

Université Montpellier 2 - École doctorale SIBAGHE
Systèmes Intégrés en Biologie, Agronomie, Géosciences,
Hydrosciences, Environnement

Télédétection, analyse et modélisation spatiales
appliquées à l'épidémiologie des maladies
vectorielles



Mémoire présenté pour l'obtention de
l'Habilitation à Diriger des Recherches

Année 2013

Annelise Tran

CIRAD - Département Environnements et Sociétés
UR Animal et Gestion Intégrée des Risques
UMR Territoires Environnement Télédétection et Information Spatiale
Maison de la Télédétection, Montpellier

Jury :

Emmanuelle Gilot-Fromont	Professeur Vet AgroSup, Lyon	Rapporteur
Michel Langlais	Professeur Université Bordeaux Segalen	Rapporteur
Gérard Salem	Professeur Université Paris Ouest	Rapporteur
Agnès Bégué	Directrice de recherches CIRAD, Montpellier	Membre
Didier Fontenille	Directeur de recherches IRD, Montpellier	Membre

A mes parents

Remerciements

La rédaction de ce mémoire pour l'Habilitation à Diriger des Recherches a été un exercice... intéressant, permettant de faire le point sur des recherches variées en essayant de dégager un fil conducteur. Pour ce faire, j'ai eu à me remémorer chaque projet, chaque étude, chaque résultat, et de ce fait aussi toutes les personnes avec qui j'ai eu la chance de travailler au cours de ces dernières années, cet exercice mettant ainsi en évidence combien la construction de la recherche est une aventure collective. Je remercie ici tous ceux qui ont contribué, de près ou de loin, à mon cheminement scientifique.

Je tiens à remercier tout d'abord les membres du jury : merci à Emmanuelle Gilot-Fromont, Michel Langlais et Gérard Salem d'avoir accepté d'être les rapporteurs de ce mémoire, pour le temps et l'attention que vous y avez accordés. Merci à Agnès Bégué et Didier Fontenille de votre intérêt pour mon travail et votre disponibilité continue toutes ces années à Montpellier ! Merci à tous les cinq pour vos contributions complémentaires en épidémiologie, modélisation, géographie de la santé, télédétection et entomologie, c'est une chance et un honneur d'avoir un tel jury inter-disciplinaire.

Merci à tous les étudiants dont j'ai encadré les travaux, et avec qui j'ai appris à "diriger des recherches"... Merci en particulier à Héléne Guis, Valéria Soti et Priscilla Cailly, dont les travaux de thèse constituent des briques importantes de ce mémoire, et à Thais Amaral, Shaif Abdo-Salem, Vincent Herbreteau et Sylvain Guichard, dont les sujets de doctorats et post-doctorats ont nourri mes réflexions sur la télédétection et l'épidémiologie.

Merci à toutes les personnes des deux unités de recherche auxquelles je suis attachée, les unités AGIRs et TETIS : c'est une chance de côtoyer et interagir au quotidien avec des personnes enthousiastes, ouvertes et compétentes...Merci donc aux différents directeurs de ces deux unités où j'ai plaisir à travailler et qui favorisent les passages de la géomatique à l'épidémiologie : François Roger, François Monicat, Marie-Noël de Visscher, Jean-Philippe Tonneau et Pascal Kosuth. Merci à tous mes collègues -anciens et actuels- de ces deux unités, en particulier à ceux qui ont fortement contribué aux travaux présentés ici, et à tous pour les échanges, le soutien et la convivialité.

Merci aux nombreux chercheurs des autres unités ou organismes de recherche avec qui j'ai pu collaborer et apprendre, et aussi à ceux qui m'ont motivée pour la rédaction de ce mémoire, en particulier un grand merci à Pauline Ezanno, Thomas Balenghien, Thierry Baldet, Claire Garros, Héléne Guis, Serge Morand

et Jean-François Guégan.

C'est avec reconnaissance que je remercie ici ceux qui ont initié mon parcours dans la recherche, mes directeur et co-directeurs de thèse, Marcel Raffy, Laurent Polidori et Jacques Gardon. Voilà un nouveau chapitre d'écrit...

Enfin, merci à mes proches pour leur intérêt toujours renouvelé pour mes "histoires de moustiques", mes trois petits brigands qui m'ont fait découvrir Google Earth en mode jeu vidéo, et Gaël, pour tout.

Table des matières

Liste des sigles et acronymes	x
Liste des figures	xiv
Liste des tables	xviii
AVANT-PROPOS	1
CURRICULUM VITAE	2
SYNTHÈSE DES TRAVAUX DE RECHERCHE	10
Introduction	13
1 La télédétection : de « nouveaux yeux pour les épidémiologistes » ?	19
1.1 Caractérisation des populations d'hôtes sensibles	19
1.1.1 Estimation de densités de populations humaines	19
1.1.2 Estimation de densités de populations animales	20
1.2 Détection et caractérisation de l'habitat des vecteurs ou des réservoirs sauvages	21
1.2.1 L'occupation du sol	21
1.2.2 Les surfaces en eau	24
1.2.3 Définition d'indices paysagers	29
1.3 Indicateurs météorologiques	33
1.3.1 Indicateurs de température	33
1.3.2 Indicateurs de pluviométrie	35
1.4 Conclusions	36

2	Épidémiologie paysagère : décrire les patrons de transmission d'un pathogène en lien avec l'environnement	39
2.1	Des caractéristiques environnementales peuvent-elles expliquer l'hétérogénéité spatiale de transmission d'un pathogène?	39
2.1.1	Importance des variables paysagères pour décrire l'environnement à risque de fièvre catarrhale ovine	40
2.1.2	Identification des paysages à risque de transmission de la fièvre de la Vallée du Rift	41
2.1.3	Modélisation de la niche écologique d'un pathogène	42
2.1.4	De l'importance de l'autocorrélation spatiale...	44
2.1.5	Conclusions partielles	46
2.2	Caractéristiques environnementales et distribution spatiale des vecteurs	47
2.2.1	L'occupation du sol détermine-t-elle la distribution spatiale des moustiques?	47
2.2.2	Cartographier la niche climatique de <i>Culicoides imicola</i> à l'échelle mondiale	50
2.3	Caractéristiques environnementales et dynamique temporelle de transmission d'un pathogène	51
2.3.1	Pluviométrie et dynamique de transmission de la fièvre de la Vallée du Rift	52
2.3.2	Importance de la prise en compte des facteurs socio-économiques	53
2.4	Conclusions	53
3	L'apport de la modélisation des processus à l'étude des maladies à transmission vectorielle	55
3.1	Modélisation de la dynamique temporelle d'une population de moustiques	55
3.1.1	Modélisation de la dynamique de population des moustiques vecteurs de la fièvre de la Vallée du Rift au Sénégal	56
3.1.2	Développement d'un modèle générique de dynamique temporelle de populations de moustiques	58
3.1.3	Applications des modèles de dynamique de population de moustiques	61
3.2	Modélisation de la dynamique spatiale de populations d'insectes	63
3.2.1	Un modèle de diffusion appliqué à la dispersion des insectes ailés	64
3.2.2	Modélisation en réseau d'itérations couplées de la dynamique d'une population de moustiques en environnement hétérogène	64
3.3	Modélisation des interactions spatiales hôtes-vecteurs dans le cas d'une maladie multi-hôtes	65
3.4	Modélisation du risque de transmission d'un pathogène dans le cas d'une maladie vectorielle	69
3.4.1	Cartographier le " R_0 "	69

3.4.2	Exemple d'application : étudier l'impact de changements environnementaux sur les maladies à transmission vectorielle	70
3.5	Conclusions	72
4	DISCUSSION GÉNÉRALE ET PERSPECTIVES DE RECHERCHE	73
4.1	Points de discussion	73
4.1.1	L'apport de la télédétection à l'épidémiologie	73
4.1.2	Vers une meilleure compréhension des déterminants de la dynamique de transmission d'un pathogène	75
4.1.3	La complémentarité des approches	77
4.2	Projet de recherche	80
4.2.1	Un projet de recherche collectif	80
4.2.2	Projet de recherche personnel	81
4.3	Conclusion	87
5	RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES CITÉES	89
	PUBLICATIONS	104
6	LISTE DES PUBLICATIONS	107
6.1	Articles scientifiques	107
6.1.1	Articles publiés : revue internationale référencée	107
6.1.2	Articles publiés dans une autre revue à comité de lecture	110
6.1.3	Articles publiés dans une revue sans comité de lecture	111
6.1.4	Articles publiés dans une revue professionnelle	111
6.1.5	Articles soumis	111
6.1.6	Articles en préparation	112
6.2	Chapitres d'ouvrage	112
6.3	Thèse et mémoires	113
6.4	Communications dans des congrès et des colloques	114
6.4.1	Avec comité de lecture international	114
6.4.2	Autres communications	117
6.5	Rapports	120
6.6	Liste des mémoires d'étudiants encadrés (2004-2012)	121
6.6.1	Thèses	121
6.6.2	Master 2	121
6.6.3	Master 1, mémoire d'ingénieur	122
7	SÉLECTION DE PUBLICATIONS	125
7.1	Identifying landscape features associated with Rift Valley fever virus transmission, Ferlo region, Senegal, using very high spatial resolution satellite imagery	125
7.2	A climate-driven abundance model to assess mosquito control strategies	137

TABLE DES MATIÈRES

7.3	Pathogenic landscapes : Interactions between land, people, disease vectors, and their animal hosts	149
7.4	Use of high spatial resolution satellite imagery to characterize landscape at risk for bluetongue	163
7.5	Mapping disease incidence in suburban areas using remotely sensed data	179

Liste des sigles et acronymes

ACP Analyse en Composantes Principales

AGIRs Animal et Gestion Intégrée des Risques

ANR Agence Nationale de la Recherche

AVHRR Advanced Very High Resolution Radiometer

ASTER Advanced Spaceborne Thermal Emission and Reflection radiometer

CCD Cold Cloud Duration

CIRAD Centre de coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement

CLC Corine Land Cover

CNES Centre National d'Etudes Spatiales

CPER Contrat de Plan Etat Région

ECDC European Center of Diseases prevention and Control

EDEN Emerging Diseases in a changing European eNvironment

EID-Med Entente Interdépartementale pour la Démoustication du littoral Méditerranéen

