

# Etat des connaissances et perspectives d'utilisation de *Delftia tsuruhatensis* TC1 et *Chromobacterium* sp. dans la lutte contre le moustique *Aedes aegypti*, vecteur de la Dengue

---

Illiassou MAMANE SADOU<sup>1</sup>,  
Moussa NAMOUNTOUGOU<sup>1</sup>,  
Abdoulaye DIABATE<sup>2</sup>,  
Etienne BILGO<sup>2,\*</sup>

## Résumé

La dengue constitue l'une des arboviroses les plus préoccupantes à l'échelle mondiale, notamment dans les régions tropicales et subtropicales. En l'absence de traitement antiviral spécifique, la prévention repose sur la lutte antivectorielle ciblant *Aedes aegypti* et la vaccination. Le microbiote intestinal du moustique, en interaction avec son immunité innée, pourrait moduler sa compétence vectorielle et la transmission du virus de la dengue (DENV). Cette revue systématique a pour objectif de synthétiser les connaissances actuelles sur les interactions entre *Aedes aegypti*, le virus de la dengue (DENV) et les bactéries symbiotiques, et d'évaluer le potentiel d'une approche combinée utilisant *Delftia tsuruhatensis* TC1 et *Chromobacterium* sp. pour le contrôle des vecteurs. La recherche bibliographique a été conduite en octobre 2025 sur PubMed et Google Scholar, selon les recommandations PRISMA, incluant les articles en français et en anglais. Sur 534 articles identifiés (2012–2025), 4 ont satisfait les critères d'inclusion. Les données disponibles montrent que certaines bactéries symbiotiques influencent la susceptibilité de *Aedes aegypti* au DENV. *Chromobacterium* sp. inhibe la réplication virale via des métabolites antiviraux et l'activation de voies immunitaires. *Delftia tsuruhatensis* TC1, principalement étudiée chez *Anopheles*, produit des composés bioactifs pouvant moduler les infections virales. Cette revue souligne les lacunes dans la compréhension des interactions moustique–virus–symbiote et le potentiel des symbiotes autres que *Wolbachia* pour des stratégies durables de lutte antivectorielle contre la dengue.

**Mots-clés** : Dengue ; *Aedes aegypti* ; microbiote intestinal ; immunité innée ; lutte antivectorielle

---

<sup>1</sup> Université Nazi Boni, 0022677348869, BP 3631 BOBO RS, Bobo-Dioulasso, Burkina Faso.

<sup>2</sup>Institut de Recherche en Sciences de la Santé (IRSS), Direction Régionale de l'Ouest (DRO)/CNRST, Bobo-Dioulasso, Burkina Faso.

\* **Auteur Correspondant** : Etienne BILGO, 0022675927866, bilgo02@yahoo.fr, ORCID : 0000-0003-2350-9339.

# State of knowledge and prospects for the use of *Delftia tsuruhatensis* TC1 and *Chromobacterium* sp. in the fight against the *Aedes aegypti* mosquito, vector of Dengue

## Abstract

Dengue is one of the most concerning arboviral diseases worldwide, particularly in tropical and subtropical regions. In the absence of a specific antiviral treatment, prevention relies on vector control targeting *Aedes aegypti* and vaccination. The mosquito's gut microbiota, interacting with its innate immunity, could modulate its vector competence and the transmission of dengue virus (DENV). This systematic review aims to synthesize current knowledge on the interactions between *Aedes aegypti*, dengue virus (DENV), and symbiotic bacteria, and to assess the potential of a combined approach using *Delftia tsuruhatensis* TC1 and *Chromobacterium* sp. for vector control. The literature search was conducted in October 2025 on PubMed and Google Scholar, according to PRISMA guidelines, and included articles in French and English. Of 534 articles identified (2012–2025), 4 met the inclusion criteria. Available data show that certain symbiotic bacteria influence the susceptibility of *Aedes aegypti* to DENV. *Chromobacterium* sp. inhibits viral replication via antiviral metabolites and the activation of immune pathways. *Delftia tsuruhatensis* TC1, primarily studied in *Anopheles* mosquitoes, produces bioactive compounds that can modulate viral infections. This review highlights gaps in our understanding of mosquito–virus–symbiont interactions and the potential of symbionts other than *Wolbachia* for sustainable vector control strategies against dengue.

