

## MODELISATION DES MALADIES VECTORIELLES\*

---

**Annelise Tran<sup>1</sup>, Fabienne Biteau-Coroller<sup>2</sup>,  
Hélène Guis<sup>1</sup> et François Roger<sup>2</sup>**

**RESUME :** Les maladies vectorielles présentent des cycles épidémiologiques complexes liés à leur mode de transmission indirecte, faisant intervenir un arthropode désigné sous le terme de vecteur. Ces maladies figurent parmi les plus importantes en santé humaine et animale, tant par la morbidité que par la mortalité qu'elles entraînent. Afin d'améliorer la compréhension et le contrôle de ces maladies vectorielles, différents modèles peuvent être développés.

Nous présentons ici les deux principaux types de modèles réalisés sur les maladies vectorielles : les modèles géographiques, pouvant être utilisés pour décrire la distribution des vecteurs en fonction de conditions environnementales, et les modèles épidémiologiques liés au calcul de la capacité vectorielle et du taux de reproduction de base ( $R_0$ ) de la maladie. Pour chacune de ces deux catégories de modélisation, un exemple d'application est donné avec le cas de la fièvre catarrhale ovine. Les objectifs, les données utilisées, les résultats, les limites ainsi que la complémentarité des deux approches sont discutés.

**Mots-clés :** Maladie vectorielle, modélisation, capacité vectorielle, modèle géographique, fièvre catarrhale ovine.

**SUMMARY :** Vector-borne diseases present complex epidemiologic cycles because of their indirect transmission mode which includes an arthropod called vector. These diseases are of major importance for human and animal health, because of the morbidity and mortality that they imply. In order to improve the understanding and control of these vector-borne diseases, different kinds of models can be developed.

In this paper we present two main types of models that can be carried out for vector-borne diseases: geographic models, which describe the vector distribution based on environmental conditions, and epidemiologic models based on the calculation of the vectorial capacity and the disease basic reproductive ratio ( $R_0$ ). For each of these models, we give an example of application with the case of the bluetongue disease. Objectives, data, results, limits and the complementarities of the two approaches are discussed.

**Keywords :** Vector-borne disease, modelling, vectorial capacity, geographic model, bluetongue.



---

\* Texte de la conférence présentée à la Journée AEEMA, 19 mai 2005

CIRAD, département Elevage et Médecine Vétérinaire, Unité Epidémiologie et Ecologie des Maladies Animales :

<sup>1</sup> Maison de la Télédétection, 500 rue Jean-François Breton, 34093 Montpellier Cedex 5, France

<sup>2</sup> Campus international de Baillarguet, TA 30/E, 34398 Montpellier Cedex 5, France

## I - INTRODUCTION

Les maladies à transmission vectorielle sont des maladies pour lesquelles l'agent pathogène (virus, bactérie ou parasite) est transmis d'un individu infecté (un hôte vertébré : homme ou animal) à un autre par l'intermédiaire d'un arthropode (insecte, tique) hématophage. Ces maladies, notamment les maladies humaines comme le paludisme ou la dengue, contribuent de façon majeure à l'impact global des maladies dans le monde [OMS, 2004]. La production animale est également souvent sérieusement affectée par des maladies vectorielles comme la trypanosomose animale, la fièvre de la vallée du Rift ou la fièvre catarrhale du mouton [OIE, 2003]. Ces maladies ont ainsi des effets non seulement sur la santé mais également sur le développement socio-économique des pays touchés.

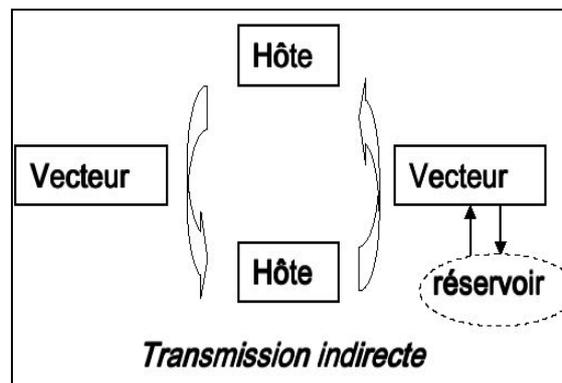
D'autre part, aujourd'hui, nombre de maladies émergentes<sup>3</sup> du fait notamment des changements écologiques tels le réchauffement climatique et la modification des écosystèmes, sont des maladies à transmission vectorielle. En effet, ces maladies

sont particulièrement sensibles aux changements écologiques susceptibles de modifier l'aire de répartition de certains pathogènes et/ou vecteurs et de favoriser la propagation de la maladie. C'est le cas, par exemple, de l'émergence récente de la fièvre catarrhale ovine dans le bassin méditerranéen [Purse *et al.*, 2005] ou de la fièvre du Nil occidental aux Etats-Unis [Glaser, 2004].

Ainsi, le contrôle des maladies vectorielles constitue aujourd'hui un enjeu majeur. Ce contrôle passe par la compréhension des mécanismes de transmission de la maladie, qui sont généralement complexes du fait du mode de transmission indirect des maladies à transmission vectorielle (figure 1) faisant intervenir de nombreux acteurs : plusieurs vecteurs impliqués dans le cycle de transmission, éventuellement plusieurs hôtes, ou la présence d'un réservoir (population, vertébrée ou invertébrée, assurant le maintien de l'agent infectieux dans la nature [Rodhain *et al.*, 1985]).

Figure 1

### Schéma de la transmission d'une maladie vectorielle



<sup>3</sup> Maladie infectieuse dont le taux d'incidence (nombre de nouveaux cas dans une population par unité de temps) a significativement augmenté dans les vingt dernières années, ou risque d'augmenter dans un avenir proche.

De nombreuses questions se posent concernant la transmission de ces maladies vectorielles :

- concernant les facteurs qui déterminent l'apparition, la persistance et la diffusion de la maladie, en particulier le rôle de l'environnement. En effet, les arthropodes vecteurs sont très sensibles aux conditions environnementales (climat, paysage) qui régulent leurs dynamiques de population et auront donc généralement un impact important sur les dynamiques de transmission de la maladie ;
- concernant les moyens de lutte. Comme pour les maladies à transmission directe, il pourra s'agir d'évaluer l'impact d'une campagne de vaccination, mais également d'évaluer celui d'une lutte ciblée sur le vecteur (pulvérisation d'insecticide, destruction des gîtes larvaires, etc.).

Afin d'améliorer le contrôle des maladies vectorielles en particulier, et afin de mieux anticiper et prévenir leur risque d'émergence, la modélisation est un outil qui peut être utilisé pour, d'une part, mieux comprendre le cycle épidémiologique de transmission, qui dépend des caractéristiques de tous les acteurs

impliqués et de leurs interactions et, d'autre part, si possible, mettre au point les outils opérationnels permettant la prévision des zones et périodes à risque ou leur simulation selon différents scénarios.

Différents types de modèles ont ainsi été développés pour les maladies vectorielles, parmi lesquels les modèles géographiques, pouvant être utilisés pour décrire la distribution des vecteurs en fonction de conditions environnementales [Hay *et al.*, 1996] [Kitron, 1998] [Thomson *et al.*, 2000], et les modèles épidémiologiques liés au calcul de la capacité vectorielle<sup>4</sup> et du taux de reproduction de base<sup>5</sup> (R0) de la maladie [Garrett-Jones, 1964a] [Dye, 1992] [Lord *et al.*, 1996].

Ces deux types de modèles sont présentés tout d'abord de manière générale (section 2), puis à travers des exemples d'application pour le cas de la fièvre catarrhale du mouton, permettant de détailler les hypothèses de départ, les données utilisées, les résultats, ainsi que les limites des différents modèles (section 3). Enfin, la complémentarité des deux approches et les perspectives de développement sont discutées (section 4).

---

## II - PRESENTATION DES PRINCIPAUX MODELES DEVELOPPES POUR LES MALADIES VECTORIELLES

---

### 1. QUELQUES RAPPELS ET DEFINITIONS CONCERNANT LES MODELES

Rappelons tout d'abord qu'un modèle est une représentation simplifiée d'un système réel : ainsi, un modèle n'est pas la réalité, il s'agit d'une simplification effectuée afin de répondre à un problème donné, qui implique l'existence de limites de validité du modèle.

