

Surveillance génétique et diversité moléculaire de *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) : revue systématique des approches moléculaires et de leurs applications épidémiologiques

Cheick oumar TRAORE^{1,2*}, Bienvenu SOMDA^{2,3},
Abdoulaye DIABATE¹, Etienne BILGO¹

Resumé

Les maladies à transmission vectorielle, telles que la dengue, la fièvre jaune, le Zika et le chikungunya, constituent un problème de santé mondial, affectant chaque année des millions de personnes. *Aedes aegypti*, principal vecteur de ces arbovirus, est aujourd'hui au centre des stratégies de lutte antivectorielle et de surveillance épidémiologique. Sa plasticité écologique, sa capacité d'adaptation justifient l'intérêt croissant pour les approches moléculaires visant à caractériser la diversité génétique et la structuration de ses populations.

Cette revue systématique, conduite selon les recommandations de PRISMA, vise à synthétiser les connaissances acquises entre 2000 et 2025 sur la diversité moléculaire et la surveillance génétique d'*Aedes aegypti*. Une recherche documentaire exhaustive a été effectuée à travers cinq bases de données internationales (PubMed, Scopus, Web of Science, ScienceDirect et Google Scholar), incluant les publications en anglais et en français. Les études retenues devaient comporter des données originales issues d'analyses moléculaires (microsatellites, ADN mitochondrial, Isoenzyme et RAPD, etc.).

Sur les 139 articles initialement recensés, 20 répondaient aux critères d'inclusion. Les résultats révèlent l'existence de deux grandes lignées génétiques : africaine et hors africaine, ainsi qu'une diversité intra populationnelle particulièrement élevée en Afrique subsaharienne. Les approches génomiques récentes confirment l'importance de la surveillance moléculaire intégrée pour anticiper les émergences vectorielles et adapter les stratégies de contrôle.

Cette synthèse met en lumière l'urgence de renforcer les capacités en génétique et bioinformatique en Afrique, de développer des réseaux de surveillance régionaux et de promouvoir des stratégies de lutte vectorielle fondées sur les données génétiques.

¹ Institut de Recherche en Science de la Santé, Direction Regionale de l'Ouest (IRSS/DRO)/CNRST/ Centre Muraz, Bobo Dioulasso, Burkina Faso

² Université Nazi Boni (UNB), Bobo Dioulasso, Burkina Faso

³ Centre Internationale de Recherche-Développement sur l'Elevage en zone Subhumide (CIRDES), Bobo Dioulasso, Burkina Faso

*Auteur correspondant : Cheick Oumar TRAORE, Tel : +222677990492, Email : traorecheickoumar097@gmail.com, ORCID : <https://orcid.org/0009-0008-7520-5170>

Mots clés : *Aedes aegypti*, diversité génétique, surveillance moléculaire, génomique, Afrique, contrôle vectoriel.

Genetic Surveillance and Molecular Diversity of *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae): A Systematic Review of Molecular Approaches and Their Epidemiological Applications

Abstract

Vector-borne diseases, such as dengue, yellow fever, Zika, and chikungunya, represent a major global health problem, affecting millions of people each year. *Aedes aegypti*, the primary vector of these arboviruses, is currently at the center of vector control strategies and epidemiological surveillance. Its ecological plasticity and adaptive capacity justify the growing interest in molecular approaches aimed at characterizing the genetic diversity and population structure of this species.

This systematic review, conducted in accordance with PRISMA guidelines, aims to synthesize the knowledge acquired between 2000 and 2025 on the molecular diversity and genetic surveillance of *Aedes aegypti*. An extensive literature search was carried out across five international databases (PubMed, Scopus, Web of Science, ScienceDirect, and Google Scholar), including publications in both English and French. Eligible studies were required to present original data derived from molecular analyses (microsatellites, mitochondrial DNA, isoenzymes, RAPD, etc.).

Out of the 139 articles initially identified, 20 met the inclusion criteria. The results reveal the existence of two major genetic lineages: African and non-African, as well as a particularly high intra-population diversity in sub-Saharan Africa. Recent genomic approaches confirm the importance of integrated molecular surveillance to anticipate vector emergence and adapt control strategies accordingly.

This synthesis highlights the urgent need to strengthen genetics and bioinformatics capacities in Africa, to develop regional surveillance networks, and to promote vector control strategies based on genetic data.

Keywords : *Aedes aegypti*, Genetic diversity, Molecular surveillance, Genomics, Africa, Vector control.

Introduction

Les arboviroses constituent aujourd'hui l'un des défis majeurs de la santé publique. Selon l'Organisation Mondiale de la Santé (1), plus de 390 millions d'infections à virus de la dengue surviennent chaque année, dont près de 100 millions sont symptomatiques. Le moustique *Aedes aegypti*, espèce cosmopolite hautement anthropophile, est le principal vecteur de ces virus, mais aussi du Zika, du chikungunya et de la fièvre jaune (2, 3). Sa large distribution géographique, sa reproduction en milieux domestiques et sa plasticité écologique en font un acteur central des épidémies urbaines.

Originaire d'Afrique, *Aedes aegypti* s'est différencié en deux sous espèces : la forme sylvatique, *Ae. aegypti formosus*, sombre et zoophile, et la forme domestique, *Ae. aegypti aegypti*, claire et anthropophile (2, 4, 5). Cette divergence reflète un processus évolutif complexe lié à la domestication et aux mouvements humains (2, 6-8). L'étude de la structuration génétique de ces populations constitue aujourd'hui une composante essentielle pour comprendre l'histoire évolutive du vecteur et sa dispersion dans le monde.