**Keywords :** Dengue; *Aedes aegypti*; gut microbiota; innate immunity; vector control

## Introduction

La dengue représente aujourd'hui l'une des arboviroses les plus préoccupantes au niveau mondial. Avec plus de 14 millions de cas notifiés en 2024 et environ 390 millions d'infections annuelles, dont 96 millions symptomatiques (1-2), elle est présente dans plus de 100 pays tropicaux et subtropicaux (1). On estime à près de 40 % de la population mondiale exposée au risque d'infection par la dengue (2). Le virus de la dengue (DENV), un flavivirus à ARN simple brin positif comprenant quatre sérotypes (DENV-1 à DENV-4), provoque des manifestations cliniques allant de la dengue classique à des formes sévères comme la dengue hémorragique ou le syndrome de choc dengue (2-3). Face à cette charge sanitaire et en l'absence de traitements antiviraux spécifiques, la prévention occupe une place de choix dans la lutte contre la dengue. Cette prévention repose sur des stratégies combinant lutte antivectorielle ciblant *Aedes aegypti* et vaccination. Le moustique *Aedes aegypti* est le principal vecteur du DENV, ainsi que d'autres arbovirus tels que Zika, Chikungunya et le virus Amaril responsable de la fièvre jaune (3). Son comportement hautement anthropophile, sa

capacité à proliférer dans des gîtes domestiques et sa longévité en font un vecteur particulièrement efficace. La compétence vectorielle reflète la faculté du virus à surmonter les barrières tissulaires du moustique et à atteindre les glandes salivaires, un processus modulé par l'immunité innée et le microbiote intestinal de l'insecte (5-6). L'Organisation mondiale de la Santé (OMS), à travers l'Initiative mondiale contre les arbovirus lancés en 2022, encourage le développement d'outils de surveillance intégrée et de stratégies de lutte antivectorielle innovantes. Dans ce contexte, l'étude des interactions entre le microbiote et l'immunité innée d'*Aedes aegypti* apporte des éléments nouveaux pour la compréhension des mécanismes antiviraux. Certaines bactéries intestinales modulent la susceptibilité du moustique *A. aegypti* à l'infection virale par la stimulation de voies immunitaires ou la production de métabolites antiviraux (8,11). Parmi celles-ci, *Chromobacterium sp.* a montré sa capacité à inhiber la réplication du DENV via la production de sphingolipides et autres métabolites antimicrobiens (12,13,14) chez le moustique *Aedes aegypti*. Tandis que *Delftia tsuruhatensis Tc1*, bien que surtout étudiée chez *Anopheles stephensis* et *gambiae*, produit des composés bioactifs tels que l'harmane, susceptibles d'influencer les infections virales (15).

Bien que *Wolbachia* ait été largement étudiée, d'autres symbiotes de moustiques, comme *Delftia tsuruhatensis* et *Chromobacterium sp.*, restent presque inexplorés, et leurs mécanismes moléculaires et immunitaires dans la modulation du virus de la dengue (DENV) sont encore largement méconnus, révélant un manque de connaissances dans notre compréhension des interactions hôte-symbiote-virus. (3,12). Les approches de transcriptomique à haut débit (RNA-seq) offrent la possibilité d'explorer globalement les gènes et voies impliqués dans ces interactions (6,16,17). Ces interactions englobent l'ensemble des effets que ces bactéries peuvent exercer sur le moustique *Aedes aegypti*, depuis son métabolisme et sa physiologie jusqu'à sa capacité à héberger et à transmettre le virus.

Cette revue systématique de la littérature a pour objectif de synthétiser l'état actuel des connaissances sur les interactions entre le microbiote intestinal d'*Aedes aegypti*, son système immunitaire inné et la transmission du virus de la dengue. Cette revue systématique de la littérature permettra de synthétiser les connaissances actuelles sur les interactions entre *Aedes aegypti*, le virus de la dengue (DENV) et les bactéries symbiotiques, et d'évaluer le potentiel d'une approche combinée utilisant *Delftia tsuruhatensis* TC1 et *Chromobacterium sp.*

pour le contrôle des vecteurs, afin d'identifier des symbiotes et des mécanismes susceptibles d'être exploités dans le développement de stratégies de lutte antivectorielle innovantes. Cette préoccupation présente un intérêt particulier pour l'Afrique de l'Ouest, notamment le Burkina Faso, durement touché par l'épidémie de dengue de 2023, la plus importante jamais enregistrée sur le continent, avec plus de 154 000 cas suspects et 709 décès (18-19).

