



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](mailto:jean-francois.guegan@ird.fr)





A JOURNAL OF SPACE  
AND TIME IN ECOLOGY

Editorial |  Open Access |  

## **Disease ecology and pathogeography: Changing the focus to better interpret and anticipate complex environment–host–pathogen interactions**

Jean-François Guégan , Timothée Poisot, Barbara A. Han, Jesús Olivero

First published: 08 October 2024 | <https://doi.org/10.1111/ecog.07684>



**ANNUAL REVIEWS Further**  
Click here for quick links to Annual Reviews content online, including:

- Other articles in this volume
- Top cited articles
- Top downloaded articles
- Our comprehensive search

## Changing Geographic Distributions of Human Pathogens

Katherine F. Smith<sup>1</sup> and Jean-François Guégan<sup>2,3</sup>

*Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.* 2010. 41:231–50

First published online as a Review in Advance on August 10, 2010

The *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* is online at [ecolsys.annualreviews.org](http://ecolsys.annualreviews.org)

**~1420**  
**(2007)**

est le nombre total d'agents infectieux et parasitaires connus de l'espèce humaine, et pour lesquels on dispose d'informations fiables (arrêté à 2007 ±30)

*Review and synthesis*

**Pathogeography: leveraging the biogeography of human infectious diseases for global health management**

Kris A. Murray, Jesús Olivero, Benjamin Roche, Sonia Tiedt and Jean-Francois Guégan

**Ecography**

41: 1–17, 2018

doi: 10.1111/ecog.03625

Subject Editor: W. Daniel Kissling

Editor-in-Chief: Robert Holt

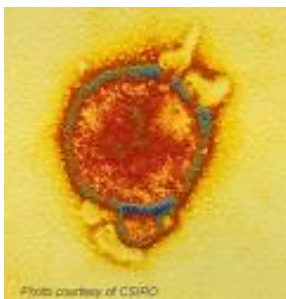
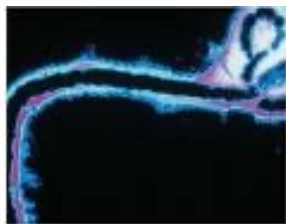
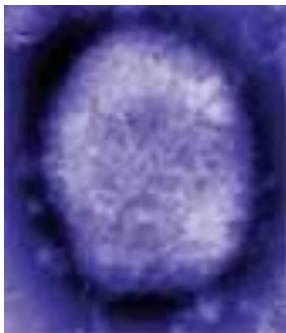
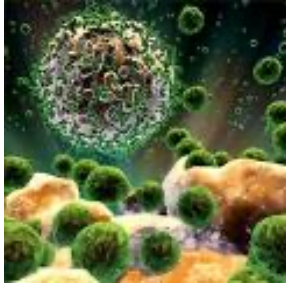
Accepted 6 February 2018



**~2120**

**en réalité**

au total connus



**ANNUAL REVIEWS Further**  
Click here for quick links to Annual Reviews content online, including:

- Other articles in this volume
- Top cited articles
- Top downloaded articles
- Our comprehensive search

## Changing Geographic Distributions of Human Pathogens

Katherine F. Smith<sup>1</sup> and Jean-François Guégan<sup>2,3</sup>

Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst. 2010. 41:231–50

First published online as a Review in Advance on August 10, 2010

The *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* is online at [ecolsys.annualreviews.org](http://ecolsys.annualreviews.org)

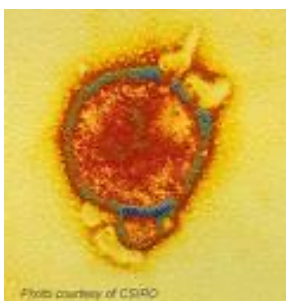
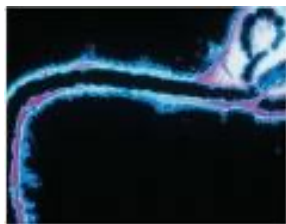
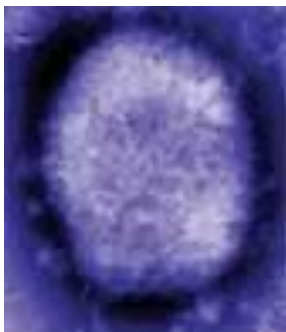
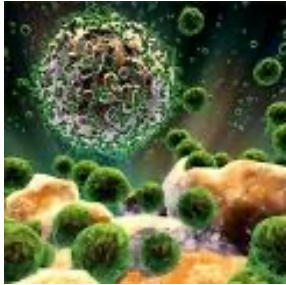
**~177**  
**(1960-2007)**

est le nombre total de nouveaux agents pathogènes apparus chez l'humain ces 50-60 dernières années (+10-15)

# Global mapping of infectious disease

Simon I. Hay, Katherine E. Battle, David M. Pigott, David L. Smith, Catherine L. Moyes, Samir Bhatt, John S. Brownstein, Nigel Collier, Monica F. Myers, Dylan B. George and Peter W. Gething

*Phil. Trans. R. Soc. B* 2013 **368**, 20120250, published 4 February 2013



**= 7**

**sur 335 agents étudiés**

pour lesquels on a une bonne idée de leur distribution spatiale

## Quelques statistiques et faits simples

- ~ **2100** agents infectieux et parasitaires **connus** chez l'humain (env. 44 vaccins)
  - ~ **1420** agents infectieux et parasitaires pour lesquels on dispose d'informations  
62% d'entre eux ont une origine animale (zoonose)
  - ~ **360** agents infectieux et parasitaires relativement **bien connus**
  - ~ **180** agents infectieux et parasitaires **nouvellement apparus** ces 60 dernières années  
72-75% d'entre eux ont une origine animale (zoonose)
  - ~ Sur la base des 360 agents infectieux et parasitaires, seuls **7** d'entre eux montrent  
une très **bonne connaissance de leur distribution géographique** (liens avec la  
vaccination)
- Augmentation de la fréquence des épidémies** dues à des maladies zoonotiques depuis  
30 ans

### Changing Geographic Distributions of Human Pathogens

Katherine F. Smith<sup>1</sup> and Jean-François Guégan<sup>2,3</sup>

Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst. 2010. 41:231–50

First published online as a Review in Advance on  
August 10, 2010

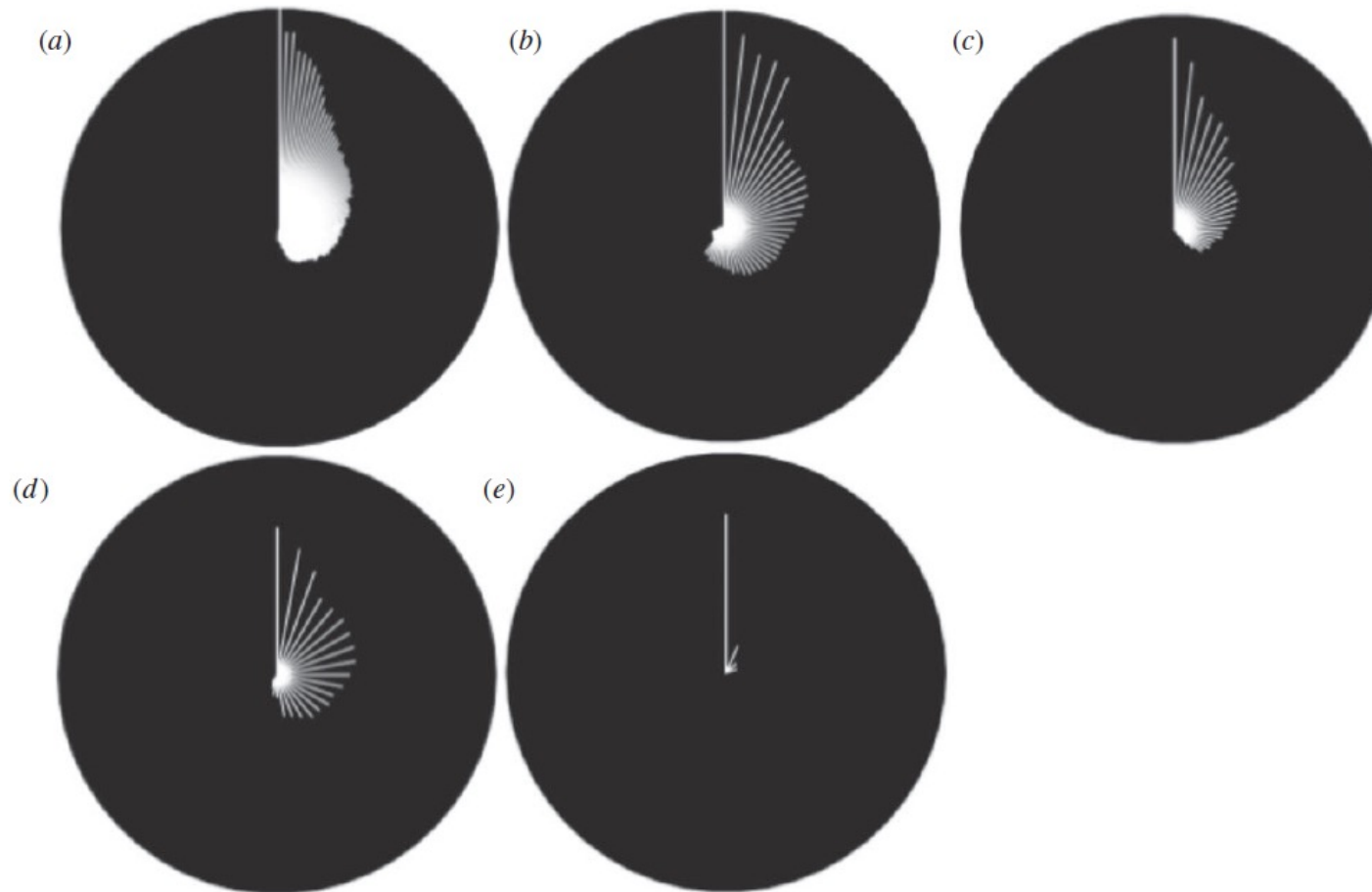
The *Annual Review of Ecology, Evolution, and  
Systematics* is online at [ecolsys.annualreviews.org](http://ecolsys.annualreviews.org)

This article's doi:  
10.1146/annurev-ecolsys-102209-144634

## Global mapping of infectious disease

Simon I. Hay, Katherine E. Battle, David M. Pigott, David L. Smith, Catherine L. Moyes, Samir Bhatt, John S. Brownstein, Nigel Collier, Monica F. Myers, Dylan B. George and Peter W. Gething

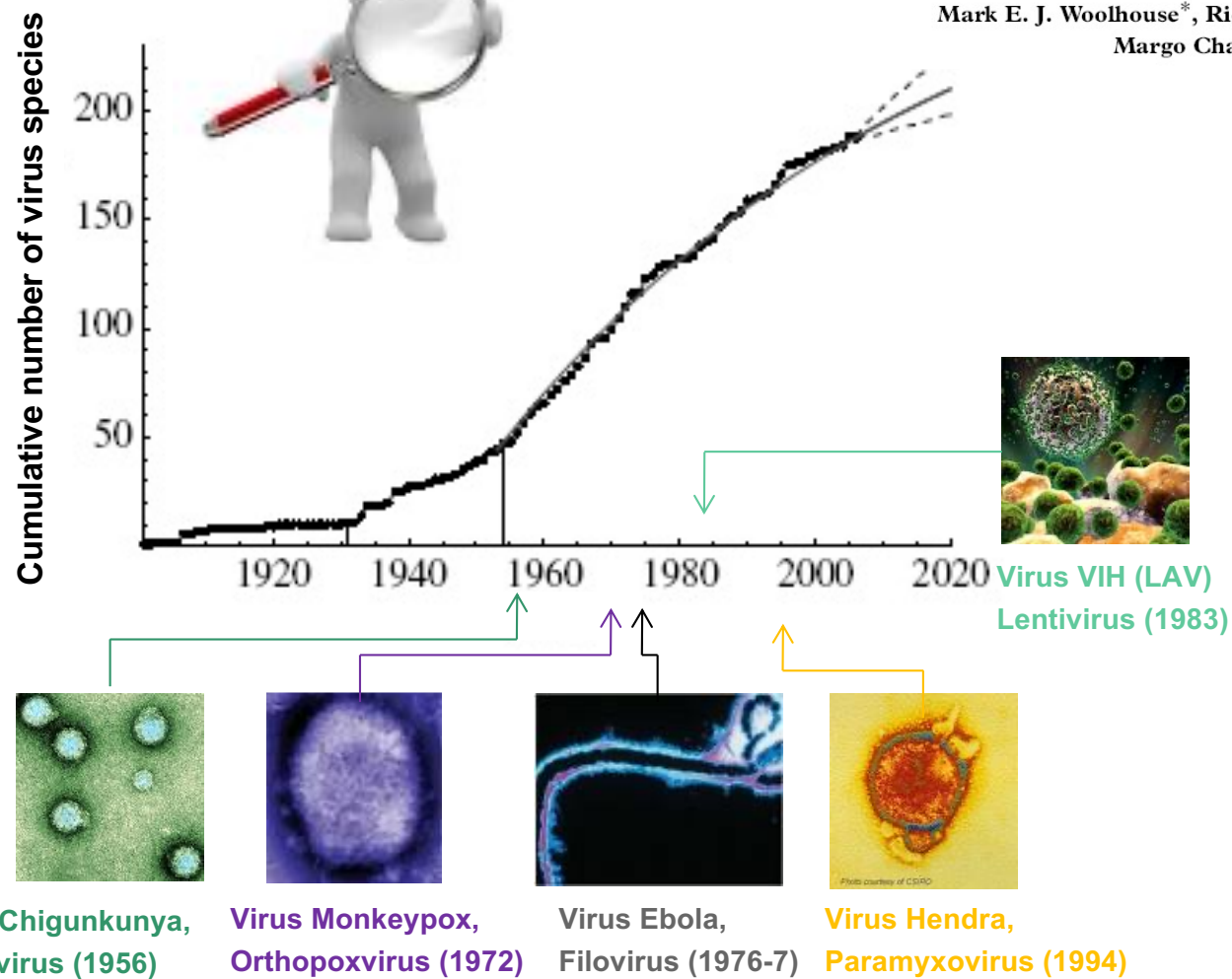
*Phil. Trans. R. Soc. B* 2013 **368**, 20120250, published 4 February 2013

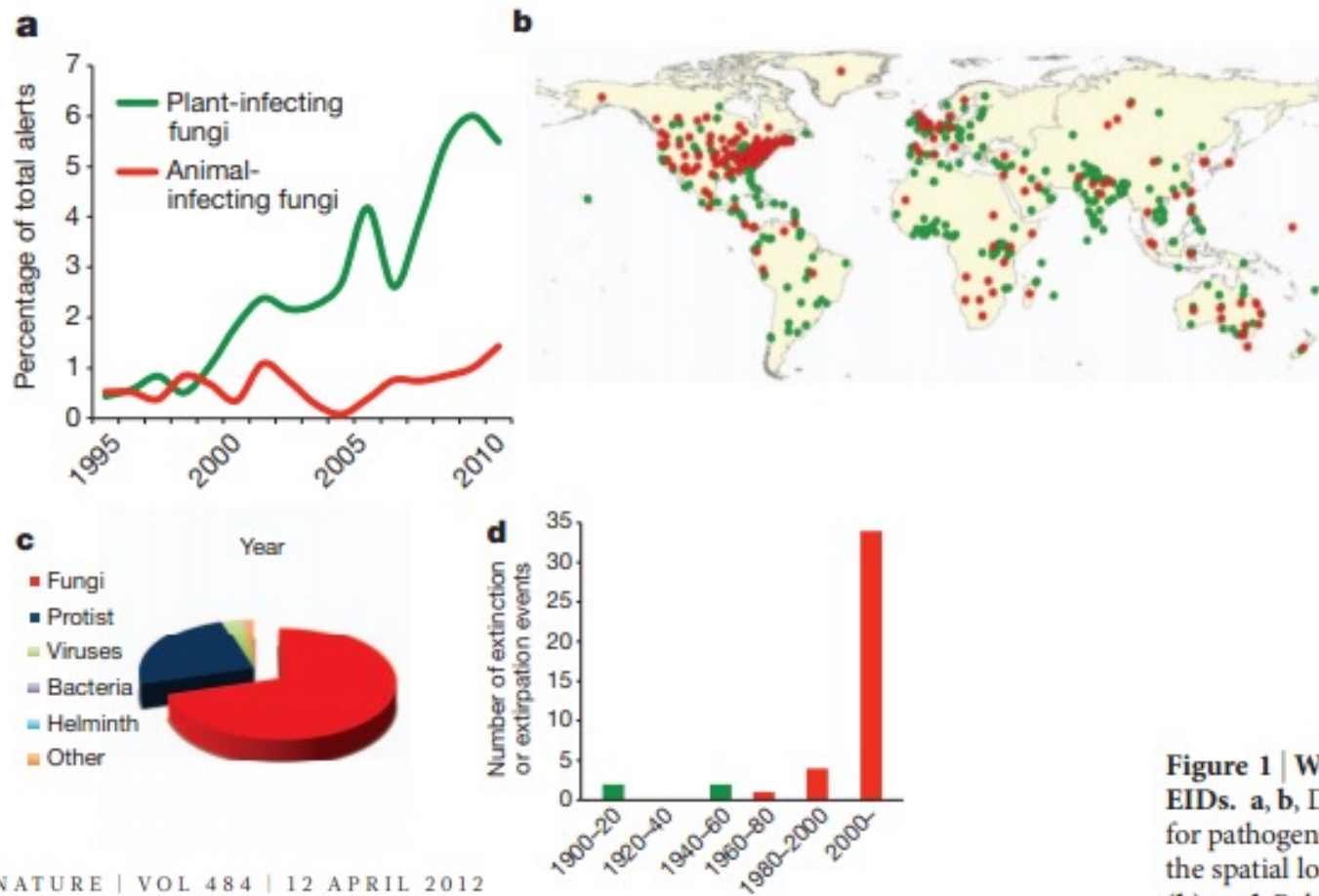


**Figure 3.** Radial plots for all diseases with a rationale for mapping, ordered dockwise, by metascore (white line). A white line from the centre to the edge of the circle would show a perfect metascore. (a) Reflects all diseases ( $n = 174$  of 355), (b) viral diseases ( $n = 62$  of 101), (c) parasitic diseases ( $n = 61$  of 96), (d) bacterial diseases ( $n = 36$  of 128), and (e) comprises fungal ( $n = 9$  of 17), protoctistan ( $n = 2$  of 2) and diseases of unknown pathogen ( $n = 4$  of 10). Note that there was one algal disease, which did not have a rationale for mapping and is not shown in this diagram.

