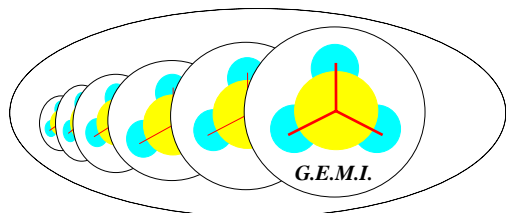


Laboratoire Génétique et évolution des maladies infectieuses

(CNRS - IRD)

Sommaire

- **Présentation générale du laboratoire**
- **Structures génétiques et adaptations dans les systèmes symbiotiques**
- **Organismes « parasitiquement » modifiés**
- **Dynamiques des systèmes et maladies infectieuses**
- **Etude des pathogènes et des hôtes vers une approche intégrative**
- **Evolution théorique et expérimentale**



Laboratoire Génétique et évolution des maladies infectieuses

L'unité mixte de recherche CNRS – IRD Génétique et évolution des maladies infectieuses (GEMI) développe des recherches sur la biologie évolutive des maladies transmissibles, la génétique et la dynamique des populations et les dialogues/conflits moléculaires entre hôtes et pathogènes. Son but : accroître les connaissances fondamentales sur la biologie des organismes impliqués (agents pathogènes, hôtes - principalement l'homme - vecteurs et réservoirs), et sur les modalités qualitatives et quantitatives de transmission de ces maladies. Les recherches développées par le laboratoire vont de la biologie moléculaire à la modélisation mathématique en passant par l'évolution expérimentale et l'analyse spatio-temporelle de terrain. Bien que des recherches très fondamentales soient menées au GEMI, le souci constant est de développer des outils opérationnels susceptibles d'être utilisés par des chercheurs de terrain ou des professionnels de la santé. Les chercheurs du GEMI s'intéressent potentiellement à toute pathologie infectieuse, que l'agent infectieux soit viral, bactérien, parasitaire ou fongique.

Principalement implantée à l'IRD de Montpellier, l'unité est également présente dans les centres IRD de Cayenne en Guyane et de Bangkok en Thaïlande.

Collaborations

Les 6 équipes du GEMI comprennent 45 personnes (dont 17 chercheurs IRD et CNRS, 1 enseignant-chercheur de l'Université Montpellier II, 2 chercheurs sous contrat ou en accueil, 13 agents administratifs et 12 doctorants). Elles ont développé un très grand nombre de collaborations extérieures, aussi bien au nord qu'au sud.

En zone sud, divers projets sont développés avec l'Amérique latine sur les leishmanioses et la maladie de Chagas, principalement en Bolivie, au Venezuela, en Argentine et au Brésil. Des collaborations existent également avec plusieurs pays d'Afrique, notamment le Sénégal et le Burkina Faso, et d'Asie, en particulier la Thaïlande.

Un programme trans-régional amazonien financé par *la National Science Foundation* est en cours de développement associant des partenaires du Brésil, du Venezuela et du Pérou, et incluant les recherches déjà menées par l'équipe en Guyane française.

Principaux partenaires

Au nord, le GEMI a établi depuis 10 ans une collaboration productive avec les Centers for Disease Control (CDC) d'Atlanta. L'Unité collabore avec des Universités situées dans l'Hexagone, mais également avec des structures scientifiques universitaires du sud et du nord comme : Athens, Madison, Maryland, Pennsylvannie, Irvine aux Etats-Unis, Cambridge, Oxford, Edimbourg, Leeds au Royaume-Uni, Queen's University au Canada, Lausanne en Suisse, Moscou en Russie, Kosice en Slovaquie, Belem (Fiocruz et université fédérale) au Brésil, Otago en Nouvelle Zélande, Sevilla en Espagne, Copenhague au Danemark, Rome en Italie.

Le GEMI appartient à l'Institut fédératif de recherche « Biodiversité continentale méditerranéenne et tropicale » du ministère de la recherche dirigé par Nicole Pasteur.