## **I. Matériel et Méthodes**

### **1.1. Stratégie de recherche de données**

Cette revue systématique de littérature a été réalisée en octobre 2025. La recherche bibliographique a été conduite sur les bases de données scientifiques suivantes, notamment Pub Med, et Google Scholar, afin d'identifier tous les articles publiés en français ou en anglais portant sur les interactions tripartites entre *Aedes aegypti*, le virus de la dengue et les bactéries symbiotiques, en particulier les genres *Delftia* et *Chromobacterium*. La démarche a suivi les recommandations PRISMA(20), pour la conduite et le rapport des revues systématiques. Les mots clés définis étaient: ((((*Aedes aegypti* mosquito) AND (interaction)) AND (Dengue virus)) AND (symbiotic)) OR (*Delftia TCI*) OR (*Chromobacterium sp.*) Les publications pertinentes ont été examinées en tenant compte de leur pertinence scientifique et de leur contribution à l'état des connaissances sur ces interactions bactéries–moustiques–virus, ainsi que des perspectives qu'elles ouvrent pour la recherche et le contrôle biologique.

### **1.2. Critères d'inclusion et de non-exclusion**

Ont été inclus dans cette revue l'ensemble des articles scientifiques originaux et des revues systématiques de littérature portant sur les interactions entre *Aedes aegypti*, le virus de la dengue et les bactéries symbiotiques, notamment *Delftia tsuruhatensis* et *Chromobacterium sp.* De plus, les études impliquant d'autres espèces de moustiques naturellement ou expérimentalement infectées par ces bactéries ont également été considérées lorsqu'elles apportaient des informations jugées pertinentes pour la compréhension des mécanismes immunitaires ou antiviraux. Les publications sélectionnées couvraient la période Du 1<sup>er</sup> janvier 2012 au 20 octobre 2025 et incluaient les travaux menés en laboratoire ou en conditions naturelles. En revanche, n'ont pas été retenus les articles non accessibles en texte intégral, ainsi que les publications jugées inexploitable en raison de résumés

incomplets, de données manquantes ou d'une méthodologie insuffisamment détaillée.

### 1.3. Procédure de collecte des données

Les recherches effectuées sur Pub Med et Google Scholar ont permis d'exporter les références dans le logiciel de gestion bibliographique Zotero. Les données extraites ont ensuite été compilées dans des feuilles Excel selon les critères d'éligibilité définis. Nous avons sélectionné les articles pertinents de manière systématique, en appliquant les critères d'inclusion et d'exclusion pour garantir la cohérence du processus. Les doublons ont été identifiés et supprimés avant l'analyse finale.

### 1.4. Analyse des données

Les données collectées ont été saisies et analysées à l'aide du logiciel Microsoft Excel 2016. Les informations pertinentes (année de publication, origine géographique, espèce de moustique, espèce de bactérie, effets observés, réponse immunitaire et mécanismes proposés) ont été extraites et synthétisées sous forme de tableaux analytiques afin de faciliter l'interprétation et la comparaison des résultats entre études.