## Temporal trends in the discovery of human viruses

Mark E. J. Woolhouse\*, Richard Howey, Eleanor Gaunt, Liam Reilly,  
Margo Chase-Topping and Nick Savill





**Figure 1 | Worldwide reporting trends in fungal EIDs.** **a, b**, Disease alerts in the ProMED database for pathogenic fungi of animals and plants (**a**), and the spatial location of the associated reports (**b**). **c, d**, Relative proportions of species extinction and/or extirpation events for major classes of infectious disease agents (**c**) and their temporal trends for fungal pathogens (**d**). Primary data sources are given in the Supplementary Information.

## REVIEW

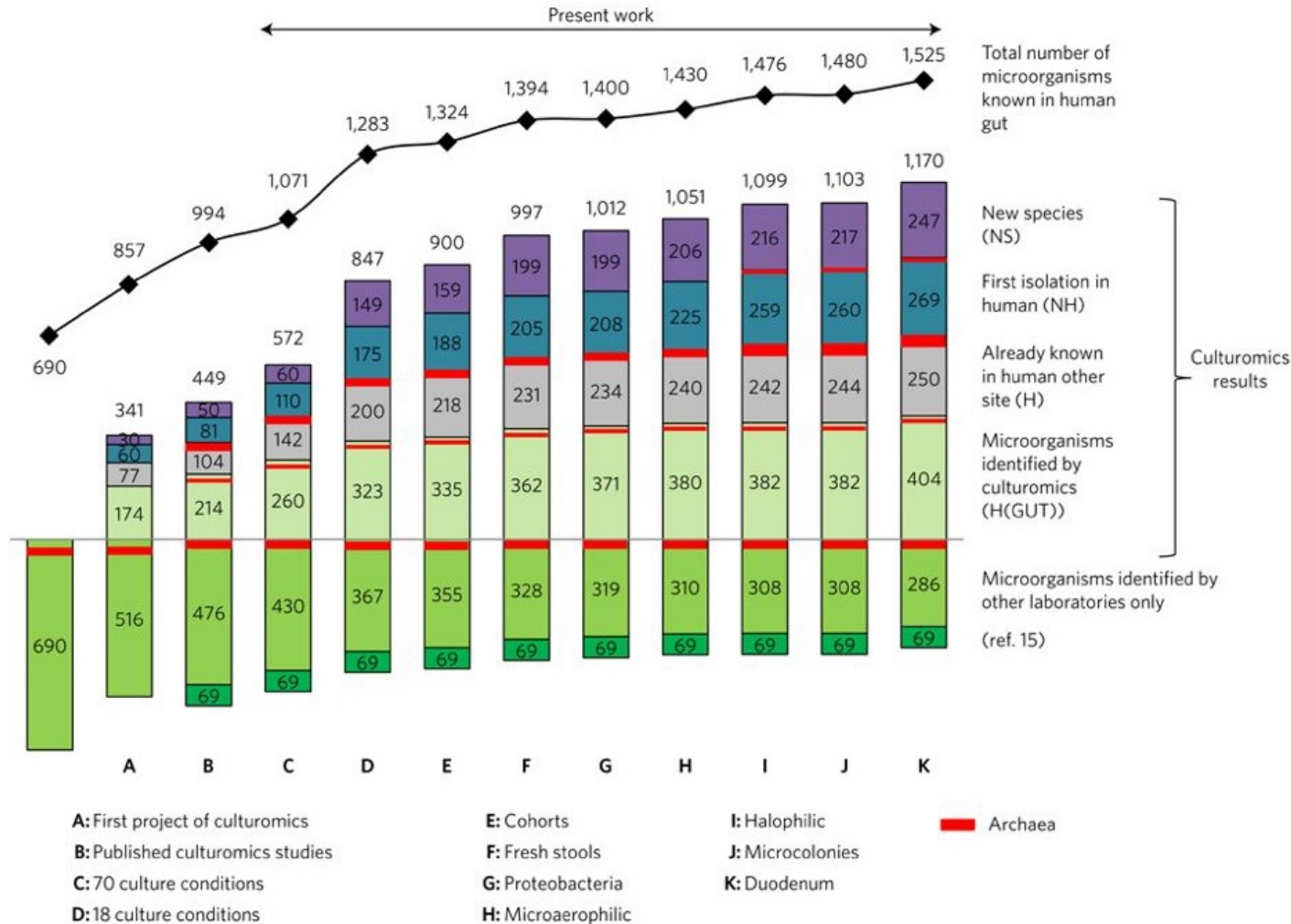
doi:10.1038/nature10947

### Emerging fungal threats to animal, plant and ecosystem health

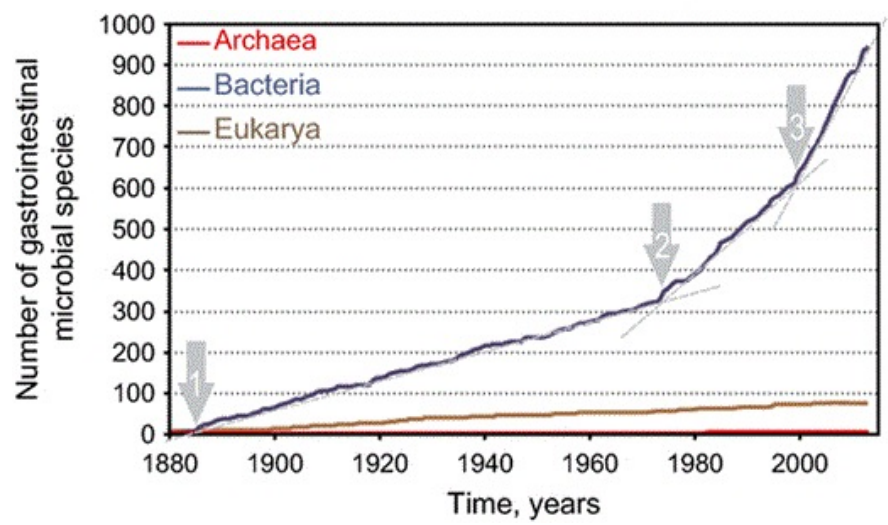
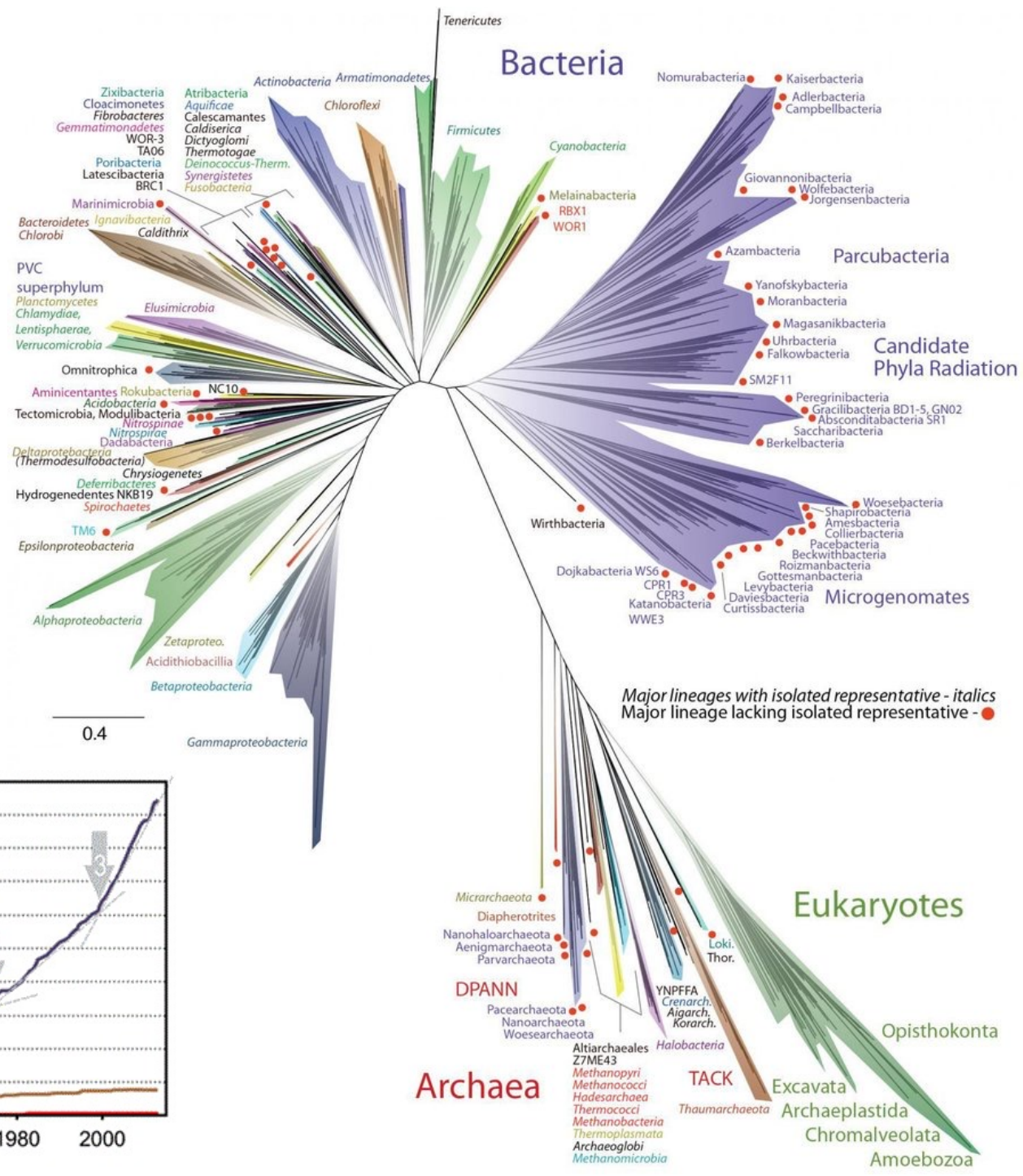
Matthew C. Fisher<sup>1</sup>, Daniel A. Henk<sup>1</sup>, Cheryl J. Briggs<sup>2</sup>, John S. Brownstein<sup>3</sup>, Lawrence C. Madoff<sup>4</sup>, Sarah L. McCraw<sup>5</sup> & Sarah J. Gurr<sup>2</sup>

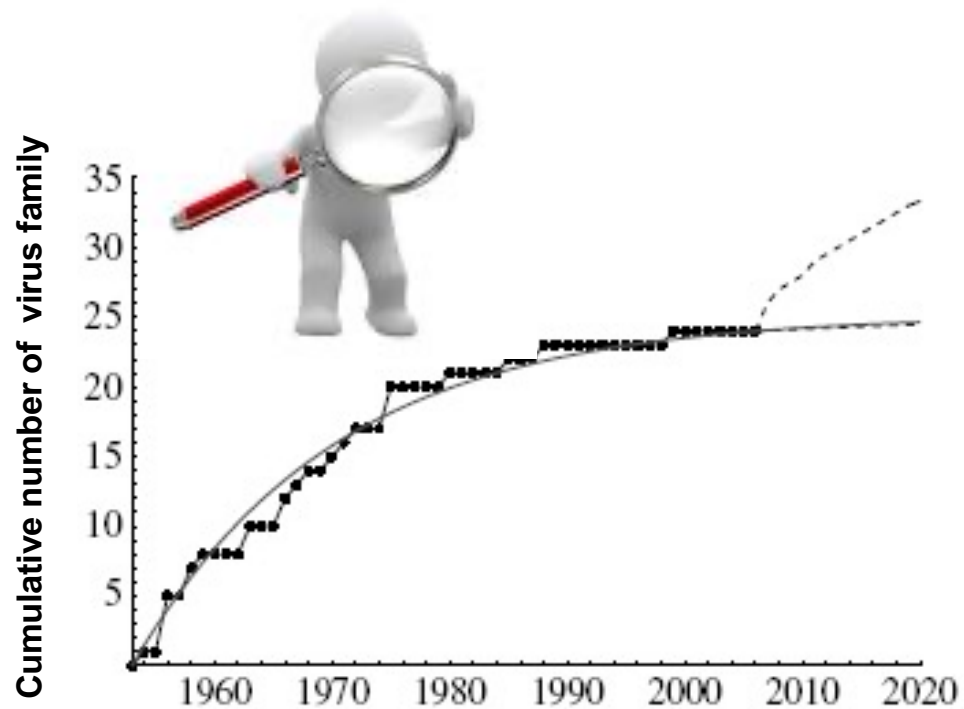
Jean-Christophe Lagier<sup>1</sup>, Saber Khelaifia<sup>1</sup>, Maryam Tidjani Alou<sup>1</sup>, Sokhna Ndongo<sup>1</sup>, Niokhor Dione<sup>1</sup>, Perrine Hugon<sup>1</sup>, Aurelia Caputo<sup>1</sup>, Frédéric Cadoret<sup>1</sup>, Sory Ibrahima Traore<sup>1</sup>, El Hadji Seck<sup>1</sup>, Gregory Dubourg<sup>1</sup>, Guillaume Durand<sup>1</sup>, Gaël Mourembou<sup>1</sup>, Elodie Guilhot<sup>1</sup>, Amadou Togo<sup>1</sup>, Sara Bellali<sup>1</sup>, Dipankar Bachar<sup>1</sup>, Nadim Cassir<sup>1</sup>, Fadi Bittar<sup>1</sup>, Jérémy Delerce<sup>1</sup>, Morgane Mailhe<sup>1</sup>, Davide Ricaboni<sup>1</sup>, Melhem Bilen<sup>1</sup>, Nicole Prisca Makaya Dangui Nieko<sup>1</sup>, Ndeye Mery Dia Badiane<sup>1</sup>, Camille Valles<sup>1</sup>, Donia Mouelhi<sup>1</sup>, Khoudia Diop<sup>1</sup>, Matthieu Million<sup>1</sup>, Didier Musso<sup>2</sup>, Jónatas Abrahão<sup>3</sup>, Esam Ibraheem Azhar<sup>4</sup>, Fehmida Bibi<sup>4</sup>, Muhammad Yasir<sup>4</sup>, Aldiouma Diallo<sup>5</sup>, Cheikh Sokhna<sup>1</sup>, Felix Djossou<sup>6</sup>, Véronique Vitton<sup>7</sup>, Catherine Robert<sup>1</sup>, Jean Marc Rolain<sup>1</sup>, Bernard La Scola<sup>1</sup>, Pierre-Edouard Fournier<sup>1</sup>, Anthony Levasseur<sup>1</sup> and Didier Raoult<sup>1\*</sup>

## Culture of previously uncultured members of the human gut microbiota by culturomics



Columns A and B represent the results from previously published studies, and columns C to K the different projects described herein. The bacterial species are represented in five categories: NS, new species; NH, prokaryotes first isolated in humans; H, prokaryotes already known in humans but never isolated from the human gut; H (GUT), prokaryotes known in the human gut but newly isolated by culturomics; and prokaryotes isolated by other laboratories but not by culturomics.



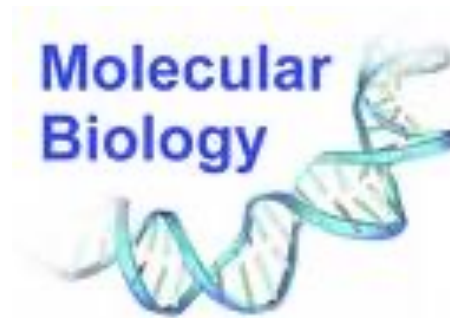
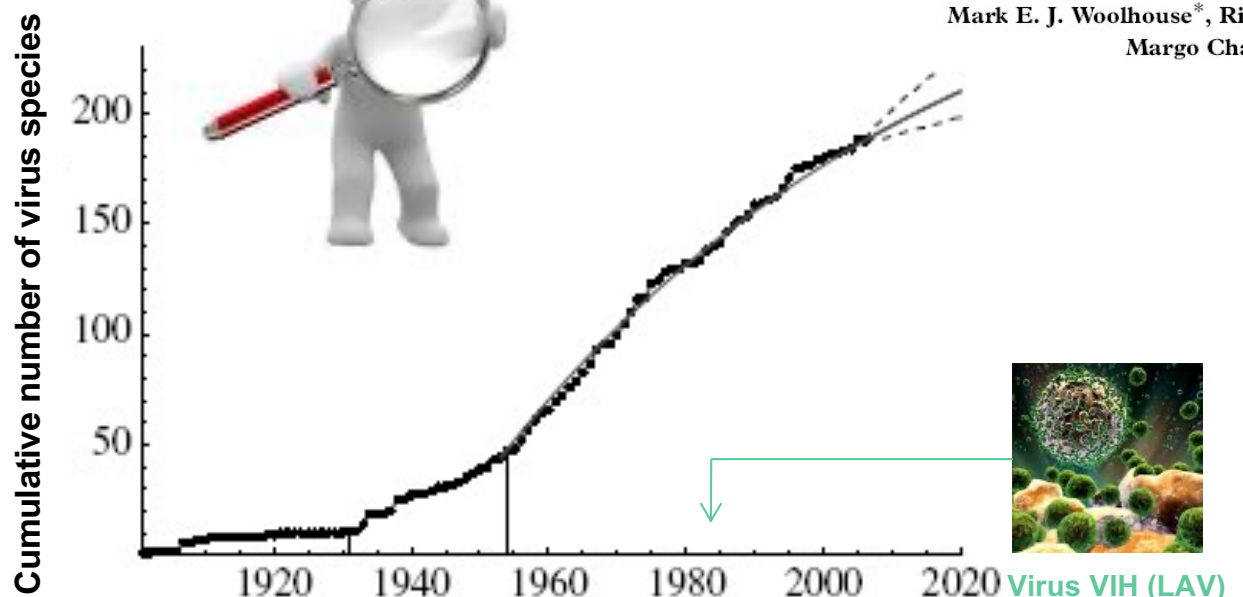


## Temporal trends in the discovery of human viruses

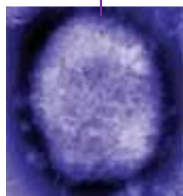
Mark E. J. Woolhouse\*, Richard Howey, Eleanor Gaunt, Liam Reilly,  
Margo Chase-Topping and Nick Savill

## Temporal trends in the discovery of human viruses

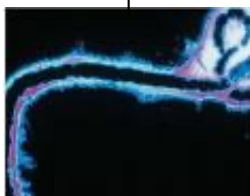
Mark E. J. Woolhouse\*, Richard Howey, Eleanor Gaunt, Liam Reilly,  
Margo Chase-Topping and Nick Savill



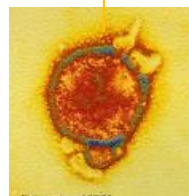
Virus Chigunkunya,  
Togavirus (1956)



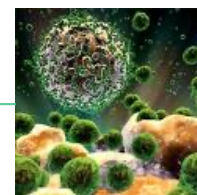
Virus Monkeypox,  
Orthopoxvirus (1972)



