in susceptibility. *Journal of Insect Science*, 18(6), 1-34.
- CALVEZ, E.** (2017). Amélioration des connaissances sur les épidémies d'arboviroses en Nouvelle-Calédonie et dans la région Pacifique : importance du vecteur régional *Aedes*

aegypti. (Doctorat Thèse de Doctorat), *Université de Nouvelle-Calédonie, Réseau International des Instituts Pasteurs*, 260 p.

CAMARA, D. C., CODECO, C. T., JULIANO, S. A., LOUNIBOS, L. P., RIBACK, T. I., PEREIRA, G. R., and HONORIO, N. A. (2016). Seasonal Differences in Density But Similar Competitive Impact of *Aedes albopictus* (Skuse) on *Aedes aegypti* (L.) in Rio de Janeiro, Brazil. *PLoS One*, 11(6), e0157120.

CARNEVALE, P., and ROBERT, V. (2009). Les anophèles: biologie, transmission du *Plasmodium* et lutte antivectorielle. *Institut de Recherche pour le Développement* : 392 p.

CARVALHO, A. M. D. S. A., and MACHADO, C. M. (2020). Emerging Tropical Viral Infections: Dengue, Chikungunya, and Zika. *Emerging Transplant Infections: Clinical Challenges and Implications*, 1-24.

CARVALHO, D. O., MCKEMEY, A. R., GARZIERA, L., LACROIX, R., DONNELLY, C. A., ALPHEY, L., MALAVASI, A., and CAPURRO, M. L. (2015). Suppression of a field population of *Aedes aegypti* in Brazil by sustained release of transgenic male mosquitoes. *PLoS Neglected of Tropical Diseases*, 9(7), 1-15.

CASTILLO-MACÍAS, A., SALINAS-CARMONA, M. C., and TORRES-LÓPEZ, E. (2017). Immunology of viral infections with a high impact in Mexico: Dengue, Chikungunya, and Zika. *Medicina Universitaria*, 19(77), 198-207.

CDC. (2020). Arbovirus catalog-Virus selection. *Centre for Disease Control and Prevention*. <https://wwwn.cdc.gov/arbocat/VirusBrowser.aspx>, consulted the 22th August 2020. Retrieved 13 September 2020, 2020

CHAN, Y., CHAN, K., and HO, B. (1971). *Aedes aegypti* (L.) and *Aedes albopictus* (Skuse) in Singapore City: 1. Distribution and density. *Bulletin of the World Health Organization*, 44(5), 617-621.

CHEN, C., NAZNI, W., LEE, H., SELEENA, B., MOHD MASRI, S., CHIANG, Y., and SOFIAN-AZIRUN, M. (2006). Mixed breeding of *Aedes aegypti* (L.) and *Aedes albopictus* Skuse in four dengue endemic areas in Kuala Lumpur and Selangor, Malaysia. *Tropical Biomedicine*, 23(2), 224-227.

CHEN, L., LIU, B., YANG, J., and JIN, Q. (2014). DBatVir: the database of bat-associated viruses. *Database*, 2014.

- CHEN, R., and VASILAKIS, N.** (2011). Dengue—quo tu et quo vadis? *Viruses*, 3(9), 1562-1608.
- CHEONG, W., RUDNICK, A., and LIN, T.** (1986). The vectors of dengue and dengue hemorrhagic fevers in Malaysia. *Institute of Medical Research of Malaysia Bulletin*, 23, 155-167.
- CHHABRA, M., MITTAL, V., BHATTACHARYA, D., RANA, U., and LAL, S.** (2008). Chikungunya fever: a re-emerging viral infection. *Indian Journal of Medical Microbiology*, 26(1), 5.
- CHRISTIE, J.** (1881). On epidemics of dengue fever: their diffusion and etiology. *Glasgow Medical Journal*, 16(3), 161-176.
- CHRISTOPHERS, S. R.** (1960). *Aedes aegypti*: the yellow fever mosquito. Cambridge: Cambridge University Press Archive : 750 p.
- CIOTA, A. T., CHIN, P. A., EHRBAR, D. J., MICIELI, M. V., FONSECA, D. M., and KRAMER, L. D.** (2018). Differential effects of temperature and mosquito genetics determine transmissibility of arboviruses by *Aedes aegypti* in Argentina. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 99(2), 417-424.
- CLEMENT, M., POSADA, D., and CRANDALL, K. A.** (2000). TCS: a computer program to estimate gene genealogies. *Molecular Ecology*, 9, 1657-1659.
- COLLINS, J. P.** (2018). Gene drives in our future: challenges of and opportunities for using a self-sustaining technology in pest and vector management. *BMC Proceedings*, 12(8), 37-41.
- CORNEL, A., and HUNT, R.** (1991). *Aedes albopictus* in Africa? First records of live specimens in imported tires in Cape Town. *Journal of the American Mosquito Control Association*, 7(1), 107-108.
- CORNET, M.** (1993). Dengue in Africa: Epidemiology of dengue and dengue hemorrhagic fever. Monograph on dengue/dengue hemorrhagic fever: *World Health Organization, Geneva* : 9 p.
- COX, J., GRILLET, M. E., RAMOS, O. M., AMADOR, M., and BARRERA, R.** (2007). Habitat segregation of dengue vectors along an urban environmental gradient. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 76(5), 820-826.

- DELATTE, H., DEHECQ, J. S., THIRIA, J., DOMERG, C., PAUPY, C., and FONTENILLE, D.** (2008). Geographic distribution and developmental sites of *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) during a Chikungunya epidemic event. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 8(1), 25-34.
- DELATTE, H., DESVARS, A., BOUÉTARD, A., BORD, S., GIMONNEAU, G., VOURC'H, G., and FONTENILLE, D.** (2010). Blood-feeding behavior of *Aedes albopictus*, a vector of Chikungunya on La Réunion. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 10(3), 249-258.
- DEMANOU, M., ANTONIO-NKONDJIO, C., NGAPANA, E., ROUSSET, D., PAUPY, C., MANUGUERRA, J.-C., and ZELLER, H.** (2010). Chikungunya outbreak in a rural area of Western Cameroon in 2006: A retrospective serological and entomological survey. *BMC Research Notes*, 3(128), 1-7.
- DEMANOU, M., POUILLOT, R., GRANDADAM, M., BOISIER, P., KAMGANG, B., HERVÉ, J. P., ROGIER, C., ROUSSET, D., and PAUPY, C.** (2014). Evidence of dengue virus transmission and factors associated with the presence of anti-dengue virus antibodies in humans in three major towns in Cameroon. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 8(7), 1-10.
- DEMANOU, M., SADEUH-MBA, S. A., VANHECKE, C., NDIKWETI, R., KOUNA TSALA, I., INAIS NSIZOA, M., and NJOUOM, R.** (2015). Molecular characterization of chikungunya virus from three regions of Cameroon. *Virologica Sinica*, 30(6), 470-473.
- DIAGNE, C. T., BARRY, M. A., BA, Y., FAYE, O., and SALL, A. A.** (2018). Dengue epidemic in Touba, Senegal: implications for the Grand Magal Pilgrimage for travellers. *Journal of Travel Medicine*, 26(7), 1-2.
- DIAGNE, C. T., BARRY, M. A., BA, Y., FAYE, O., and SALL, A. A.** (2019). Dengue epidemic in Touba, Senegal: implications for the Grand Magal Pilgrimage for travellers. *Journal of Travel Medicine*, 26(7), 1-2.
- DIALLO, D., SALL, A. A., BUENEMANN, M., CHEN, R., FAYE, O., DIAGNE, C. T., FAYE, O., BA, Y., DIA, I., WATTS, D., WEAVER, S. C., HANLEY, K. A., and DIALLO, M.** (2012). Landscape ecology of sylvatic chikungunya virus and mosquito vectors in southeastern Senegal. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 6(6), 1-14.

- DIALLO, M., THONNON, J., TRAORE-LAMIZANA, M., and FONTENILLE, D.** (1999). Vectors of Chikungunya virus in Senegal: current data and transmission cycles. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 60(2), 281-286.
- DIALLO, M., BA, Y., SALL, A. A., DIOP, O. M., NDIONE, J. A., MONDO, M., GIRAULT, L., and MATHIOT, C.** (2003). Amplification of the sylvatic cycle of dengue virus type 2, Senegal, 1999–2000: entomologic findings and epidemiologic considerations. *Emerging Infectious Diseases*, 9(3), 362-367.
- DICK, G., KITCHEN, S., and HADDOW, A.** (1952). Zika virus (I). Isolations and serological specificity. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 46(5), 509-520.
- DIENG, I., HEDIBLE, B. G., DIAGNE, M. M., EL WAHED, A. A., DIAGNE, C. T., FALL, C., RICHARD, V., VRAY, M., WEIDMANN, M., and FAYE, O.** (2020). Mobile laboratory reveals the circulation of Dengue virus serotype I of Asian origin in Medina Gounass (Guediawaye), Senegal. *Diagnostics*, 10(6), 1-10.
- DIMOPOULOS, G.** (2003). Insect immunity and its implication in mosquito–malaria interactions. *Cellular Microbiology*, 5(1), 3-14.
- DIOUF, B., GAYE, A., DIAGNE, C. T., DIALLO, M., and DIALLO, D.** (2020). Zika virus in southeastern Senegal: survival of the vectors and the virus during the dry season. *BMC infectious diseases*, 20(1), 371.
- DJOUFACK, V.** (2011). Étude multi-échelles des précipitations et du couvert végétal au Cameroun : Analyses spatiales, tendances temporelles, facteurs climatiques et anthropiques de variabilité du NDVI. Thèse de Doctorat, *Université de Yaoundé I, Université de Bourgogne* : 322 p.
- DOSTERT, C., JOUANGUY, E., IRVING, P., TROXLER, L., GALIANA-ARNOUX, D., HETRU, C., HOFFMANN, J. A., and IMLER, J. L.** (2005). The Jak-STAT signaling pathway is required but not sufficient for the antiviral response of drosophila. *Nature Immunology*, 6(9), 946-953.
- DUCCOMBE, J., ESPINO, F., MAROLLANO, K., VELAZCO, A., RITCHIE, S. A., WENBIAO, H., WEINSTEIN, P., and CLEMENTS, A. C. A.** (2013). Characterising the spatial dynamics of sympatric *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* populations in the Philippines. *Geospatial Health*, 8(1), 255-265.

- DUFFY, M. R., CHEN, T.-H., HANCOCK, W. T., POWERS, A. M., KOOL, J. L., LANCIOTTI, R. S., PRETRICK, M., MARFEL, M., HOLZBAUER, S., and DUBRAY, C.** (2009). Zika virus outbreak on Yap Island, federated states of Micronesia. *New England Journal of Medicine*, 360(24), 2536-2543.
- DUTTA, P., KHAN, S. A., KHAN, A. M., SHARMA, C. K., DOLOI, P. K., and MAHANTA, J.** (1999). Solid waste pollution and breeding potential of dengue vectors in urban and industrial environment of Assam. *Journal of Environmental Biology*, 20(4), 343-345.
- DUVALLET, G., FONTENILLE, D., and ROBERT, V.** (2017). Entomologie Médicale et Vétérinaire: *IRD Editions, Editions QUAE*.
- EBOG, E.** (2019). Attractivité des animaux sauvages en captivité au Jardin Zoo-Botanique de Mvog-Betsi : cas des Cercopithèques de Brazza. Rapport de stage, *Centre de Formation professionnelle aux Métiers de la Foresterie, l'Environnement et l'Agriculture Durable*, 20 p.
- ECDC.** (2019). Zika virus transmission worldwide. *European Centre for Disease Prevention and Control, Stockholm*, 21 p.
- EDWARDS, J.** (1941). Mosquitoes of the Ethiopian region: *Oxford University Press*.
- EFA, S. F.** (2020). Etude de la résistance aux insecticides chez *Anopheles gambiae* s.l. et son impact sur l'efficacité des moustiquaires imprégnées à longue durée d'action (MILDA) à Ebolowa dans la région du Sud-Cameroun., mémoire de Master, Département de Biologie et Physiologie Animales, Université de Yaoundé I. 84 p.
- ELDERING, M., MORLAIS, I., VAN GEMERT, G.-J., VAN DE VEGTE-BOLMER, M., GRAUMANS, W., SIEBELINK-STOTER, R., VOS, M., ABATE, L., ROEFFEN, W., and BOUSEMA, T.** (2016). Variation in susceptibility of African *Plasmodium falciparum* malaria parasites to TEP1 mediated killing in *Anopheles gambiae* mosquitoes. *Scientific Reports*, 6(1), 1-7.
- ESSAPO, D., and EKEDI, M.** (2020). Assessing green policies for the rehabilitation and sustainable restoration of mine sites in Cameroon: case of the Mayo-Darlé Mine Site, Adamawa Region. *Ghana Journal of Geography*, 12(2), 125-146.
- EVANS, M. V., HINTZ, C. W., JONES, L., SHIAU, J., SOLANO, N., DRAKE, J. M., and MURDOCK, C. C.** (2019). Microclimate and larval habitat density predict adult *Aedes*

- albopictus* abundance in urban areas. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 101(2), 362-370.
- FAGBAMI, A. H., and ONOJA, A. B.** (2018). Dengue haemorrhagic fever: An emerging disease in Nigeria, West Africa. *Journal of Infection and Public Health*, 11(6), 757-762.
- FAYE, O., FREIRE, C. C., IAMARINO, A., FAYE, O., DE OLIVEIRA, J. V. C., DIALLO, M., and ZANOTTO, P. M.** (2014). Molecular evolution of Zika virus during its emergence in the 20th century. *PLoS Neglected of Tropical Diseases*, 8(1), 1-10.
- FOKAM, E., LEVAI, L., GUZMAN, H., AMELIA, P., TITANJI, V., TESH, R., and WEAVER, S.** (2010). Silent circulation of arboviruses in Cameroon. *East African Medical Journal*, 87(6), 262-268.
- FONTENILLE, D., and TOTO, J. C.** (2001). *Aedes (Stegomyia) albopictus* (Skuse), a Potential New Dengue Vector in Southern Cameroon. *Emerging Infectious Diseases*, 7(6), 1066-1067.
- FRITZ, M., TATY, R. T., PORTELLA, C., GUIMBI, C., MANKOU, M., LEROY, E. M., and BECQUART, P.** (2019). Re-emergence of chikungunya in the Republic of the Congo in 2019 associated with a possible vector-host switch. *International Journal of Infectious Diseases*, 84, 99-101.
- FRITZELL, C., ROUSSET, D., ADDE, A., KAZANJI, M., VAN KERKHOVE, M. D., and FLAMAND, C.** (2018). Current challenges and implications for dengue, chikungunya and Zika seroprevalence studies worldwide: A scoping review. *PLoS Neglected of Tropical Diseases*, 12(7), 1-29.
- FU, Y.-X., and LI, W.-H.** (1993). Statistical tests of neutrality of mutations. *Genetics*, 133(3), 693-709.
- FU, Y.-X.** (1997). Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection. *Genetics*, 147(2), 915-925.
- GAKE, B., VERNET, M. A., LEPARC-GOFFARTA, I., DREXLERD, J. F., GOULDA, E. A., GALLIANA, P., and DE LAMBALLERIE, X.** (2017). Low seroprevalence of Zika virus in Cameroonian blood donors. *The Brazilian Journal of Infectious Diseases*, 21(4), 1-3.

