

LA FAO ET L'AIEA FONT UN PROGRÈS DÉCISIF EN DÉCRYPTANT LE GÉNOME DE LA MOUCHE TSÉ-TSÉ



Mouche tsé-tsé femelle enceinte de l'espèce *Glossina morsitans*
(Photo : Geoffrey M. Attardo, chercheur à École de santé publique de Yale, Université Yale, États-Unis)

Une percée réussie dans le séquençage en avril 2014 du génome de la *Glossina morsitans*, une espèce de mouche tsé-tsé, a permis de franchir une nouvelle étape dans la résolution d'un problème qui a eu des conséquences terribles en Afrique.

La tsé-tsé, une grosse mouche piqueuse présente dans la majeure partie des pays mi-continentaux d'Afrique, entre les déserts du Sahara et du Kalahari, est un vecteur de parasites unicellulaires appelés trypanosomes. Ce parasite particulier cause la trypanosomose, ou maladie du sommeil chez les humains. Spécialiste de la biologie moléculaire à la Division mixte FAO/AIEA des techniques nucléaires dans l'alimentation et l'agriculture, Konstantinos Bourtzis a expliqué la gravité que peut avoir la piqûre de la mouche tsé-tsé pour la santé humaine. Il n'existe en effet aucun vaccin contre la trypanosomose et son traitement médical est très coûteux. Il a indiqué qu'à l'heure actuelle, quelque 70 millions de personnes risquent de contracter la maladie du sommeil et l'on estime à plus de 50 000 le nombre de personnes infectées. La maladie du sommeil attaque le système nerveux central, modifie « l'horloge biologique », et entraîne une modification du comportement (état confusionnel, élocution lente, périodes d'agitation maniaque, difficultés à marcher et à parler, etc.).

La forme de la maladie qui touche le bétail est appelée nagana. Elle se transmet quand la mouche tsé tsé pique un

animal pour se nourrir de son sang. Le nagana se traduit par un état débilitant chronique qui provoque une baisse de la fertilité et une perte de poids, et par conséquent, une production réduite de viande et de lait. Il affaiblit les animaux au point qu'ils ne peuvent plus servir ni aux labours ni au transport, ce qui se répercute sur la production agricole. Chaque année, le nagana est la cause de la mort d'environ 3 millions d'animaux, et plus de 50 millions de bêtes sont exposés à des risques d'infection. Pour les éleveurs africains, la mouche tsé-tsé est un cauchemar. Elle a également des répercussions sur la sécurité alimentaire et le progrès socio-économique en Afrique sub saharienne.

La recherche d'une solution aux ravages de la mouche tsé-tsé causés au bétail représente un défi majeur pour l'AIEA et l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO), qui ont conjugué leurs efforts dans le domaine scientifique tout comme pour l'Organisation mondiale de la Santé (OMS), qui a fait porter son action sur la lutte contre la maladie du sommeil.

Les recherches menées conjointement ces dernières décennies pour enrayer la propagation de l'infection grave due à la mouche tsé-tsé ont abouti à l'adoption par la FAO et l'AIEA de la technique de l'insecte stérile (TIS). Il s'agit d'une méthode biologique respectueuse de l'environnement qui vise à maîtriser les principaux insectes ravageurs d'importance agricole, médicale et vétérinaire. La technique

de l'insecte stérile est une sorte de contrôle des naissances qui consiste à stériliser par de faibles doses de rayonnements un grand nombre de mouches mâles reproduites en laboratoire, puis à les lâcher dans les zones infestées où elles s'accouplent aux femelles sauvages sans engendrer de descendance, ce qui permet de supprimer – voire d'éradiquer – les populations de mouches sauvages si la technique est appliquée de façon systématique.