ETM+ Enhanced Thematic Mapper

FCO Fièvre Catarrhale Ovine

- FP** Framework Programme for Research
- FVR** Fièvre de la Vallée du Rift
- GPS** Global Positioning System
- IgG** Immunoglobuline de classe G
- IgM** Immunoglobuline de classe M
- IGN** Institut Géographique National
- IHA** Inhibition de l'HemAgglutination
- INSEE** Institut National de la Statistique et des Etudes Economiques
- INVS** Institut National de Veille Sanitaire
- IPG** Institut Pasteur de la Guyane
- IRD** Institut de Recherche pour le Développement
- ISA** Indice of Simultaneous Abundance
- HRV** High Resolution Visible
- LAI** Leaf Area Index
- LST** Land Surface Temperature
- MODIS** Moderate Resolution Imaging Spectroradiometer
- MNDWI** Modified Normalized Difference Water Index
- MSS** Multispectral Scanner System
- MNT** Modèle Numérique de Terrain
- NASA** National Aeronautic and Space Administration
- NDVI** Normalized Difference Vegetation Index

NOAA National Oceanic and Atmospheric Administration

OT Observation de la Terre

PCR Polymerase Chain Reaction

PPGIS Public Participation Geographic Information System

ROC Receiver Operating Characteristic

SAR Synthetic Aperture Radar

SIG Système d'Information Géographique

SPOT Satellite Pour l'Observation de la Terre

SST Sea Surface Temperature

TETIS Territoires Environnement Télédétection et Information Spatiale

TM Thematic Mapper

UE Union Européenne

ULV Ultra Low Volume

UMR Unité Mixte de Recherche

WNF West Nile Fever

WNV West Nile Virus

Liste des figures

1	Exemple de modèle conceptuel pour l'étude d'un système hôte-vecteur-pathogène, en lien avec l'environnement physique et humain [de La Rocque <i>et al.</i> , 2007].	14
1.1	Elaboration d'un indice de densité de population à partir d'une image SPOT, région de Cayenne, Guyane. a) Image SPOT-4, 02/07/2001 (Copyright CNES) b) Détection des zones bâties c) Indice de densité de population.	20
1.2	Représentation bi-dimensionnelle du logarithme de la densité de population réelle (source : Institut National de la Statistiques et des Études Économiques) et d'un indice de densité de population dérivé d'une image SPOT, région de Cayenne, Guyane, 2001.	21
1.3	Représentation bi-dimensionnelle du logarithme du nombre de bovins (NbCattle) et du logarithme de l'aire des pâturages (Pasture) estimée par la classification d'images Landsat ETM+, Brésil, 2010 [Basso Amaral, 2012].	22
1.4	Cartographie de l'occupation du sol (extraits). A gauche : Classification d'une image Landsat ETM+ (projet EDEN). A droite : Corine Land Cover (Source : The European Topic Centre on Terrestrial Environment : Corine land cover database).	23
1.5	Changements d'occupation du sol sur les sites de Loei, Thaïlande, et Mondolkiri, Cambodge. Sur les cartes et les graphiques les forêts, les zones de cultures et les zones urbanisées sont représentées en vert, orangé et rose, respectivement. A gauche : carte d'occupation des sols à la date la plus récente. A droite : évolution de la répartition des types d'occupation du sol entre 1987 et 2008 [Dupuy <i>et al.</i> , 2012].	25
1.6	Cartographie des mares temporaires, région du Ferlo, Sénégal. a) Image Quickbird, 04/08/2005 (Copyright DigitalGlobe) b) Image d'un indice de l'eau (MNDWI) calculé à partir des bandes spectrales acquises dans le vert et le moyen-infrarouge c) Carte des mares obtenue par seuillage du MNDWI.	27

1.7	Cartographie des durées d'inondation, Cambodge. a) Série temporelle d'images MODIS b) Série d'images d'un indice de l'eau (MNDWI) c) Série d'images des zones en eau obtenues par seuillage du MNDWI d) Carte des durées d'inondation estimées (en noir : faibles durées d'inondation ; blanc : fortes durées d'inondation).	28
1.8	Cartographie des surfaces en eau à une échelle continentale. a) Localisation des différents sites de prélèvements d'oiseaux sauvages [Gaidet <i>et al.</i> , 2012] b) Aperçu des images MODIS utilisées.	29
1.9	Evolution de l'indice paysager de densité de frontières (edge density) sur sept sites d'Asie du Sud-Est entre 1987 et 2008 (projet CERoPaTH). a) Localisation des sites d'étude b) Evolution de l'indice "edge density" calculé à partir d'images SPOT acquises à trois dates différentes [Dupuy <i>et al.</i> , 2012].	31
1.10	Relation entre NDVI et dynamique hydrologique, région de Barkedji, Sénégal. a) Mare de Furdu (9700 m ²), b) corrélation croisée entre les mesures de hauteurs d'eau et les valeurs de NDVI calculées à partir d'une série temporelle d'images MODIS sur la zone. Les lignes en pointillés indiquent l'enveloppe de confiance [Soti <i>et al.</i> , 2009].	36
2.1	Cartographie du risque de FCO dans le sud de la Corse à partir de données environnementales. A gauche : Localisation et statut sanitaire vis-à-vis de la FCO des élevages ovins (2000-2003). Fonds de carte : image SPOT. A droite : carte d'aléa issue du modèle maladie à 2 km pour les élevages mixtes [Guis, 2007].	41
2.2	Cartographie du risque de FVR dans le nord du Sénégal à partir de données environnementales. a) Taux d'incidence de la FVR dans les troupeaux de petits ruminants observés (cercles rouges) et prédits (ligne solide) à partir de l'indice de densité de végétation autour des mares dérivé d'une image Quickbird. b) Taux d'incidence prédits pour l'ensemble de la zone d'étude [Soti <i>et al.</i> , 2013].	42
2.3	Cartographie du risque de leishmaniose canine dans le sud de la France à partir de données environnementales. a) Localisation et classification des cas reportés entre 1965 et 2007. b) Carte de la niche écologique de la leishmaniose canine en France, avec en vert : le profil écologique potentiellement associé à <i>Phlebotomus ariasi</i> et en violet celui associé à <i>Phlebotomus perniciosus</i> [Chamaille <i>et al.</i> , 2010].	43
2.4	Durée d'inondation estimée par imagerie satellite et statut infecté ou non par le virus H ₅ N ₁ des villages de six provinces, Cambodge [Leger, 2010].	45
2.5	Courbes ROC des modèles statistiques expliquant le statut infecté ou non par le virus H ₅ N ₁ en fonction de variables environnementales (en vert), d'un terme autorégressif (en rouge) et des deux (en noir), Cambodge [Leger, 2010].	46

2.6	Occupation du sol et localisation des sites de captures entomologiques en Camargue, France [Cailly <i>et al.</i> , 2011].	48
2.7	Occupation du sol et distribution des populations d' <i>Anopheles hyrcanus</i> , Camargue, France. a) Cartographie de l'indice de probabilité de présence larvaire. b) Représentation bidimensionnelle de l'abondance observée et l'indice adulte calculé à partir de la carte d'occupation du sol [Tran <i>et al.</i> , 2008].	49
2.8	Modélisation de la niche éco-climatique de <i>Culicoides imicola</i> . Les zones d'entraînement, de vérification et de validation du modèle CLIMEX sont délimitées en vert, orange et rouge, respectivement [Guichard <i>et al.</i> , prep].	51
2.9	Relation entre pluviométrie (histogramme en vert), incidence mensuelle de la fièvre Q (courbe bleue) et prévision par une fonction linéaire multiple de la pluviométrie (en rouge), Guyane, 1996-2000 [Gardon <i>et al.</i> , 2001].	52
2.10	Analyse en composantes principales des facteurs pouvant expliquer l'occurrence de la fièvre de la Vallée du Rift au Yemen : projection sur les composantes principales 1 et 2 des différentes années (1999-2007)(en noir) et des facteurs (en rouge). a) Résultats uniquement avec les variables environnementales. b) Résultats avec toutes les variables, environnementales et socio-économiques [Abdo-Salem <i>et al.</i> , 2011].	54
3.1	Représentation schématique du modèle hydrologique. a) Modèle de bilan hydrique. b) Relation "Surface-Hauteur" [Soti <i>et al.</i> , 2010].	57
3.2	Résultats de la calibration du modèle hydrique. En rouge, les hauteurs d'eau simulées et en noir les hauteurs d'eau observées [Soti <i>et al.</i> , 2010, Soti, 2011].	58
3.3	Cycle de vie des moustiques. a) Succession des stades et des événements du cycle de vie. b) Modèle générique conceptuel de la dynamique de population de moustiques [Cailly <i>et al.</i> , 2012]. . .	59
3.4	Validation du modèle de dynamique de population de moustiques appliqué à <i>Aedes albopictus</i> , Nice, 2008-2011. Le nombre d'œufs simulé par le modèle (en noir) est comparé au nombre moyen d'œufs collectés dans des œufs pondoirs (en rouge). Les périodes de diapause sont représentées en gris, et la pluviométrie en bleu [Tran <i>et al.</i> , 2013].	61
3.5	Évaluation de deux stratégies de contrôle de populations de moustiques <i>Anopheles hyrcanus</i> : dynamique des populations sans traitement (en noir), avec traitements appliqués selon la stratégie 1 (en bleu) et selon la stratégie 2 (en vert) [Cailly <i>et al.</i> , 2012]. . .	62
3.6	Modélisation des dynamiques de populations de moustiques, Nord Sénégal, 1961-2003 : <i>Aedes vexans</i> (courbe orange), <i>Culex poicilipes</i> (courbe bleue) et indice d'abondance simultanée (en noir). La pluviométrie est représentée en bleu. Les étoiles indiquent les années d'épidémie ou d'épizootie de FVR [Soti <i>et al.</i> , 2012]. . . .	63

3.7	Dispersion des moustiques <i>Culex poicilipes</i> autour d'un gîte larvaire dans différents types de paysages simulés en zone sahélienne. Les isolignes (en rouge) représentent la densité de moustiques. La végétation est représentée en vert, les sols nus en jaune et l'eau en bleu [Lambin <i>et al.</i> , 2010].	65
3.8	Premières illustrations du modèle spatio-temporel sur paysage réel, Camargue, évoluant dans le temps [Cailly <i>et al.</i> , 2011]. Comparaison d'une sortie du modèle spatio-temporel agrégée dans l'espace sur l'ensemble de la zone (en bleu foncé) et dans les différents types de milieux qui évoluent dans le temps (roselières, marais et rizières).	66
3.9	Carte de l'indice de risque d'émergence du virus du Nil Occidental et résultats de séro-prévalence mesurée chez les pies et les chevaux [Tran <i>et al.</i> , prep].	67
3.10	Évolution du taux de reproduction de base (R_0) de la fièvre catarrhale ovine en Europe de l'Ouest. a) Moyenne calculée sur la période 1961-1999. b-f) Anomalies relatives de R_0 pour différentes décades [Guis <i>et al.</i> , 2012].	71
3.11	Les apports réciproques de la biologie et de la modélisation [Ezanno, 2010].	72
4.1	Nombre de publications par année selon les critères de recherche sous <i>IsiWeb of Knowledge</i> : remote sensing <i>vs</i> remote sensing AND (health OR epidem* OR disease OR virus).	74
4.2	Représentation graphique des déterminants paysagers de la transmission d'un pathogène. Les numéros font références aux propositions de l'article de Lambin <i>et al</i> (2010). Les compartiments et numéros en jaune correspondent aux points abordés dans le cadre de mes travaux de recherche.	75
4.3	Exemple de diagramme causal : facteurs pouvant expliquer l'émergence de virus Hendra en Australie. Source : [Plowright <i>et al.</i> , 2008].	78
4.4	Modèle conceptuel pour la compréhension et la prédiction des maladies vectorielles. La modélisation des composantes zoonotiques/écologiques requiert des modèles statistiques ('data models') pour faire le lien entre des données observées et les variables en entrée des modèles mécanistes ('process models'). Source : [LaDeau <i>et al.</i> , 2011].	79