Les modèles peuvent généralement être classés en deux grandes catégories :

- les **modèles conceptuels**, qui s'attachent à expliquer de manière qualitative un phénomène ;

- les **modèles mathématiques**, qui visent à décrire de manière quantitative le fonctionnement d'un système, en écrivant sous forme d'équations les lois qui le régissent.

Parmi ces derniers, on distingue encore les modèles empiriques (ou statistiques), basés sur les données, et les modèles mécanistes (ou théoriques), qui sont basés sur les concepts. La première approche consiste à utiliser les résultats de l'expérience afin de déduire des relations statistiques entre les différentes variables du système. La seconde vise à déterminer ces relations à partir de la compréhension du fonctionnement du système.

---

<sup>4</sup> Indicateur synthétisant le rôle joué par le vecteur dans la transmission. La capacité vectorielle est définie comme le nombre de piqûres que le vecteur, ayant piqué un individu infectant le jour t, peut infliger à l'hôte pendant le reste de sa vie, une fois achevé le cycle extrinsèque.

<sup>5</sup> Nombre moyen d'infections secondaires produites à partir d'un individu infecté introduit dans une population d'individus sensibles.

Enfin, parmi les modèles théoriques, on peut encore distinguer modèles déterministes, qui lient les variables entre elles de manière univoque, et modèles stochastiques, qui permettent d'introduire une part d'aléatoire dans les lois du modèle.

Ainsi, différents types de modèles pourront être développés en fonction du problème posé et de l'objectif de la modélisation (représentation, compréhension, prévision).

## 2. LES MODELES GEOGRAPHIQUES

L'objectif de ces « modèles géographiques » pour les maladies vectorielles est de décrire la distribution spatiale des vecteurs ou de la maladie, afin d'identifier et cartographier les zones à risque de manière à ce que les efforts de contrôle et les stratégies d'intervention soient les plus efficaces et ciblés possible. L'hypothèse sous-jacente à ces modèles est que la présence des arthropodes vecteurs (et par voie de conséquence l'occurrence spatiale de la maladie transmise par ces vecteurs) dépend fortement de l'environnement : type de végétation, conditions climatiques (température, précipitations), etc. qui déterminent leur habitat [Curran *et al.*, 2000]. Les zones de contacts hôtes/vecteurs correspondent également à des conditions environnementales particulières.

La méthode consiste donc à rechercher des corrélations entre la distribution des vecteurs et des paramètres environnementaux. L'inversion de la relation statistique observée, à condition de pouvoir justifier le lien vecteur/environnement, permet d'extrapoler les résultats pour obtenir des cartes de la répartition des vecteurs. Dans certains cas, les données mises en relation avec les paramètres environnementaux concernent non pas le vecteur mais directement la maladie (nombre de cas, taux d'incidence).

Les données d'observation de la Terre (images satellitales, photographies aériennes), parce qu'elles permettent d'obtenir une information spatialisée sur l'environnement (occupation du sol, indices de température, de végétation), ont été largement utilisées pour ce type de modèle [Washino *et al.*, 1994] [Hay, 1997] [Kitron,

1998], et appliquées à des maladies humaines telles que le paludisme [Beck *et al.*, 1994] [Omumbo *et al.*, 2002], la maladie de Lyme [Dister *et al.*, 1997] ou animales comme la trypanosomose animale [De La Rocque *et al.*, 2001] ou la peste équine [Baylis *et al.*, 1998]. Le développement de ce type de modèle a également été facilité par l'essor récent des systèmes d'information géographique (SIG), qui sont des outils informatiques permettant le recueil, le stockage, l'intégration, l'analyse et la restitution de données géoréférencées<sup>6</sup> [Gatrell *et al.*, 1998].

A titre d'exemple, Rejmankova *et al.* utilisent une image satellitale SPOT (satellite pour l'observation de la terre) pour cartographier les zones de marais qui sont les gîtes larvaires potentiels pour *Anopheles albimanus*, le moustique vecteur du paludisme au Belize [Rejmankova *et al.*, 1995]. De la Rocque *et al.* [2001] établissent des cartes de risque de la trypanosomose animale en croisant des cartes de distribution des glossines vectrices, correspondant à un certain type de forêts galeries identifiées par l'interprétation d'images satellitales SPOT, et des cartes de fréquentation des troupeaux. Ces données sont dites à « haute résolution spatiale » et adaptées pour des études cartographiques à des échelles locales ou régionales.

Sur de plus vastes zones géographiques (échelle d'un continent ou d'un pays), des modèles géographiques ont été établis à partir de paramètres environnementaux dérivés d'images satellitales à basse résolution spatiale (résolution de l'ordre du km<sup>2</sup>) pour la cartographie de la distribution d'arthropodes comme les tiques [Rogers *et al.*, 1993] [Estrada-Peña *et al.*, 1999] ou les glossines [Rogers *et al.*, 1996].

La plupart de ces études reposent sur l'analyse statistique des relations entre indicateurs environnementaux et paramètres épidémiologiques ou entomologiques (il s'agit donc de modèles empiriques). Par la suite (section 3.2), nous présentons l'exemple de modèles géographiques développés. Les pour le cas de la fièvre catarrhale ovine, à deux échelles différentes.

<sup>6</sup> Données localisées dans l'espace par leurs coordonnées géographiques.

### 3. LES MODELES EPIDEMIOLOGIQUES DE LA TRANSMISSION

#### 3.1. PRESENTATION GENERALE

L'objectif de ces modèles théoriques est de pouvoir décrire les mécanismes de la transmission de la maladie de manière explicite, en imposant qu'une cause engendre un effet, soit de manière systématique (modèles déterministes) soit avec un certain degré d'aléatoire (modèles stochastiques). Cette description doit permettre de pouvoir simuler de manière réaliste la dynamique de la

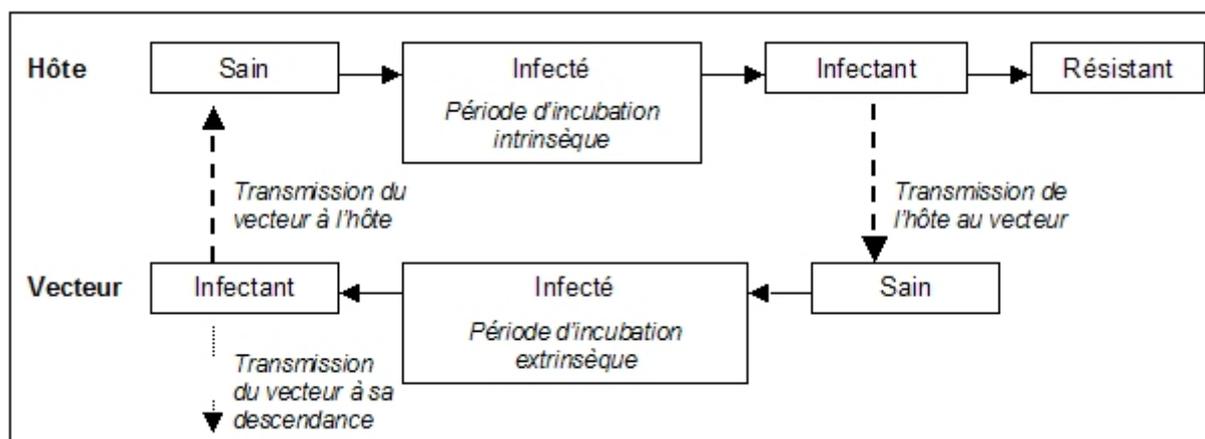
maladie et, en particulier, d'évaluer, à partir de conditions initiales données, le nombre de nouveaux cas attendus, ainsi que d'identifier parmi différents facteurs les déterminants de la transmission.

L'utilisation de ce type de modèle impose donc de connaître préalablement un schéma de transmission de la maladie étudiée. Un exemple d'un tel schéma pour une maladie à transmission vectorielle est donné dans la figure 2.