## II. Résultats

### 2.1. Recherche bibliographique

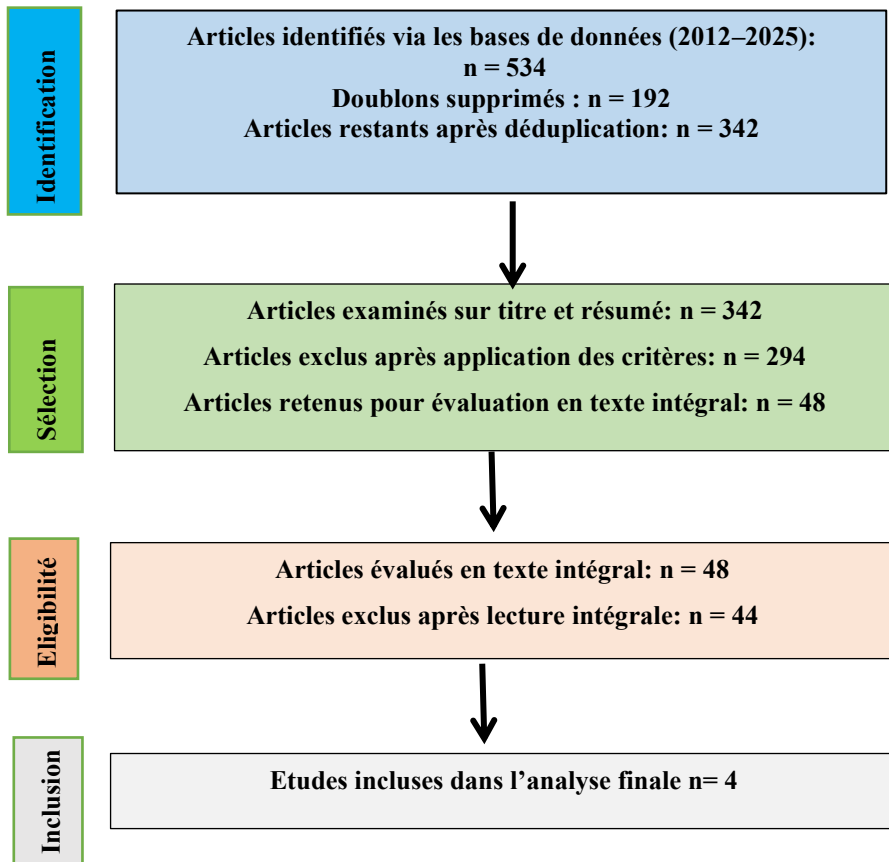
La recherche documentaire a permis d'identifier 534 articles publiés entre 2012 et 2025. Après suppression de 192 doublons, 342 articles ont été soumis au dépistage sur la base du titre et résumé. À ce stade, 294 articles ont été exclus sur la base des critères d'inclusion et de non-inclusion. Les 48 articles restants ont été évalués en texte intégral, et 44 ont été écartés après lecture intégrale pour diverses raisons (type d'étude, population non pertinente, données incomplètes). Finalement, quatre études ont été retenues pour l'analyse.

### 2.2. Répartition des articles inclus dans la revue

La répartition géographique des études retenues est présentée dans le Tableau I. Les travaux proviennent majoritairement des États-Unis (2 études), suivis du Burkina Faso et de Singapour (1 étude chacun).

**Tableau I :** Répartition géographique des articles retenus et auteurs associés.

Pays	Auteurs	Nombre d'articles
Etats-Unis	Ramirez et al. 2014, Saraiva et al. 2018	2
Burkina	Huang et al. 2023	1
Singapour	Engdahl al.2023	1



**Figure 1** : Diagramme de flux de sélection des articles

### 2.3. Effets antiviraux de *Chromobacterium sp* et de *Delftia* sur les pathogènes chez les moustiques vecteurs

Les données concernant la co-infection *Chromobacterium sp* –*Delftia tsuruhatensis* chez les moustiques restent limitées. Cependant, les études disponibles montrent que les souches de *Chromobacterium sp*, notamment *Chromobacterium sp panama*, réduisent significativement la prévalence et la charge virale du DENV, et parfois du virus Zika (ZIKV) ou du virus du Chikungunya (CHIKV), chez *Aedes aegypti*, *Anopheles gambiae* et *Anopheles stephensis*. Ces effets combinent la modulation de la réponse immunitaire du moustique (activation des voies Toll/Imd, production accrue de peptides antimicrobiens et de espèces réactives de l’oxygène (ROS)) et une action directe via des

métabolites antiviraux et des enzymes protéolytiques. Ces observations suggèrent une stabilité de l'effet antiviral au fil des générations et ouvrent des perspectives pour des stratégies de biocontrôle, notamment en association avec la bactérie du genre *Wolbachia*, pour renforcer le blocage de la transmission virale (Tableau II).

**Tableau II :** Résumé des effets antiviraux de *Chromobacterium* sp et de *Delftia tsuruhatensis* sur les pathogènes chez les moustiques vecteurs *Toll* (allemand « étonnant ») ; **Imd** (Immune deficiency) ; **ROS** (Reactive Oxygen Species) ; ↑ augmentation/activation ; ↓ diminution/inhibition.