Liste des tableaux

1	La fièvre de la Vallée du Rift	16
2	La fièvre du Nil Occidental	17
3	La fièvre catarrhale ovine	18
1.1	Exemples d'indicateurs paysagers "standards". Cas d'une étude sur la fièvre catarrhale ovine, Corse [Guis, 2007].	32
1.2	Exemples d'indicateurs paysagers définis à partir d'hypothèses écologiques (taille des imquettes : 350m x 350m). Cas d'une étude sur la fièvre de la Vallée du Rift, Sénégal [Soti, 2011, Soti <i>et al.</i> , 2013].	34
3.1	Mécanismes de transmission du virus du Nil Occidental entre les populations d'hôtes et de vecteurs et résultats pour la Camargue [Tran <i>et al.</i> , prep].	68

LISTE DES TABLEAUX

AVANT-PROPOS

Ce mémoire fait la synthèse de onze années de recherche (2002-2012) dans le domaine de la télédétection spatiale appliquée à l'épidémiologie des maladies humaines, zoonotiques et animales, thème pour lequel j'ai bénéficié d'une constance certaine au sein des différentes unités de recherche où j'ai travaillé. Après des études d'ingénieur en physique, avec une spécialisation en traitement du signal et de l'image mais sans aucune connaissance en biologie, en écologie ou en géographie, j'aimerais souligner ici que mon intérêt pour cette question résulte quelque peu d'une série de heureux hasards et de rencontres.

Venue en Guyane pour des raisons personnelles, j'ai d'abord travaillé comme ingénieur d'études au Laboratoire Régional de Télédétection de l'Institut de Recherche pour le Développement (IRD) à Cayenne, dans le cadre de contrats à durée déterminée sur des sujets comme l'évaluation d'une chaîne de traitement de données laser altimétriques ou la cartographie des zones humides à partir d'images hyperspectrales. C'est avec cette équipe dynamique, dirigée par Laurent Polidori, que j'ai découvert des applications concrètes de la télédétection en milieu tropical, le terrain, la recherche pour le développement, et le plaisir de travailler avec des chercheurs de différentes disciplines. J'ai aussi eu la chance d'arriver dans ce laboratoire au moment où des discussions initiées depuis quelques années entre des chercheurs de l'institut Pasteur de la Guyane et de l'IRD aboutissaient au démarrage d'un projet commun pour "défricher" le thème "Épidémiologie des maladies transmissibles et télédétection en Guyane"...et c'est véritablement là que "tout a commencé".

A l'institut Pasteur, tous mes collègues et en particulier Jacques Gardon, épidémiologiste, ont tout fait pour m'expliquer très simplement les bases de leurs disciplines (épidémiologie, entomologie, virologie : autant de mondes inconnus et passionnants à découvrir), de manière à ce que nous nous comprenions et que je puisse leur proposer des premiers indicateurs dérivés d'images de télédétection qui leur ont paru assez pertinents pour poursuivre la collaboration avec l'IRD, avec un nouveau projet sur la dengue. C'est à cette occasion que L. Polidori m'a très fortement encouragée à m'inscrire en thèse, ce qui était, définitivement, la chose à faire. Marcel Raffy, mon ancien professeur de télédétection de l'Université de Strasbourg, a accepté d'en prendre la direction, et y a apporté toute sa curiosité, son enthousiasme et évidemment son point de vue "maths appliquées". Vers la fin de ma thèse, le Centre de coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement (CIRAD) ouvrait un

poste d'"écologue spécialiste en télédétection" pour travailler sur l'application de la télédétection à l'étude des maladies animales, notamment au sein d'un projet européen intitulé "Emerging Diseases in a changing European eNvironment" (EDEN)... j'ai ainsi été recrutée en mai 2004 dans l'unité de recherche nouvellement créée "Épidémiologie et Écologie des Maladies Animales" dirigée par François Roger, unité qui deviendra plus tard "Animal et Gestion Intégrée des Risques" (AGIRs).

Depuis 2004, je bénéficie d'une situation particulièrement stimulante pour développer une recherche appliquée à l'interface entre sciences géomatiques et épidémiologie : faisant partie de l'unité AGIRs, principalement composée d'épidémiologistes et d'écologues, je suis accueillie à la Maison de la Télédétection à Montpellier dans l'unité Territoires Environnement Télédétection et Information Spatiale (TETIS) qui mène des recherches méthodologiques sur la maîtrise de l'information spatiale, depuis son acquisition jusqu'à son utilisation par les acteurs. J'ai ainsi pu, grâce à mes nombreux collègues de chacune des unités, continuer à apprendre énormément, et aborder sans jamais m'ennuyer de nouvelles questions de recherche - présentées dans ce mémoire - et ce, même si cette position intermédiaire s'accompagne aussi parfois de sérieux doutes !

Ce mémoire présente donc - après un *curriculum vitae* détaillé - différents résultats issus de ce cheminement à l'interface entre plusieurs disciplines, illustrant ma contribution à la compréhension des relations santé-environnement, et largement illustrés par les travaux des doctorants et étudiants que j'ai encadrés, notamment les travaux de thèse d'Hélène Guis, Valéria Soti et Priscilla Cailly. La liste complète de mes publications ainsi qu'une sélection de publications sont proposées à la fin du document.

CURRICULUM VITAE

ANNELISE TRAN

Nationalité	Française
Date de naissance	09/10/1976
Situation familiale	Vie maritale, 3 enfants
Adresse	Maison de la Télédétection 500, rue Jean-François Breton 34 398 Montpellier Cedex 5 France
Téléphone / fax	04.67.54.87.36 / 04.67.54.87.00
Adresse électronique	annelise.tran@cirad.fr

Formation

2004	Doctorat Sciences de la Terre et de l'Univers, Université Strasbourg 1
1999	Diplôme d'Ingénieur de l'Ecole Nationale Supérieure de Physique de Strasbourg Diplôme d'Etudes Approfondies "Photonique et Image", Université Strasbourg 1
1997	Licence de Physique, Université Strasbourg 1
1994 - 95	Classes préparatoires Math Sup et Math Spé, Toulouse

Compétences linguistiques

Anglais, allemand	Courant
Espagnol	Notions scolaires

Parcours professionnel

Depuis mai 2004	Chargée de recherche, Centre de coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement (CIRAD), unité "Animal et Gestion Intégrée des Risques". En accueil à l'UMR "Territoires, Environnement, Télédétection et Information Spatiale".
2000-2004	Ingénieur d'études, Laboratoire Régional de Télédétection, Institut de Recherche pour le Développement (IRD), Cayenne, Guyane.

Bilan de publications

28 Publications dans des revues internationales dont 6 en premier auteur, 13 en deuxième ou dernier auteur, 17 avec des étudiants encadrés.
29 communications à des colloques internationaux.
7 Chapitres d'ouvrage.

Projets de recherche

En cours

- 2012-2015 ASForce : Targeted research effort on African Swine fever. UE, FP7.
- 2012-2015 BioDivHealthSEA : Impacts et perceptions locales des changements globaux : santé, biodiversité et zoonoses en Asie du Sud-Est. ANR.
- 2012-2014 MoBoD : Indicative Precursors of Mosquito-borne Disease Outbreaks in Europe. Expertise pour le centre européen de contrôle et prévention des maladies (ECDC).
- 2012-2013 Mise en œuvre sur trois agglomérations d'un outil de prévision du risque épidémiologique induit par *Aedes albopictus* basé sur l'imagerie satellitaire. Expertise pour l'EID-Med.
- 2011-2013 ATP Emergence. Action Thématique Programmée du CIRAD.

2005-2012

- 2010-2012 Arbo-zoonet : International Network for Capacity Building for the Control of Emerging Viral Vector Borne Zoonotic Diseases. UE, FP7.
- 2010-2011 ITARIFT : Network for vector-borne infections surveillance. Italian Ministry of Health.
- 2008-2012 CERoPATH : Community ecology of rodents and their pathogens in South-East Asia : effects of biodiversity changes and implications in health ecology. ANR Programme Biodiversité.
- 2007-2011 GRIPAVI : Ecologie et épidémiologie de la grippe aviaire et de la maladie de Newcastle dans les pays du Sud. Ministère des Affaires Etrangères et Européennes, FSP.
- 2007-2011 CIRCE : Climate Change and Impact Research : the Mediterranean Environment. UE, FP6.
- 2008 – 2011 STAMP : Modélisation des paysages. ANR Programme Blanc.
- 2007- 2010 RIVERS : Resistance of Influenza Viruses in Environmental Reservoirs and Systems. UE, FP6.
- 2005 – 2010 EDEN : Emerging Diseases in a changing European environment. UE, FP6.

2000-2004

- 2002-2004 S2DENGUE : Surveillance spatiale de la dengue en Guyane. Ministère de la Recherche.
- 2000-2003 Epidémiologie des maladies transmissibles et télédétection en Guyane. UE, CPER.

Encadrement de doctorants

- 2010-2012 Appui méthodologique dans le cadre du doctorat de T. Amaral, dirigée par Matthew Hatvany, Univ. Laval, Québec, Canada. «Risk assessment of foot-and-mouth disease in the frontier between Brazil and Paraguay : A geographical approach».
- 2008-2011 **Co-encadrement de P. Cailly**, dirigée par P. Ezanno (INRA-ONIRIS), avec T. Balenghien (CIRAD). «Modélisation de la dynamique spatio-temporelle d'une population de moustiques, sources de nuisances et vecteurs d'agents pathogènes».
- 2008-2011 Appui méthodologique dans le cadre du doctorat de S. Desvaux, Univ. de Murdoch, Australie. «Epidemiology of the highly pathogenic avian influenza H5N1 in Northern Vietnam : applications for surveillance and control».
- 2007-2011 **Co-encadrement de V. Soti**, dirigée par A. Bégué (CIRAD) et J.F. Guégan (IRD). «Caractérisation des zones et périodes à risque de la Fièvre de la Vallée du Rift au Sénégal par télédétection et modélisation éco-épidémiologique».
- 2007-2011 Appui méthodologique et appui à la rédaction dans le cadre du doctorat de S. Abdo-Salem dirigé par E. Thiry, Univ. de Liège sur «L'épidémiologie de la fièvre de la vallée du Rift au Yémen et le risque de réintroduction à partir de la corne de l'Afrique».
- 2004-2007 **Co-encadrement de H. Guis**, dirigée par F. Mauny (Univ. de Franche-Comté) et S. de La Rocque (CIRAD). «Géomatique et épidémiologie : caractérisation des paysages favorables à *Culicoides imicola*, vecteur de la fièvre catarrhale ovine en Corse».