Au cours des 5 dernières années (2001-2005), le GEMI a publié 318 articles dans des revues internationales, dont 16 dans des revues comme *Nature* (4), *Science* (1), *PNAS* (6), *PloS (Biology, Medicine)* (2), *The Lancet* (1) et *Current Biology* (2). Au cours de ces mêmes années, 18 doctorants ont soutenu leur thèse avec succès au sein du GEMI.

Contact direction du laboratoire GEMI : François Renaud, Francois.Renaud@mpl.ird.fr
Secrétariat : Nadine Maury, T 04 67 41 61 97

Pour en savoir plus : <http://gemi.mpl.ird.fr/>

Lire l'article du Journal du CNRS sur le GEMI :
Repenser la lutte contre les parasites- N°193 – février 2006 :
<http://www2.cnrs.fr/presse/journal/2661.htm>

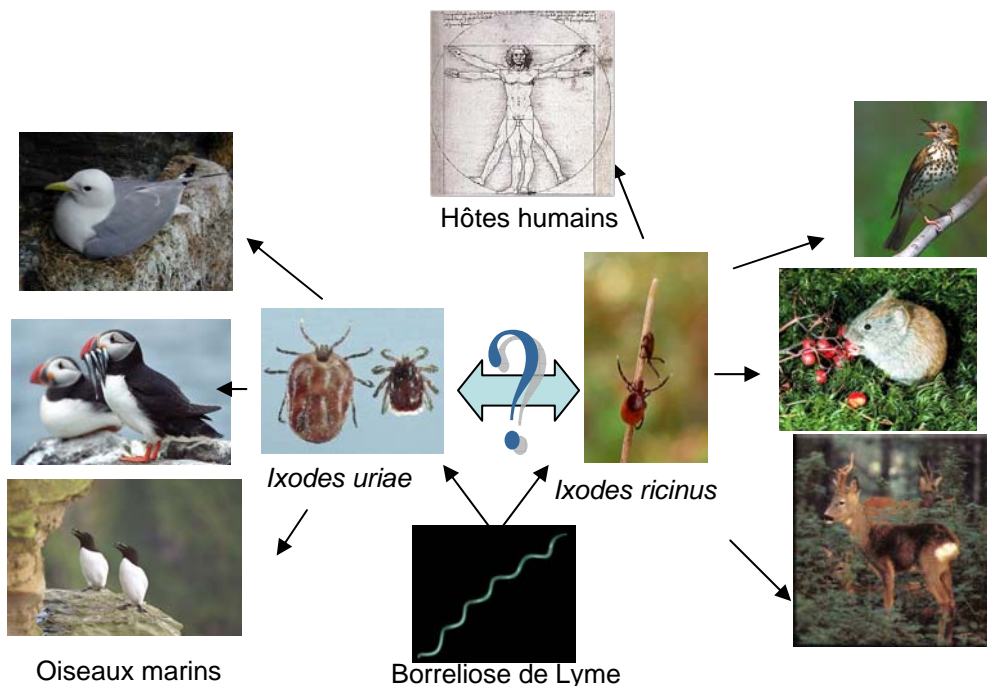
Structures génétiques et adaptations dans les systèmes symbiotiques

Les parasites représentent une part importante du vivant. Le fonctionnement de ces populations demeure cependant largement méconnu en raison des difficultés d'observations directes et de la complexité des interactions en jeu, en particulier quand le parasite se trouve lui-même être un vecteur de pathogènes (comme les moustiques qui transmettent la malaria). Comprendre le fonctionnement des populations de parasites, de leurs hôtes et leur biodiversité représente un défi très important tant du point de vue appliqué, car cela peut permettre de mieux appréhender l'épidémiologie de maladies d'importance médicale et/ou économique, que du point de vue fondamental. Les parasites représentent des modèles particulièrement pertinents pour appréhender les problèmes d'adaptations en environnements variables et d'évolution de la spécialisation (spécificité vis à vis de l'espèce hôte) et des conséquences de ces caractéristiques sur l'évolution de la virulence du parasite et/ou de la résistance de l'hôte.