Au cours des deux dernières décennies, les progrès en biologie moléculaire ont profondément transformé la recherche sur les moustiques vecteurs. L'utilisation de marqueurs tels que les microsatellites, l'ADN mitochondrial (gènes *COI*, *ND4*), les isoenzyme et la technique d'ADN polymorphe amplifié aléatoirement (RAPD), a permis de caractériser plus finement la variabilité génétique d'*Aedes aegypti* (4). Ces analyses ont révélé des schémas complexes de structuration génétique, influencés par l'histoire des introductions, la géographie, les conditions environnementales et les pressions anthropiques (9).

Malgré l'abondance des travaux publiés, la littérature existante demeure hétérogène et dispersée. Les méthodologies employées varient considérablement, de même que les échelles géographiques couvertes. Peu de synthèses globales intègrent de façon systématique les résultats disponibles à l'échelle mondiale, et encore moins selon une approche rigoureusement normalisée. Ce constat justifie la réalisation de la présente revue systématique, qui vise à analyser et comparer les données publiées sur la diversité moléculaire et la surveillance génétique d'*Aedes aegypti* ainsi que les approches moléculaires utilisées entre 2000 et 2025.

I. Methodologie

L'approche méthodologique adoptée suit les principes du cadre PRISMA 2020 (Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses) (10). Elle assure la transparence, la reproductibilité et la rigueur scientifique du processus de sélection, d'analyse et de synthèse des études. Dans ce contexte, elle vise à fournir une évaluation exhaustive et critique des travaux consacrés à la diversité moléculaire et à la surveillance génétique d'*Aedes aegypti* entre janvier 2000 et août 2025.

1. Stratégie de recherche documentaire

La recherche documentaire a été menée de manière systématique, à partir de cinq bases de données internationales (PubMed, Google Scholar, ScienceDirect, Scopus, Web of Science),

reconnues pour la qualité et la diversité de leurs publications scientifiques. Ainsi, cette recherche a été complétée par l'exploration manuelle des références bibliographiques des articles inclus, afin d'identifier d'éventuelles études pertinentes non détectées par les requêtes automatisées.

Les équations de recherche ont été construites à partir de termes MeSH (Medical Subject Headings) et de mots-clés libres, combinés par des opérateurs booléens (AND, OR, NOT) : (("Aedes aegypti" OR "yellow fever mosquito") AND ("genetic diversity" OR "population genetics" OR "molecular characterization" OR "mitochondrial DNA" OR "microsatellite" OR "RAPD" OR "Isoenzyme" OR "genomic surveillance") AND ("vector control" OR "Africa" OR "epidemiology")). Par ailleurs, aucune restriction linguistique n'a été appliquée afin d'inclure la littérature scientifique en anglais, français, espagnol et portugais, langues dans lesquelles les publications majeures sur *Aedes aegypti* sont disponibles.

Les études publiées entre le 1er janvier 2000 et le 31 août 2025 ont été considérées comme éligibles.

2. Cadre de sélection et d'éligibilité des études

Le processus de sélection des publications s'est déroulé en quatre étapes successives : identification, examen des doublons, sélection par lecture du titre et du résumé, puis lecture intégrale et inclusion finale. Ce processus est représenté schématiquement dans la figure 1, qui détaille le flux des études à chaque étape du tri.

Les critères d'inclusion et d'exclusion ont été définis a priori, en cohérence avec les standards PRISMA 2020.

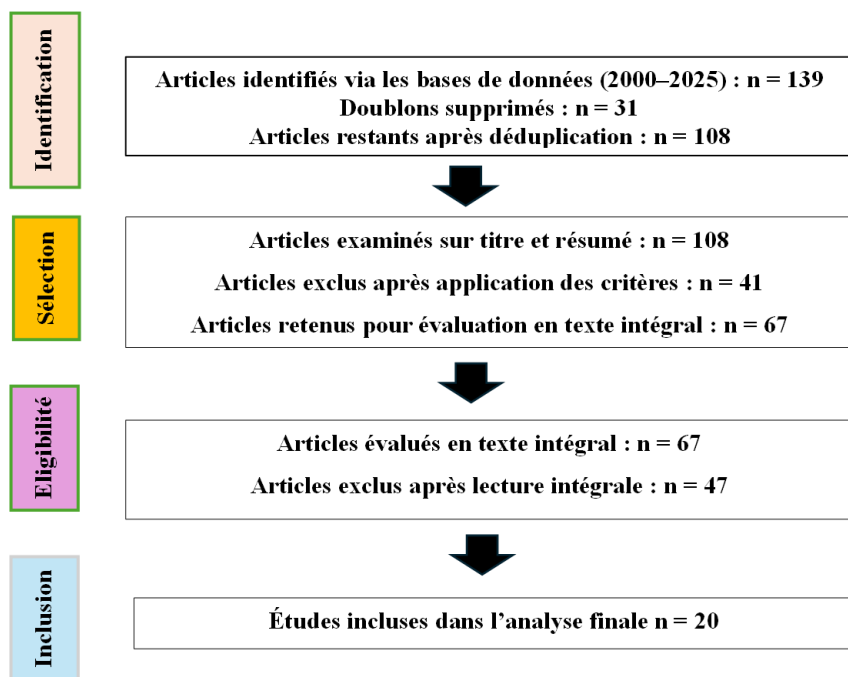


Figure 1: Diagramme de flux de sélection des articles.

Critères d'inclusion

Les études ont été retenues si elles répondaient à toutes les conditions suivantes :

- Publication originale disposant de données vérifiables.
- Objet principal portant sur *Aedes aegypti* (stade adulte ou larvaire).
- Utilisation d'au moins une approche moléculaire : isoenzymes, RAPD, microsatellites, ADN mitochondrial.
- Présence de résultats génétiques quantifiables : indices de diversité (π , H_e , F_{st}), structure génétique, haplotypes, flux génique, ou phylogénie.
- Disponibilité du texte intégral en ligne ou via accès académique.
- Études publiées entre 2000 et 2025.