Encadrement de post-doctorants et stagiaires

- 2006-2012 3 post-doctorants dans le cadre des projets CERoPATH et CIRCE.
15 stages (M1, M2, fin d'études ingénieur).

Enseignement

- 2012 Formation professionnelle, CIRAD. Cours et TP : "Multispectral image analysis" (4j), "Analyse Multi-Critères et applications en épidémiologie" (3j).
- 2007-2012 Mastère "Systèmes d'Informations Localisées pour l'Aménagement des Territoires", Montpellier. Cours : "Extraction de l'information en télédétection : application de la télédétection à l'épidémiologie" (1h).
- 2005-2012 Master 2 Recherche "Biologie des Interactions Microbiennes et Parasitaires", Montpellier 2. Cours : "Epidémiologie spatiale" (3h).
- 2004-2012 Master 2 Professionnel "Surveillance épidémiologique des maladies humaines et animales", Ecole Vétérinaire d'Alfort, Universités Paris 11 et 12. Cours et TP : "Systèmes d'Information Géographique appliqués à l'épidémio-surveillance" (2 sem.).
- 2012 Master 1 Professionnel "Géomatique", Montpellier 3. Cours : "Télédétection et Epidémiologie" (3h).
- 2009-2011 Master of Public Health, Ecole des Hautes Etudes en Santé Publique. Cours : "Spatial aspects of health and environmental changes" (3h).
- 2011 Cursus ingénieur, SupAgro, Montpellier. Cours : "Télédétection et épidémiologie" (1h).
- 2009-2010 Master "Maladies Infectieuses, Vectorielles et Alimentaires : évolution, émergence, diffusion et contrôle", Université de Kasetsart, Thaïlande. Cours et TP : "Modeling of vectors and vector-borne diseases", "GIS : quantitative epidemiology and risk assessment" (1 sem.).
- 2006-2010 Master 2 Professionnel "Méthodes Statistiques des Industries Agronomiques, Agroalimentaires et Pharmaceutiques", Montpellier 2. Cours : "Introduction à l'épidémiologie spatiale" (3h).
- 2009 Université de Pretoria, Afrique du Sud. "Training in risk assessment, management and risk mapping" (1 sem.).
- 2007-2009 Cursus ingénieur, ENGREF-AgroParisTech. Suivi de micro-projets "Enjeux et méthodes de la géomatique et de l'information géographique" (3h).
- 2007-2008 Master "Production Animale en Régions Chaudes", Montpellier SupAgro. Cours et TP : "Traitement de l'information et Systèmes d'Information Géographique" (1 sem.).
- 2006-2008 Formation "Arthropodes vecteurs et santé humaine", Institut Pasteur. Cours et TD : "Epidémiologie spatiale" (4h).
- 2005 International Trypanotolerance Centre, Banjul, Gambie. Cours et TP : "Regional training course on GIS and GIS applications" (1 sem.).
- 2003 Licence d'Informatique, Université Antilles-Guyane. Cours et TP : "Imagerie numérique" (1j).
- 2002-2003 Ecole Supérieure des Géomètres Topographes, Le Mans. TP : "Télédétection et traitement d'image" (1 sem.).

Autres activités liées à la recherche

Référée d'articles	12 articles de 7 journaux scientifiques (Remote Sensing of Environment, Open Remote Sensing Journal, Sensors, International Journal of Health Geographics, International Journal of Environmental Research and Public Health, Infection Genetics and Evolutions, Vector-Borne and Zoonotic Diseases).
Jurys de thèse	<p>CHARRON M., « Modélisation de la propagation, de la persistance et du contrôle des arbovirus dans le temps et dans l'espace : application au sérotype 8 du virus de la fièvre catarrhale ovine en population bovine », Univ. Nantes-Angers, 2012 (Examinatrice).</p> <p>MOIROUX N., « Modélisation du risque de transmission du paludisme dans un contexte de lutte antivectorielle au Bénin », Univ. Montpellier 2, 2012 (Examinatrice).</p> <p>PRADIER S., « Circulation enzootique du virus West Nile en population équine : identification de facteurs de risque environnementaux en Camargue, France », Agro-Paris Tech, 2010 (Examinatrice).</p>
Comités de thèse	<p>CAROLAN K., « Evaluation des risques écologiques et environnementaux liés à l'occurrence de <i>Mycobacterium ulcerans</i> dans les écosystèmes aquatiques au Cameroun », Univ. Montpellier 2, thèse en cours.</p> <p>DUTTA B.L., « Spatio-temporal modelling of pathogen spread in a bovine metapopulation : Application to bovine viral diarrhoea virus (BVDV) », Univ. Angers, thèse en cours.</p> <p>PRIN T., « Rôle de l'hétérogénéité spatiale des ressources et du risque de prédation naturelle et humaine sur la distribution de la population de buffles de la réserve naturelle de Niassa, Mozambique », Univ. Lyon 1, thèse en cours.</p> <p>TEURLAI M., « Modélisation de la dynamique spatio-temporelle des maladies vectorielles de type dengue en relation avec le climat et l'environnement », Univ. Montpellier 2, thèse en cours.</p> <p>MIGUEL E., « Influence des pressions de prédation (naturelle et anthropique) et de parasitisme sur le risque épidémiologique à l'interface sauvage - domestique chez les herbivores d'Afrique australe », Univ. Montpellier 2, 2009-2012.</p>

CURRICULUM VITAE

- Comités de thèse L'AMBERT G., « Dynamique, traits d'histoire de vie et comportement trophique de *Culex pipiens* et *Culex modestus*, vecteurs potentiels du virus West Nile en Camargue », Univ. Montpellier 2, thèse en cours.
MACHAULT V., « Utilisation des données d'observation de la Terre par satellite pour l'évaluation et la prédiction des densités vectorielles et de la transmission du paludisme », Univ. Aix-Marseille, 2007-2010.
RACLOZ, V. « Surveillance of vector-borne diseases in cattle with special emphasis on bluetongue disease in Switzerland », Berne, Suisse, 2007.
- Organisation de séminaires Depuis 2012 : animation du groupe "Télédétection, Environnement, Santé humaine, animale et végétale", Maison de la Télédétection, Montpellier : organisation des réunions et de la programmation scientifique (groupe réunissant une dizaine de chercheurs et ingénieurs de différents organismes).
- Modératrice de la session « Leishmaniasis : Predicting the emergence of leishmaniasis in Europe and its territories » avec P. Ready dans le colloque « EDEN International Conference », Montpellier, 11-13 Mai 2010.
- Organisation d'un Atelier "Ecological studies of malaria vectors in Mediterranean countries" dans le cadre du projet EDEN, Montpellier 29 juin - 10 Juillet 2009.
- Organisation d'un Atelier sur la modélisation en épidémiologie et économie de la santé animale, Montpellier, 4-5 septembre 2007.

SYNTHÈSE DES TRAVAUX DE RECHERCHE

Introduction : positionnement des travaux

Ces dernières décennies ont été marquées par l'émergence de nombreuses maladies infectieuses humaines et animales, avec un important impact sur la santé publique et vétérinaire [Jones *et al.*, 2008, Morens *et al.*, 2004, Patz *et al.*, 2000]. La majorité des pathogènes responsables de ces émergences sont d'origine zoonotique (>60 %), et parmi ceux-ci, plus de 70 % ont pour réservoir une espèce animale appartenant à la faune sauvage [Jones *et al.*, 2008]. Par ailleurs, la part des maladies à transmission vectorielle parmi les maladies émergentes a significativement augmenté. Différents types de facteurs sont mis en cause dans ces émergences récentes, que ce soit des facteurs génétiques, biologiques, mais aussi environnementaux, climatiques, ou bien politiques, économiques, démographiques et sociétaux [Patz *et al.*, 2004].

Dans ce contexte, de nombreux travaux de recherche ont développé une approche écosystémique des maladies infectieuses vectorielles et zoonotiques, ou approche d'« écologie de la santé ». Ces travaux visent à mieux comprendre les mécanismes d'émergence, de maintien ou de diffusion de pathogènes en considérant le système hôte-vecteur-pathogène en lien avec l'environnement physique et humain (Figure 1). En particulier, l'étude des associations entre des facteurs environnementaux et les modalités de transmission d'un pathogène ainsi que la modélisation des dynamiques de populations et des systèmes épidémiologiques permettent d'aborder ces questions. De telles études ont été facilitées par le développement récent des capacités des systèmes d'Observation de la Terre (OT) et de positionnement, des Systèmes d'Information Géographique (SIG), ainsi que par l'augmentation de la puissance de calcul et de simulation des ordinateurs.

Les **techniques de télédétection**, par l'utilisation de capteurs embarqués à bord de plate-formes satellites ou aéroportées, offrent le potentiel de caractériser les conditions environnementales qui peuvent être favorables aux vecteurs ou aux hôtes d'un système épidémiologique. De ce fait, celles-ci ont été qualifiées dès les lancements des premiers satellites de « nouveaux yeux pour les épidémiologistes » [Cline, 1970]. Depuis, de nombreuses applications de ces techniques à l'épidémiologie ont été développées, essentiellement pour l'étude de

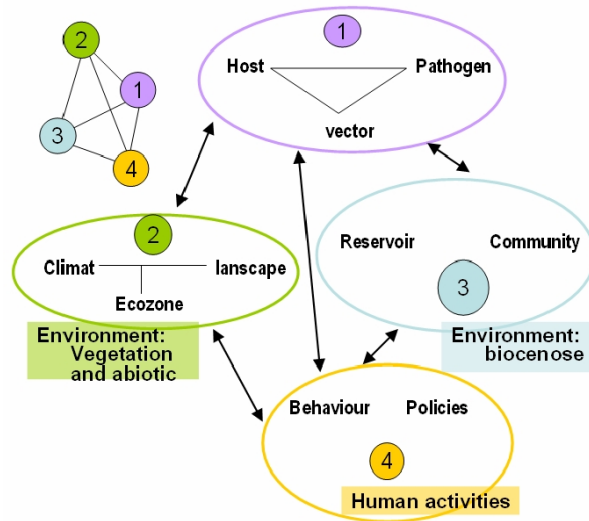


FIGURE 1 – Exemple de modèle conceptuel pour l'étude d'un système hôte-vecteur-pathogène, en lien avec l'environnement physique et humain [de La Rocque *et al.*, 2007].

maladies vectorielles ou zoonotiques, permettant d'en évaluer le potentiel (voir par exemple [Hay, 1997, Kitron, 1998, Beck *et al.*, 2000, Simoonga *et al.*, 2009, Machault *et al.*, 2011]) et les limites [Herbreteau *et al.*, 2007].