Les principaux programmes de recherches de l'équipe :

Le système Tique-Vertébrés-Maladie de Lyme

Les chercheurs analysent la diversité des tiques *Ixodes uriae* (tique d'oiseaux marins) et *Ixodes ricinus* (tique de vertébrés terrestres), de la maladie de Lyme (bactérie spirochète du genre *Borrelia*) et des hôtes vertébrés à qui elles transmettent cette maladie. Ils étudient également l'adaptation des tiques à différents hôtes (on parle de spécificité), et cherchent à comprendre comment apparaissent ces spécialisations et à quelle fréquence. Les conséquences de cette spécificité sur l'évolution des pathogènes transmis sont également analysées.

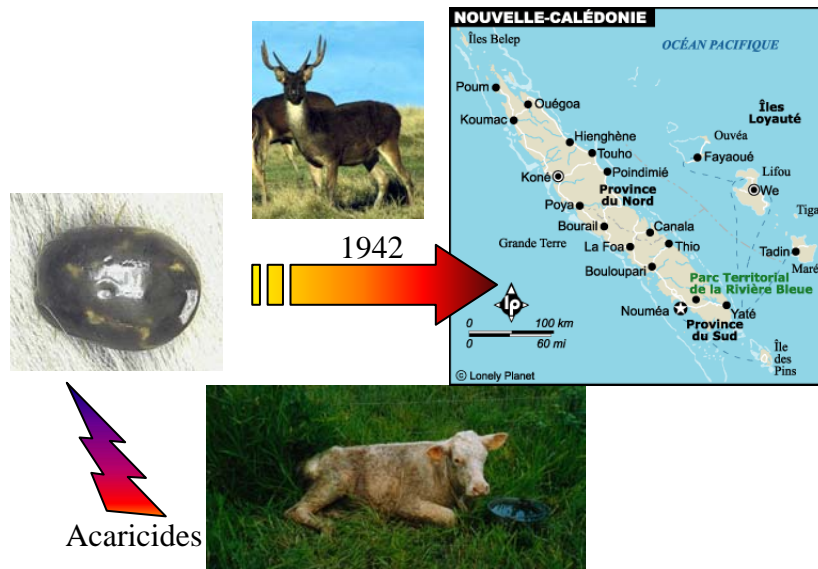


Ixodes uriae parasite les oiseaux marins vis-à-vis desquels elle tend à se spécialiser. *Ixodes ricinus* ne semble pas se spécialiser autant vis-à-vis de ses hôtes terrestres (peu ou pas de spécificité). Ces deux espèces de tiques transmettent la maladie de Lyme à leurs hôtes vertébrés mais, sauf exception, seule *Ixodes ricinus* la transmet à l'homme. Les connections entre cycles terrestre et marin de la maladie restent mystérieuses.

Contacts : Karen McCoy, T 04 67 41 62 32, Karen.mccoy@mpl.ird.fr
Thierry de Meeûs, T 04 67 41 63 10, demeeus@mpl.ird.fr

Evolution de la tique tropicale du bétail face à une diversité d'hôtes et de pesticides

La tique du bétail *Boophilus microplus* a envahi la Nouvelle Calédonie en 1942. La pullulation de ce parasite rend les traitements acaricides indispensables à la santé du cheptel bovin, les vaches hyper infestées étant dans un grand état d'épuisement (voir photo). Cette tique a rapidement évolué vers une résistance accrue aux acaricides et s'adapte à un nouvel hôte, le cerf rusa, lui-même envahissant sur l'île et non traité aux acaricides.



Contacts : Christine Chevillon, T 04 67 41 63 10, chevillo@mpl.ird.fr
Thierry de Meeûs, T 04 67 41 63 10, demeeus@mpl.ird.fr

Les virus de la dengue et leurs moustiques vecteurs

Il existe quatre espèces de virus de la dengue. Les chercheurs analysent la diversité chez chacune d'elles et chez leurs moustiques vecteurs, dans le Bassin amazonien, les Antilles et la Thaïlande. Ils étudient les différentes formes cliniques de la maladie (asymptomatique, grippale, hémorragique ou choc mortel) et analysent quelles variations sont corrélées aux pics épidémiques (transmission à l'homme).