Critères d'exclusion

Ont été exclues de la revue :

- Les études portant sur d'autres espèces de moustiques que *Aedes aegypti* ;
- Les articles d'opinion, éditoriaux, résumés de conférences et communications brèves sans données expérimentales ;
- Les travaux sans une caractérisation moléculaire (études purement écologiques ou entomologiques) ;
- Les revues narratives ;
- Les duplications d'articles présentant les mêmes jeux de données sous plusieurs versions (préprints, rapports techniques).

3. Analyse des données

L'ensemble des références a été importé dans le logiciel *Publish or Perish* 8 afin d'extraire les métadonnées bibliométriques, notamment le titre, le pays d'étude, les auteurs, l'année de publication, les marqueurs utilisés et la source. Les données recueillies ont ensuite été exportées vers Microsoft Excel pour le tri et l'analyse.

Par la suite, l'analyse a été conduite selon une approche de synthèse qualitative comparative, reposant sur une extraction standardisée des caractéristiques méthodologiques et des principaux résultats des études incluses.

Le tableau I représente les informations clés extraites, ainsi chaque article a été codifié selon les variables suivantes :

Tableau I : Données extraites dans les articles

Catégorie	Données extraites
Identification bibliographique	Auteurs, année, titre, référence
Données géographiques	Pays, continent
Méthodologie moléculaire	Type de marqueur utilisé (microsatellite, ADNmt, RAPD, isoenzyme)
Résultats principaux	Indices de diversité, structure (Fst, AMOVA), haplotypes
Niveau de qualité méthodologique	Élevé / moyen / faible, selon grille d'évaluation

4. Évaluation de la qualité méthodologique

Chaque publication a été notée sur dix points, répartis selon cinq critères pondérés :

- Clarté de la question de recherche (0-2)
- Pertinence et précision de la méthodologie moléculaire (0-2)
- Robustesse des analyses statistiques et bioinformatiques (0-2)
- Représentativité de l'échantillonnage (0-2)
- Transparence et discussion des résultats (0-2)

Les études ont ensuite été classées selon trois niveaux :

- Haute qualité ($\geq 8/10$) : Méthodologie rigoureuse, résultats détaillés et reproductibles (14 études)
- Qualité moyenne (5-7/10) : Données pertinentes mais méthodologie partiellement décrite (4 études)
- Faible qualité ($< 5/10$) : Description incomplète ou biais méthodologiques importants (2 études)

Les études de faible qualité n'ont pas été exclues mais ont été considérées avec précaution lors de la discussion.

II. Résultats et analyse

1. Vue d'ensemble des études incluses

Au total, 20 études publiées entre janvier 2000 et août 2025 ont été retenues après application rigoureuse des critères d'inclusion. Ces études couvrent un large spectre géographique et méthodologique, illustrant l'essor des approches moléculaires dans la surveillance d'*Aedes aegypti* présenté dans le tableau II.

Ces études ont été menées dans plusieurs pays, répartis sur trois grandes zones : Afrique avec 13 études, Amériques 6 études et Thaïlande (Asie) 1 étude. En effet, entre 2000 et 2010, la majorité des travaux reposaient sur des microsatellites et des gènes mitochondriaux (COI, ND4). A partir de 2015, une augmentation exponentielle du nombre d'études a été observé par la répartition temporelle des publications, coïncidant avec l'émergence du virus Zika et la généralisation des technologies de séquençage de nouvelle génération (NGS).

Cette évolution traduit la mutation technologique de l’entomologie moléculaire vers des analyses à haute résolution, permettant de bien explorer la structuration génétique.

Tableau II : Caractéristiques des études incluses dans la revue systématique sur la diversité génétique d’*Aedes aegypti*.

Continent	Auteurs / Année	Pays	Marqueurs	Résultats clés	Référence
Afrique	Huber et al. (2008)	Sénégal	Allozyme	Faible niveau de différenciation génétique.	(11)
	Namountougou et al. (2020)	Burkina Faso	<i>kdr</i>	Multi-résistance aux pyréthrinoides.	(12)
	Toe et al. (2022)	Burkina Faso	<i>kdr</i> (V410L, F1534C)	Nouvelles mutations détectées en Afrique de l’Ouest.	(13)
	Sombié et al. (2023)	Burkina Faso	<i>kdr</i>	Association entre <i>kdr</i> et résistance phénotypique.	(14)
	Abuelmaali et al. (2024)	Soudan	Microsatellites	Gradient climatique et différence génique élevé par rapport à d’autre population d’ <i>Aedes aegypti</i> .	(15)
	Xia S et al. (2020)	Gabon et Kenya	Microsatellites	Flux génétique important entre habitats forestiers et villageois	(16)
	Sylla M et al. (2009)	Sénégal	Microsatellites	Flux génique entre population rurales et urbaines.	(17)
	Anyango VO et al. (2025)	Kenya	COI	Diversité génique modérée.	(18)
	G Houkanrin et al. (2023)	Benin	COI	Importante diversité génétique au sein des populations d’ <i>Aedes aegypti</i>	(19)
	Campos M et al. (2020)	Cap vert	Mitochondriaux (COI et ND4)	Flux genetique entre Aedes aegypti du Cap-Vert et ceux d’autres pays d’Afrique et d’Amérique du Sud	(20)
	P Salgueiro (2019)	Cap vert	Mitochondriaux (COI et ND4) et microsatellites	Variabilité génétique comparable à celle observée dans d’autres populations africaines	(21)
	C Paupy (2008)	Cameroun	Mitochondriaux (ND4)	Réduction des flux génétiques entre les populations sauvages et domestiques d’Ae. aegypti	(22)
	A Sombié (2019)	Burkina Faso	<i>kdr</i>	Résistance élevée aux pyréthroides et carbamates	(23)
Amerique	Bracco et al. (2007)	Brésil	DNmt	Homogénéité génétique régionale.	(24)
	Britez et al. (2022)	Paraguay	RAPD	Faible diversité, haplotypes homogènes.	(25)
	Powell et al. (2013)	Amérique latine	ADNmt	Histoire de la domestication.	(2)
	Gloria-Soria et al. (2016)	Amérique, Afrique, Asie	Microsatellites	Lignées africaine et extra-africaine confirmées.	(4)
	Brown et al. (2011)	Monde	Microsatellites	Structuration globale du génome.	(8)
	C Hiragi (2009)	Brésil	RAPD	Variabilité génétique inter- et intrapopulationnelle	(26)
Thaïlande	S Sukonthabhirom (2009)	Thaïlande	Isozymes	Faible diversité génétique intrapopulationnelle et interpopulationnelle observée	(27)