Les **Systèmes d'Information Géographique** facilitent l'intégration de ces données issues de la télédétection avec des données épidémiologiques ainsi que le calcul d'indicateurs dérivés (relatifs par exemple à des calculs de distance, de surface,...). L'analyse statistique des relations entre ces données pourra mettre en évidence des corrélations entre variables environnementales et variables épidémiologiques, permettant ainsi de mieux comprendre et éventuellement de quantifier les modalités de transmission d'un pathogène en fonction de conditions environnementales. Cette démarche d'analyse des patrons de transmission constitue l'« **épidémiologie paysagère** » [Galuzo, 1975, Reisen, 2010, Clements et Pfeiffer, 2009].

Enfin, les **travaux de modélisation en épidémiologie** permettant d'étudier les mécanismes de transmission d'un pathogène ont connu un développement important et récent, alors que des premiers modèles avaient été développés dès le début du XX^e siècle [Kermack et McKendrick, 1927]. En effet, l'augmentation de la puissance de simulation des ordinateurs a rendu possible ce développement, incluant la prise en compte d'effets aléatoires, de l'hétérogénéité spatiale des taux de contact ou la simulation de différents *scenarii* (liés par exemple à différentes stratégies de contrôle, ou au changement climatique) [Linard *et al.*, 2009].

Ces différents thèmes, qui ne sont pas indépendants, constituent le coeur de mes travaux et peuvent être organisés selon les questions de recherche suivantes :

- Quels indicateurs pertinents en épidémiologie peuvent être définis à partir d’images d’Observation de la Terre? Cette question fait l’objet de la **Partie 1** de ce mémoire.
- Peut-on décrire et quantifier les patrons de transmission d’un pathogène en fonction de caractéristiques environnementales par une approche analytique? La **Partie 2** aborde cette question par une démarche d’épidémiologie paysagère.
- Enfin, comment prendre en compte le paysage et la dynamique des conditions environnementales dans la modélisation des processus de transmission? Différents modèles mécanistes sont présentés dans la **Partie 3**.

Une discussion générale sur ces travaux et des perspectives de recherche, qui constitueront mon projet de recherche pour les années à venir, sont présentées dans la **Partie 4**. Les tables 1 à 3 ci-après présentent les caractéristiques des maladies principalement étudiées (fièvre de la Vallée du Rift, fièvre du Nil Occidental, fièvre catarrhale ovine).

INTRODUCTION

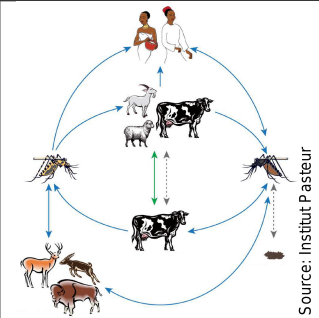

La fièvre de la Vallée du Rift (<i>Rift Valley fever</i>)	
L'agent pathogène	Le virus de la fièvre de la Vallée du Rift : genre <i>Phlebovirus</i> , famille des <i>Bunyaviridae</i>
Les hôtes sensibles	Hommes et ruminants domestiques et sauvages
Les vecteurs	De nombreuses espèces de moustiques appartenant aux genres <i>Aedes</i> , <i>Anopheles</i> , <i>Culex</i> , <i>Eretmapodites</i> et <i>Mansonia</i>
Les symptômes	Chez l'animal (incubation 1-6 jours) : forte fièvre, manque d'appétit, vomissements, diarrhées, arrêt de la production laitière pour les femelles et pour les femelles gravides la perte de leur progéniture. Taux de mortalité chez les animaux jeunes très élevé. Les avortements peuvent atteindre un taux de 85 % chez les bovins, 100 % chez les ovins et les caprins.
	Chez l'homme (incubation 2-6 j) : forme bénigne dans la majorité des cas caractérisée par une forte fièvre souvent accompagnée de maux de tête, de nausées, de vomissements durant 4-7 jours. Dans ses formes les plus sévères, la pathologie peut prendre une forme oculaire (0,5 à 2 % des cas), une forme méningo-encéphalite (< 1 %) ou une forme fièvre hémorragique (<1 %).
La transmission	<p>Par contact direct avec du sang ou des organes d'animaux infectés ; par piqûre d'un moustique infecté ; transmission verticale d'un moustique femelle à sa descendance.</p>  <p style="text-align: right; font-size: small;">Source: Institut Pasteur</p>
Environnements et distribution géographique	<p>Maladie avant tout rurale qui affecte essentiellement les zones arides et semi-arides du continent africain</p>  <p style="text-align: right; font-size: small;">[Soti, 2011]</p>
Divers	Maladie à déclaration obligatoire inscrite sur la liste des maladies de l'OIE (Organisation Mondiale de la Santé Animale). Vaccination pour les animaux.

TABLE 1 – La fièvre de la Vallée du Rift

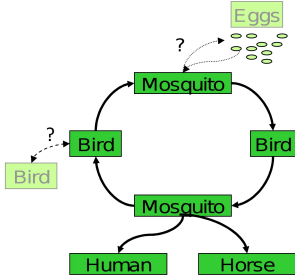

La fièvre du Nil Occidental (<i>West Nile fever</i>)	
L'agent pathogène	Le virus de la fièvre du Nil Occidental (<i>West Nile virus</i>) : genre <i>Flavivirus</i> , famille des <i>Flaviviridae</i>
Les hôtes sensibles	Les oiseaux, les chevaux et l'homme
Les vecteurs	De nombreuses espèces de moustiques appartenant principalement au genre <i>Culex</i>
Les symptômes	Chez l'homme l'infection est asymptomatique dans environ 80 % des cas. La fièvre du Nil occidental est caractérisée par de la fièvre, des céphalées, une asthénie, des douleurs, des nausées, des vomissements. Dans sa forme grave (<1 %), la fièvre du Nil occidental comporte troubles neurologiques graves pouvant entraîner la mort (céphalées, une forte fièvre, une raideur de la nuque, de la stupeur, une désorientation, le coma, des tremblements, des convulsions, une faiblesse musculaire et la paralysie). La durée d'incubation varie en général de 3 à 14 jours.
La transmission	<p>Principalement par piqûre d'un moustique infecté ; les hommes et les chevaux sont considérés comme des impasses parasitaires (la réplication virale dans le sang est insuffisante pour transmettre le virus à nouveau).</p> 
Environnements et distribution géographique	<p>Le virus du Nil Occidental est très largement répandu, en Afrique, en Europe, au Moyen-Orient, et en Amérique où il a été introduit en 1999, provoquant une épidémie de grande ampleur. Le virus a été détecté dans des zones humides, mais également dans des zones rurales sèches et en milieu urbain. En Europe, les épidémies dues au virus du Nil Occidental prennent de l'ampleur depuis l'été 2010, en particulier en Europe de l'Est.</p> 
Divers	Maladie à déclaration obligatoire inscrite sur la liste des maladies de l'OIE. Vaccin pour les chevaux.

TABLE 2 – La fièvre du Nil Occidental

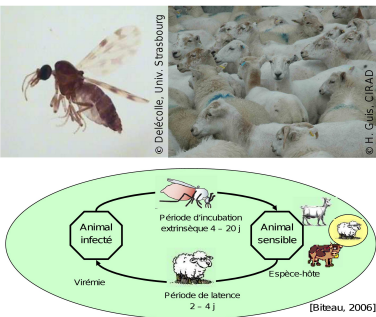
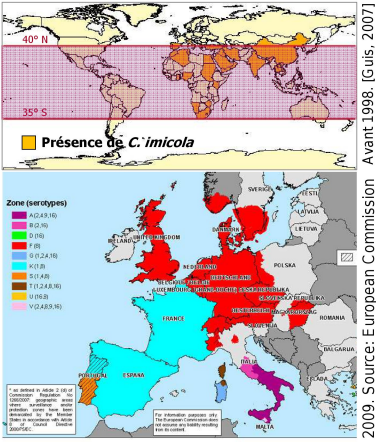
La fièvre catarrhale ovine / du mouton (<i>Bluetongue</i>)	
L'agent pathogène	Virus de la famille des <i>Reoviridae</i> . 24 sérotypes différents.
Les hôtes sensibles	Ruminants domestiques et sauvages
Les vecteurs	Un petit nombre d'espèces de moucheron piqueurs appartenant au genre <i>Culicoides</i>
Les symptômes	Les ovins sont les plus gravement touchés (perte de poids, mortalité entre 2 et 70 %). Chez les bovins la sévérité des signes cliniques varient en fonction de la souche virale.
La transmission	<p>Par piqûre d'un moucheron <i>Culicoides</i> infecté. A noter que les bovins infectés jouent un rôle important dans la persistance du virus dans une région, restant infectieux pendant plusieurs semaines sans présenter de signes cliniques ; par ailleurs ce sont souvent les hôtes préférés des insectes vecteurs.</p> 
Environnements et distribution géographique	<p>Jusqu'en 1998, la répartition de la fièvre catarrhale ovine a classiquement été décrite sur tous les continents comme comprise entre les latitudes 35S et 40N. Depuis, la maladie a émergé en Europe, provoquant de nombreuses épizooties.</p> 
Divers	Maladie à déclaration obligatoire inscrite sur la liste des maladies de l'OIE. Vaccination ciblée sur les souches virales présentes dans la zone concernée.

TABLE 3 – La fièvre catarrhale ovine

Partie 1

La télédétection : de « nouveaux yeux pour les épidémiologistes » ?

Dans cette première partie sont présentés le potentiel et les limites de la télédétection dans le domaine de l'épidémiologie, en détaillant comment des images d'Observation de la Terre (OT) sont utilisées pour définir des indicateurs pertinents pour la description de la distribution spatiale et temporelle des populations d'hôtes sensibles, de réservoirs sauvages ou de vecteurs de pathogènes. Cette démarche est illustrée par des exemples issus de mes travaux de recherche, ainsi que par quelques exemples d'applications les plus fréquemment rencontrés dans la littérature.