Contact : Christine Chevillon, T 04 67 41 63 10, chevillo@mpl.ird.fr

Les modèles *Plasmodium falciparum* et *Plasmodium vivax*, agents de la malaria

La diversité génétique des différents agents de la malaria (*Plasmodium*) et de leurs moustiques vecteurs est analysée en Afrique, en Asie et en Amérique. En Afrique, pour *Plasmodium falciparum*, les recherches sont faites sur des antigènes reconnus par les défenses de l'hôte ou sur les gènes de résistance à la chloroquine, le médicament anti-malaria.

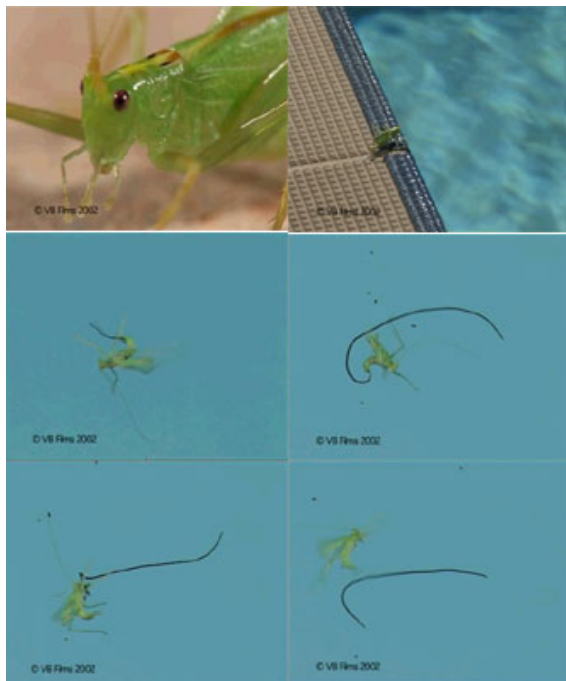
Contacts : Patrick Durand, T 04 67 41 63 33, patrick.durand@mpl.ird.fr
Franck Prugnolle, T 04 67 41 63 10, prugnoll@mpl.ird.fr
François Renaud, T 04 67 41 62 53, renaud@mpl.ird.fr

L'équipe Organismes « parasitiquement » modifiés s'intéresse à l'influence du parasitisme sur le monde libre (individus, populations, communautés, écosystèmes...) à travers la manipulation parasitaire et l'étude des conséquences écologiques et évolutives du parasitisme dans les écosystèmes.

La manipulation parasitaire

Quelle est la diversité des molécules de la manipulation parasitaire ? Comment ces molécules agissent-elles sur les hôtes ? Comment évoluent-elles en fonction des contextes phylogénétiques et écologiques ? Pour répondre à ces questions, les chercheurs font appel à des compétences variées, à l'interface de plusieurs disciplines : écologie comportementale, biologie évolutive, neurobiologie, biochimie, physiologie et biologie moléculaire. Outre leur intérêt fondamental, ces recherches permettent d'améliorer les connaissances sur la dynamique de transmission de certaines maladies touchant l'homme (maladie du sommeil, malaria).

L'exemple du ver qui pousse son hôte à se suicider en se jetant à l'eau



© CNRS Photothèque/VB Films / THOMAS Frédéric,
BIRON D.G, PONTON Fleur



© F.Thomas/CNRS-IRD

Les nématomorphes sont un groupe de vers parasites largement répartis sur la planète. Au stade larvaire, ce sont des parasites internes d'arthropodes terrestres comme les orthoptères (grillons, sauterelles). Quand ils passent du stade larvaire au stade adulte, ces parasites obligent leur hôte à se « suicider » en se jetant à l'eau. Les chercheurs du GEMI ont mis en évidence le dialogue moléculaire qui s'instaure entre le parasite et son hôte avant, pendant et après le « suicide » de l'insecte.

Récemment, les chercheurs ont étudié ce qu'il advenait des vers parasites lorsque l'insecte suicidaire était ingéré par un prédateur aquatique. Ils ont montré que le ver était capable, dans les minutes qui suivent l'évènement de prédation, de s'extirper du cadavre de l'insecte, de remonter le tube digestif du prédateur et de prendre la fuite par la première issue de secours : la bouche mais aussi la branchie ou la narine. Cette adaptation anti-prédation est unique chez les parasites.