Figure 2

#### Exemple de modélisation en compartiments, pour une maladie vectorielle.

Les flèches pleines symbolisent les flux d'hôtes et de vecteurs entre les différents compartiments infectieux. Les flèches en pointillés symbolisent la transmission de l'agent pathogène.



Ici les populations d'hôtes et de vecteurs sont divisées en un nombre réduit de classes d'individus correspondant à leur état infectieux. Une telle division définit un modèle « en compartiments » ; ce type de modèle, développé pour les maladies infectieuses par Kermack et McKendrick (1927) a eu une influence majeure sur le développement des modèles mathématiques en épidémiologie (plusieurs ouvrages présentent ces modèles de manière détaillée : [Anderson *et al.*, 1991] [Murray, 2003] [Diekmann *et al.*, 2000]).

Selon cet exemple, les hôtes et les vecteurs vont passer successivement d'un état sain, à un état infecté, puis infectant, puis éventuellement résistant (cette catégorie peut également inclure les individus décédés), le passage entre les différentes classes dépendant, d'une part, des contacts infectieux hôte/vecteur (transmission de l'agent

pathogène d'un hôte infectant à un vecteur sain, ou l'inverse) et, d'autre part, des « taux de passage » entre les différents états correspondant aux durées des périodes d'incubation et d'infection.

Cette description plus ou moins simplifiée du cycle de transmission de la maladie définit les hypothèses du modèle.

De tels modèles ont été utilisés pour simuler la dynamique temporelle de maladies et pour étudier si, considérant les caractéristiques de la maladie et les conditions initiales, l'infection va se propager ou non. Cette question pourra être étudiée à partir du calcul du « taux basique de reproduction » de la maladie (noté  $R_0$ ), défini comme le nombre de cas secondaires générés à partir de l'introduction d'un premier cas infecté dans une population d'hôtes sensibles, ou de la capacité vectorielle,

indicateur synthétisant le rôle joué par le vecteur dans la transmission. Le détail de ces indicateurs est donné dans les paragraphes suivants.

### 3.2. CALCUL DE LA CAPACITE VECTORIELLE

La capacité vectorielle d'une population de vecteurs est définie comme le nombre moyen de piqûres que les vecteurs, ayant piqué un individu infectant le jour  $t$ , infligent à la population d'hôtes pendant le reste de leur vie, une fois achevé le cycle d'incubation extrinsèque [Garrett-Jones, 1964b]. Autrement dit, elle représente le nombre de piqûres potentiellement infectantes qu'un individu peut générer, par l'intermédiaire de la population vectrice, par unité de temps, et constitue donc un indicateur du risque de transmission de la maladie.

Le calcul de la capacité vectorielle, notée  $C$ , peut être explicité en se basant sur la description du cycle de transmission hôte/vecteur (figure 2) :

1. à partir d'un hôte infectant, il s'agit d'estimer le nombre de vecteurs qui vont piquer cet hôte par unité de temps (généralement l'unité de temps est le jour). Ce nombre est le produit de la densité relative des vecteurs (nombre de vecteurs par hôte, noté  $m$ ) par la proportion des vecteurs piquant ces hôtes par unité de temps : en effet, les vecteurs ne se nourrissent pas tous les jours, et pas uniquement sur la population d'hôtes considérée. Il faut noter que la proportion des vecteurs piquant par unité de temps est égale au nombre de piqûres qu'un vecteur fait sur la population d'hôtes par unité de temps. Ce taux (noté  $a$ ) dépend ainsi des préférences trophiques de l'espèce vectrice et de la durée entre deux repas sanguins (liée à la durée du cycle gonotrophique).
2. Parmi ces vecteurs qui se sont potentiellement infectés par piqûre, il s'agit d'estimer maintenant la proportion d'entre eux qui passeront du stade infecté au stade infectant, c'est-à-dire ceux qui survivront à la durée d'incubation extrinsèque ( $n$ ). En notant  $p$  le taux de survie journalier, cette proportion de survivants peut être estimée par  $p^n$ .
3. Enfin, le nombre de piqûres que ces vecteurs infectants peuvent infliger à la population d'hôtes durant le reste de leur

vie peut être approché par le produit du nombre de piqûres qu'un vecteur fait sur la population d'hôtes par unité de temps ( $a$ ) et de son espérance de vie. Cette espérance de vie (en jours) peut être estimée par une fonction croissante du taux de survie journalier  $p$  :  $1/(-\ln(p))$  [MacDonald, 1952].

Ainsi, la capacité vectorielle peut s'exprimer finalement sous la forme classique [Garrett-Jones, 1964a] :

$$C = \frac{m \cdot a^2 \cdot p^n}{-\ln p},$$

avec  $m$  le nombre de vecteurs par hôte ;

$a$  le taux de vecteurs piquant par unité de temps ;

$p$  le taux de survie journalier et  $n$  la durée du cycle d'incubation extrinsèque.

Une expression plus complète de la capacité vectorielle introduit également la compétence vectorielle [Dye, 1992] [Lord *et al.*, 1996], c'est-à-dire l'habilité du vecteur à s'infecter après ingestion du repas de sang infecté, puis à assurer le développement du pathogène et enfin à le transmettre au vertébré par une piqûre. La compétence vectorielle mesure ainsi le niveau de coadaptation pathogène/vecteur invertébré et dépend essentiellement de facteurs génétiques.

Les variables  $m$ ,  $a$ ,  $p$  et  $n$  peuvent être estimées à partir de paramètres mesurés par des relevés de terrain et des tests en laboratoire : l'abondance, la préférence trophique, la durée du cycle gonotrophique, le taux de parturité<sup>7</sup>, la durée du cycle d'incubation extrinsèque du virus.

L'intérêt d'un tel indicateur est de pouvoir évaluer l'impact de différents facteurs jouant un rôle la transmission de la maladie : les paramètres cités ci-dessus mais également les facteurs environnementaux et les actions de lutte susceptibles de les modifier. Par exemple, la capacité vectorielle a été calculée pour quantifier l'impact de pulvérisation d'insecticide sur la transmission pour différentes espèces vectrices [Garrett-Jones *et al.*, 1964] ; pour identifier les périodes à risque en fonction de conditions météorologiques [Prakash *et al.*, 2001] ; pour quantifier l'influence du réchauffement climatique sur la distribution de maladies vectorielles ré-émergentes comme la dengue [Jetten *et al.*, 1997].

<sup>7</sup> Nombre de femelles pares (ayant déjà pondu) sur le nombre total de femelles.

### 3.3. CALCUL DU TAUX DE REPRODUCTION DE BASE ( $R_0$ )

Le taux de reproduction de base, défini comme le nombre de cas secondaires générés à partir de l'introduction d'un premier cas infecté dans une population d'hôtes sensibles, traduit la notion du seuil pour qu'une maladie se propage ( $R_0 > 1$ ) ou non ( $R_0 < 1$ ) dans une population. L'utilisation de cet indicateur permet ainsi d'étudier l'équilibre endémie/épidémie de manière simple [Anderson *et al.*, 1991] [Van den Driessche *et al.*, 2002].

Pour les maladies vectorielles, ce taux peut être estimé à partir de l'observation des cas

déclarés [Degallier *et al.*, 2005], mais son expression détaillée est liée à celle de la capacité vectorielle, en multipliant celle-ci par la durée pendant laquelle l'hôte est infectant, qui peut être exprimée comme l'inverse du taux de guérison de l'hôte (noté  $r$ ) :

$$R_0 = \frac{C}{r} \text{ [MacDonald, 1957].}$$

En effet, la formule de la capacité vectorielle donnée par Garret-Jones (1964) est dérivée des travaux de MacDonald sur le taux de reproduction de base du paludisme [Reisen, 1989].