2. Structuration génétique mondiale d'*Aedes aegypti*

Les études analysées confirment la présence de deux grandes lignées génétiques principales :

- ⇒ La lignée africaine (ancestrale) : *Ae. aegypti formosus*
- ⇒ La lignée hors-africaine (domestique) : *Ae. aegypti aegypti*

La première, d'origine sylvatique, est caractérisée par une pigmentation sombre, une préférence zoophile et une diversité génétique élevée. La seconde, issue de la domestication et associée aux milieux urbains, présente une homogénéisation génétique marquée, conséquence de multiples goulots d'étranglement et réintroductions humaines (2, 8).

En revanche, il ressort de l'analyses basées sur les microsatellites, une structuration nette entre les continents comme indique la figure 2 (4). Ces écarts témoignent d'une différenciation historique fondée sur des effets fondateurs multiples et sur la dérive génétique post-colonisation.

D'autres analyses de microsatellites confirment cette dualité. Par exemple, les indices F_{st} moyens observés entre les populations africaines et américaines dépassent 0,25, indiquant une forte différenciation intercontinentale, tandis que les flux géniques intra-régionaux demeurent modérés ($F_{st} = 0,08-0,12$) (4, 8, 24, 25). Les structures phylogénétiques révèlent par ailleurs des clusters distincts par région, correspondant aux origines historiques des introductions.

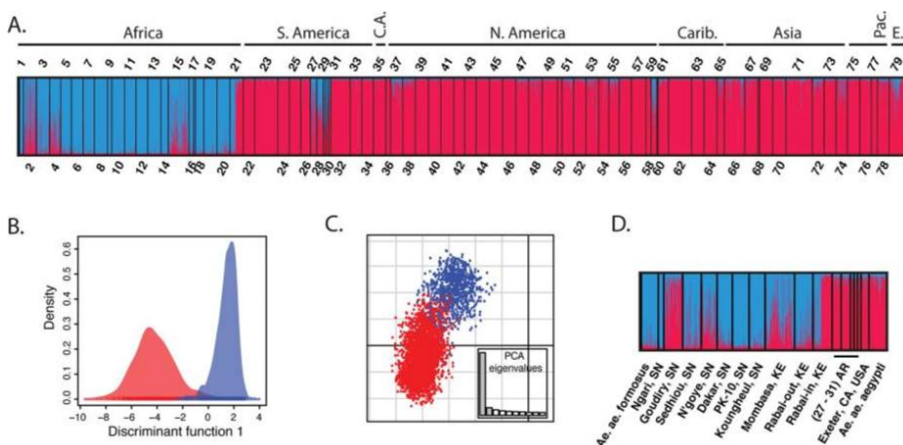


Figure 2 : Diversité et structure génétique globale d'*Aedes aegypti* par continent (4)

A) Diagramme à barres STRUCTURE indiquant les regroupements génétiques de 79 localités géographiques. Les barres verticales représentent les individus. La hauteur de chaque barre représente la probabilité d'appartenance à chacun des $K = 2$ clusters. Chaque cluster est représenté par une couleur différente : *Aaa* : rouge et *Aaf* : bleu (4)

B) Analyse discriminante des composantes principales (ADCP) des fréquences alléliques des microsatellites. Elle montre deux clusters génétiques distincts avec un chevauchement minimal ; les couleurs sont identiques à celles de A (4)

C) Nuage de points des deux premières composantes principales des mêmes données analysées en A et B. Les clusters génétiques *Aaa* et *Aaf* sont représentés avec les mêmes couleurs qu'en A (4)

D) Diagramme à barres STRUCTURE des populations individuelles montrant un mélange dans A (4)

3. Diversité et structuration génétique régionale

Afrique

L'Afrique, reconnue comme le berceau évolutif d'*Aedes aegypti*, présente la plus grande variabilité génétique intra et interpopulationnelle (5, 11).

Une étude sénégalaise a révélé une différenciation significative entre formes sylvatiques et domestiques, même à faible distance géographique, soulignant une structure microgéographique marquée (11). Par contre Sylla M et al. (2009) au Sénégal trouve que les *Aedes aegypti aegypti* (*Aaa*) et *Aedes aegypti formosus* d'Afrique (*Aaf*) de l'Ouest sont monophylétiques et que les *Aaa* ont évolué en Afrique de l'Ouest à partir d'un ancêtre *Aaf* (17).

Selon Hounkanrin et al., au Bénin, une seule forme d'*Aedes aegypti* circule. Dans leur étude les échantillons ont été classés comme *Ae. aegypti formosus* sur la base de la morphologie. Les résultats suggèrent une grande diversité génétique à l'échelle microgéographique, avec une plus grande diversité observée dans les sites semi-urbains et sylvatiques du nord du Bénin que dans les sites urbains du sud (19).

