



Diplôme Inter-Universitaire International. Infections émergentes: une approche One Health,
Montpellier-Dakar, juin 2026

Facteurs d'émergence et de transmission de maladies infectieuses. Quelques notions autour des nouveaux concepts *OneHealth* et *EcoHealth*

Jean-François Guégan

DRCE IRD, UMR MIVEGEC, Montpellier

Professeur à l'EHESP, Rennes, Paris

Président du CS de l'ENVT, Toulouse,

CSI Santé publique France, St Maurice (2021-2025)

Ancien membre du Haut conseil de la Santé publique

Co-Président des comités d'évaluation de programmes de l'ANRS-MIE

Courriel : jean-francois.guegan@ird.fr

Award #1911457



LabEx CEBA
ANR-10-LAB-2501



UNIVERSITÉ
DE MONTPELLIER



Changement global ou changements globaux ?

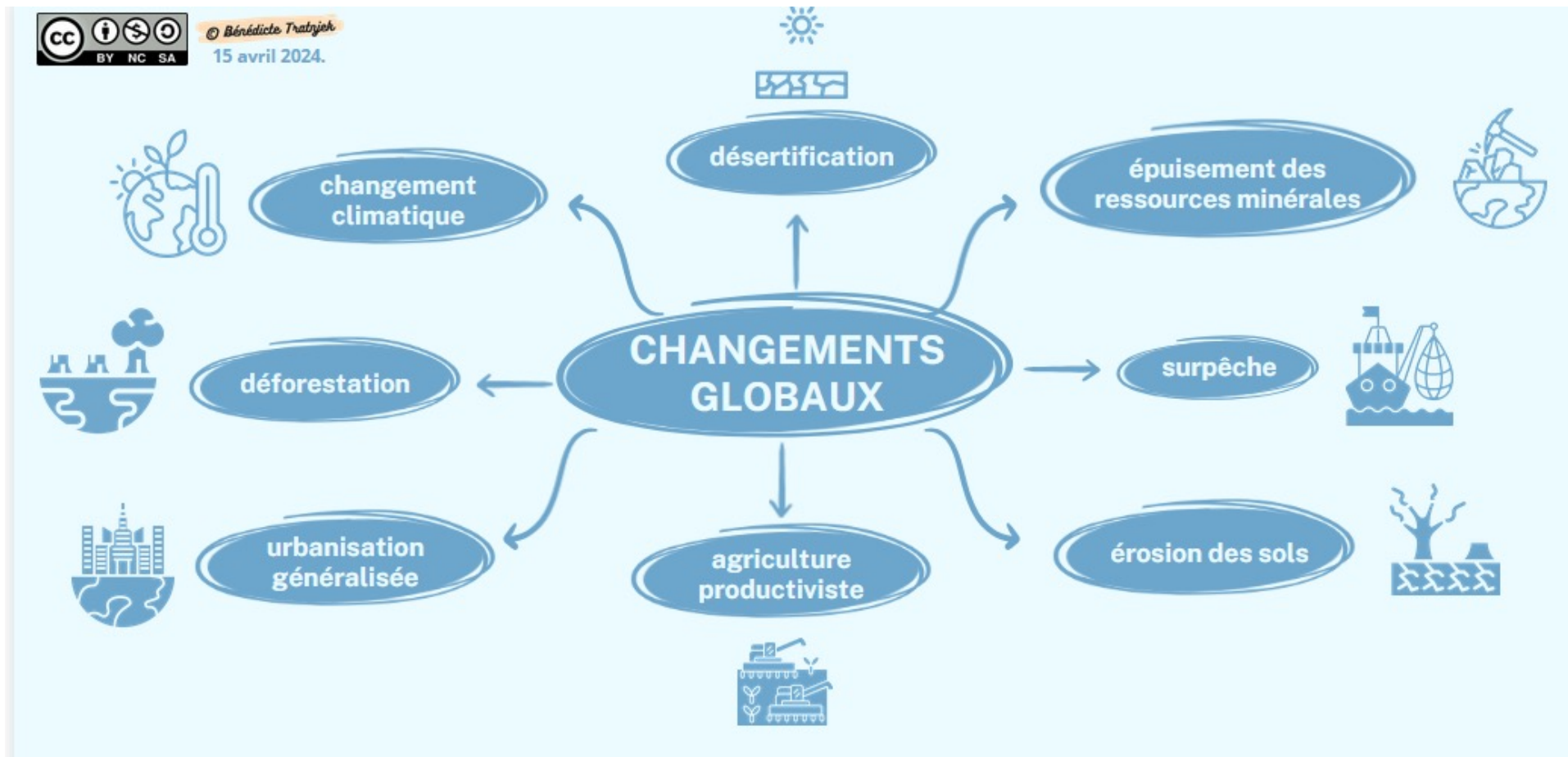
Le **changement global** désigne l'ensemble des transformations rapides et d'ampleur planétaire, faisant plus spécifiquement référence aux effets des activités anthropiques sur l'environnement. Ces modifications touchent à la fois le climat, les écosystèmes naturels et les sociétés humaines. Ainsi, le changement global revêt à la fois une dimension environnementale et une dimension sociétale. L'aspect le plus médiatisé de ce phénomène reste le changement climatique, illustrant l'entrée dans l'Anthropocène avec l'importance des impacts anthropiques.

Au cours des dernières décennies, les preuves se sont accumulées en faveur de l'existence de **divers changements** en cours et rapides touchant l'ensemble de la planète Terre, mais pouvant s'exprimer de manière très hétérogène en fonction des régions et des territoires. Leur pluralité ainsi que les inégalités dans les responsabilités et dans l'exposition aux effets de ces changements militent pour l'utilisation de l'expression « **changements globaux** », et qui posent un enjeu central pour les politiques publiques, aussi bien au niveau local qu'international.

L'expression a progressivement glissé vers un sens plus large que les seuls changements climatiques pour désigner tous les changements imprimés aux écosystèmes par l'anthropisation. L'une des composantes fondamentales des changements globaux est **la rapidité avec laquelle se déroulent les processus**. L'usage du pluriel permet d'insister sur l'aspect multiforme de ces changements et de ne pas les réduire au seul changement climatique, et d'inviter à une approche systémique.

Les changements globaux sont multiscalaires par essence. Si les questions climatiques et environnementales sont *globales* et appellent à des réponses collectives à l'échelle de l'humanité, telles que les conférence des parties (COP), les *changements* dont il s'agit sont nécessairement différenciés selon les espaces et les sociétés qui les habitent, et se traduisent par des **facultés de résilience** mais aussi des inégalités de vulnérabilité. L'étude des changements globaux se place dans le champ de la **démarche prospective** dans la mesure où elle s'appuie sur des diagnostics des territoires locaux d'une part et sur des scénarios prospectifs d'autre part.

Changements globaux. Des exemples. <http://www.futureearth.org>

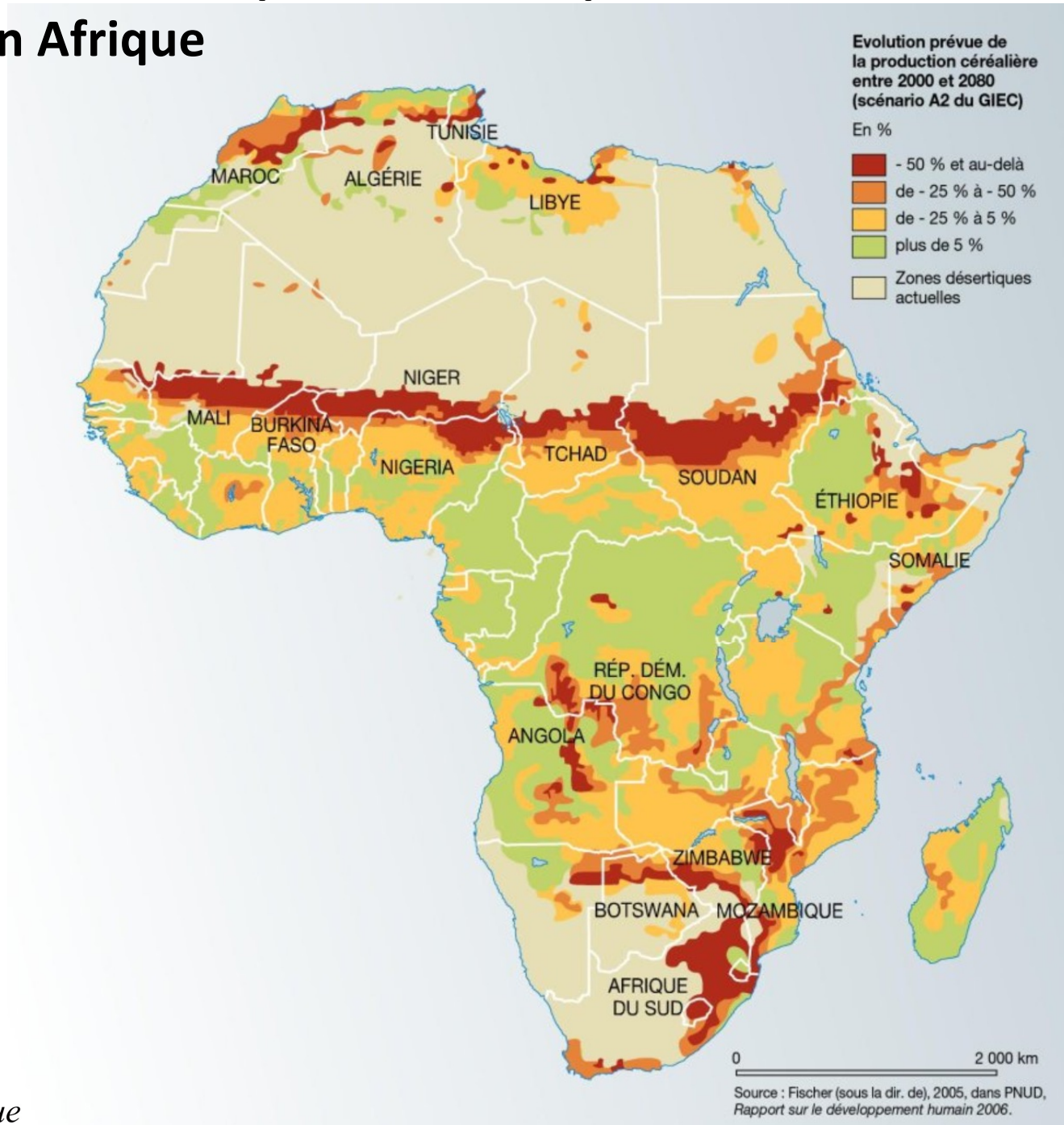


Quelques points de vigilance :

- **Il n'est pas neutre de parler de changement climatique "uniquement" :** c'est réduire le changement global à une dimension unique, et prendre le risque de produire des représentations simplistes.
- **Il n'est pas neutre de n'évoquer le "changement global" qu'au singulier.** S'il s'agit souvent de méconnaissance face à la définition réelle de "changements globaux", l'emploi du pluriel sert à prendre conscience des multiples sources de modifications durables et massives de l'environnement par les sociétés, et donc de l'ampleur des effets sur la planète.



Le changement climatique menace la productivité céréalière en Afrique



CHANGEMENT CLIMATIQUE

VULNÉRABILITÉ

Facteurs de vulnérabilité

- Facteurs démographiques
- Facteurs géographiques
- Facteurs biologiques & facteurs liés à l'état de santé
- Conditions sociopolitiques
- Facteurs socio-économiques

Modes d'exposition

- Événements climatiques extrêmes
- Contraintes thermiques
- Qualité de l'air
- Qualité et quantité de l'eau
- Sécurité et sûreté alimentaire
- Distribution & écologie des vecteurs

Capacité et résilience du système de santé

- Leadership & gouvernance
- Personnel de santé
- Systèmes d'information sur la santé
- Produits et technologies médicaux essentiels
- Prestation de services
- Financement

RISQUES SANITAIRES LIÉS AU CLIMAT

Résultats en matière de santé



Blessures et mortalité dues à des phénomènes météorologiques extrêmes



Maladies liées à la chaleur



Maladies respiratoires



Maladies transmises par l'eau et autres impacts sanitaires liés à l'eau



Zoonoses



Maladies transmises par des vecteurs



Malnutrition et maladies d'origine alimentaire



Maladies non transmissibles (MNT)



Santé mentale et psychosociale

Résultats des systèmes & installations de santé



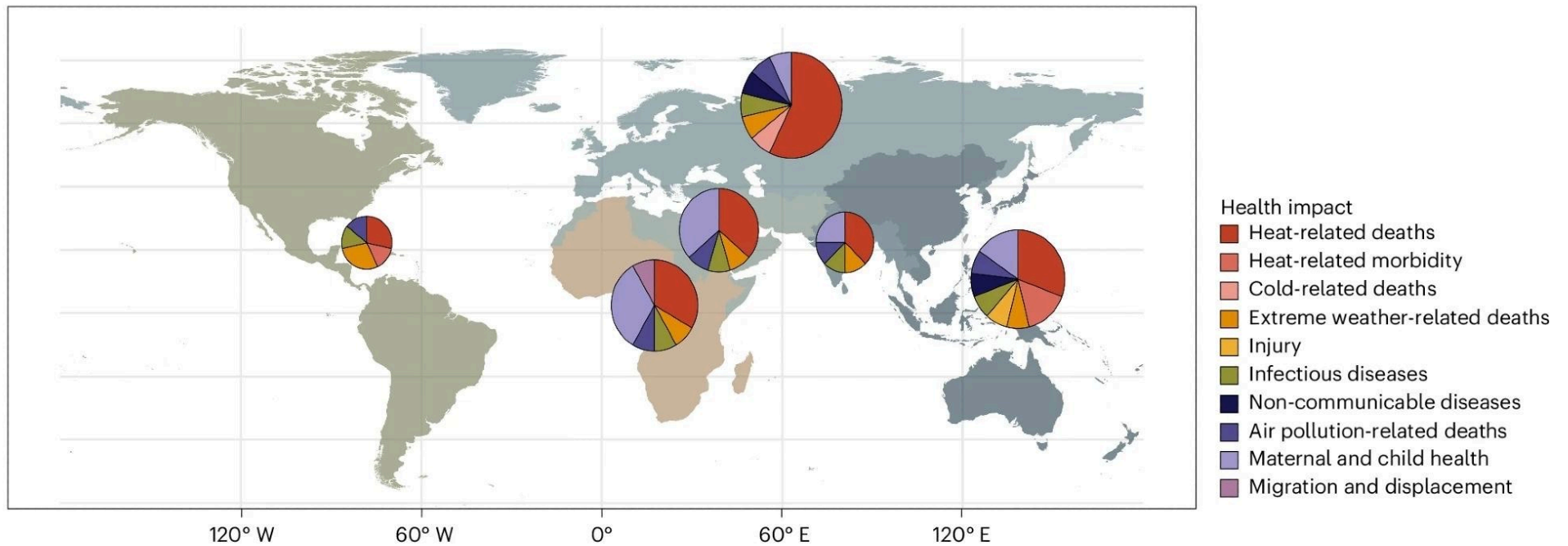
Impacts sur les établissements de santé



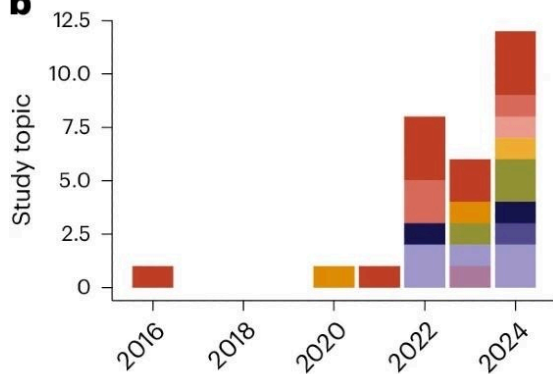
Effets sur les systèmes de santé

Des disparités continentales, régionales et locales dans les effets et leurs conséquences entre populations

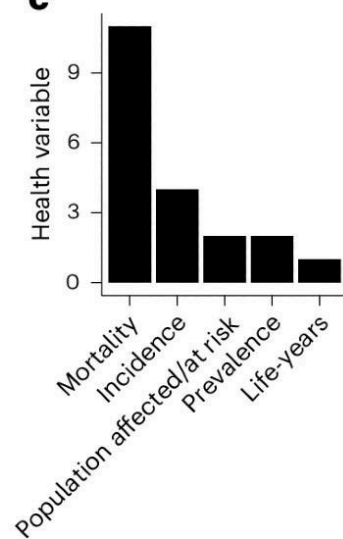
a



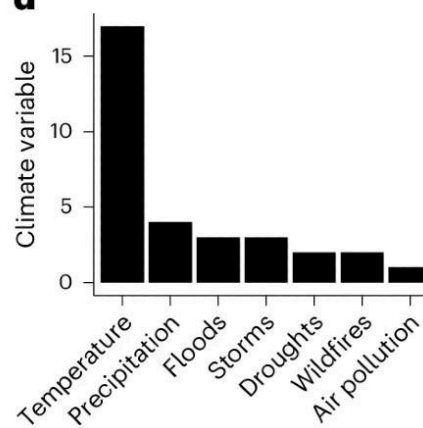
b



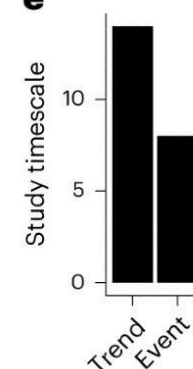
c



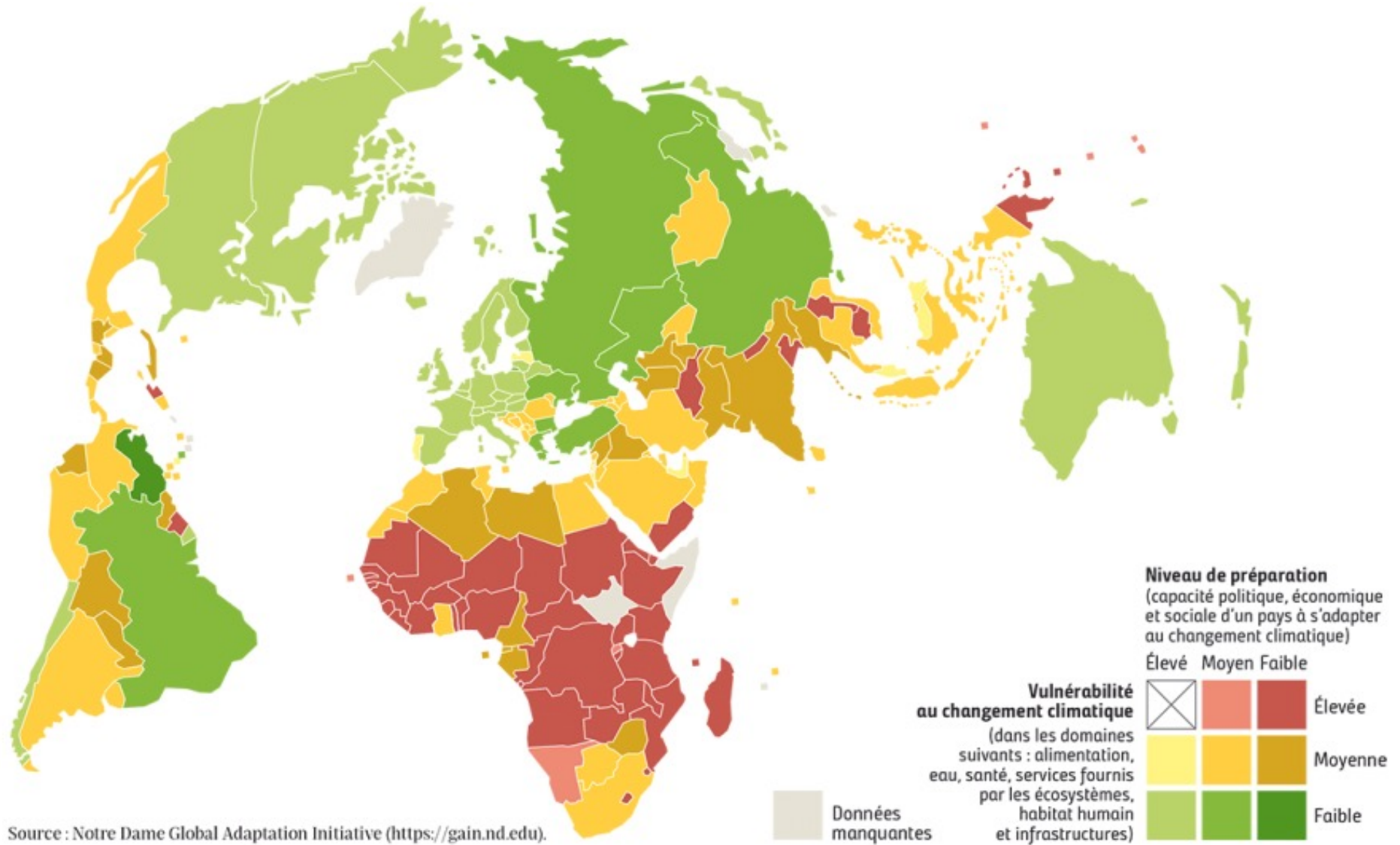
d



e



Des niveaux de préparation à s'adapter très disparates



Source : Notre Dame Global Adaptation Initiative (<https://gain.nd.edu>).





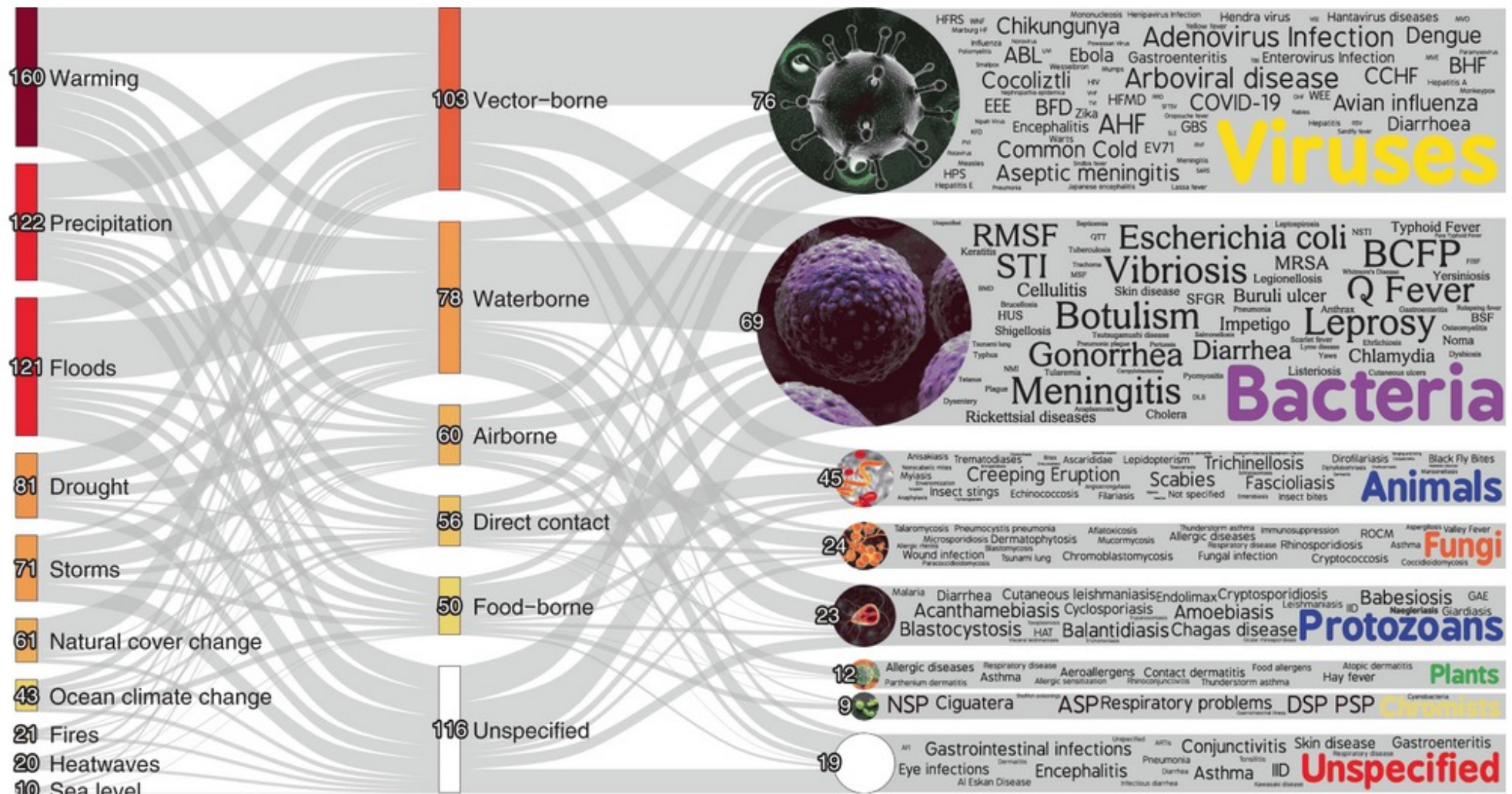
À PARIS,
DEPUIS LONGTEMPS?

DEPUIS LES GROSSES
CHALEURS



PESSIN

Des systèmes infectieux très dépendants de variables bioclimatiques



Représentation graphique des liens entre phénomènes climatiques (colonne de gauche) et agents pathogènes (colonne de droite) via différents mécanismes de transmission (colonne du milieu). Plus les lignes sont épaisses, plus les liens sont nombreux. Enfin, la couleur représente la quantité de maladies infectieuses impliquées, les plus grands nombres correspondant aux couleurs rouge et orange. Crédits : Camilo Mora & coll. 2022.