1.1 Caractérisation des populations d'hôtes sensibles

1.1.1 Estimation de densités de populations humaines

L'épidémiologie peut parfois être considérée comme une science des dénominateurs, puisqu'une bonne estimation de la population à risque est essentielle pour déterminer des indicateurs pertinents en santé publique. Ce sont généralement les données de recensement qui sont utilisées pour renseigner les valeurs de dénominateurs. Cependant, ces données ne sont pas toujours disponibles, pour différentes raisons : coût d'une campagne de recensement, taux de croissance démographique élevés, mouvements de populations, zones isolées, etc. Dans ce contexte, j'ai été amenée à utiliser des données de télédétection à haute résolution spatiale afin d'estimer des densités de populations humaines. La méthode développée est très simple et robuste, et a été testée sur différentes aggloméra-

tions en milieu tropical (Amazonie) [Tran *et al.*, 2002, Faure *et al.*, 2004] et en Europe [Viel et Tran, 2009].

La classification d'une image optique à haute résolution spatiale (par exemple des capteurs SPOT ou Landsat) est un processus classique qui permet de grouper en classes d'occupation du sol les pixels d'une image présentant des propriétés spectrales communes. En particulier, ce processus permet de différencier la classe « bâti » regroupant des zones avec des maisons, des immeubles ou des routes, de la classe « non bâti » (forêts, eau, zones agricoles, etc.) (Figures 1.1.a et 1.1.b). En faisant l'hypothèse que la population humaine est liée à la densité d'éléments « bâti », on peut définir un indice de densité de population, calculé en chaque point comme la proportion de surface de la classe « bâti » dans un rayon donné (distance liée à la taille d'un pâté de maisons, par exemple 200 mètres - Figure 1.1.c).

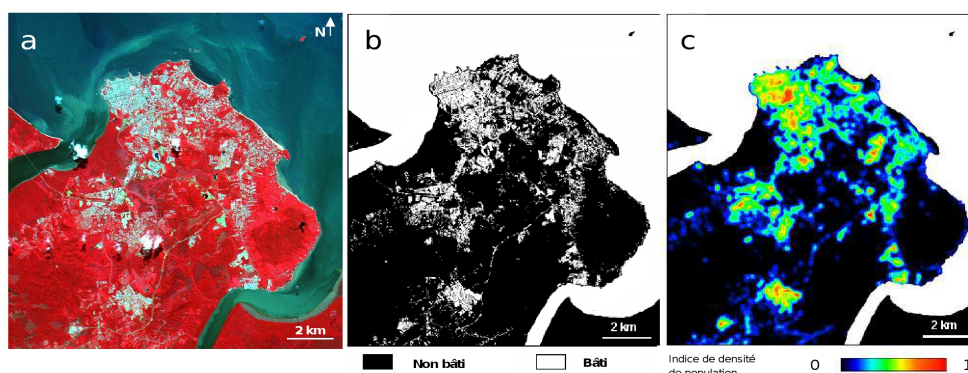


FIGURE 1.1 – Elaboration d'un indice de densité de population à partir d'une image SPOT, région de Cayenne, Guyane. a) Image SPOT-4, 02/07/2001 (Copyright CNES) b) Détection des zones bâties c) Indice de densité de population.

Pour différentes agglomérations d'Amazonie (Cayenne en Guyane, Bêlém au Brésil) et d'Europe (Besançon, France), cet indice s'est révélé être significativement corrélé aux données de recensement (Figure 1.2). D'autre part, les valeurs de taux d'incidence calculées à partir de cet indice étaient également concordantes avec les taux d'incidence observés (calculés avec les données de recensement comme dénominateur), démontrant l'intérêt de la méthode, qui ne doit pas se substituer aux données de recensement lorsqu'elles existent, mais qui offre la possibilité de cartographier rapidement l'incidence d'une maladie donnée.

1.1.2 Estimation de densités de populations animales

À notre connaissance, le potentiel de la télédétection pour l'estimation de densités de populations animales reste à explorer. Néanmoins, lors de travaux récents effectués dans le cadre de la thèse de T. Amaral sur le risque de fièvre

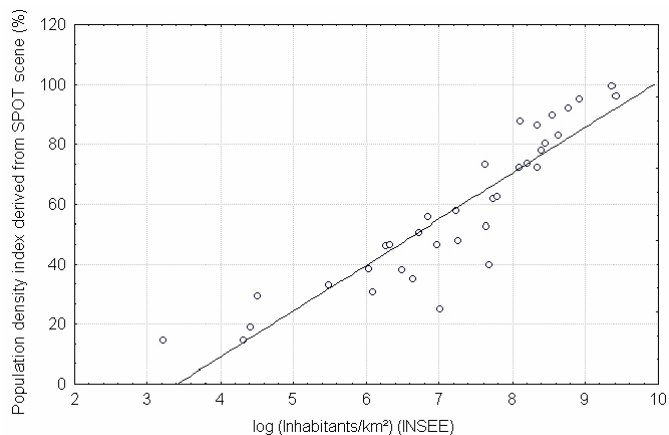


FIGURE 1.2 – Représentation bi-dimensionnelle du logarithme de la densité de population réelle (source : Institut National de la Statistiques et des Études Économiques) et d’un indice de densité de population dérivé d’une image SPOT, région de Cayenne, Guyane, 2001.

aphteuse au Brésil [Basso Amaral, 2012], nous avons montré que des données multispectrales pouvaient être utilisées pour cartographier la distribution des bovins dans une région d’élevage extensif à la frontière avec le Paraguay.

Dans un premier temps, nous avons mis en évidence une relation entre la densité d’animaux et la surface des pâturages déclarés par les éleveurs à partir des statistiques agricoles du gouvernement brésilien (Figure 1.3). Ces zones de pâturages ont ensuite été cartographiées à partir de données optiques multispectrales du capteur Landsat Thematic Mapper. Enfin, la relation statistique entre densité d’animaux et surface des pâturages a été appliquée sur cette carte afin de cartographier les densités d’animaux. Les effectifs totaux ainsi estimés sur trois régions d’études sont cohérents avec ceux déclarés par les éleveurs, démontrant ainsi le potentiel de cette méthode pour des zones pour lesquelles on ne dispose pas de statistiques agricoles.

1.2 Détection et caractérisation de l’habitat des vecteurs ou des réservoirs sauvages

1.2.1 L’occupation du sol

L’occupation du sol est généralement un facteur déterminant de la présence et l’abondance des vecteurs ou des réservoirs sauvages [Curran *et al.*, 2000]. Certains habitats peuvent constituer des sites de reproduction, de repos ou d’alimentation des espèces, ou bien au contraire être très défavorables à leur présence. Ainsi, il paraît important, pour caractériser la distribution des vecteurs ou des

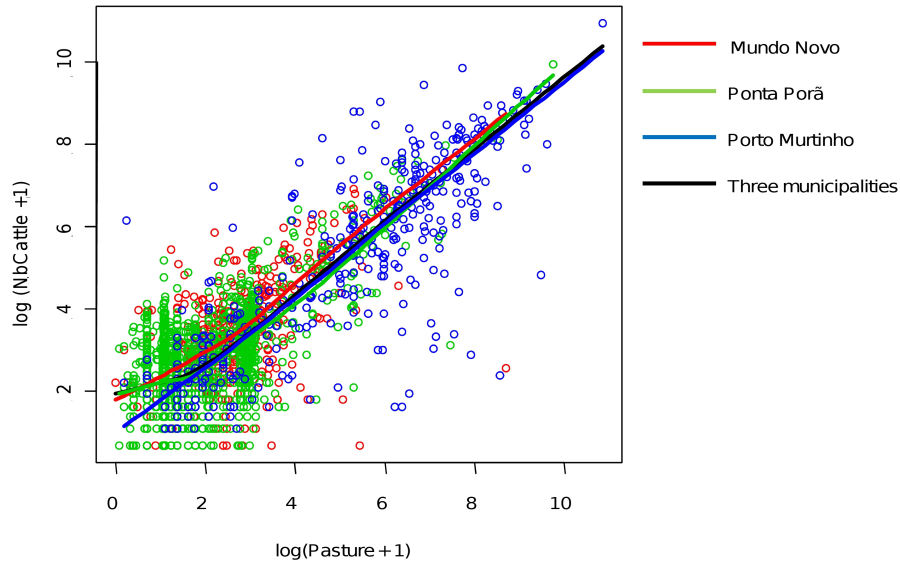


FIGURE 1.3 – Représentation bi-dimensionnelle du logarithme du nombre de bovins (NbCattle) et du logarithme de l’aire des pâturages (Pasture) estimée par la classification d’images Landsat ETM+, Brésil, 2010 [Basso Amaral, 2012].

réservoirs sauvages, d’être en mesure de cartographier l’occupation du sol, et ce, avec une typologie adaptée à l’espèce étudiée.

Cartographie de l’occupation du sol par télédétection

La télédétection optique est particulièrement adaptée à ce genre de problématique, et les méthodes de classification d’images multispectrales (processus qui consiste à grouper au sein d’une même classe les pixels de l’image ayant des propriétés spectrales, texturales ou contextuelles comparables) sont des méthodes classiques et opérationnelles. Plus récemment, les classifications dites orientées objets ont également démontré leur intérêt pour la classification d’images à très haute résolution spatiale. Dans ce type de classification, une étape de segmentation (définition de groupes de pixels homogènes - ou objets) est réalisée préalablement à l’étape de classification des objets ainsi délimités, classification qui peut s’effectuer sur des propriétés relatives à la taille et la forme des objets en sus de propriétés spectrales, texturales ou contextuelles.

Néanmoins, il faut souligner que pour que les cartes d’occupation du sol dérivées d’images de télédétection soient pertinentes pour l’étude et la cartographie des habitats des vecteurs ou réservoirs sauvages, il est important de définir, en amont de tout processus de classification, la résolution spatiale requise ainsi qu’une typologie adaptée. Ceci nécessite une collaboration étroite entre épidémiologistes et télédéTECTEURS, sans laquelle la télédéTECTION peut s’avérer un outil

peu adéquat pour répondre à des questions biologiques, malgré son fort potentiel [Herbreteau *et al.*, 2007].

Exemples d'applications

Cartographie des habitats des vecteurs et des réservoirs sauvages de la fièvre du Nil Occidental en Camargue et au Sénégal Dans le cadre du projet EDEN, des cartes d'occupation du sol ont été réalisées pour les différents sites d'étude (Camargue, France ; vallée du fleuve Sénégal) à partir d'imagerie Landsat, ceci afin de cartographier les habitats des oiseaux et des moustiques impliqués dans le cycle de transmission du virus du Nil Occidental [Tran *et al.*, 2007, Chevalier *et al.*, 2010].

En effet, l'analyse préliminaire des données d'occupation du sol existantes sur les zones d'étude a montré que la typologie des cartes d'occupation du sol disponibles n'étaient pas adaptées à la description fines des distributions des espèces vectrices et réservoirs du virus. Par exemple, les données d'occupation du sol Corine Land Cover (CLC) disponibles pour la Camargue, regroupent dans la même classe "Marais intérieurs" les différents types de marais d'intérêt, à dire d'experts, pour les moustiques et oiseaux : les roselières, les marais à scirpes et à joncs et les prairies à joncs inondées de manière temporaires (Figure 1.4).