Espèce de moustique	Souche de <i>Chromobacterium</i>	Méthode d'exposition	Effet sur le virus	Réponse immunitaire moustique	Autres observations	Auteurs
<i>Ae. aegypti</i> et <i>An. gambiae</i>	<i>Chromobacterium</i> sp. Csp_P (isolée de l'intestin de <i>Aedes aegypti</i> )	Repas sucré contenant la bactérie vivante	Réduction ↓ de l'Infection et réplication du DENV-2 dans l'intestin et les glandes salivaires	Activation de gènes Cec1), induction de Toll/Imd-like, augmentation de la production de ROS	Production des métabolites antiviraux et antiparasitaires contre DENV-2 et <i>Plasmodium falciparum</i>	Ramirez et al., 2014
<i>Ae. aegypti</i>	<i>Chromobacterium</i> sp. (Csp_P et autres isolats tropicaux, isolés chez <i>Aedes</i> spp)	Colonisation intestinale naturelle ou artificielle	↓ Réduction de la charge virale de DENV-2 et ZIKV	↑ Expression de gènes AMPs, stimulation ROS	Effet antiviral partiellement dépendant de la viabilité bactérienne	Saraiva RG et al., 2018
<i>Ae. aegypti</i>	Biopesticide à base de <i>Chromobacterium</i> sp. (formulation dérivée de Csp_P)	Exposition larvaire et adulte, sur plusieurs générations	Sans effet sur DENV observé après exposition chronique	Pas de suppression immunitaire ; réponse immunitaire stable au fil des générations	Indique faible risque de résistance ou de compensation du moustique	Engdahl et al., 2023.
<i>An. Stephensis</i> et <i>An. gambiae</i>	<i>Delftia tsuruhatensis</i> TCI isolée à partir de colonies <i>An. Stephensis</i> et <i>An. Gambiae</i> .	Repas sucré contenant la bactérie vivante	Inhibition développement de <i>Plasmodium</i>	La bactérie sécrète une molécule hydrophobe méthylée, l'harmane (β-carboline)		Huang et al., 2023

### III. Discussion

Les études recensées dans cette revue ont confirmé que certaines bactéries environnementales, telles que *Chromobacterium sp. panama* et *Delftia tcl*, peuvent jouer un rôle significatif dans la modulation de la compétence vectorielle des moustiques vis-à-vis du virus de la dengue. Bien que la majorité des études portant sur les interactions tripartites entre le moustique, le virus et le symbiote se soient principalement concentrées sur *Wolbachia*, les résultats récents ont mis en évidence le potentiel de ces bactéries symbiotes comme agents antiviraux naturels et candidats prometteurs pour de nouvelles approches de biocontrôle susceptibles de limiter la transmission des agents pathogènes transmis par les moustiques.

Les travaux de *Ramirez et al.* et *Saraiva et al.* (12-13) ont notamment démontré que *Chromobacterium sp. panama*, isolée du microbiote intestinal d'*Aedes aegypti*, réduisait significativement la réplication du DENV-2 dans les tissus du moustique *Aedes aegypti*, notamment au niveau de l'intestin et dans les glandes salivaires. L'activité antivirale de *Chromobacterium sp. panama* repose sur la production de métabolites antiviraux et la sécrétion synergique d'enzymes protéolytiques qui dégradent la protéine d'enveloppe virale (E), empêchant l'attachement du virus aux cellules hôtes. Cette inhibition s'accompagne d'une activation de voies immunitaires clés telles que Toll (allemand « étonnant ») ; Imd (Immune deficiency) entraînant une augmentation de la production de peptides antimicrobiens ainsi que d'espèces réactives de l'oxygène (ROS), qui contribuent au contrôle de l'infection. Ces résultats suggèrent que *Chromobacterium sp. panama* exercerait une double action, à la fois immunomodulatrice et métabolique, conférant au moustique une résistance accrue à la réplication du virus de la dengue. Les études menées avec *Delftia tsuruhatensis tcl*(15) montrent que cette bactérie sécrète l'harmane, une molécule hydrophobe de la famille des  $\beta$ -carboline, capable d'inhiber le développement de *Plasmodium* chez *Anopheles*. Bien que son effet direct sur le DENV n'ait pas encore été formellement démontré, la similitude des mécanismes de régulation immunitaire et de métabolisme des symbiotes pourrait indiquer un potentiel antiviral comparable, ouvrant ainsi de nouvelles pistes de recherche sur l'utilisation combinée de symbiotes pour limiter la réplication et la transmission de ce pathogène.