- GAYMARD, S., KAY, N., and ETOUNDI, J.-C.** (2015). Climate change and beliefs in Cameroon: A qualitative study among farmers in the Equatorial and Sudano-Sahelian zones. *Canadian Social Science*, 11(7), 53-64.
- GETACHEW, D., TEKIE, H., GEBRE-MICHAEL, T., BALKIEW, M., and MESFIN, A.** (2015). Breeding Sites of *Aedes aegypti*: Potential Dengue Vectors in Dire Dawa, East Ethiopia. *Interdisciplinary Perspectives on Infectious Diseases*, 2015, 1-9.
- GILLIES, M. T., and DE MEILLON, B.** (1968). The Anophelinae of Africa South of the Sahara (Ethiopian zoogeographical region). *The South African Institute for Medical Research, Johannesburg*.
- GIRY, C., ROQUEBERT, B., LI-PAT-YUEN, G., GASQUE, P., and JAFFAR-BANDJEE, M.-C.** (2017). Improved detection of genus-specific *Alphavirus* using a generic TaqMan® assay. *BMC Microbiology*, 17(1), 1-9.
- GLOBAL ADMINISTRATIVE AREAS (Producer). (2018). GADM database of Global Administrative Areas, version 2.8. Retrieved from https://gadm.org/download_country_v3.html
- GLORIA-SORIA, A., AYALA, D., BHEECARRY, A., CALDERON-ARGUEDAS, O., CHADEE, D. D., CHIAPPERO, M., COETZEE, M., ELAHEE, K. B., FERNANDEZ-SALAS, I., KAMAL, H. A., KAMGANG, B., KHATER, E. I., KRAMER, L. D., KRAMER, V., LOPEZ-SOLIS, A., LUTOMIAH, J., MARTINS, A., JR., MICIELI, M. V., PAUPY, C., PONLAWAT, A., RAHOLA, N., RASHEED, S. B., RICHARDSON, J. B., SALEH, A. A., SANCHEZ-CASAS, R. M., SEIXAS, G., SOUSA, C. A., TABACHNICK, W. J., TROYO, A., and POWELL, J. R.** (2016). Global genetic diversity of *Aedes aegypti*. *Molecular Ecology*, 25(21), 5377-5395.
- GOGIREDDY, R. R., KUMAR, V., RANJIT, S., NATRAJ, R., VENKATACHALAPATHY, P., JAYAKUMAR, I., and MARGABANDHU, S.** (2020). Thrombotic thrombocytopenic purpura in a 2.5-year-old boy with dengue infection: a rare complication. *Paediatrics and International Child Health*, 40(2), 135-138.
- GONZÁLEZ-SÁNCHEZ, J. A., and RAMÍREZ-ARROYO, G. F.** (2018). Chikungunya virus: History, geographic distribution, clinical picture, and treatment. *Puerto Rico Health Sciences Journal*, 37(4), 187-194.

- GRARD, G., CARON, M., MOMBO, I. M., NKOGHE, D., MBOUI ONDO, S., JOLLE, D., FONTENILLE, D., PAUPY, C., and LEROY, E. M.** (2014). Zika virus in Gabon (Central Africa)-2007: a new threat from *Aedes albopictus*? *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 8(2), 1-6.
- GRATZ, N. G.** (2004). Critical review of the vector status of *Aedes albopictus*. *Medical and Veterinary Entomology*, 18, 225-227.
- GUBLER, D. J., and CLARK, G. G.** (1995). Dengue/dengue hemorrhagic fever: the emergence of a global health problem. *Emerging Infectious Diseases*, 1(2), 55-57.
- GUBLER, D. J.** (1997). Dengue and dengue hemorrhagic fever: its history and resurgence as a global public health problem. *Medicine*, 1-4.
- GUBLER, D. J.** (1998). Dengue and dengue hemorrhagic fever. *Clinical Microbiology Reviews*, 11(3), 480-496.
- GUBLER, D. J.** (2014). Dengue viruses: their evolution, history and emergence as a global public health problem. *Dengue and dengue hemorrhagic fever. Oxfordshire: CAB International*, 1-29.
- GUBLER, D. J., VASILAKIS, N., and MUSSO, D.** (2017). History and Emergence of Zika Virus. *Journal of Infectious Diseases*, 216(suppl_10), S860-S867.
- GUPTA, L., MOLINA-CRUZ, A., KUMAR, S., RODRIGUES, J., DIXIT, R., ZAMORA, R. E., and BARILLAS-MURY, C.** (2009). The STAT pathway mediates late-phase immunity against *Plasmodium* in the mosquito *Anopheles gambiae*. *Cell Host and Microbe*, 5(5), 498-507.
- GUZMAN, M. G., GUBLER, D. J., IZQUIERDO, A., MARTINEZ, E., and HALSTEAD, S. B.** (2016). Dengue infection. *Nature reviews Disease primers*, 2(1), 1-25.
- HALL, T. A.** (1999). BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series*, 41, 95-98.
- HAMMON, W. M., RUNDNICK, A., and SATHER, G.** (1960). Viruses associated with epidemic hemorrhagic fevers of the Philippines and Thailand. *Science*, 131(3407), 1102-1103.
- HAMMOND, S. N., GORDON, A. L., LUGO, E. D. C., MORENO, G., KUAN, G. M., LÓPEZ, M. M., LÓPEZ, J. D., DELGADO, M. A., VALLE, S. I., and ESPINOZA,**

- P. M.** (2007). Characterization of *Aedes aegypti* (Diptera: Culcidae) production sites in urban Nicaragua. *Journal of Medical Entomology*, 44(5), 851-860.
- HANLEY, K. A., MONATH, T. P., WEAVER, S. C., ROSSI, S. L., RICHMAN, R. L., and VASILAKIS, N.** (2013). Fever versus fever: the role of host and vector susceptibility and interspecific competition in shaping the current and future distributions of the sylvatic cycles of *Dengue virus* and *Yellow fever virus*. *Infection, Genetics and Evolution*, 19, 292-311.
- HARRIS, A. F., MCKEMEY, A. R., NIMMO, D., CURTIS, Z., BLACK, I., MORGAN, S. A., OVIEDO, M. N., LACROIX, R., NAISH, N., and MORRISON, N. I.** (2012). Successful suppression of a field mosquito population by sustained release of engineered male mosquitoes. *Nature Biotechnology*, 30(9), 828-830.
- HARRIS, C., LAMBRECHTS, L., ROUSSET, F., ABATE, L., NSANGO, S. E., FONTENILLE, D., MORLAIS, I., and COHUET, A.** (2010). Polymorphisms in *Anopheles gambiae* immune genes associated with natural resistance to *Plasmodium falciparum*. *PLoS Pathogens*, 6(9), 1-12.
- HAWLEY, W. A.** (1988). The biology of *Aedes albopictus*. *Journal of the American Mosquito Control Association*, 1, 1-39.
- HAYES, E. B.** (2009). Zika virus outside Africa. *Emerging Infectious Diseases*, 15(9), 1347-1350.
- HEINISCH, M., DIAZ-QUIJANO, F. A., CHIARAVALLOTI-NETO, F., PANCETTI, F. G. M., COELHO, R. R., DOS SANTOS ANDRADE, P., URBINATTI, P. R., DE ALMEIDA, R. M. M. S., and LIMA-CAMARA, T. N.** (2019). Seasonal and spatial distribution of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* in a municipal urban park in São Paulo, SP, Brazil. *Acta tropica*, 189, 104-113.
- HELINSKI, M. E., VALERIO, L., FACCHINELLI, L., SCOTT, T. W., RAMSEY, J., and HARRINGTON, L. C.** (2012). Evidence of polyandry for *Aedes aegypti* in semifield enclosures. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 86(4), 635-641.
- HENNESSEY, M., FISCHER, M., and STAPLES, J. E.** (2016). Zika virus spreads to new areas - Region of the Americas, May 2015 - January 2016. *American journal of Transplantation*, 16(3), 1031-1034.

- HERVY, J.-P., LEGROS, F., ROCHE, J.-C., MONTERNY, N., and DIACO, B.** (1984). Circulation du virus dengue 2 dans plusieurs milieux boisés des savanes soudaniennes de la région de Bobo-Diou-lasso (Burkina Faso). *Cahiers-ORSTOM. Entomologie Médicale et Parasitologie*, 22(2), 135-143.
- HOCK, J. W.** (2016). Improved CDC Backpack Aspirator—Model 1412 Instructions. *John W. Hock company*, 4 p.
- HOTTA, S.** (1952). Experimental studies on dengue: Isolation, identification and modification of the virus. *Journal of Infectious Diseases*, 90(1), 1-9.
- HOWE, G. M.** (1977). A world geography of human diseases. *Academic Press Inc.(London) Ltd., 24/28 Oval Road, London NW1 7DX.*
- .
- HUGHES, A. L., and NEI, M.** (1988). Pattern of nucleotide substitution at major histocompatibility complex class I loci reveals overdominant selection. *Nature*, 335(6186), 167-170.
- HUGHES, A. L.** (1999). Adaptive evolution of genes and genomes: Oxford University Press, USA. 270p.
- HUMPHREY, J. M., CLETON, N. B., REUSKEN, C. B., GLESBY, M. J., KOOPMANS, M. P., and ABU-RADDAD, L. J.** (2016). Dengue in the Middle East and North Africa: a systematic review. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 10(12), 1-31.
- HURAUULT, J.** (1969). Éleveurs et cultivateurs des hauts plateaux du Cameroun. La population du lamidat de Banyo. *Population (french edition)*, 963-994.
- JOHANSSON, M. A., MIER-Y-TERAN-ROMERO, L., REEFHUIS, J., GILBOA, S. M., and HILLS, S. L.** (2016). Zika and the risk of microcephaly. *New England Journal of Medicine*, 375(1), 1-4.
- JULIANO, S. A., O'MEARA, G. F., MORRILL, J. R., and CUTWA, M. M.** (2002). Desiccation and thermal tolerance of eggs and the coexistence of competing mosquitoes. *Oecologia*, 130(3), 458-469.
- JULIANO, S. A., LOUNIBOS, L. P., and O'MEARA, G. F.** (2004). A field test for competitive effects of *Aedes albopictus* on *A. aegypti* in South Florida: Differences between sites of coexistence and exclusion. *Oecologia*, 139(4), 583-593.

- JUPATANAKUL, N., SIM, S., ANGLERO-RODRIGUEZ, Y. I., SOUZA-NETO, J., DAS, S., POTI, K. E., ROSSI, S. L., BERGREN, N., VASILAKIS, N., and DIMOPOULOS, G.** (2017). Engineered *Aedes aegypti* JAK/STAT Pathway-Mediated Immunity to Dengue Virus. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 11(1), 1-24.
- JUPP, P. G.** (1996). Mosquitoes of Southern Africa. Culicinae and Toxorhynchitinae: *Ekogilde, Hartebeespoort, South Africa*.
- KAMGANG MBOUHOM, B., HAPPI, J. Y., BOISIER, P., NJIOKOU, F., HERVE, J. P., SIMARD, F., and PAUPY, C.** (2010). Geographic and ecological distribution of the dengue and chikungunya virus vectors *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* in three major Cameroonian towns. *Medical Veterinary Entomology*, 24(2), 1-10.
- KAMGANG MBOUHOM, B.** (2011). Bio-écologie et génétique des populations d'*Aedes aegypti* et d'*Aedes albopictus*, vecteurs potentiels d'arboviroses au Cameroun. (Doctorat/PhD), Thèse de Doctorat/Ph.D, Département de Biologie et Physiologie Animales, *Université de Yaoundé I, Cameroun*, 231 p.
- KAMGANG MBOUHOM, B., BRENGUES, C., FONTENILLE, D., NJIOKOU, F., SIMARD, F., and PAUPY, C.** (2011). Genetic structure of the tiger mosquito, *Aedes albopictus*, in Cameroon (Central Africa). *PLoS One*, 6(5), 1-10.
- KAMGANG MBOUHOM, B., NCHOUTPOUEN, E., SIMARD, F., and PAUPY, C.** (2012). Notes on the blood-feeding behavior of *Aedes albopictus* (Diptera Culicidae) in Cameroon. *Parasites and Vectors*, 5(57), 1-4.
- KAMGANG MBOUHOM, B., NGOAGOUNI, C., MANIRAKIZA, A., NAKOUNÉ, E., PAUPY, C., and KAZANJ, M.** (2013). Temporal Patterns of Abundance of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* (Diptera Culicidae) and Mitochondrial DNA analysis of *Ae. albopictus* in Central African Republic. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 7(12), 1-12.
- KAMGANG MBOUHOM, B., YOUNGANG, A. P., TCHOUPPO, M., RIVERON, J. M., and WONDJI, C.** (2017). Temporal distribution and insecticide resistance profile of two major arbovirus vectors *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* in Yaounde, the capital city of Cameroon. *Parasites and Vectors*, 10(1), 1-9.
- KAMGANG MBOUHOM, B., WILSON-BAHUN, T. A., IRVING, H., KUSIMO, M. O., LENGA, A., and WONDJI, C. S.** (2018). Geographical distribution of *Aedes aegypti*

and *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) and genetic diversity of invading population of *Aedes albopictus* in the Republic of the Congo. *Wellcome Open Research*, 3(79), 1-17.

KAMGANG MBOUHOM, B., VAZEILLE, M., YOUNGANG, A. P., TEDJOU, A. N., WILSON-BAHUN, T. A., MOUSSON, L., WONDJI, C. S., and FAILLOUX, A. B. (2019). Potential of *Aedes albopictus* and *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) to transmit yellow fever virus in urban areas in Central Africa. *Emerging Microbes and Infections*, 8(1), 1636-1641.

KAMGANG MBOUHOM, B., VAZEILLE, M., TEDJOU, A., YOUNGANG, A. P., WILSON-BAHUN, T. A., MOUSSON, L., WONDJI, C. S., and FAILLOUX, A. B. (2020a). Different populations of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) from Central Africa are susceptible to Zika virus infection. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 14(3), 1-12.

KAMGANG MBOUHOM, B., VAZEILLE, M., TEDJOU, A. N., WILSON-BAHUN, T. A., YOUNGANG, A. P., MOUSSON, L., WONDJI, C. S., and FAILLOUX, A. B. (2020b). Risk of dengue in Central Africa: Vector competence studies with *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) populations and dengue 2 virus. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 13(12), 1-12.

KANESA-THASAN, N., CHANG, G., SMOAK, B. L., MAGILL, A., BURROUS, M. J., and HOKE JR, C. (1998). Molecular and epidemiologic analysis of dengue virus isolates from Somalia. *Emerging infectious diseases*, 4(2), 299.