Virus Ebola,  
Filovirus (1976-7)

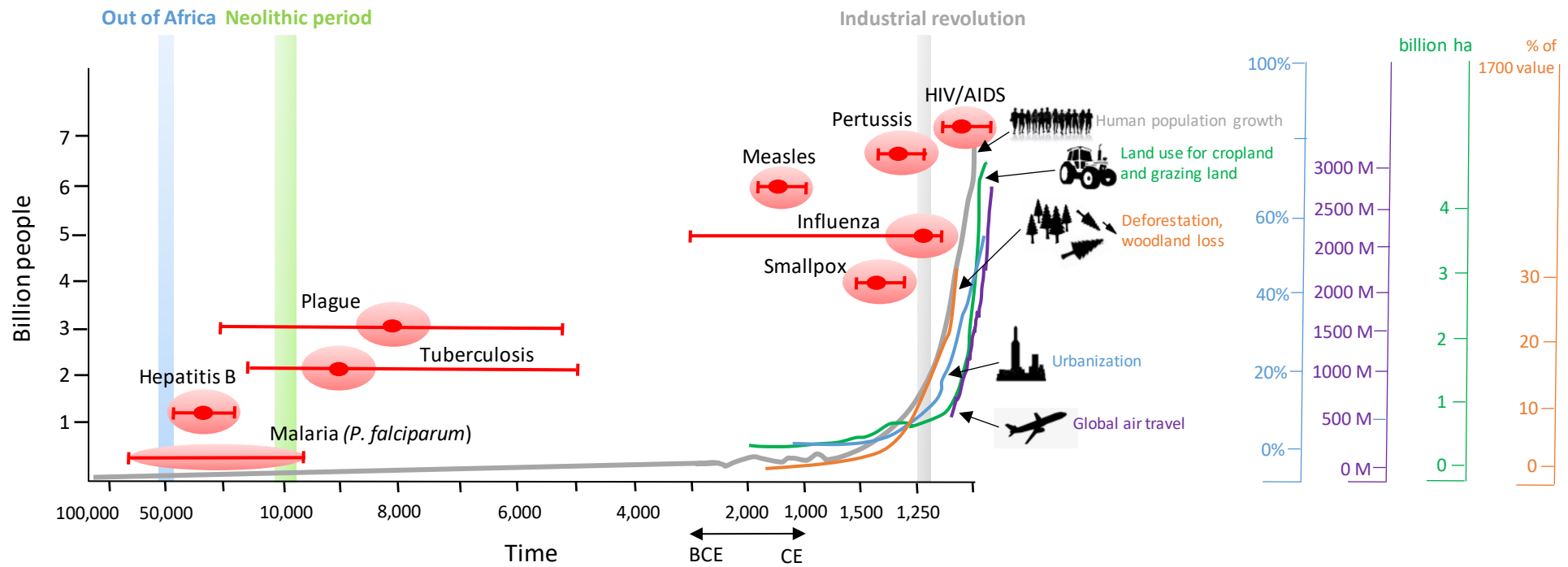


Virus Hendra,  
Paramyxovirus (1994)



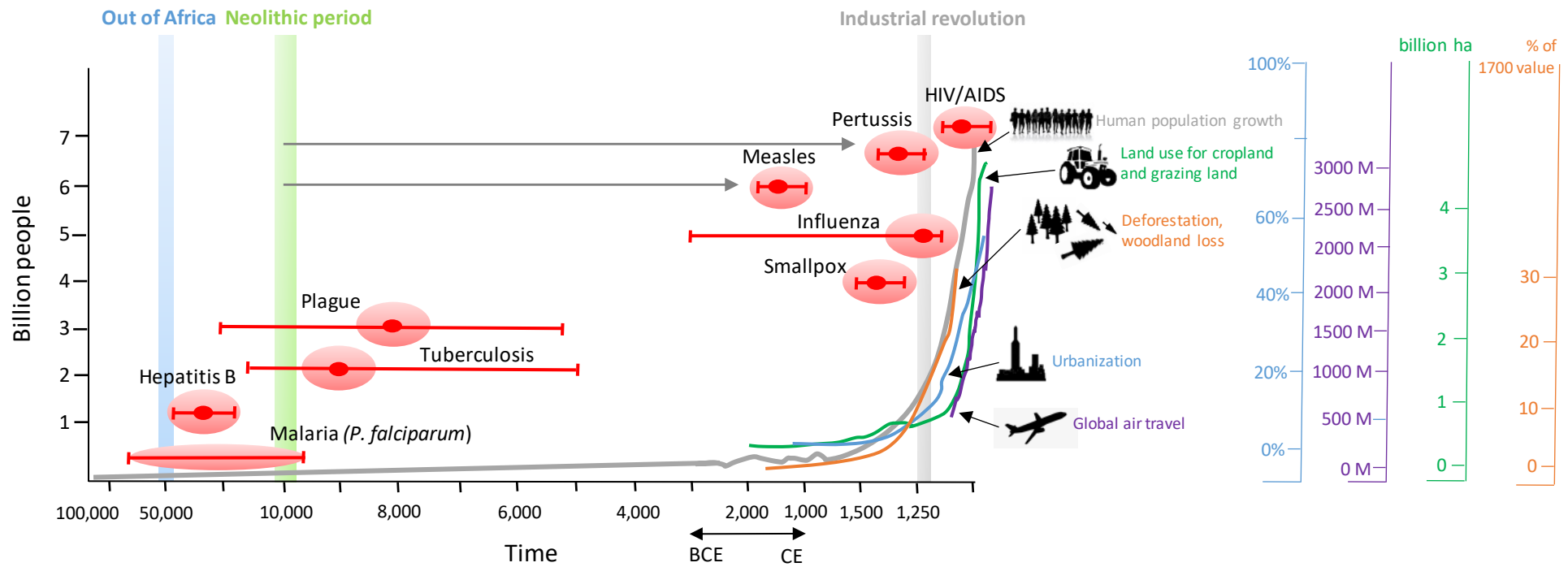
Virus VIH (LAV)  
Lentivirus (1983)

# Très peu de données sur les dates d'apparition des principaux agents infectieux ou parasitaires humains



Guégan *et al.* (2023)

# Une remise en cause partielle d'une origine au Néolithique



Guégan *et al.* (2023)

## Qu'est-ce qu'une maladie infectieuse émergente ?



WIKIPÉDIA  
L'encyclopédie libre

Une **maladie infectieuse émergente** est une maladie causée par un agent infectieux (d'origine bactérienne, virale, parasitaire, fongique ou un prion) ou présumée telle, inattendue, affectant l'humain ou l'animal ou les deux. Elle est inattendue parce qu'elle est réellement nouvelle (nouvel agent infectieux), ou parce que son identification est récente (nouvelle capacité à faire le diagnostic), ou parce que son agent infectieux s'est modifié en acquérant de nouvelles caractéristiques (nouvelle expression clinique ou épidémiologique, gravité modifiée, résistances aux traitements, etc.), ou parce qu'elle a été oubliée et que sa réapparition est inattendue (réémergence). Au XX<sup>ème</sup> siècle, après des décennies pendant lesquelles on a cru fermement à la disparition prochaine des maladies infectieuses du fait de la découverte de vaccins et médicaments très efficaces soutenus par des politiques extensives d'amélioration de l'hygiène individuelle et collective, le dernier quart du siècle a au contraire dû admettre que de nouvelles maladies infectieuses (ou nouvelles formes de ces maladies) étaient inévitables, comme le prédisait Charles Nicolle dès 1933.

Charles Nicolle, Prix Nobel de physiologie et de médecine en 1928, déclarait dans sa seconde année d'enseignement au Collège de France « Il y aura des maladies infectieuses nouvelles. C'est un fait fatal... nous ne saurons jamais les dépister dès leur origine... »

# Pour aller plus loin sur les maladies infectieuses émergentes

← Rapport



## Les maladies infectieuses émergentes : état de la situation et perspectives

Société

Remis le : 1er décembre 2010

Auteur(s) : [Catherine Leport](#) ; [Jean-François Guégan](#)

Auteur(s) moral(aux) : [Haut Conseil de la Santé publique](#)



<https://www.vie-publique.fr/rapport/31962-les-maladies-infectieuses-emergentes-etat-de-la-situation-et-perspecti>

WIKIPÉDIA L'encyclopédie libre

Rechercher sur Wikipédia

### Maladie infectieuse émergente

16 langues

Sommaire masquer

Article Discussion Lire Modifier Modifier le code Voir l'historique Outils

**Début**

- > Historique
- > Quelques définitions
- > Exemples illustratifs d'émergences et réémergences
- > Facteurs d'émergence, de diffusion ou d'aggravation
  - Niveaux de préparation et de réponse à une alerte dans le monde
  - Préparation et réponse à une alerte au niveau international
- > Préparation et réponse à une alerte en France
- > Voir aussi
- > Notes et références

Une **maladie infectieuse émergente** est une maladie causée par un **agent infectieux** (d'origine **bactérienne**, **virale**, **parasitaire**, **fongique** ou un **prion**) ou présumée telle, inattendue, affectant l'humain ou l'animal ou les deux. Elle est inattendue parce qu'elle est réellement nouvelle (nouvel agent infectieux), ou parce que son identification est récente (nouvelle capacité à faire le diagnostic), ou parce que son agent infectieux s'est modifié en acquérant de nouvelles caractéristiques (nouvelle **expression clinique** ou **épidémiologique**, gravité modifiée, résistances aux traitements, etc.), ou parce qu'elle a été oubliée et que sa réapparition est inattendue (réémergence). Au xx<sup>e</sup> siècle, après des décennies pendant lesquelles on a cru fermement à la disparition prochaine des maladies infectieuses du fait de la

**Maladie infectieuse émergente**

Pénurie de produits pour la prévention de la transmission aérienne, Hong Kong, 2020.

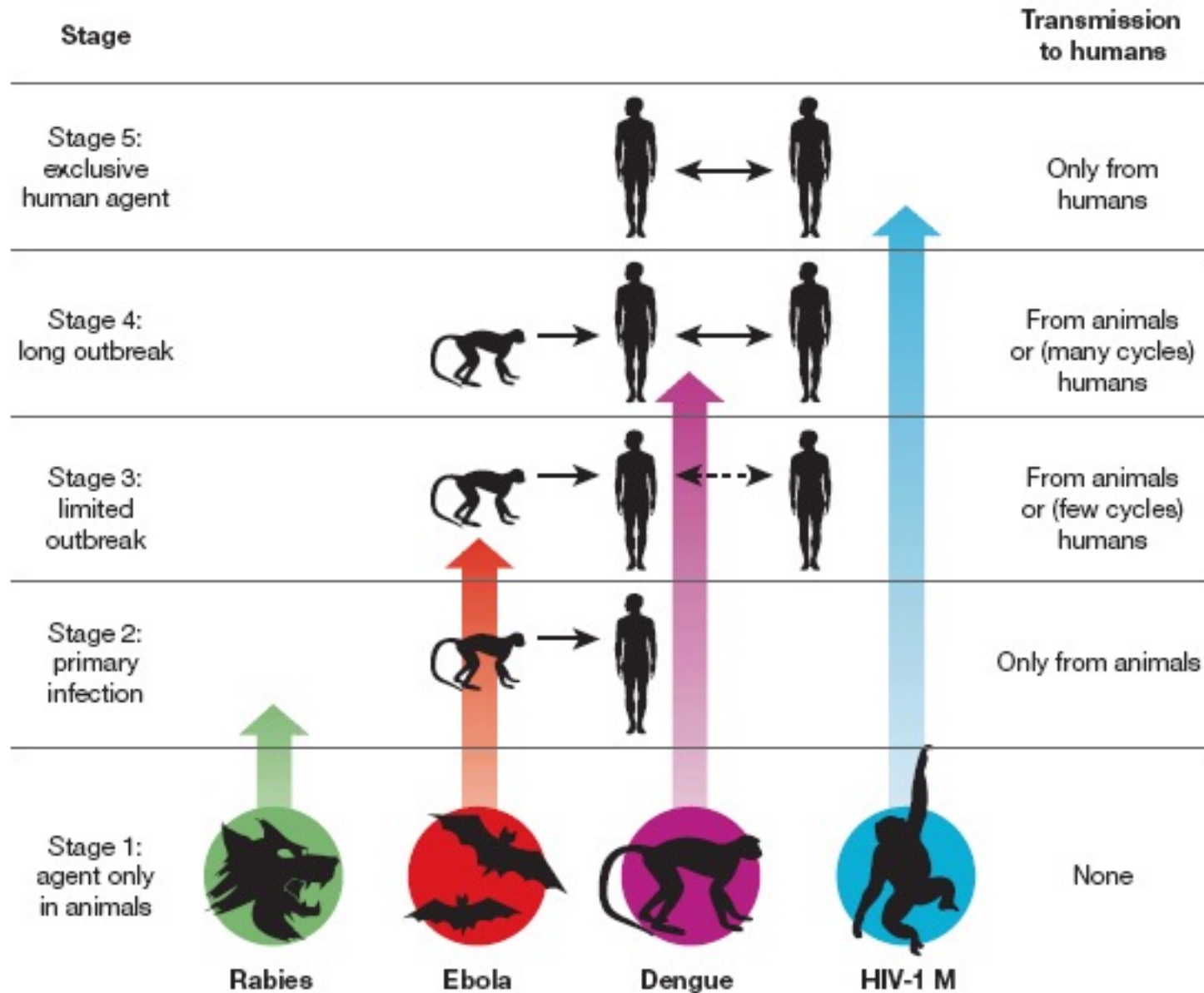
Causes Zoonose

Traitement

Spécialité Infectiologie, épidémiologie

[https://fr.wikipedia.org/wiki/Maladie\\_infectieuse\\_%C3%A9mergente](https://fr.wikipedia.org/wiki/Maladie_infectieuse_%C3%A9mergente)

# Les cinq stades d'agents infectieux émergents



## Origins of major human infectious diseases

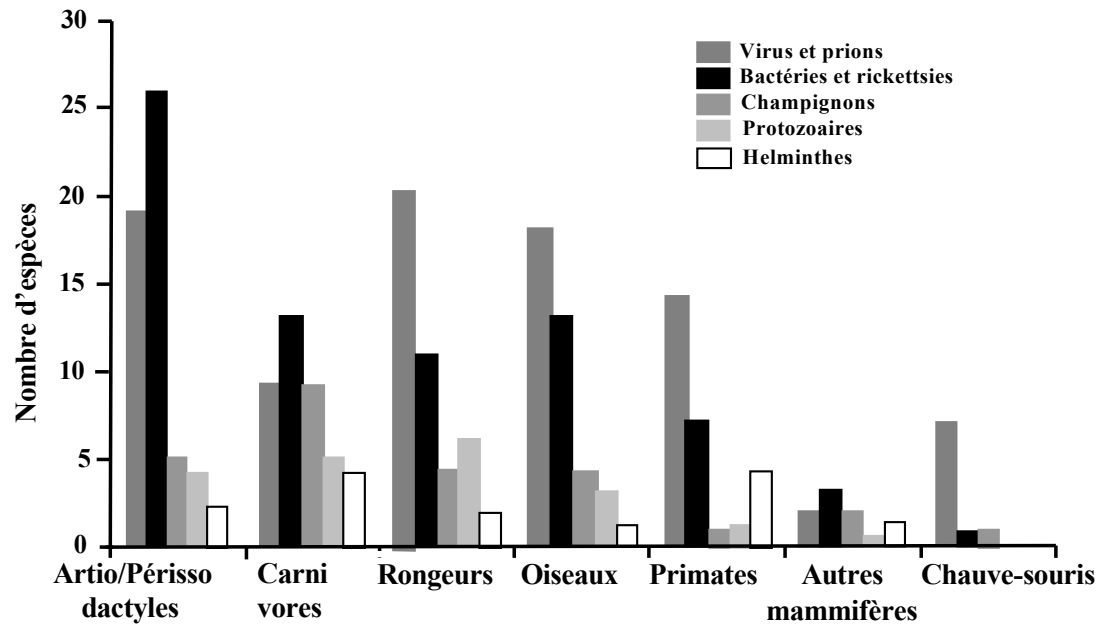
Nathan D. Wolfe<sup>1</sup>, Claire Panosian Dunavan<sup>2</sup> & Jared Diamond<sup>3</sup>

nature

Vol 447 | 17 May 2007 | doi:10.1038/nature05775

# Mais quelle est l'origine des agents infectieux humains ?

Origine des principaux agents ayant émergés ces 60 dernières années



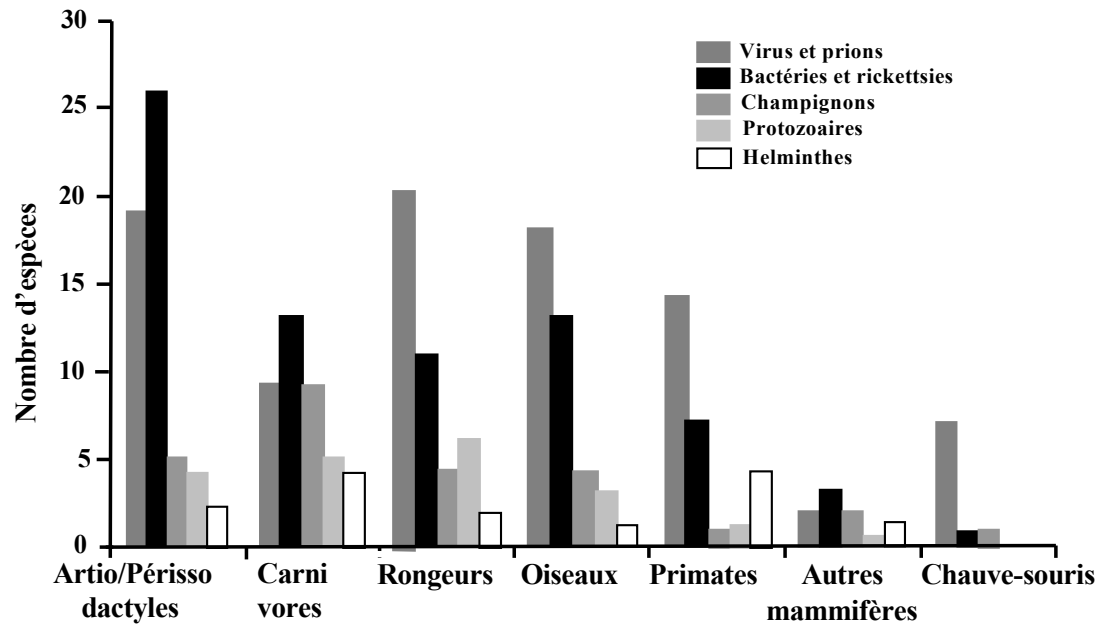
72-75% d'entre eux sont d'origine animale