L'un des éléments mis en évidence par cette revue est la stabilité des effets antiviraux de *Chromobacterium sp* au fil des générations, observée dans les essais de biocontrôle à long terme (14). Cette stabilité, associée à la reconnaissance de la bactérie par l'hôte, renforce l'intérêt de cette bactérie comme outil de lutte biologique durable, avec un risque limité de développement de résistance chez *Aedes aegypti*. Ces observations pourraient inspirer de futures stratégies intégrées associant *Chromobacterium sp.* à *Delftia tsuruhatensis tc1*, à *Wolbachia* ou à d'autres symbiotes bénéfiques pour renforcer le blocage de la transmission virale.

Cependant, malgré ces observations encourageantes, plusieurs limites subsistent. Le nombre d'études disponibles demeurerait faible, et la majorité des travaux reposait sur des observations en laboratoire, souvent limitées à un petit nombre de souches bactériennes et de générations de moustiques. De plus, les effets potentiels des conditions environnementales, de la diversité du microbiote naturel et des interactions inter-symbiotiques restent encore peu explorés. Des analyses transcriptomiques et métabolomiques approfondies, associées à des essais en conditions semi-naturelles, étaient nécessaires pour élucider les mécanismes moléculaires précis impliqués et évaluer la durabilité de ces interactions dans des contextes écologiques variés.

Enfin, dans un contexte africain marqué par la réémergence/émergence de la dengue, comme l'a illustré l'épidémie de 2023 au Burkina Faso, l'étude de ces symbiotes endogènes représentaient une voie innovante et réaliste additionnelle pour les stratégies actuelles de lutte antivectorielle. L'intégration de *Chromobacterium sp* et *Delftia tsuruhatensis tc1* dans des approches de type « biocontrôle symbiotique » pourrait non seulement réduire la transmission du DENV, mais également contribuer à une meilleure compréhension des dynamiques microbiennes régissant la compétence vectorielle des moustiques africains.

## Conclusion

Cette revue a mis en évidence le rôle émergent de bactéries environnementales telles que *Chromobacterium sp.* et *Delftia tsuruhatensis tc1* dans la modulation de la compétence vectorielle d'*Aedes aegypti* vis-à-vis du virus de la dengue (DENV-2). Les travaux existants ont démontré la capacité des deux bactéries à induire une réponse immunitaire antivirale robuste chez le moustique (*Ae. Aegypti*, *An. Gambiae* et *An. Stephensis*) via l'activation des voies *Toll* et *Imd* et la production de métabolites bioactifs à effet direct sur la réplication

virale. Bien que les données disponibles demeurent limitées, ces observations suggèrent que ces deux bactéries pourraient constituer une alternative ou un complément durable aux stratégies actuelles de biocontrôle basées sur *Wolbachia* pour limiter la transmission de la dengue par *Aedes aegypti*. Une compréhension approfondie des interactions tripartites moustique–virus–symbiote pourrait ainsi ouvrir de nouvelles perspectives pour le développement de stratégies ciblées.

## Remerciements

Cette étude est financée par la subvention African Research Initiative for Scientific Excellence (ARISE) (référence : ARISE-PP-143) attribuée au Dr Etienne Bilgo. Le programme ARISE est financé par l'Union européenne et mis en œuvre par l'Académie africaine des sciences, en partenariat avec la Commission de l'Union africaine et la Commission européenne.

## Contribution des auteurs

IMS et EB ont conçu et élaboré l'étude. IMS a assuré la mise en œuvre de l'étude et rédigé la première version du manuscrit. MN, AD et EB ont relu, corrigé et validé la version finale du manuscrit. Tous les auteurs ont lu et approuvé la version finale du manuscrit.

## Références bibliographiques

1. Bhatt S, Gething PW, Brady OJ, Messina JP, Farlow AW, Moyes CL, *et al.* The global distribution and burden of dengue. *Nature*. 2013; 496(7446):504-7.
2. World Health Organization. Dengue and severe dengue. World Health Organization; 2023.
3. Bonizzoni M, Dunn WA, Campbell CL, Olson KE, Marinotti O, James AA. Complex modulation of the *Aedes aegypti* transcriptome in response to dengue virus infection. *PLoS One*. 2012, 7(11): e50512.
4. Matthews BJ, Dudchenko O, Kingan SB, Koren S, Antoshechkin I, Crawford JE, *et al.* Improved reference genome of *Aedes aegypti* informs arbovirus vector control. *Nature*. 2018;563(7732):501-7.
5. Xi Z, Ramirez JL, Dimopoulos G. The *Aedes aegypti* toll pathway controls dengue virus infection. *PLoS Pathog*; 2008;4 (7):e1000098.
6. Jupatanakul N, Sim S, Angleró-Rodríguez YI, Souza-Neto J, Das S, Poti KE, *et al.* Engineered *Aedes aegypti* JAK/STAT Pathway-

Mediated Immunity to Dengue Virus. *PLOS Neglected Tropical Diseases*. 2017;11(1): e0005187.