Ulcère de Buruli et mycobactéries en Guyane française

Emerging Microbes and Infections (2014) 3, e56; doi:10.1038/emi.2014.56
© 2014 SSSC. All rights reserved 2222-1751/14
www.nature.com/emi



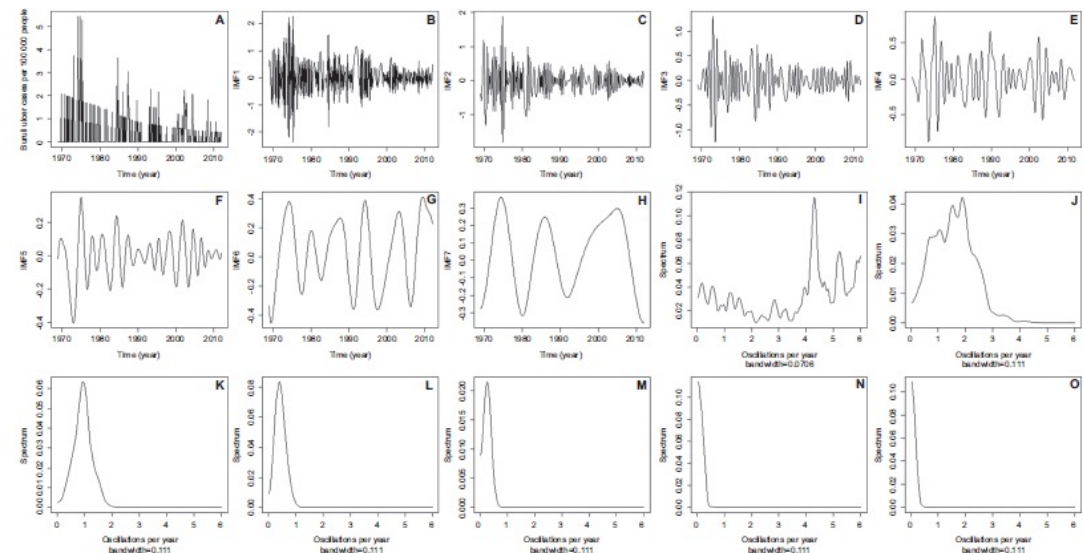
OPEN



ORIGINAL ARTICLE

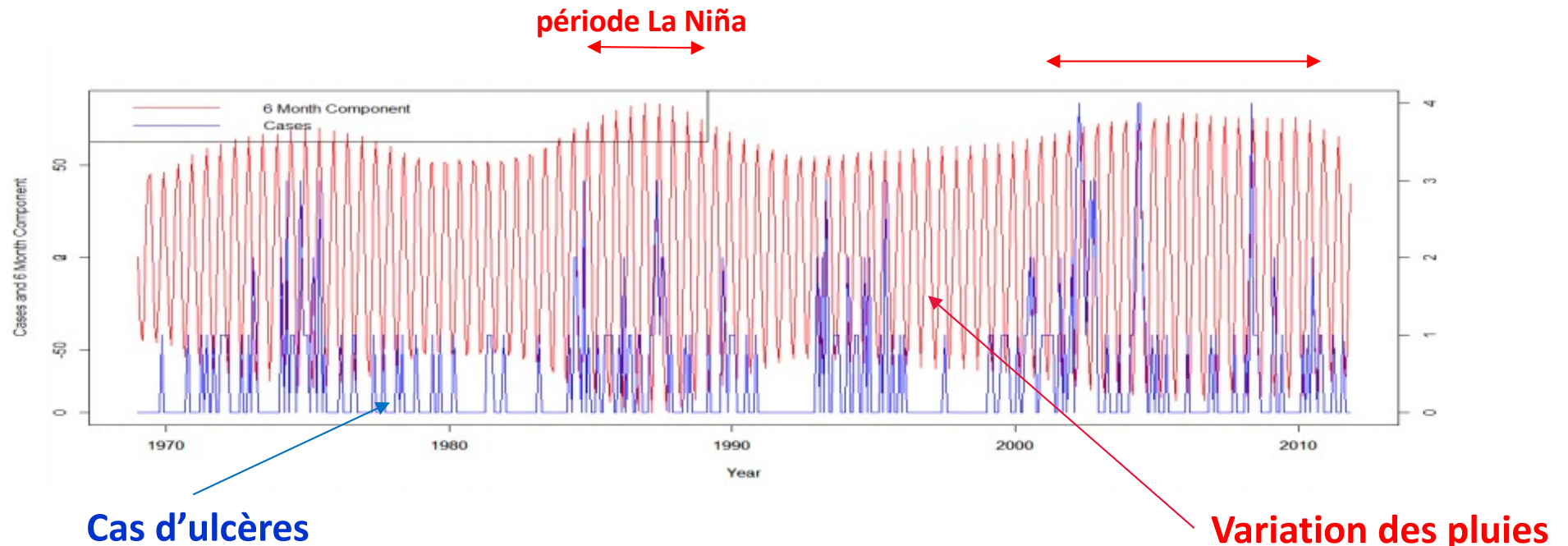
Complex temporal climate signals drive the emergence of human water-borne disease

Aaron Morris^{1,2}, Rodolphe E Gozlan^{1,3}, Hossein Hassani¹, Demetra Andreou¹, Pierre Couppié⁴
and Jean-François Guégan²



Cas d'ulcère de Buruli en Guyane française et événements La Niña en Amérique du Sud

La variabilité à moyen terme des pluies dans la région conduit à plus de cas d'ulcère de Buruli dans la population guyanaise



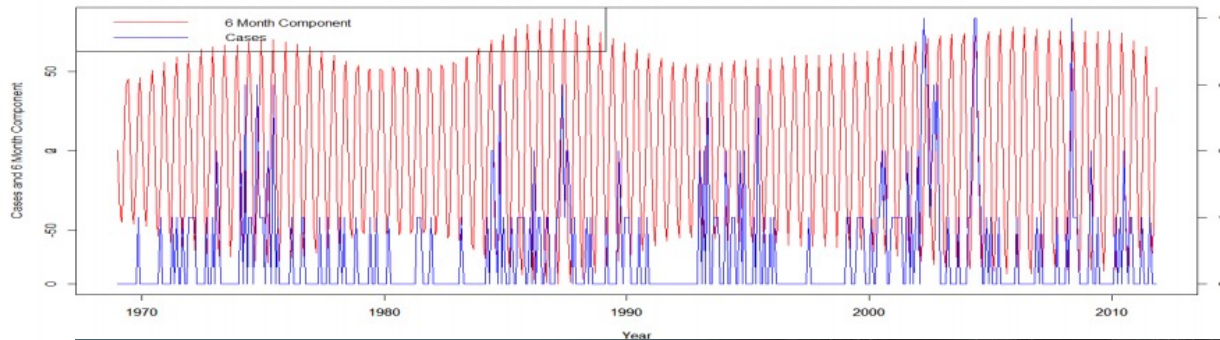
Emerging infectious diseases and new pandemics: dancing with a ghost! Lessons in inter- and transdisciplinary research in French Guiana, South America

Jean-François Guégan^{1,2,*}, Loïc Epelboin^{3,4}, Maylis Douine⁴, Paul Le Turnier³, Olivier Duron¹, Lise Musset⁵, Christine Chevillon¹, Philippe Quénel⁶, Mark Eric Benbow⁷, Benoît de Thoisy⁸



International Journal of Infectious Diseases 133 (2023) 9–13

Cas d'ulcère de Buruli en Guyane française et événements La Niña en Amérique du Sud



Mycobacterium ulcerans/Buruli ulcer

IOP Publishing

Environ. Res. Lett. 15 (2020) 083007

<https://doi.org/10.1088/1748-9326/ab8dd7>

Environmental Research Letters



Topical Review

Forests and emerging infectious diseases: unleashing the beast within

OPEN ACCESS

RECEIVED
16 March 2020

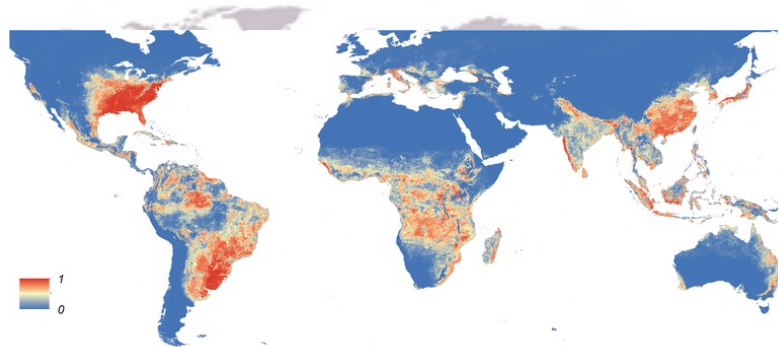
Jean-François Guégan^{1,2,3}, Ahidjo Ayouba⁴, Julien Cappelle^{3,5} and Benoit de Thoisy⁶



Le moustique-tigre, *Aedes albopictus*



Rapid spread worldwide



Main introduction routes



Figure 2. Main *Aedes albopictus* introduction routes: (A) Used tyres. (B),(C) Lucky Bamboo (*Dracaena* spp.).

Scholte & Schaffner, 2007

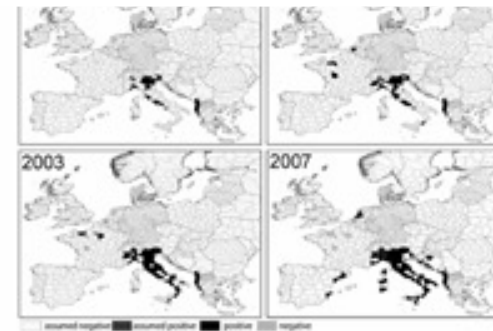


Figure 3. Presence of *Aedes albopictus* in Europe per province for the years 1997-2007. Data to complete this figure were kindly made available by Roberto Romi (Italy), Roger Eritja and David Ruiz (Spain), Eleonora Flacio (Switzerland), Charles Jannin (France), Anna Klobučar (Croatia), Zoran Lukac (Bosnia and Herzegovina), Igor Pajovic and Dusan Petric (Serbia and Montenegro), Joern Pluskota (Germany), Anna Samanidou-Viyadoglou (Greece). The map was made by Patrizia Scarpulla. The 2007 outbreak of Chikungunya virus in Italy is indicated with an arrow in the 2007 box.

Scholte & Schaffner, 2007

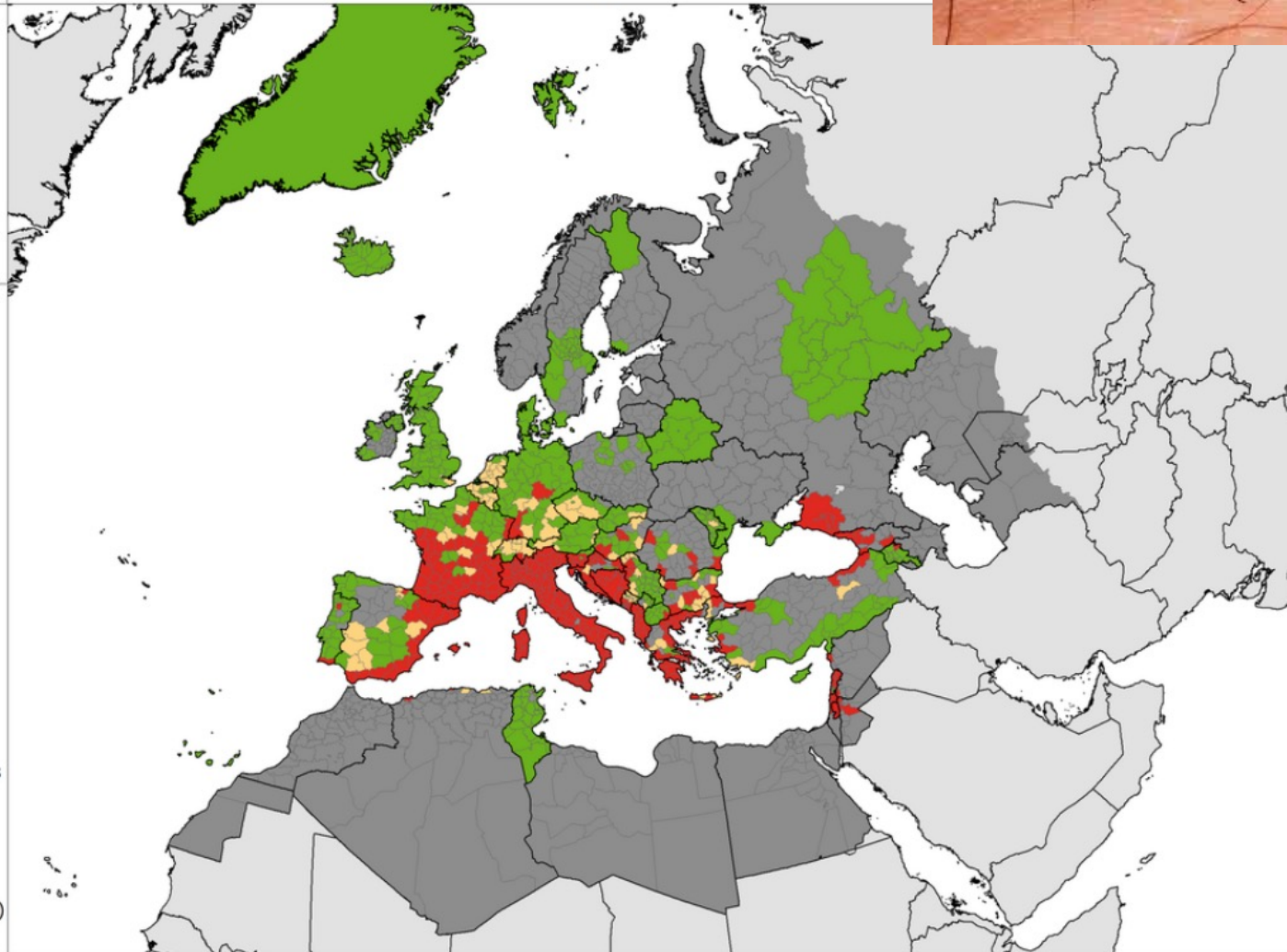


Legend

- Established
- Introduced
- Absent
- No data
- Unknown
- Outside scope

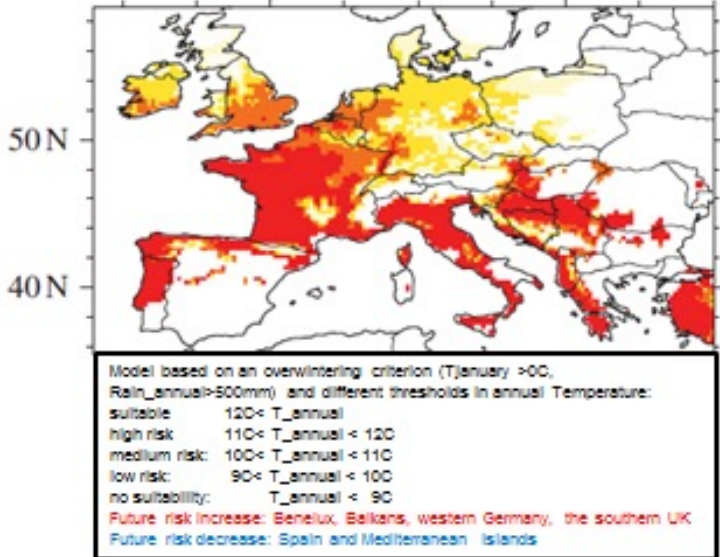
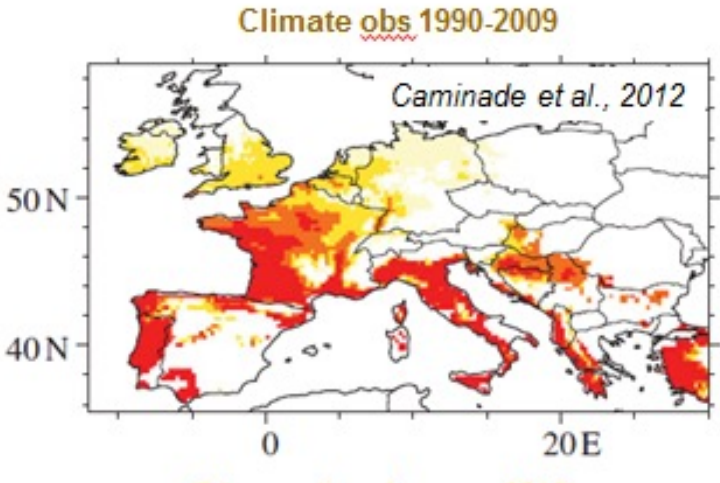
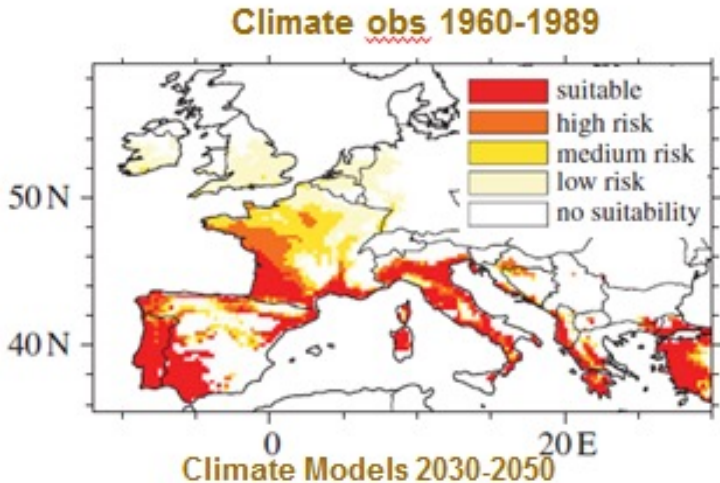
Countries/Regions not viewable in the main map extent*

-  Malta
-  Monaco
-  San Marino
-  Gibraltar
-  Liechtenstein
-  Azores (PT)
-  Canary Islands (ES)
-  Madeira (PT)
-  Jan Mayen (NO)



ECDC and EFSA, map produced on 12 Mar 2021. Data presented in this map are collected by the VectorNet project. Maps are validated by external experts prior to publication. Please note that the depicted data do not reflect the official views of the countries.
 * Countries/Regions are displayed at different scales to facilitate their visualisation. The boundaries and names shown on this map do not imply official endorsement or acceptance by the European Union. Administrative boundaries © EuroGeographics, UNFAO.

Cartes simulées de distribution possible du moustique-tigre



Caminade et al. (2013, 2014)

Les événements extrêmes sont importants pour les insectes (-vecteurs)

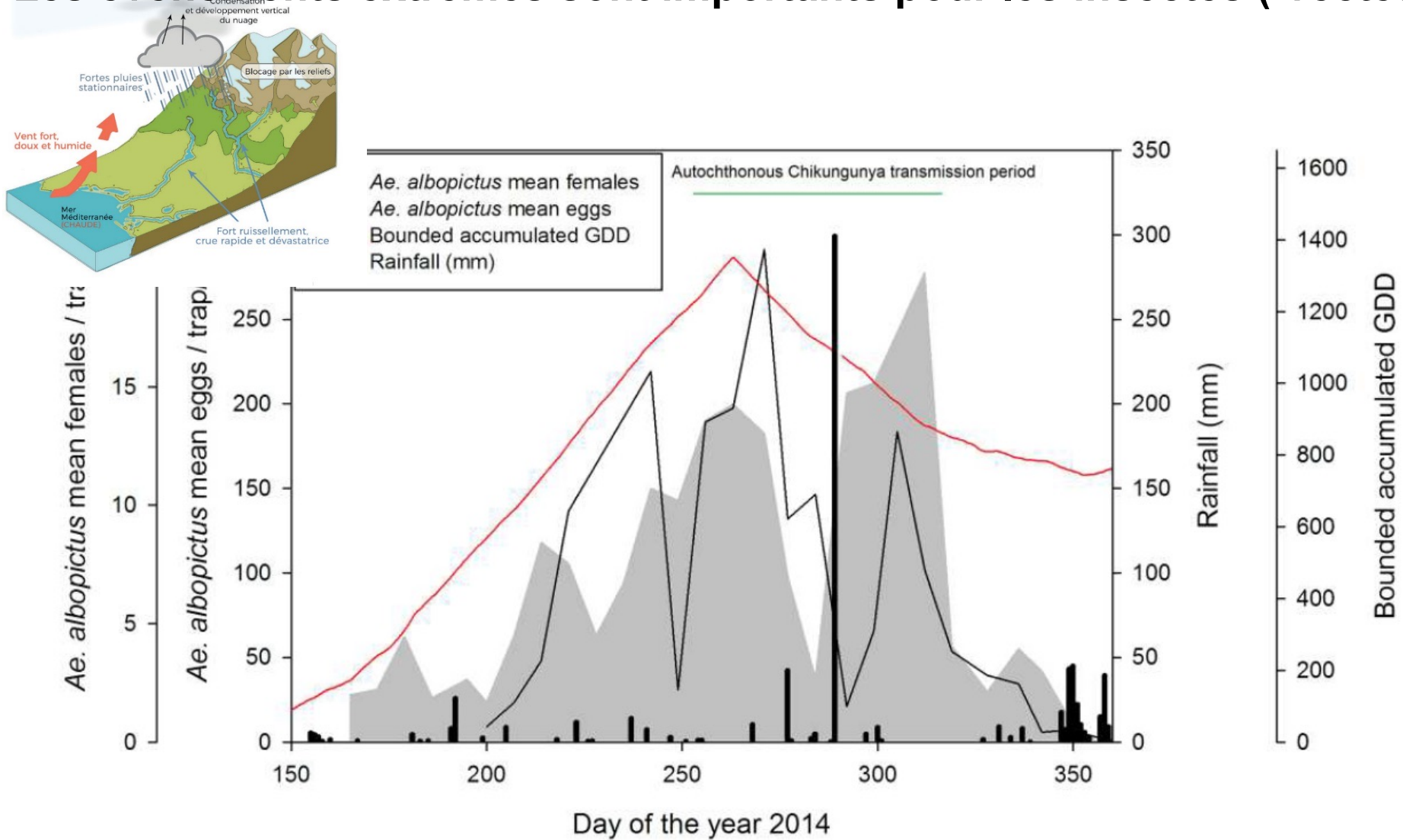


Fig 1. Mean number of *Ae. albopictus* eggs per trap per week (black line), *Ae. albopictus* females per trap per day (grey area) in 24 BGs and 24 ovitraps positioned in 8 locations in Montpellier in 2014. Autochthonous chikungunya transmission period (green line); weekly bounded accumulated Growing Degree Days (red line); weekly rainfall (black bars).



Classification des déterminants principaux responsables de l'émergence, dans les populations humaines, de 177 agents étiologiques responsables de maladies infectieuses émergentes, et présentation de quelques exemples de pathologies associées

D'après Woolhouse et Gowtage-Sequeria (2005)

Rang	Déterminant (classé par ordre)	Exemples
1	Changements d'usage des sols, pratiques agricoles et agronomiques et procédés liés	Infection à virus Nipah en Asie du Sud-Est, <i>ESB</i>
2	Changements démographiques, sociétaux et comportementaux	Coqueluche humaine, VIH, syphilis
3	Précarité des conditions sanitaires	Choléra, tuberculose
4	Liés à l'hôpital (nosocomial) ou à des erreurs de soins et de pratiques	<i>Staphylococcus aureus</i> , <i>Pseudomonas aeruginosa</i>
5	Evolution des agents pathogènes (résistance aux antibiotiques, augmentation de virulence...)	ERG, Chikungunya, A/H1N1, H5N1
6	Contamination par les aliments ou l'eau	<i>E. coli</i> , <i>ESB</i> , <i>Salmonella</i>
7	Voyages et échanges humains intercontinentaux	Dengue, grippe saisonnière, H5N1
8	Défauts, désorganisation des systèmes de santé et de surveillance	Maladie du sommeil en Afrique centrale, maladies à tique et tuberculose en
9	Transports économiques de biens commerciaux et d'animaux	Virus Monkeypox, H5N1, <i>Salmonella</i>
10	Changement climatique	Paludisme en Afrique de l'Est, dengue en Asie du Sud-Est, leishmaniose viscérale dans l'Europe du Sud (forte suspicion)



Classification des déterminants principaux responsables de l'émergence, dans les populations humaines, de 177 agents étiologiques responsables de maladies infectieuses émergentes, et présentation de quelques exemples de pathologies associées

D'après Woolhouse et Gowtage-Sequeria (2005)

Rang	Déterminant (classé par ordre)	Exemples
1	Changements d'usage des sols, pratiques agricoles et agronomiques et procédés liés	Infection à virus Nipah en Asie du Sud-Est, <i>ESB</i>
2	Changements démographiques, sociétaux et comportementaux	Coqueluche humaine, VIH, syphilis
3	Précarité des conditions sanitaires	Choléra, tuberculose
4	Liés à l'hôpital (nosocomial) ou à des erreurs de soins et de pratiques	<i>Staphylococcus aureus</i> , <i>Pseudomonas aeruginosa</i>
5	Evolution des agents pathogènes (résistance aux antibiotiques, augmentation de virulence...)	ERG, Chikungunya, A/H1N1, H5N1
6	Contamination par les aliments ou l'eau	<i>E. coli</i> , <i>ESB</i> , <i>Salmonella</i>
7	Voyages et échanges humains intercontinentaux	Dengue, grippe saisonnière, H5N1
8	Défauts, désorganisation des systèmes de santé et de surveillance	Maladie du sommeil en Afrique centrale, maladies à tique et tuberculose en
9	Transports économiques de biens commerciaux et d'animaux	Virus Monkeypox, H5N1, <i>Salmonella</i>
10	Changement climatique	Paludisme en Afrique de l'Est, dengue en Asie du Sud-Est, leishmaniose viscérale dans l'Europe du Sud (forte suspicion)

OPEN Direct Evidence of Adult *Aedes albopictus* Dispersal by Car

Roger Eritja^{1,2}, John R. B. Palmer^{1,3,4}, David Roiz⁵, Isis Sanpera-Calbet² & Frederic Bartumeus^{1,3,6}

SCIENTIFIC REPORTS | 7: 14399 | DOI:10.1038/s41598-017-12652-5



Figure 3. Photographs of tiger mosquitos in cars submitted by citizen scientists through *Mosquito Alert*.

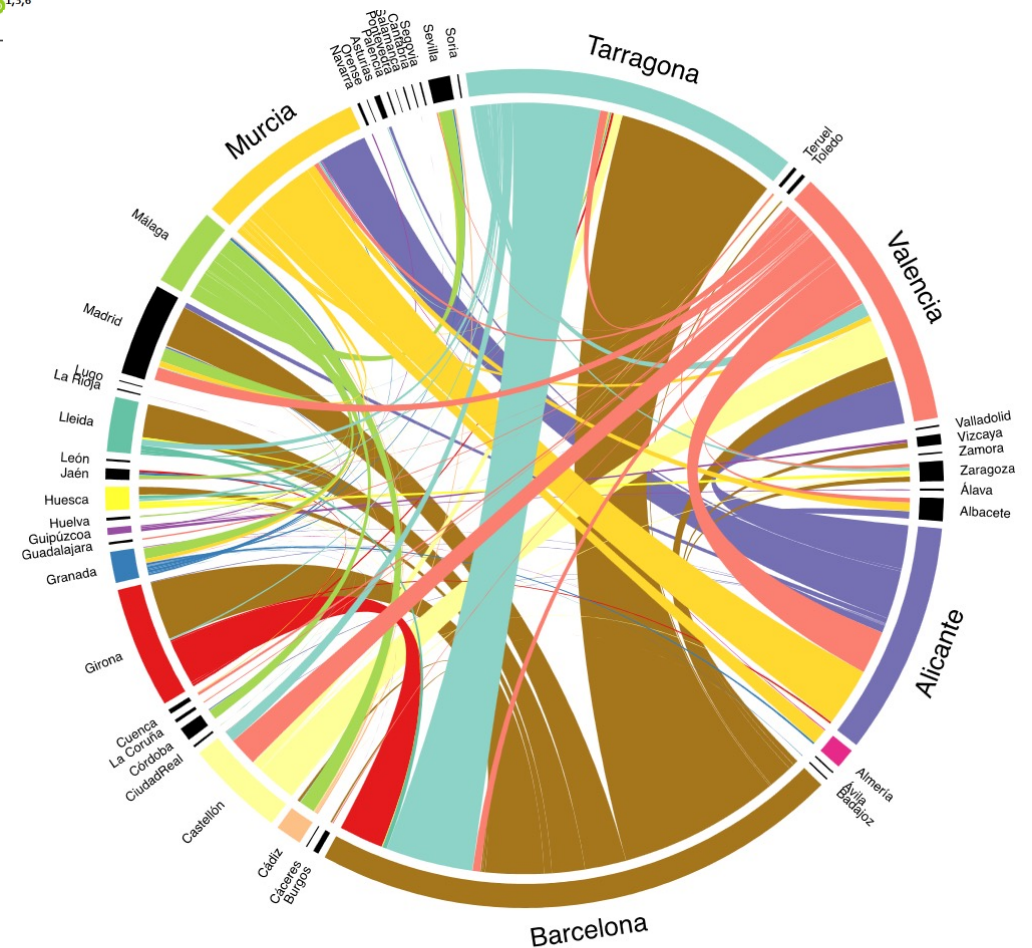


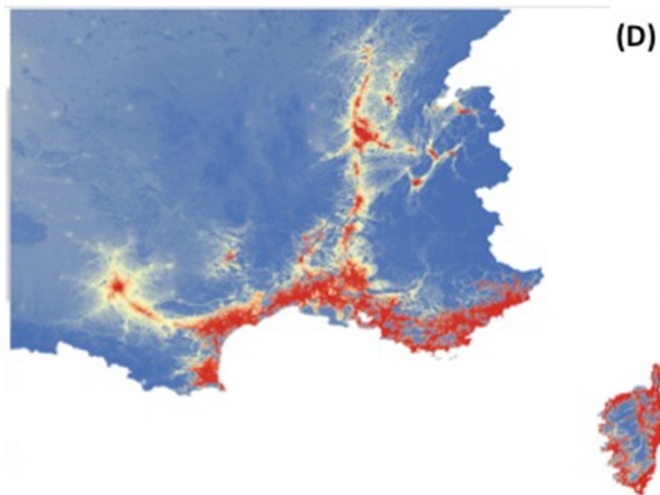
Figure 4. Relative densities of inter-province tiger mosquito transfers via commuter flows during September based on predicted probability of finding a mosquito in a car as a function of origin *Mosquito Alert* probability. Risk of transport out of municipalities in which tiger mosquito presence has not been confirmed is set to zero before aggregating to province level. Colours correspond to source province and link widths are proportional to transfer density. Provinces in which tiger mosquitoes have not been confirmed in any municipality have zero estimated outgoing transfers and are coloured black. Balearic Islands, Canary Islands, Ceuta, and Melilla are excluded. See also Fig. 6 in the Supplementary Information. Estimates based on commuter flow data and human-mosquito interaction data from 2014–2015.

Table 1. Results of statistical modeling.