Pour en savoir plus : lire les communiqués de presse sur ces travaux

Parasitisme : Une nouvelle stratégie pour échapper à la prédation de son hôte – 6 avril 2006 : <http://www2.cnrs.fr/presse/communique/845.htm>

Des vers qui parasitent les sauterelles et les poussent à se suicider – 2 septembre 2005 : <http://www2.cnrs.fr/presse/communique/733.htm>

Les conséquences écologiques et évolutives du parasitisme dans les écosystèmes

Pratiquement tous les écosystèmes de la planète subissent, à des degrés divers, les conséquences d'activités humaines. Il apparaît donc crucial d'améliorer la compréhension des interactions entre activités humaines, parasitisme et biodiversité. Les chercheurs souhaitent apporter des informations nouvelles pour une meilleure intégration de la composante parasitaire dans les programmes de conservation de la biodiversité dans les écosystèmes modifiés. Ils veulent également poser les bases fondatrices d'une discipline en plein essor, l'écologie de la santé.

Des recherches fondamentales visent ainsi à mieux comprendre le rôle des parasites dans le fonctionnement des écosystèmes. Dans un objectif plus appliqué, des travaux analysent l'influence des modes de gestion (usages agricoles, marais de chasse, réserves naturelles...) sur la dynamique de la biodiversité au travers de l'action sous-jacente des parasites et des pathogènes.

Contact : Frédéric Thomas, T 04 67 41 63 18, fthomas@mpl.ird.fr

Dynamiques des systèmes et maladies infectieuses

L'équipe Dynamiques des systèmes et maladies infectieuses (DySMI) intègre des approches écologiques et évolutives pour comprendre **comment les maladies infectieuses et parasitaires interagissent avec leur environnement, y compris les diversités d'hôtes vecteurs et réservoirs, à différents niveaux d'échelles et d'organisation, et pourquoi et comment les agents pathogènes (ré)émergent et diffusent dans les populations d'hôtes**. Les recherches mettent particulièrement l'accent sur la diffusion spatio-temporelle des agents pathogènes en systèmes fragmentés (réseaux hydrographiques, îlots forestiers, systèmes urbains et ruraux,...), et visent à apporter des éléments de connaissance sur les facteurs d'émergences de zoonoses, ainsi que sur des stratégies optimales de lutte et de contrôle des maladies infectieuses et parasitaires.

Les travaux de nature transdisciplinaire associent des recherches sur le terrain en France, en Amérique du Sud (Guyane, Brésil, Surinam, Pérou, Colombie), et en Afrique de l'Ouest (Sénégal) et du Nord (Maroc, Egypte) avec des approches empiriques (analyses de données) et plus théoriques (modélisation statistique et mathématique, génétique des populations en épidémiologie) pour comprendre la circulation d'agents pathogènes dans les populations d'hôtes.

L'équipe DySMI est à l'initiative des observatoires de surveillance sur le paludisme en Guyane française, et contribue actuellement au développement d'une approche similaire en Asie du Sud-Est (Thaïlande) dans un but ultérieur comparatif. Si une interaction existe déjà entre approche moléculaire et dynamique spatiale pour l'étude du virus de West Nile dans l'équipe actuelle, un effort important sera consenti au cours du plan quadriennal pour un rapprochement entre génétique moléculaire et des populations, et dynamique des populations d'agents infectieux ou parasitaires sur différents modèles : ulcère de Buruli, dengues, paludisme, choléra, et gripes aviaires, dans une perspective de développement d'une épidémiologie quantitative et intégrative, héritée de l'écologie et de la génétique populationnelles.