---

## III - EXEMPLES POUR LE CAS DE LA FIEVRE CATARRHALE OVINE

---

### 1. CONTEXTE

#### 1.1. LA FIEVRE CATARRHALE OVINE (FCO)

La fièvre catarrhale ovine (bluetongue en anglais), est une maladie virale affectant les ruminants sauvages et domestiques, transmise par des moucheron hématophages du genre *Culicoides*. L'infection ne provoque de signes cliniques que chez les moutons ; elle est généralement asymptomatique chez les bovins et les caprins mais ces espèces pourraient jouer le rôle de réservoirs [MacLachlan, 1994]. Il existe 24 sérotypes<sup>8</sup> de virus qui ne présentent pas de protection croisée ; ainsi un vaccin ne protège que pour le sérotype contre lequel il est dirigé (il existe néanmoins des vaccins regroupant plusieurs sérotypes). Inscrite sur la liste de l'Office international des épizooties<sup>9</sup> (OIE), l'affection a des conséquences économiques majeures pour l'élevage dans les régions touchées, tant en termes de santé animale que de répercussions sur les échanges commerciaux.

#### 1.2. *CULICOIDES IMICOLA*, PRINCIPALE ESPECE VECTRICE DE LA FCO EN EUROPE

Le moucheron *Culicoides imicola* est le principal vecteur de la fièvre catarrhale ovine en Europe. Il s'agit d'un vecteur tropical,

d'origine sub-saharienne mais qui s'est installé récemment dans les pays du pourtour méditerranéen, notamment en France, en Corse depuis 2000 et dans le Var en 2004. Depuis 1999, ce vecteur a provoqué plusieurs épizooties dans le bassin méditerranéen, notamment en Italie, Sardaigne, Corse, Tunisie, Algérie, Iles Baléares, Maroc, Espagne continentale (figure 3). Suite à la confirmation de l'installation de populations de *C. imicola* dans le Sud de la France (mai 2005), le risque pour la France continentale est aujourd'hui élevé.

#### 1.3. MODELISATION DE LA FCO

La bluetongue correspond donc à un double enjeu, à la fois opérationnel (menace pour l'élevage) et scientifique (étude de la propagation rapide d'une maladie vectorielle émergente dans des régions jusqu'alors indemnes).

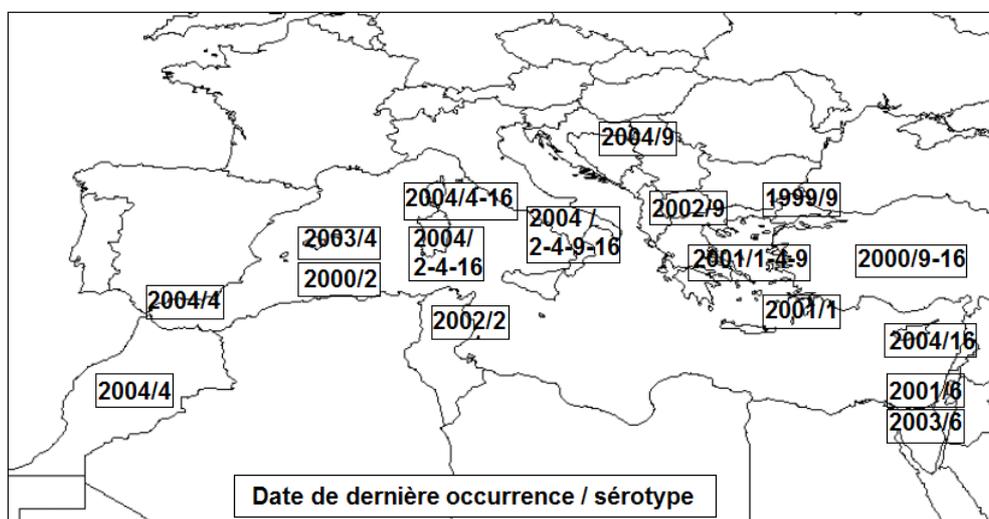
Les questions posées actuellement par cette maladie dans le bassin méditerranéen concernent principalement la dynamique du moucheron *C. imicola* : quelles sont les voies de diffusion de ce vecteur et quelles sont les conditions environnementales favorables à son installation ?

<sup>8</sup> Catégorie dans laquelle on classe les virus et les bactéries selon leurs réactions en présence de sérums contenant des anticorps spécifiques.

<sup>9</sup> L'organisation mondiale chargée de la santé animale.

Figure 3

## La situation des différents sérotypes du virus de la FCO dans le bassin méditerranéen

[\(http://blue-tongue.cirad.fr/\)](http://blue-tongue.cirad.fr/)

A quelles conditions est-il capable de transmettre la FCO ? Autrement dit, quelles sont sa capacité et sa compétence vectorielles et quels sont les facteurs qui les influencent ? Des modèles géographiques, d'une part, et des modèles de la capacité vectorielle de *C. imicola*, d'autre part, sont actuellement développés pour répondre respectivement à ces deux types de questions.

## 2. MODELES GEOGRAPHIQUES DE LA REPARTITION DE *CULICOIDES IMICOLA*, VECTEUR DE LA FIEVRE CATARRHALE OVINE

### 2.1. ECHELLE CONTINENTALE

Les modèles géographiques pour la FCO existant actuellement ont été développés à partir de données météorologiques [Wittman *et al.*, 2001] et satellitales [Roger, 2002] [Tatem *et al.*, 2003] [Purse *et al.*, 2004] à basse résolution spatiale (taille de pixel<sup>10</sup> de l'ordre du km<sup>2</sup>), permettant d'obtenir des cartes de probabilité de présence de *C. imicola* à une échelle continentale.

Comme cela a été décrit plus haut (§2.2), dans ces différentes études, des corrélations sont recherchées entre les résultats de relevés entomologiques (présence/absence de *Culicoides* dans différents sites comme l'Espagne, le Portugal, la Sicile ou la Corse par exemple) et des paramètres environnementaux issus de relevés météorologiques ou dérivés d'imagerie satellitale.

Ainsi, Wittman *et al.* testent des relevés météorologiques relatifs aux caractéristiques annuelles de température et précipitations ; les études utilisant des données satellitales testent de nombreux paramètres calculés à partir de mesures radiométriques du capteur AVHRR<sup>11</sup>. Ces paramètres sont des indicateurs des cycles saisonniers (obtenus par le calcul de la transformée de Fourier de séries temporelles) des valeurs de la réflectance<sup>12</sup> mesurée dans le moyen infrarouge ainsi que d'un indice de végétation, et d'indices de températures du sol et de l'air [Rogers *et al.*, 1996] [Tatem *et al.*, 2003].

<sup>10</sup> Le pixel est la plus petite surface homogène constitutive d'une image enregistrée (forme abrégée de « picture element »).

<sup>11</sup> Advanced Very High Resolution Radiometer. Radiomètre effectuant des mesures dans les domaines visible, proche et moyen infrarouge, infrarouge thermique, embarqué à bord des satellites NOAA.

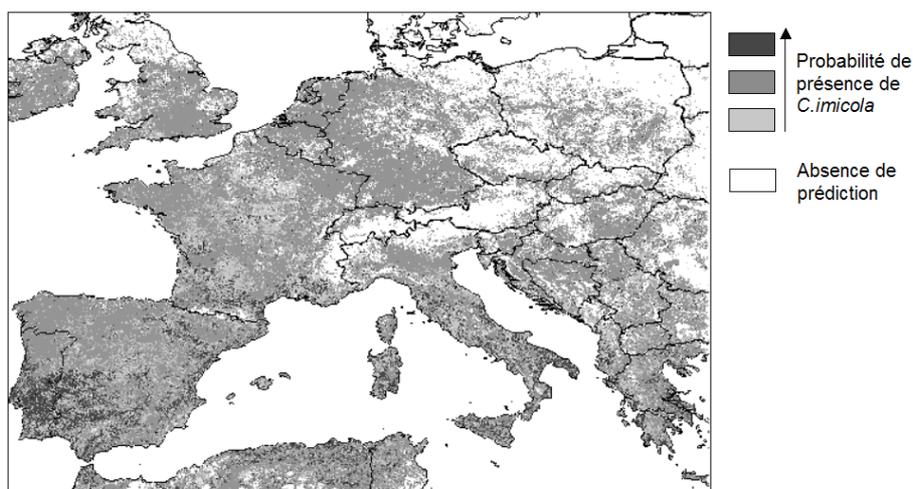
<sup>12</sup> La réflectance est le rapport de l'énergie réfléchie par un objet dans une longueur d'onde à l'énergie reçue du soleil par cet objet dans la même longueur d'onde.