Variable	Coefficient	Odds Ratio
Agricultural landscape	0.725 (0.052;1.398)	2.065
Peri-urban landscape	0.756 (0.142;1.370)	2.130
Urban landscape	1.189 (0.572;1.805)	3.284
Second semester	1.797 (1.559;2.035)	6.035
Minimum temperature of the coldest month	0.069 (0.055;0.082)	1.071
Distance to colonized area*colonized area	12.804 (11.657;13.951)	3.638e+05
Second semester* minimum temperature of the coldest month	-0.021 (-0.028;-0.014)	0.978
Distance to colonized area*year	2.628 (2.292;2.964)	13.85
Distance to colonized area at previous semester	-8.868 (-9.453;-8.282)	1.408e-04
Distance to area sporadically colonized	-6.146 (-7.272;-5.021)	2.140e-03
Area Under the Curve (AUC):	Fixed effect: 0,96	
	Fixed and random effect: 0,99	
	R2c = 0.883	

All variables have a significant effect of the probability to observe *Aedes albopictus*. The interaction between the distance to colonized area and colonized area positive shows that probability of observing mosquito presence is higher in the middle of the colonized area than on its edges.

doi:10.1371/journal.pone.0125600.t001



Citation: Roche B, Léger L, L'Ambert G, Lacour G, Foussadier R, Besnard G, et al. (2015) The Spread of *Aedes albopictus* in Metropolitan France: Contribution of Environmental Drivers and Human Activities and Predictions for a Near Future. PLoS ONE 10(5): e0125600. doi:10.1371/journal.pone.0125600

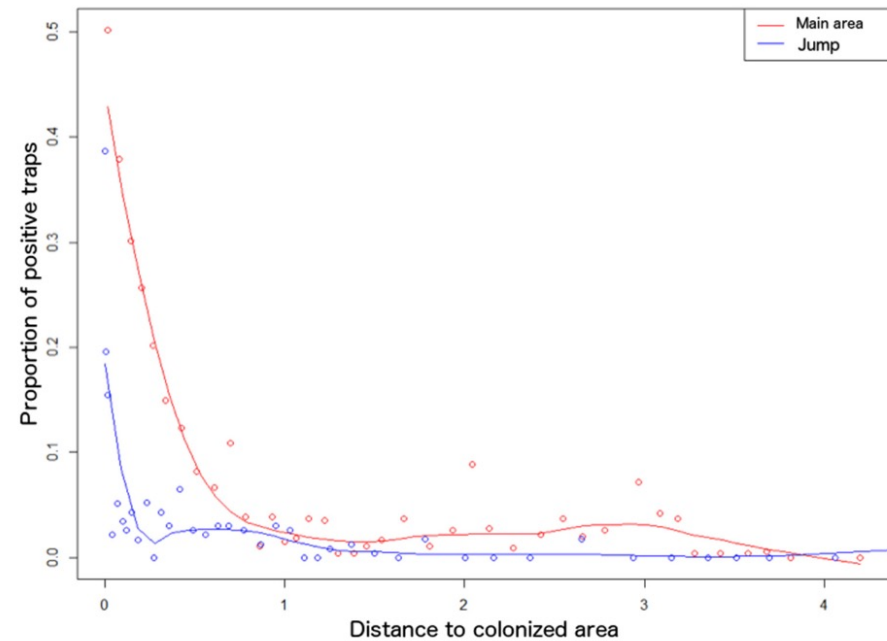
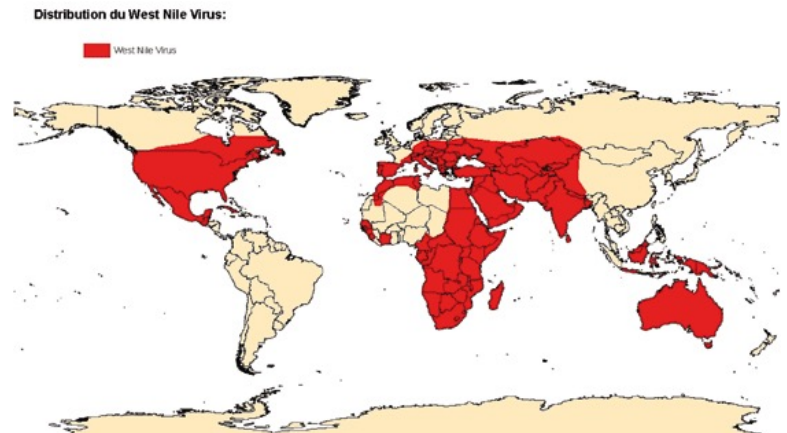
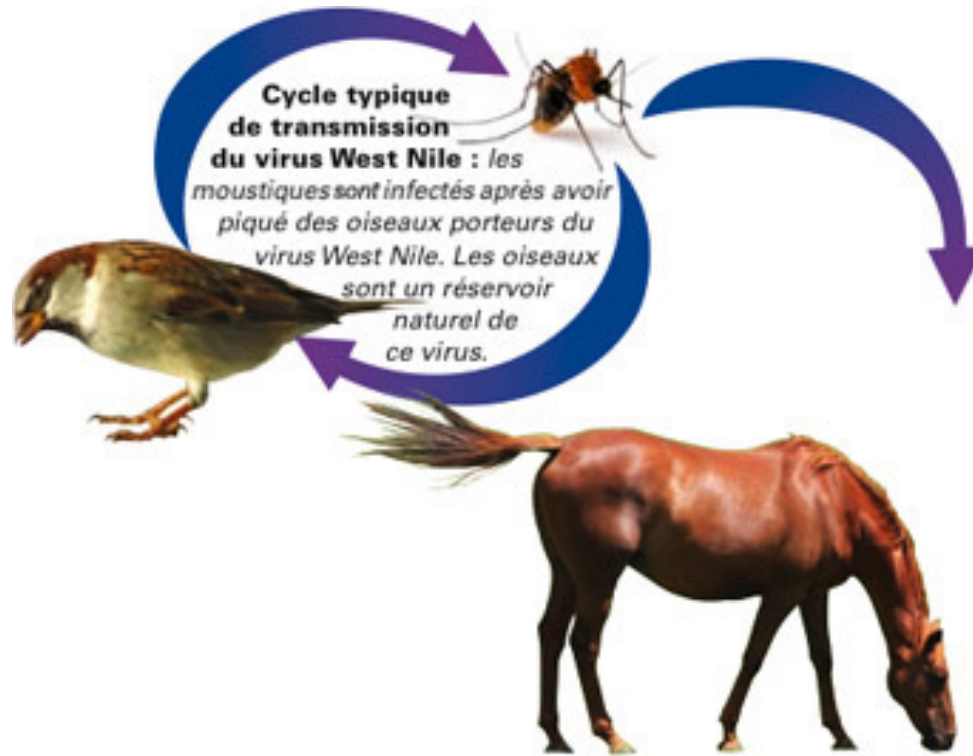


Fig 2. Relationship between proportion of positive traps and distance to main colonized area (red line) and to area colonized sporadically (“jump”, blue line). The x-axis is in km. The gradual relationship shown on the red line suggests an invasive wave. Conversely, abrupt drop of the blue line suggests that such “jump” did not result so far in a new front of invasion. Curves have been fitted through loess algorithm.

doi:10.1371/journal.pone.0125600.g002

L'invasion par le virus West Nile et ses vecteurs



"Cul-de-sac" épidémiologiques : le niveau de virémie contenu dans le sang des mammifères n'est généralement pas suffisant pour réinfecter un moustique, mettant ainsi fin au cycle. Les mammifères piqués par des moustiques infectés peuvent être testés positifs au virus West Nile, même si certains d'entre eux ne développent pas la maladie.



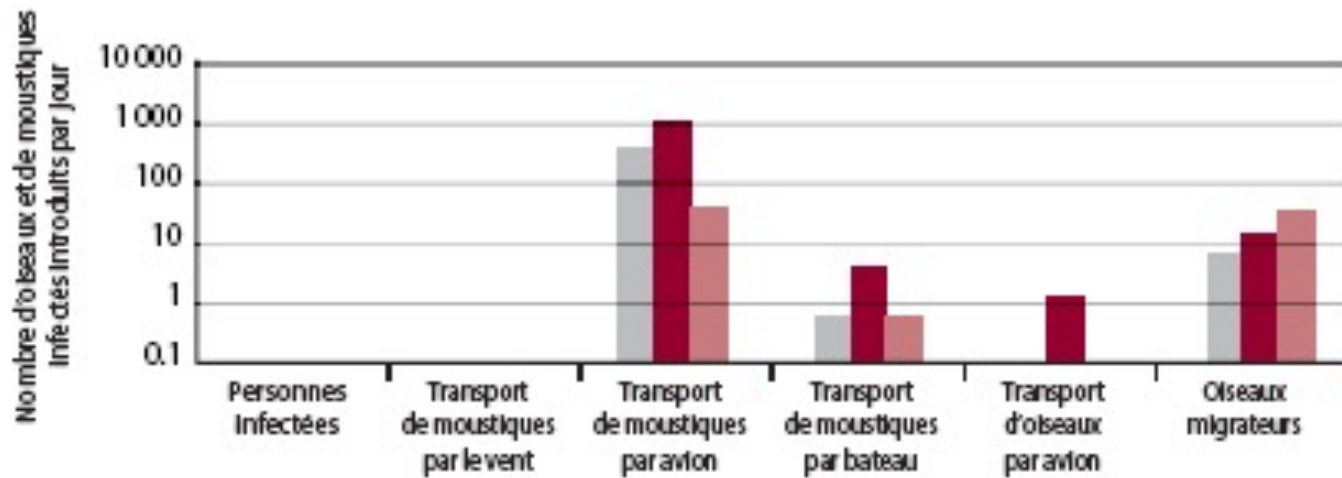
"Cal-de-acc" épidémiologiques : le niveau de virémie contenu dans le sang des mammifères n'est généralement pas suffisant pour réinfecter un moustique, mettant ainsi fin au cycle. Les mammifères piqués par des moustiques infectés peuvent être testés positifs au virus West Nile, même si certains d'entre eux ne développent pas la maladie.

Comparaison des risques d'introduction journalière du virus West Nile

■ aux Galapagos ■ à Hawaii ■ à la Barbade

D'après Kilpatrick et al. (2004).

L'introduction du virus dans ces îles et archipels se ferait essentiellement par le transport aérien et naval de moustiques infectés ainsi que par les oiseaux migrateurs



The effect of global change on mosquito-borne disease

Lydia HV Franklino, Kate E Jones, David W Redding, Ibrahim Abubakar

Lancet Infect Dis 2019;
19: e302-12

Published Online
June 18, 2019
[http://dx.doi.org/10.1016/S1473-3099\(19\)30161-6](http://dx.doi.org/10.1016/S1473-3099(19)30161-6)

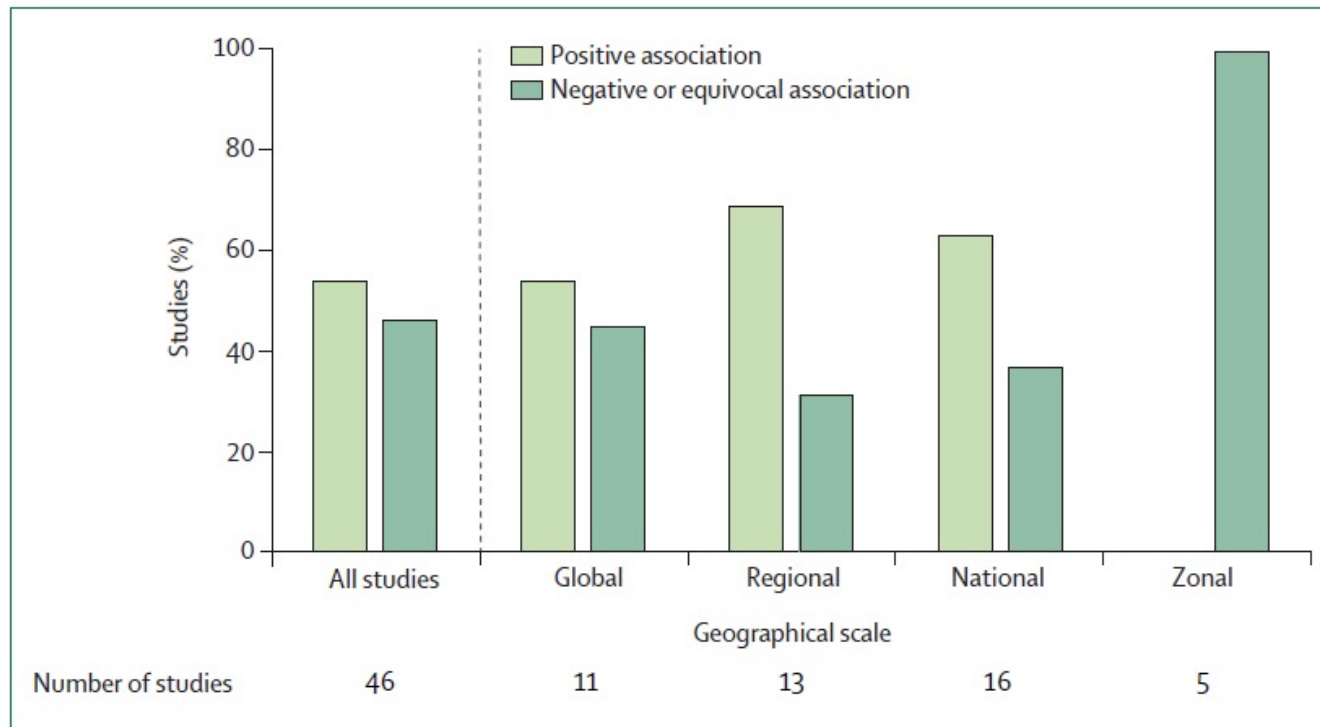


Figure 1: The percentage of studies predicting a positive or a negative or equivocal association between climate change and mosquito-borne disease risk per geographical region following review of the effect of climate change on disease risk

54% + versus 46% - ou ✗

Des 54% +, 97% des études uniquement des variables biométéorologiques

2050, Bamako, Mali, une saison caniculaire

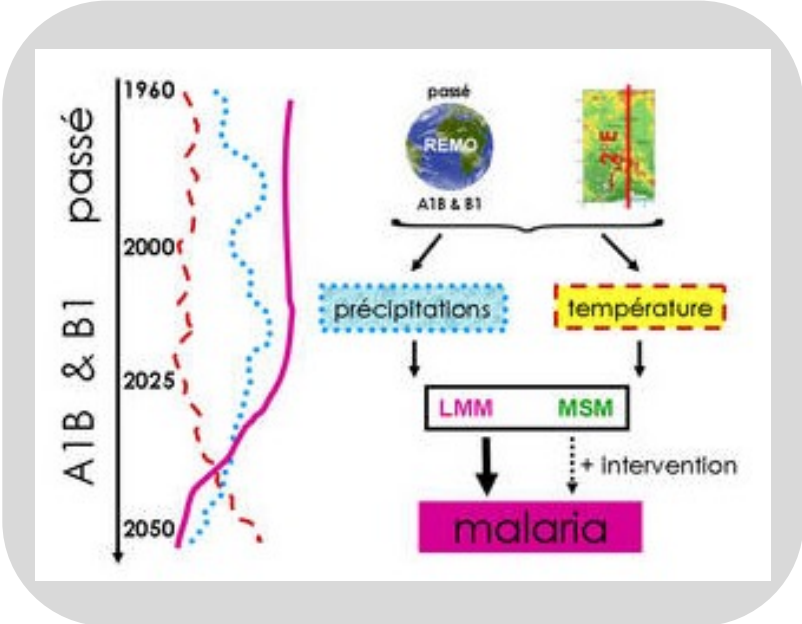
Récit de science-fiction
ou vision prémonitoire
des effets
du réchauffement climatique
dans un pays du sud.

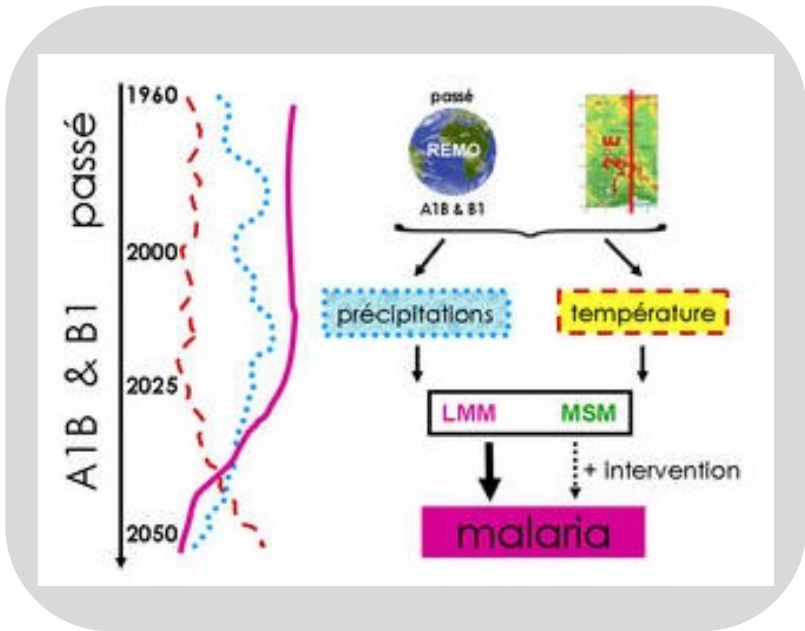
2050, Bamako, *Djoliba* coule tranquillement, la température atmosphérique est depuis plusieurs jours constante à plus de 40 °C dans la journée en ce mois de saison sèche et les dernières pluies, très violentes, remontent maintenant à plus de six mois. Dans une capitale qui avoisine le million d'habitants, des



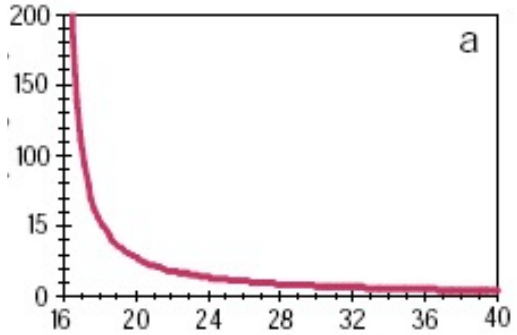
Jean-François Guégan

Directeur de recherche à l'Institut de recherche pour le développement, UMR MIVEGEC IRD-CNRS-Université de Montpellier, conseiller scientifique initiative *ecoHEALTH* du programme international *FutureEarth* des Nations Unies, ancien membre du HCSP, président de la partie santé du Plan national d'adaptation au changement climatique (2011-2015)

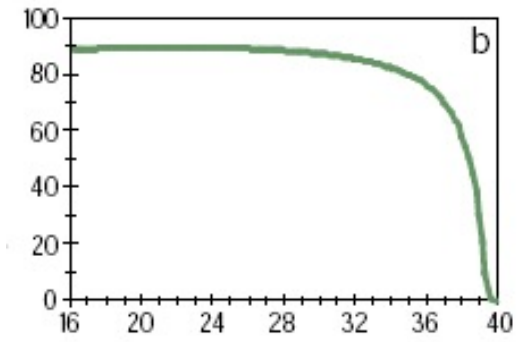




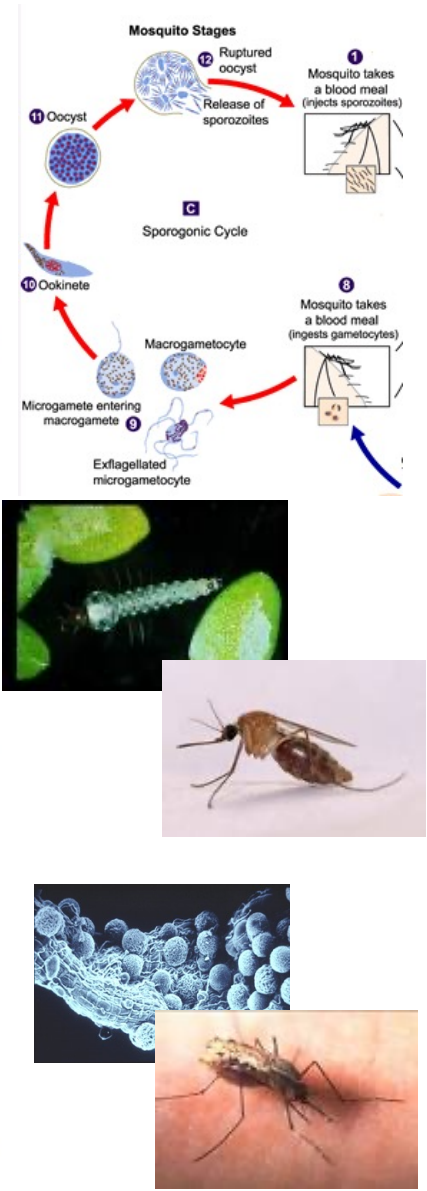
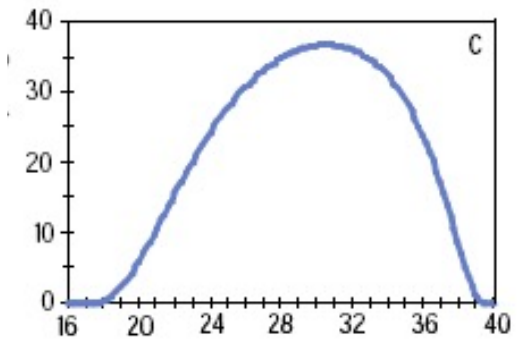
Durée de la sporogonie (jours)



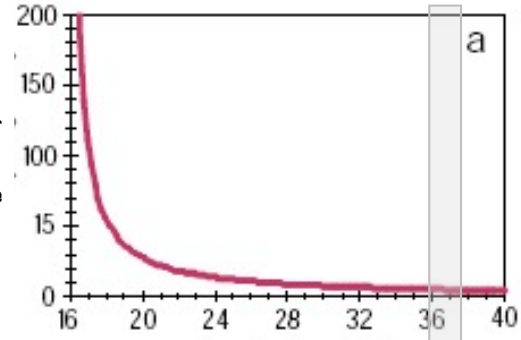
Survie du vecteur (%)



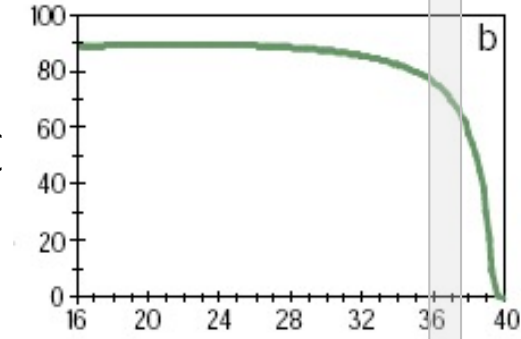
Vecteurs survivant à la Sporogonie (%)



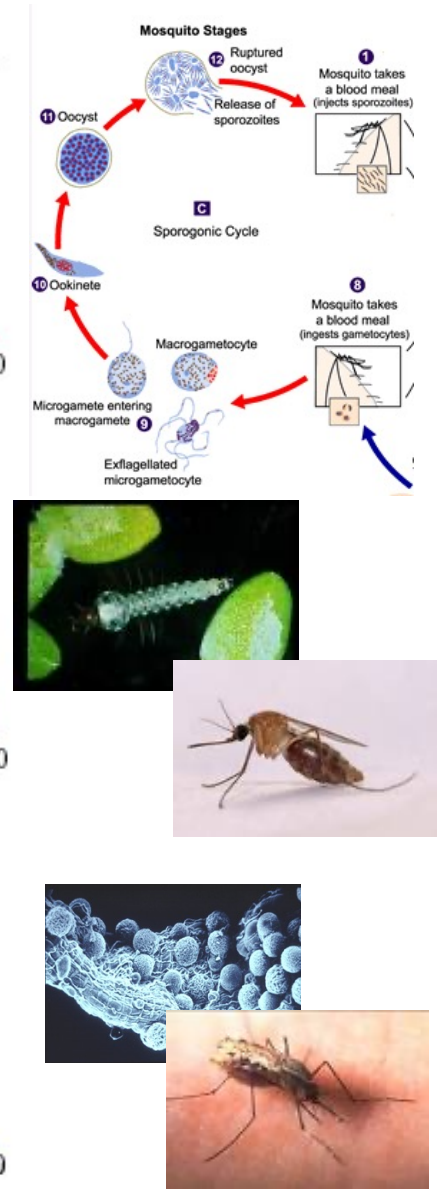
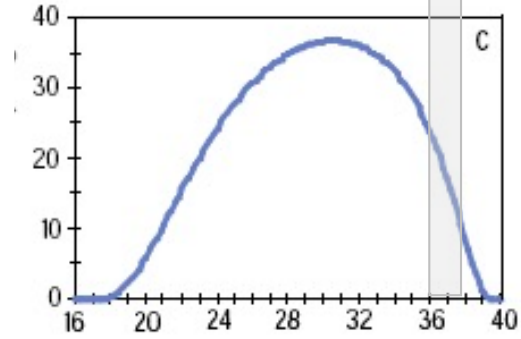
Durée de la sporogonie (jours)



Survie du vecteur (%)



Vecteurs survivant à la Sporogonie (%)



Des simplifications entomologiques et une remise en question forte actuelle. « Comme l'hirondelle ne fait pas le printemps, le moustique ne fait pas la maladie »

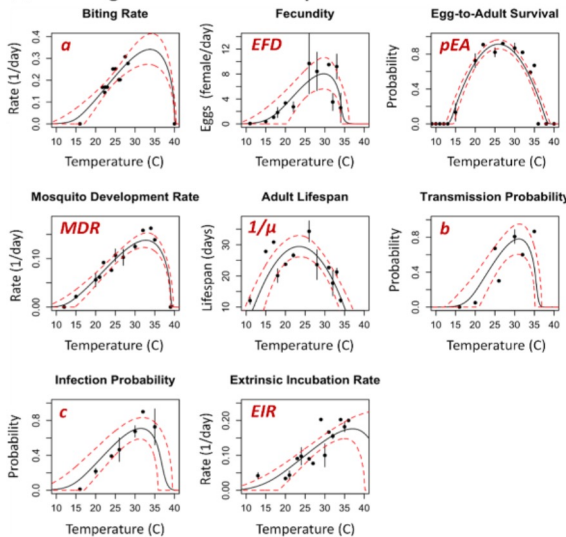
PERSPECTIVE

ECOLOGY LETTERS  WILEY

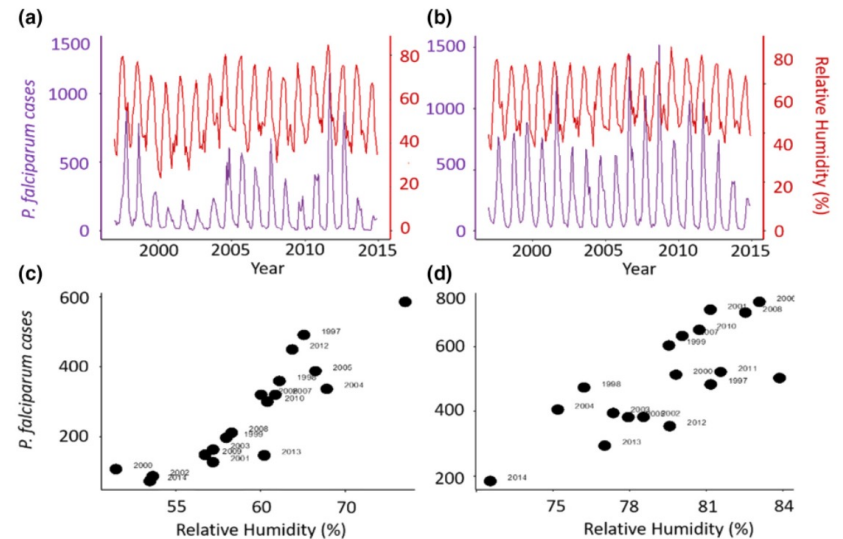
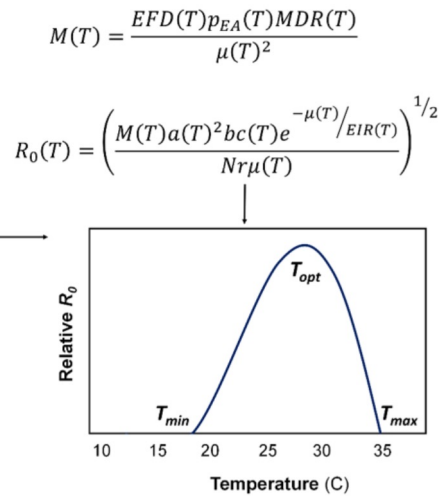
Humidity – The overlooked variable in the thermal biology of mosquito-borne disease

Joel J. Brown¹  | Mercedes Pascual²  | Michael C. Wimberly³  | Leah R. Johnson⁴  | Courtney C. Murdock¹ 

(a) Defining thermal relationships in the lab



(b) Incorporating thermal relationships into models



Une vision actuelle très déformée par () et essentiellement entomologique

Climate change and infectious disease: a review of evidence and research trends

Paige Van de Vuurst^{1,2,3} and Luis E. Escobar^{2,3,4,5*}

Van de Vuurst and Escobar
Infectious Diseases of Poverty (2023) 12:51
<https://doi.org/10.1186/s40249-023-01102-2>

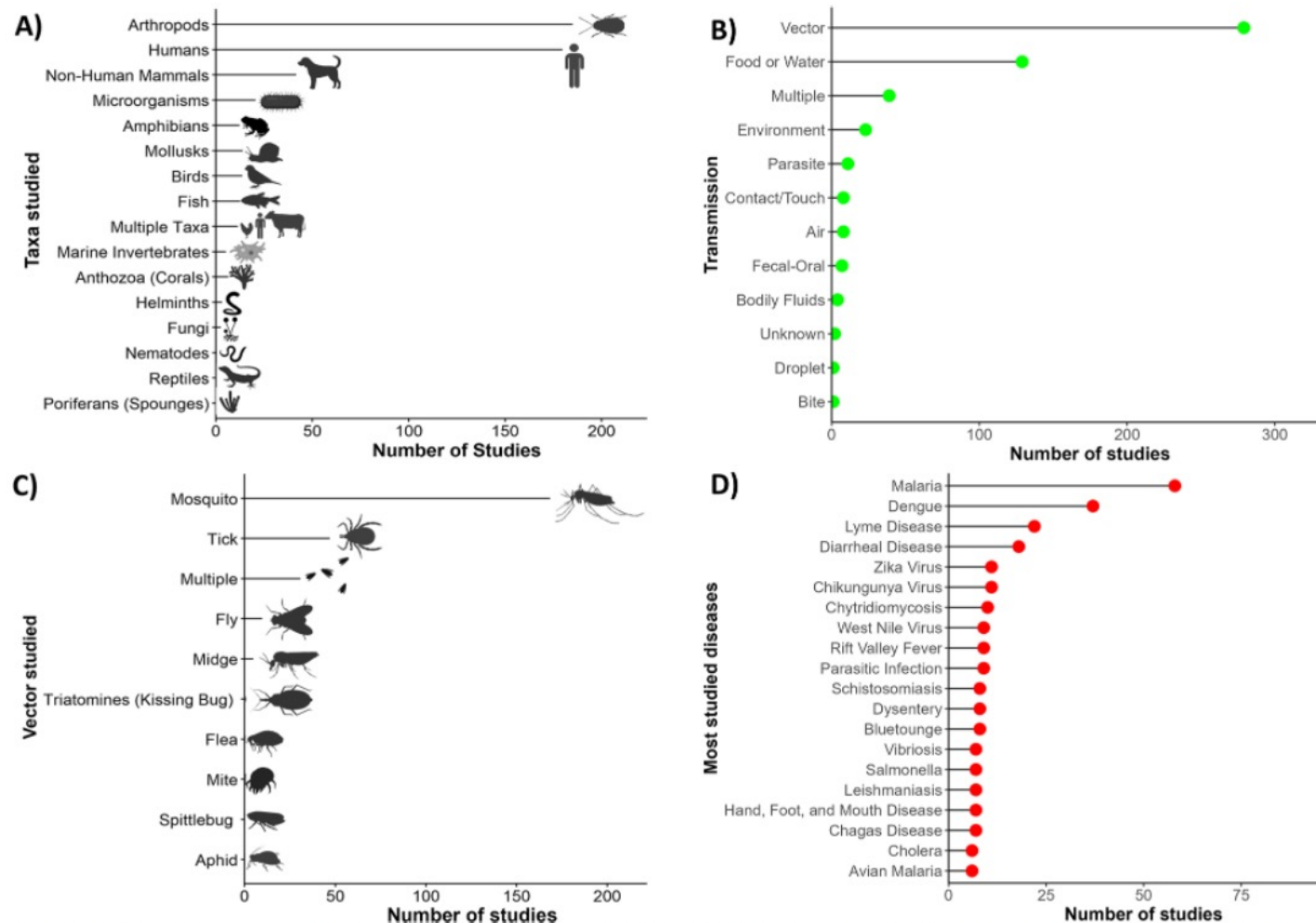


Fig. 1 Trends in climate change and disease research. Number of publications (x-axis) from 2015–2020 according to **A** taxa of host species studied, **B** transmission type of diseases studied, **C** vector species studied, and **D** top 20 most studied diseases from over 100 different diseases studied. Multiple: multiple diseases with multiple transmission types studied in a single article