KIM, H., MI YU, H., LIM, H. W., YANG, S.-C., ROH, J. Y., CHANG, K. S., SHIN, E.-H., JU, Y. R., and LEE, W.-G. (2017). Host-feeding pattern and dengue virus detection of *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) captured in an urban park in Korea. *Journal of Asia-Pacific Entomology*, 20(3), 809-813.

KODIER, G. R., GUBLER, D. J., COPE, S. E., CROPP, C. B., SOLIMAN, A. K., POLYCARPE, D., ABDOURHAMAN, M. A., PARRA, J.-P., MASLIN, J., and ARTHUR, R. R. (1996). Epidemic dengue 2 in the city of Djibouti 1991–1992. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 90(3), 237-240.

KONTCHOU, B., FOTSA, A. M., and MPELE, J. C. D. (2012). Actions communales et developpement territorial dans la commune d'Abong-Mbang (region de l'Est-Cameroun): Commune d'Abong Mbang.

- KRAEMER, M. U. G., REINER, R. C., JR., BRADY, O. J., MESSINA, J. P., GILBERT, M., PIGOTT, D. M., YI, D., JOHNSON, K., EARL, L., MARCZAK, L. B., SHIRUDE, S., DAVIS WEAVER, N., BISANZIO, D., PERKINS, T. A., LAI, S., LU, X., JONES, P., COELHO, G. E., CARVALHO, R. G., VAN BORTEL, W., MARSBOOM, C., HENDRICKX, G., SCHAFFNER, F., MOORE, C. G., NAX, H. H., BENGTSSON, L., WETTER, E., TATEM, A. J., BROWNSTEIN, J. S., SMITH, D. L., LAMBRECHTS, L., CAUCHEMEZ, S., LINARD, C., FARIA, N. R., PYBUS, O. G., SCOTT, T. W., LIU, Q., YU, H., WINT, G. R. W., HAY, S. I., and GOLDING, N.** (2019). Past and future spread of the arbovirus vectors *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus*. *Natural Microbiology*, 4(5), 854-863.
- KUMAR, A., SRIVASTAVA, P., SIRISENA, P., DUBEY, S. K., KUMAR, R., SHRINET, J., and SUNIL, S.** (2018). Mosquito Innate Immunity. *Insects*, 9(3), 1-34.
- KUMAR, S., THOMAS, A., and PILLAI, M.** (2011). Deltamethrin: Promising mosquito control agent against adult stage of *Aedes aegypti* Linneaus 1762. *Asian Pacific Journal of Tropical Medicine*, 4(6), 430-435.
- KUMAR, S., STECHER, G., and TAMURA, K.** (2016). MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0. *Molecular Biology and Evolution*, 33(7), 1870-1874.
- KUNIHOLM, M. H., WOLFE, N. D., HUANG, C. Y. H., MPOUDI-NGOLE, E., TAMOUFE, U., and BURKE, D. S. E. A.** (2006). Seroprevalence and distribution of Flaviviridae, Togaviridae, and Bunyaviridae arboviral infections in rural Cameroonian adults. *American journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 74, 1078-1083.
- KUNO, G., and CHANG, G.-J.** (2007). Full-length sequencing and genomic characterization of Bagaza, Kedougou, and Zika viruses. *Archives of Virology*, 152(4), 687-696.
- KUNO, G., MACKENZIE, J. S., JUNGLEN, S., HUBÁLEK, Z., PLYUSNIN, A., and GUBLER, D. J.** (2017). Vertebrate reservoirs of arboviruses: myth, synonym of amplifier, or reality? *Viruses*, 9(7), 1-28.
- KYROU, K., HAMMOND, A. M., GALIZI, R., KRANJC, N., BURT, A., BEAGHTON, A. K., NOLAN, T., and CRISANTI, A.** (2018). A CRISPR–Cas9 gene drive targeting doublesex causes complete population suppression in caged *Anopheles gambiae* mosquitoes. *Nature Biotechnology*, 36(11), 1062-1066.

- LAMB, L. E., BARTOLONE, S. N., TREE, M. O., CONWAY, M. J., ROSSIGNOL, J., SMITH, C. P., and CHANCELLOR, M. B.** (2018). Rapid detection of Zika virus in urine samples and infected mosquitos by reverse transcription-loop-mediated isothermal amplification. *Scientific Reports*, 8(1), 1-9.
- LANCIOTTI, R. S., KOSOY, O. L., LAVEN, J. J., VELEZ, J. O., LAMBERT, A. J., JOHNSON, A. J., STANFIELD, S. M., and DUFFY, M. R.** (2008). Genetic and serologic properties of Zika virus associated with an epidemic, Yap State, Micronesia, 2007. *Emerging Infectious Diseases*, 14(8), 1232-1239.
- LANE, R. P., and CROSSKEY, R. W.** (2012). Medical insects and arachnids: *Springer Science and Business Media* : 682 p.
- LEPARC-GOFFART, I., BARAGATTI, M., TEMMAM, S., TUISKUNEN, A., MOUREAU, G., CHARREL, R., and DE LAMBALLERIE, X.** (2009). Development and validation of real-time one-step reverse transcription-PCR for the detection and typing of dengue viruses. *Journal of Clinical Virology*, 45(1), 61-66.
- LEROY, E. M., NKOGHE, D., OLLOMO, B., NZE-NKOGUE, C., BECQUART, P., GRARD, G., POURRUT, X., CHARREL, R., MOUREAU, G., NDOJOYIMBIGUINO, A., and DE-LAMBALLERIE, X.** (2009). Concurrent chikungunya and dengue virus infections during simultaneous outbreaks, Gabon, 2007. *Emerging Infectious Diseases*, 15(4), 591-593.
- LETA, S., BEYENE, T. J., DE CLERCQ, E. M., AMENU, K., KRAEMER, M. U. G., and REVIE, C. W.** (2018). Global risk mapping for major diseases transmitted by *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus*. *International Journal of Infectious Diseases*, 67, 25-35.
- LETOUZEY, R.** (1985). Notice de la carte phytogéographique du Cameroun au 1:500 000. *Toulouse, France: Institut de la Carte Internationale de la Végétation*.
- LIBRADO, P., and ROZAS, J.** (2009). DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25(11), 1451-1452.
- LIFETECHNOLOGIES.** (2011). RNeasy® Tissue Collection: RNA Stabilization Solution: *Applied Biosystems*.
- LIVAK, K. J.** (1984). Organization and mapping of a sequence on the *Drosophila melanogaster* X and Y chromosomes that is transcribed during spermatogenesis. *Genetics*, 107(4), 611-634.

- LOUNIBOS, L. P.** (2002). Invasions by insect vectors of Human disease. *Annual Reviews of Entomology*, 47, 233-266.
- LOUNIBOS, L. P., BARGIELOWSKI, I., CARRASQUILLA, M. C., and NISHIMURA, N.** (2016). Coexistence of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) in Peninsular Florida Two Decades After Competitive Displacements. *Journal of Medical Entomology*, 53(6), 1385-1390.
- LOVER, A. A.** (2016). Zika virus and microcephaly. *The Lancet Infectious Diseases*, 16(12), 1331-1332.
- LUTOMIAH, J., BARRERA, R., MAKIO, A., MUTISYA, J., KOKA, H., OWAKA, S., KOSKEI, E., NYUNJA, A., EYASE, F., COLDREN, R., and SANG, R.** (2016). Dengue Outbreak in Mombasa City, Kenya, 2013-2014: Entomologic Investigations. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 10(10), 1-16.
- MACKAY, I. M., ARDEN, K. E., and NITSCHKE, A.** (2002). Real-time PCR in virology. *Nucleic Acids Research*, 30(6), 1292-1305.
- MACNAMARA, F.** (1954). Zika virus: a report on three cases of human infection during an epidemic of jaundice in Nigeria. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 48(2), 139-145.
- MADI, O. P., BOUROU, S., and WOIN, N.** (2012). Utilisations et importances socioéconomiques du *Moringa oleifera* Lam. en zone de savanes d'Afrique Centrale. Cas de la ville de Maroua au Nord-Cameroun. *Journal of Applied Biosciences*, 60, 4421-4432.
- MANGUDO, C., APARICIO, J., and GLEISER, R.** (2015). Use of treeholes as larval habitat by *Aedes aegypti* in urban, suburban and forested environments in San Ramón de la Nueva Orán, Argentina. *Bulletin of Entomological Research*, 105, 679-684.
- MANSUY, J.-M., LHOMME, S., CAZABAT, M., PASQUIER, C., MARTIN-BLONDEL, G., and IZOPET, J.** (2018). Detection of Zika, dengue and chikungunya viruses using single-reaction multiplex real-time RT-PCR. *Diagnostic Microbiology and Infectious Disease*, 92(4), 284-287.
- MATHYS, V., LEFÈVRE, P., FONTAINE, V., DEHEM, M., DONNIO, P., FÉVRIER, F., LE COUSTOUMIER, A., and BIFANI, P.** (2007). La PCR en temps réel: principe et application en infectiologie. *Antibiotiques*, 9(3), 205-211.

- MATTINGLY, P. F.** (1957). Genetical aspects of the *Aedes aegypti* problem. *Annual Tropical Medicine Parasitology*, 51(4), 392-408.
- MATTINGLY, P. F., STONE, A., and KNIGHT, K. L.** (1962). *Culex aegypti* Linnaeus, 1762 (Insecta, Diptera); proposed validation and interpretation under the plenary powers of the species so named. ZN (S.) 1216. *The International Trust for Zoological Nomenclature* 21, 14.
- MAYNARD, A. J., AMBROSE, L., COOPER, R. D., CHOW, W. K., DAVIS, J. B., MUZARI, M. O., VAN DEN HURK, A. F., HALL-MENDELIN, S., HASTY, J. M., and BURKOT, T. R.** (2017). Tiger on the prowl: Invasion history and spatio-temporal genetic structure of the Asian tiger mosquito *Aedes albopictus* (Skuse 1894) in the Indo-Pacific. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 11(4), 1-27.
- MBEVO FENDOUNG, P., TCHINDJANG, M., and HUBERT-FERRARI, A.** (2022). Weakening of Coastlines and Coastal Erosion in the Gulf of Guinea: The Case of the Kribi Coast in Cameroon. *Land*, 11(9), 1557.
- MBOERA, L. E., MWEYA, C. N., RUMISHA, S. F., TUNGU, P. K., STANLEY, G., MAKANGE, M. R., MISINZO, G., DE NARDO, P., VAIRO, F., and ORIYO, N. M.** (2016). The Risk of Dengue Virus Transmission in Dar es Salaam, Tanzania during an Epidemic Period of 2014. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 10(1), 1-15.
- MCSHERRY, J.** (1982). Some medical aspects of the Darien scheme: was it dengue? *Scottish Medical Journal*, 27(2), 183-184.
- MEBANGA, A. S., BELOKO, L. S., and MAMOUDOU, A.** (2020). Prévalence et facteurs de risque de la fièvre aphteuse dans le marché à bétail de Garoua-Boulai et dans la zone de transhumance du Lom et Djerem à l'Est du Cameroun. *International Journal of Biological and Chemical Sciences*, 14(8), 2799-2806.
- MEDEIROS, A. S., COSTA, D. M. P., BRANCO, M. S. D., SOUSA, D. M. C., MONTEIRO, J. D., GALVAO, S. P. M., AZEVEDO, P. R. M., FERNANDES, J. V., JERONIMO, S. M. B., and ARAUJO, J. M. G.** (2018). Dengue virus in *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* in urban areas in the state of Rio Grande do Norte, Brazil: Importance of virological and entomological surveillance. *PLoS One*, 13(3), 1-11.
- MELLOR, P.** (2000). Replication of arboviruses in insect vectors. *Journal of Comparative Pathology*, 123(4), 231-247.

- MELO, A. L. D. A., SOCCOL, V. T., and SOCCOL, C. R.** (2016). Bacillus thuringiensis: mechanism of action, resistance, and new applications: a review. *Critical Reviews in Biotechnology*, 36(2), 317-326.
- MESSINA, J. P., BRADY, O. J., PIGOTT, D. M., GOLDING, N., KRAEMER, M. U., SCOTT, T. W., WINT, G. W., SMITH, D. L., and HAY, S. I.** (2015). The many projected futures of dengue. *Nature Reviews Microbiology*, 13(4), 230-239.
- MEUNIER, O., and FOUSSADIER, R.** (2020). Lutter contre l'implantation des moustiques en zone urbaine. *Revue Francophone des Laboratoires*, 2020(524), 62-66.
- MEVOA, A. M., TOHOZIN, C. A. B., and MOUHAMADOU, I. T.** (2015). Utilisation du SIG pour une réorganisation urbaine du centre-ville de Mbalmayo au Cameroun. *Afrique Science: Revue Internationale des Sciences et Technologie*, 11(3), 73-81.
- MINEP.** (2015). Plan National d'Adaptation aux Changements Climatiques du Cameroun: Ministère de l'Environnement, de la Protection de la Nature et du Développement Durable.
- MOBILISEYOURCITY.** (2019). Plan de Mobilité Urbaine Soutenable pour la Communauté Urbaine de Yaoundé : Rapport de synthèse (M. Y. City Ed.): *MobiliseYourCity, Communauté Urbaine de Yaoundé.*
- MOMBOULI, J. V., BITSINDOU, P., ELION, D. O., GROLLA, A., FELDMANN, H., NIAMA, F. R., PARRA, H. J., and MUNSTER, V. J.** (2013). Chikungunya virus infection, Brazzaville, Republic of Congo, 2011. *Emerging Infectious Diseases*, 19(9), 1542-1543.
- MONTECILLO-AGUADO, M. R., MONTES-GOMEZ, A. E., GARCIA-CORDERO, J., CORZO-GOMEZ, J., VIVANCO-CID, H., MELLADO-SANCHEZ, G., MUNOZ-MEDINA, J. E., GUTIERREZ-CASTANEDA, B., SANTOS-ARGUMEDO, L., GONZALEZ-BONILLA, C., and CEDILLO-BARRON, L.** (2019). Cross-Reaction, Enhancement, and Neutralization Activity of Dengue Virus Antibodies against Zika Virus: A Study in the Mexican Population. *Journal of Immunology Research*, 2019, 1-15.
- MORE, F.** (1904). Observations on dengue fever in Singapore. *Journal of Malaya Branch of British Medical Association*, 1, 24-29.