Une étude fut menée en 2020 au Gabon et au Kenya sur la structure génétique d'*Aedes aegypti* dans les forêts locales et les habitats domestiques. Il ressort de l'analyse que les moustiques du Gabon et du Kenya ont une ascendance génétique plus similaire à celle de la plupart

des autres *Aedes aegypti africaines* (Aaf) que les populations hors Afrique. Par contre dans chaque localité, il n'y avait pas de forte différenciation génétique entre les moustiques des habitats forestiers et villageois, il pourrait donc y avoir un flux génétique important entre eux (16).

En 2025, VO Anyango et al. ont mis en évidence la coexistence des deux sous-espèces, *Aedes aegypti aegypti* et *Aedes aegypti formosus* dans l'ouest du Kenya, avec une prédominance de *Ae. aegypti formosus* dans les comtés de Kisumu et de Busia. Les populations étudiées présentent une forte diversité haplotypique associée à une faible diversité nucléotidique, traduisant un polymorphisme génétique élevé. Les valeurs négatives des tests de neutralité (D de Tajima et FS de Fu), combinées à une distribution régulière des différences, suggèrent l'influence d'événements évolutifs récents sur la structuration génétique de ces populations (18).

Au Cap vert, Monica Campos et al. (2020) ont indiqué que l'espèce capverdienne *Ae. aegypti* était apparentée à celles présentes dans d'autres pays d'Afrique et d'Amérique du Sud, ce qui corrobore les faits historiques (20). Plusieurs haplotypes détectées dans leur collection d'échantillons étaient également présents dans les échantillons capverdiens précédemment signalés. Au total, 7 haplotypes étaient uniques aux moustiques du Cap-Vert tandis que les autres haplotypes étaient présents particulièrement dans les populations africaines et américaines. L'analyse phylogénétique utilisant 34 haplotypes uniques nad4 d'*Ae. aegypti* Africain et les séquences globales ont révélé 2 clades, les haplotypes globaux apparaissant dans les deux clades. Dans les deux clades distincts, les échantillons cap-verdiens sont situés dans l'un ou l'autre clade (20). Par contre, une étude précédente analysant la diversité génétique des échantillons collectés au Cap-Vert suggérait une origine ouest-africaine des moustiques locaux (21).

Dans une étude du Flux génétique entre les populations domestiques et sylvestres d'*Aedes aegypti* au Nord Cameroun, Christophe Paupy et al. affirme une différenciation génétique significative. Cette différence est présente entre les populations sylvestres avec les polymorphismes de huit locus microsatellites et les collections domestiques. Aucune différenciation génétique en fonction de la distance n'a été détecté entre les populations échantillonnées (22). En revanche, l'analyse des polymorphismes de l'ADNmt-ND4 et de la divergence entre les deux populations voisines a également mis en évidence une diversité

génétique plus élevée au sein de la population domestique. Cette diversité est caractérisée par des signatures moléculaires indiquant une expansion démographique récente, alors qu'un seul haplotype a été observé dans l'échantillon sylvestre (22). Ces données suggèrent une réduction du flux génétique entre les *Ae. aegypti* sylvestres et domestiques au Nord Cameroun, rappelant la situation d'*Ae. aegypti* au Kenya en Afrique de l'Est.

Les travaux menés au Soudan (15) confirment que les facteurs climatiques et anthropiques influencent la structuration génétique régionale. Les gradients de température et d'humidité, combinés à l'urbanisation et à la mobilité humaine, façonnent la distribution spatiale des haplotypes et la différenciation génétique locale.

De manière globale, la diversité intra-populationnelle africaine demeure supérieure à celle observée sur les autres continents, positionnant l'Afrique comme réservoir de diversité mondiale et source probable des réintroductions périodiques observées ailleurs.

Au Burkina Faso, on observe une absence de données sur la diversité génétique d'*Aedes aegypti*. Par contre, plusieurs données existent sur la résistance aux insecticides, comme, Toe et al. en 2022 (13), Namountougou et al en 2020 (28) et Sombié et al. en 2023 (23, 29), qui ont identifié plusieurs mutations *kdr* responsables d'une résistance croisée aux pyréthrinoides et organophosphorés. Ces mutations, détectées dans les gènes du canal sodium voltage-dépendant, montre l'adaptation rapide des populations locales aux pressions chimiques.

Amériques

Les populations d'*Aedes aegypti* d'Amérique latine dérivent de plusieurs vagues d'introductions africaines, datées de l'époque coloniale (9, 24). Cette origine unique a conduit à une homogénéisation progressive des génomes, conséquence d'un effet fondateur historique et de la recolonisation rapide des zones urbaines.

José Eduardo et al. ont étudié la variabilité génétique d'*Aedes aegypti* à l'aide du gène mitochondrial *ND4* sur les données de certains pays d'Amérique, d'Afrique et d'Asie. Au total 20 haplotypes ont été distingués, dont 14 sont exclusifs aux Amériques, quatre aux pays d'Afrique/d'Asie, un est commun aux Amériques et à l'Afrique et un aux Amériques et Asie. La phylogénie entre les haplotypes ont montrée l'existence de deux lignées d'*Ae. aegypti* dans les Amériques. L'une est liée aux haplotypes africains (Sénégal) et l'autre aux haplotypes

africains (Guinée et Ouganda) et asiatiques (24), ce qui pourrait justifier l'hypothèse de la présence de deux sous-espèces d'*Ae. aegypti* dans les Amériques.

En 2009 dans le district fédéral du Brésil, les marqueurs RAPD ont été utilisés pour analyser l'ADN de larves de trois populations d'*Ae. aegypti*. Les résultats ont mis en évidence l'existence de deux groupes indiquant que les populations étudiées sont probablement dans un processus de différenciation génétique. Cette différenciation est probablement favorisée par des facteurs écologiques, évolutifs et historiques. La variabilité génétique interpopulation était plus élevée que la variabilité génétique intrapopulation. La technique moléculaire utilisée s'est avérée prometteuse pour la différenciation génétique des populations du district fédéral, ainsi que pour la détection de fragments utiles pour la recherche sur la résistance et la susceptibilité (30).