Le thème est devenu tendancieux et interprété de manière simpliste du changement climatique vers ses impacts sans prise en considération d'autres facteurs possibles

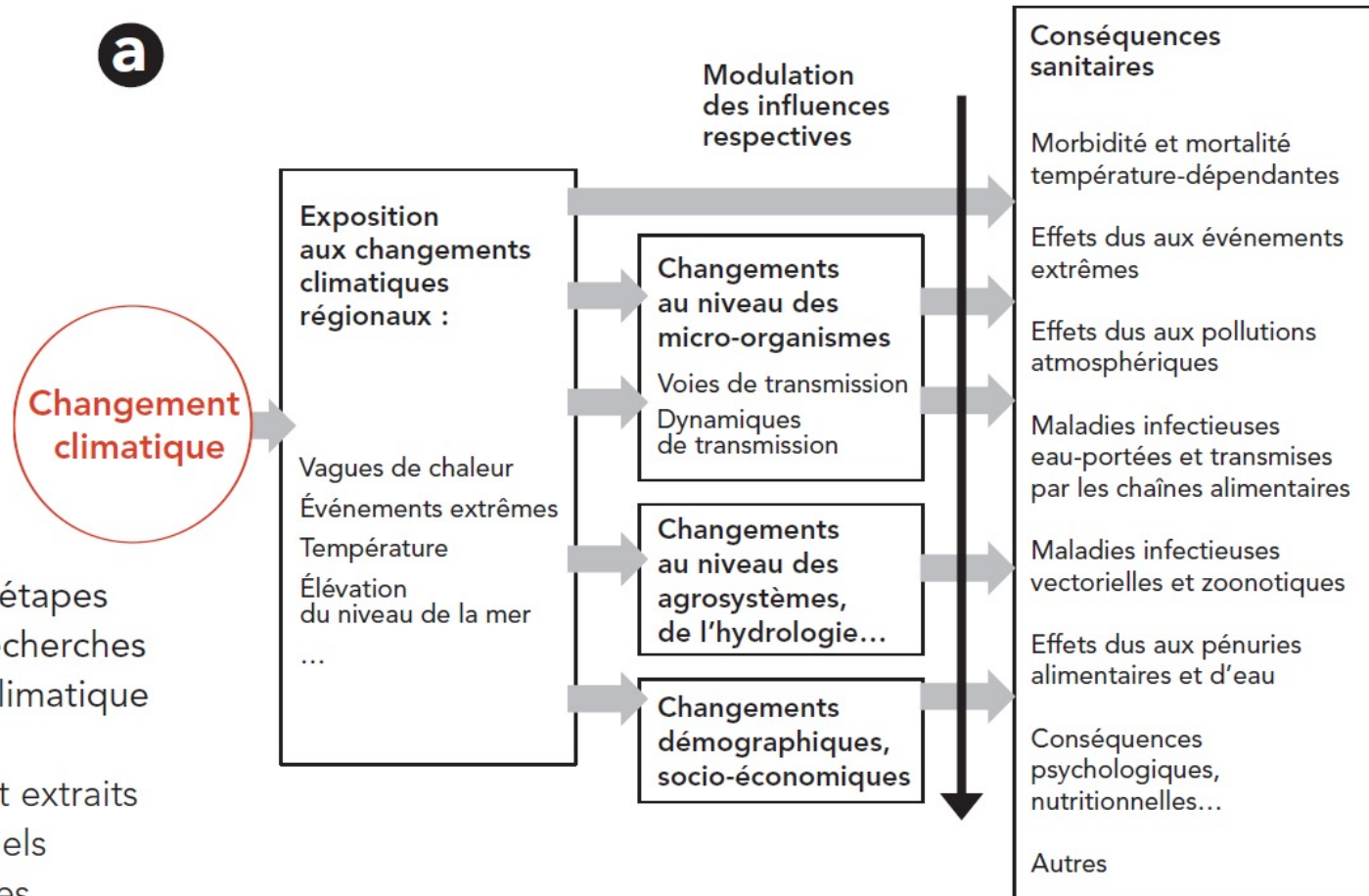


Figure 26 –
 Illustration des trois étapes de l'évolution des recherches sur le changement climatique et la santé.
 Les diagrammes sont extraits des documents officiels de divers programmes et organisations internationaux (OMS, Unep, etc.).

1985-1999. Période I – L'effervescence

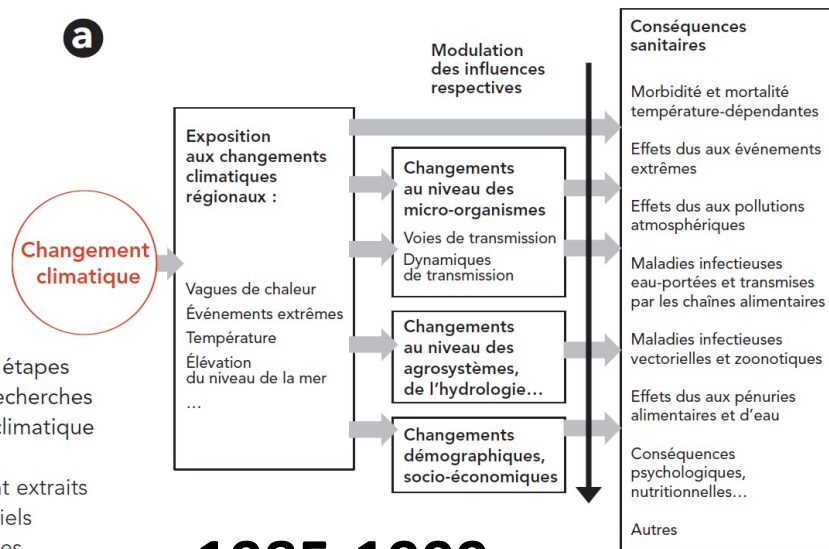
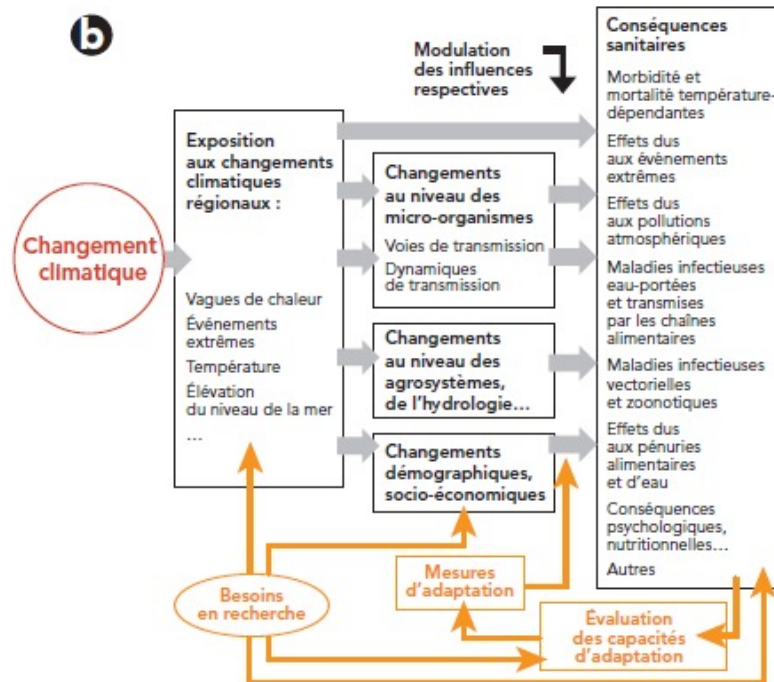
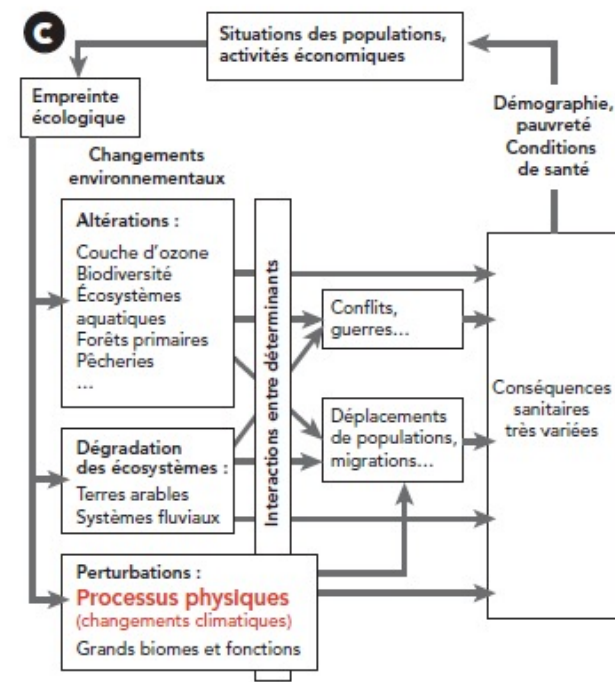
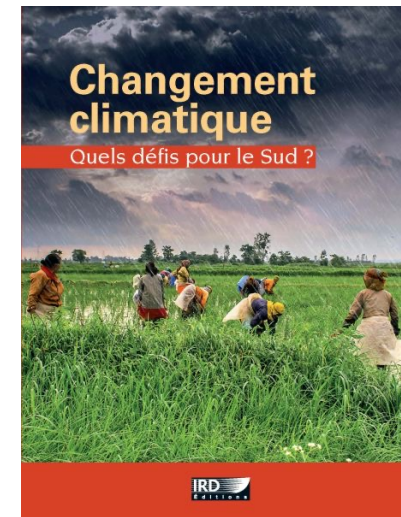


Figure 26 – Illustration des trois étapes de l'évolution des recherches sur le changement climatique et la santé. Les diagrammes sont extraits des documents officiels de divers programmes et organisations internationaux (OMS, Unep, etc.).

1985-1999



2000-2010. Période II – Les doutes



>2010. Période III – Les mises au point

Sortir d'une vision extrêmement simpliste basée sur une compréhension épidémiologique (et interdisciplinaire)

Science News

Climate change might help spread malaria

Published: March. 4, 2010 at 1:53 PM

 Article

 Listen

 Comments (1)



Article

GIEC

Justice sociale

3,3 MILLIARDS D'ÊTRES HUMAINS EXPOSÉS AU CHANGEMENT CLIMATIQUE : LE NOUVEAU RAPPORT DU GIEC EST SANS APPEL

Publication : 28/02/2022

Mis à jour : 02/11/2025

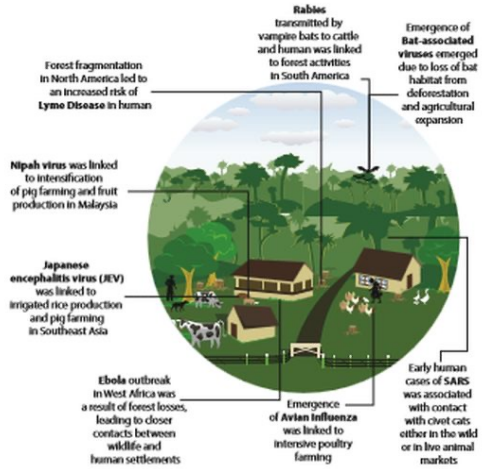
 Thomas Wagner

BONPOTE Média indépendant, 100% financé par ses lecteurs

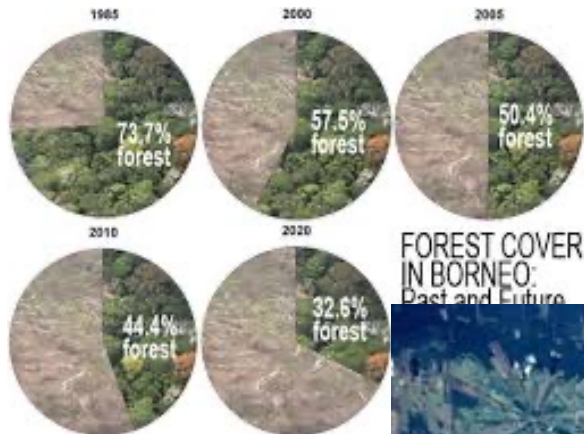


Les cycles infectieux enzootiques, les ruptures de barrières physiques et le débordement d'espèces

Primary drivers of disease emergence associated with the past emerging zoonotic disease events



Created based on data from Jones et al. (2013)

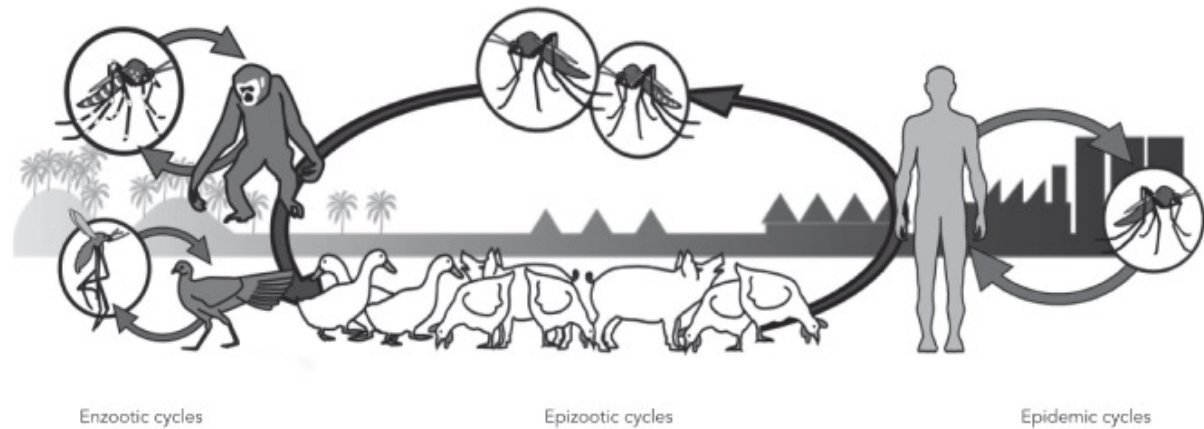


FOREST COVER IN BORNEO: Past and Future



Figure 1

Vector-borne disease transmission cycles.



Note: vector-borne diseases occur in a staggering number of environments and include an incredible diversity of pathogens, hosts, and vectors. However, these diseases can generally be described within three broad categories of environments and transmission cycles: natural (e.g. forests), modified (e.g. rural, agricultural), and human (urban). This schematic is not intended as representative of a particular disease but as a general model that is adaptable according to the pathogen, vector(s), host(s), and environment(s) in which they occur.

La notion de « spillover » ou de « débordement » et le rôle des communautés d'espèces animales

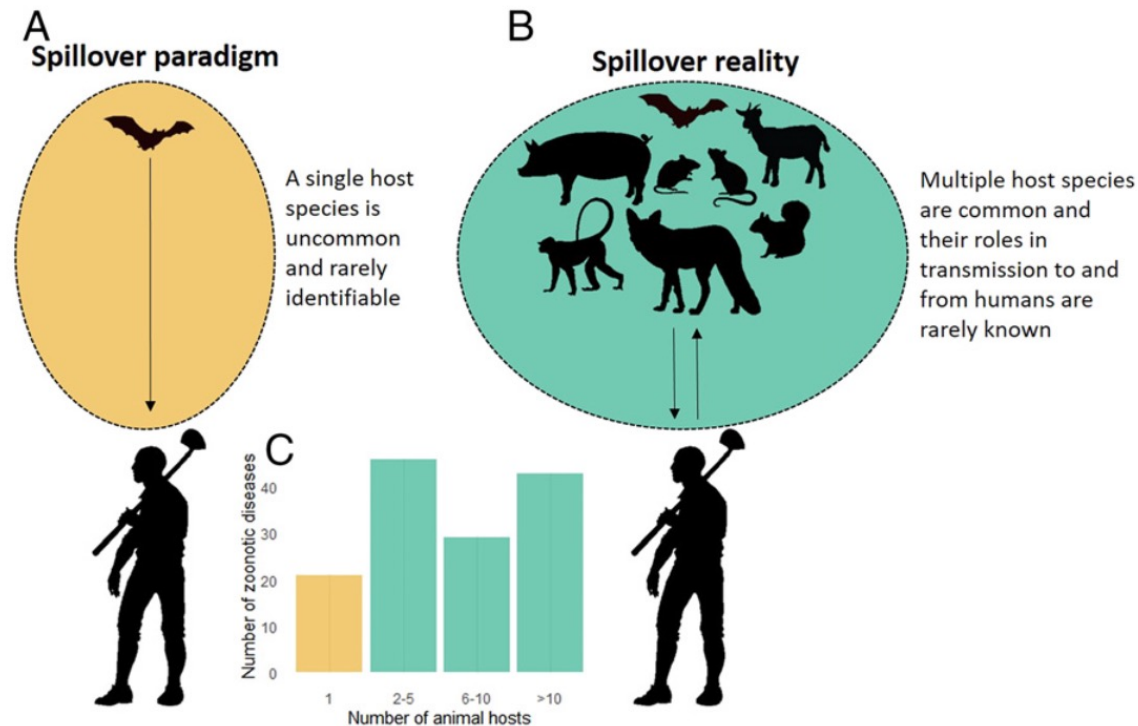


Fig. 4. The paradigm and the reality for research on spillover of zoonotic pathogens into humans. (A) The paradigm emphasizes a single animal host species for a zoonotic pathogen and an original spillover event, though the event and the species are rarely identified. (B) In reality, most zoonotic pathogens have multiple host species whose specific roles in transmission to and from humans are rarely known. (C) The number of viral zoonotic diseases that have 1, 2 to 5, 6 to 10, or 11+ known animal host species other than humans. Plotted from data made available in supplementary materials from Johnson et al. (21); see caveats about these and similar data in [SI Appendix](#).

Impacts of biodiversity and biodiversity loss on zoonotic diseases

Felicia Keesing¹ and Richard S. Ostfeld²



Édition: **France** ▾

Faire un don

Nos newsletters

Devenir auteur

S'inscrire en tant que lecteur

THE CONVERSATION

L'expertise universitaire, l'exigence journalistique

Rechercher...

Culture Économie + Entreprise Éducation + Jeunesse **Environnement** International Politique + Société Santé Science Podcasts En anglais

Virus : quand les activités humaines sèment la pandémie

Publié: 13 avril 2020, 21:40 CEST



En 2019, dans l'État de Para au Brésil, sur une nouvelle portion de la route transamazonienne. Nelson Almeida/AFP

Auteur



Jean-François Guégan
Parasitologue, écologue
numéricien, PhD, HDR - DRCE
IRD en accueil à INRAE, Inrae

Déclaration d'intérêts

Jean-François Guégan a reçu des financements de la National Science Foundation (NSF, USA) pour ses travaux de recherche (Grant #1911457) pour la période 2020-2024. Jean-François Guégan est Président de l'Association à but non lucratif qui gère le Séminaire annuel de l'École du Val-de-Grâce sur les maladies infectieuses émergentes (multi-partenaires ; voir à : www.malinfemerg.org) et intervient à ce titre gracieusement.

Partenaires



<https://theconversation.com/virus-quand-les-activites-humaines-sement-la-pandemie-135907>

Enzootie, cycle enzootique ou encore cycle selvatique. Définitions



WIKIPÉDIA
L'encyclopédie libre

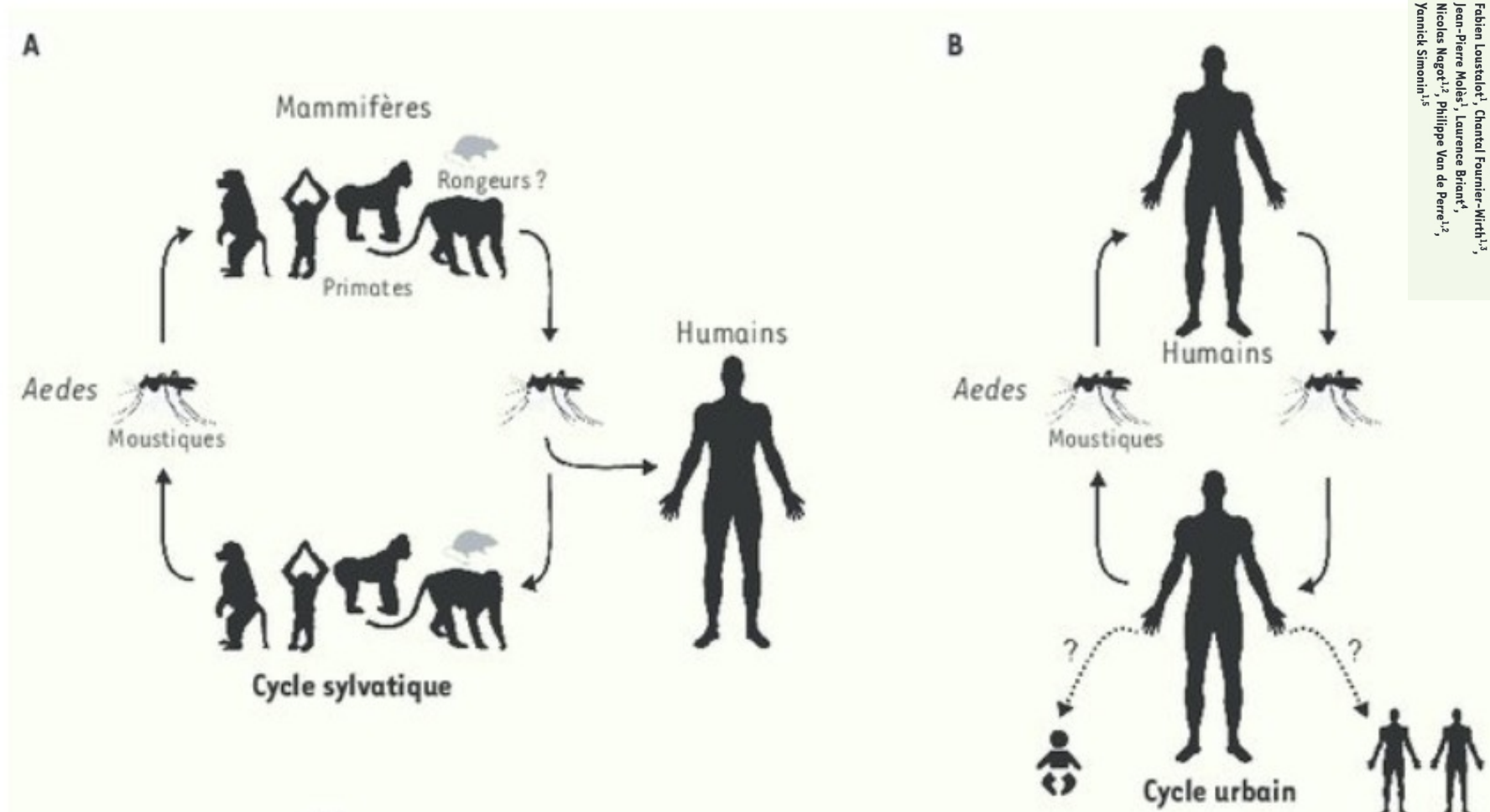
Enzootie et endémie **animale** désignent la présence habituelle d'un agent infectieux chez une ou plusieurs espèces animales dans une région géographique donnée, soit de façon permanente, soit selon des périodes déterminées.

Par exemple, dans le cas de la peste due à *Yersinia pestis*, un foyer enzootique est une région où la bactérie de la peste circule à bas bruit dans une population initiale de rongeurs résistants. Ce foyer enzootique peut donner lieu à une épizootie (épidémie animale) frappant des rongeurs sensibles.

Toujours dans le cas de la peste, la survenue d'épizootie en foyer enzootique s'expliquerait par des perturbations naturelles (tremblement de terre, inondations, sécheresse...) ou d'origine humaine (agriculture, déforestation, guerre...) modifiant l'équilibre des populations de rongeurs sauvages et péri-domestiques.

Dans le cas d'un cycle enzootique dont l'agent enzootique peut passer à l'humain, il peut alors engendrer un ou des foyers épidémiques voir des épidémies plus larges.

Cycle enzootique et cycle urbain du virus Zika



L'émergence d'une menace
Sara Salinas¹, Vincent Fautougné^{1,2},
Fabien Loustalot¹, Chantal Fournier-Wirth^{1,3},
Jean-Pierre Molas¹, Laurence Briant⁴,
Nicolas Negot^{1,2}, Philippe Van de Perre^{1,2},
Yannick Simonin^{1,5}

médecine/sciences 2016 ; 32 : 378-86

- A. Cycle sylvatique impliquant des réservoirs animaux (probablement des primates) et un vecteur du genre Aedes. L'Homme n'étant qu'un hôte accidentel de ce type de transmission.
- B. Cycle urbain impliquant l'homme et un vecteur du genre

Cycle enzootique et cycle humain du virus de la dengue

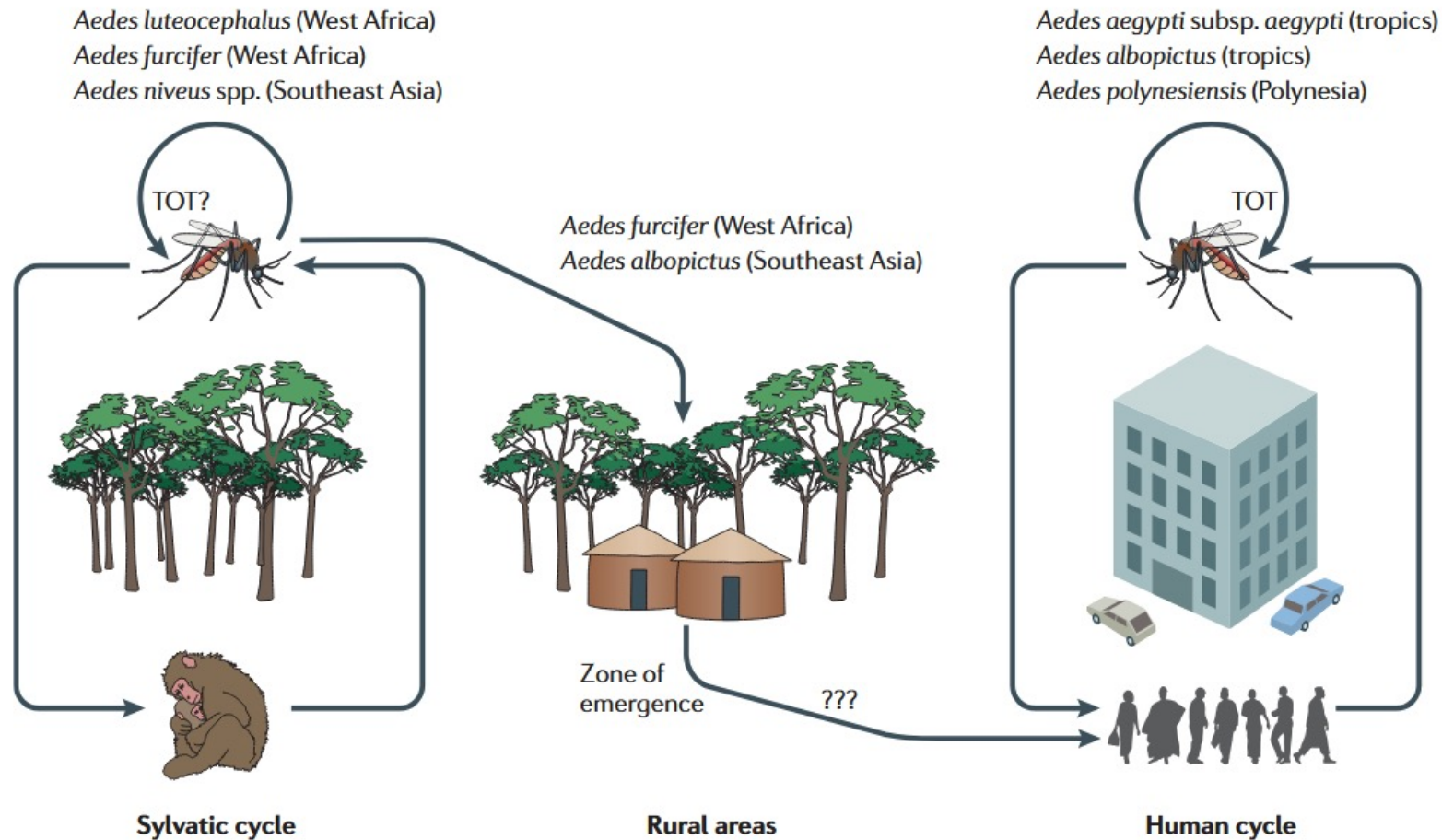


Figure 1 | **The transmission cycles of dengue virus.** The sylvatic origins of dengue virus, and the ‘zone of emergence’, where sylvatic cycles contact human populations in rural areas of West Africa and Southeast Asia. In addition, dengue virus can persist in mosquito populations by transovarial transmission (TOT), in which virus-infected mosquitoes transfer the virus to their eggs (this has been shown to occur in some species but not in all).