- MORRISON, T. B., WEIS, J. J., and WITTEWER, C. T.** (1998). Quantification of low-copy transcripts by continuous SYBR Green I monitoring during amplification. *Biotechniques*, 24(6), 954-962.
- MOURLAN, C., VANDESTEEENE, S., and ESTÈVE-MOUSSION, I.** (2020). Comment éviter l'implantation des cycles endémiques d'arboviroses autochtones dans nos régions? *Revue Francophone des Laboratoires*, 2020(524), 67-72.
- MULLIS, K. B.** (1987). Process for amplifying nucleic acids: *Cetus Corporation, Emeryville, California, United States* : 32 p.
- MURIAS DOS SANTOS, A., CABEZAS, M. P., TAVARES, A. I., XAVIER, R., and BRANCO, M.** (2016). tcsBU: a tool to extend TCS network layout and visualization. *Bioinformatics*, 32, 627-628.
- MUSSO, D., and GUBLER, D. J.** (2016). Zika Virus. *Clinical microbiology reviews*, 29(3), 487-524.
- MUZARI, M. O., DAVIS, J., BELLWOOD, R., CRUNKHORN, B., GUNN, E., SABATINO, U., and GAIR, R.** (2019). Dominance of the tiger: The displacement of *Aedes aegypti* by *Aedes albopictus* in parts of the Torres Strait, Australia. *Communicable Diseases Intelligence*, 43, 1-12.
- NASCIMENTO, E. J., BONAPARTE, M. I., LUO, P., VINCENT, T. S., HU, B., GEORGE, J. K., ÁÑEZ, G., NORIEGA, F., ZHENG, L., and HULEATT, J. W.** (2019). Use of a blockade-of-binding ELISA and microneutralization assay to evaluate Zika virus serostatus in dengue-endemic areas. *The American journal of tropical medicine and hygiene*, 101(3), 708-715.
- NAVIA-GINE, W. G., LOAIZA, J. R., and MILLER, M. J.** (2013). Mosquito-host interactions during and after an outbreak of equine viral encephalitis in eastern Panama. *PloS One*, 8(12), 1-8.
- NDIP, L. M., BOUYER, D. H., DA ROSA, A. P. T., TITANJI, V., TESH, R. B., and WALKER, D. H.** (2004). Acute spotted fever rickettsiosis among febrile patients, Cameroon. *Emerging infectious diseases*, 10(3), 432-437.
- NEI, M.** (1987). Molecular evolutionary genetics. New York: Colombia University Press. 512 p.

- NEMG SIMO, F. B., SADO YOUSSEU, F. B., EVOUNA MBARGA, A., BIGNA, J. J., MELONG, A., NTOUDE, A., KAMGANG, B., BOUYNE, R., MOUNDIPA FEWOU, P., and DEMANOU, M.** (2018). Investigation of an Outbreak of Dengue Virus Serotype 1 in a Rural Area of Kribi, South Cameroon: A Cross-Sectional Study. *Intervirology*, 61(6), 265-271.
- NGOAGOUNI, C., KAMGANG, B., NAKOUNÉ, E., PAUPY, C., and KAZANJI, M.** (2015). Invasion of *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) into central Africa: what consequences for emerging diseases? *Parasites and Vectors*, 8(191), 1-7.
- NGOAGOUNI, C., KAMGANG, B., KAZANJI, M., PAUPY, C., and NAKOUNE, E.** (2017). Potential of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* populations in the Central African Republic to transmit enzootic chikungunya virus strains. *Parasites and Vectors*, 10(1), 1-5.
- NGUELIEU, C. R.** (2017). Evaluation des risques de contamination en éléments traces métalliques (Pb, Cd, Zn) des sites maraîchers urbains de Yaoundé (Cameroun). mémoire de Master de spécialisation en production intégrée et préservation des ressources naturelles en milieu urbain et péri-urbain, *Université de Liege*, 58 p.
- NÜSSLEIN-VOLHARD, C., and WIESCHAUS, E.** (1980). Mutations affecting segment number and polarity in *Drosophila*. *Nature*, 287(5785), 795-801.
- O'MEARA, G. F., LEONARD F. EVANS, J., ALAN D. GETTMAN, and CUDA, J. P.** (1995). Spread of *Aedes albopictus* and decline of *Aedes aegypti* in Florida. *Journal of Medical Entomology*, 32(4), 554-562.
- OBBARD, D. J., CALLISTER, D. M., JIGGINS, F. M., SOARES, D. C., YAN, G., and LITTLE, T. J.** (2008). The evolution of TEP1, an exceptionally polymorphic immunity gene in *Anopheles gambiae*. *BMC Evolution Biology*, 8, 1-11.
- OBEN, E. E. E., and NDI, H. N.** (2014). Urbanisation and Market Growth Trends in the Yaounde Metropolis. *Journal of Geography and Geology*, 6(3), 203-213.
- OKAFOR, I. I., EZUGWU, F. O., and EKWOCHI, U.** (2016). Zika virus: The emerging global health challenge. *Diversity and Equality in Health and Care*, 13(6), 8.
- OLIVRY, J. C.** (1986). Fleuves et rivières du Cameroun. *Collection Monographies Hydrologiques* 9, Edition ORSTOM, Paris, France, 781 p. (Vol. 9).

- Ouedraogo, S., Degroote, S., Barro, S., Somé, P.-A., Bonnet, E., and Ridde, V.** (2019). Épidémies récurrentes de la dengue au Burkina Faso: préférences communautaires pour une intervention de prévention de la maladie. *Revue d'Epidémiologie et de Santé Publique*, 67(6), 375-382.
- PAHO.** (1994). Dengue and dengue hemorrhagic fever in the Americas: guidelines for prevention and control: *Pan American Health Organisation, Washington DC* : 100 p.
- PAHO.** (2017). Tool for the diagnosis and care of patients with suspected arboviral diseases: *Pan American Health Organization, Washington DC* : 102 p.
- Paixao, E. S., Teixeira, M. G., and Rodrigues, L. C.** (2018). Zika, chikungunya and dengue: the causes and threats of new and re-emerging arboviral diseases. *BMJ Global Health*, 3(Suppl 1), 1-6.
- Parodi, B., Aresu, O., Bini, D., Lorenzini, R., Schena, F., Visconti, P., Cesaro, M., Ferrera, D., Andreotti, V., and Ruzzon, T.** (2002). Species identification and confirmation of human and animal cell lines: a PCR-based method. *Biotechniques*, 32(2), 432-440.
- Passarelli, A. L.** (2011). Barriers to success: how baculoviruses establish efficient systemic infections. *Virology*, 411(2), 383-392.
- Pastorino, B., Bessaud, M., Grandadam, M., Murri, S., Toloou, H. J., and Peyrefitte, C. N.** (2005). Development of a TaqMan® RT-PCR assay without RNA extraction step for the detection and quantification of African Chikungunya viruses. *Journal of Virological Methods*, 124(1-2), 65-71.
- PATERSON, H., and MCINTOSH, B.** (1964). Further studies on the chikungunya outbreak in southern Rhodesia in 1962: II—transmission experiments with the *Aedes fuscifer-Taylori* group of mosquitoes and with a member of the *Anopheles gambiae* complex. *Annals of Tropical Medicine and Parasitology*, 58(1), 52-55.
- PAUPY, C., DELATTE, H., BAGNY, L., CORBEL, V., and FONTENILLE, D.** (2009). *Aedes albopictus*, an arbovirus vector: from the darkness to the light. *Microbes and Infections*, 11(14-15), 1177-1185.
- PAUPY, C., OLLOMO, B., KAMGANG, B., MOUTAILLER, S., ROUSSET, D., DEMANOU, M., HERVÉ, J.-P., LEROY, E., and SIMARD, F.** (2010). Comparative

- role of *Aedes albopictus* and *Aedes aegypti* in the emergence of Dengue and Chikungunya in central Africa. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 10(3), 259-266.
- PETERSEN, L. R., JAMIESON, D. J., POWERS, A. M., and HONEIN, M. A.** (2016). Zika Virus. *New England Journal of Medicine*, 374(16), 1552-1563.
- PEYREFITTE, C. N., ROUSSET, D., PASTORINO, B. A. M., POUILLOT, R., BESSAUD, M., TOCK, F., MANSARAY, H., MERLE, O. L., PASCUAL, A. M., PAUPY, C., VESSIERE, A., IMBERT, P., TCHENDJOU, P., DURAND, J.-P., TOLOU, H. J., and GRANDADAM, M.** (2007). Chikungunya virus, Cameroon, 2006. *Emerging Infectious Diseases*, 13(5), 768-771.
- POITRAS, E., and HOUDE, A.** (2002). La PCR en temps réel: principes et applications. *Reviews in Biology and Biotechnology*, 2(2), 2-11.
- PONLAWAT, A., and HARRINGTON, L. C.** (2005). Blood Feeding Patterns of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* in Thailand. *Journal of Medical Entomology*, 42(5), 844-849.
- POWELL, J. R., and TABACHNICK, W. J.** (2013). History of domestication and spread of *Aedes aegypti*-A review. *Memorias do Instituto Oswaldo Cruz*, 108(Suppl 1), 11-17.
- POWELL, J. R.** (2016). Mosquitoes on the move. *Science*, 354(6315), 971-972.
- POWELL, J. R., GLORIA-SORIA, A., and KOTSAKIOZI, P.** (2018). Recent history of *Aedes aegypti*: Vector genomics and epidemiology records. *Bioscience*, 68(11), 854-860.
- POWERS, A. M., BRAULT, A. C., TESH, R. B., and WEAVER, S. C.** (2000). Re-emergence of Chikungunya and O'nyong-nyong viruses: evidence for distinct geographical lineages and distant evolutionary relationships. *Journal of General Virology*, 81(2), 471-479.
- QGIS DEVELOPMENT TEAM.** (2019). QGIS 3.8.1 Geographic Information System: *Open Source Geospatial Foundation Project* : 102 p.
- QIAGEN.** (2014). QIAamp viral RNA mini handbook: *QIAGEN Group*, 48 p.
- QIAGEN.** (2016). DNeasy® Blood and Tissue Handbook: *QIAGEN group* : 64 p.
- R CORE TEAM.** (2018). R: A language and environment for statistical computing. *Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing.*

- RAMIREZ, J. L., and DIMOPOULOS, G.** (2010). The Toll immune signaling pathway control conserved anti-dengue defenses across diverse *Ae. aegypti* strains and against multiple dengue virus serotypes. *Developmental and Comparative Immunology*, 34(6), 625-629.
- RAMIREZ, J. L., SOUZA-NETO, J., TORRES COSME, R., ROVIRA, J., ORTIZ, A., PASCALE, J. M., and DIMOPOULOS, G.** (2012). Reciprocal tripartite interactions between the *Aedes aegypti* midgut microbiota, innate immune system and dengue virus influences vector competence. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 6(3), 1-11.
- REIS, S., CORNEL, A. J., MELO, M., PEREIRA, H., and LOISEAU, C.** (2017). First record of *Aedes albopictus* (Skuse 1894) on São Tomé island. *Acta tropica*, 171, 86-89.
- REISKIND, M. H., and LOUNIBOS, L. P.** (2013). Spatial and temporal patterns of abundance of *Aedes aegypti* L. (*Stegomyia aegypti*) and *Aedes albopictus* (Skuse) [*Stegomyia albopictus* (Skuse)] in southern Florida. *Medical and Veterinary Entomology*, 27(4), 421-429.
- REITER, P., CORDELLIER, R., OUMA, J. O., CROPP, C. B., SAVAGE, H. M., SANDERS, E. J., MARFIN, A. A., TUKEI, P. M., AGATA, N. N., GITAU, L. G., RAPUODA, B. A., and GUBLER, D. J.** (1998). First recorded outbreak of Yellow fever in Kenya, 1992-1993. II. Entomologic investigations. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 59(4), 650-656.
- REY, J. R., NAOYA NISHIMURA, BILLI WAGNER, MARIETA A.H. BRAKS, SHEILA M. O'CONNELL, and LOUNIBOS, L. P.** (2006). Habitat segregation of mosquito Arbovirus in South Florida. *Journal of Medical Entomology*, 43(6), 1134-1141.
- REZENDE, G. L., MARTINS, A. J., GENTILE, C., FARNESI, L. C., PELAJO-MACHADO, M., PEIXOTO, A. A., and VALLE, D.** (2008). Embryonic desiccation resistance in *Aedes aegypti*: presumptive role of the chitinized serosal cuticle. *BMC Developmental Biology*, 8(1), 82-95.
- RITCHIE, S. A.** (2018). Wolbachia and the near cessation of dengue outbreaks in Northern Australia despite continued dengue importations via travellers. *Journal of Travel Medicine*, 25(1), 1-3.

- ROBINSON, M. C.** (1955). An epidemic of virus disease in Southern Province, Tanganyika territory, in 1952–1953. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 49(1), 28-32.
- RODRIGUEZ-ROCHE, R., and GOULD, E. A.** (2013). Understanding the dengue viruses and progress towards their control. *BioMed Research International*, 2013, 1-20.
- ROIZ, D., WILSON, A. L., SCOTT, T. W., FONSECA, D. M., JOURDAIN, F., MÜLLER, P., VELAYUDHAN, R., and CORBEL, V.** (2018). Integrated *Aedes* management for the control of *Aedes*-borne diseases. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 12(12), 1-21.
- RONO, E. K.** (2017). Variation in the *Anopheles gambiae* TEP1 gene shapes local population structures of malaria mosquitoes. Thèse de Doctorat/Ph.D en Biologie, Faculté des Sciences de la Vie, Université Humboldt de Berlin, 162 p.
- ROZENDAAL, J. A.** (1999). La lutte antivectorielle: Méthodes à usage individuel et communautaire: *Organisation Mondiale de la Santé, Genève* : 504 p.
- ROZILAWATI, H., TANASELVI, K., NAZNI, W., MOHD MASRI, S., ZAIRI, J., ADANAN, C., and LEE, H.** (2015). Surveillance of *Aedes albopictus* Skuse breeding preference in selected dengue outbreak localities, peninsular Malaysia. *Tropical Biomedicine*, 32(1), 49-64.
- RUDNICK, A.** (1978). Ecology of dengue virus. *Asian Journal of Infectious Diseases*, 2, 156-160.
- RUSSO, G., SUBISSI, L., and REZZA, G.** (2020). Chikungunya fever in Africa: a systematic review. *Pathogens and Global Health*, 114(3), 111-119.
- RYAN, P. A., TURLEY, A. P., WILSON, G., HURST, T. P., RETZKI, K., BROWN-KENYON, J., HODGSON, L., KENNY, N., COOK, H., and MONTGOMERY, B. L.** (2019). Establishment of wMel *Wolbachia* in *Aedes aegypti* mosquitoes and reduction of local dengue transmission in Cairns and surrounding locations in northern Queensland, Australia. *Gates Open Research*, 3, 1547-1576.
- SALINAS, S., FOULONGNE, V., LOUSTALOT, F., FOURNIER-WIRTH, C., MOLÈS, J.-P., BRIANT, L., NAGOT, N., VAN DE PERRE, P., and SIMONIN, Y.** (2016). Le virus Zika-L'émergence d'une menace. *Médecine/Sciences*, 32(4), 378-386.