Les méthodes statistiques utilisées sont la régression logistique ou l'analyse discriminante, méthodes qui permettent d'identifier parmi les nombreuses variables testées celles qui sont potentiellement explicatives de la présence/absence ou de l'abondance de *C. imicola*. L'inversion de la relation statistique obtenue, si elle est

significative, permet alors de produire à partir des paramètres environnementaux, des cartes de distribution des vecteurs, à une échelle continentale (les données du capteur AVHRR couvrant de grandes zones géographiques). Un exemple de telles cartes est donné dans la figure 4.

Figure 4

Modèle géographique de la distribution de *C. imicola* en Europe [d'après Roger, 2002]



## 2.2. ECHELLE LOCALE

Les modèles développés à une échelle locale se distinguent de ceux développés à une échelle continentale essentiellement par leurs objectifs et les données utilisées (les mêmes méthodes statistiques sont mises en œuvre et des cartes d'aléa ou de risque peuvent être obtenues de la même manière que précédemment).

Au fil des années, les progrès techniques réalisés en imagerie satellitale ont permis l'utilisation d'images ayant une résolution spatiale de plus en plus fine. Il est ainsi désormais possible d'élaborer des modèles à haute résolution à partir d'images satellitales SPOT<sup>13</sup> (taille du pixel de 5 à 20 m), Ikonos (1 m) ou QuickBird (60 cm).

Travailler à une échelle fine permet de répondre à plusieurs objectifs. Tout d'abord, on peut vouloir développer un modèle à une échelle fine pour expliquer des différences locales, par exemple, dans le cas de la FCO,

les différences de densité du vecteur [Baldet *et al.*, 2003] et de répartition des foyers observées au sein même de la Corse. Ensuite, cette échelle permet de caractériser les milieux favorables au vecteur selon une approche plus « écologique », notamment en travaillant sur les types de végétation rencontrés (après avoir réalisé une classification de l'image) ainsi que sur leurs agencements entre eux (notion de corridors, de zones enclavées...).

Un premier modèle expliquant la survenue de foyers de FCO en Corse, développé à partir d'une image SPOT (10 m), souligne ainsi le rôle protecteur de certaines formations végétales telles que le maquis, la garrigue, la forêt et les cultures [Guis, 2004]. Enfin, pour un vecteur ayant une faible dispersion active (par le vol) tel que *C. imicola*, travailler à une petite échelle peut aussi contribuer à l'élaboration d'hypothèses sur la localisation des gîtes larvaires et des gîtes de repos et ainsi orienter les recherches entomologiques.

<sup>13</sup> Satellite Pour l'Observation de la Terre.

A cette échelle, outre les images satellitales haute résolution, il peut s'avérer pertinent d'intégrer des informations environnementales complémentaires telles que celles dérivées de modèles numériques de terrain (MNT). Un MNT permet de tester des variables telles que l'altitude, la pente, l'orientation (exposition des versants d'une montagne par exemple), l'ensoleillement (valeur théorique calculée pour une position du soleil donnée) afin de voir si elles influent sur la répartition du vecteur. Les instituts géographiques peuvent également être une source intéressante de données sur l'environnement telles que, par exemple, la localisation des petits cours d'eau qui ne sont pas forcément visibles sur une image satellitale.

Les données épidémiologiques mises en relation avec les données environnementales peuvent être de deux types : elles peuvent concerner la maladie ou le vecteur lui-même. Les données concernant la maladie sont souvent plus facilement accessibles, notamment lorsqu'il s'agit d'une maladie à déclaration obligatoire. Cependant, les foyers devront être géoréférencés (par exemple en les positionnant avec un GPS) afin d'être intégrés au SIG. Les données concernant le vecteur reposent sur des campagnes de piégeage qui peuvent s'avérer difficiles à mettre en place (car elles nécessitent des moyens humains et matériels importants, et impliquent l'identification des espèces capturées...), mais s'avèrent souvent plus intéressantes à exploiter. En effet, le lien entre l'environnement et le vecteur est plus étroit (et donc *a priori* plus facile à mettre en évidence) que celui entre l'environnement et la maladie puisque le vecteur est l'élément le plus sensible aux conditions environnementales et que la maladie se déclarera seulement si à la fois le vecteur, l'hôte et l'agent pathogène sont présents. De plus, les données sur le vecteur permettent de s'affranchir des informations sur l'état vaccinal des animaux ou leur localisation précise (bergerie, pâture éloignée, transhumance...).

### 2.3. LIMITES

Il faut noter que le domaine de validité des modèles géographiques est lié à l'échelle spatiale des paramètres environnementaux

utilisés dans l'analyse statistique. Ainsi, les modèles développés à une échelle continentale ne permettent pas d'expliquer des différences de distribution à une échelle locale observées sur de petites zones, comme en Corse ou dans le Var, ni de caractériser de manière fine l'habitat favorable à *C. imicola*. A l'inverse, la généralisation des résultats obtenus à une échelle locale sur de plus vastes zones est difficile ou nécessite l'acquisition et la standardisation de données souvent coûteuses.

D'autre part, dans ce type d'approche le rapport de cause à effet reste difficile à expliquer (en particulier lorsqu'un grand nombre d'indicateurs environnementaux est pris en compte dans l'analyse), ce qui rend l'interprétation de l'indice de risque final délicate et limite l'application du modèle à d'autres zones géographiques. Ainsi, par exemple, les résultats du modèle de Wittman *et al.* développé à partir de relevés entomologiques en Espagne ne correspondent pas aux relevés effectués en Italie [Calistri *et al.*, 2003].

### 3. MODELISATION DE LA CAPACITE VECTORIELLE DE *CULICOIDES IMICOLA* EN FRANCE

La présence des premières populations de *Culicoides imicola* dans une commune du département du Var a fait basculer ce secteur en zone à haut risque de transmission de la fièvre catarrhale ovine, d'autant plus que l'origine suspectée de cette introduction est la dispersion passive par les vents des moucheron depuis la Corse.

Le recours à l'estimation quantitative du risque de transmission dans cette zone grâce à la capacité vectorielle permet d'envisager de modéliser ce risque en l'absence d'antécédent de circulation virale. On évalue alors le risque de transmission si le virus était introduit dans cette population ovine naïve.

La première étape de cette approche consiste à définir le modèle conceptuel pour le cycle de transmission et à définir les estimateurs à utiliser pour les différentes variables utilisées (tableau I).

**Tableau I**  
**Liste des indices entomologiques utilisés pour calculer la capacité vectorielle**

Variables	Définition	Techniques de recueil des données utilisées
Ma	Nombre de moucheron femelles par hôte et par nuit	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Capture sur appâts</li> <li>- Piège lumineux</li> </ul>
PR	Taux de parturité <sup>14</sup>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Diagnose des femelles pares piégées</li> </ul>
Pf	Index de préférence trophique (ici de <i>C. imicola</i> pour les ovins)	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Captures sur appâts, analyse des repas sang des individus gorgés</li> <li>- Dires d'expert</li> </ul>
Gc	Durée du cycle gonotrophique	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Elevage du vecteur en laboratoire</li> <li>- Données publiées</li> <li>- Dires d'expert</li> </ul>
A	Nombre de repas sanguins pris sur les ovins par vecteur et par jour	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Estimation indirecte : Pf/gc</li> </ul>
P	Taux de survie journalier	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Estimation indirecte : PR<sup>1/gc</sup></li> </ul>
N	Durée du cycle extrinsèque du virus <sup>15</sup>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Infections expérimentales du vecteur</li> <li>- Données publiées</li> <li>- Dires d'expert</li> </ul>

Le recueil de toutes ces variables s'avère très long et difficile ; souvent la modélisation s'appuie, pour certains paramètres, sur des estimations faites par autrui de ces variables (publications ou direx d'experts). Par exemple, pour *C. imicola*, espèce très mal connue et peu étudiée du fait notamment de sa petite taille (1 à 2 mm) [Mellor *et al.*, 2000], il subsiste beaucoup d'incertitudes sur les valeurs des données telles la durée extrinsèque d'incubation, le taux de piqûres journaliers (a), la durée entre deux repas de sang, etc. Afin d'en tenir compte, les différents éléments de la capacité vectorielle seront estimés au moyen d'une loi de distribution de probabilité.