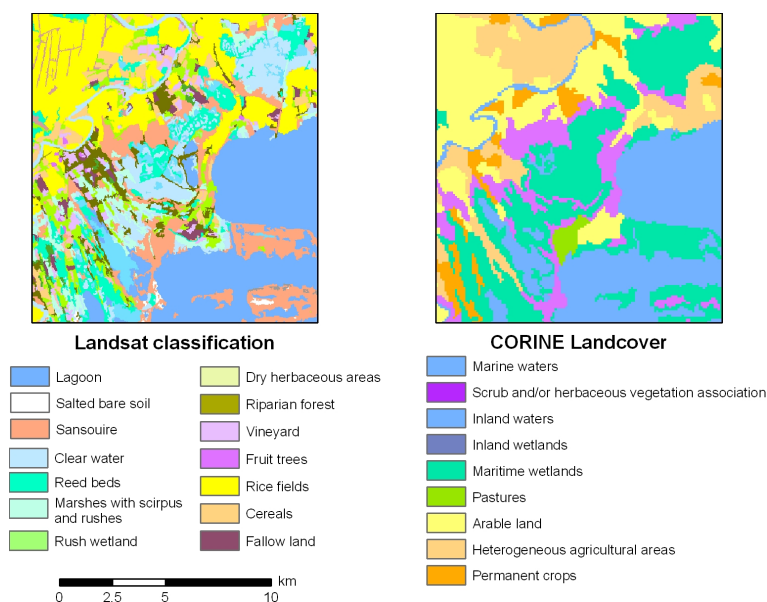


FIGURE 1.4 – Cartographie de l'occupation du sol (extraits). A gauche : Classification d'une image Landsat ETM+ (projet EDEN). A droite : Corine Land Cover (Source : The European Topic Centre on Terrestrial Environment : Corine land cover database).

Par ailleurs, la résolution spatiale de ce type de données (taille de pixel : 100 m x 100 m) est apparue trop grossière pour la caractérisation des habitats des moustiques. La définition de la typologie souhaitée a donc fait le fruit d'une concertation interdisciplinaire entre entomologistes, ornithologistes, botanistes et télédéTECTEURS afin d'élaborer une typologie adaptée au sujet d'étude, tout en prenant en compte les contraintes techniques liées au traitement des images (Figure 1.4).

Ces cartes d'occupation du sol ont par la suite été exploitées pour étudier les facteurs de risque associés à l'occurrence de la fièvre du Nil Occidental [Chevalier *et al.*, 2010], ainsi que pour caractériser dans le temps et dans l'espace les contacts entre réservoirs et vecteurs afin de tester différentes hypothèses de processus de transmission du virus (partie 3, §3.3).

Détection des changements : évolution des habitats de communautés de rongeurs en Asie du Sud-Est Dans le cadre du projet CERoPath, des cartes d'occupation du sol ont été élaborées pour les sept sites d'étude de trois pays (Thaïlande, Laos et Cambodge), et ce à des dates récentes (2007-2008) et plus anciennes (années 1980 et 1990), par imagerie SPOT [Dupuy *et al.*, 2012]. Une même méthode de classification orientée objet a été appliquée sur les différentes scènes SPOT, afin *i)* de cartographier l'occupation du sol sur les différents sites et *ii)* d'évaluer pour chaque site les changements d'occupation du sol, dans une région marquée ces dernières décennies par des taux de déforestation sans précédent [Achard *et al.*, 2002].

Cette étude a permis à la fois de quantifier les changements d'occupation du sol ainsi que de mettre en évidence différents profils de changements entre les sites (Figure 1.5). Les raisons de ces changements doivent être interprétés en fonction du contexte démographique, institutionnel et socio-économique pour chaque site. A terme, ces cartes seront utilisées pour l'étude de l'impact de changements environnementaux sur la biodiversité, prenant en exemple les communautés de rongeurs [Herbretreau *et al.*, 2006] et des pathogènes qu'ils transmettent [Ivanova *et al.*, 2012, Bordes *et al.*, 2013].

1.2.2 Les surfaces en eau

Parmi les différents types d'occupation du sol, les surfaces en eau (quelle que soit leur taille : lacs, mares temporaires ou permanentes, cours d'eau, ...) ont une importance particulière, car elles constituent un habitat critique pour de nombreuses espèces de réservoirs et de vecteurs. Leurs caractéristiques et leurs dynamiques déterminent donc souvent la distribution et l'abondance de vecteurs comme les moustiques, ou de réservoirs sauvages comme les oiseaux. Par ailleurs, l'eau peut également jouer le rôle de réservoir environnemental d'un pathogène, comme c'est par exemple le cas pour le virus de la grippe aviaire [Brown *et al.*, 2007]. Ainsi, les surfaces en eau constituent un élément du paysage crucial pour la transmission de nombreux pathogènes, qu'il paraît important de pouvoir cartographier et de caractériser.

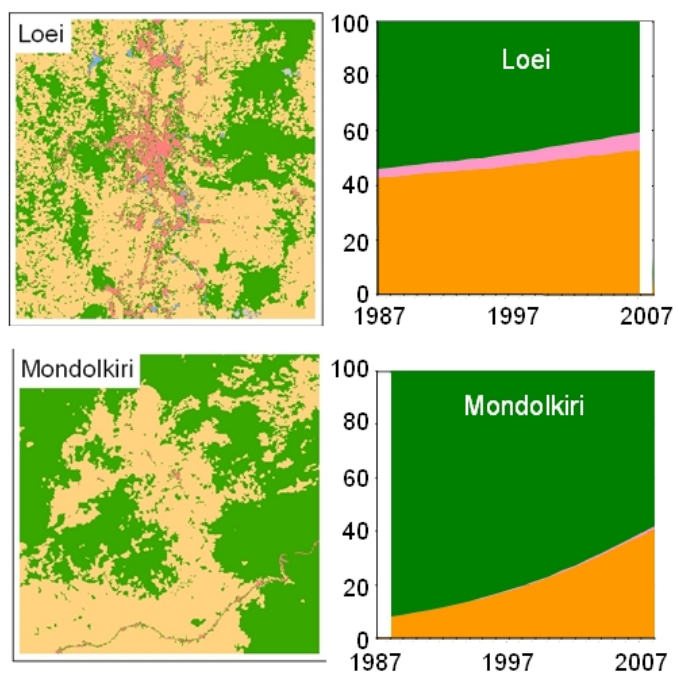


FIGURE 1.5 – Changements d’occupation du sol sur les sites de Loei, Thaïlande, et Mondolkiri, Cambodge. Sur les cartes et les graphiques les forêts, les zones de cultures et les zones urbanisées sont représentées en vert, orangé et rose, respectivement. A gauche : carte d’occupation des sols à la date la plus récente. A droite : évolution de la répartition des types d’occupation du sol entre 1987 et 2008 [Dupuy *et al.*, 2012].

Cartographie des zones en eau par télédétection

Parce que les zones en eau ont une réponse spectrale particulière, il est possible de les détecter et de les cartographier par télédétection et la littérature scientifique à ce sujet est riche. En effet, en fonction du type de surfaces en eau que l'on souhaite détecter, différents capteurs et méthodes peuvent être utilisés. Dans le cadre de différents projets (thèse de V. Soti, projet EDEN, projet RIVERS), nous avons prêté une attention particulière aux différentes méthodes de détection des surfaces en eau par télédétection [Tran *et al.*, 2010a] et évalué ces méthodes dans le contexte des zones semi-arides [Soti *et al.*, 2009], préalablement à une utilisation en épidémiologie.

Les surfaces d'eau libre. Dans le domaine du visible et de l'infrarouge, l'eau est caractérisée par une forte réflectance dans le bleu, qui diminue rapidement dans les longueurs d'onde visible, jusqu'à de très faibles valeurs dans l'infrarouge. En exploitant les propriétés de cette signature spectrale particulière, différents indices ont été développés pour détecter les surfaces en eau, exploitant en particulier les longueurs d'onde du proche infrarouge, du moyen infrarouge et du vert [Work et Gilmer, 1976, White, 1978, McFeeters, 1996, Gao, 1996, Xu, 2006, Lacaux *et al.*, 2007].

Parmi ceux-ci, nous avons montré que le MNDWI (Modified Normalized Difference Water Index) [Xu, 2006] était l'indice le plus approprié pour discriminer les surfaces en eau libre en zone aride [Soti *et al.*, 2009]. D'autre part, l'analyse effectuée sur l'effet de la résolution spatiale sur la taille des surfaces en eau détectées permet d'effectuer des recommandations pour le choix des capteurs en fonction du choix de la surface minimale en eau à détecter [Soti *et al.*, 2009].

Par ailleurs, les capteurs radars à synthèse d'ouverture (Synthetic Aperture Radar : SAR) peuvent également détecter l'eau libre avec efficacité, en utilisant la configuration appropriée en termes d'angle d'incidence et de polarisation [Smith, 1997, Baghdadi *et al.*, 2007].

Les zones inondées. La détection automatique de surfaces inondées avec végétation, comme les rizières, les marais ou les forêts inondées, peut s'avérer difficile par télédétection optique, dès lors que la végétation masque la surface en eau. Les méthodes reposent en général sur l'analyse de séries temporelles d'images d'indices de végétation et d'indices d'eau, comme par exemple pour l'extraction des zones de riziculture [Xiao *et al.*, 2005, Sakamoto *et al.*, 2007].

En revanche, la télédétection radar présente un fort potentiel pour la détection de surfaces inondées couvertes de végétation. En effet, en raison d'une double réflexion du signal radar sur l'eau, puis sur les tiges ou les troncs de la végétation, le coefficient de rétrodiffusion mesuré par les capteurs radar sur les zones de végétation inondées est très élevé, permettant de les discriminer aisément des autres types de couverts [Baghdadi *et al.*, 2001].

Exemples d'applications

Un exemple à l'échelle locale : Détection et caractérisation de mares temporaires, région du Ferlo, Sénégal. Dans le cadre des travaux effectués sur la fièvre de la Vallée du Rift (FVR) au Sénégal (thèse de V. Soti, projet EDEN), nous avons utilisé des données à très haute résolution spatiale (Quickbird : taille de pixel 2,4 m x 2,4 m) pour cartographier l'ensemble des mares temporaires d'une zone d'étude de 11 km x 10 km, à leur maximum de remplissage (Figure 1.6).