Thaïlande

En Thaïlande, *Aedes aegypti* présente une structure génétique intermédiaire, influencée par des introductions multiples et une forte pression anthropique. Cependant, les séquences du gène codant pour l'isoenzyme ont permis de caractériser la variation génétique entre les populations d'*Ae. aegypti* de différentes provinces. Sur les 31 loci codant pour les isoenzymes analysés, 19 d'entre eux étaient polymorphes. Par contre, une faible diversité génétique intrapopulationnelle et interpopulationnelle a été observée (27).

III. Discussion

1. Un modèle évolutif en expansion mondiale

Dans l'ensemble, la synthèse des études confirme que *Aedes aegypti* a connu une expansion rapide et réursive depuis son origine africaine. Cette expansion a été facilitée par la mobilité humaine, les échanges commerciaux et la capacité de l'espèce à coloniser des environnements anthropisés (2). Par conséquent, les flux géniques restreints observés entre continents suggèrent que les populations locales évoluent désormais de manière semi-indépendante, favorisant l'émergence de formes adaptatives régionales (3, 9).

Sur le plan épidémiologique, ces divergences génétiques ont des conséquences épidémiologiques directes, car la compétence vectorielle varie selon les lignées génétiques. A titre d'exemple, certaines populations asiatiques, se montrent plus efficaces dans la transmission

du virus de la dengue de type 2, tandis que les lignées africaines présentent une transmission plus faible mais une adaptation écologique plus large (31).

2. Facteurs écologiques et anthropiques dans la structuration génétique

Les variations génétiques observées reflètent une interaction complexe entre facteurs écologiques (température, précipitations, urbanisation) et facteurs anthropiques (densité humaine, mobilité, insecticides). A cet égard, les analyses menées au Sénégal (5, 11) montrent que la densité urbaine favorise la sélection de lignées anthropophiles, tandis que les zones sylvatiques conservent une diversité plus ancienne et plus riche. Ainsi, l'urbanisation accélérée en Afrique subsaharienne pourrait ainsi entraîner une domestication progressive des populations locales d'*Aedes aegypti*, augmentant la probabilité de transmission endémique des arbovirus.

3. Perspectives

L'analyse systématique de la littérature publiée entre 2000 et 2025 sur la diversité moléculaire d'*Aedes aegypti* met en évidence des avancées considérables, mais aussi des lacunes persistantes. Les études récentes montrent une évolution vers des approches intégrées et multidimensionnelles, combinant la génétique, la bioinformatique et l'écologie (15, 16, 18, 20, 25). Toutefois, plusieurs domaines clés nécessitent encore un approfondissement pour consolider la surveillance génétique du vecteur. A cet effet, une harmonisation des protocoles de collecte et d'analyse génétique s'impose. Par ailleurs, le recours à des bases de données centralisées comme VectorBase ou MosquitoBase représente une étape clé pour renforcer la reproductibilité et la transparence des analyses futures.

3.1. Généralisation des approches génomiques et post-génomiques

L'une des priorités futures concerne l'expansion des approches génomiques à haut débit, telles que le séquençage complet du génome (WGS), la transcriptomique (RNA-seq) et les analyses épigénomiques. Ces outils offrent un grand potentiel pour identifier les gènes impliqués dans la résistance et la plasticité adaptative de *Aedes aegypti*.

L'intégration de la génomique fonctionnelle permettra de relier directement les variations génétiques à des phénotypes écologiques ou physiologiques observables. Cette intégration ouvrira la voie à une

surveillance prédictive fondée sur des marqueurs moléculaires ciblés (32). Cependant, les futurs travaux devraient également s'intéresser à la génomique comparative interspécifique, notamment entre *Aedes aegypti* et *Aedes albopictus*, afin d'identifier les gènes responsables des différences de comportement, de dispersion et de tolérance environnementale.

3.2.Intégration de la bioinformatique

La croissance rapide des données génétiques massives nécessite une utilisation accrue des outils bioinformatiques. Dans ce contexte, les modèles d'apprentissage automatique peuvent permettre de prédire la diffusion spatiale des mutations de résistance ou la probabilité d'apparition de nouvelles lignées vectorielles. Des plateformes intégrées comme VectorBase, MosquitoBase ou GenBank-NCBI offrent déjà des infrastructures adaptées à la gestion de ces données.

La combinaison des données génétiques avec les informations climatiques, écologiques et épidémiologiques permettra de développer des modèles éco-évolutifs capables d'anticiper les scénarios d'adaptation du moustique aux changements environnementaux. Cette approche intégrative constituera une avancée majeure pour la surveillance prédictive et la gestion des vecteurs d'arbovirus.

3.3.Renforcement des capacités régionales et coopération scientifique

Le renforcement des capacités en génétique moléculaire et bioinformatique en Afrique reste une priorité stratégique. En effet, de nombreux laboratoires, notamment en Afrique de l'Ouest (Burkina Faso, Mali, Bénin, Sénégal), disposent déjà de compétences en entomologie médicale. Cependant, la création d'un réseau africain de surveillance moléculaire des vecteurs, favoriserait la standardisation des méthodes, le partage des données et la formation des chercheurs. Une telle initiative renforcerait la position du continent dans la recherche mondiale sur la résistance et la diversité des moustiques vecteurs.