52 à 63% si l'on prend en compte les 1413 agents infectieux connus

**Il s'agit de zoonose ou d'agent zoonotique**

# Mais quelle est l'origine des agents infectieux humains ?

Origine des principaux agents ayant émergés ces 40 dernières années



72-75% d'entre eux sont d'origine animale  
52 à 63% si l'on prend en compte les 1413 agents infectieux connus

**Il s'agit de zoonose ou d'agent zoonotique**

**Individu/espèce hôte réservoir**

=

**1 - Présence de l'agent ou séropositivité**

**2 - Persistance chez l'individu, la population ou la métapopulation**

**3 - Multiplication et/ou dispersion**

# Les animaux domestiques dont d'élevage et synanthropiques ont une responsabilité importante

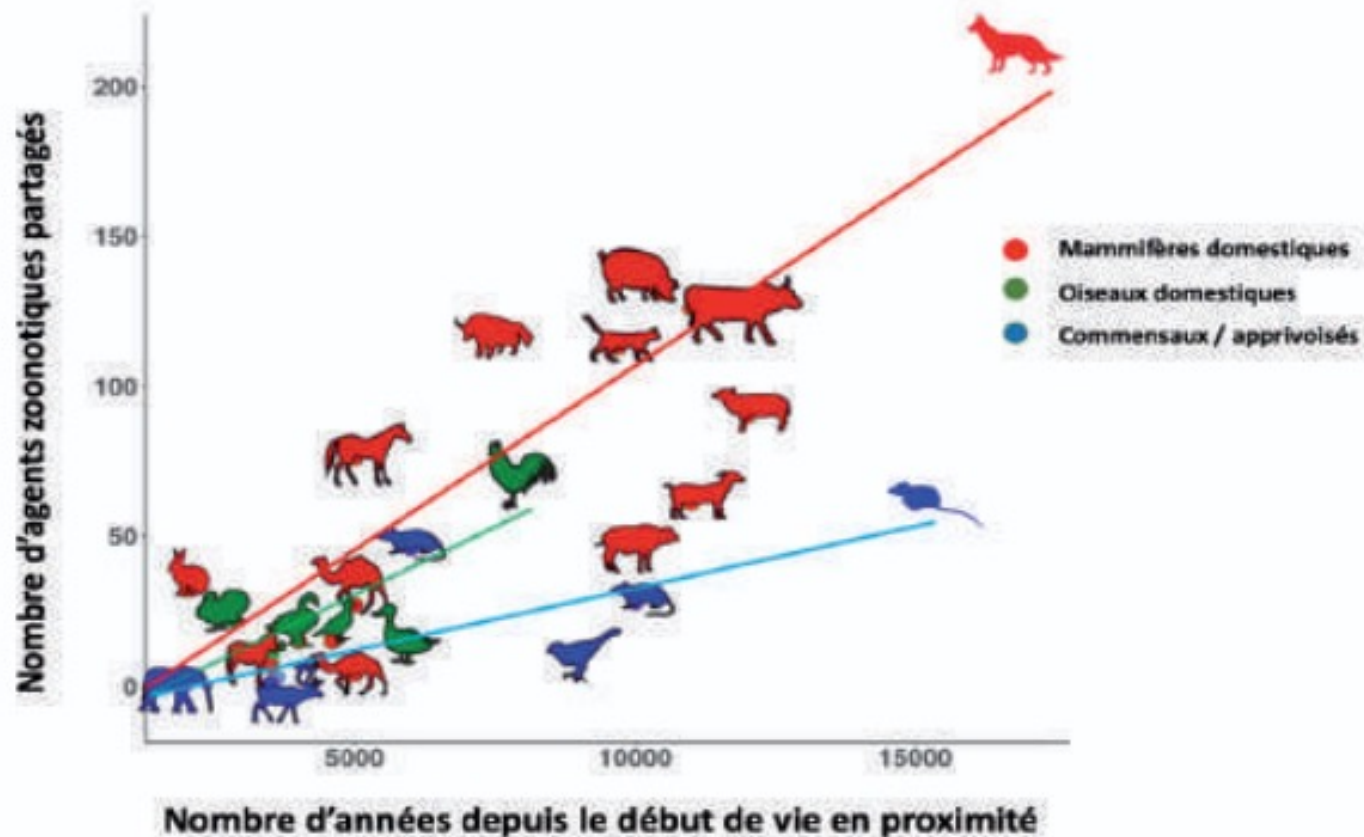


FIGURE 1 : Relations entre temps de domestication ou de vie en commun et partage d'agents zoonotiques. Cette figure a été réalisée grâce (i) aux données concernant 888 agents pathogènes (bactéries, virus, protistes, champignons et helminthes) provenant de la base de données de Wardeh et al. (2015) et pour 23 espèces de mammifères et oiseaux domestiques et 9 espèces animales de compagnie, apprivoisées et commensales ; et (ii) aux dates estimées de domestication ou de vie en proximité avec les humains, pour les espèces apprivoisées et commensales, à partir des données et des références compilées par Driscoll et al. (2009) et Larson et al. (2014).

## ÉLEVAGE, BIODIVERSITÉ ET ÉMERGENCES DE PANDÉMIES

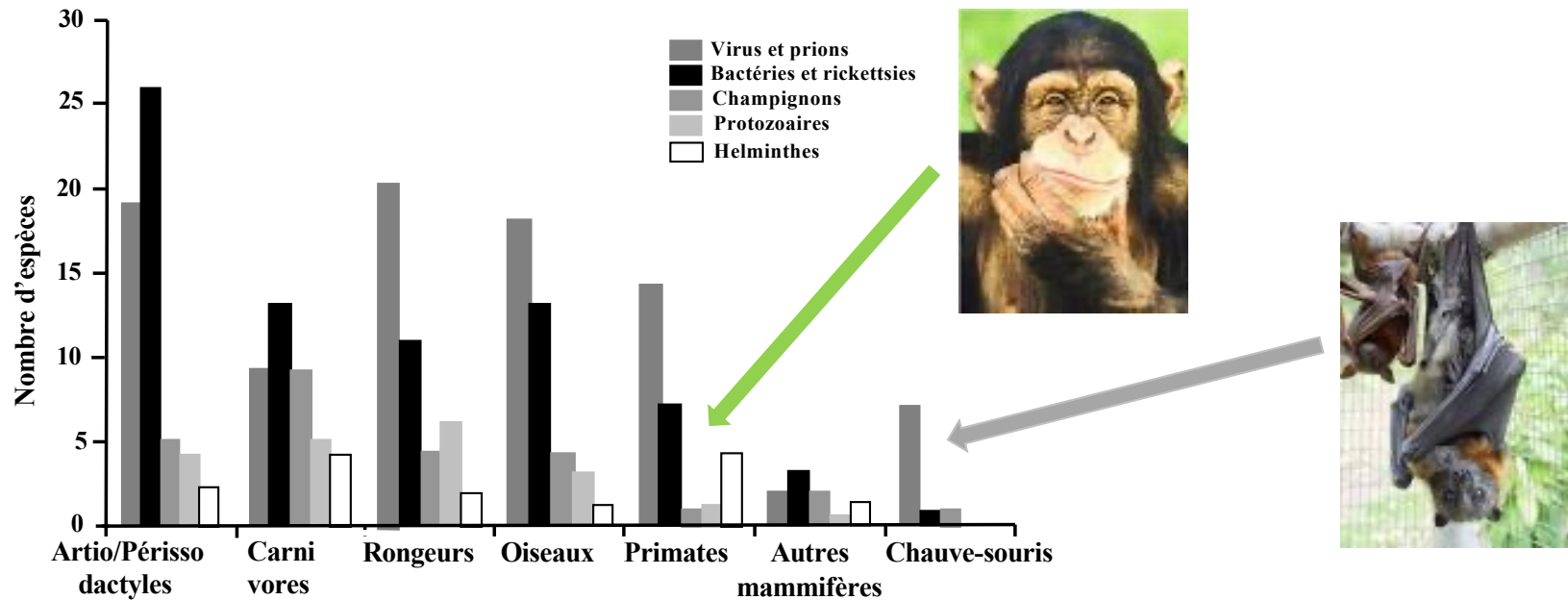
Serge MORAND

Doi : 10.3406/bavf .2021.70951

Bull. Acad. Vét. France — 2021 — <http://www.academie-veterinaire-defrance.org/>

# Des espèces animales aujourd'hui très étudiées ne sont pas particulièrement plus responsables de zoonoses que d'autres groupes

Origine des principaux agents ayant émergés ces 30 dernières années



70% d'entre eux sont d'origine animale  
52 à 63% si l'on prend en compte les 1413 agents infectieux connus

# De très nombreuses erreurs interviennent dans l'échantillonnage, dans l'identification et dans la démonstration du réel rôle d'hôte réservoir

International Journal of Infectious Diseases 105 (2021) 606–607

Letter to the Editor

**Misconceptions and misinformation about bats and viruses**



*To the Editor,*

In recent decades, the role of bats, order Chiroptera, as potential reservoirs for several zoonotic viruses has received considerable attention. This has dramatically increased since the emergence of the SARS-CoV-2 virus causing COVID-19, resulting in numerous recent reviews. Unfortunately, some of these contain outdated or false statements and incomplete treatments and/or misinterpretations of the published literature, such as [Bonilla-Aldana et al. \(2021\)](#). We herein report the main problems with their paper and illustrate our point with examples; a complete enumeration would be too extensive.

**BIOLOGY  
LETTERS**

Review articles

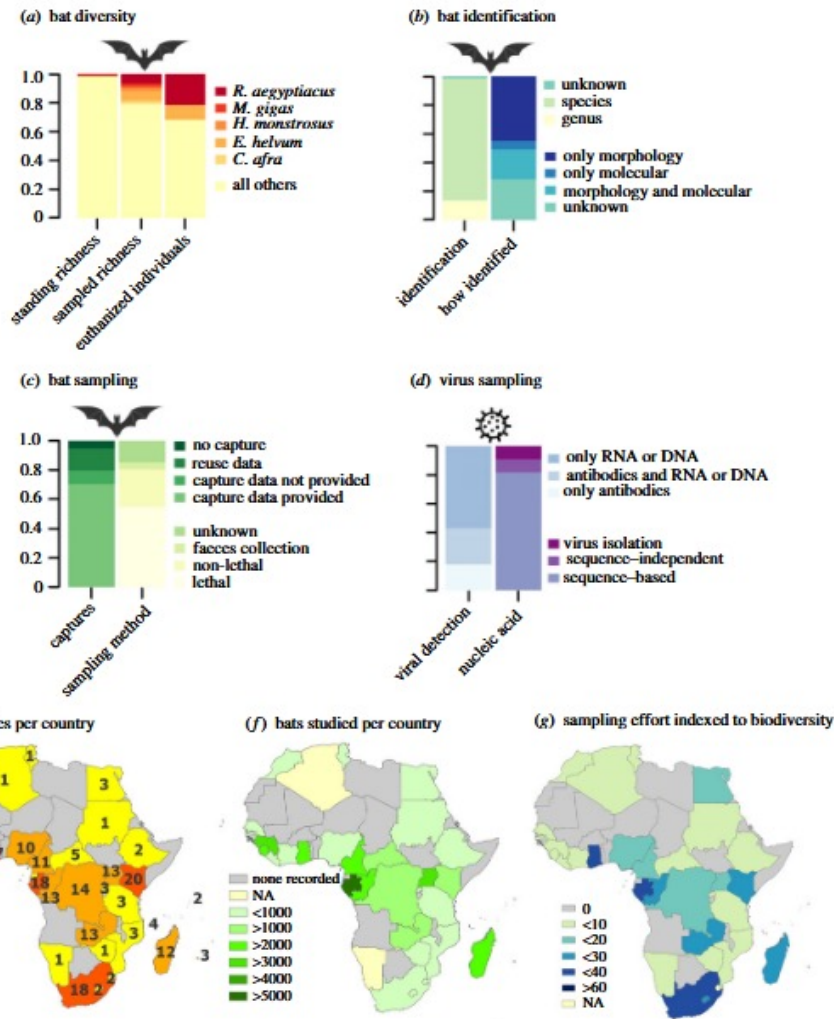
## Robust evidence for bats as reservoir hosts is lacking in most African virus studies: a review and call to optimize sampling and conserve bats

Natalie Weber<sup>†</sup>✉, Martina Nagy<sup>†</sup>, Wanda Markotter<sup>†</sup>, Juliane Schaer<sup>†</sup>, Sébastien J. Puechmaile<sup>†</sup>, Jack Sutton, Liliana M. Dávalos, Marie-Claire Dusabe, Imran Ejotre, M. Brock Fenton, Mirjam Knörnschild, Adrià López-Baucells, Rodrigo A. Medellín, Markus Metz, Samira Mubareka, Olivier Nsengimana, M. Teague O'Mara, Paul A. Racey, Merlin Tuttle, Innocent Twizeyimana, Amanda Vicente-Santos, Marco Tschapka, Christian C. Voigt, Martin Wikelski, Dina K.N. Dechmann<sup>†</sup> and DeeAnn M. Reeder<sup>†</sup> See fewer authors ^

Published: 15 November 2023 | <https://doi.org/10.1098/rsbl.2023.0358>



# De très nombreuses erreurs interviennent dans l'échantillonnage, dans l'identification et dans la démonstration du réel rôle d'hôte réservoir



Cite this article: Weber N et al. 2023 Robust evidence for bats as reservoir hosts is lacking in most African virus studies: a review and call to optimize sampling and conserve bats. *Biol. Lett.* 19: 20230358. [//doi.org/10.1098/rsbl.2023.0358](https://doi.org/10.1098/rsbl.2023.0358)

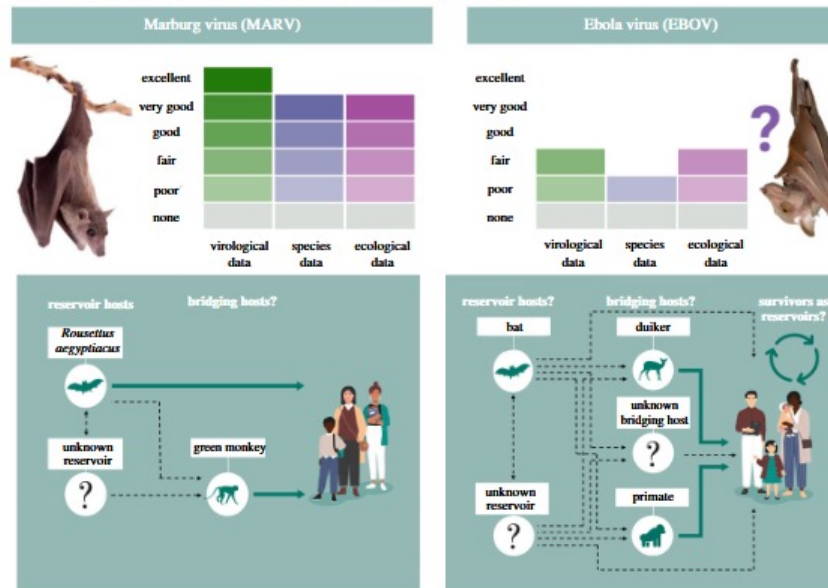
**Figure 1.** Summaries of review findings (162 papers; 1978–2020). (a) Bat diversity, proportion of five most frequently sampled species relative to standing species richness (first bar) and total sampling effort (out of 742 species–study combinations) (second bar), and the proportion of the two most frequently sampled species being euthanized (third bar). (b) Bat identification, proportion of samples where bats were identified to the genus or species level, or not at all (first bar), and whether morphology and/or molecular methods were used (second bar). (c) Bat sampling, proportion of studies that did or did not provide capture data (first bar), and how captured bats were sampled: lethal, non-lethal (i.e. blood, skin, urine, oral or rectal swab), faeces (roost collected) or unknown (sample type not given) (second bar). (d) Virus sampling, proportion of studies by detection type (first bar), and by type of evidence (second bar). (e) Number of bat virological studies recorded from each African country. (f) Number of bats recorded to have been studied by country (number of bats in Algeria and Namibia not available, numbers are nearest estimates as some studies included more than one country and did not delineate provenance). (g) Viral sampling efforts normalized by species-level bat biodiversity (no. studies/no. species  $\times$  100).

# De très nombreuses erreurs interviennent dans l'échantillonnage, dans l'identification et dans la démonstration du réel rôle d'hôte réservoir

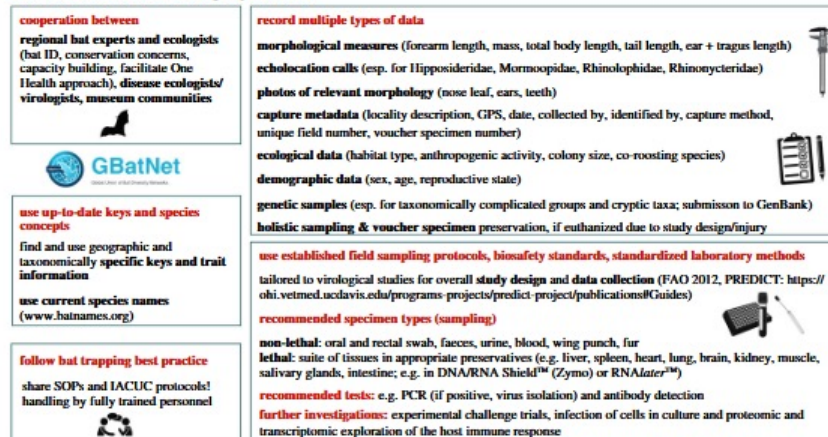


Cite this article: Weber N et al. 2023. Robust evidence for bats as reservoir hosts is lacking in most African virus studies: a review and call to optimize sampling and conserve bats. *Biol. Lett.* 19: 20230358. <https://doi.org/10.1098/rsbl.2023.0358>

(a) assess quality of types of available data and address gaps as appropriate



(b) follow recommended sampling standards



**Figure 2.** (a) Schematic approach to assess available knowledge on specific virus–host relationships (adapted from [47,48]). How well a system has been described is a function of: green: virological data (longitudinal/repeated versus one-off studies; virus isolated/full genomes obtained versus short sequences/inconclusive serology; choice of methods; experimental studies), blue: bat species data (accuracy of species identification; quantity and quality of collected data; sampling strategy), and purple: ecological/environmental metadata (description of habitat, roost site, colony size, life history data); examples shown are for filoviruses, indicating inadequate data on the putative host status of a given bat for EBOV (e.g. for virological data, no EBOV has yet been isolated from any bat, bat species data—confirmation of any bat species as a host is lacking) and high confidence for MARV. See electronic supplementary material, figure S9 for a more schematic illustration allowing qualitative scoring. (b) Recommended best practices for bat sampling and identification. Figure created using BioRender.com; *Epomops franqueti* image modified from photo 303584, (c) Jakob Fahr, some rights reserved (CC BY-NC), iNaturalist. *Roussettus aegyptiacus* modified from iStock photo.