- SANGER, F., NICKLEN, S., and COULSON, A. R.** (1977). DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proceedings of the national academy of sciences*, 74(12), 5463-5467.
- SANTIAGO, G. A., VAZQUEZ, J., COURTNEY, S., MATIAS, K. Y., ANDERSEN, L. E., COLON, C., BUTLER, A. E., ROULO, R., BOWZARD, J., VILLANUEVA, J. M., and MUNOZ-JORDAN, J. L.** (2018). Performance of the Trioplex real-time RT-PCR assay for detection of Zika, dengue, and chikungunya viruses. *Nature Communications*, 9(1), 1391-1400.
- SANTOIR, C., and BOPDA, A.** (1995). Atlas régional Sud-Cameroun: Editions ORSTOM, Montpellier, France : 53 p.
- SANYAOLU, A., AYODELE, O., LIKAJ, L., MARINKOVIC, A., LOCKE, J., AHMED, M., AKANBI, O., ORISH, V., OKORIE, C., and BADARU, O.** (2019). Changing Epidemiology, Treatment, and Vaccine Update on chikungunya, dengue, and Zika Viruses. *Current Tropical Medicine Reports*, 6(3), 145-159.
- SAVAGE, H. M., EZIKF, T. V. I., NWANKWO, A. C. N., SPIEGEL, R., and MILLER, B. R.** (1992). First record of breeding populations of *Ae. albopictus* in continental Africa: implications for arboviral transmission. *Operational and Scientific Notes*, 8(1), 101-103.
- SCHOLTE, E.-J., and SCHAFFNER, F.** (2007). Waiting for the tiger: establishment and spread of the *Aedes albopictus* mosquito in Europe. *Emerging Pests and Vector-Borne Diseases in Europe*, 1, 241-260.
- SCHUFFENECKER, I., ITEMAN, I., MICHAULT, A., MURRI, S., FRANGEUL, L., VANEY, M.-C., LAVENIR, R., PARDIGON, N., REYNES, J.-M., and PETTINELLI, F.** (2006). Genome microevolution of chikungunya viruses causing the Indian ocean outbreak. *PLoS Medicine*, 3(7), 1058-1070.
- SCHWARTZ, E., MELTZER, E., MENDELSON, M., TOOKE, A., STEINER, F., GAUTRET, P., FRIEDRICH-JAENICKE, B., LIBMAN, M., BIN, H., and WILDER-SMITH, A.** (2013). Detection on four continents of dengue fever cases related to an ongoing outbreak in Luanda, Angola, March to May 2013. *Eurosurveillance*, 18(21), 1-3.

- SCOTT, T. W., LORENZ, L. H., and WEAVER, S. C.** (1990). Susceptibility of *Aedes albopictus* to infection with eastern equine encephalomyelitis virus. *Journal of the American Mosquito Control Association*, 6(2), 274-278.
- SCOTT, T. W., CHOW, E., STRICKMAN, D., KITTAYAPONG, P., WIRTZ, R. A., LORENZ, L. H., and EDMAN, J. D.** (1993). Blood-feeding patterns of *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) collected in a rural Thai village. *Journal of Medical Entomology*, 30(5), 922-927.
- SELHORST, P., MAKIALA-MANDANDA, S., DE SMET, B., MARIËN, J., ANTHONY, C., BINENE-MBUKA, G., DE WEGGHELEIRE, A., ILOMBE, G., KINGANDA-LUSAMAKI, E., and PUKUTA-SIMBU, E.** (2020). Molecular characterization of chikungunya virus during the 2019 outbreak in the Democratic Republic of the Congo. *Emerging Microbes and Infections*, 9(1), 1912-1918.
- SENEVIRATNE, S. L.** (2020). The World Health Organization dengue case classifications. *Galle Medical Journal*, 25(3), 74-78.
- SENG, M. C., and JUTE, N.** (1994). Breeding of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* in urban housing of Sibuluan town, Sarawak. *The Southeast Asian Journal of Tropical Medicine*, 25(3), 543-548.
- SHARP, T. M., MOREIRA, R., SOARES, M. J., DA COSTA, L. M., MANN, J., DELOREY, M., HUNSPERGER, E., MUÑOZ-JORDÁN, J. L., COLÓN, C., and MARGOLIS, H. S.** (2015). Underrecognition of dengue during 2013 epidemic in Luanda, Angola. *Emerging Infectious Diseases*, 21(8), 1311-1316.
- SIGHOMNOU, D.** (2004). Analyse et redéfinition des régimes hydrologiques du Cameroun : Perspectives d'évolution des ressources en eau. Thèse de Doctorat d'Etat ès-Sciences Naturelles, option Sciences de l'Eau, Département des Sciences de la Terre, Université de Yaoundé I, 292 p.
- SIMARD, F., NCHOUTPOUEN, E., TOTO, J. C., and FONTENILLE, D.** (2005). Geographic Distribution and Breeding Site Preference of *Aedes albopictus* and *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) in Cameroon, Central Africa. *Journal of Medical Entomology*, 42(5), 726-731.
- SIMO TCHETGNA, H. D., SADO YOUSSEU, F., KAMGANG, B., TEDJOU, A., MCCALL, P., and WONDJI, C. S.** (2021). Concurrent circulation of dengue serotype

- 1, 2 and 3 among acute febrile patients in Cameroon. *PLoS Neglected of Tropical Diseases*, 15(10), 1-27.
- SIVAN, A., SHRIRAM, A. N., SUNISH, I. P., and VIDHYA, P. T.** (2015). Host-feeding pattern of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) in heterogeneous landscapes of South Andaman, Andaman and Nicobar Islands, India. *Parasitology Research*, 114(9), 3539-3546.
- SKUSE, F. A. A.** (1899). The banded mosquito of Bengal. *Indian Museum notes*, 3, 1.
- SMITH, C. G.** (1956). The history of dengue in tropical Asia and its probable relationship to the mosquito *Aedes aegypti*. *Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 59(10), 243-251.
- SOUZA-NETO, J. A., SIM, S., and DIMOPOULOS, G.** (2009). An evolutionary conserved function of the JAK-STAT pathway in anti-dengue defense. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 106(42), 17841-17846.
- SOUZA-NETO, J. A., POWELL, J. R., and BONIZZONI, M.** (2019). *Aedes aegypti* vector competence studies: a review. *Infection, Genetics and Evolution*, 67, 191-209.
- STAHL, E. A., DWYER, G., MAURICIO, R., KREITMAN, M., and BERGELSON, J.** (1999). Dynamics of disease resistance polymorphism at the Rpm1 locus of *Arabidopsis*. *Nature*, 400(6745), 667-671.
- STRUGAREK, M., BOSSIN, H., and DUMONT, Y.** (2019). On the use of the sterile insect release technique to reduce or eliminate mosquito populations. *Applied Mathematical Modelling*, 68, 443-470.
- SUCHEL, J. B.** (1972). Les régimes pluviométriques au Cameroun. . *Centre National de la Recherche Scientifique, Bordeaux-Talence* : 292 p.
- SYLLA, M., BOSIO, C., URDANETA-MARQUEZ, L., NDIAYE, M., and BLACK IV, W. C.** (2009). Gene flow, subspecies composition, and dengue virus-2 susceptibility among *Aedes aegypti* collections in Senegal. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 3(4), 1-14.
- TABACHNICK, W. J.** (1991). Evolutionary genetics and arthropod-borne disease: the yellow fever mosquito. *American Entomologist*, 37(1), 14-26.

- TAJIMA, F.** (1989). Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. *Genetics*, 123(3), 585-595.
- TAMURA, K.** (1992). Estimation of the number of nucleotide substitutions when there are strong transition-transversion and G+C-content biases. *Molecular Biology and Evolution*, 9(4), 678-687.
- TAYADE, M. R., SHINKAR, D. M., PATIL, P. B., and SAUDAGAR, R. B.** (2018). Emerging therapy for dengue. *International Journal of Current Pharmaceutical Research*, 10(2), 1-4.
- TECHNELYSIUM.** (2018). Chromas version 2.6.5: *Technelysium Pty Ltd, South Brisbane, Queensland, Australia.*
- THELWELL, N., MILLINGTON, S., SOLINAS, A., BOOTH, J., and BROWN, T.** (2000). Mode of action and application of Scorpion primers to mutation detection. *Nucleic Acids Research*, 28(19), 3752-3761.
- THOMAS, S. J., and YOON, I.-K.** (2019). A review of Dengvaxia®: Development to deployment. *Human Vaccines and Immunotherapeutics*, 15(10), 2295-2314.
- THOMPSON, J. D., HIGGINS, D. G., and GIBSON, T. J.** (1994). CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Research* 22, 4673-4680.
- TRIPET, F., LOUNIBOS, L. P., ROBBINS, D., MORAN, J., NISHIMURA, N., and BLOSSER, E. M.** (2011). Competitive reduction by satyrization? Evidence for interspecific mating in nature and asymmetric reproductive competition between invasive mosquito vectors. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 85(2), 265-270.
- TSUDA, Y., SUWONKERD, W., CHAWPROM, S., PRAJAKWONG, S., and TAKAGI, M.** (2006). Different spatial distribution of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* along an urban–rural gradient and the relating environmental factors examined in three villages in northern Thailand. *Journal of the American Mosquito Control Association*, 22(2), 222-228.

- TUN-LIN, W., BURKOT, T., and KAY, B.** (2000). Effects of temperature and larval diet on development rates and survival of the dengue vector *Aedes aegypti* in north Queensland, Australia. *Medical and Veterinary Entomology*, 14(1), 31-37.
- TURELL, M., MORES, C., DOHM, D., KOMILOV, N., PARAGAS, J., LEE, J., SHERMUHEMEDOVA, D., ENDY, T., KODIROV, A., and KHODJAEV, S.** (2014). Laboratory transmission of Japanese encephalitis and West Nile viruses by molestus form of *Culex pipiens* (Diptera: Culicidae) collected in Uzbekistan in 2004. *Journal of Medical Entomology*, 43(2), 296-300.
- TYAGI, S., and KRAMER, F. R.** (1996). Molecular beacons: probes that fluoresce upon hybridization. *Nature Biotechnology*, 14(3), 303-308.
- VACUS, G.** (2012). Expansion géographique d'*Ae. albopictus*: Quel risque de maladies émergentes en France métropolitaine ? (Diplôme de Médecine Thèse de diplôme de Médecine Agricole), Thèse de diplôme de Médecine Agricole, Institut Nationale de Médecine Agricole, 111 p.
- VALENTINE, M. J., CIRAOLA, B., ALIOTA, M. T., VANDENPLAS, M., MARCHI, S., TENEBRAY, B., LEPARC-GOFFART, I., GALLAGHER, C. A., BEIERSCHMITT, A., and COREY, T.** (2020). No evidence for sylvatic cycles of chikungunya, dengue and Zika viruses in African green monkeys (*Chlorocebus aethiops sabaues*) on St. Kitts, West Indies. *Parasites & vectors*, 13(1), 1-9.
- VASILAKIS, N., CARDOSA, J., HANLEY, K. A., HOLMES, E. C., and WEAVER, S. C.** (2011). Fever from the forest: prospects for the continued emergence of sylvatic dengue virus and its impact on public health. *Nature Reviews Microbiology*, 9(7), 532-541.
- VINA-RODRIGUEZ, A., SACHSE, K., ZIEGLER, U., CHAINTOUTIS, S. C., KELLER, M., GROSCHUP, M. H., and EIDEN, M.** (2017). A novel pan-flavivirus detection and identification assay based on RT-qPCR and microarray. *BioMed Research International*, 2017, 1-13.
- VOLK, S. M., CHEN, R., TSETSARKIN, K. A., ADAMS, A. P., GARCIA, T. I., SALL, A. A., NASAR, F., SCHUH, A. J., HOLMES, E. C., and HIGGS, S.** (2010). Genome-scale phylogenetic analyses of chikungunya virus reveal independent emergences of recent epidemics and various evolutionary rates. *Journal of Virology*, 84(13), 6497-6504.

- WAGHIWIMBOM, M. D., ERIC-MOISE, B. F., JULES, A. P., AIMÉ, T. K. J., and TAMESSE, J. L.** (2020). Diversity and community structure of bats (Chiroptera) in the Centre Region of Cameroon. *African Journal of Ecology*, 58(2), 211-226.
- WEAVER, S. C., and VASILAKIS, N.** (2009). Molecular evolution of dengue viruses: contributions of phylogenetics to understanding the history and epidemiology of the preeminent arboviral disease. *Infection, Genetics and Evolution*, 9(4), 523-540.
- WEAVER, S. C.** (2013). Urbanization and geographic expansion of zoonotic arboviral diseases: mechanisms and potential strategies for prevention. *Trends in microbiology*, 21(8), 360-363.
- WEETMAN, D., KAMGANG, B., BADOLO, A., MOYES, C. L., SHEARER, F. M., COULIBALY, M., PINTO, J., LAMBRECHTS, L., and MCCALL, P. J.** (2018). *Aedes* Mosquitoes and *Aedes*-Borne Arboviruses in Africa: Current and Future Threats. *International Journal of Environmental Research of Public Health*, 15(2), 1-20.
- WEINBREN, M., HADDOW, A., and WILLIAMS, M.** (1958). The occurrence of chikungunya virus in Uganda I. Isolation from mosquitoes. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 52(3), 253-262.
- WHITCOMBE, D., THEAKER, J., GUY, S. P., BROWN, T., and LITTLE, S.** (1999). Detection of PCR products using self-probing amplicons and fluorescence. *Nature Biotechnology*, 17(8), 804-807.
- WHO.** (1971). Technical guide for a system of yellow fever surveillance. *Weekly Epidemiological Record*, 46(49), 493-500.
- WHO.** (2011). Comprehensive guidelines for prevention and control of dengue and dengue haemorrhagic fever: *SEARO Technical Publication, World Health Organisation* : 212 p.
- WHO.** (2016). Zika situation report: neurological syndrome and congenital anomalies: *World Health Organization* : 6 p.
- WHO.** (2017). Global vector control response 2017-2030: *World Health Organization* : 64 p.
- WHO.** (2018). Malaria Fact Sheet: *World Health Organisation*, available from www.who.int/en/news-room/fact-sheets/detail/malaria consulted the 6th September 2018.

- WHO.** (2020a). Report on the epidemiological situation of chikungunya in Chad: *Ministry of Public Health in Chad, World Health Organisation*, 5 p.
- WHO.** (2020b). Vector-borne diseases: *World Health Organisation*, available on <https://www.who.int/fr/news-room/fact-sheets/detail/vector-borne-diseases>, consulted the 07th July 2020.
- WHO.** (2020c). Chikungunya: Fact sheet: *World Health Organisation*, available on <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/chikungunya>, consulted the 9th September 2020.
- WILSON-BAHUN, T. A., KAMGANG, B., LENGA, A., and WONDJI, C. S.** (2020). Larval ecology and infestation indices of two major arbovirus vectors, *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae), in Brazzaville, the capital city of the Republic of the Congo. *Parasites and Vectors*, 13(1), 1-18.
- WU, P., YU, X., WANG, P., and GONG, C.** (2019). Arbovirus lifecycle in mosquito: acquisition, propagation and transmission. *Expert Reviews in Molecular Medicine*, 21, 1-6.
- XI, Z., RAMIREZ, J. L., and DIMOPOULOS, G.** (2008a). The *Aedes aegypti* toll pathway controls dengue virus infection. *PLoS Pathog*, 4(7), e1000098.
- XI, Z., RAMIREZ, J. L., and DIMOPOULOS, G.** (2008b). The *Aedes aegypti* toll pathway controls dengue virus infection. *PLoS Pathogens*, 4(7), 1-12.
- YOUNGANG, A. P., KAMGANG, B., BAHUN, T. A. W., TEDJOU, A. N., NGUIFFO-NGUETE, D., NJIOKOU, F., and WONDJI, C. S.** (2020a). First detection of F1534C knockdown resistance mutation in *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) from Cameroon. *Infectious Diseases of Poverty*, 9(1), 1-12.
- YOUNGANG, A. P., KAMGANG, B., TEDJOU, A. N., WILSON-BAHUN, T. A., NJIOKOU, F., and WONDJI, C. S.** (2020b). Nationwide profiling of insecticide resistance in *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) in Cameroon. *Plos one*, 15(6), 1-14.
- YOUSSEU, S. F. B., NEMG, S. F. B., NGOUANET, A. S., MEKANDA, O. F. M., and DEMANOU, M.** (2018). Detection and serotyping of dengue viruses in febrile patients consulting at the new-bell district hospital in Douala, Cameroon. *PLoS One*, 13(10), 1-13.