Par ailleurs, l'approche One Health, reliant santé humaine, santé animale et environnement, constitue le cadre conceptuel le plus adapté pour les futures recherches. En plus, les interactions entre la biodiversité, les changements climatiques, l'urbanisation et la santé publique doivent être intégrées dans les modèles de surveillance afin d'anticiper les émergences virales. Cette approche transdisciplinaire

favorisera le passage d'une surveillance réactive à une surveillance préventive, axée sur les signaux moléculaires précoces d'adaptation et de résistance.

4. Limites de étude

Bien que cette revue suive une méthodologie rigoureuse, plusieurs limites doivent être reconnues. Tout d'abord, certaines publications pertinentes ont pu échapper à la recherche du fait de leur indexation restreinte ou de leur publication dans des revues locales non référencées. Par ailleurs, la forte hétérogénéité des approches moléculaires (microsatellites, ADNmt, RAPD, Isoenzyme) rend difficile la comparaison directe entre les études. La prédominance d'articles en anglais peut avoir limité la représentation des travaux francophones africains. En plus, les comparaisons entre études sont parfois compromises par la diversité des marqueurs utilisés, les différences d'échelles spatiales et la variabilité des méthodes statistiques.

Malgré ces limites, la méthodologie adoptée garantit une vision robuste et intégrée des connaissances actuelles sur la diversité moléculaire d'*Aedes aegypti* à l'échelle mondiale.

Conclusion

Cette revue apporte une synthèse intégrée des connaissances disponibles et identifie les priorités futures pour la recherche et la surveillance vectorielle. Elle accorde une attention particulière sur le contexte africain, encore sous-représenté dans la littérature scientifique mondiale. Couvrant un quart de siècle de recherche (2000-2025), elle dresse un panorama exhaustif des connaissances sur la diversité génétique d'*Aedes aegypti* à l'échelle mondiale. Il ressort de l'analyse que l'espèce se caractérise par une variabilité génétique considérable, témoignant de son ancienneté, de sa dispersion et de son exceptionnelle plasticité évolutive.

Par ailleurs, la distinction entre les deux grandes lignées africaine (ancestrale) et hors-africaine (domestique), constitue un axe central de compréhension de la biologie du vecteur.

En outre, cette revue met en évidence que la diversité génétique d'*Aedes aegypti* influence directement la compétence vectorielle, la résistance aux insecticides et la dynamique de transmission des arbovirus. Cependant, la mise en œuvre d'une surveillance génétique intégrée,

apparaît désormais essentielle pour orienter les politiques de contrôle vectoriel. Enfin, la consolidation d'un réseau africain de recherche et de surveillance, soutenu par une coopération internationale, représente une condition indispensable pour renforcer la résilience des systèmes de santé face aux menaces épidémiques émergentes.

Références bibliographiques

1. Organization WH. Surveillance and control of arboviral diseases in the WHO African region: assessment of country capacities: World Health Organization; 2022.
2. Powell JR, Tabachnick WJ. History of domestication and spread of *Aedes aegypti*--a review. Mem Inst Oswaldo Cruz. 2013;108 Suppl 1(Suppl 1):11-7.
3. Malone RW, Homan J, Callahan MV, Glasspool-Malone J, Damodaran L, Schneider Ade B, et al. Zika Virus: Medical Countermeasure Development Challenges. PLoS Negl Trop Dis. 2016;10(3):e0004530.
4. Gloria-Soria A, Ayala D, Bheecarry A, Calderon-Arguedas O, Chadee DD, Chiappero M, et al. Global genetic diversity of *Aedes aegypti*. Mol Ecol. 2016;25(21):5377-95.
5. Paupy C, Ollomo B, Kamgang B, Moutailler S, Rousset D, Demanou M, et al. Comparative role of *Aedes albopictus* and *Aedes aegypti* in the emergence of Dengue and Chikungunya in central Africa. Vector Borne Zoonotic Dis. 2010;10(3):259-66.
6. Christophers SR. *Aedes aegypti* (L.), the Yellow Fever Mosquito: Its Life History, Bionomics and Structure. . Cambridge University Press, London, . 1960:739 p.
7. McBride CS, Baier F, Omondi AB, Spitzer SA, Lutomiah J, Sang R, et al. Evolution of mosquito preference for humans linked to an odorant receptor. Nature. 2014;515(7526):222-7.
8. Brown JE, McBride CS, Johnson P, Ritchie S, Paupy C, Bossin H, et al. Worldwide patterns of genetic differentiation imply multiple 'domestications' of *Aedes aegypti*, a major vector of human diseases. Proc Biol Sci. 2011;278(1717):2446-54.

9. Powell JR. Mosquito-borne human viral diseases: why *Aedes aegypti*? The American journal of tropical medicine and hygiene. 2018;98(6):1563.
10. Page MJ, McKenzie JE, Bossuyt PM, Boutron I, Hoffmann TC, Mulrow CD, et al. The PRISMA 2020 statement: an updated guideline for reporting systematic reviews. Bmj. 2021;372:n71.
11. Huber K, Ba Y, Dia I, Mathiot C, Sall AA, Diallo M. *Aedes aegypti* in Senegal: genetic diversity and genetic structure of domestic and sylvatic populations. Am J Trop Med Hyg. 2008;79(2):218-29.
12. Namountougou M, Soma DD, Balboné M, Kaboré DA, Kientega M, Hien A, et al. Monitoring Insecticide Susceptibility in *Aedes Aegypti* Populations from the Two Biggest Cities, Ouagadougou and Bobo-Dioulasso, in Burkina Faso: Implication of Metabolic Resistance. Tropical Medicine and Infectious Disease. 2020;5(2):84.
13. Toé HK, Zongo S, Guelbeogo MW, Kamgang B, Viana M, Tapsoba M, et al. Multiple insecticide resistance and first evidence of V410L kdr mutation in *Aedes (Stegomyia) aegypti* (Linnaeus) from Burkina Faso. Med Vet Entomol. 2022;36(3):309-19.
14. Sombié A, Ouédraogo WM, Oté M, Saiki E, Sakurai T, Yaméogo F, et al. Association of 410L, 1016I and 1534C kdr mutations with pyrethroid resistance in *Aedes aegypti* from Ouagadougou, Burkina Faso, and development of a one-step multiplex PCR method for the simultaneous detection of 1534C and 1016I kdr mutations. Parasites & Vectors. 2023;16(1):137.
15. Abuelmaali SA, Mashlawi AM, Ishak IH, Wajidi MFF, Jaal Z, Avicor SW, et al. Population genetic structure of *Aedes aegypti* subspecies in selected geographical locations in Sudan. Sci Rep. 2024;14(1):2978.
16. Xia S, Cosme LV, Lutomiah J, Sang R, Ngangue MF, Rahola N, et al. Genetic structure of the mosquito *Aedes aegypti* in local forest and domestic habitats in Gabon and Kenya. Parasites & Vectors. 2020;13(1):417.
17. Sylla M, Bosio C, Urdaneta-Marquez L, Ndiaye M, Black WCIV. Gene Flow, Subspecies Composition, and Dengue Virus-2 Susceptibility among *Aedes aegypti* Collections in Senegal. PLOS Neglected Tropical Diseases. 2009;3(4):e408.