### 3.1. CHOIX DES LOIS DE DISTRIBUTION POUR LES VARIABLES DE LA CAPACITE VECTORIELLE

Certains paramètres pour lesquels peu de données ont été publiées peuvent être estimés

à partir de la synthèse d'opinions d'experts récoltées par un questionnaire adapté. Ensuite, à partir de la valeur minimale, maximale et moyenne obtenue pour un paramètre donné, on peut construire par exemple une loi de Pert [Vose, 2000].

Une synthèse bibliographique apporte également de riches informations sur certaines variables comme la durée entre deux repas de sang, estimée par la durée du cycle gonotrophique, pour laquelle les données publiées s'accordent autour d'une durée de 3 jours à 4,5 jours en août-septembre [Gerry *et al.*, 2000]. Une loi uniforme comprise entre 3 et 4,5 peut alors être une alternative permettant d'intégrer la variabilité et l'incertitude persistant autour de ce paramètre.

<sup>14</sup> Le taux de parturité correspond à la proportion de femelles pares, c'est-à-dire ayant déjà pondu au moins une fois, parmi l'ensemble des femelles capturées. Il permet d'estimer indirectement le taux de survie journalier.

<sup>15</sup> Nombre de jours requis pour achever le cycle sporogonique.

Des études sur la durée de la virogenèse en fonction de la température ont également fait l'objet de publications pour une autre espèce vectrice du virus de la Bluetongue en Californie (USA), *Culicoides sonorensis variipennis* [Gerry *et al.*, 2000]. On obtient ainsi un estimateur de la durée extrinsèque du virus pour une gamme définie de températures.

### 3.2. ANALYSE DE SENSIBILITE

L'analyse de sensibilité est une méthode permettant d'identifier les variables d'entrée (« inputs ») clé du modèle c'est-à-dire celles contribuant le plus aux variations du résultat d'intérêt (output) ou de la plus grande valeur du résultat final [Frey *et al.*, 2002].

Les objectifs de l'analyse de sensibilité peuvent être multiples :

- identifier la(les) variable(s) la (les) plus pertinentes au regard du risque estimé, parmi toutes celles potentiellement « contrôlables » du modèle ;
- identifier les combinaisons des « inputs » qui contribuent à une forte exposition ;
- aider au développement du modèle, à l'interprétation de l'analyse et à la validation du modèle ;
- cibler des travaux prioritaires qui permettront de réduire les incertitudes sur l'appréciation du risque ;
- identifier les limites critiques du modèle.

La méthode à appliquer pour atteindre ces objectifs est à choisir en fonction d'un certain nombre de contraintes liées au modèle lui-même, aux objectifs recherchés, au logiciel utilisé, etc.

Une des représentations les plus lisibles de cette analyse est donnée par les analyses graphiques telles les diagrammes de Tornado qui représentent la sensibilité sous forme de graphes, surfaces ou diagrammes, ce qui donne une indication visuelle de la façon dont le résultat final est affecté par la variation des données d'entrée [Frey *et al.*, 2003].

### 3.3. DEFINITION DES PROTOCOLES ET RESULTATS ATTENDUS

Si les données de la littérature peuvent venir en appui pour estimer certains paramètres de

la capacité vectorielle, il reste primordial de connaître la dynamique de l'évolution du vecteur dans la zone d'étude et d'estimer le nombre de piqûres journalières que les moutons peuvent subir.

Dans cette optique, un protocole d'étude spécifique a été défini. Il consiste dans le suivi de quatre sites situés sur la commune où les premiers spécimens de *C. imicola* ont été isolés en France continentale. Ces sites ont été choisis, d'une part, en fonction de la population animale présente (chevaux ou moutons)<sup>16</sup> et, d'autre, part par la situation géographique de ceux-ci afin de mettre en évidence d'éventuelles disparités dans l'évolution de l'abondance des vecteurs. Un piégeage hebdomadaire est réalisé entre mi-avril 2005 et mi-novembre 2005. Les échantillons prélevés grâce à un piège lumineux sont ensuite analysés afin de déterminer le nombre total de *C. imicola* et de définir le taux de parturité.

Ce suivi permet de surveiller l'évolution dans le temps de l'abondance des moucheron, donnée qui influence directement la densité relative du vecteur (« m » de la formule). On obtient ainsi un indicateur comparatif de ce paramètre. On estime également l'évolution du taux de survie journalier.

Cependant, il reste difficile de relier un nombre d'insectes piégés par piège lumineux avec le nombre effectif de piqûres reçues par les brebis en une nuit. Afin de mieux appréhender cette relation, un protocole particulier a été élaboré. Ainsi, durant une nuit entière selon des phases bien définies, des captures directes sur l'animal ont été réalisées afin d'aspirer les *Culicoides* qui venaient se gorger. On évalue alors le nombre de piqûres par hôte et par nuit (« ma » de la formule).

### 3.4. LIMITES

Comme tout modèle, cette approche *via* la capacité vectorielle présente des limites. Tout d'abord, il faut garder à l'esprit que la capacité vectorielle reste un index comparatif [Dye, 1986]. Il nécessite donc d'avoir les informations suffisantes pour confronter deux situations entre elles, soit au niveau spatial, soit au niveau temporel après des mesures de lutte par exemple. Elle est définie pour la population de vecteurs étudiée, pour un virus donné et pour une espèce d'hôte vertébré.

<sup>16</sup> A noter qu'aucun bovin ni caprin n'est présent dans la zone d'étude.

Le modèle en lui-même pose déjà un certain nombre d'hypothèses :

- le vecteur a une compétence supposée de 100% c'est-à-dire que tous les vecteurs sont capables de transmettre le virus et que ceux-ci ne sont pas affectés par le virus. L'introduction de la compétence, notée  $V$ , dans le modèle permet de moduler cette simplification.
- Le taux de survie journalier des vecteurs est indépendant de l'âge. Or, chez les moustiques, il a été montré que ce taux avait tendance à diminuer avec l'âge.
- Les vecteurs sont supposés prendre, de manière aléatoire, un nombre limité de repas de sang par unité de temps, indépendamment de leur abondance et de celle de l'hôte. Or, on peut raisonnablement envisager que le succès d'un repas de sang peut dépendre du nombre de vecteurs attaquant simultanément un hôte.
- Une piqûre par un vecteur infectant suffit à infecter un hôte sensible. Dans le cas de la FCO, cette hypothèse semble admise.

Le recueil des paramètres implique une compétence entomologique (diagnose des spécimens, etc.) et les moyens appropriés. Des améliorations peuvent être apportées au protocole présenté ici. Dans le cadre d'un insecte dont la répartition géographique semble évoluer rapidement sous l'effet d'un réchauffement climatique, il conviendrait d'effectuer un suivi temporel et climatique plus précis :

- Un suivi journalier de la dynamique des populations de vecteurs permettrait notamment de pouvoir apprécier de

manière plus fine l'influence des conditions climatiques sur l'efficacité du piégeage ;

- Le suivi devrait être prolongé au delà d'une année, surtout si des phénomènes climatiques exceptionnels se produisent ;
- Il serait également nécessaire de pouvoir étudier les variabilités climatiques et environnementales existant entre les sites de piégeage pour apprécier plus finement les facteurs expliquant les disparités observées entre les sites. Cependant, ces données météorologiques ne sont pas toujours disponibles ;
- Enfin, l'intégration de la variabilité temporelle est nécessaire pour identifier les périodes à risque, et ce, d'autant plus que de nombreux paramètres de la capacité vectorielle sont sous l'influence de la température qui varie de manière significative tout au long de la saison d'activité du vecteur.