Fever from the forest: prospects for the continued emergence of sylvatic dengue virus and its impact on public health

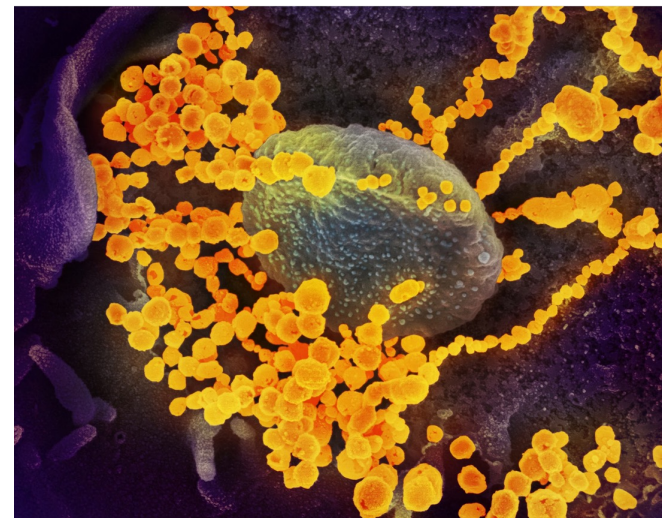
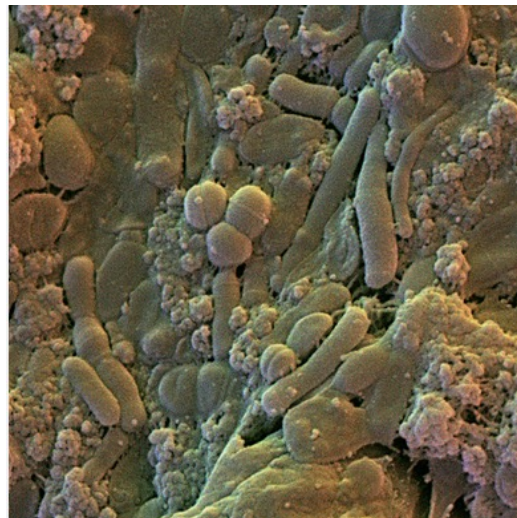
Cycle enzootique et biodiversité

Il existe pléthore de cycles enzootiques dont la plupart sont inconnus, notamment parce qu'ils n'ont aucun intérêt pour la médecine humaine et la médecine vétérinaire.

Les écosystèmes naturels particulièrement dans les zones intertropicales abritent des dizaines de millions voire des milliards d'agents enzootiques inclus dans des holobiotés plus généraux.

Earth May Be Home to a Trillion Species of Microbes

The New York Times



Des agents enzootiques mais des agents sapronotiques aussi.

Définition

Terme générique désignant un agent infectieux humain, animal ou végétal (champignons, bactérie aérobie ou anaérobie, parasite) contaminant une matière inerte, abiotique, végétale ou animale en décomposition ou en putréfaction dans l'environnement, mais aussi une matière vivante, et pouvant occasionner une pathologie infectieuse. Exemples: botulisme, légionellose, mélioïdose, tétanos...

Le dictionnaire de l'Académie nationale de Pharmacie

Les mycobactérioses, à l'exception des clones du MTBC sont des sapronoses

Ecological and evolutionary perspectives advance understanding of mycobacterial diseases

Christine Chevillon, Benoît de Thoisy, Alex W Rakestraw, Kayla M Fast, Jennifer L Pechal, Sophie Picaq*, Loïc Epelboin, Paul Le Turnier, Magdalene Dogbe, Heather R Jordan, Michael W Sandel, Mark Eric Benbow*, Jean-François Guégan†

Lancet Microbe 2024

Published Online

[https://doi.org/10.1016/](https://doi.org/10.1016/S2666-5247(24)00138-1)

S2666-5247(24)00138-1

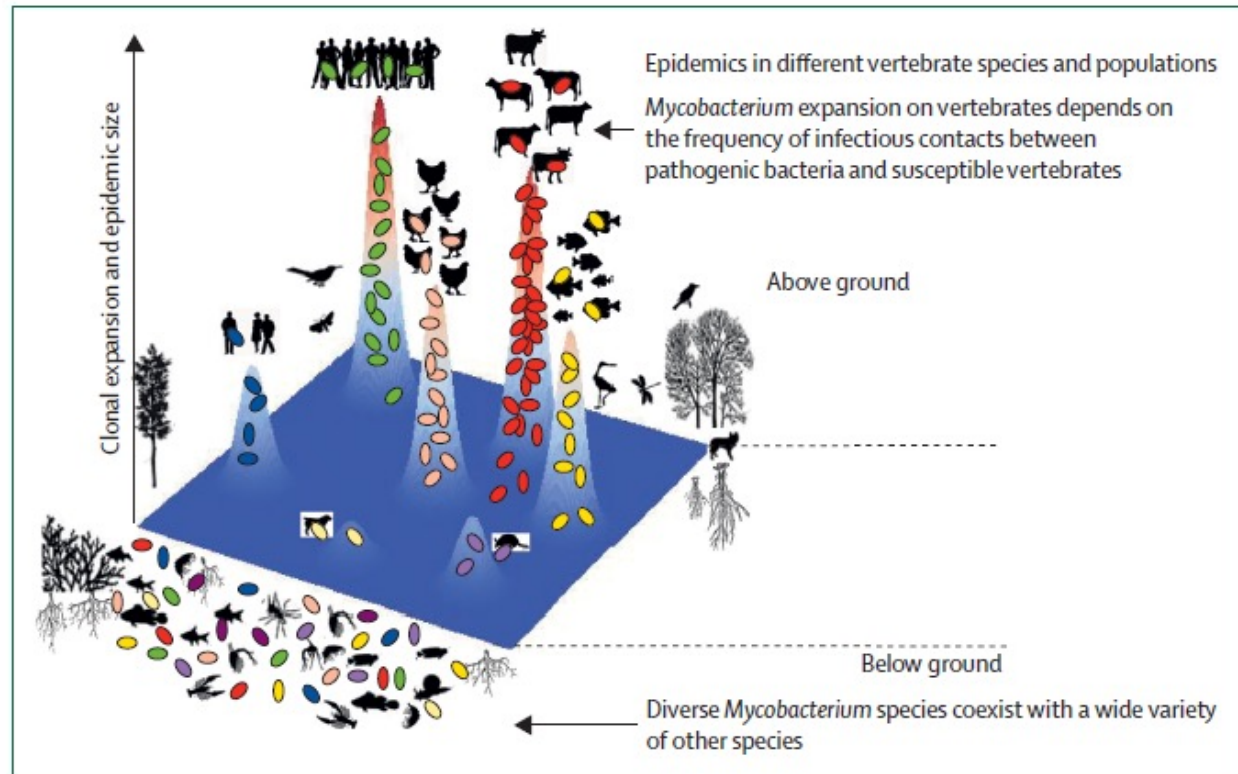


Figure 4: Biodiversity ensures a high diversity of *Mycobacterium* species and circumstantial situations, including high animal or human abundance and density, to facilitate the expansion of the bacillus strain. Illustration of *Mycobacterium* species diversity, represented by the coloured ovals in natural ecosystems and epidemic outbreaks. Diverse *Mycobacterium* species coexist with the several competitors, predators, and host or non-host species (ie, below-ground profile) in species-rich ecosystems. Epidemic outbreaks with strains of mycobacteria, and even clonal expansion of the same strain, could happen when one population of a given vertebrate species is exposed to a sufficient number and density of mycobacterial pathogens (ie, above-ground profile). The figure illustrates different disease epidemics for human populations, poultry, cattle farms, and fish aquaculture as breeding situations in the background. The extent of an epidemic corresponds to the epidemic population size. In the foreground, small outbreaks are shown, which are representative of atypical mycobacteria. Below-ground and above-ground profiles correspond to two distinct faces of the same coin. High species and genetic diversity in mycobacteria bacilli in natural ecosystems, as studied by environmental microbiologists, ecologists, and evolutionary biologists, might circumstantially generate epidemic outbreaks in animal or human populations, as analysed by veterinarians and medical doctors, depending on the host demography and environmental stochasticity.

M. bovis appartenant au complexe MTBC est une sapronose

Canonical fact versus hypothesis testing to decipher transmission of non-tuberculous and tuberculous mycobacteria: a comparative review

Jean-François Guégan,¹ Kayla M. Fast,² Christine Chevillon,¹ Marina Cobos-Mayo,³ Alisa Aliaga-Samanez,^{1,3} Magdalene Dogbe,⁴ Matthew Scott,² Kelly Waters,⁵ Melissa K. Benbow,⁶ Jennifer L. Pechal,⁵ Joseph P. Receveur,⁷ Michael W. Sandel,^{2,8} Heather R. Jordan,⁴ M. Eric Benbow^{5,9,10,11}

Clinical Microbiology
Reviews

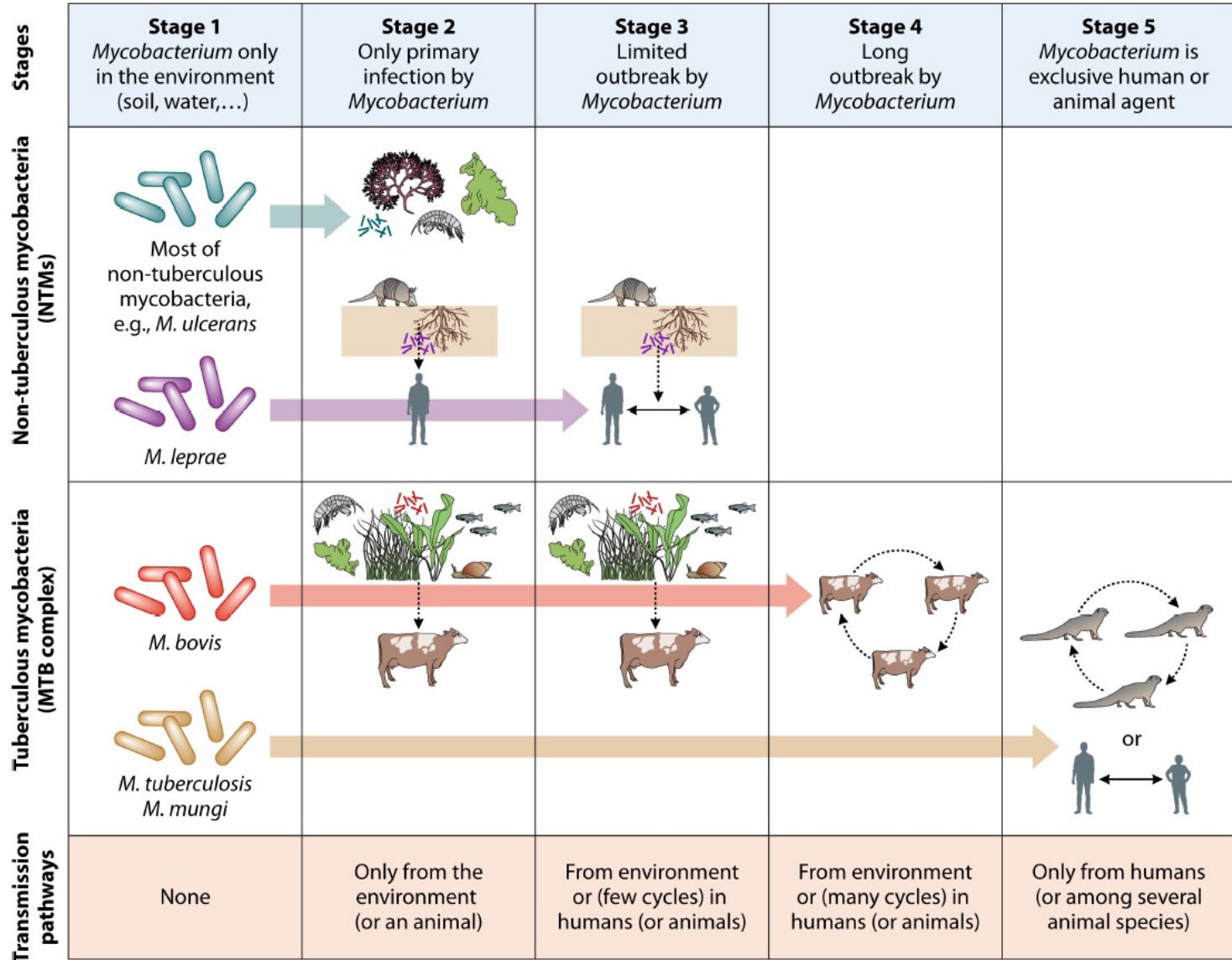


FIG 3 Schematic illustration of the five stages through which zoonotic pathogens evolve to cause diseases strictly confined to humans (based on Fig. 1 from reference 63), and comparison with identified stages of mycobacterial pathogens in animals and humans. Among mycobacterial infections in both animals and humans, clearly intermediate stages between stage 1 and stage 5 may exist that need more emphasis on the ecological and evolutionary components of their transmission. Multiple possibilities for transmission modes and routes could exist, requiring exploratory and experimental studies, and taking better account of what is happening in the environment and the changes it is undergoing. Stage 5 corresponds to H_6 in Fig. 1 and in the text, and the other stages illustrate all the other transmission possibilities shown in Fig. 1 and in the text.

La naissance de foyers épidémiques dépend de multiples facteurs mais émerge à partir d'une ouverture de cycle enzootique ou sapronotique

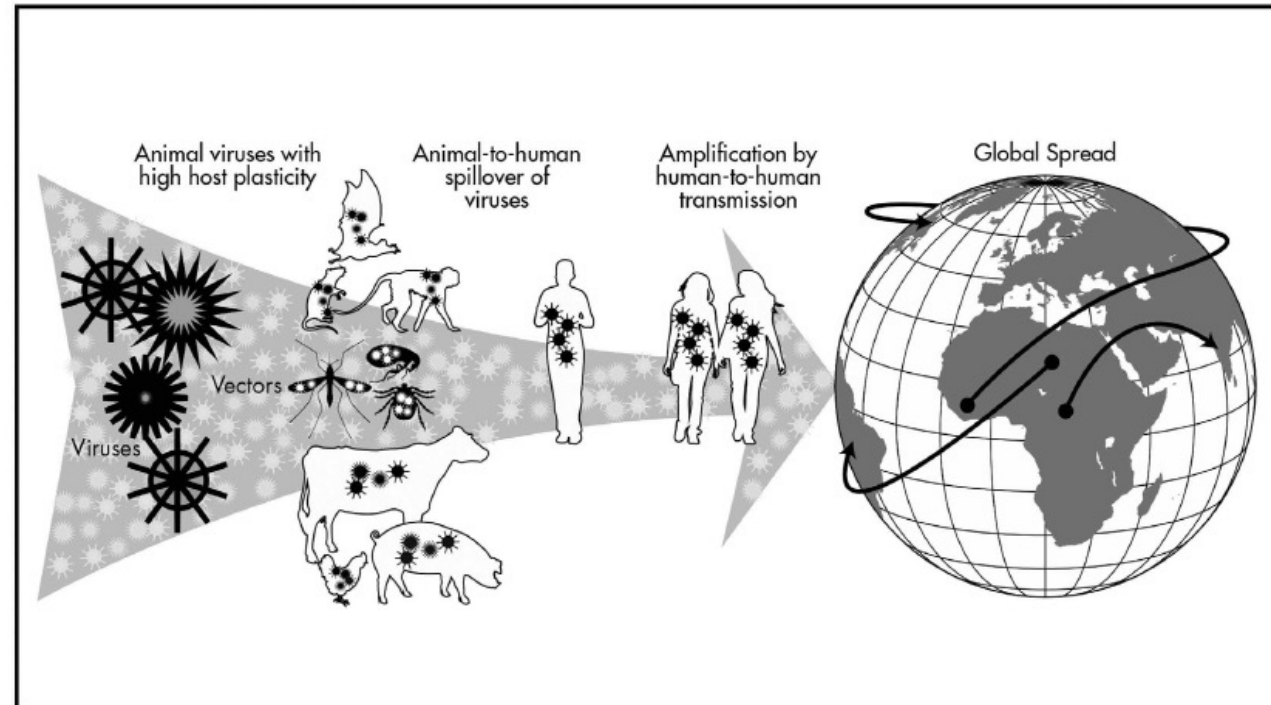


Figure 1. Pandemic properties of zoonotic viruses that spill over from animals to humans and spread by secondary transmission among humans. Key characteristics of pandemic potential that were evaluated for associations with viral traits and high-risk disease transmission interfaces include host plasticity, human-to-human transmissibility, and geographic distribution. Human practices that promote transmission of mutation-prone RNA viruses able to infect a wide range of taxonomically diverse hosts, including wild and domestic animals, act synergistically to facilitate viral emergence, particularly for viruses capable of human-to-human transmission and broad geographic spread (map and illustration created using Adobe Illustrator CS6).

Spillover and pandemic properties of zoonotic viruses with high host plasticity

[Christine Kreuder Johnson](#), [Peta L. Hitchens](#), [Tierra Smiley Evans](#), [Tracey Goldstein](#), [Kate Thomas](#), [Andrew Clements](#), [Damien O. Joly](#), [Nathan D. Wolfe](#), [Peter Daszak](#), [William B. Karesh](#) & [Jonna K. Mazet](#)

La naissance de foyers épidémiques dépend de multiples facteurs mais naît d'une ouverture de cycle enzootique ou sapronotique

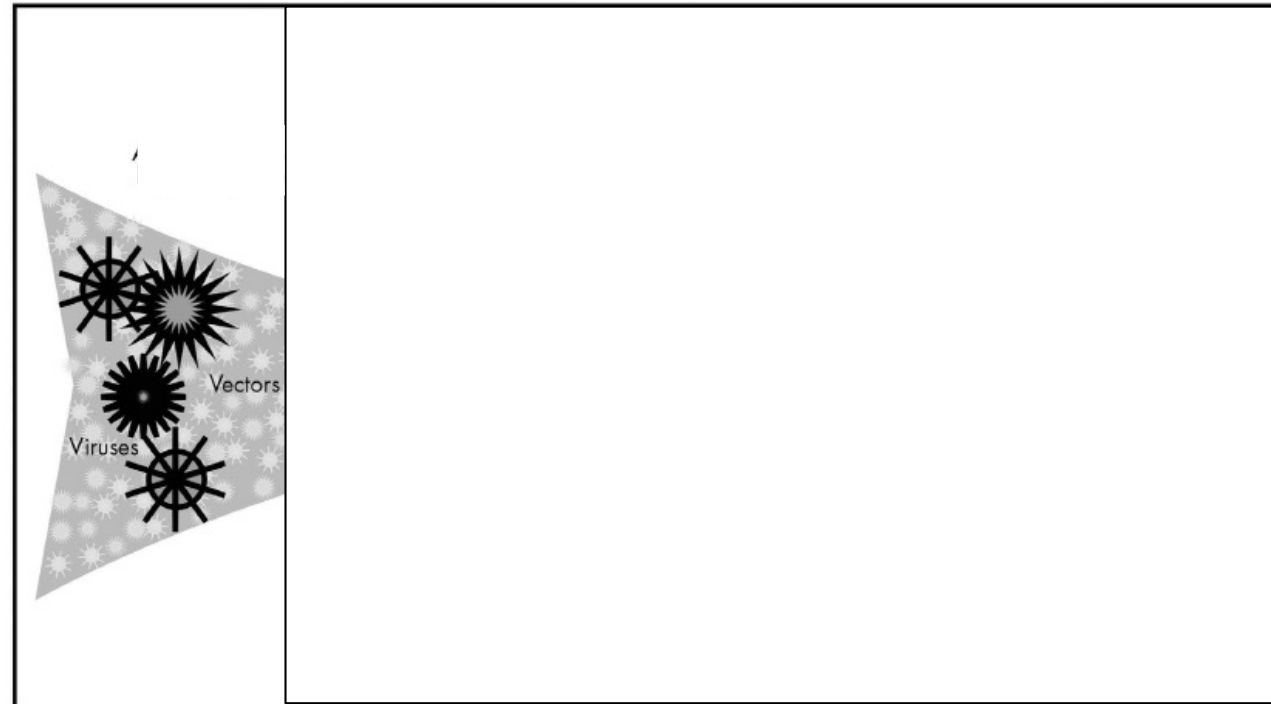


Figure 1. Pandemic properties of zoonotic viruses that spill over from animals to humans and spread by secondary transmission among humans. Key characteristics of pandemic potential that were evaluated for associations with viral traits and high-risk disease transmission interfaces include host plasticity, human-to-human transmissibility, and geographic distribution. Human practices that promote transmission of mutation-prone RNA viruses able to infect a wide range of taxonomically diverse hosts, including wild and domestic animals, act synergistically to facilitate viral emergence, particularly for viruses capable of human-to-human transmission and broad geographic spread (map and illustration created using Adobe Illustrator CS6).

Spillover and pandemic properties of zoonotic viruses with high host plasticity

[Christine Kreuder Johnson](#), [Peta L. Hitchens](#), [Tierra Smiley Evans](#), [Tracey Goldstein](#), [Kate Thomas](#), [Andrew Clements](#), [Damien O. Joly](#), [Nathan D. Wolfe](#), [Peter Daszak](#), [William B. Karesh](#) & [Jonna K. Mazet](#)

Le monde visible ou macrobiodiversité repose sur le monde invisible ou celui des milliards de microbes qui nous entourent



Les contacts cycle enzootique (ou sapronotique)-faune domestique-humains, et les scènes favorables à ces contacts

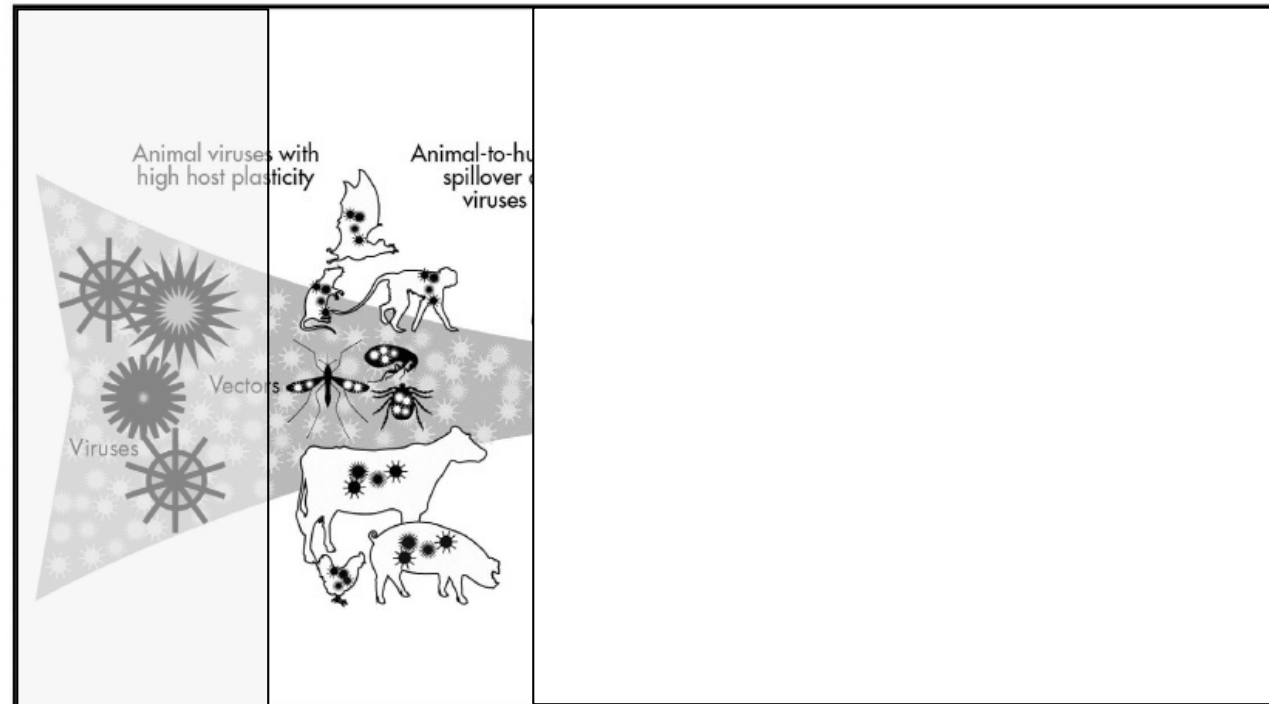


Figure 1. Pandemic properties of zoonotic viruses that spill over from animals to humans and spread by secondary transmission among humans. Key characteristics of pandemic potential that were evaluated for associations with viral traits and high-risk disease transmission interfaces include host plasticity, human-to-human transmissibility, and geographic distribution. Human practices that promote transmission of mutation-prone RNA viruses able to infect a wide range of taxonomically diverse hosts, including wild and domestic animals, act synergistically to facilitate viral emergence, particularly for viruses capable of human-to-human transmission and broad geographic spread (map and illustration created using Adobe Illustrator CS6).

Spillover and pandemic properties of zoonotic viruses with high host plasticity

[Christine Kreuder Johnson](#), [Peta L. Hitchens](#), [Tierra Smiley Evans](#), [Tracey Goldstein](#), [Kate Thomas](#), [Andrew Clements](#), [Damien O. Joly](#), [Nathan D. Wolfe](#), [Peter Daszak](#), [William B. Karesh](#) & [Jonna K. Mazet](#)

L'ouverture de cycle enzootique ou sapronotique

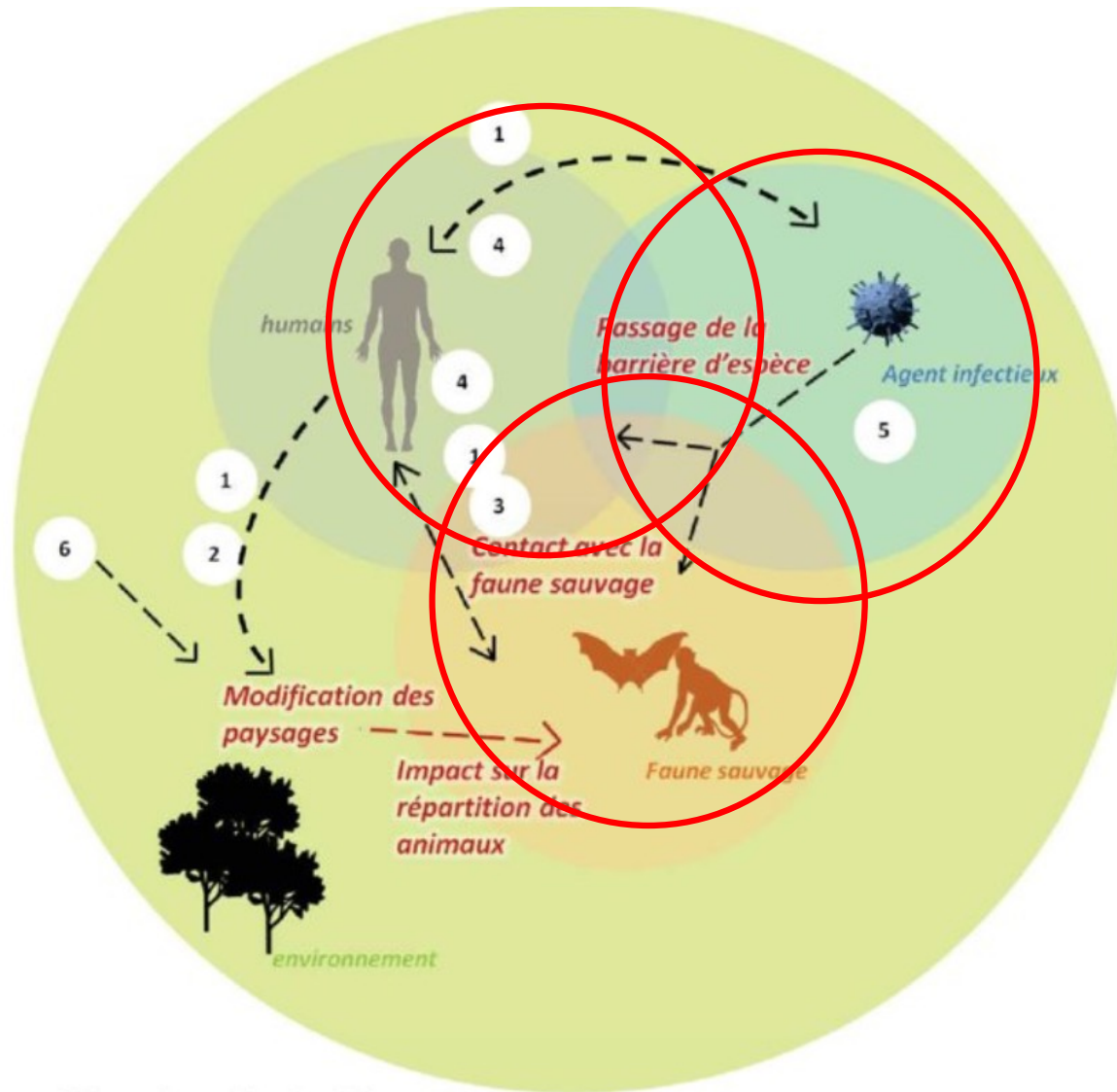
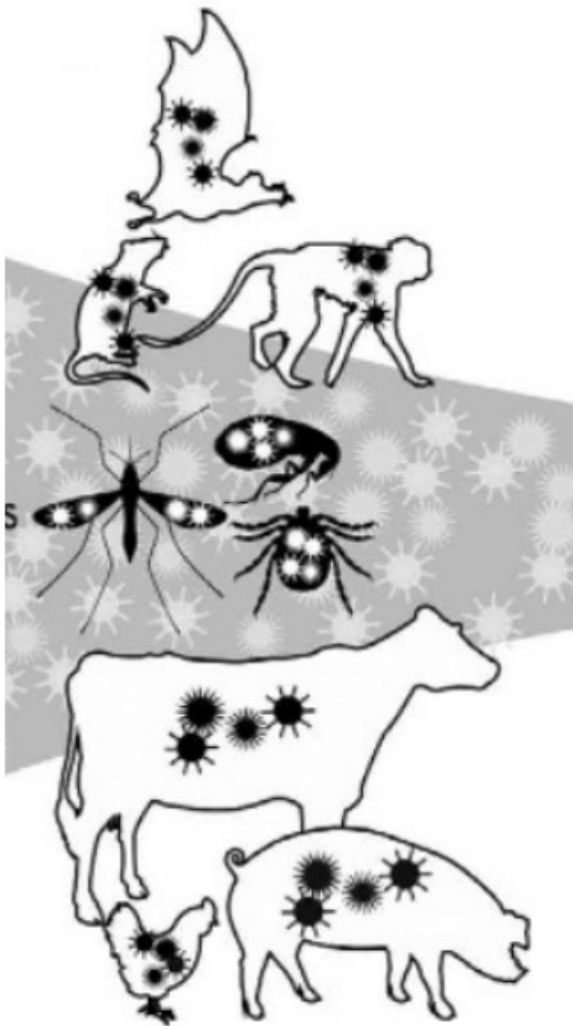


Figure 1 : Les différents facteurs de l'émergence de maladies zoonotiques. Les facteurs principaux sont numérotés de 1 à 6, en noir. Les conséquences sont présentées en rouge. Les quatre entités représentées sont : l'environnement (vert), la faune sauvage (orange), les humains (gris) et l'agent pathogène (bleu). Les activités humaines telles que l'intensification des activités agricoles, la déforestation et l'urbanisation augmentent (1, 2, 3), l'interface entre l'Homme et les populations animales sauvages ou domestiques constituent un " pont épidémiologique" qui offre de nombreuses opportunités de passage de barrière d'espèce aux agents pathogènes émergents. Sa survie dépend de sa capacité à s'adapter à l'environnement de son hôte (5).