- ZHANG, D., XI, Z., LI, Y., WANG, X., YAMADA, H., QIU, J., LIANG, Y., ZHANG, M., WU, Y., and ZHENG, X.** (2020). Toward implementation of combined incompatible and sterile insect techniques for mosquito control: Optimized chilling conditions for handling *Aedes albopictus* male adults prior to release. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 14(9), 1-21.
- ZHOU, G., KOHLHEPP, P., GEISER, D., DEL CARMEN FRASQUILLO, M., VAZQUEZ-MORENO, L., and WINZERLING, J. J.** (2007). Fate of blood meal iron in mosquitoes. *Journal of Insect Physiology*, 53(11), 1169-1178.

ANNEXES

Annexe 1 : Liste des Animaux rencontrés au Jardin Zoo-Botanique de Mvog-Betsi à Yaoundé (statistiques de 2018).

| Groupes | Noms communs | Noms scientifiques | Nombre d'individus |
|----------------|-----------------------------------|---------------------------------|---------------------------|
| Mammifères | Drill | <i>Mandrillus leucocephaeus</i> | 8 |
| | Mandrill | <i>Mandrillus sphinx</i> | 3 |
| | Babouin doguera | <i>Papio anubis</i> | 14 |
| | Cercocèbe agile | <i>Cercocebus agilis</i> | 6 |
| | Cercopithèque tantale | <i>Cercopithecus tantalus</i> | 28 |
| | Cercocèbe à gorge blanche | <i>Cercopithecus albigena</i> | 5 |
| | Cercopithèque de Brazza | <i>Cercopithecus neglectus</i> | 2 |
| | Cercocèbe à joues grises | <i>Cercocebus lophocebus</i> | 5 |
| | Lion | <i>Panthera leo</i> | 1 |
| | Nandini | <i>Nandinia binotata</i> | 1 |
| | Potamochère | <i>Potamochoerus porcus</i> | 1 |
| | Céphalophe bleu | <i>Cephalophus monticola</i> | 1 |
| | Civette africaine | <i>Civettictus civetta</i> | 2 |
| Reptiles | Crocodile du Nil | <i>Crocodilus niloticus</i> | 1 |
| | Crocodile nain | <i>Osteolaemus tetraspis</i> | 4 |
| | Tortue sillonnées | <i>Centrochelys sulcata</i> | 9 |
| | Tortue d'Afrique à carapace molle | <i>Trionyx triunguis</i> | 1 |
| | Tortue olivâtre | <i>Lepidochelys olivacea</i> | 3 |

| | | | |
|---------|--------------------------|------------------------------|------------|
| | Vipère du Gabon | <i>Bitis gabonica</i> | 2 |
| | Python d'Afrique | <i>Python sebae</i> | 1 |
| | Cobra | | 1 |
| <hr/> | | | |
| Oiseaux | Pintade à crêtes | <i>Numida meleagris</i> | 2 |
| | Perroquet gris d'Afrique | <i>Psittacus erithacus</i> | 45 |
| | Aigle bateleur | <i>Terathopius ecaudatus</i> | 1 |
| | Perroquet d'Amazonie | <i>Ara macaw</i> | 1 |
| | Milan noir | <i>Milvus migrans</i> | 2 |
| | Paon | <i>Afropavo congolensis</i> | 1 |
| <hr/> | | | |
| | Total | | 150 |
| <hr/> | | | |

Annexe 2 : Clairance éthique délivrée par le CNERSH

COMITE NATIONAL D'ETHIQUE DE LA RECHERCHE POUR LA SANTE HUMAINE

Arrêté N° 0977/A/MINSANTE/SESP/SG/DROS/ du 18 avril 2012 portant création, organisation et fonctionnement des comités d'éthique de la recherche pour la santé humaine au sein des structures relevant du Ministère en charge de la santé publique

N° 2017/05/211/CE/CNERSH/SP

Yaoundé, le 22 mai 2017

Cnethique_minsante@yahoo.fr

CLAIRANCE ETHIQUE

Le Comité National d'Ethique de la Recherche pour la Santé Humaine (CNERSH), en sa session ordinaire du 05 mai 2017, a examiné le projet de recherche intitulé : «**Evaluation du risque entomologique d'émergence d'épidémies massives de Dengue, Zika et Chikungunya en Afrique Centrale dans l'optique de proposer des stratégies de lutte contre ces maladies**» soumis par le Docteur KAMGANG Basile, Investigateur Principal, Liverpool School of Tropical Medicine (LSTM)/ Organisation de Coordination pour la lutte contre les Endémies en Afrique Centrale (OCEAC).

Le projet est d'un grand intérêt scientifique et social. L'objectif de cette étude est d'évaluer le risque entomologique d'émergence d'épidémies massives de dengue, zika ou chikungunya en Afrique Centrale et de générer des informations nécessaires pour élaborer des stratégies de lutte afin de prévenir des épidémies importantes. La procédure de l'étude est bien documentée et claire. Les mesures prises pour garantir la confidentialité des données collectées sont présentes dans le document. Les CVs des Investigateurs les décrivent comme des personnes compétentes, capables de mener à bien cette étude. Pour toutes ces raisons, le Comité National d'Ethique approuve pour une durée d'un an, la mise en œuvre de la présente version du protocole.

Les Investigateurs sont responsables du respect scrupuleux du protocole approuvé et ne devraient y apporter aucun amendement aussi mineur soit-il, sans avis favorable du CNERSH. Les investigateurs sont appelés à collaborer pour toute descente du CNERSH pour le suivi de la mise en œuvre du protocole approuvé. Le rapport final du projet devra être soumis au CNERSH et aux autorités sanitaires du Cameroun.

La présente clairance peut être retirée en cas de non respect de la réglementation en vigueur et des recommandations susmentionnées.

En foi de quoi, la présente clairance éthique est délivrée et va valoir ce que de droit.

Ampliations

- MINSANTE



N.B : cette clairance éthique ne vous dispense pas de l'autorisation administrative de recherche (AAR), exigée pour mener cette étude sur le territoire camerounais. Cette dernière vous sera délivrée par le Ministère de la Santé Publique.

Annexe 3 : Préférences des gîtes des espèces d'*Aedes* dans les différentes localités du Cameroun (mi-mars à août 2017)

| Localités | Environnement | Pneus usagés n (p) | Pneus recouvrant les puits n (p) | Récipients de stockage n (p) | Récipients abandonnés n (p) | Epaves de voitures n (p) | Boîtes de conserve n (p) | Gîtes naturels n (p) | Autres n (p) | Total n (p) |
|-------------------|----------------------|-------------------------------|---|---|--|-------------------------------------|-------------------------------------|---------------------------------|-------------------------|------------------------|
| Maroua | | 72 (31) | 0 | 2 (1) | 1 (1) | 2 (1) | 0 | 0 | 0 | 77 (34) |
| Garoua | | 136 (37) | 0 | 2 (1) | 2 (2) | 0 | 1 (1) | 0 | 2 (0) | 143 (42) |
| Mbé | | 22 (5) | 0 | 5 (1) | 7 (7) | 0 | 0 | 2 (1) | 0 | 36 (14) |
| Ngaoundéré | Urbain | 73 (31) | 0 | 0 | 19 (2) | 0 | 0 | 0 | 0 | 92 (33) |
| | Périphérique | 43 (12) | 0 | 0 | 3 (2) | 0 | 0 | 0 | 7 (7) | 53 (21) |
| Meiganga | | 54 (15) | 0 | 38 (2) | 0 | 4 (4) | 0 | 0 | 5 (0) | 99 (21) |
| Tibati | Urbain | 153 (44) | 0 | 0 | 4 (2) | 6 (3) | 0 | 0 | 1 (0) | 164 (49) |
| | Périphérique | 71 (25) | 12 (7) | 0 | 23 (9) | 1 (0) | 0 | 0 | 1 (0) | 108 (41) |
| Banyo | | 68 (10) | 0 | 0 | 4 (1) | 7 (7) | 0 | 0 | 0 | 79 (18) |
| Mayo-Darle | | 119 (16) | 0 | 0 | 0 | 1 (1) | 0 | 0 | 0 | 120 (17) |
| Bankim | | 150 (37) | 8 (7) | 0 | 4 (2) | 0 | 0 | 0 | 0 | 162 (46) |

| | | | | | | | | | | |
|-------------------|--------------|----------|-------|-------|--------|--------|-------|-------|-------|-----------------|
| Foumban | Urbain | 113 (23) | 0 | 0 | 9 (6) | 5 (3) | 0 | 0 | 1 (1) | 128 (33) |
| | Périphérique | 85 (20) | 0 | 0 | 1 (0) | 0 | 0 | 0 | 0 | 86 (20) |
| Bafoussam | Urbain | 358 (8) | 0 | 2 (0) | 2 (0) | 3 (0) | 0 | 0 | 0 | 365 (8) |
| | Périphérique | 237 (25) | 0 | 0 | 0 | 3 (0) | 0 | 0 | 0 | 240 (25) |
| Bafang | Urbain | 33 (18) | 4 (4) | 0 | 3 (0) | 0 | 0 | 0 | 1 (0) | 41 (22) |
| | Périphérique | 6 (4) | 0 | 8 (1) | 9 (1) | 14 (4) | 0 | 0 | 6 (1) | 43 (11) |
| Bamenda | Urbain | 241 (22) | 0 | 0 | 1 (0) | 2 (0) | 0 | 0 | 0 | 244 (22) |
| | Périphérique | 98 (15) | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 98 (15) |
| Bafia | Urbain | 82 (22) | 0 | 0 | 2 (0) | 1 (0) | 0 | 0 | 0 | 85 (22) |
| | Périphérique | 68 (6) | 0 | 4 (0) | 30 (4) | 19 (0) | 7 (0) | 1 (1) | 1 (0) | 130 (11) |
| Mbalmayo | Urbain | 36 (8) | 0 | 0 | 0 | 1 (1) | 0 | 0 | 0 | 36 (9) |
| | Périphérique | 65 (38) | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 65 (38) |
| Akonolinga | | 31 (7) | 0 | 0 | 3 (3) | 9 (6) | 0 | 0 | 3 (2) | 46 (18) |
| Ebolowa | Urbain | 57 (30) | 0 | 1 (1) | 2 (1) | 2 (1) | 0 | 0 | 0 | 62 (33) |
| | Périphérique | 37 (22) | 0 | 0 | 4 (1) | 8 (2) | 4 (3) | 2 (0) | 0 | 55 (28) |

| | | | | | | | | | | |
|----------------------|--------------|----------|--------|-------|--------|--------|-------|-------|-------|-----------------|
| Sangmelima | Urbain | 64 (30) | 0 | 1 (1) | 3 (3) | 4 (3) | 0 | 0 | 0 | 72 (37) |
| | Périphérique | 15 (5) | 0 | 5 (3) | 6 (3) | 5 (3) | 5 (3) | 0 | 2 (0) | 36 (19) |
| Garoua-Boulai | Urbain | 117 (30) | 2 (1) | 1 (1) | 1 (0) | 2 (0) | 0 | 0 | 0 | 123 (32) |
| | Périphérique | 2 (2) | 17 (8) | 0 | 12 (1) | 0 | 0 | 0 | 0 | 31 (11) |
| Bertoua | Urbain | 62 (38) | 2 (1) | 0 | 2 (1) | 0 | 0 | 0 | 0 | 66 (40) |
| | Périphérique | 56 (24) | 6 (2) | 0 | 1 (0) | 0 | 0 | 0 | 0 | 63 (26) |
| Abong-Mbang | | 31 (18) | 1 (1) | 0 | 3 (0) | 0 | 0 | 3 (3) | 1 (1) | 39 (23) |
| Kumba | Urbain | 35 (9) | 0 | 0 | 7 (4) | 2 (1) | 0 | 0 | 1 (1) | 45 (15) |
| | Périphérique | 20 (11) | 1 (1) | 3 (1) | 4 (1) | 2 (1) | 0 | 1 (0) | 5 (2) | 36 (17) |
| Limbe | Urbain | 40 (26) | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 40 (26) |
| | Périphérique | 95 (45) | 0 | 0 | 0 | 1 (1) | 0 | 0 | 1 (1) | 97 (47) |
| Buea | Urbain | 88 (21) | 0 | 0 | 2 (0) | 3 (0) | 0 | 0 | 0 | 93 (21) |
| | Périphérique | 100 (26) | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 100 (26) |
| Melong | Urbain | 70 (24) | 2 (1) | 2 (0) | 5 (1) | 10 (6) | 0 | 0 | 1 (1) | 90 (33) |
| | Périphérique | 52 (17) | 0 | 0 | 2 (0) | 21 (3) | 0 | 0 | 0 | 75 (20) |

| | | | | | | | | | | |
|---------------|--------------|-------------------|----------------|----------------|-----------------|-----------------|---------------|--------------|----------------|--------------------|
| Douala | Urbain | 36 (33) | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 36 (33) |
| | Périphérique | 100 (26) | 0 | 0 | 1 (1) | 0 | 0 | 0 | 0 | 101 (27) |
| Edéa | Urbain | 24 (21) | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 24 (21) |
| | Périphérique | 30 (11) | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 30 (11) |
| Total | Urbain | 2365 (307) | 19 (15) | 7 (3) | 86 (36) | 60 (33) | 1 (1) | 5 (4) | 11 (6) | 2508 (668) |
| | Périphérique | 1180 (334) | 30 (18) | 56 (9) | 90 (20) | 78 (18) | 16 (6) | 4 (1) | 22 (10) | 1546 (435) |
| Total | | 3545 (941) | 40 (33) | 63 (12) | 176 (56) | 138 (51) | 17 (7) | 9 (5) | 33 (16) | 4054 (1103) |

n, nombre total de gîtes prospectés.

p, nombre de gîtes positifs à au moins un stade immature d'*Aedes*.