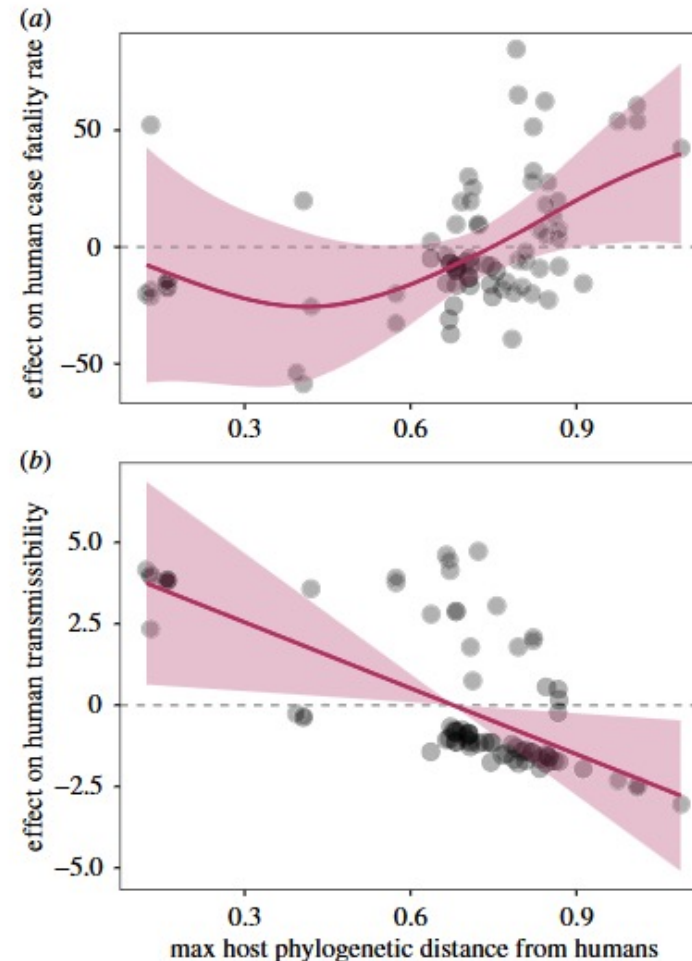
# La distance phylogénétique humain-animal est importante pour comprendre la transmissibilité et la virulence des zoonoses

Host phylogenetic distance drives trends in virus virulence and transmissibility across the animal–human interface

Sarah Guth<sup>1</sup>, Elisa Visher<sup>1</sup>, Mike Boots<sup>1,2</sup> and Cara E. Brook<sup>1</sup>

PHILOSOPHICAL  
TRANSACTIONS B

**Cite this article:** Guth S, Visher E, Boots M, Brook CE. 2019 Host phylogenetic distance drives trends in virus virulence and transmissibility across the animal–human interface. *Phil. Trans. R. Soc. B* **374**: 20190296. <http://dx.doi.org/10.1098/rstb.2019.0296>



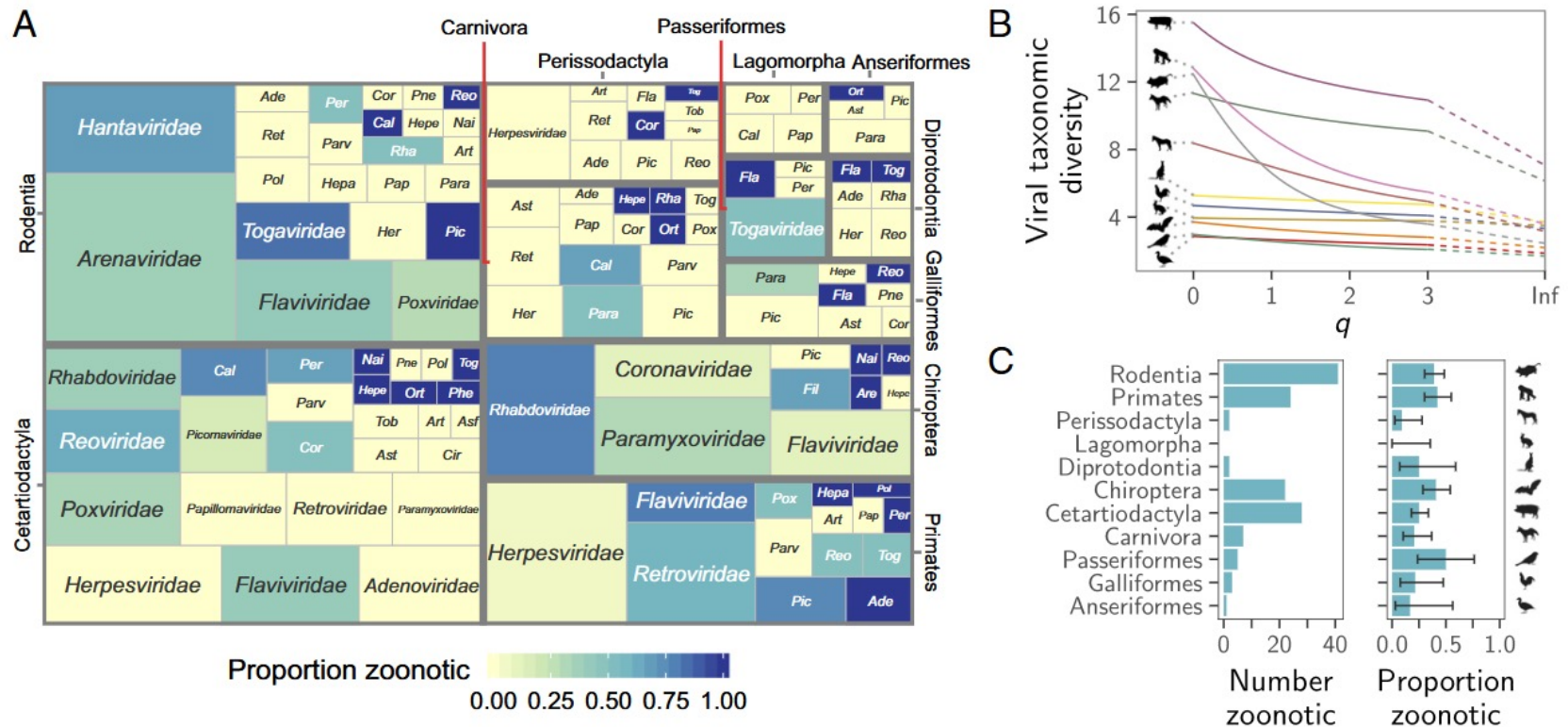
**Figure 1.** Host phylogenetic distance from humans predicts zoonotic risk. Partial effect plots from our selected GAMs show the relative effect of host phylogenetic distance from humans on (a) human CFR (virulence); and (b) capacity for human-to-human transmission (human transmissibility). Data points represent partial residuals, and shaded regions represent 95% confidence intervals around the mean partial effects. Full model descriptions are provided in the electronic supplementary material, Data and Results, table S5a,b.

# Mais ces résultats sont controversés dans la mesure où le risque zoonotique pour l'humain est homogène en fonction des groupes taxonomiques animaux

Viral zoonotic risk is homogenous among taxonomic orders of mammalian and avian reservoir hosts

PNAS | April 28, 2020 | vol. 117 | no. 17 | 9423–9430

Nardus Mollentze<sup>a,1</sup> and Daniel G. Streicker<sup>a,b,1</sup>



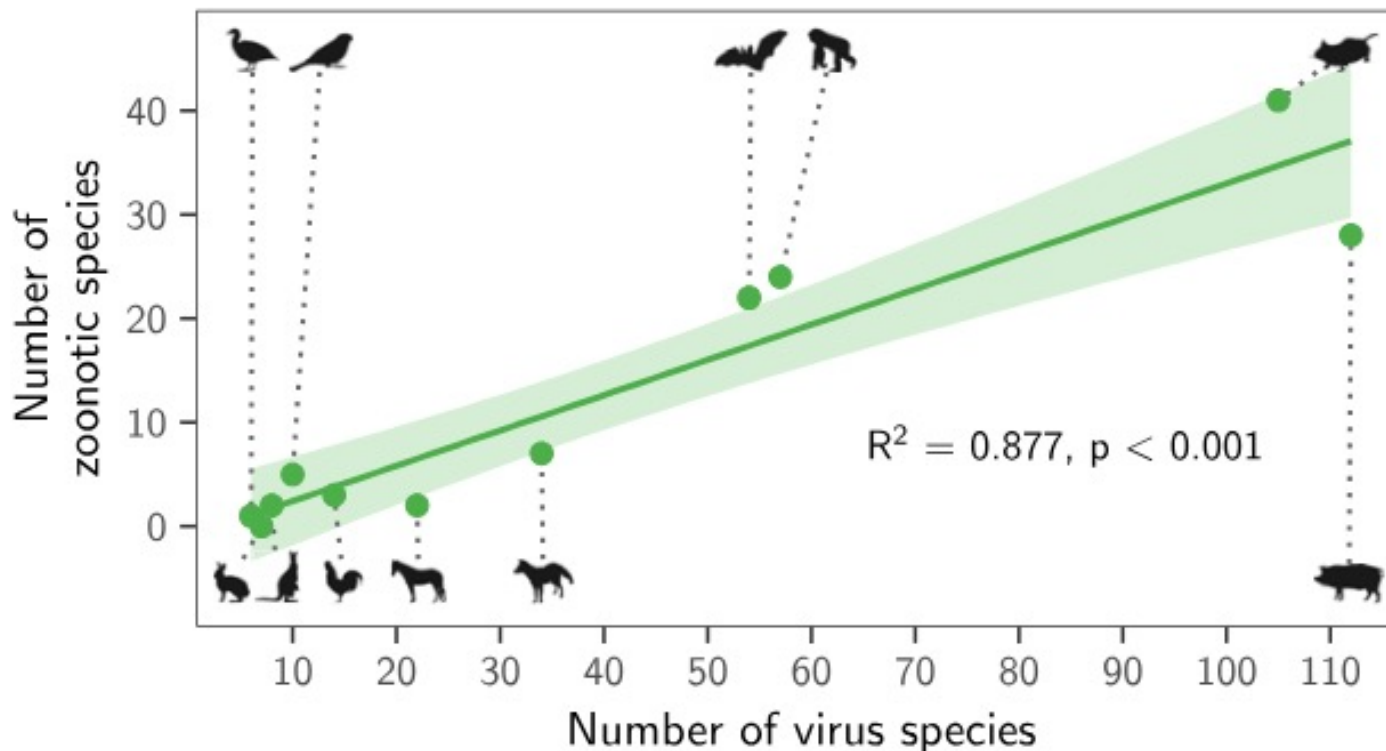
**Fig. 1.** Species richness and diversity of viruses associated with major reservoir host groups. (A) The distribution of virus families across mammalian and avian reservoir orders. Each rectangle represents a reservoir–virus family combination, with size corresponding to the number of virus species linked to that reservoir and color indicating the proportion of these viruses which are zoonotic. Viral families are abbreviated as follows: Ade = *Adenoviridae*, Are = *Arenaviridae*, Art = *Arteriviridae*, Asf = *Asfarviridae*, Ast = *Astroviridae*, Cal = *Caliciviridae*, Cir = *Circoviridae*, Cor = *Coronaviridae*, Fil = *Filoviridae*, Fla = *Flaviviridae*, Hepa = *Hepadnaviridae*, Hepe = *Hepeviridae*, Her = *Herpesviridae*, Nai = *Nairoviridae*, Ort = *Orthomyxoviridae*, Pap = *Papillomaviridae*, Para = *Paramyxoviridae*, Parv = *Parvoviridae*, Per = *Peribunyaviridae*, Phe = *Phenuiviridae*, Pic = *Picornaviridae*, Pne = *Pneumoviridae*, Pol = *Polyomaviridae*, Pox = *Poxviridae*, Reo = *Reoviridae*, Ret = *Retroviridae*, Rha = *Rhabdoviridae*, Tob = *Tobaniviridae*, and Tog = *Togaviridae*. (B) The taxonomic diversity of viruses maintained by each reservoir, at decreasing levels of sensitivity to rare lineages as the  $q$ -parameter increases. (C) The number and proportion of virus species associated with each reservoir which are zoonotic; error bars show 95% binomial CIs calculated using the Wilson method (31).

# Mais ces résultats sont controversés dans la mesure où le risque zoonotique pour l'humain est homogène en fonction des groupes taxonomiques animaux

Viral zoonotic risk is homogenous among taxonomic orders of mammalian and avian reservoir hosts

PNAS | April 28, 2020 | vol. 117 | no. 17 | 9423–9430

Nardus Mollentze<sup>a,1</sup> and Daniel G. Streicker<sup>a,b,1</sup>



**Fig. 3.** Relationship between the number of virus species and the number of zoonotic species maintained by each reservoir group. The line shows a linear regression fit, with its 95% CI indicated by the shading.

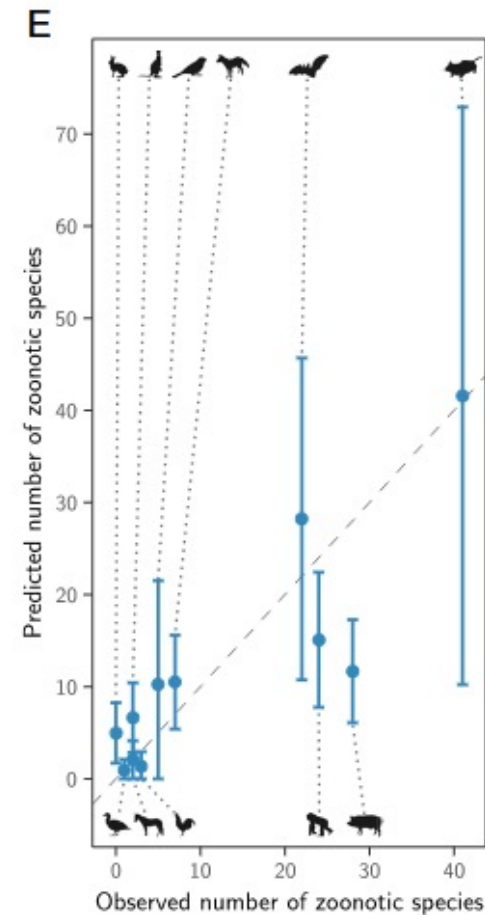
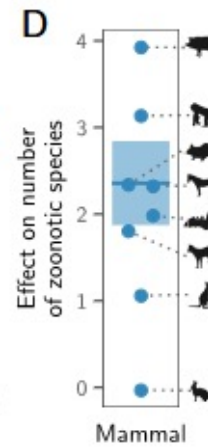
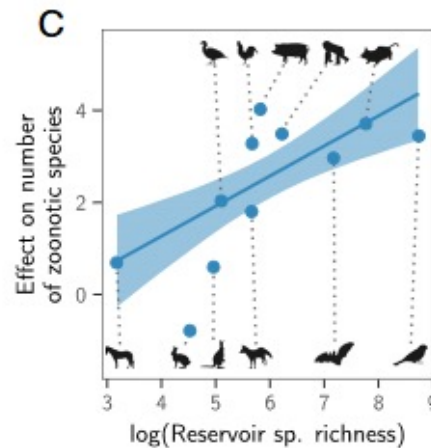
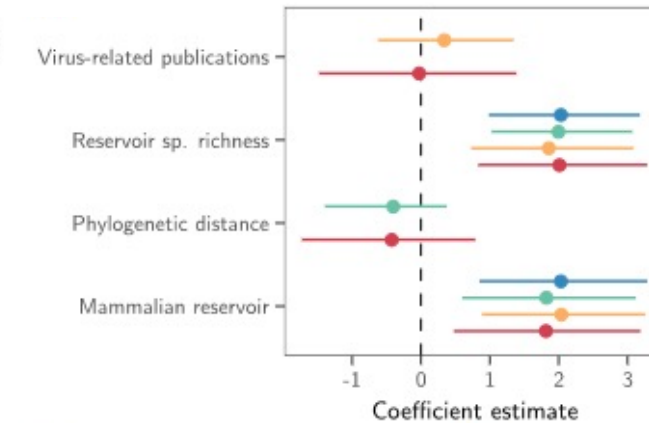
# Mais ces résultats sont controversés dans la mesure où le risque zoonotique pour l'humain est homogène en fonction des groupes taxonomiques animaux

Viral zoonotic risk is homogenous among taxonomic orders of mammalian and avian reservoir hosts

PNAS | April 28, 2020 | vol. 117 | no. 17 | 9423–9430

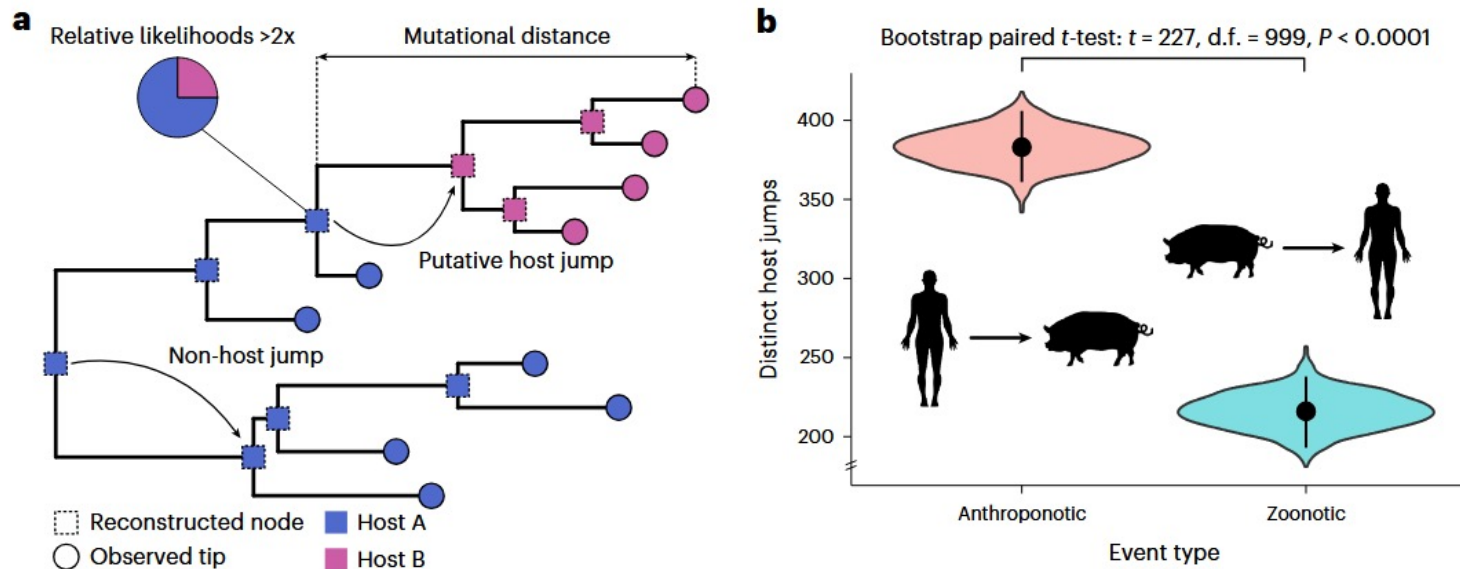
Nardus Mollentze<sup>a,1</sup> and Daniel G. Streicker<sup>a,b,1</sup>

Rank	$\Delta$ AIC	Deviance explained
1	0.00	65.5
2	1.09	68.6
3	1.53	67.0
4	3.09	68.6
5	4.72	46.1
6	5.01	34.2
7	5.85	50.1
8	6.64	36.3
9	6.85	23.1
10	6.90	34.8
11	8.10	0.0
12	8.45	37.4
13	8.54	25.1
14	8.60	11.3
15	8.79	9.9
16	10.23	13.9



**Fig. 4.** Factors predicting the number of zoonotic virus species across animal orders. (A) Models for all possible variable combinations ranked by AIC. Each row represents a model, while columns represent variables. Filled cells and white cells indicate variable inclusion and absence, respectively. The top four models are color-coded, with colors reused in all other panels to identify the respective models. (B) Coefficient estimates for the top four models; points indicate the maximum likelihood estimate and lines show 95% CIs. All variables were scaled by dividing them by 2 times their SD, meaning coefficients are directly comparable as effect sizes. (C and D) Partial effect plots for variables in the top model. Lines and shading indicate the partial effects and 95% CIs, with points showing partial residuals. (E) Predicted number of zoonotic viruses for each reservoir group when using the top model (blue in A; see [SI Appendix, Fig. S5](#) for other top models).