18. Anyango VO, Langat S, Mulwa F, Mutisya J, Koka H, Okoyo C, et al. Genetic diversity of *Aedes aegypti* populations from Kisumu and Busia counties, western Kenya, and their vector competence for chikungunya virus. *PLoS One*. 2025;20(3):e0289191.
19. Hounkanrin G, Tchiboza C, Sauer FG, Agboli E, Schmidt-Chanasit J, Yadouleton A, et al. Genetic diversity and wing geometric morphometrics among four populations of *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) from Benin. *Parasit Vectors*. 2023;16(1):320.
20. Campos M, Ward D, Morales RF, Gomes AR, Silva K, Sepúlveda N, et al. Surveillance of *Aedes aegypti* populations in the city of Praia, Cape Verde: Zika virus infection, insecticide resistance and genetic diversity. *Parasites & Vectors*. 2020;13(1):481.
21. Salgueiro P, Serrano C, Gomes B, Alves J, Sousa CA, Abecasis A, et al. Phylogeography and invasion history of *Aedes aegypti*, the Dengue and Zika mosquito vector in Cape Verde islands (West Africa). *Evol Appl*. 2019;12(9):1797-811.
22. Paupy C, Brengues C, Kamgang B, Hervé JP, Fontenille D, Simard F. Gene flow between domestic and sylvan populations of *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) in North Cameroon. *J Med Entomol*. 2008;45(3):391-400.
23. Sombié A, Saiki E, Yaméogo F, Sakurai T, Shirozu T, Fukumoto S, et al. High frequencies of F1534C and V1016I *kdr* mutations and association with pyrethroid resistance in *Aedes aegypti* from Somgandé (Ouagadougou), Burkina Faso. *Tropical Medicine and Health*. 2019;47:1-8.
24. Bracco JE, Capurro ML, Lourenço-de-Oliveira R, Sallum MA. Genetic variability of *Aedes aegypti* in the Americas using a mitochondrial gene: evidence of multiple introductions. *Mem Inst Oswaldo Cruz*. 2007;102(5):573-80.
25. Britez SC, Herrera L, Ferreira MC, Rolon LM, Ruiz V, Gonzalez-Britez N. Genetic diversity of *Aedes aegypti* in the central-upper Parana Cross-Border axis in Paraguay. *Rev Peru Med Exp Salud Publica*. 2022;39(2):170-7.
26. Hiragi C, Simões K, Martins E, Queiroz P, Lima L, Monnerat R. Variabilidade genética em populações de *Aedes aegypti* (L.)(Diptera: Culicidae) utilizando marcadores de RAPD. *Neotropical Entomology*. 2009;38:542-7.

27. Sukonthabhirom S, Saengtharatip S, Jirakanchanakit N, Rongnoparut P, Yoksan S, Daorai A, et al. Genetic structure among Thai populations of *Aedes aegypti* mosquitoes. *Journal of Vector Ecology*. 2009;34(1):43-9.
28. Namountougou M, Soma DD, Balbone M, Kabore DA, Kientega M, Hien A, et al. Monitoring insecticide susceptibility in *Aedes Aegypti* populations from the two biggest cities, Ouagadougou and Bobo-Dioulasso, in Burkina Faso : implication of metabolic resistance. *Tropical Medicine and Infectious Disease*. 2020;5(2):84 [9].
29. Sombié A, Ouédraogo WM, Oté M, Saiki E, Sakurai T, Yaméogo F, et al. Association of 410L, 1016I and 1534C kdr mutations with pyrethroid resistance in *Aedes aegypti* from Ouagadougou, Burkina Faso, and development of a one-step multiplex PCR method for the simultaneous detection of 1534C and 1016I kdr mutations. *Parasites & Vectors*. 2023;16(1):137.
30. Hiragi C, Simões K, Martins E, Queiroz P, Lima L, Monnerat R. [Genetic variability in *Aedes aegypti* (L.) (Diptera: Culicidae) populations using RAPD markers]. *Neotrop Entomol*. 2009;38(4):542-7.
31. Failloux AB, Vazeille M, Rodhain F. Geographic genetic variation in populations of the dengue virus vector *Aedes aegypti*. *J Mol Evol*. 2002;55(6):653-63.
32. Souidi S, Crepeau M, Collier TC, Lee Y, Cornel AJ, Lanzaro GC. Genomic signatures of local adaptation in recent invasive *Aedes aegypti* populations in California. *BMC Genomics*. 2023;24(1):311.