L'estimation de la relation hôte/vecteur constitue la limite la plus notable pour ce vecteur de petite taille difficile à repérer à l'œil nu. La méconnaissance de sa biologie ne permet pas de pouvoir piéger efficacement des femelles gorgées, signe du lien hôte/vecteur.

La prise en compte de la variabilité spatiale apparaît en dernier point un élément majeur pour permettre d'identifier les zones à risque. Cela suppose, par exemple, de disposer d'un dispositif de piégeage plus large. C'est à ce niveau que la complémentarité entre les deux approches, géographique et sur la base du vecteur, sera la plus manifeste.

---

## IV - DISCUSSION ET PERSPECTIVES

---

Par les exemples avec le cas de la FCO dans le bassin méditerranéen présentés ci-dessus, deux types d'approches de modélisation pour les maladies vectorielles ont été présentés.

Les modèles géographiques développés pour la FCO à une échelle continentale, à partir des relevés entomologiques existants et de paramètres environnementaux, permettent d'identifier les zones favorables à l'installation du vecteur *C. imicola*, zones à surveiller en priorité. D'autre part, un modèle développé à une échelle locale permet de mettre en

évidence de nouveaux éléments pour une meilleure compréhension de l'écologie de *C. imicola*, vecteur tropical dont l'émergence récente dans le bassin méditerranéen semble montrer la capacité à s'adapter aux écosystèmes européens.

Ces modèles sont relativement simples et rapides à mettre en œuvre à partir de données géoréférencées disponibles (relevés entomologiques, déclaration des foyers de FCO) et les résultats, présentés sous forme de cartes, sont aisément interprétables.

Cependant, certaines limites ont pu être mises en évidence, notamment la difficulté d'expliquer d'un point de vue écologique les corrélations statistiques observées entre paramètres environnementaux et distribution du vecteur ou de la maladie. D'autre part, actuellement ces modèles ne prennent pas en compte la variabilité temporelle de la dynamique de population de vecteurs, notamment les phénomènes de diffusion des insectes vecteurs.

Ainsi, de nombreuses perspectives de développement des modèles géographiques peuvent être évoquées. Par exemple, des méthodes alliant modèles de diffusion classiques utilisés en écologie [Okubo, 1980] et modèles géographiques basés sur des images satellitales ont été récemment proposées pour modéliser la diffusion d'une maladie vectorielle [Raffy *et al.*, 2005] [Tran *et al.*, sous presse].

Par ailleurs, comme cela a été présenté précédemment (§3.3) la modélisation de la capacité vectorielle constitue une approche complémentaire aux modèles géographiques pour mieux appréhender les mécanismes sous-jacents à la dynamique de la maladie, notamment sa variabilité temporelle. En effet, nous avons vu que la capacité vectorielle est un indicateur comparatif qui permet d'explicitier de manière mécaniste le rôle des différents paramètres déterminant la transmission de la maladie. Cependant, le recueil des données pour l'estimation des paramètres du modèle étant lourd à mettre en œuvre, ce type de modélisation ne permet d'évaluer cet indicateur que de manière ponctuelle et la variabilité spatiale de la capacité vectorielle est ainsi rarement étudiée.

Ainsi, la liaison entre les deux approches, c'est-à-dire entre un modèle de la capacité vectorielle et un modèle géographique qui établirait des correspondances entre les paramètres de la capacité vectorielle (notamment l'abondance des vecteurs) et des caractéristiques environnementales, permettrait d'obtenir finalement une cartographie de la capacité vectorielle.

Les applications pratiques d'un tel « produit » sont, d'une part, une meilleure connaissance et compréhension de l'écologie du vecteur, intégrant à la fois les dimensions spatiale et temporelle et, d'autre part, des outils d'aide à la décision opérationnels. Pour la FCO, des cartes de la capacité vectorielle de *C. imicola* doivent conduire à l'identification d'indicateurs précoces de risque à l'échelle régionale permettant par exemple de cibler les campagnes de vaccination, ou le développement d'outils de simulation selon différents scénarios (changement climatique, présence de différentes populations d'hôtes, introduction d'une population de vecteurs infectés, introduction d'hôtes infectés, etc.). De tels travaux sont actuellement en cours, à la suite d'études sur la distribution de *C. imicola* et sa capacité vectorielle en France.

De manière générale, aujourd'hui, face au développement des maladies vectorielles, un effort important de recherche sur la modélisation est nécessaire afin d'améliorer les stratégies de lutte et de contrôle. Le potentiel d'application de nouvelles méthodes de modélisation à l'épidémiologie est exploré, développement facilité notamment par l'augmentation des capacités de calcul des ordinateurs.

---

## V - CONCLUSION

---

Cet article a pour objectif de présenter de façon générale différents types de modèles développés pour les maladies à transmission vectorielle, illustrés par l'exemple sur la fièvre catarrhale ovine.

Cet exemple nous a permis d'illustrer l'élaboration d'un modèle géographique, d'une part, et d'un modèle de la capacité vectorielle, d'autre part, ainsi que les limites d'application des deux types d'approche. En particulier, la difficulté de mettre au point un modèle complet a été mise en évidence : chaque type de modèle est conçu pour apporter des éléments

de réponse à un problème donné, mais comporte des limites d'application.

La complémentarité des approches permet d'envisager la mise au point de nouveaux outils pour améliorer la compréhension des mécanismes de transmission de la maladie étudiée et les stratégies de lutte. Ce développement nécessite un travail interdisciplinaire impliquant épidémiologistes, entomologistes et modélisateurs et une collaboration étroite entre chercheurs, décideurs de santé publique ou vétérinaire et praticiens.

## BIBLIOGRAPHIE

- Anderson R. M. *et al.* - Infectious diseases of humans: dynamics and control, 757 pages, Oxford University Press, New York, 1991.
- Baldet T. *et al.* - Entomological surveillance of bluetongue in France in 2002. *Veterinaria Italiana*, 2003, **40**, 226-231.
- Baylis M. *et al.* - Use of climatic data and satellite imagery to model the abundance of *Culicoides imicola*, the vector of African horse sickness virus, in Morocco. *Medical and Veterinary Entomology*, 1998, **12**, 255-266.
- Beck L. R. *et al.* - Remote Sensing as a landscape epidemiologic tool to identify villages at high risk for malaria transmission. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 1994, **51**, 271-280.
- Calistri P. *et al.* - The distribution of *Culicoides imicola* in Italy: Application and evaluation of current Mediterranean models based on climate. *Journal of Veterinary Medicine Series B-Infectious Diseases and Veterinary Public Health*, 2003, **50**, 132-138.
- Curran P. J. *et al.* - Linking remote sensing, land cover and disease. *Advances in parasitology*, 2000, **47**, 37-80.
- De La Rocque S. *et al.* - Du satellite au microsatellite. Le risque trypanosomien. Une approche globale pour une décision locale, 152 pages, Editions du CIRAD, Montpellier, 2001.
- Degallier N. *et al.* - Une nouvelle méthode d'estimation du taux de reproduction des maladies (R0) : application à l'étude des épidémies de dengue dans le District Fédéral (Brésil). *Environnement, Risques et Santé*, 2005, **2**, 131-135.
- Diekmann O. *et al.* - Mathematical Epidemiology of Infectious Diseases: Model Building, Analysis and Interpretation, 303 pages, John Wiley & Sons Ltd, Chichester, England, 2000.
- Dister S. W. *et al.* - Landscape characterization of peridomestic risk for Lyme disease using satellite imagery. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 1997, **57**, 687-692.
- Dye C. - The Analysis of Parasite Transmission by Bloodsucking Insects. *Annual Review of Entomology*, 1992, **37**, 1-19.
- Dye C. - Vectorial capacity: Must we measure all its components? *Parasitology Today*, 1986, **2**, 203-209.
- Estrada-Peña *et al.* - Geostatistics and remote sensing using NOAA-AVHRR satellite imagery as predictive tools in tick distribution and habitat suitability estimations for *Boophilus microplus* (Acari : Ixodae) in South America. *Veterinary Parasitology*, 1999, **81**, 73-82.
- Frey H. C. *et al.* - Evaluation of Selected Sensitivity Analysis Methods Based Upon Applications to Two Food Safety Process Risk Models, 496 pages, Report for U.S. department of Agriculture, Washington, 2003.
- Frey H. C. *et al.* - Identification and Review of Sensitivity Analysis Methods. *Risk Analysis*, 2002, **22**, 553-578.
- Garrett-Jones C. - The Human Blood Index of Malaria Vectors in Relation to Epidemiological Assessment. *Bulletin of the World Health Organization*, 1964a, **30**, 241-61.
- Garrett-Jones C. - Prognosis for interruption of malaria transmission through assessment of the mosquito's vectorial capacity. *Nature*, 1964b, **204**, 1173-1175.
- Garrett-Jones C. *et al.* - The assessment of insecticidal impact on the malaria mosquito's vectorial capacity, from data on the proportion of parous females. *Bulletin of the World Health Organization*, 1964, **31**, 71-86.
- Gatrell A. C. *et al.* - GIS and Health Research: an introduction. *In: GIS and Health*. Taylor & Francis, London, 1998, 3-16.
- Gerry A. C. *et al.* - Seasonal abundance and survivorship of *Culicoides sonorensis* (Diptera: Ceratopogonidae) at a southern California dairy, with reference to potential bluetongue virus transmission and persistence. *Journal of Medical Entomology*, 2000, **37**, 675-88.
- Glaser A. - West Nile virus and North America: An unfolding story. *Revue Scientifique et Technique de l'Office International des Epizooties*, 2004, **23**, 557-568.
- Guis H. - Caractérisation par télédétection de l'environnement favorable aux *Culicoides*, vecteurs de la fièvre catarrhale ovine dans