# L'humain « donne » plus de virus aux animaux qu'il n'en reçoit lui-même de ces animaux



**Fig. 3 | Humans give more viruses to animals than they give to us.** **a**, Illustration of ancestral host reconstruction approach used to infer the directionality of putative host jumps. Putative host jumps are identified if the ancestral host state has a twofold higher likelihood than alternative host states. The mutational distance (substitutions per site) represents the sum of the branch lengths between the tip sequence and the ancestral node for which the first host state transition occurred in a tip-to-root traverse. **b**, Number of distinct putative host jumps involving humans across all viral families considered ( $n = 32$ ). Black dots

represent the observed point estimates for each type of host jump. The violin plots show the bootstrap distributions of these estimates, where the host jumps within each viral clique were resampled with replacement for 1,000 iterations. Black lines show the 95% confidence intervals associated with these bootstrap distributions. Silhouettes were sourced from Flaticon.com and Adobe Stock Images (<https://stock.adobe.com>) with a standard licence. A two-tailed paired  $t$ -test was performed to test for a difference in the zoonotic and anthroponotic bootstrap distributions.

## nature ecology & evolution

Article

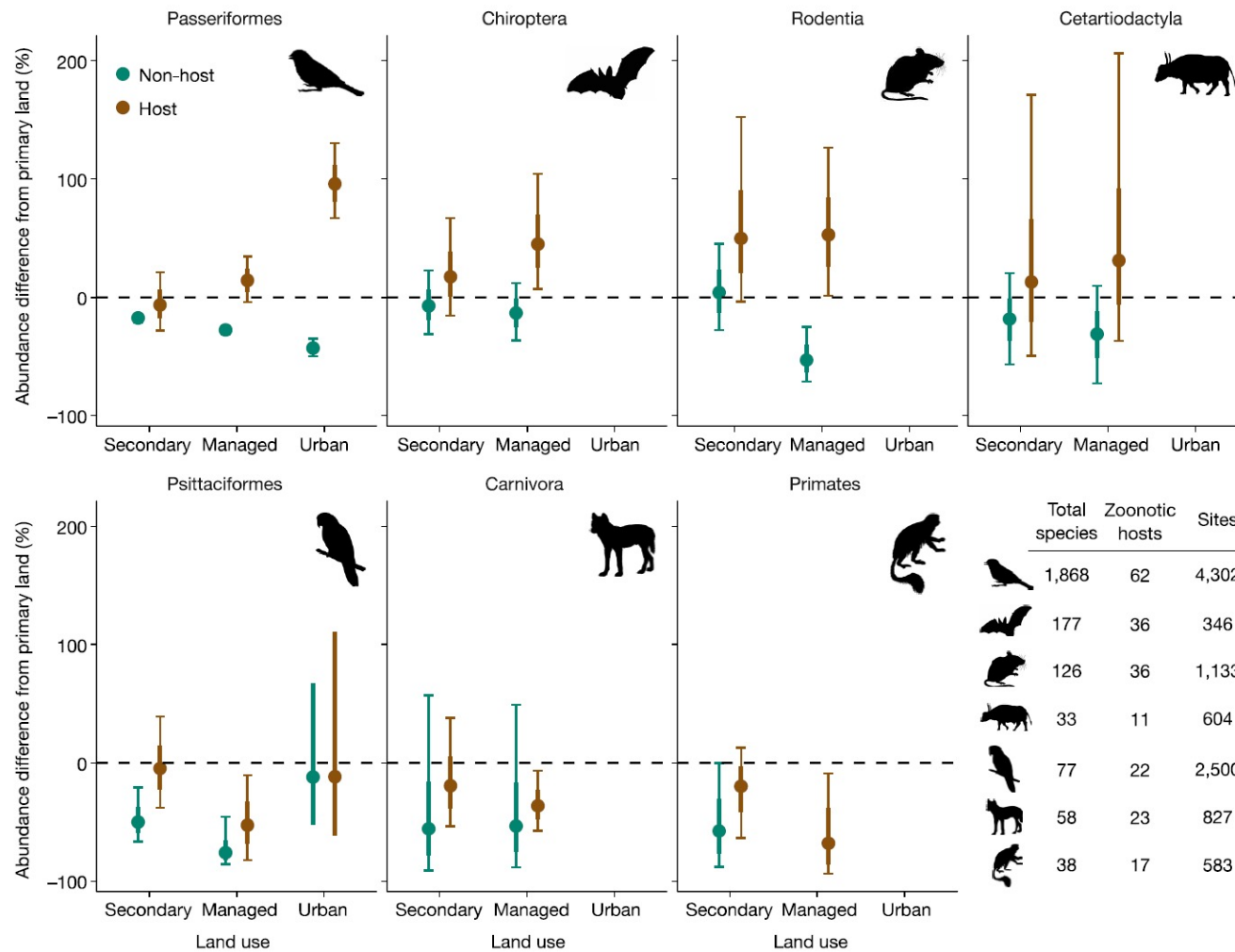
<https://doi.org/10.1038/s41559-024-02353-4>

### The evolutionary drivers and correlates of viral host jumps

Cedric C. S. Tan <sup>1,2</sup>✉, Lucy van Dorp <sup>1,3</sup> & Francois Balloux <sup>1,3</sup>

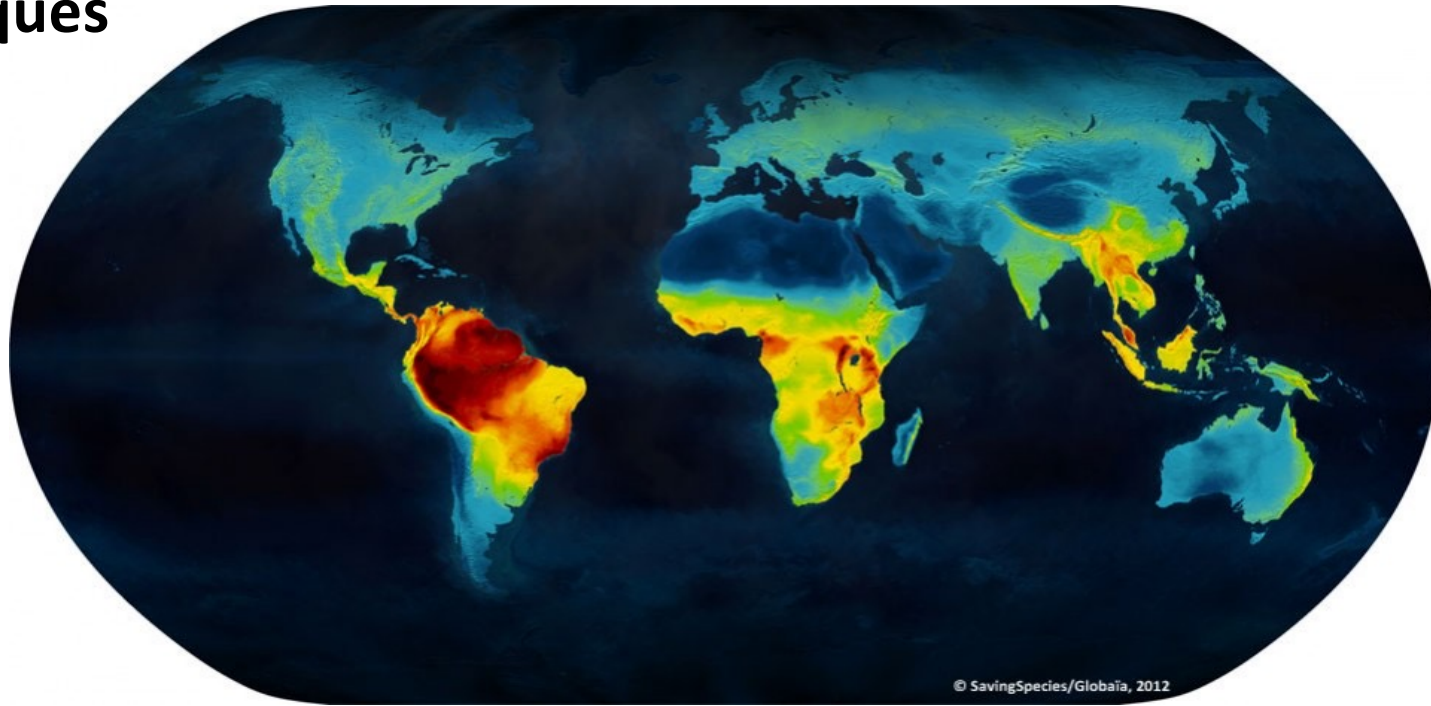
# Certains groupes animaux sont plus aptes à s'adapter à des contextes modifiés par les activités humaines

## Article

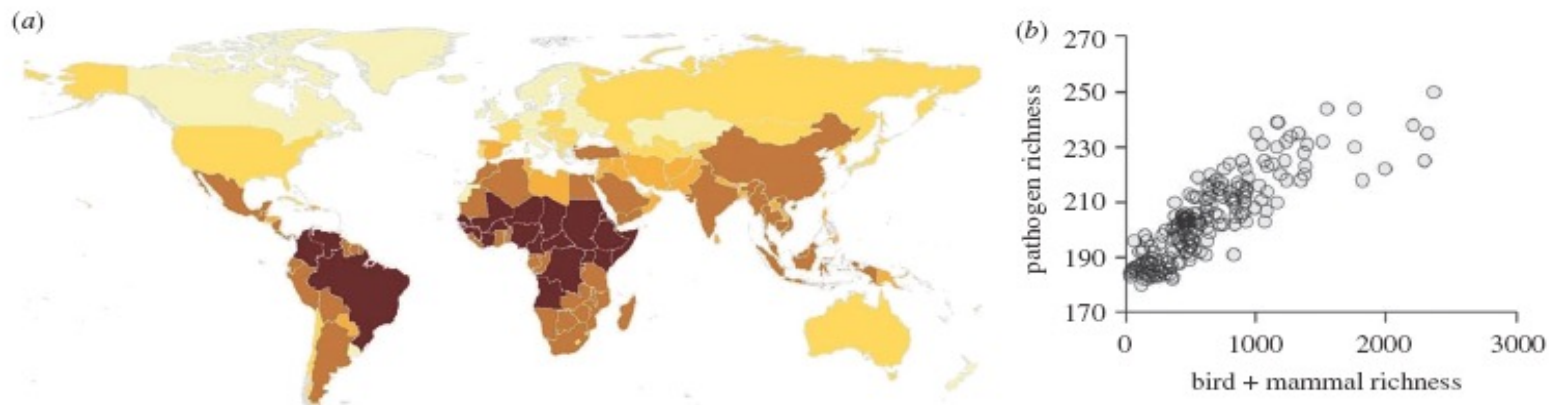


## Zoonotic host diversity increases in human-dominated ecosystems

# La densité en espèces de vertébrés, et en particulier en oiseaux et en mammifères explique relativement bien le danger en agents zoonotiques

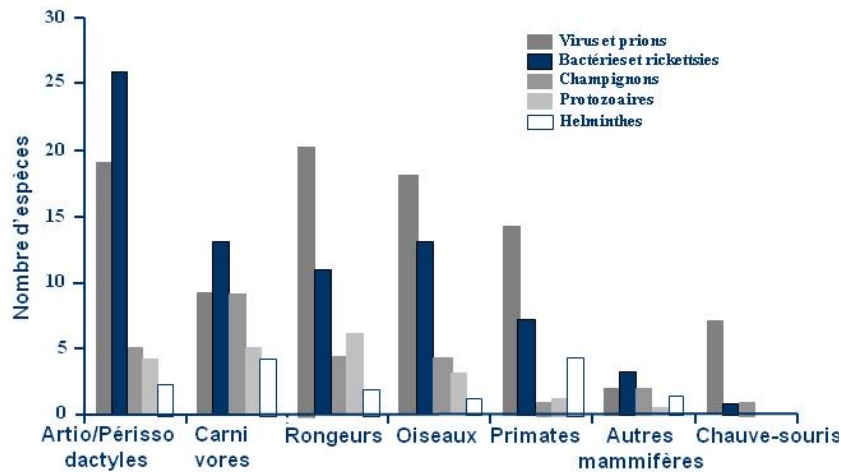


2 R. R. Dunn *et al.* *Global pathogen richness and prevalence*

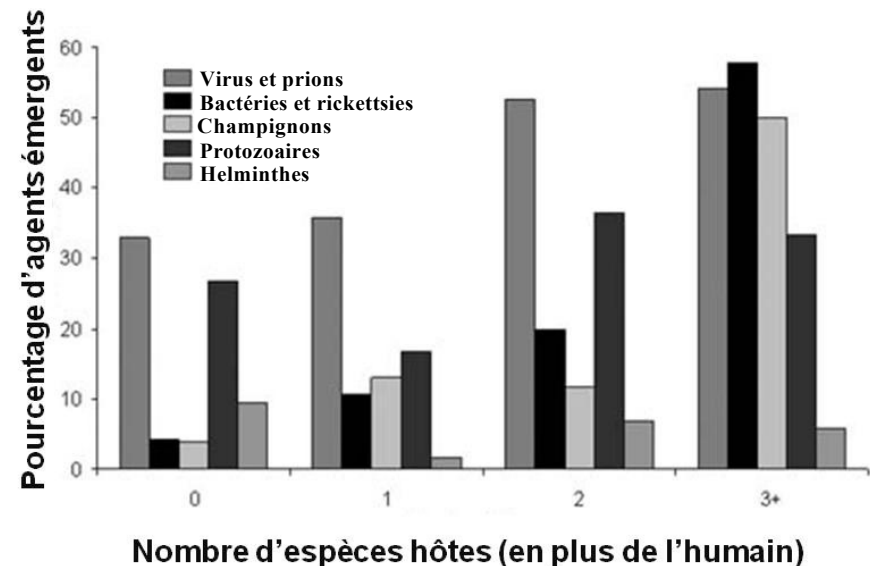


# La plupart des agents pathogènes humains est partagé avec des espèces animales

Origine des principaux agents ayant émergés ces 30 dernières années



Spectre d'espèces hôtes (connus) d'agents Infectieux...