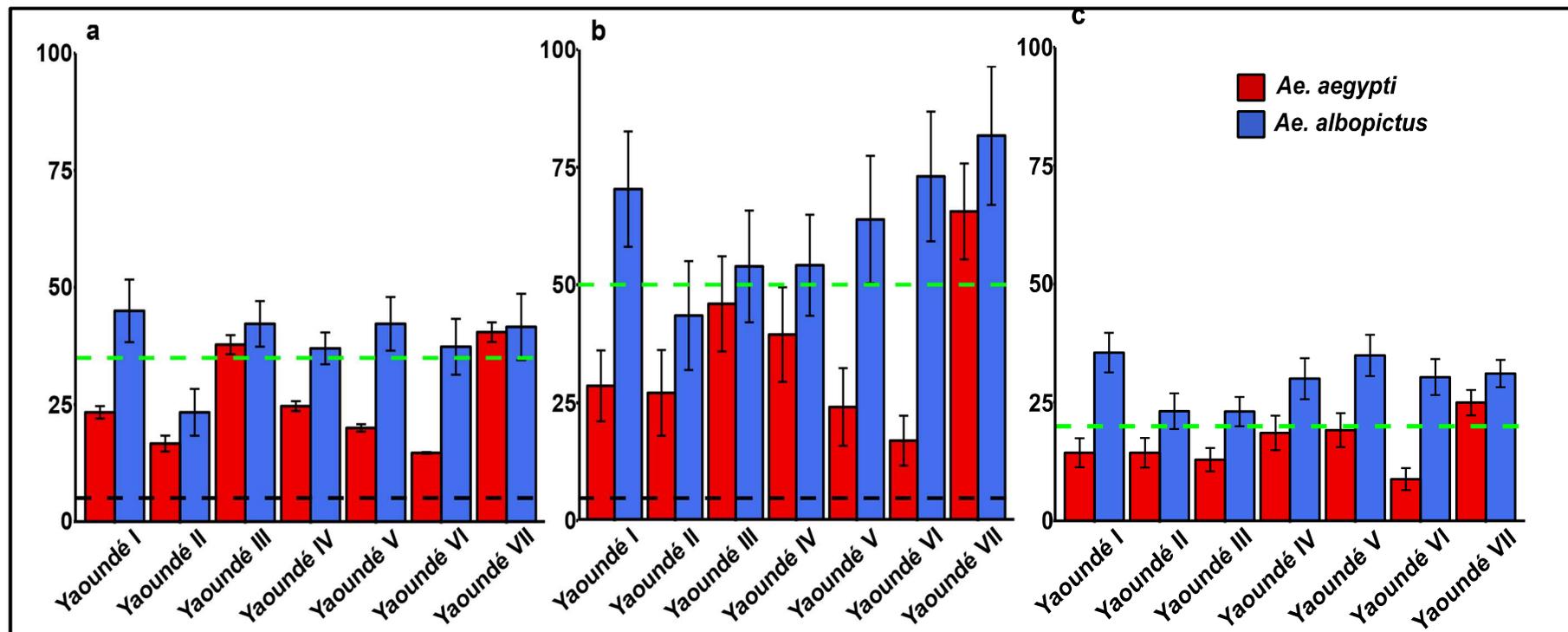
Récipients de stockage regroupent les sceaux domestiques, les fûts, lesalebasses, et les canaries en terre cuite.

Les récipients abandonnés regroupent les boîtes en plastiques, les moules de briques, les creux de parpaings, les plats abandonnés, les bouteilles abandonnées, les dame jeannes de vin abandonnées, les marmites abandonnés, les sceaux de peintures et les bouteilles cassées.

Les gîtes naturels regroupent les coquilles d'escargot et de noix de coco, les creux de d'arbres et de rochers, et les axes de plantes.

Autres regroupent les épaves électroniques et électroménagers, épaves de réchauds à pétrole, les épaves de motocyclette, les pots de fleurs, et les abreuvoirs.

Annexe 4 : Indices stégomyiens pour *Aedes albopictus* et *Aedes aegypti* dans la ville de Yaoundé.



a, Indice de Maison (IM) ; b, Indice de Breteau (IB) ; c, Indice Conteneur (IC) ; les lignes verte et noires représentent les valeurs seuils du risque potentiel de transmission de la fièvre jaune et de la dengue respectivement.

Annexe 5 : Caractéristiques environnementales des gîtes larvaires associés à la présence des nymphes et des stades immatures d'*Aedes albopictus* et *Aedes aegypti*.

| Paramètres environnementaux | Modalités | Nymphes | | | Larves et/ou nymphes | | | | | | |
|--|----------------|--------------------|------|--------------------------|-----------------------|----------------|--------------------|------|----------------|-----------------------|----------------|
| | | <i>Ae. aegypti</i> | | | <i>Ae. albopictus</i> | | <i>Ae. aegypti</i> | | | <i>Ae. albopictus</i> | |
| | | Nombre | % | RC (IC 95%) | % | RC (IC 95%) | Nombre | % | RC (IC 95%) | % | RC (IC 95%) |
| Hauteur par rapport au sol (m) | faible (< 5) | 163 | 66,7 | 1 (0,5-2,3) | 69,2 | 1 (0,7-1,4) | 272 | 60,6 | 0,8 (0,5-1,1) | 66,9 | 0,9 (0,7-1,2) |
| | moyenne [5-20] | 70 | 27,8 | Réf | 29,9 | Réf | 133 | 33,3 | Réf | 31 | Réf |
| | élevée (> 20) | 4 | 5,6 | 2,2 (0,3-8,8) | 1 | 0,3 (0,1-1) | 14 | 6,1 | 2,3 (0,9-5,3) | 2,1 | 0,6 (0,2-1,5) |
| Distance à la plante la plus proche (m) | faible (< 5) | 211 | 86,1 | 0,7 (0,3-2,1) | 89,6 | 1,1 (0,7-1,9) | 381 | 93,2 | 1,6 (0,8-3,6) | 89,9 | 1,1 (0,7-1,8) |
| | moyenne [5-20] | 24 | 13,9 | Réf | 9,5 | Réf | 36 | 6,8 | Réf | 9,4 | Réf |
| | élevée (> 20) | 2 | | 0,00 (NA-1,6e+17) | 1 | 2,7 (0,3-17,4) | 2 | | 0 (NA-2,6e+23) | 0,7 | 1,7 (0,2-10,8) |
| Distance au sol (m) | faible (< 1) | 214 | 91,7 | 1,7 (0,51-10,64) | 90 | 1 (0,6-1,7) | 373 | 87,9 | 0,8 (0,5-1,6) | 89,5 | 0,9 (0,6-1,5) |
| | moyenne [1-3[| 21 | 5,6 | Réf | 9,5 | Réf | 42 | 10,6 | Réf | 9,8 | Réf |
| | élevée [3-5] | 2 | 2,8 | 21,5 (0,8-363,1)* | 0,5 | 1,8 (0,1-20) | 4 | 1,5 | 10,6 (1-236,8) | 0,7 | 4,3 (0,4-94,5) |

| | | | | | | | | | | | |
|-------------------------------|-----------------------|-----|------|---------------------|------|-----------------------|-----|------|-----------------------|------|-----------------------|
| | exposé | 94 | 47,2 | 2 (0,9-4,3) | 38,3 | 1,2 (0,8-1,7) | 170 | 44,7 | 1,6 (1,1-2,4)* | 38,7 | 1,20 (0,9-1,6) |
| Exposition solaire | partiellement ombragé | 104 | 33,3 | Réf | 45,8 | Réf | 186 | 40,9 | Réf | 46 | Réf |
| | ombragé | 39 | 19,4 | 1,8 (0,7-4,7) | 15,9 | 1,1 (0,7-1,7) | 63 | 14,4 | 1,1 (0,6-1,9) | 15,3 | 1,04 (0,7-1,6) |
| Matériel du gîte | plastique | 127 | 61,1 | 2,3 (0,5-42,1) | 52,2 | 1 (0,51-2,05) | 242 | 65,2 | 1,3 (0,6-3,3) | 54,4 | 0,9 (0,5-1,6) |
| | caoutchouc | 68 | 27,8 | 3,8 (0,7-69,6) | 28,9 | 2,6 (1,2-5,1)* | 101 | 16,7 | 1,2 (0,5-3) | 27,5 | 2,1 (1,1-4)* |
| | métal | 28 | 8,3 | 1,5 (0,2-29,9) | 12,4 | 1,13 (0,5-2,6) | 49 | 12,9 | 1,2 (0,5-3,3) | 11,1 | 0,8 (0,4-1,6) |
| | naturel | 2 | | 0 (0-3,2e+11) | 1 | 1,3 (0,2-6,3) | 2 | | 0 | 0,7 | 0,7 (0,1-3,2) |
| | divers | 12 | 2,8 | Réf | 5,5 | Réf | 25 | 5,3 | Réf | 6,3 | Réf |
| Contenance du gîte (L) | faible < 5 | 72 | 25 | 0,5 (0,2-1,3) | 31,3 | 0,7 (0,4-1)* | 144 | 42,4 | 1,4 (0,8-2,2) | 30,7 | 0,6 (0,4-0,9)* |
| | moyenne [5-20[| 82 | 38,9 | 0,86 (0,4-2) | 33,8 | 0,7 (0,5-1,1) | 138 | 29,5 | 0,9 (0,5-1,5) | 34,5 | 0,7 (0,5-1) |
| | élevée [20-50[| 70 | 30,6 | Réf | 29,4 | Réf | 113 | 22 | Réf | 29,3 | Réf |
| | très élevée > 50 | 13 | 5,6 | 0,6 (0,1-2,5) | 5,5 | 0,6 (0,3-1,2) | 24 | 6,1 | 1 (0,4-2,2) | 5,6 | 0,6 (0,3-1,1) |
| | faible < 5 | 188 | 83,3 | 4,9e+6 (0-4,1e+166) | 78,9 | 1,5 (0,6-4,3) | 335 | 80,3 | 2,5 (0,7-15,5) | 79,8 | 1,6 (0,7-4) |

| | | | | | | | | | | | |
|--------------------------------------|------------------|-----|------|---------------------|------|-----------------------|-----|------|------------------------|------|-----------------------|
| Volume d'eau dans le gîte (L) | moyenne [5-20[| 42 | 16,7 | 4e+6 (0-3,4e+168) | 17,9 | 1,3 (0,5-4,2) | 72 | 17,4 | 2,2 (0,6-14) | 17,1 | 1,3 (0,6-3,5) |
| | élevée [20-50[| 5 | | Réf | 2,5 | Réf | 9 | 1,5 | Réf | 2,4 | Réf |
| | très élevée > 50 | 2 | | 1 (0-8,7e+15) | 1 | 0,5 (0,1-2,5) | 3 | 0,8 | 0,7 (0-7,3) | 0,7 | 0,3 (0,1-1,5) |
| Origine de l'eau | puits | 1 | | Réf | 0,5 | Réf | 2 | 0 | Réf | 0,7 | Réf |
| | pluie | 227 | 97,2 | 6,1e+5 (0-NA) | 95,5 | 1,1 (0,2-20,6) | 407 | 98,5 | 942714,93 (0-NA) | 96,5 | 0,6 (0,1-4,9) |
| | Eau de robinet | 9 | 2,8 | 6,5e+5 (0-9,5e+164) | 4 | 1,9 (0,2-40) | 10 | 1,5 | 5e+5 (486-9,1e+116) | 2,8 | 0,7 (0,1-6,2) |
| | urine | 0 | | 1 (0-2,2e+24) | | 0 (NA-4,6e+34) | 0 | | 1 (0-1,7e+7) | | 0 (NA-3e+41) |
| Qualité de l'eau | claire | 132 | 55,6 | Réf | 55,7 | Réf | 243 | 59,1 | Réf | 57,5 | Réf |
| | polluée | 6 | 2,8 | 0,3 (0,02-1,56) | 2,5 | 0,3 (0,1-0,6)* | 10 | 1,5 | 0,2 (0-0,5)* | 2,8 | 0,3 (0,1-0,5)* |
| | turbide | 99 | 41,7 | 2 (1-4)* | 41,8 | 2,4 (1,8-3,4)* | 166 | 39,4 | 1,9 (1,30-2,8)* | 39,7 | 2,5 (1,8-3,4)* |
| Présence de débris végétaux | oui | 88 | 38,9 | Réf | 36,8 | Réf | 167 | 39,4 | Réf | 40,1 | Réf |
| | non | 149 | 61,1 | 1,9 (1-3,9) | 63,2 | 2,5 (1,8-3,5)* | 252 | 60,6 | 2,1 (1,41-3)* | 59,9 | 2,3 (1,8-3,1)* |
| Type de gîte | Abreuvoirs | 1 | 2,8 | Réf | | Réf | 8 | 3,8 | Réf | 1 | Réf |

| | | | | | | | | | | | |
|-------------------------|---------------------------|-----|------|------------------|------|---------------|-----|------|---------------------|------|------------------------|
| | Divers | 25 | 8,3 | 0,7 (0,1-14) | 10,9 | NA | 51 | 14,4 | 0,8 (0,3-2,8) | 11,1 | 3,5 (1-16) |
| | Epaves de voiture | 14 | 11,1 | 3,4 (0,4-69,5) | 5 | NA | 14 | 3,8 | 0,7 (0,2-2,9) | 3,1 | 3 (0,7-15,7) |
| | Naturels | 3 | | 0 (0-3,9e+27) | 1,5 | NA | 6 | 1,5 | 0,3 (0-1,9) | 1,4 | 1,6 (0,3-9,3) |
| | Pneus usagés | 69 | 27,8 | 1 (0,2-18,8) | 29,4 | NA | 103 | 17,4 | 0,4 (0,1-1,3) | 27,9 | 4,1 (1,3-18,3)* |
| | Pots de fleur | 2 | | 0 (0-1,4e+20) | 1 | NA | 6 | 0,8 | 0,1 (0-0,7)* | 1,7 | 1,1 (0,2-6,1) |
| | Récipients abandonnés | 101 | 38,9 | 0,46 (0,08-8,51) | 43,3 | NA | 191 | 47,7 | 0,34 (0,12-1,10) | 44,6 | 1,6 (0,5-7) |
| | Récipients de stockage | 22 | 11,1 | 0,5 (0,1-11) | 9 | NA | 40 | 10,6 | 0,3 (0,1-1,1) | 9,1 | 1,3 (0,4-5,8) |
| Couleur du gîte | mixte | 31 | 2,8 | Réf | 14,9 | Réf | 69 | 19,7 | Réf | 15 | Réf |
| | unique | 184 | 83,3 | 7,3 (1,6-131) | 76,6 | 1,3 (0,8-2) | 304 | 66,7 | 0,8 (0,5-1,3) | 75,3 | 1,3 (0,9-1,9) |
| | transparente | 22 | 13,9 | 6,6 (1,1-127,3) | 8,5 | 0,7 (0,4-1,3) | 46 | 13,6 | 0,9 (0,4-1,7) | 9,8 | 0,8 (0,5-1,4) |
| Mobilité du gîte | fixe | 6 | | Réf | 3 | Réf | 8 | 1,5 | Réf | 2,1 | Réf |
| | léger | 222 | 94,4 | 1,6e+6 (0-NA) | 93,5 | 0,6 (0,2-2,2) | 395 | 94,7 | 0,9 (0,2-5,8) | 94,1 | 0,5 (0,2-1,6) |

| | | | | | | | | | | |
|-------|---|-----|---------------------|-----|-------------|----|-----|---------------|-----|---------------|
| lourd | 9 | 5,6 | 2,9e+6 (0-5,9e+164) | 3,5 | 0,7 (0,2-3) | 14 | 3,8 | 1,1 (0,2-8,2) | 3,1 | 0,5 (0,1-1,9) |
|-------|---|-----|---------------------|-----|-------------|----|-----|---------------|-----|---------------|

RC, rapport de cote ; IC 95%, intervalle de confiance estimée à 95% ; *, association significative ; NA, non applicable ; Réf, Référentiel de comparaison pour estimer le rapport de cote.