Les recherches développées tournent autour de 3 questions principales en épidémiologie des maladies infectieuses et parasitaires :

- Quels sont les mécanismes permettant d'expliquer la persistance d'agents microbiens ou parasitaires dans l'environnement ?
- Comment un agent infectieux diffuse-t-il dans et entre les populations animales ou humaines, et comment l'infection par un agent pathogène peut-elle avoir des répercussions sur la susceptibilité individuelle à d'autres agents microbiens ?
- Quelles sont alors les conséquences sur les dynamiques épidémiques d'autres agents ?
- Quelles peuvent être, en regard de ces connaissances, les conséquences des interventions humaines tant dans l'utilisation de la vaccination que de la modification des écosystèmes sur les dynamiques de transmission ?

Pour en savoir plus :

Lire l'article du Journal du CNRS sur le projet Eremiba lancé en Guyane pour tester les relations de causes à effets entre déforestation et ré-émergence de paludismes.

Eremiba – Des arbres contre le paludisme – N°194 mars 2006 :

<http://www2.cnrs.fr/presse/journal/2699.htm>

Contact : Jean-Francois Guégan, T 04 67 41 62 05, guegan@mpl.ird.fr

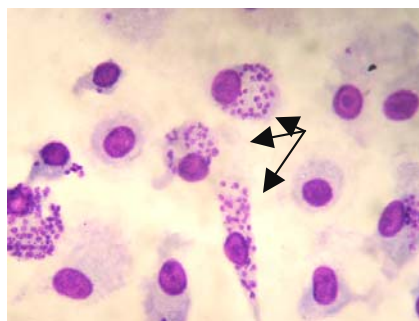
Etude des pathogènes et des hôtes vers une approche intégrative

Les maladies infectieuses peuvent être considérées comme des systèmes complexes dans lesquels divers paramètres agissent et interagissent : les vecteurs (pour les maladies à vecteurs), l'environnement, les réservoirs, les hôtes et les pathogènes. L'expression de la maladie chez l'homme est la résultante de tous ces paramètres. Etudier de manière isolée un seul d'entre eux serait restrictif, même si c'est indispensable pour progresser en génétique humaine, génétique des vecteurs ou des pathogènes, etc... L'approche des chercheurs est donc multidisciplinaire et se fixe comme objectif l'identification des paramètres impliqués dans le risque sur la santé humaine, et leurs interactions. Elle est réalisée au niveau des foyers de transmission, et au niveau génomique et expérimental. Deux types de maladies infectieuses sont étudiés : les leishmanioses et la tuberculose, qui représentent un problème de santé publique, en particulier dans les pays en développement.



©IRD-M. Hide

Le chien, réservoir potentiel de la leishmaniose humaine



©IRD B. Bucheton

Macrophages humains (cellules du système immunitaire) infectés par des Leishmania

Approche intégrée pour l'étude du fonctionnement des foyers de tuberculose et de leishmaniose

Biodiversité des foyers et impact sur la santé humaine

L'objectif est de comprendre la transmission, identifier les facteurs de risque et tenter de dégager les éléments gouvernant le maintien, l'émergence et la réémergence des foyers. Avec comme but final l'évaluation des impacts et des risques sur la santé humaine dans les différents foyers d'étude. Trois thèmes majeurs sont développés :

- * Etude intégrée de la leishmaniose au Sénégal et en Guyane : épidémiologie moléculaire et génétique des populations des pathogènes, des hôtes et des vecteurs.

- * Epidémiologie moléculaire de la tuberculose au Burkina Faso et à Montpellier (collaboration avec le laboratoire de bactériologie du CHU de Montpellier et le CHU de Bobo Dioulasso au Burkina Faso). Les données épidémiologiques et biologiques de chaque patient sont recueillies et analysées en synergie avec les données génétiques des agents pathogènes.

- * Rôle des hôtes asymptomatiques dans la transmission et le maintien de la leishmaniose : étude dans le sud de la France et en Espagne. Cette étude implique des collaborations avec les banques de sang des Baléares et de Montpellier.