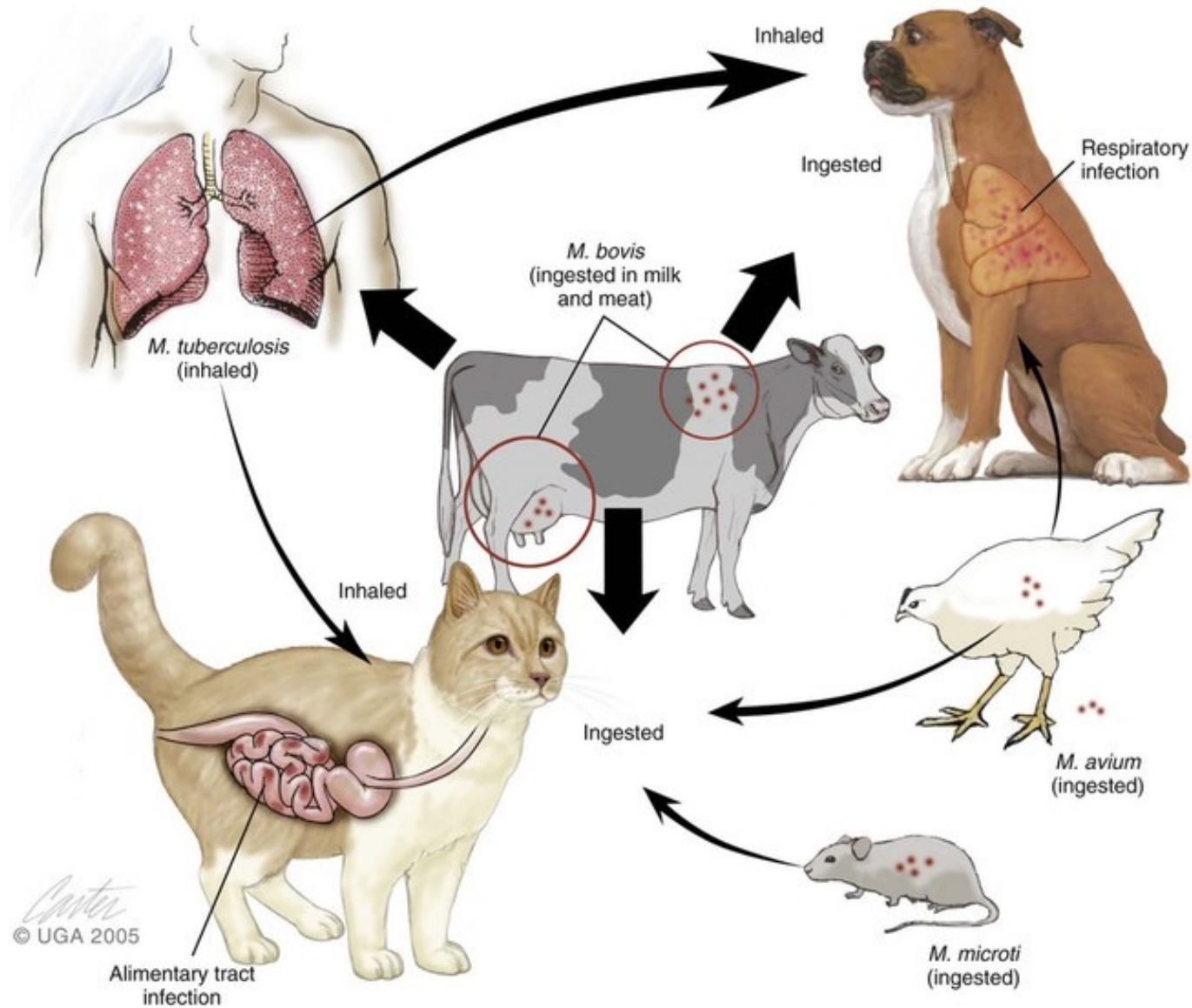


70% d'entre eux sont d'origine animale  
52 à 63% si l'on prend en compte les 1413 agents infectieux connus

Les agents émergents chez l'humain sont des formes généralistes ayant plusieurs espèces hôtes, nécessitant une meilleure coordination interdisciplinaire pour leur compréhension

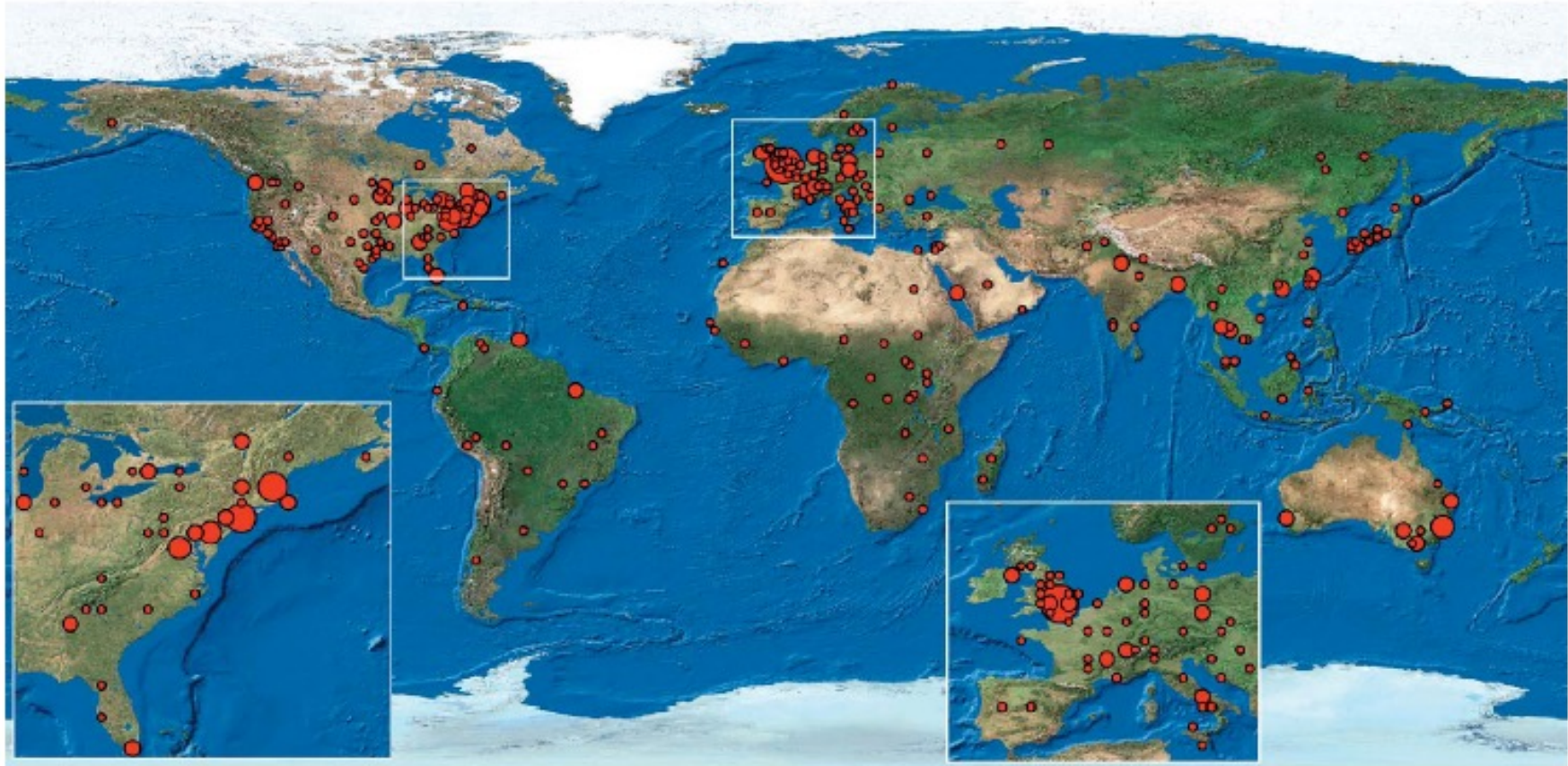
# L'exemple de *Mycobacterium bovis* responsable de la tuberculose bovine

## Mycobacterial Infections



# Dans quelles régions ont lieu les émergences d'agents infectieux ?

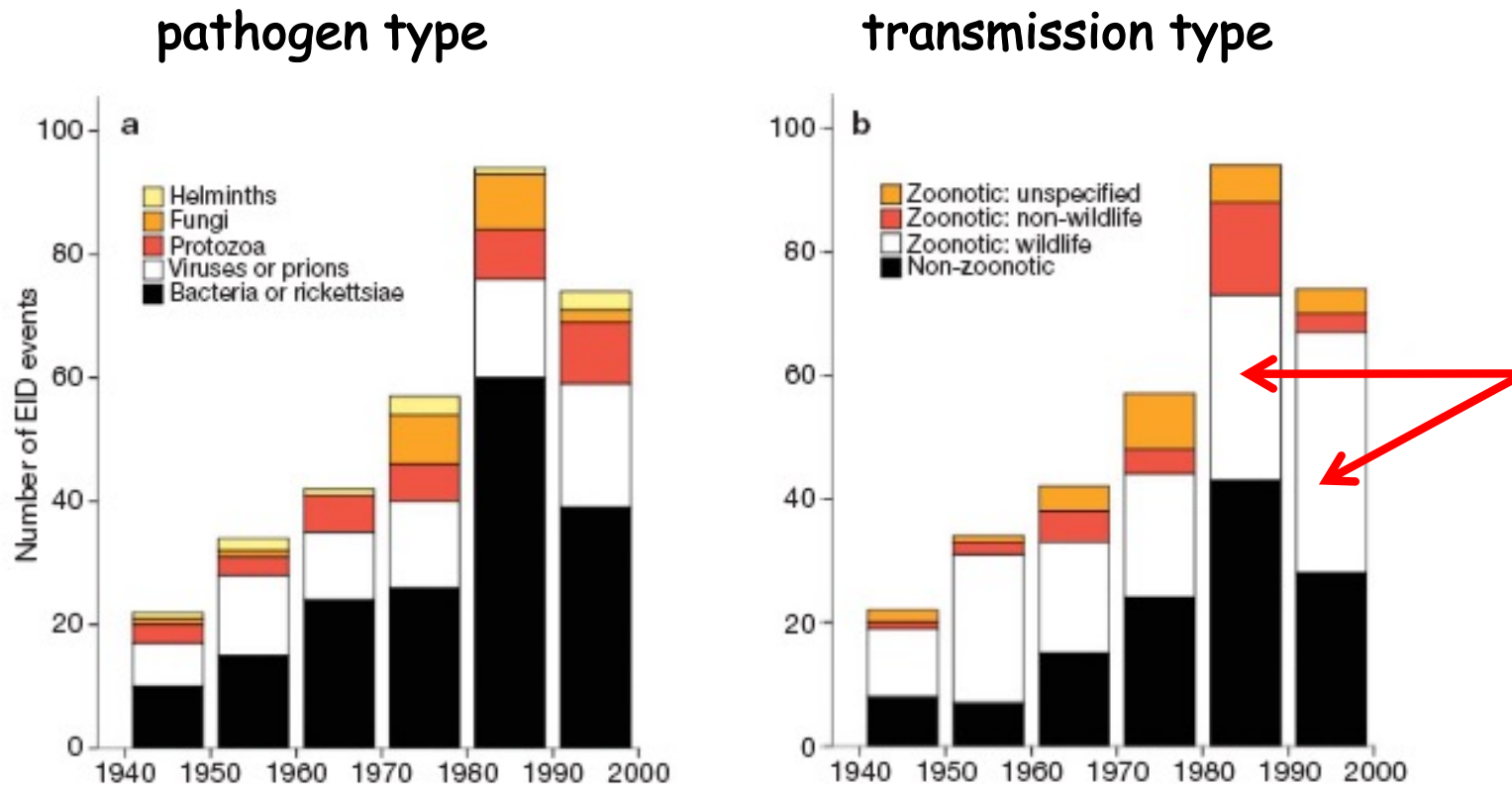
No. of EID events    • 1    ● 2-3    ● 4-5    ● 6-7    ● 8-11



## Global trends in emerging infectious diseases

Kate E. Jones<sup>1</sup>, Nikkita G. Patel<sup>2</sup>, Marc A. Levy<sup>3</sup>, Adam Storeygard<sup>3†</sup>, Deborah Balk<sup>3†</sup>, John L. Gittleman<sup>4</sup> & Peter Daszak<sup>2</sup>

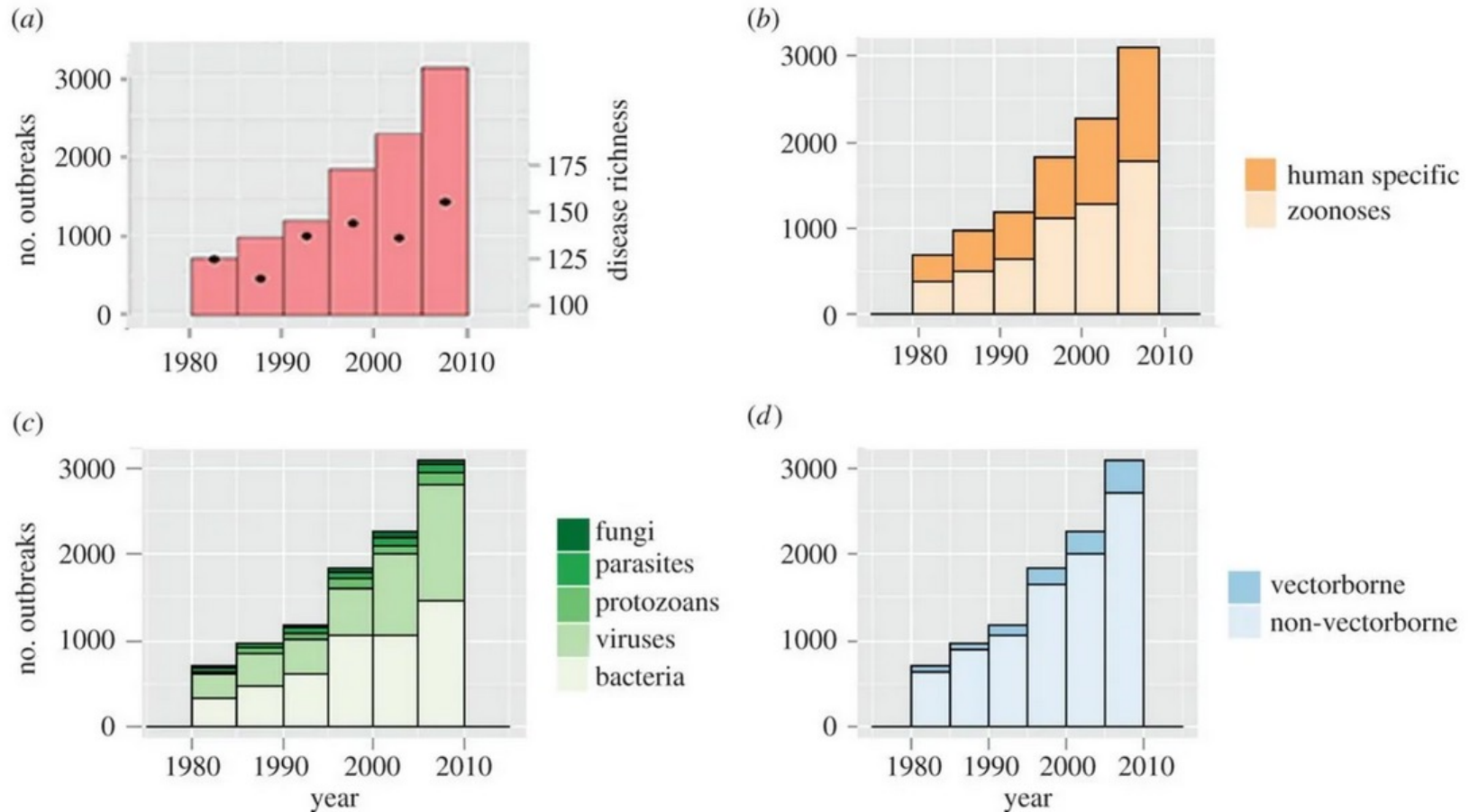
# Quelles catégories d'agents infectieux émergent et de quelles origines sont-elles ?



## Global trends in emerging infectious diseases

Kate E. Jones<sup>1</sup>, Nikkita G. Patel<sup>2</sup>, Marc A. Levy<sup>3</sup>, Adam Storeygard<sup>3†</sup>, Deborah Balk<sup>3†</sup>, John L. Gittleman<sup>4</sup> & Peter Daszak<sup>2</sup>

# Quelles catégories d'agents infectieux émergent et de quelles origines sont-elles ?



The global number of human infectious disease outbreaks and richness of causal diseases, from 1980 to 2010. Outbreak records are plotted with respect to (a) total global outbreaks (left axis, bars) and total number of diseases causing outbreaks in each year (right axis, dots), (b) host type, (c) pathogen taxonomy, and (d) transmission mode. | The Royal Society

# Dans quelles régions ont lieu les émergences d'agents infectieux ?

Densité humaine, diversité biologique (hôte), localisation géographique,...

**Table 1 | Socio-economic, environmental and ecological correlates of EID events**

Pathogen type Number of EID event grid cells	Zoonotic: wildlife 147-156		Zoonotic: non-wildlife 49-53	
	<i>b</i>	<i>B</i>	<i>b</i>	<i>B</i>
log(JID articles)	0.34-0.37***	1.41-1.45	0.40-0.49***	1.49-1.63
log[human pop. density (persons per km <sup>2</sup> )]	0.56-0.64***	1.75-1.90	0.88-1.06***	2.41-2.89
Human pop. growth (change in persons per km <sup>2</sup> , 1990-2000)†	0.09-0.45	1.09-1.56	0.86-1.31**	2.37-3.71
Latitude (decimal degrees)	0.002-0.017	1.00-1.02	0.024-0.040*	1.02-1.04
Rainfall (mm)	(0.14-0.06) x 10 <sup>-3</sup>	1.00-1.00	(0.32-0.57) x 10 <sup>-3</sup> #	1.00-1.00
Wildlife host richness	0.008-0.013**	1.01-1.01	-0.015 to -0.003	0.99-1.00
Constant	-9.81 to -8.78***		-13.84 to -11.73***	

Pathogen type Number of EID event grid cells	Drug-resistant 59-64		Vector-borne 81-88	
	<i>b</i>	<i>B</i>	<i>b</i>	<i>B</i>
log(JID articles)	0.46-0.53***	1.62-1.71	0.17-0.21***	1.18-1.23
log[human pop. density (persons per km <sup>2</sup> )]	1.03-1.27***	2.87-3.92	0.41-0.49***	1.51-1.63
Human pop. growth (change in persons per km <sup>2</sup> , 1990-2000)†	1.21-1.70***	2.73-5.06	-0.08 to 0.31	0.93-1.37
Latitude (decimal degrees)	0.047-0.072**	1.04-1.07	-0.015 to 0.002	0.98-1.00
Rainfall (mm)	(0.35-0.61) x 10 <sup>-3</sup> *	1.00-1.00	(0.10-0.28) x 10 <sup>-3</sup>	1.00-1.00
Wildlife host richness	(-0.01 to 0.16) x 10 <sup>-2</sup>	1.00-1.02	(0.28-0.74) x 10 <sup>-2</sup>	1.00-1.01
Constant	-17.45 to -14.41***		-8.21 to -7.53***	

Columns represent multivariable logistic regressions for EID events split according to the type of pathogen responsible. Numbers represent the range of values obtained from 10 random draws of the possible grid squares, where *b* represents the regression coefficients and *B* represents the odds ratio for the independent variables in the model. Higher odds ratios indicate that variable value increases have a higher likelihood of being associated with an EID event; probability value equals the median probability from 10 random draws of the possible grid squares where \*\*\**P* < 0.001, \*\**P* < 0.01, \**P* < 0.05, #*P* < 0.1. Results from each random draw are shown in Supplementary Table 3.