7. Lim AY, Jafari Y, Caldwell JM, Clapham HE, Gaythorpe KAM, Hussain-Alkhateeb L, *et al*. A systematic review of the data, methods and environmental covariates used to map *Aedes*-borne arbovirus transmission risk. *BMC Infectious Diseases*. 2023;23(1):708.

8. Scolari F, Casiraghi M, Bonizzoni M. *Aedes* spp. and Their Microbiota: A Review. *Front Microbiol*. 2019;10:2036.

9. Dennison NJ, Jupatanakul N, Dimopoulos G. The microbiome and mosquito vectorial capacity: rich potential for discovery and translation. *Curr Opin Insect Sci*. 2014;3:77-84.

10. Azevedo MIG, Oliveira ST, Silva CFB, Carneiro RF, Nagano CS, Gadelha ACS, *et al*. Secretory production in *Escherichia coli* of a GH46 chitosanase from *Chromobacterium violaceum*, suitable to generate antifungal chitoooligosaccharides. *Int J Biol Macromol*. 2020;165(Pt A):1482-95.

11. Coon KL, Brown MR, Strand MR. The mosquito *Aedes aegypti* requires a gut microbiota for normal fecundity, longevity and vector competence. *Commun Biol*. 2023;6:1123.

12. Ramirez JL, Short SM, Bahia AC, Saraiva RG, Dong Y, Kang S, *et al*. *Chromobacterium Csp\_P* reduces malaria and dengue infection in vector mosquitoes. *PLoS Pathog*. 2014;10(10):e1004398

13. Saraiva RG, Fang J, Kang S, Angleró-Rodríguez YI, Dong Y, Dimopoulos G. Aminopeptidase secreted by *Chromobacterium sp.* Panama inhibits dengue virus infection by degrading the E protein. *PLoS Negl Trop* 2018;12 (4):e0006443.

14. Engdahl CS, Caragata EP, Tavadia M, Dimopoulos G. *Chromobacterium* Biopesticide Exposure Does Not Select for Resistance in *Aedes* Mosquitoes. *mBio*. 2023;14 (2):e0048023.

15. Huang W, Rodrigues J, Bilgo E, Tormo JR, Challenger JD, De Cozar-Gallardo C, *et al*. *Delftia tsuruhatensis* TC1 symbiont suppresses malaria transmission by anopheline mosquitoes. *Science*. 2023;381(6657):533-40.

16. Seq Matic. Single-cell RNA sequencing services. *Internet*. 2025. Disponible sur : <https://www.seqmatic.com/services/singlea>

17. Dobin A, Davis CA, Schlesinger F, Drenkow J, Zaleski C, Jha S, *et al*. STAR: ultrafast universal RNA-seq aligner. *Bioinformatics*. 2013;29(1):15-21.

18. Journal Impact. *Frontiers in Tropical Diseases* impact factor. Internet. 2025. Disponible sur : <https://journalimpact.org/score.php?q=Frontiers%20in%20Tropical%20Diseases>
19. Romanello M, Napoli C di, Green C, Kennard H, Lampard P, Scamman D, *et al.* The 2023 report of the Lancet Countdown on health and climate change: the imperative for a health-centred response in a world facing irreversible harms. *Lancet*. 2023;402(10419):2346-94.
20. Page MJ, McKenzie JE, Bossuyt PM, Boutron I, Hoffmann TC, Mulrow CD, *et al.* PRISMA 2020 explanation and elaboration: updated guidance and exemplars for reporting systematic reviews. *BMJ*. 2021;372:n160.
21. Love, M.I., Huber, W., & Anders, S. Moderated estimation of fold change and dispersion for RNA-seq data with DESeq. *Genome Biology*, 2014;15(12), 550.