Impact de l'anthropisation sur le fonctionnement des foyers de leishmaniose

Des analyses génétiques et épidémiologiques sont réalisées en Guyane, dans le Sud de la France, en Espagne et au Sénégal. Avec comme objectifs spécifiques :

- * la comparaison de la structure des populations des *Leishmania* en fonction de l'environnement (Guyane française/Sud de la France/Espagne/Sénégal) et des études moléculaires des souches isolées d'hommes, de réservoirs et des vecteurs,

- * l'étude épidémiologique des réservoirs et des hommes,

- * l'étude épidémiologique et génétique des populations des vecteurs,

- * l'évaluation de l'impact de l'anthropisation sur les foyers de leishmaniose en Guyane française et donc la comparaison des foyers en fonction du niveau d'activités anthropiques et les conséquences sur la santé humaine : forêt, zones de déforestation et zones périurbaines et zones totalement anthropisées.

Approche expérimentale multidisciplinaire pour l'étude génétique et phénotypique des hôtes et des pathogènes

Les paramètres génétiques et phénotypiques des hôtes et des pathogènes sont étudiés afin de mieux comprendre différents aspects des maladies infectieuses : leur transmission, l'expression clinique différentielle observée chez l'homme et le fonctionnement des foyers.

Analyser les gènes des agents pathogènes impliqués dans les phénomènes de pathogénicité permet d'expliquer la diversité épidémiologique et/ou la diversité clinique (épidémiogénicité, virulence, résistance, pathogénicité). Différentes approches moléculaires sont utilisées : étude du protéome, étude de la structure des populations naturelles, étude de gènes spécifiques impliqués dans des propriétés médicalement importantes ou dans les interactions hôtes/parasites.

Certaines **propriétés intrinsèques des hôtes** sont également analysées pour tenter d'**expliquer la susceptibilité aux maladies infectieuses** (notamment l'étude de la réponse du système immunitaire humain à l'infection).

Les chercheurs étudient également les **interactions intra et interspécifiques des pathogènes**. Ils analysent la nature des interactions qui s'établissent entre les différents génotypes de *Leishmania* (compétition, gènes favorisés, bases moléculaires des interactions, nature des interactions en fonction de la répartition géographique et du signe clinique engendré chez l'hôte vertébré ...). Ils étudient également les conséquences des interactions sur certaines caractéristiques biologiques de différentes familles de *M. tuberculosis* : cinétique de croissance, sensibilité et résistance. Ces études d'évolution expérimentale ont pour but final de mieux comprendre les caractéristiques spécifiques et différentielles de transmission des différentes familles de *M. tuberculosis*.

Contacts : Anne-Laure Bañuls, T 0467416180, banuls@mpl.ird.fr
Mallorie Hide, T 0467416180, hide@mpl.ird.fr
Bruno Bucheton, T 0467416180, bucheton@mpl.ird.fr
Sylvain Godreuil, T 0467416226, godreuil@mpl.ird.fr

Evolution théorique et expérimentale

Systemes expérimentaux

Deux systèmes expérimentaux sont utilisés pour aborder l'écologie et l'évolution des interactions hôtes parasites :

Interactions moustiques – microsporidies (organismes unicellulaires, obligatoirement parasites endocellulaires)

Deux espèces de moustiques servent de modèles. Les premiers sont les moustiques *Aedes aegypti*. A distribution tropicale, ce sont les vecteurs majeurs de la fièvre jaune et de la dengue ainsi que du virus du chikungunya, dans certaines régions. Les deuxièmes sont les moustiques *Culex pipiens*, rencontrés dans des zones plus tempérées, et vecteurs de plusieurs encéphalites virales comme le West Nile. Ils sont sujets à d'intenses traitements insecticides, notamment le long du littoral français. Ces modèles ont permis d'obtenir quelques résultats marquants :

- l'expression de la virulence des parasites, définie comme l'ensemble des effets négatifs occasionnés par les parasites sur leurs hôtes, est modulée par les conditions environnementales.
- les individus parasités sont moins bons compétiteurs que les individus non-infectés. Cette interaction du parasitisme avec la compétition génère un coût supplémentaire du parasitisme. Ce coût indirect dépend en plus de la fréquence des parasites, et est donc susceptible de varier dans l'espace et dans le temps.
- le parasitisme interagit avec la résistance aux insecticides. Les moustiques qui résistent aux insecticides réagissent différemment à l'infection par les microsporidies. Ces interactions ont le potentiel d'affecter la dynamique des gènes de résistance dans les populations naturelles.