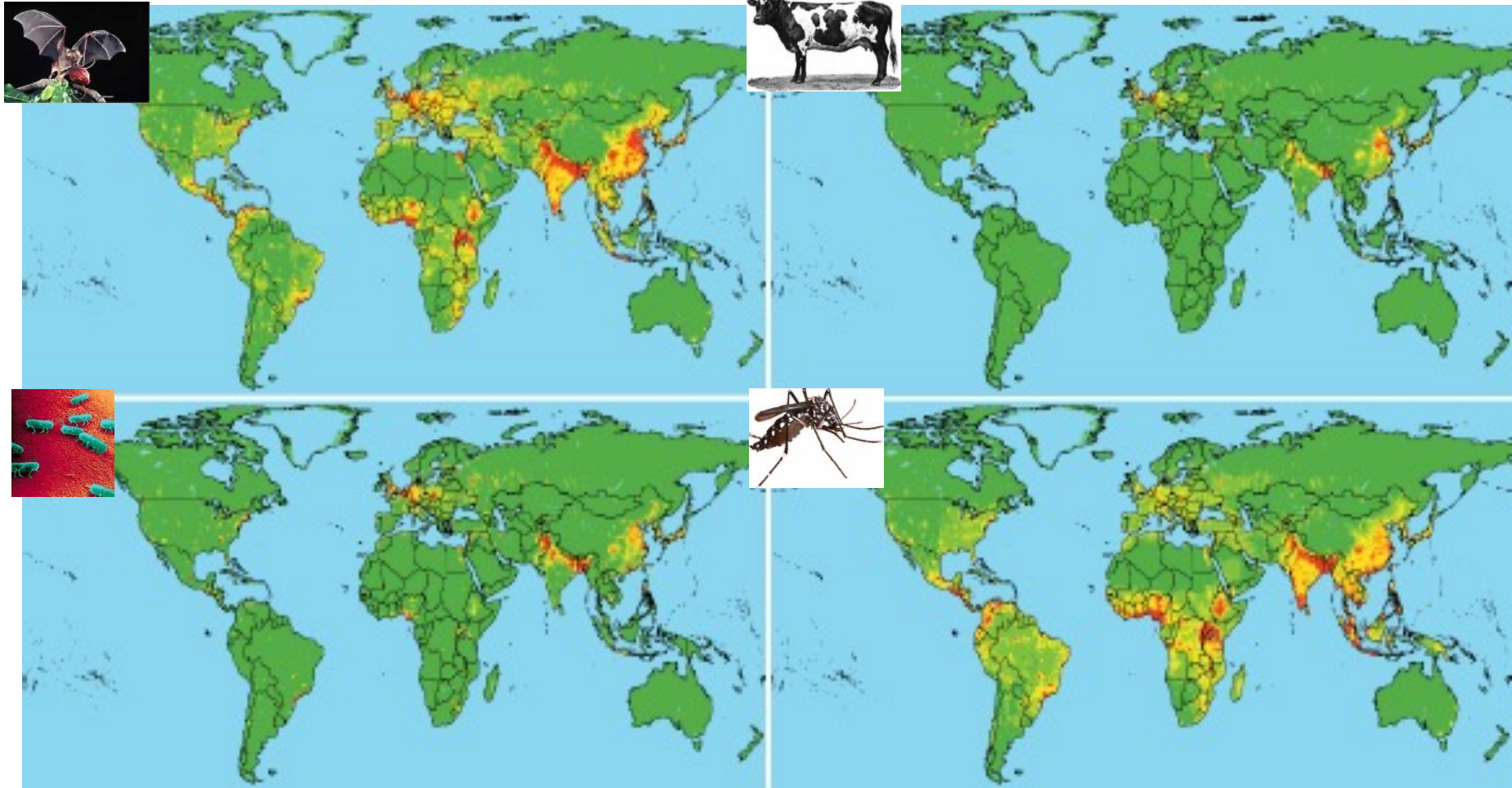
† See Methods for details.

## Global trends in emerging infectious diseases

Kate E. Jones<sup>1</sup>, Nikkita G. Patel<sup>2</sup>, Marc A. Levy<sup>3</sup>, Adam Storeygard<sup>3†</sup>, Deborah Balk<sup>3†</sup>, John L. Gittleman<sup>4</sup> & Peter Daszak<sup>2</sup>

# Dans quelles régions ont lieu les émergences d'agents infectieux ?

Quelles sont les zones à risque ?

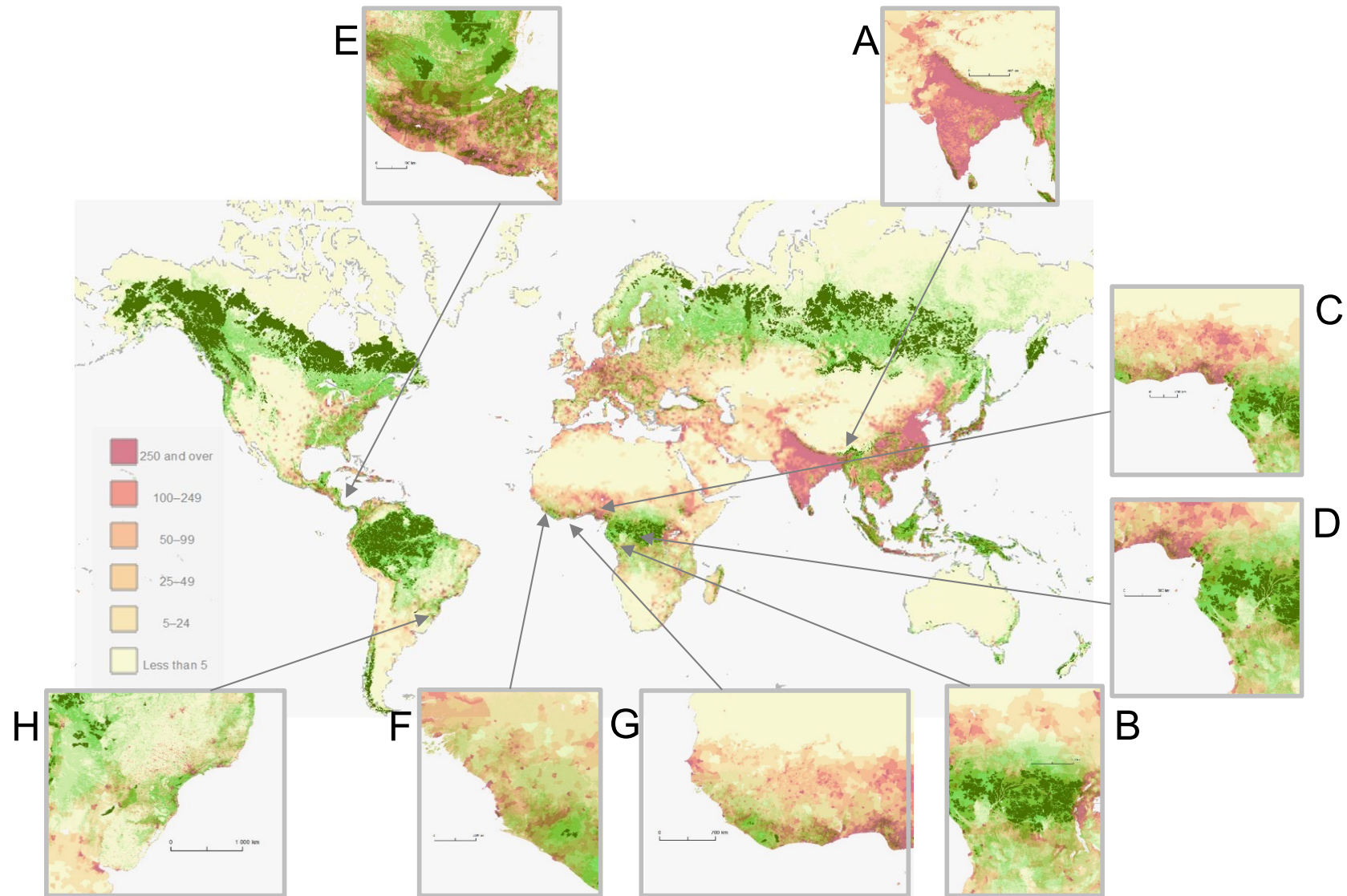


## Global trends in emerging infectious diseases

Kate E. Jones<sup>1</sup>, Nikkita G. Patel<sup>2</sup>, Marc A. Levy<sup>3</sup>, Adam Storeygard<sup>3†</sup>, Deborah Balk<sup>3†</sup>, John L. Gittleman<sup>4</sup> & Peter Daszak<sup>2</sup>

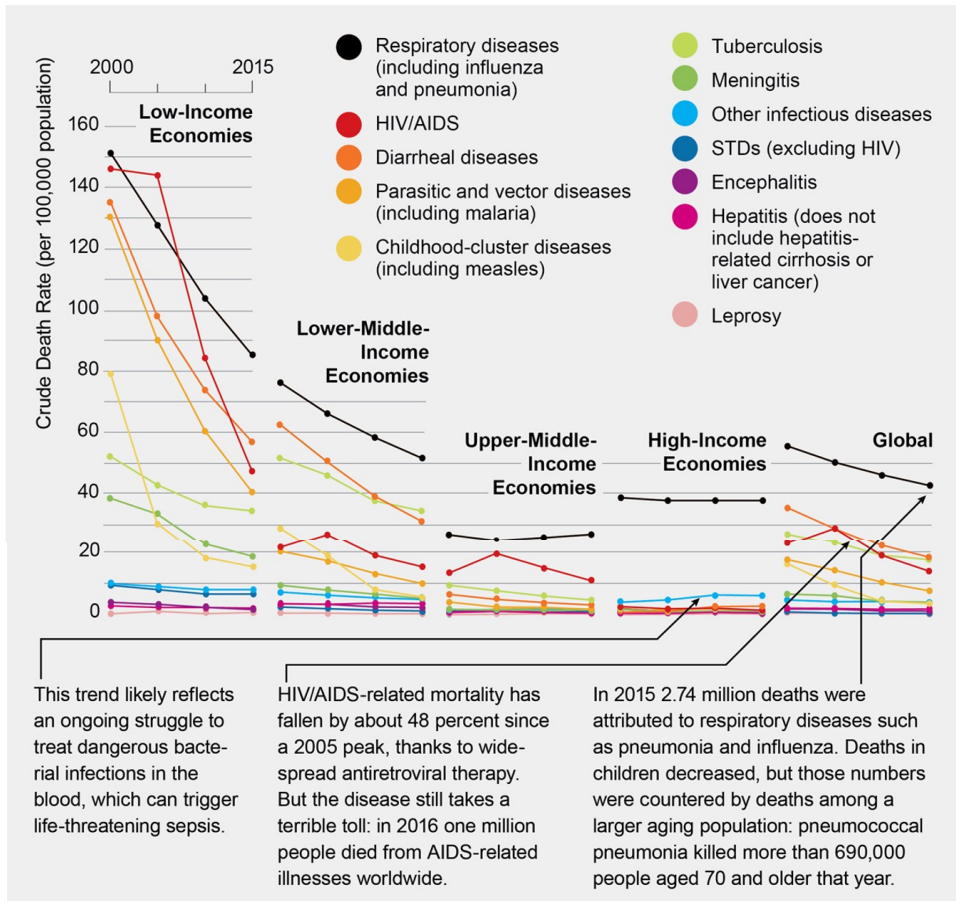
[doi:10.1038/nature06536](https://doi.org/10.1038/nature06536)

# Mais rappelez-vous ce qu'est un risque infectieux !



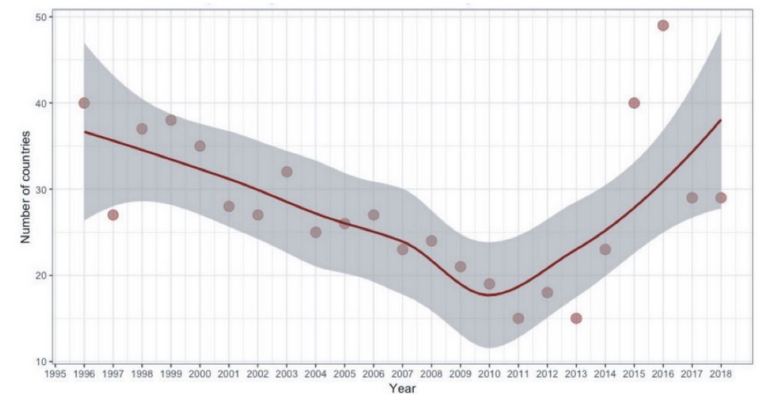
Guégan, J.; Ayouba, A.; Cappelle, J.; de Thoisy, B. Forests and Emerging Infectious Diseases: Unleashing the Beast Within. *Preprints* **2020**, 2020040061 (doi: 10.20944/preprints202004.0061.v1). In second review *Environmental Research Letters*.

# La mortalité due aux maladies infectieuses tend en général à diminuer, mais le nombre de nouvelles épidémies lui augmente



<https://www.scientificamerican.com/article/global-infections-by-the-numbers/>

Figure 1: Number of countries experiencing significant disease outbreaks, 1995-2018

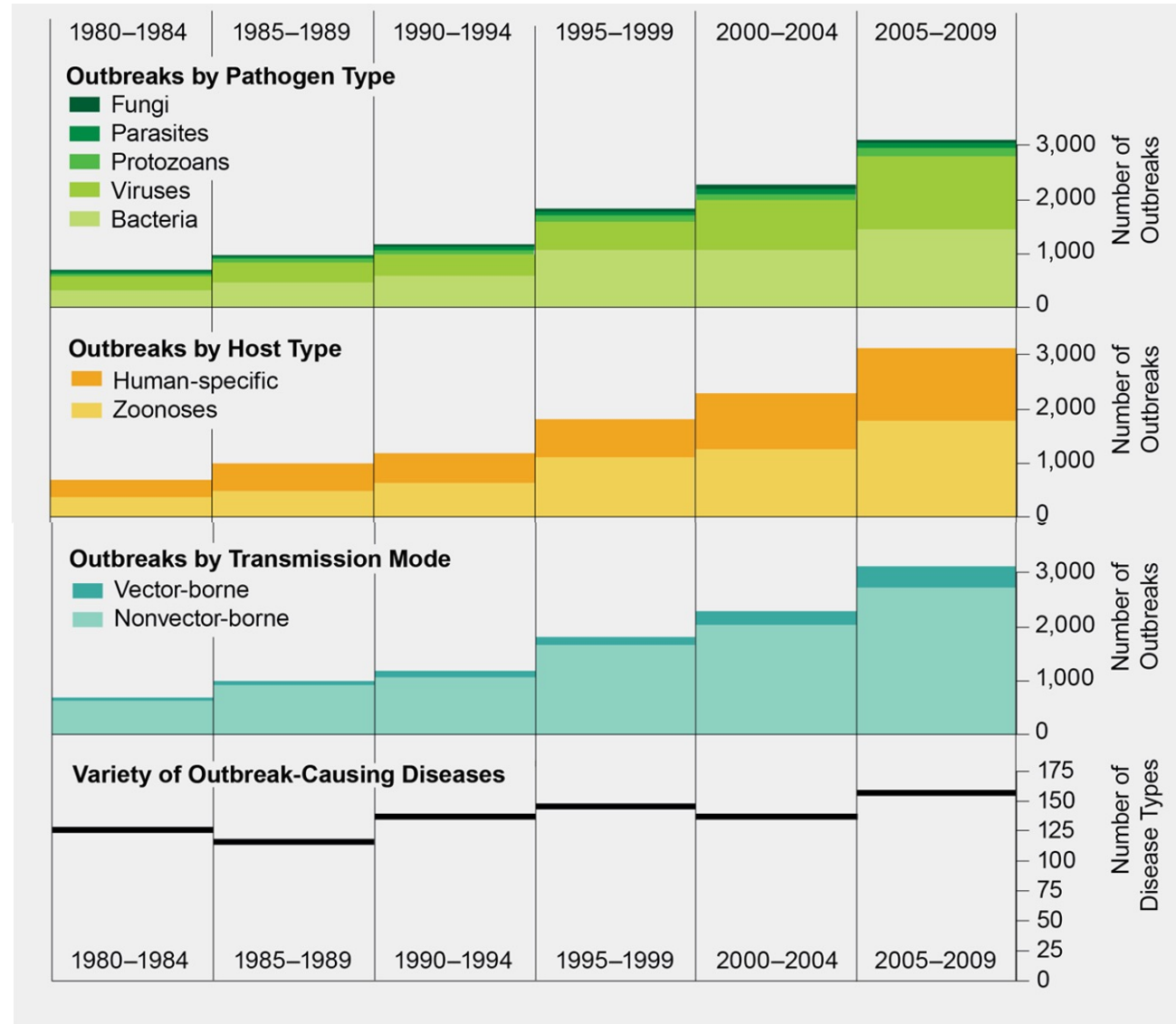


Source: Harvard Global Health Institute/World Economic Forum analysis of data from WHO Disease Outbreak News (<http://www.who.int/csr/don/en/>)

The number of countries experiencing significant disease outbreaks 1995-2018. Image: Outbreak Readiness and Business Impact Report 2019

# Le nombre de foyers épidémique lui tend à augmenter

<https://www.scientificamerican.com/article/global-infections-by-the-numbers/>




Credit: Jen Christiansen; Sources: Amanda Hobbs (research); "Summary of Notifiable Infectious Diseases and Conditions—United States" reports for 2014 and 2015, in *Morbidity and Mortality Weekly Report*; 2016 Annual Tables of Infectious Disease Data, National Notifiable Diseases Surveillance System, Centers for Disease Control and Prevention, 2017 [www.cdc.gov/nndss/infectious-tables.html](http://www.cdc.gov/nndss/infectious-tables.html) (*Legionnaires', mumps, pertussis and hepatitis C data*); *Sexually Transmitted Disease Surveillance 2016*. CDC, September 2017 (STD data); *Global Health Estimates 2015: Deaths by Cause, Age, Sex, by Country and by Region, 2000-2015*. World Health Organization, 2016 (*mortality data*); "Global rise in human infectious disease outbreaks," by Katherine F. Smith et al., in *Journal of the Royal Society Interface*, Vol. 11, No. 101; December 6, 2014 (*outbreak data*)

Rang	Déterminant (classé par ordre)
1	Changements d'usage des sols, et pratiques agricoles et agronomiques
2	Changements démographiques, et sociétaux/comportementaux
3	Précarité des conditions sanitaires
4	Liés à l'hôpital (nosocomial) ou à des erreurs de soins et de pratiques
5	Evolution des agents pathogènes (résistance aux antibiotiques, augmentation de virulence,...)
6	Contamination par les aliments, ou l'eau
7	Voyages et échanges humains intercontinentaux
8	Défauts, précarité, désorganisation des systèmes de soins
9	Transports économiques de biens commerciaux et d'animaux
10	Changement climatique

Tableau 1 - Classification des déterminants principaux, responsables d'émergences et ré-émergences pour 1407 agents étiologiques affectant l'homme. D'après Woolhouse et Gowtage-Sequeira (2005).

Les activités humaines, et notamment celles exposant les individus à des sources de contamination potentielle sont plus à risque

---

Rang	Déterminant (classé par ordre)
1	 Changements d'usage des sols, et pratiques agricoles et agronomiques
2	Changements démographiques, et sociétaux/ comportementaux
3	Précarité des conditions sanitaires
4	Liés à l'hôpital (nosocomial) ou à des erreurs de soins et de pratiques
5	Evolution des agents pathogènes (résistance aux antibiotiques, augmentation de virulence,...)
6	Contamination par les aliments, ou l'eau
7	Voyages et échanges humains intercontinentaux
8	Défauts, précarité, désorganisation des systèmes de soins
9	Transports économiques de biens commerciaux et d'animaux
10	Changement climatique

---

Tableau 1 - Classification des déterminants principaux, responsables d'émergences et ré-émergences pour 1407 agents étiologiques affectant l'homme. D'après Woolhouse et Gowtage-Sequeira (2005).



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](mailto:jean-francois.guegan@ird.fr)

Award #1911457



LabEx CEBA  
ANR-10-LAB-2501



UNIVERSITÉ  
DE MONTPELLIER