**Annexe 6 : Distribution des fréquences des différents haplotypes du gène mtCOI détectés
sur les échantillons d'*Ae. albopictus* au Cameroun**

| Location | Haplotypes | | | | | Total |
|---------------|-------------------|-----------------|------------------|----------------|----------------|------------------|
| | H1 n (%) | H2 n (%) | H3 n (%) | H4 n (%) | H5 n (%) | |
| Abong-Mbang | 8 (88,9) | 1 (11,1) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 9 (100) |
| Bafang | 12 (92,3) | 1 (7,7) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 13 (100) |
| Bafoussam | 14 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 14 (100) |
| Bamenda | 13 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 13 (100) |
| Bankim | 14 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 14 (100) |
| Bertoua | 15 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 15 (100) |
| Buea | 11 (78,6) | 0 (0) | 3 (21,4) | 0 (0) | 0 (0) | 14 (100) |
| Douala | 8 (80) | 0 (0) | 2 (20) | 0 (0) | 0 (0) | 10 (100) |
| Ebolowa | 10 (71,4) | 0 (0) | 3 (21,4) | 1 (7,2) | 0 (0) | 14 (100) |
| Garoua-Boulai | 14 (93,3) | 0 (0) | 1 (6,7) | 0 (0) | 0 (0) | 15 (100) |
| Kumba | 6 (46,2) | 6 (46,2) | 1 (7,7) | 0 (0) | 0 (0) | 13 (100) |
| Limbe | 12 (85,7) | 2 (14,3) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 14 (100) |
| Melong | 12 (80) | 0 (0) | 1 (6,7) | 0 (0) | 2 (13,3) | 15 (100) |
| Tibati | 14 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 14 (100) |
| Bafia | 5 (35,7) | 8 (57,1) | 1 (7,2) | 0 (0) | 0 (0) | 14 (100) |
| Kribi | 5 (45,5) | 0 (0) | 6 (54,5) | 0 (0) | 0 (0) | 11 (100) |
| Yaoundé | 7 (50) | 2 (14,3) | 5 (35,7) | 0 (0) | 0 (0) | 14 (100) |
| Total | 180 (79,7) | 20 (8,8) | 23 (10,2) | 1 (0,4) | 2 (0,9) | 226 (100) |

H, Haplotype ; n, nombre de séquences utilisées ; %, pourcentage des séquences par rapport au total des séquences

Annexe 7 : Distribution des fréquences des différents haplotypes du gène DOME détectés sur les échantillons d'*Ae. aegypti* au Cameroun

| Haplotypes | Localités | | | | | | | | | |
|------------|-----------------|-----------------|----------------------|---------------------|-----------------|------------------|-----------------|-----------------|----------------|-----------------|
| | Maroua n (%) | Garoua n (%) | Parc-Bénoué n (%) | Ngaoundéré n (%) | Tibati n (%) | Yaoundé n (%) | Douala n (%) | Melong n (%) | Limbe n (%) | Total n (%) |
| H1 | 5 (10,2) | 6 (12,2) | 4 (8,1) | 8 (16,3) | 7 (14,2) | 5 (10,2) | 5 (10,2) | 3 (6,1) | 6 (12,2) | 49 (100) |
| H2 | 8 (15,1) | 5 (9,4) | 4 (7,5) | 7 (13,2) | 9 (16,9) | 5 (9,4) | 6 (11,3) | 7 (13,2) | 2 (3,7) | 53 (100) |
| H3 | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) |
| H4 | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) |
| H5 | 0 (0) | 3 (42,8) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 2 (28,5) | 2 (28,5) | 0 (0) | 0 (0) | 7 (100) |
| H6 | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) |
| H7 | 0 (0) | 2 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 2 (100) |
| H8 | 4 (50) | 4 (50) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 8 (100) |
| H9 | 0 (0) | 3 (42,8) | 0 (0) | 0 (0) | 4 (57,1) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 7 (100) |
| H10 | 6 (37,5) | 3 (18,7) | 0 (0) | 2 (12,5) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 2 (12,5) | 3 (18,7) | 16 (100) |
| H11 | 0 (0) | 2 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 2 (100) |
| H12 | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) | 1 (100) |
| H13 | 1 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) |
| H14 | 1 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) |
| H15 | 1 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) |

| | | | | | | | | | | |
|--------------|------------------|------------------|-----------------|------------------|----------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|------------------|
| H16 | 2 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 2 (100) |
| H17 | 0 (0) | 0 (0) | 1 (25) | 2 (50) | 1 (25) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 4 (100) |
| H18 | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 2 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 2 (100) |
| H19 | 0 (0) | 0 (0) | 1 (33,3) | 1 (33,3) | 1 (33,3) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 3 (100) |
| H20 | 0 (0) | 0 (0) | 2 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 2 (100) |
| H21 | 0 (0) | 0 (0) | 2 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 2 (100) |
| H22 | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) |
| H23 | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 2 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 2 (100) |
| H24 | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 3 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 3 (100) |
| H25 | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) |
| H26 | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) |
| H27 | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) |
| H28 | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) |
| Total | 28 (15,9) | 28 (15,9) | 14 (7,9) | 22 (12,5) | 30 (17) | 16 (9,1) | 16 (9,1) | 12 (6,8) | 12 (6,8) | 176 (100) |

H, Haplotype ; n, nombre de séquences utilisées ; %, pourcentage des séquences par rapport au total des séquences

Annexe 8 : Distribution des fréquences des différents haplotypes du gène PIAS détectés sur les échantillons d'*Ae. aegypti* au Cameroun

| Haplotypes | Locations | | | | | | | | Total |
|------------|-----------|-----------|-------------|------------|----------|--------|-----------|-----------|-----------------|
| | Maroua | Garoua | Parc-Bénoué | Ngaoundéré | Yaoundé | Douala | Melong | Limbe | |
| | n (%) | n (%) | n (%) | n (%) | n (%) | n (%) | n (%) | n (%) | n (%) |
| H1 | 1 (11,1) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 3 (33,3) | 0 (0) | 4 (44,4) | 1 (11,1) | 9 (100) |
| H2 | 14 (21,2) | 10 (15,1) | 0 (0) | 0 (0) | 6 (9,1) | 2 (3) | 16 (24,2) | 11 (16,6) | 66 (100) |
| H3 | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) | 1 (100) |
| H4 | 1 (25) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (25) | 0 (0) | 0 (0) | 2 (50) | 4 (100) |
| H5 | 3 (60) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (20) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (20) | 5 (100) |
| H6 | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 2 (100) | 0 (0) | 2 (100) |
| H7 | 1 (50) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (50) | 0 (0) | 2 (100) |
| H8 | 2 (50) | 4 (50) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (25) | 0 (0) | 1 (25) | 0 (0) | 4 (100) |
| H9 | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) | 0 (0) | 1 (100) |
| H10 | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) | 0 (0) | 1 (100) |
| H11 | 1 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) |
| H12 | 2 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 2 (100) |
| H13 | 3 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 3 (100) |

| | | | | | | | | | |
|--------------|----------------|------------------|----------------|----------------|----------------|----------------|------------------|------------------|------------------|
| H14 | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) |
| H15 | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) |
| H16 | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) |
| H17 | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) |
| H18 | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 2 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 2 (100) |
| H19 | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 2 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 2 (100) |
| H20 | 0 (0) | 2 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 2 (100) |
| H21 | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 0 (0) | 1 (100) |
| Total | 28 (25) | 14 (12,5) | 2 (1,7) | 4 (3,5) | 28 (25) | 6 (5,3) | 26 (23,2) | 16 (14,2) | 112 (100) |

H, Haplotype ; n, nombre de séquences utilisées ; %, pourcentage des séquences par rapport au total des séquences

Annexe 9 : Poster présenté en Conférence



Assessment of the entomological risk of arbovirus outbreaks in Yaoundé, the capital city of Cameroon



Armel Tedjou^{1,2}, Basile Kamgang^{1*}, Aurélie P. Yougang^{1,2}, Theodel A. Wilson-Bahun^{1,2}, Flobert Njiokou³, Charles Wondji^{1,4}

¹ Department of Medical Entomology, Centre for Research in Infectious Diseases, P.O. Box 15391, Yaoundé, Cameroon; ² Department of Animal Biology and Physiology, Faculty of Sciences, University of Yaoundé I, Yaoundé, Cameroon; ³ Department of Animal Biology and Physiology, Faculty of Sciences and Technology, Maroua-Ngahoua University, Brazzaville, Congo; ⁴ Vector Biology Department, Liverpool School of Tropical Medicine, Liverpool, United Kingdom.

* Correspondence: kamgang_d@yahoo.fr; Presenter: atedjou@gmail.com

INTRODUCTION

- Dengue (DENV), Chikungunya (CHIKV) and Zika (ZIKV) represent a serious threat to public health with about 831 million people living at risk of one of these viruses and 70% living in Africa.
- In Cameroon, CHIKV and ZIKV antibodies were found in local populations respectively in 2007 and 2017 and febrile patients were found infected by DENV-1 in Douala and in a rural area of Kribi during an outbreak in 2018.

Rückert *et al.* (2017): Distribution of Arboviruses across the world. Cameroon is at risk of all the three viruses.

Mehul Dave 2019

Tedjou *et al.* (2019): Two major vectors

- Aedes aegypti*, the widely distributed native species and
- Aedes albopictus*, the invasive species that has colonised almost all parts of southern-Cameroon since its introduction in 2000.

Characterized the distribution of *Ae. albopictus* and *Ae. aegypti* in the Yaoundé city;

- Estimated the level of infestation of breeding sites of each species;
- Evaluated the traditional and the larval and pupal indices to assess the entomological risk of a potential arbovirus outbreak in the city.

Kamgang *et al.* (2010): Entomological indices were higher for both species. The most productive containers were Discarded tanks for *Ae. aegypti* and Used tyres for *Ae. albopictus*.

METHOD

Study design

Containers prospected

- Domestic
- Peri domestic
- Natural

ENTOMOLOGICAL SURVEY IN EACH HOUSE

- Record of environmental characteristics of the container
- Immature stages collected in a saddle pot or a bottle
- Immature stages transported to the Insectary at CRID
- Identification and recording of immature stages of *Aedes*
- Count of pupae
- Ae. albopictus*
- Ae. aegypti*
- Data analysis

Yaoundé city 7 Boroughs prospected

4 neighbourhoods Prospected per borough

At least 15 houses prospected per neighbourhood

ENTOMOLOGICAL SURVEY (after consent form)

Mosquito collection period in Yaoundé city: April 2018

RESULTS

Container typology: Discarded tanks and the Used tires are the most prospected containers

| Container | Ae. | C.I. Ae. | Ae. | C.I. Ae. |
|-------------------|------|----------|-------|----------|
| Discarded tank | 17 | 4 | 20.29 | 0 |
| Used tires | 171 | 86 | 91.48 | 42 |
| Discarded car | 505 | 165 | 32.67 | 75 |
| Storage container | 123 | 33 | 26.23 | 13 |
| Total | 1084 | 268 | 33.21 | 177 |

Productivity of type of containers: Discarded tanks and Used tires are the most productive containers

Ae. albopictus was present in the peri-urban areas while *Ae. aegypti* was present in urban and rural areas of Yaoundé city

Abundance of pupae

Abundance of immature stages

Immature stages of *Ae. albopictus* were most collected compared to *Ae. aegypti* across the Yaoundé city

The House and Breteau indexes were higher for *Ae. albopictus* and *Ae. aegypti* throughout the city of Yaoundé, although they varied between boroughs

DISCUSSION and CONCLUSION

- Peri domestic containers were the most infested by *Ae. aegypti* and *Ae. albopictus*, especially Discarded tanks and Used tires. This is due to unplanned urbanization, poor waste management, and lack of education in sub-saharan cities, which increase the multiplication of containers and the spread of *Aedes* species (1).
- Aedes albopictus* was predominant in peri-urban areas while *Ae. aegypti* was present in urban and peri-urban areas. In fact, high-density urban cities favour the development of *Ae. aegypti* while *Ae. albopictus* tends to breed in wooded areas and containers close to vegetation containing plant debris.
- Densities of *Ae. aegypti* are decreasing in urban areas compared to the last decade, suggesting a high competitiveness of *Ae. albopictus*. In addition, the sharing of the same food resources by both species and the probable phenomenon of satyrisation in the city could predispose *Ae. albopictus* to replace *Ae. aegypti* in the coming years. (2, 3, 4, 5).
- Overall, *Stegomyia* indices (HI and BI) were higher for both species in the city, suggesting that each species can independently ensure virus transmission. However, *Stegomyia* indices of *Ae. albopictus* were higher compared to *Ae. aegypti* in the city, suggesting a higher potential risk of human exposure to the invasive species in Yaoundé. Based on the thresholds established by PAHO (1994), the city of Yaoundé is classified as a high-risk area for arbovirus outbreaks (1, 3).
- This study highlights the urgent need to set up an arbovirus control program in Cameroon to control these diseases in the country and more broadly in the Central African sub-region.

REFERENCES

- Kamgang *et al.* Med. And Vet. Ento. 2010, 24, 10.
- kamgang *et al.* PLoS Neglec. Trop. Dis. 2013, 7, 12.
- Agha *et al.* PLoS Neglec. Trop. Dis. 11, 1.
- Lambrechts *et al.* PLoS Neglec. Trop. Dis. 2010, 4, 1.
- Reiskind and Lounibous, Med. Vet. Ento. 2013, 27, 421.

Wellcome Trust N°204862 awarded to *Basile Kamgang (kamgang_d@yahoo.fr)

6^{ème} conférence annuelle de la Pan-African Mosquito Control Association (PAMCA), du 23 au 25 Septembre 2019, Hilton Hotel, Yaoundé, Cameroun.

Annexe 10 : Liste des articles publiés dans le cadre de la thèse

TEDJOU AN, KAMGANG B, YOUGANG AP, NJIOKOU F, WONDJI CS (2019)

Update on the geographical distribution and prevalence of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae), two major arbovirus vectors in Cameroon. PLoS Neglected of Tropical Diseases 13(3): e0007137.
<https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0007137>

TEDJOU, A.N., KAMGANG, B., YOUGANG, A.P., WILSON-BAHUN, T.A., NJIOKOU, F., WONDJI, C.S., 2020. Patterns of ecological adaptation of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* and *Stegomyia* indices highlight the potential risk of arbovirus transmission in Yaoundé, the capital city of Cameroon. Pathogens 9, 491.

ARTICLES PUBLIÉS