Interactions entre le virus de la mosaïque du chou-fleur (CaMV) et ses plantes hôtes

Les chercheurs souhaitent comprendre l'évolution du mode de transmission du *Cauliflower mosaic virus* (CaMV) et d'autre part l'évolution génomique et phénotypique du virus à long terme dans différentes espèces de plantes hôtes (*Brassicaceae* et *Solanaceae*).

Dans un premier programme de recherche, les chercheurs souhaitent quantifier les réductions drastiques que subissent les populations de virus lors de leur transmission de plante en plante par les pucerons (on parle de "goulots d'étranglement"), les effets de ces goulots sur la valeur adaptative virale, et enfin le coût sélectif (pour le CaMV) de la production de l'une des protéines permettant la transmission.

Dans le deuxième programme de recherche, ils se servent du CaMV comme système modèle pour analyser l'architecture génétique des adaptations (caractérisation de la distribution des effets des mutations, de l'épistasie, des mutations permettant d'élargir la gamme d'hôtes). En parallèle, ils essaient de comprendre comment une lignée de virus ayant évolué dans les différentes conditions expérimentales modifie la physiologie de son hôte (transcriptome et protéome d'*Arabidopsis thaliana*). Ces travaux s'effectuent en étroite collaboration avec l'équipe CaGeTE (INRA, UMR 385) dirigée par Stéphane Blanc (T 04 99 62 48 04, blanc@ensam.inra.fr).

Modélisation de l'évolution des interactions hôtes – parasites

Coévolution hôtes – parasites et adaptation locale

La sélection naturelle permet aux populations de s'adapter aux conditions locales qui, en général, varient d'un site à l'autre. On parle alors d'adaptation locale. La dynamique de l'adaptation locale se complique dans un environnement qui est variable dans le temps. On évoque souvent « la reine rouge » de Lewis Carroll (qui conseille à Alice de courir très vite pour rester à la même place) pour illustrer le fait que la sélection naturelle doit être particulièrement efficace pour permettre à une population de rester adaptée à son environnement. La variabilité de l'environnement peut être engendrée par la coévolution entre les parasites et leurs hôtes. Dans ce contexte, quels sont les facteurs qui affectent le processus d'adaptation locale ? Les chercheurs développent des modèles mathématiques qui visent à mieux comprendre le rôle de paramètres démographiques (par exemple la migration relative des hôtes et des parasites) sur l'adaptation locale des parasites à leurs hôtes. Des collaborations internationales sont développées pour tester les prédictions sur différents systèmes expérimentaux.

Conséquences évolutives et épidémiologiques de la vaccination

L'évolution de la résistance aux antibiotiques chez les bactéries pathogènes est bien connue et pose de graves problèmes de santé publique et vétérinaire. L'utilisation de vaccins, peut aussi engendrer des phénomènes de résistance. Des souches de parasites permettant « d'échapper » à la reconnaissance par le système immunitaire peuvent émerger et éroder les bénéfices associés à une campagne de vaccination. Est-il possible de prédire les conséquences à court et long terme des futures campagnes de vaccination ? Les chercheurs développent des modèles mathématiques permettant de suivre à la fois la dynamique épidémiologique (le nombre de cas) et évolutive des parasites (par exemple, leur virulence) juste après une campagne de vaccination. Ces modèles ont permis d'identifier que certains types de vaccins pourraient avoir des conséquences désastreuses en sélectionnant des souches plus virulentes de parasites. Ce travail pourrait donc permettre d'optimiser l'utilisation des vaccins afin de limiter le nombre de cas mais aussi l'émergence de souches plus dangereuses.

Contacts :

Moustiques, CaMV, adaptation locale : Yannis Michalakis, T 0467416154,

Yannis.Michalakis@ird.mpl.fr

Modélisation : Sylvain Gandon, T 0467416268, sylvain.gandon@ird.mpl.fr

CaMV : Rémy Froissart, T 0499624857, remy.froissart@ensam.inra.fr