Les connaissances nouvellement acquises sur le génome de la mouche tsé-tsé constituent une mine d'informations qui permettront d'améliorer la TIS dans son ensemble et de mieux comprendre les interactions entre cette mouche, les symbiotes et les trypanosomes. Le décodage du génome a été présenté en détail dans un communiqué de presse publié par l'AIEA le 24 avril 2014 intitulé La découverte du génome de la mouche tsé-tsé donne de l'espoir aux agriculteurs africains.

Le décryptage du code génétique de la mouche tsé-tsé est le fruit d'un projet de collaboration internationale entrepris par le Laboratoire FAO/AIEA de la lutte contre les insectes ravageurs, qui a bénéficié du soutien de plus de 140 scientifiques du monde entier. Cette percée scientifique majeure permettra de mieux comprendre le potentiel

biologique et génétique de la mouche tsé-tsé, notamment sa nutrition, sa reproduction, son système immunitaire et sa capacité vectorielle, a expliqué M. Bourtzis.

Toujours selon M. Bourtzis, cette découverte devra permettre aux scientifiques d'améliorer la TIS en l'intégrant à des méthodes nouvelles et complémentaires dans le cadre d'une approche à l'échelle d'une zone, avec pour objectif de lutter contre les effets dévastateurs de la mouche tsé-tsé sur les animaux et les êtres humains. Le but des solutions élaborées n'est toutefois pas d'éliminer une espèce de tsé-tsé, mais d'éradiquer des populations de ces mouches à l'échelle locale.

La TIS a ainsi permis d'éradiquer la mouche tsé-tsé de l'île de Zanzibar (Tanzanie) en 1997, et elle fait actuellement des progrès notables dans les zones infestées en Éthiopie et au Sénégal. La FAO et l'AIEA aident 14 pays à limiter leurs populations de mouches tsé-tsé en mettant en œuvre des approches de la gestion intégrée des ravageurs à l'échelle d'une zone.

Aabha Dixit, Bureau de l'information et de la communication de l'AIEA

LA MOUCHE TSÉ-TSÉ : FICHE D'INFORMATION

On sait que la mouche tsé-tsé a établi des associations symbiotiques complexes avec trois bactéries différentes. Toutes les espèces de mouches tsé-tsé examinées jusqu'ici sont porteuses d'un symbiote obligatoire du genre *Wigglesworthia*, qui est en symbiose durable avec la mouche tsé-tsé, à laquelle il fournit des nutriments importants, notamment des vitamines que l'on ne trouve pas dans le sang humain et animal.

La mouche tsé-tsé a également établi une association symbiotique avec une autre bactérie, à savoir *Sodalis*. De récents travaux expérimentaux semblent indiquer que les deux symbiotes vivant dans l'intestin moyen de la mouche tsé-tsé (*Sodalis* et *Wigglesworthia*) jouent un rôle dans le développement du trypanosome, et qu'ils pourraient donc être exploités pour empêcher l'apparition et la transmission du parasite.

Le troisième symbiote de la mouche tsé-tsé est une alphaprotéobactérie, la *Wolbachia*. Présente dans plus de

40 % des espèces d'insectes, elle est le symbiote le plus répandu sur Terre. Il a été démontré que la *Wolbachia* manipulait la reproduction de ses hôtes, engendrant le plus souvent une incompatibilité cytoplasmique, un genre de stérilité chez les mâles. On a récemment observé chez le moustique que ce symbiote empêchait l'apparition et la transmission d'agents pathogènes majeurs à l'origine de maladies telles que la dengue, le chikungunya et le paludisme chez l'être humain.

On cherche actuellement à déterminer si la *Wolbachia* pourrait également empêcher l'apparition et la transmission des trypanosomes africains chez la mouche tsé-tsé, et ainsi permettre d'enrayer la propagation de la maladie du sommeil et du nagana. Il est intéressant de noter que le déchiffrement du génome de la *Glossina morsitans* a également révélé la présence de centaines de gènes de *Wolbachia* dans le génome de la mouche tsé-tsé. On ne connaît pas pour l'instant la fonction que pourraient avoir ces gènes, si tant est qu'ils en aient une.