Passage animal (ou environnement) - humain



Proximité phylogénétique



Host and viral traits predict zoonotic spillover from mammals

Kevin I. Oliva¹, Parvizeh R. Hosseini¹, Carlos Zambrana-Torrel¹, Noam Ross¹, Tiffany L. Rootich¹ & Peter Daszak¹

646 | NATURE | VOL 546 | 29 JUNE 2017

Spillover and pandemic properties of zoonotic viruses with high host plasticity

[Christine Kreuder Johnson](#), [Peta L. Hitchens](#), [Tierra Smiley Evans](#), [Tracey Goldstein](#), [Kate Thomas](#), [Andrew Clements](#), [Damien O. Joly](#), [Nathan D. Wolfe](#), [Peter Daszak](#), [William B. Karesh](#) & [Jonna K. Mazet](#)

Passage animal (ou environnement) - humain

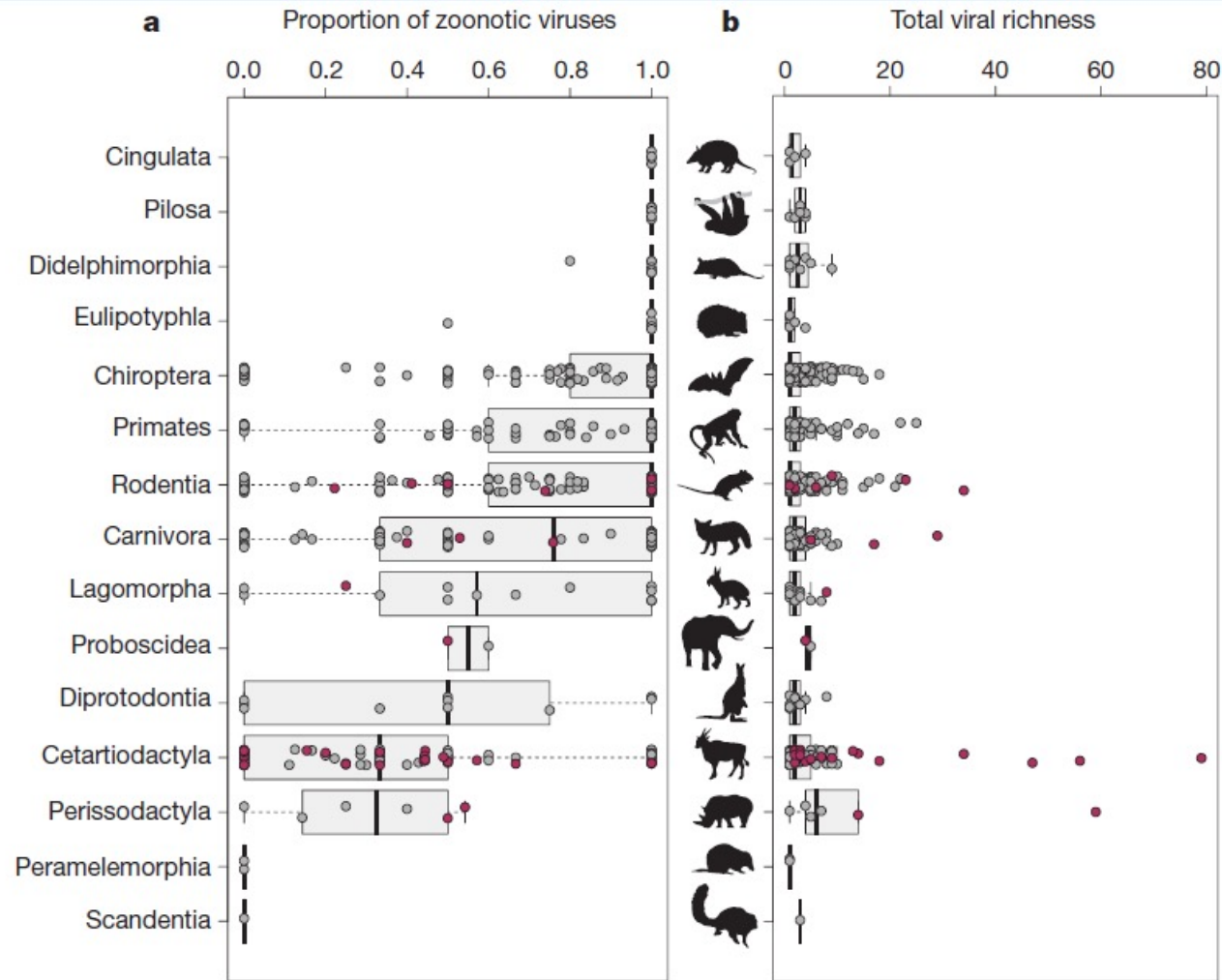


Figure 1 | Observed viral richness in mammals. a, b, Box plots of proportion of zoonotic viruses (a) and total viral richness per species (b), aggregated by order. Data points represent wild (light grey, $n = 721$) and domestic (red, $n = 113$) species. Boxes, interquartile range. Animal silhouettes from PhyloPic. Data based on 2,805 host–virus associations. See Methods for image credits and licensing.

boxes, interquartile range. Animal silhouettes from PhyloPic. Data based on 2,805 host–virus associations. See Methods for image credits and licensing.

Host and viral traits predict zoonotic spillover from mammals

Passage animal (ou environnement) - humain

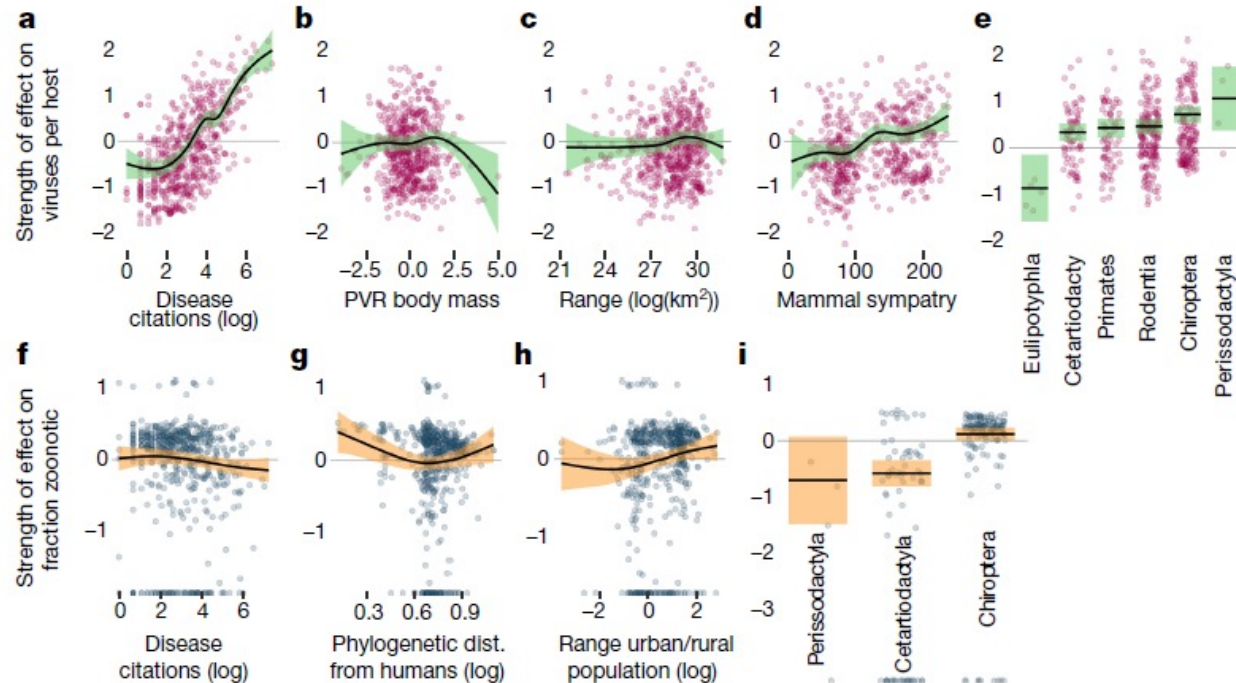


Figure 2 | Host traits that predict total viral richness (top row) and proportion of zoonotic viruses (bottom row) per wild mammal species. Partial effect plots show the relative effect of each variable included in the best-fit GAM, given the effect of the other variables. Shaded circles represent partial residuals; shaded areas, 95% confidence intervals around mean partial effect. **a–e**, Best model for total viral richness includes: **a**, number of disease-related citations per host species (research effort, log); **b**, phylogenetic eigenvector regression (PVR) of body mass (log); **c**, geographic range area of each species (log km²); **d**, number of sympatric mammal species overlapping with at least 20% area of target species

range; and **e**, mammalian orders. **f–i**, Best model for proportion of zoonoses includes: **f**, research effort (log); **g**, phylogenetic distance from humans (cytochrome *b* tree constrained to the topology of the mammal supertree²⁸); **h**, ratio of urban to rural human population within species range; and **i**, three mammalian orders. Bats are the only order with a significantly larger proportion of zoonotic viruses than would be predicted by the other variables in the all-data model. Three additional mammalian orders, and whether or not a species is hunted, improved the overall predictive power of the best zoonotic virus model but were non-significant and are not shown (see Extended Data Table 1).

Host and viral traits predict zoonotic spillover from mammals

Passage animal (ou environnement) - humain

[

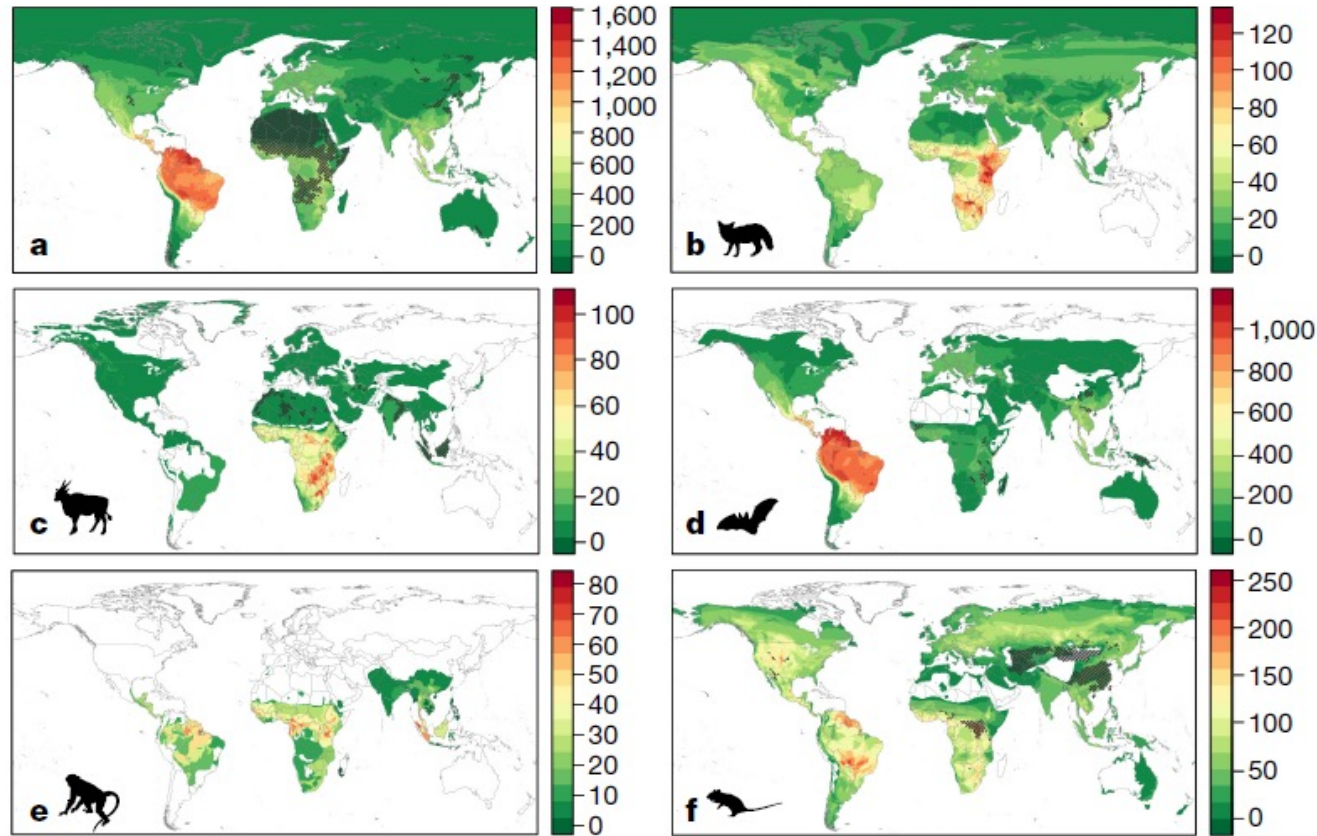


Figure 3 | Global distribution of the predicted number of ‘missing zoonoses’ by order. Warmer colours highlight areas predicted to be of greatest value for discovering novel zoonotic viruses. a, All wild mammals ($n = 584$ spp. included in the best-fit model). b, Carnivores (order Carnivora, $n = 55$). c, Even-toed ungulates (order Cetartiodactyla, $n = 70$).

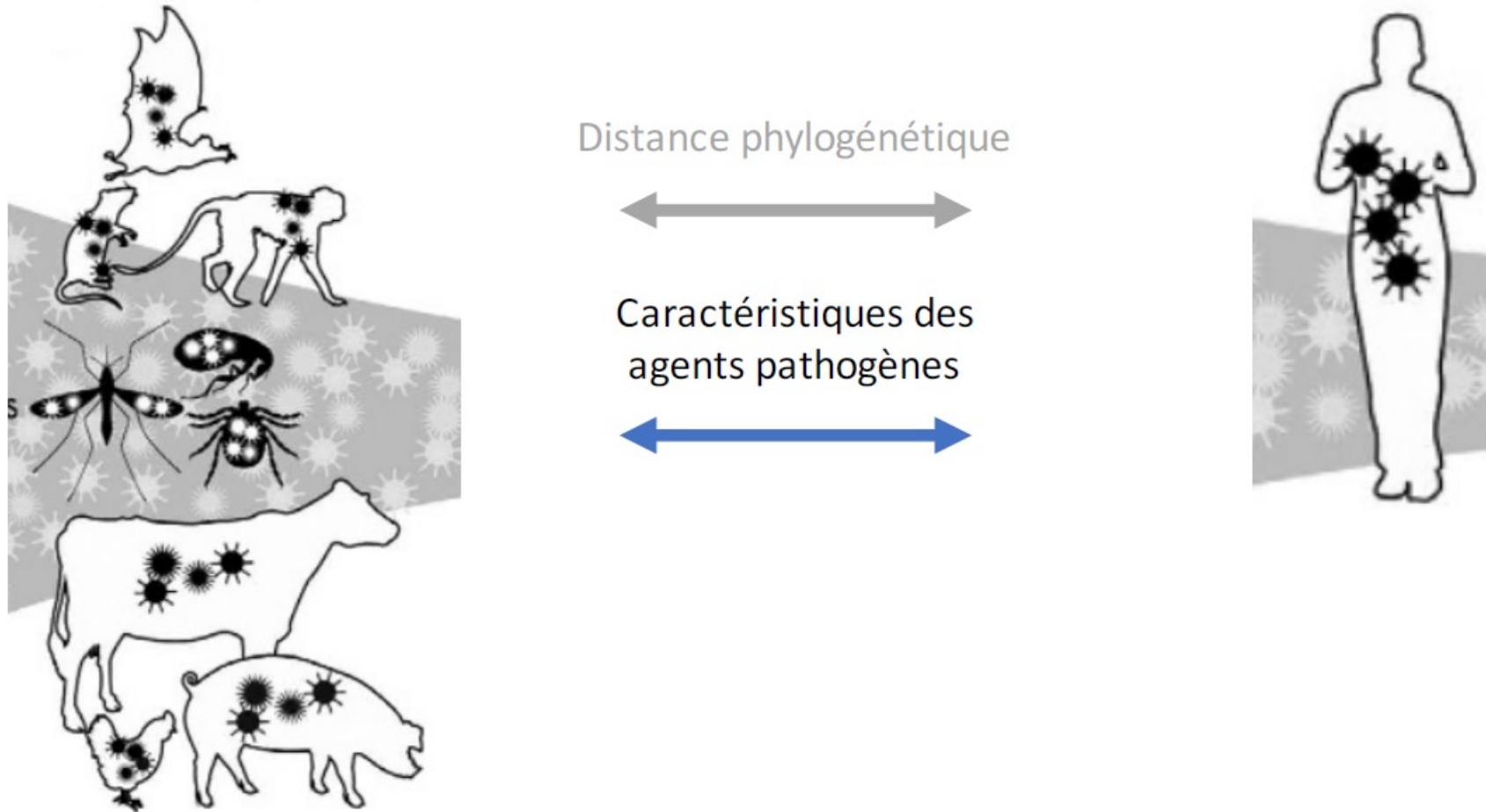
d, Bats (order Chiroptera, $n = 157$). e, Primates (order Primates, $n = 73$). f, Rodents (order Rodentia, $n = 183$). Hatched regions represent areas where model predictions deviate systematically for the assemblage of species in that grid cell (approximately $18 \text{ km} \times 18 \text{ km}$, see Methods). Animal silhouettes from PhyloPic.

Host and viral traits predict zoonotic spillover from mammals

Kevin J. Olival¹, Parvaz R. Hosseini¹, Carlos Zambrana-Torrel¹, Noam Ross¹, Tiffany L. Rosich¹ & Peter Daszak¹

]

Passage animal (ou environnement) - humain



Host and viral traits predict zoonotic spillover from mammals

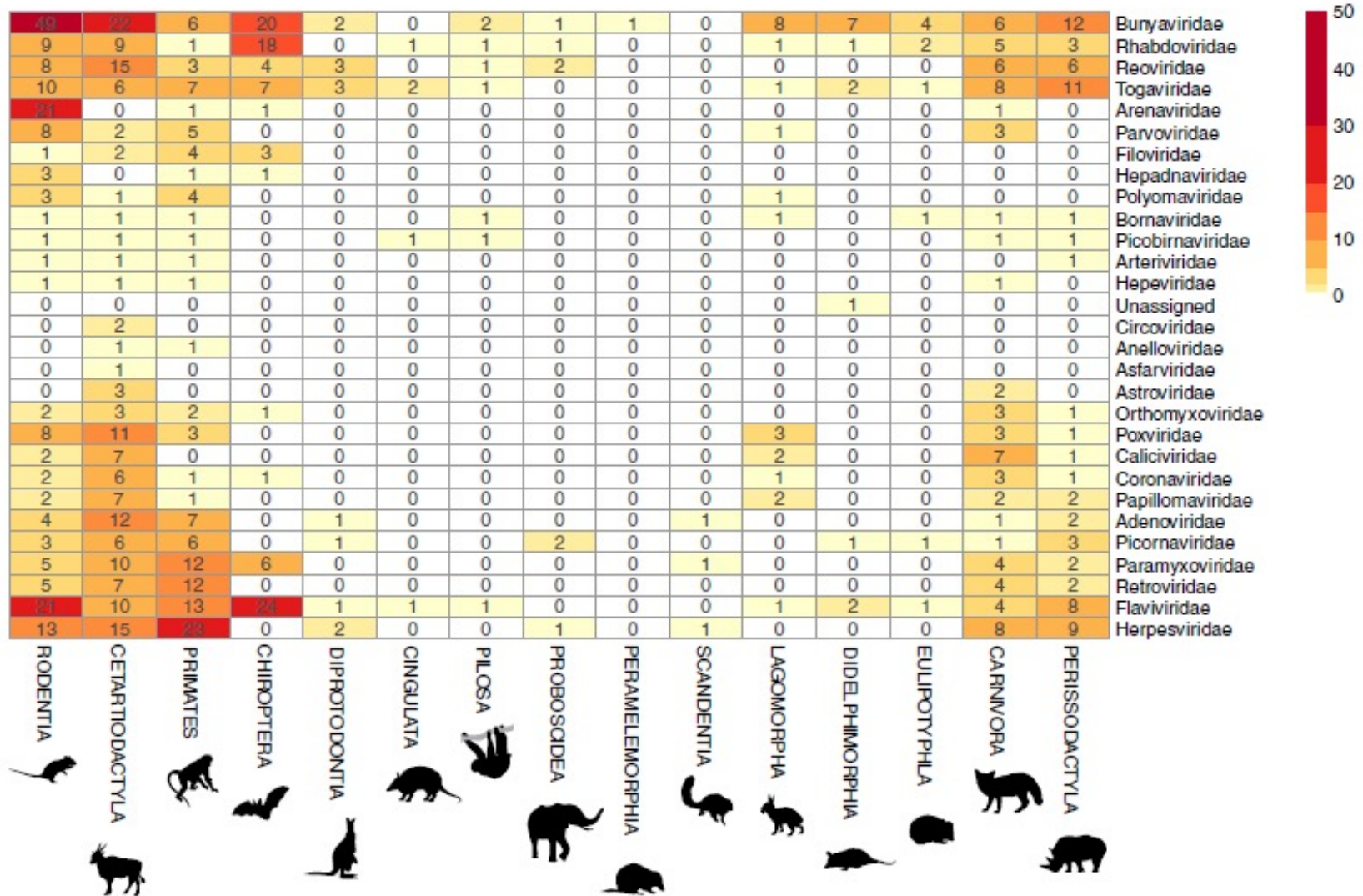
Kevin J. Oliva¹, Parvaz R. Hosseini¹, Carlos Zambrana-Torrel¹, Noam Ross¹, Tiffany L. Root¹ & Peter Daszak¹

646 | NATURE | VOL 546 | 29 JUNE 2017

Spillover and pandemic properties of zoonotic viruses with high host plasticity

[Christine Kreuder Johnson](#), [Peta L. Hitchens](#), [Tierra Smiley Evans](#), [Tracey Goldstein](#), [Kate Thomas](#), [Andrew Clements](#), [Damien O. Joly](#), [Nathan D. Wolfe](#), [Peter Daszak](#), [William B. Karesh](#) & [Jonna K. Mazet](#)

Passage animal (ou environnement) - humain



Extended Data Figure 2 | Heat map of observed total viral richness by mammalian order and viral family. Dataset includes 754 mammalian species and 586 unique ICTV recognized viral species. Heat map aggregated by rows and columns to group taxa with similar levels of observed viral richness.

Host and viral traits predict zoonotic spillover from mammals

Kevin J. Oliva¹, Parviz R. Hosseini¹, Carlos Zambrana-Torrel¹, Noam Ross¹, Tiffany L. Roehrig¹ & Peter Daszak¹

Spillover and pandemic properties of zoonotic viruses with high host plasticity

Christine Kreuder Johnson, Peta L. Hitchens, Tierra Smiley Evans, Tracey Goldstein, Kate Thomas, Andrew Clements, Damien O. Joly, Nathan D. Wolfe, Peter Daszak, William B. Karesh & Jonna K. Mazet

Passage animal (ou environnement) - humain

Virus capables de se répliquer dans le cytoplasme des cellules plutôt que dans le noyau

Proportion de virus capables d'infecter l'homme
(parmi 141 virus d'artiodactyles domestiques -
moutons, chèvres, porcs, bovins)

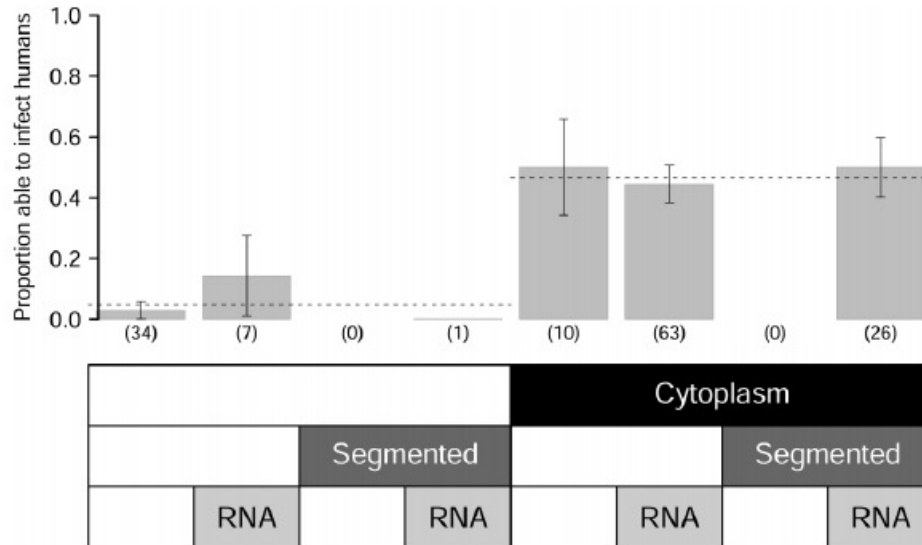


Figure 1. Comparison of data and model predictions. Gray bars show the proportion of livestock viruses in each category that are known to infect humans. Dashed lines give the prediction of the best regression model (as determined by Akaike's information criterion adjusted for small sample size), which includes site of replication (X_{39}) as the only variable. Sample sizes are given in parentheses below each bar. The ability to complete replication within the cytoplasm is the single best predictor of whether livestock viruses infect humans. Error bars represent 95% exact binomial confidence intervals.

Pulliam *et al.* (2009) *Journal of Infectious Diseases*

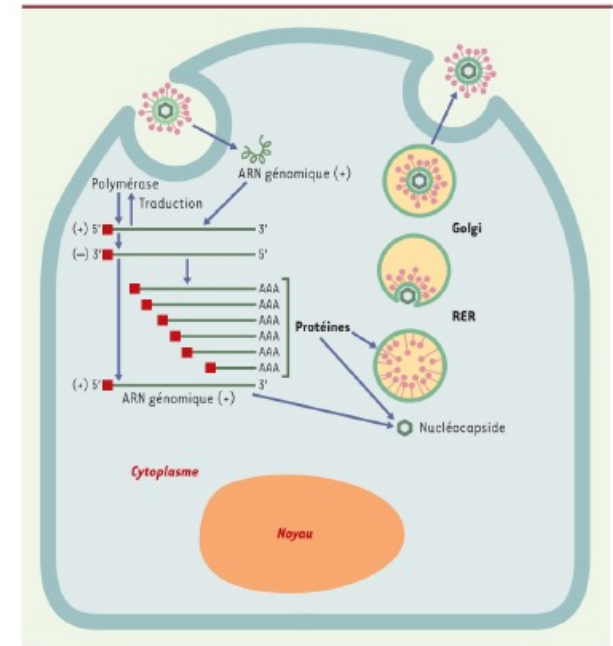


Figure 4. Cycle infectieux d'un coronavirus. L'ensemble du processus de réplication virale a lieu dans le cytoplasme.