- le bassin méditerranéen : cas de la Corse, 60 pages, Rapport du Mastère SILAT (Systèmes d'Informations Localisées pour l'Aménagement des Territoires), Montpellier, 2004.
- Hay S. I. - Remote sensing and disease control: past, present and future. *Transactions of the royal society of tropical medicine and hygiene*, 1997, **92**, 105-106.
- Hay S. I. *et al.* - Remotely sensed surrogates of meteorological data for the study of the distribution and abundance of arthropod vectors of disease. *Annals of Tropical Medicine and Parasitology*, 1996, **90**, 1-19.
- Jetten T. H. *et al.* - Potential changes in the distribution of dengue transmission under climate warming. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 1997, **57**, 285-297.
- Kermack W. O. *et al.* - A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the Royal Society*, 1927, **A115**, 700-721.
- Kitron U. - Landscape ecology and epidemiology of vector-borne diseases: tools for spatial analysis. *Entomological Society of America*, 1998, **35**, 435-445.
- Lord C. C. *et al.* - Vector-borne diseases and the basic reproduction number: A case study of African horse sickness. *Medical and Veterinary Entomology*, 1996, **10**, 19-28.
- MacDonald G. - The analysis of the sporozoite rate. *Tropical diseases bulletin*, 1952, **49**, 569-586.
- MacDonald G. - The epidemiology and control of malaria, 201 pages, Oxford University Press, London, 1957.
- MacLachlan N. J. - The Pathogenesis and Immunology of Bluetongue Virus-Infection of Ruminants. *Comparative Immunology Microbiology and Infectious Diseases*, 1994, **17**, 197-206.
- Mellor P. S. *et al.* - Culicoides biting midges: Their role as arbovirus vectors. *Annual Review of Entomology*, 2000, **45**, 307-340.
- Murray J. D. - Geographic spread and control of epidemics. *In: Mathematical Biology: II: Spatial Models and Biomedical Applications*. New York, 2003, 661-721.
- Office International des Epizooties - La santé animale dans le monde en 2003, [http://www.oie.int/fr/info/fr\\_sam.htm](http://www.oie.int/fr/info/fr_sam.htm), 2003.
- Okubo A. - Diffusion and ecological problems: mathematical models, 254 pages, Springer, Berlin, 1980.
- Organisation Mondiale de la Santé - Global Strategic Framework for Integrated Vector Management, Geneva, 2004.
- Omumbo J. A. *et al.* - Updating historical maps of malaria transmission intensity in East Africa using remote sensing. *Photogrammetric Engineering & Remote Sensing*, 2002, **68**, 161-166.
- Prakash A. *et al.* - Estimation of Vectorial Capacity of Anopheles dirus (Diptera: Culicidae) in a Forest-Fringed Village of Assam (India). *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 2001, **1**, 231-237.
- Purse B. V. *et al.* - Climate change and the recent emergence of bluetongue in Europe. *Nature Reviews Microbiology*, 2005, **3**, 171-181.
- Purse B. V. *et al.* - Modelling the distributions of Culicoides bluetongue virus vectors in Sicily in relation to satellite-derived climate variables. *Medical and Veterinary Entomology*, 2004, **18**, 90-101.
- Raffy M. *et al.* - On the dynamics of flying insects populations controlled by large scale information. *Theoretical Population Biology*, 2005, **68**, 91-104.
- Reisen W. K. - Estimation on vectorial capacity: introduction. *Bulletin of the Society for Vector Ecology*, 1989, **14**, 39-40.
- Rejmankova E. *et al.* - Predictions of adult anopheles albimanus densities in villages based on distances to remotely sensed larval habitats. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 1995, **53**, 482-488.
- Rodhain F. *et al.* - Précis d'entomologie médicale et vétérinaire, 443 pages, Ed. Maloine, Paris, 1985.
- Roger F. - Emergence of Bluetongue Disease in the Mediterranean basin: Modelling Locations at Risk for Potential Vectors (Culicoides spp.) using Satellite Imagery. Research Project Report submitted in part fulfilment of the requirements for the degree of Master of Science in Veterinary Epidemiology, University of London, 2002.
- Rogers D. J. *et al.* - Predicting the distribution of tsetse flies in West Africa using temporal Fourier processed meteorological satellite data. *Annals of Tropical Medicine and Parasitology*, 1996, **90**, 225-241.

- Rogers D. J. *et al.* - Distribution of Tsetse and ticks in Africa: past, present and future. *Parasitology Today*, 1993, **9**, 266-271.
- Tatem A. J. *et al.* - Prediction of bluetongue vector distribution in Europe and north Africa using satellite imagery. *Veterinary Microbiology*, 2003, **97**, 13-29.
- Thomson M. C. *et al.* - Environmental information systems for the control of arthropod vectors of disease. *Medical and Veterinary Entomology*, 2000, **14**, 227-244.
- Tran A. *et al.* - On the dynamics of dengue epidemics from large scale information. *Theoretical Population Biology*, sous presse.
- Van den Driessche P. *et al.* - Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. *Mathematical Biosciences*, 2002, **180**, 29-48.
- Vose D. - Risk analysis : a quantitative guide, 418 pages, 2d, New York, 2000.
- Washino R. K. *et al.* - Application of remote sensing to arthropod vector surveillance and control. *Am J Trop Med Hyg*, 1994, **50**, 134-144.
- Wittman E. J. *et al.* - Using climate data to map the potential distribution of *Culicoides imicola* (Diptera: Ceratopogonidae) in Europe. *Revue Scientifique et Technique de l'Office International des Epizooties*, 2001, **20**, 731-740.



## Remerciements

Les auteurs tiennent à remercier les différentes personnes ayant contribué aux études présentées dans cet article, notamment : Dr. T. Baldet et Dr. G. Gerbier (CIRAD, département Elevage et médecine vétérinaire), Pr. J-C Delécolle (Université Louis Pasteur de Strasbourg), B. Mathieu (Entente interdépartementale de démoustication), Dr. F. Mauny et Pr. J-F Viel (Université de Franche-Comté) ainsi que les services vétérinaires départementaux de Corse et du Var et les éleveurs qui ont permis de récolter les données de terrain indispensables.

Ces études ont été réalisées dans le cadre du projet « Processus et facteurs d'endémisation et de diffusion d'une maladie vectorielle émergente dans les écosystèmes méditerranéens » financé par le Ministère de la recherche (ACI Ecologie quantitative) et ont bénéficié du programme ISIS du CNES pour l'acquisition d'images SPOT.