Tratner (2003) *Médecine/Sciences*

Passage animal (ou environnement) - humain

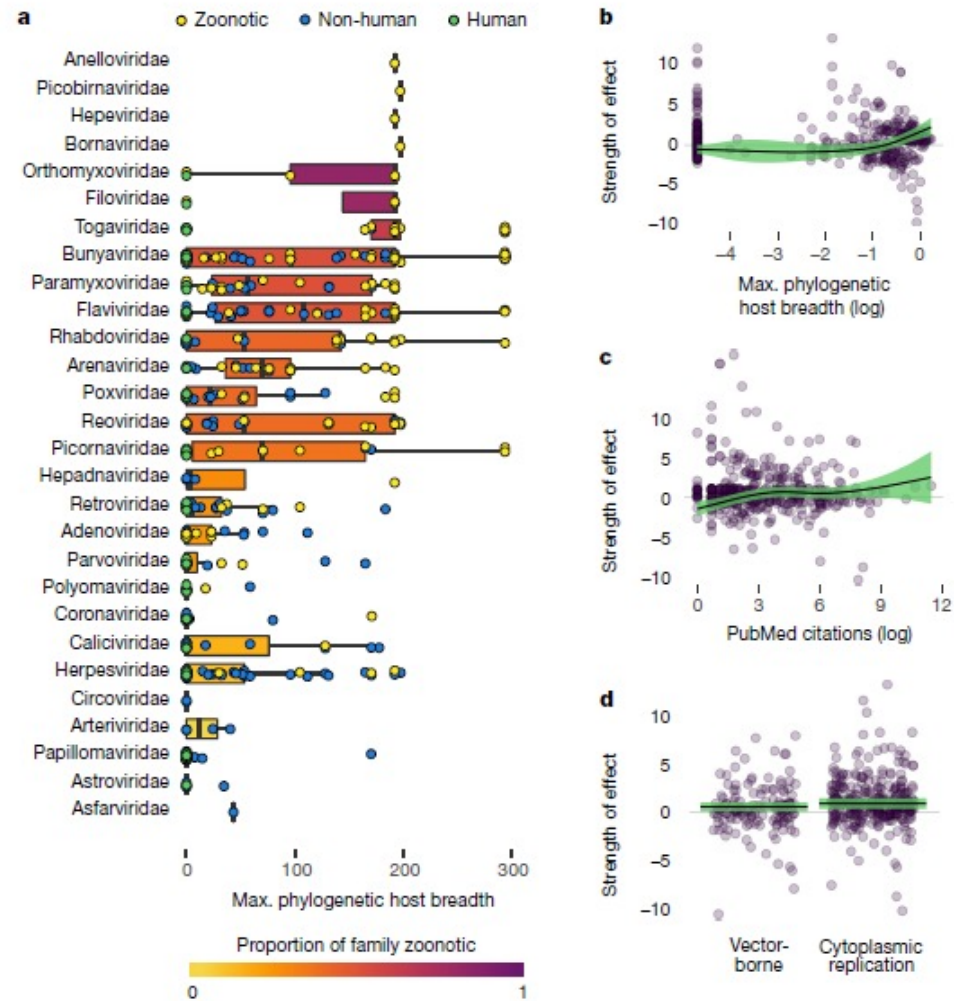
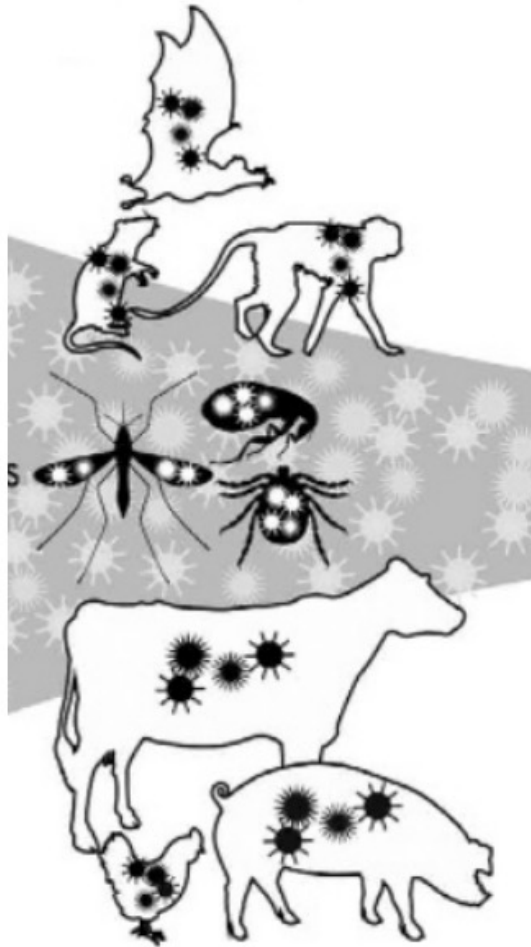


Figure 4 | Traits that predict zoonotic potential of a virus. **a**, Box plot of maximum phylogenetic host breadth per virus (PHB, see methods) for each of 586 mammalian viruses, aggregated by 28 viral families. Individual points represent viral species, colour-coded by zoonotic status. Box plots coloured and sorted by the proportion of zoonoses in each viral family. **b-d**, Partial effect plots for the best-fit GAM to predict the zoonotic potential of a virus. **b**, Maximum PHB. Viruses that infect a

phylogenetically broader range of hosts are more likely to be zoonotic. **c**, Research effort (log, number of PubMed citations per viral species). **d**, Whether or not a virus replicates in the cytoplasm or is vector-borne. Viral genome length and whether or not a virus is enveloped improved the overall predictive power but were non-significant and are not shown (see Extended Data Table 1).

Host and viral traits predict zoonotic spillover from mammals

Passage animal (ou environnement) - humain



Distance phylogénétique



Caractéristiques des agents pathogènes



Contacts humain-animal



Domestication, élevage et agriculture
Destruction des habitats naturels,
perte de biodiversité
Commerce d'animaux sauvages
Changements climatiques

...



Host and viral traits predict zoonotic spillover from mammals

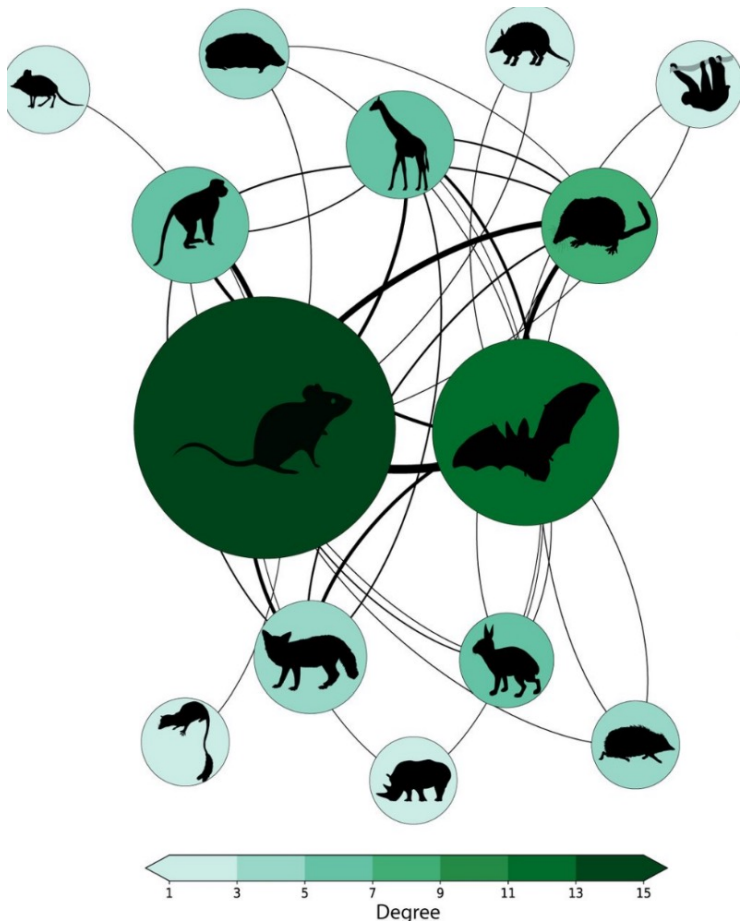
Kevin J. Oliva¹, Parvizeh R. Hosseini¹, Carlos Zambrana-Torrel¹, Noam Ross¹, Tiffany L. Roach¹ & Peter Daszak¹

646 | NATURE | VOL 546 | 29 JUNE 2017

Spillover and pandemic properties of zoonotic viruses with high host plasticity

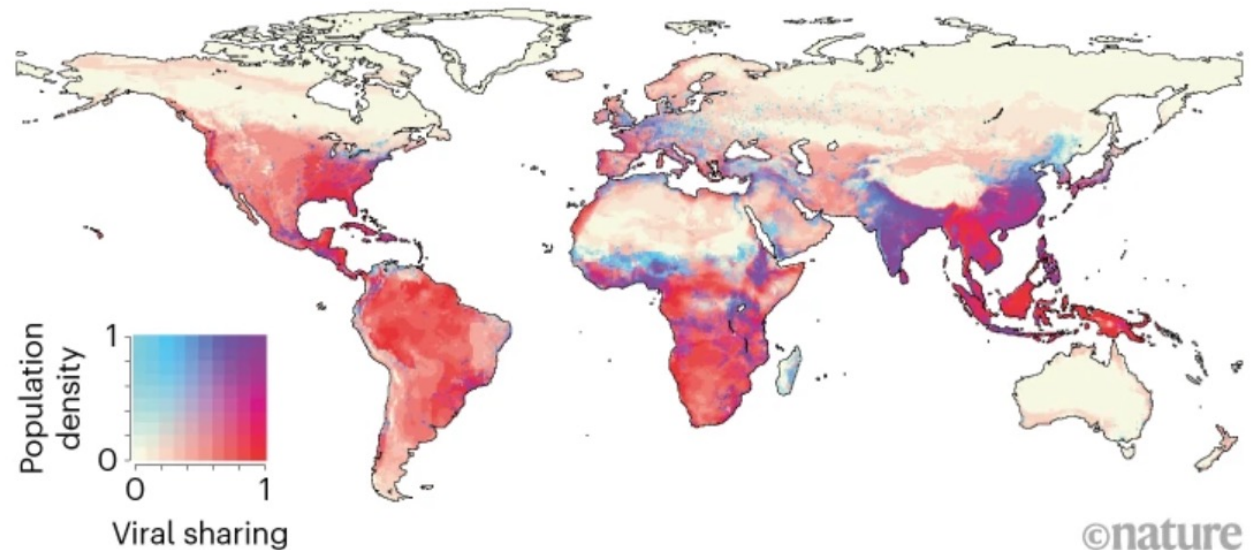
[Christine Kreuder Johnson](#), [Peta L. Hitchens](#), [Tierra Smiley Evans](#), [Tracey Goldstein](#), [Kate Thomas](#), [Andrew Clements](#), [Damien O. Joly](#), [Nathan D. Wolfe](#), [Peter Daszak](#), [William B. Karesh](#) & [Jonna K. Mazet](#)

L'augmentation des interactions entre faune sauvage avec la réduction des aires de distribution spatiale et une plus grande promiscuité avec les changements climatiques conduiront à des « spillovers » plus importants et plus fréquents dont avec l'humain



SPILLOVER HOTSPOTS

Models suggest that by 2070, climate change will be driving many mammal species to cooler regions, where they will meet for the first time and could exchange viruses. If Earth warms by 2 °C, they say, the regions with the highest chance of virus sharing will overlap with areas of dense human population, including parts of India and Indonesia. That will increase the risk of pathogens transferring to people.



Carlson, C.J., Albery, G.F., Merow, C. *et al.* Climate change increases cross-species viral transmission risk. *Nature* **607**, 555–

La modification des habitats naturels conduit à une modification des cycles biologiques d'agents microbiens

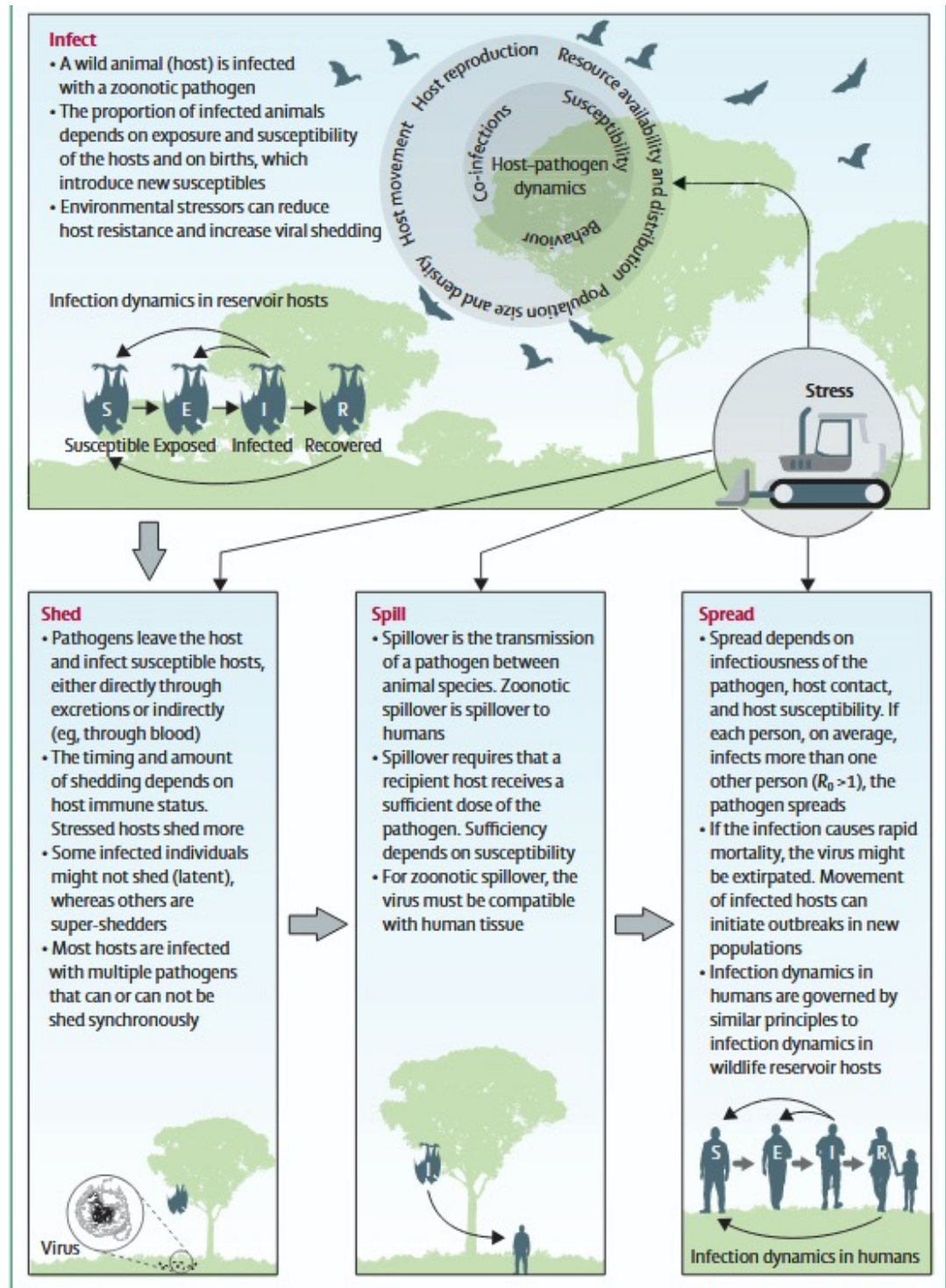


Figure 1: Land use-induced spillover

Land use-induced spillover: a call to action to safeguard environmental, animal, and human health

Raina K Plowright*, Jamie K Reaser*, Harvey Locke, Stephen J Woodley, Jonathan A Patz, Daniel J Becker, Gary M Tabor

Lancet Planet Health 2021; 5: e237-45

Published Online
March 5, 2021

<https://doi.org/10.1016/>

L'importance des modifications d'habitats et de l'agriculture dans le processus d'émergence infectieuse

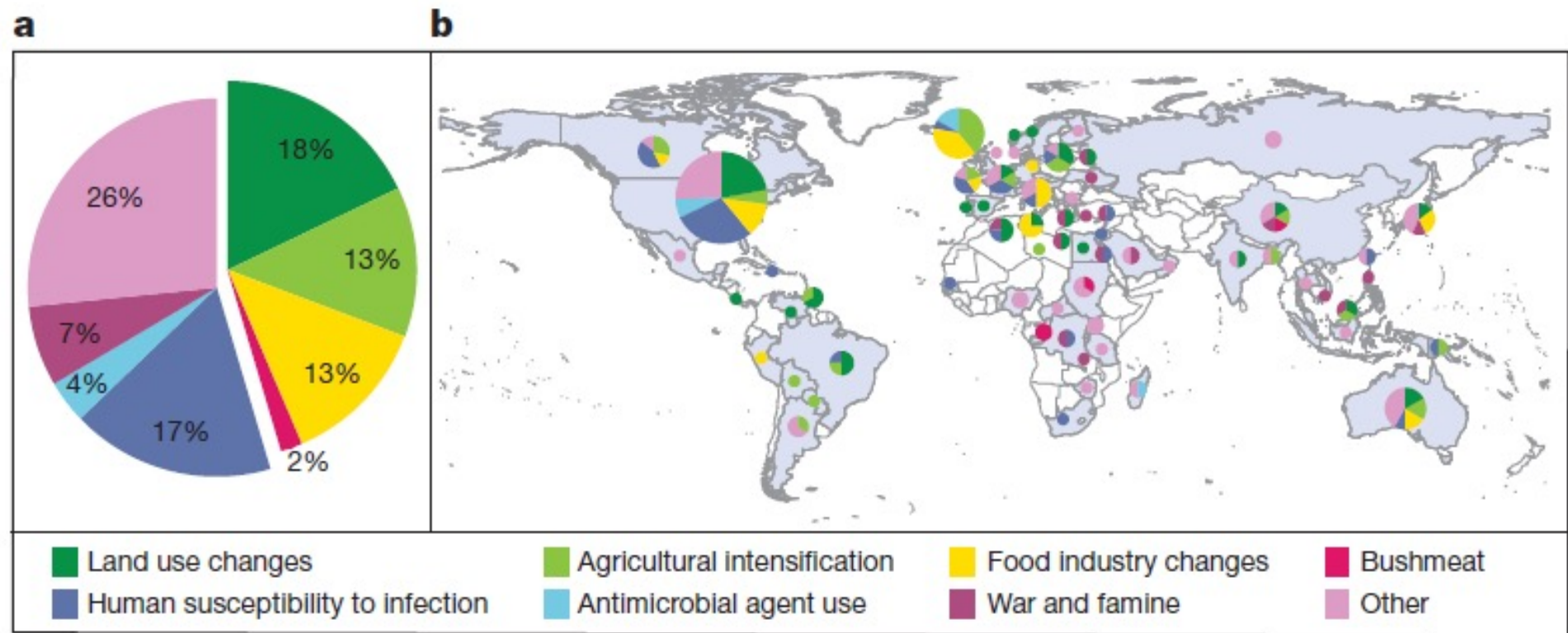


Figure 2 | Drivers and locations of emergence events for zoonotic infectious diseases in humans from 1940–2005. a, Worldwide percentage of emergence events caused by each driver; b, Countries in which the emergence events took place, and the drivers of emergence. The size of the circle represents the number of emergence events: for scale, the number of events in the United States was 59. Globally, almost half of these diseases resulted from changes in land use, changes

in agricultural and other food production practices, or through wildlife hunting, which suggests that contact rates between humans and other animals are an important underlying cause of zoonotic disease emergence. 'Other' includes international travel and commerce, changes in human demographics and behaviour, changes in the medical industry, climate and weather, breakdown of public health measures, and unspecified causes. Analysed from data in ref. 40.

NATURE | REVIEW

日本語要約

Impacts of biodiversity on the emergence and transmission of infectious diseases

Felicia Keesing, Lisa K. Belden, Peter Daszak, Andrew Dobson, C. Drew Harvell, Robert D. Holt, Peter Hudson, Anna Jolles, Kate E. Jones, Charles E. Mitchell, Samuel S. Myers, Tiffany Bogich & Richard S. Ostfeld

L'importance des modifications d'habitats et de l'agriculture (incluant l'élevage) dans le processus d'émergence infectieuse

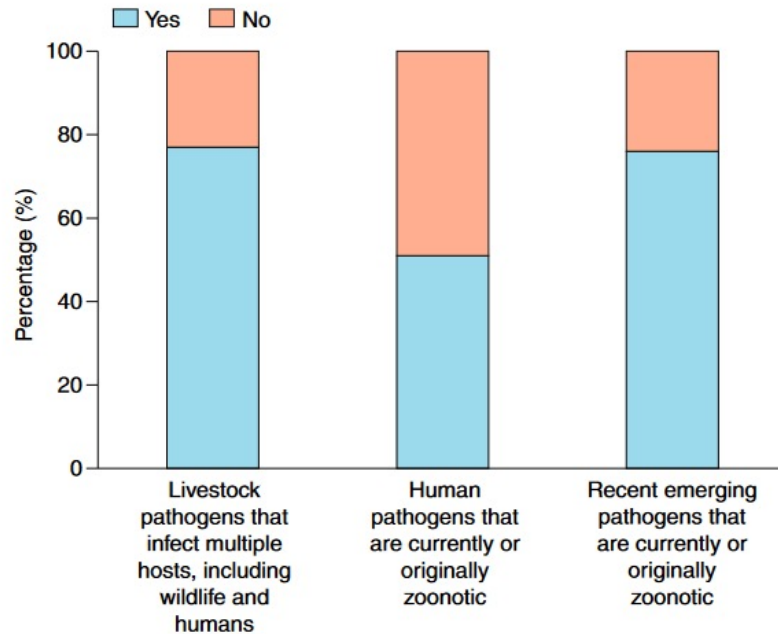


Fig. 4 | Livestock pathogens and zoonoses. Percentage of livestock pathogens that infect multiple host species¹¹⁵, human pathogens that are currently or originally zoonotic^{29,116}, and recent emerging pathogens that are zoonotic^{1,29}.

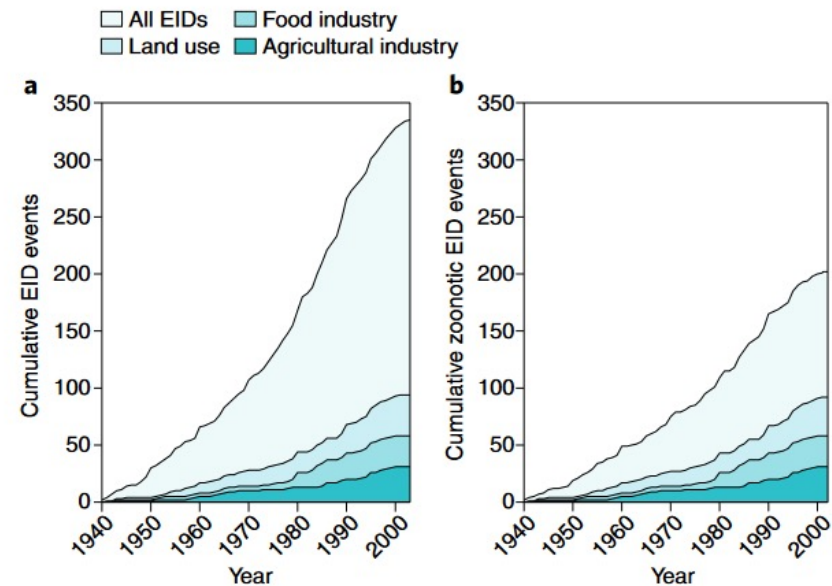


Fig. 5 | Effects of agricultural drivers on emerging infectious diseases (EIDs) and zoonotic EIDs of humans since 1940. **a,b**, Agricultural drivers were associated with 25% of all (**a**) and nearly 50% of zoonotic (**b**) diseases that emerged in humans. For these figures, we use the definition of a zoonotic EID provided by Jones et al.¹, which is a disease that emerged via non-human to human transmission, not including vectors. See Supplementary Methods for the methods used to develop this figure.

Emerging human infectious diseases and the links to global food production

Jason R. Rohr^{1,2*}, Christopher B. Barrett³, David J. Civitello⁴, Meggan E. Craft⁵, Bryan Delius², Giulio A. DeLeo⁶, Peter J. Hudson⁷, Nicolas Jouanard⁸, Karena H. Nguyen⁹, Richard S. Ostfeld⁹, Justin V. Remais¹⁰, Gilles Riveau⁸, Susanne H. Sokolow^{6,11} and David Tilman¹²

Mais les « tords » sont toutefois partagés et la situation plus complexe

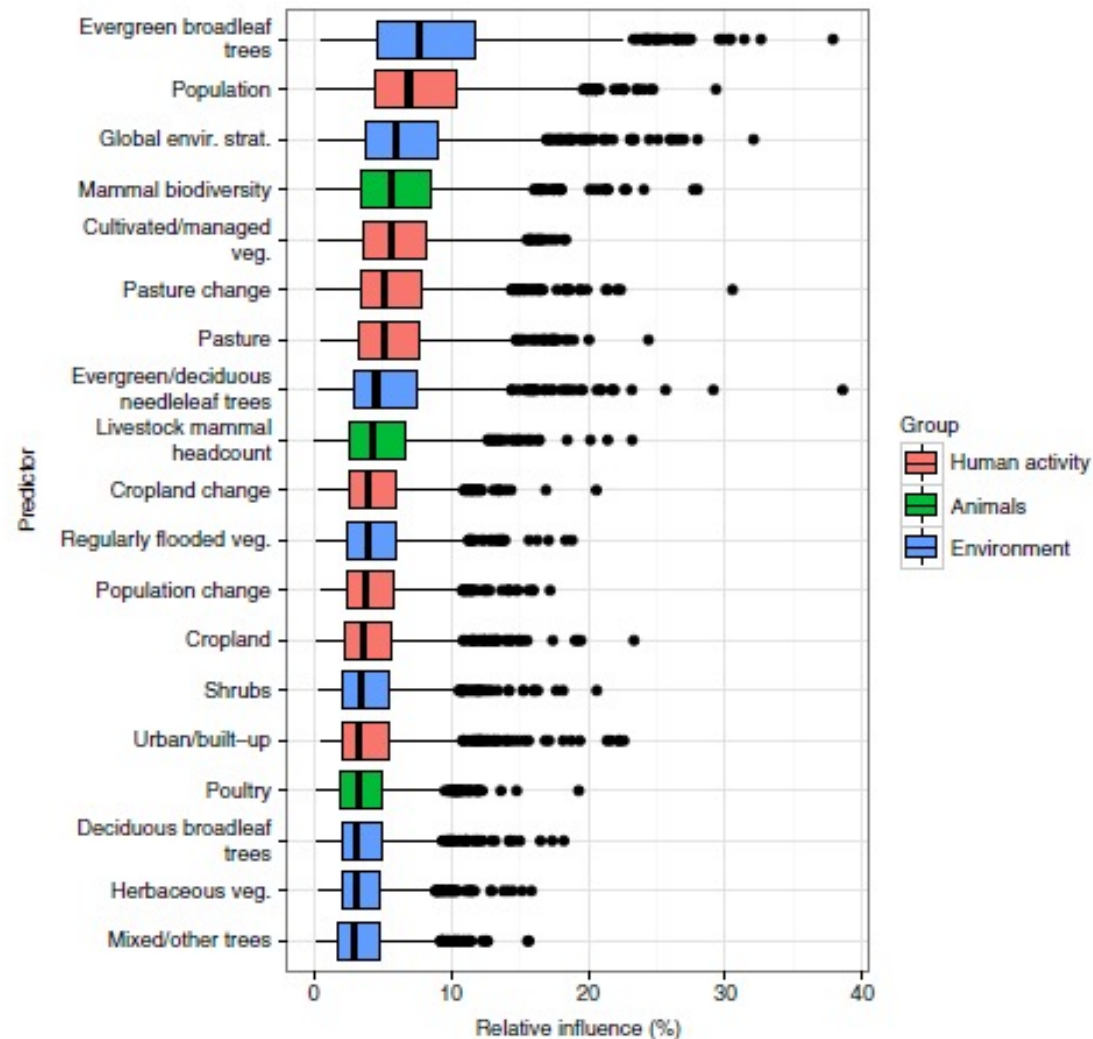


Fig. 1 The relative influence of predictors on EID event occurrence probability. The box plots show the spread of relative influence across 1000 replicate model runs to account for uncertainty in EID event location (see above). Whiskers represent the minimum or maximum datum up to 1.5 times the interquartile range beyond the lower or upper quartile. BRTs do not provide *p*-values or coefficients, but rank variables by their relative influence in explaining variation in the outcome²⁶

Mais les « tords » sont toutefois partagés et la situation plus complexe

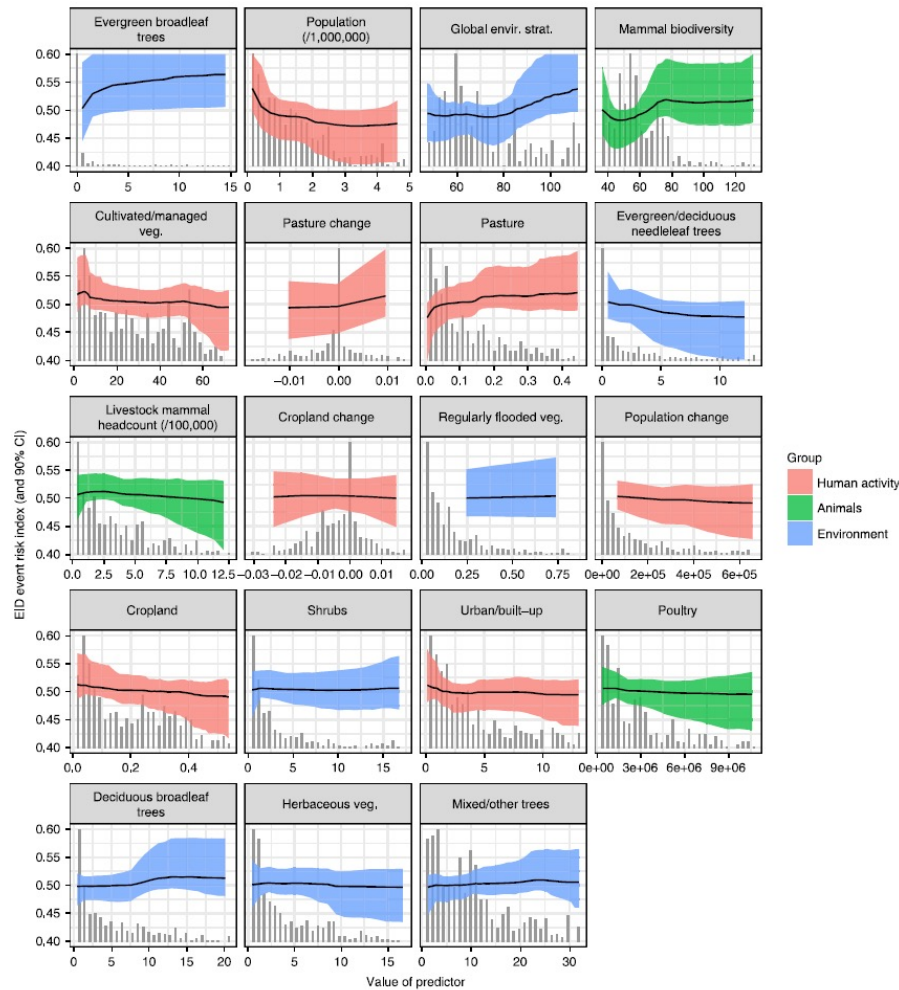
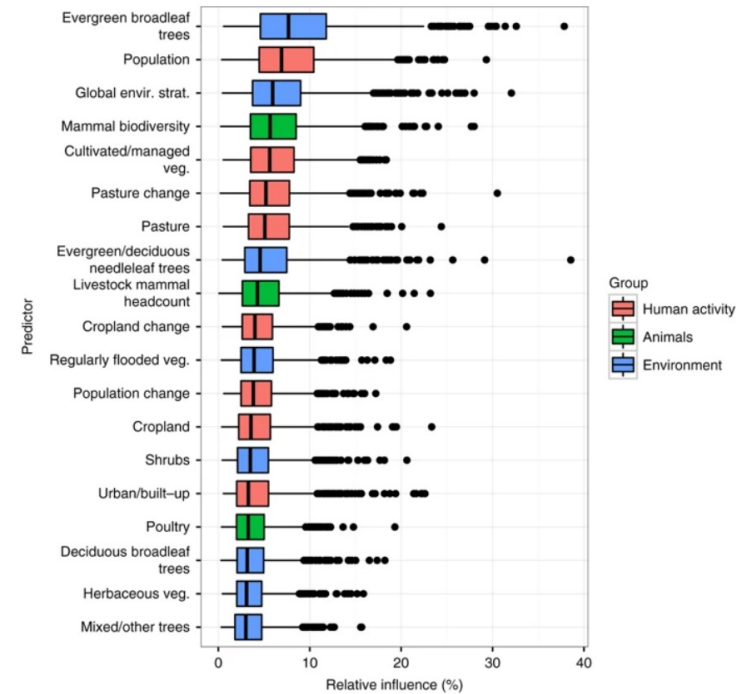


Fig. 2 Partial dependence plots showing the influence on zoonotic EID events for all predictors in the weighted boosted regression tree model, ordered by relative influence. X axes show the range from the 10th to 90th percentiles of sampled values of predictors (e.g., number of mammal species per grid square for mammalian richness, or proportion of grid cell for a land cover type). Gray bars show histograms of predictor distribution along X axes. Y axes show the effect on the EID event risk index from that variable. Black lines show the median and colored areas show the 90% confidence intervals, computed using a bootstrap resampling regime incorporating uncertainty in EID event locations. The overall prevalence of our outcome, which indexes EID event risk, is fixed by the resampling regime between 0 and 1, with a mean at 0.5. Y axes are centered around the mean and scaled to 0,1 above and below. Partial dependence plots display the response for an individual variable in the model while holding all other variables constant^{26, 61}. They allow a visualization of what are mostly non-linear relationships between drivers and the EID event risk index (in this case, after reporting effort is factored out.). See Supplementary Note 3 for results of the model unweighted by reporting effort

Global hotspots and correlates of emerging zoonotic diseases

Fig. 1



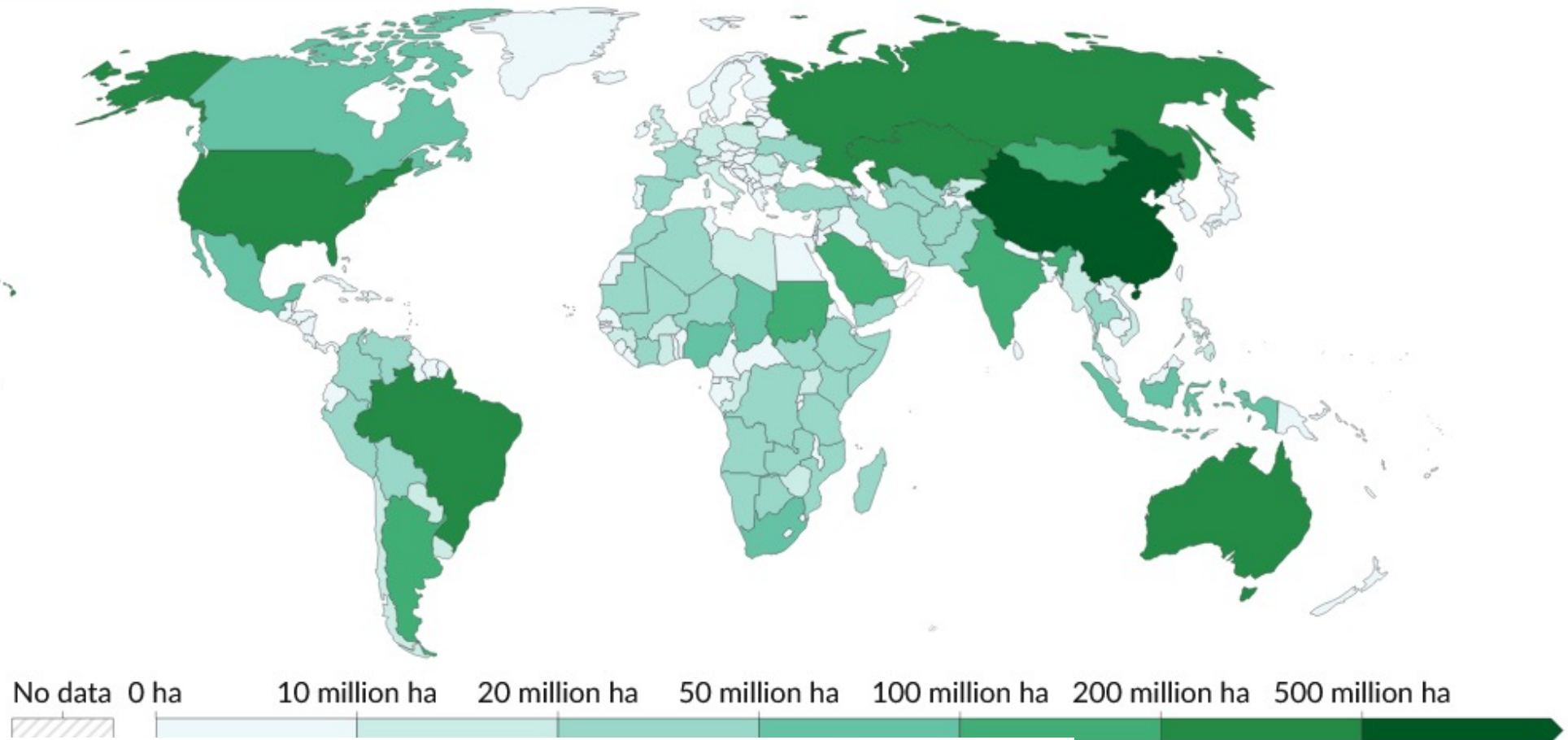
The relative influence of predictors on EID event occurrence probability. The box plots show the spread of relative influence across 1000 replicate model runs to account for uncertainty in EID event location (see above). Whiskers represent the minimum or maximum datum up to 1.5 times the inter-quartile range beyond the lower or upper quartile. BRTs do not provide *p*-values or coefficients, but rank variables by their relative influence in explaining variation in the outcome²⁶



Global hotspots and correlates of emerging zoonotic diseases

Toph Allen¹, Kris A. Murray^{2,3}, Carlos Zambrana-Torrel¹, Stephen S. Morse⁴, Carlo Rondinini⁵, Moreno Di Marco^{6,7}, Nathan Breit¹, Kevin J. Olival¹ & Peter Daszak¹

Occupation mondiale des sols pour l'agriculture et l'élevage, et son évolution dans le temps



Agricultural land use, 2022

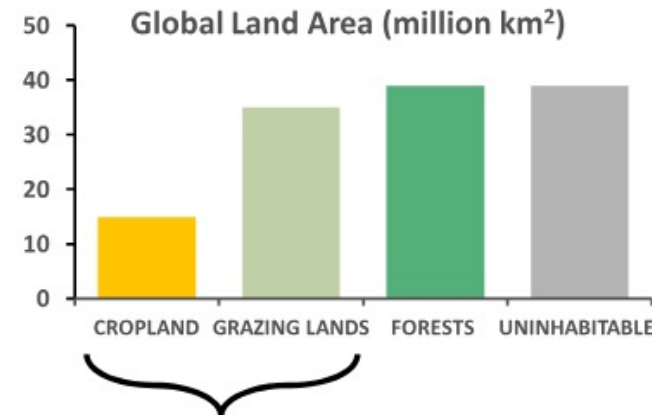
Agricultural land use is the sum of croplands and pasture – land used for grazing livestock.

Data source: Food and Agriculture Organization of the United Nations (2024) – [Learn more about this data](#)

OurWorldinData.org/land-use | CC BY

<https://ourworldindata.org/grapher/agricultural-land>

Occupation mondiale des sols pour l'agriculture et l'élevage, et son évolution dans le temps



“Agricultural Land 38% of Global Land”

- 71% of agricultural land is for grazing livestock
- ~4% of agricultural land (~23% of total cropland) is used for feed
- 75% of agricultural land used for livestock

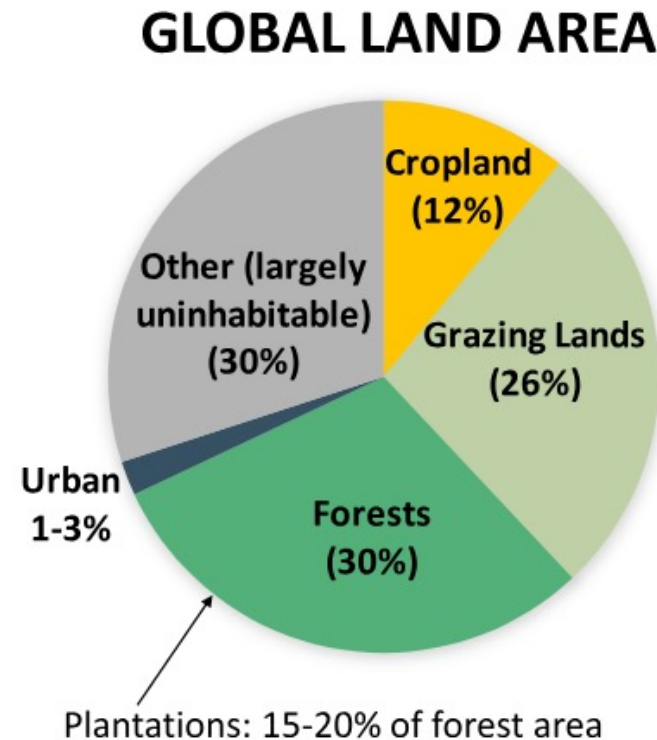
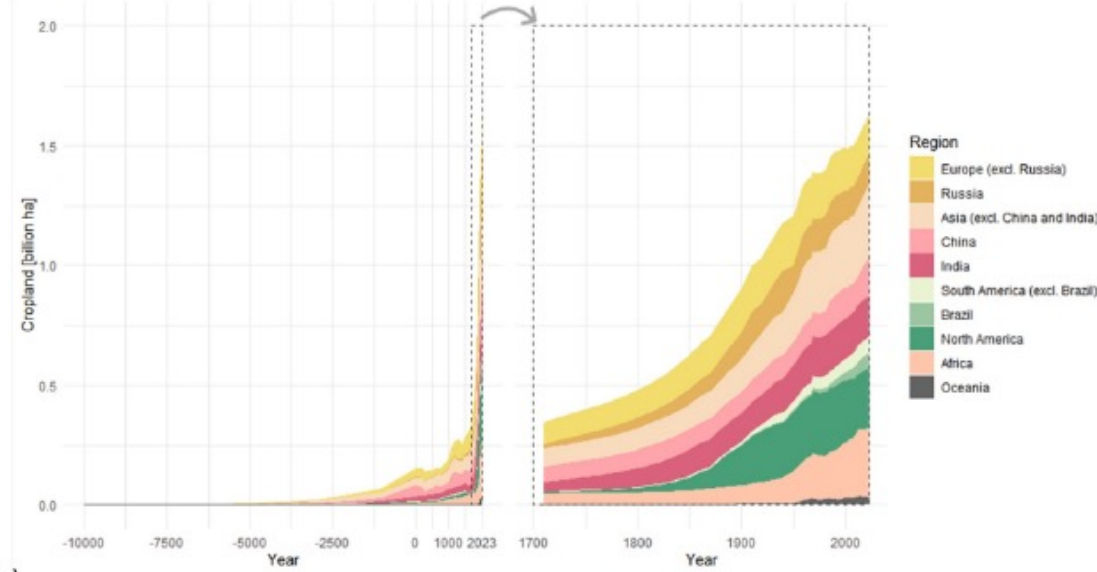


Figure 5. Global land area and its uses. Land area estimates are from Sachs (2015); the livestock contribution estimates are from Foley et al. (2011); the urban extent is a range from Potere and Schneider (2007) with <1% of land area in built-up urban areas.

D’Odorico, P., Davis, K. F., Rosa, L., Carr, J. A., Chiarelli, D., Dell’Angelo, J., et al. (2018). The global food-energy-water nexus. *Reviews of Geophysics*, 56. <https://doi.org/10.1029/2017RG000591>

Une démographie humaine croissante « en demande » de productions



b)

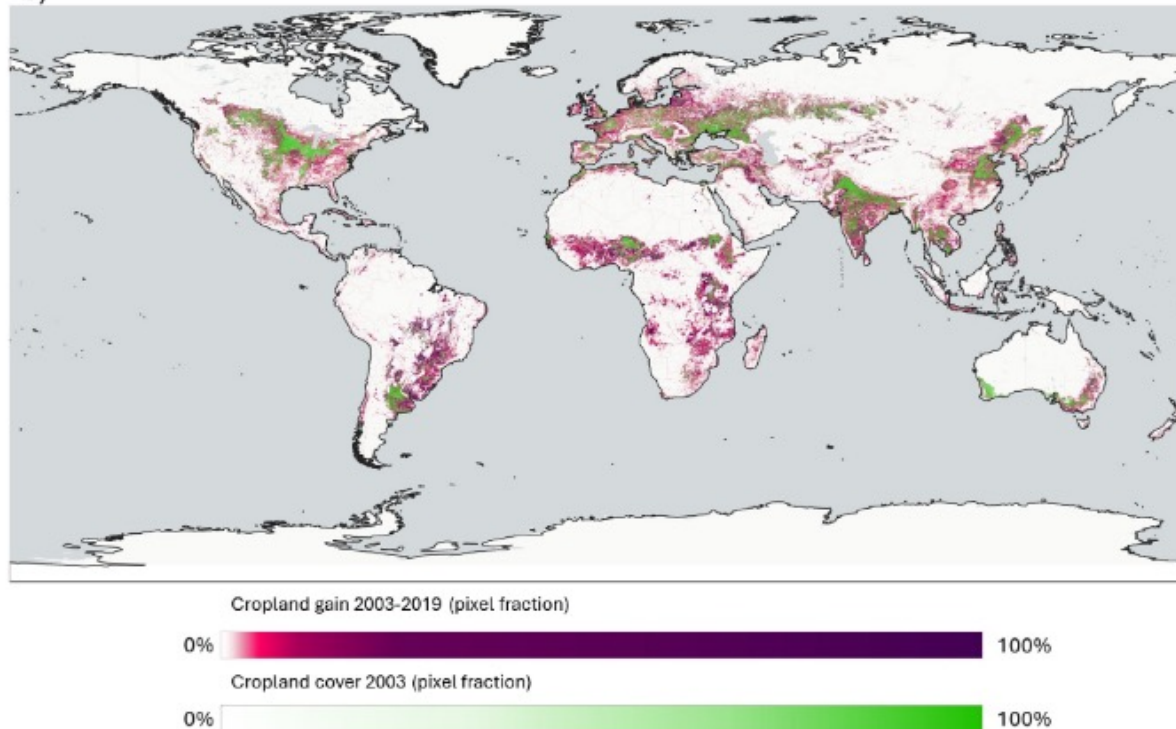
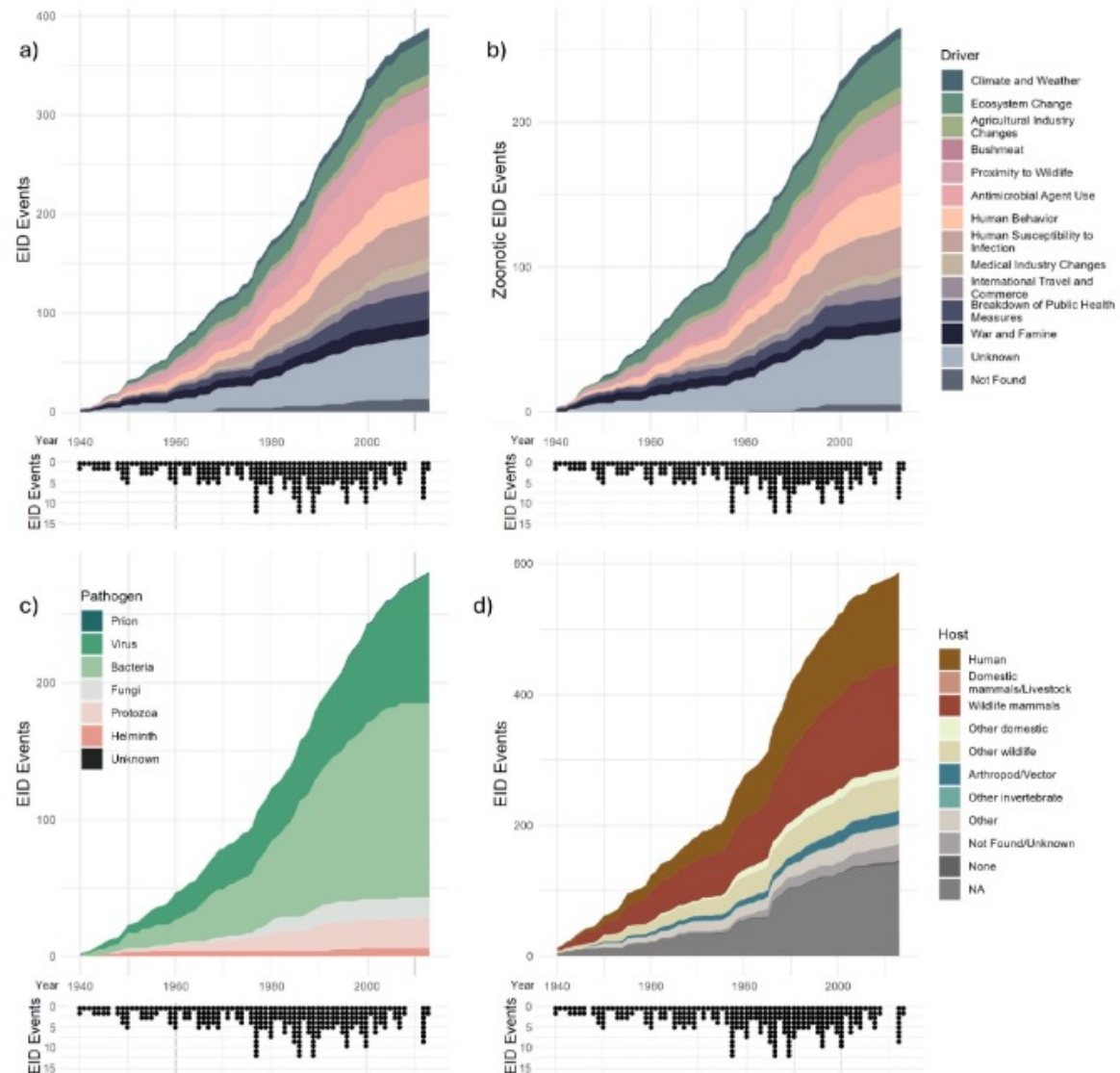


Figure 6. (a) Historical trend of global cropland extent from the HYDE 3.2 data set (Klein Goldewijk et al., 2017). (b) Cropland distribution across the world in a nominal 30-m resolution. This is the baseline product of the GPSAD30 Project (https://glam1.gsfc.nasa.gov/api/doc/cropmask/v1/GPSAD30-CE_2015_crops).

Rulli, M. C., D'Odorico, P., Galli, N., John, R. S., Muylaert, R. L., Santini, M., & Hayman, D. T. S. (2025). Land use change and infectious disease emergence. *Reviews of Geophysics*, 63, e2022RG000785. <https://doi.org/10.1029/2022RG000785>

Reviews of Geophysics

Tendances dans les augmentation de foyers épidémiques



Rulli, M. C., D’Odorico, P., Galli, N., John, R. S., Muylaert, R. L., Santini, M., & Hayman, D. T. S. (2025). Land use change and infectious disease emergence. *Reviews of Geophysics*, 63, e2022RG000785. <https://doi.org/10.1029/2022RG000785>

Figure 2. Temporal changes of emerging infectious disease (EID) events reported since 1940. (a) Reports all EID events classified by drivers, (b) reports zoonotic EID events classified by drivers, and (c, d) report EID events classified by pathogen and by host, respectively. Adapted from (Rohr et al., 2019). Data from the EID Repository, EcoHealth Alliance (2025; <https://www.ecohealthalliance.org/program/cidr>). Cumulative sums reach different values because events with multiple drivers/hosts/pathogens are counted once for each driver/host/pathogen, and because the classification of the diseases into zoonotic and non-zoonotic is not based exclusively on the host but also on the type of transmission.

Pour rappel !

Il est aussi important de prendre en considération les facteurs plus distaux comme éléments explicatifs d'un processus infectieux

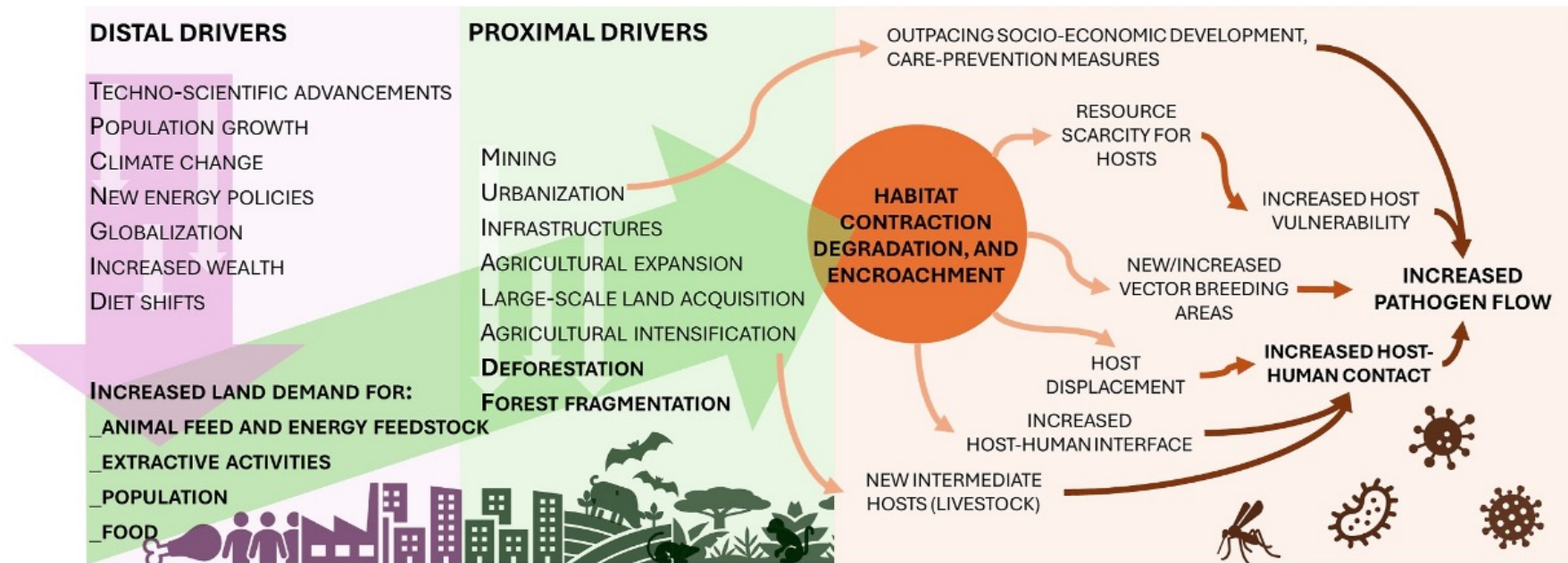


Figure 1. Simplified schematization of distal drivers, proximal drivers and mechanisms connecting land use changes to emerging infectious diseases risk (connections made by arrows are not exhaustive).

Rulli, M. C., D'Odorico, P., Galli, N., John, R. S., Muylaert, R. L., Santini, M., & Hayman, D. T. S. (2025). Land use change and infectious disease emergence. *Reviews of Geophysics*, 63, e2022RG000785. <https://doi.org/10.1029/2022RG000785>

Reviews of Geophysics®

Depuis la pandémie de la COVID-19, le thème est entré dans le discours public et politique

Quels facteurs favorisent l'émergence des zoonoses ? (Maladies transmises des animaux aux êtres humains)

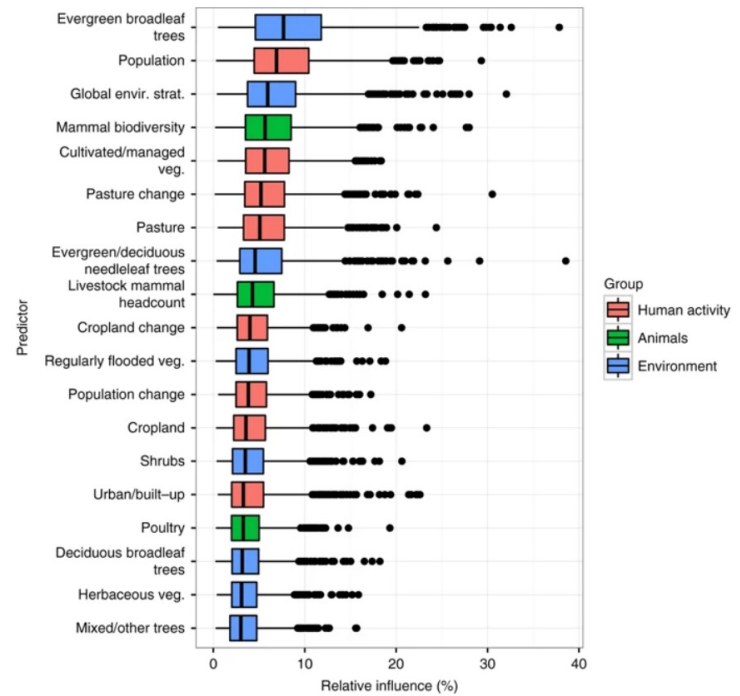


#COVID19

ONU programme pour l'environnement

Global hotspots and correlates of emerging zoonotic diseases

Fig. 1



The relative influence of predictors on EID event occurrence probability. The box plots show the spread of relative influence across 1000 replicate model runs to account for uncertainty in EID event location (see above). Whiskers represent the minimum or maximum datum up to 1.5 times the inter-quartile range beyond the lower or upper quartile. BRTs do not provide p -values or coefficients, but rank variables by their relative influence in explaining variation in the outcome²⁶

Allen et al. (2017) *Nature Communications*



Diplôme Inter-Universitaire International. Infections émergentes: une approche One Health,
Montpellier-Dakar, juin 2026

Facteurs d'émergence et de transmission de maladies infectieuses. Quelques notions autour des nouveaux concepts *OneHealth* et *EcoHealth*

Jean-François Guégan

DRCE IRD, UMR MIVEGEC, Montpellier

Professeur à l'EHESP, Rennes, Paris

Président du CS de l'ENVT, Toulouse,

CSI Santé publique France, St Maurice (2021-2025)

Ancien membre du Haut conseil de la Santé publique

Co-Président des comités d'évaluation de programmes de l'ANRS-MIE

Courriel : jean-francois.guegan@ird.fr

Award #1911457



LabEx CEBA
ANR-10-LAB-2501



UNIVERSITÉ
DE MONTPELLIER