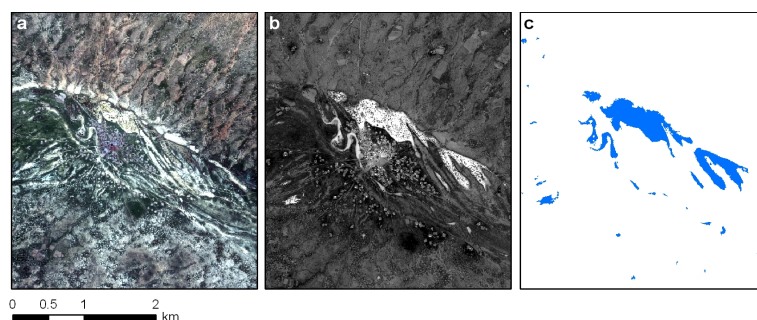


FIGURE 1.6 – Cartographie des mares temporaires, région du Ferlo, Sénégal. a) Image Quickbird, 04/08/2005 (Copyright DigitalGlobe) b) Image d'un indice de l'eau (MNDWI) calculé à partir des bandes spectrales acquises dans le vert et le moyen-infrarouge c) Carte des mares obtenue par seuillage du MNDWI.

Ces mares, qui connaissent d'importantes fluctuations de niveau d'eau au cours de la saison des pluies (juillet-octobre), constituent en effet à la fois une ressource en eau importante pour une population humaine tournée presque exclusivement vers l'élevage extensif, ainsi que les gîtes larvaires des deux espèces de moustiques vectrices de la FVR au Sénégal, *Aedes vexans arabiensis* et *Culex poicilipes* [Soti, 2011].

Les caractéristiques de ces mares (surface, couverture végétale dans et autour de la mare) seront ensuite mises en relation avec les valeurs d'incidence sérologique mesurée à proximité de ces mares (Partie 2, §2.1.2), et également utilisées pour renseigner un modèle de dynamique de population de *Aedes vexans arabiensis* et *Culex poicilipes*, modèle présenté dans la partie 3 (§3.1.1).

Un exemple à l'échelle régionale : Cartographie et caractérisation des surfaces en eau et des rizières en Asie du Sud-Est. Dans le cadre d'une étude sur le rôle de l'environnement dans l'épidémiologie de la grippe aviaire H₅N₁ [Desvaux, 2011], nous avons utilisé cette fois des données optiques à moyenne résolution spatiale (MODIS : taille de pixel 500 m x 500 m, résolution temporelle : 8 jours) pour cartographier *i*) les surfaces en eau et la durée annuelle d'inondation et *ii*) les zones de riziculture selon le nombre de récoltes par an (une ou deux), en appliquant la méthode de détection des rizières proposée

par [Xiao *et al.*, 2005]. La période d'étude concernait les années 2005 et 2007, correspondant aux dernières vagues épidémiques causées par le virus H₅N₁ dans les élevages avicoles dans le Nord Viêt Nam.

A l'échelle de la commune, ces variables calculées à partir de données de télédétection se sont avérées être significativement corrélées à l'occurrence de foyers de grippe aviaire à H₅N₁ [Desvaux, 2011], soulignant le rôle de l'eau dans l'occurrence de la grippe aviaire dans cette région. La même méthodologie a été appliquée au Cambodge dans le cadre du projet RIVERS (Figure 1.7).

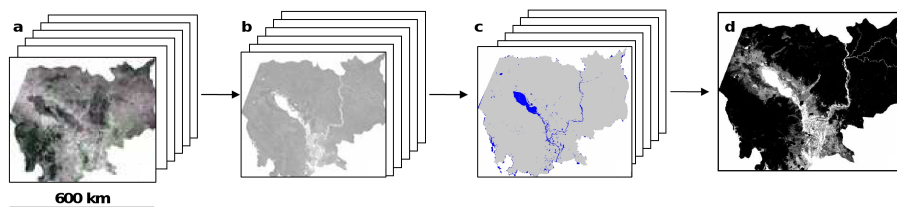


FIGURE 1.7 – Cartographie des durées d'inondation, Cambodge. a) Série temporelle d'images MODIS b) Série d'images d'un indice de l'eau (MNDWI) c) Série d'images des zones en eau obtenues par seuillage du MNDWI d) Carte des durées d'inondation estimées (en noir : faibles durées d'inondation ; blanc : fortes durées d'inondation).

Un exemple à l'échelle continentale : Cartographie des grandes zones humides en Afrique.

Dans le cadre d'une étude sur les variables écologiques associées à l'infection par les virus de grippe aviaire dans les communautés d'oiseaux sauvages en Afrique [Gaidet *et al.*, 2012], nous avons utilisé les mêmes données MODIS pour cartographier, aux dates correspondantes aux comptages et prélèvements d'oiseaux sauvages effectués sur le terrain, la surface des grandes zones humides pour 16 sites d'études de 15 pays africains (Figure 1.8).

Cette estimation par télédétection de la surface inondée de ces grandes zones humides (très variables entre les sites et les périodes, entre 1 et 2000 km²) a permis de calculer la densité des populations d'oiseaux. Cette densité s'est avérée être positivement corrélée à la prévalence mesurée dans les communautés d'oiseaux [Gaidet *et al.*, 2012].

Ces différents exemples illustrent le fort potentiel des données d'observation de la Terre pour détecter et cartographier les surfaces d'eau libre et les zones inondées, à différentes échelles spatiales et dans différents contextes géographiques. En revanche, une revue de la littérature sur les capacités de caractérisation des propriétés de l'eau comme la température, la salinité, le pH, la turbidité et la profondeur, met en évidence les limites actuelles de la télédétection pour de telles applications, alors que ces propriétés pourraient être d'importance dans le cadre d'études sur la grippe aviaire et notamment sur

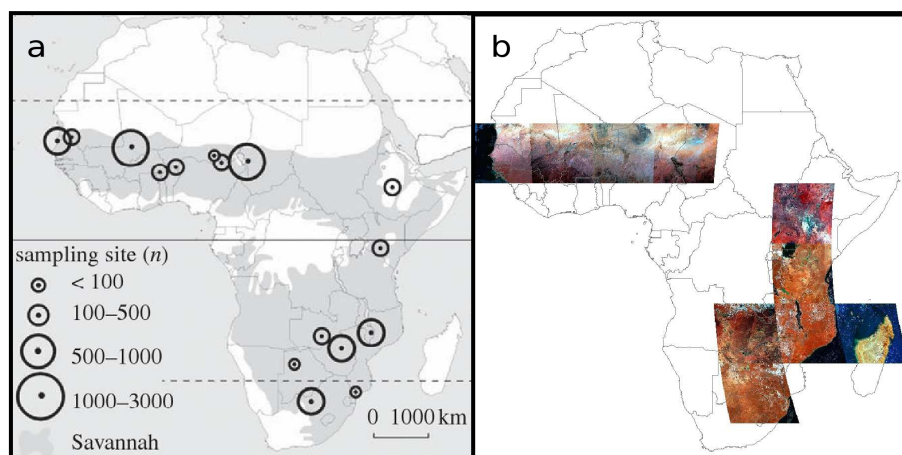


FIGURE 1.8 – Cartographie des surfaces en eau à une échelle continentale. a) Localisation des différents sites de prélèvements d'oiseaux sauvages [Gaidet *et al.*, 2012] b) Aperçu des images MODIS utilisées.

la survie des virus aviaires dans l'environnement [Tran *et al.*, 2010a]. Ces différentes études soulignent ainsi la nécessité d'une bonne connaissance à la fois du potentiel et des limites de la télédétection, ceci afin d'identifier et mettre en œuvre les méthodes adaptées à la mise au point d'indicateurs pertinents pour les systèmes épidémiologiques étudiés.

1.2.3 Définition d'indices paysagers

L'hypothèse sous-jacente à l'utilisation de la télédétection pour décrire la structuration des populations dans l'espace est que la présence et l'abondance de ces populations à un endroit donné (le site de piégeage ou d'observation) dépend de la présence d'habitats favorables ou hostiles (pouvant être détectés par télédétection), en ce lieu ou dans un voisinage proche. Ainsi, pour tester et quantifier le lien entre environnement et distribution des populations, il est nécessaire de caractériser ce "voisinage" par la définition d'indices paysagers. Ces derniers sont le plus souvent dérivés de calculs simples de superficies (*e.g.* la proportion de différents types d'occupation du sol dans un rayon donné [Beck *et al.*, 1994]) ou de distances (*e.g.* distance aux zones en eau [Rejmankova *et al.*, 1995]). A noter que les fonctionnalités des SIG facilitent grandement ce genre de calculs.

Néanmoins, si la distribution des populations de réservoirs sauvages et des vecteurs dans l'espace dépend de l'existence d'habitats favorables, elle peut aussi dépendre de la taille, de la forme de ces habitats, ainsi que de leur organisation spatiale [Turner, 2005]. Pour caractériser cette structuration des habitats, des indices paysagers peuvent être définis pour refléter l'importance des écotones, la diversité des habitats, leur fragmentation, leur connectivité, etc

[McGarigal *et al.*, 2002]. De tels indices sont couramment utilisés en écologie paysagère, par exemple dans le domaine de la conservation de la faune sauvage [Schadt *et al.*, 2002, Rodewald et Vitz, 2005]. Leur utilisation est plus récente en épidémiologie, avec des travaux démontrant leur intérêt pour refléter les relations complexes entre hôtes, vecteurs et réservoirs sauvages [Estrada-Pena, 2002, Allan *et al.*, 2003, Graham *et al.*, 2004, Pradier *et al.*, 2008].

Exemples

Utilisation d'indices paysagers "standards" pour caractériser les paysages et leur évolution. Les méthodes pour décrire de manière quantitative des motifs paysagers sont nombreuses (*e.g.* [O'Neill *et al.*, 1988, Turner, 1990, Baker et Cai, 1992, McGarigal, 2002, McGarigal *et al.*, 2002]), ce qui se traduit par l'existence de plusieurs centaines de métriques pour caractériser la géométrie et les propriétés spatiales des entités (patches) qui composent un paysage, à partir d'une carte d'occupation du sol. Ces métriques peuvent être classées en différentes familles, selon le type de motif paysager que l'on cherche à mesurer [McGarigal *et al.*, 2002] :

- Aire/densité/frontières : mesures relatives à la surface des patches, leur périmètre, leur densité ;
- Forme : mesures de la complexité de la forme des patches (simple et compacte ou bien au contraire irrégulière et tortueuse) ;
- Noyau : mesures relatives au noyau d'un patch, c'est-à-dire la surface intérieure du patch après avoir retiré une certaine taille de bordure, cette taille devant être définie par l'utilisateur en fonction du phénomène étudié ;
- Isolation/proximité : ces mesures reflètent la tendance des patches à être isolés (distants) de patches de classes d'occupation du sol similaires ;
- Contraste : mesures relatives à la différence de type de patches entre patches voisins ;
- Contagion/interspersion : la "contagion" mesure la tendance des patches d'un type d'occupation du sol à être spatialement agrégés ; au contraire, "l'interspersion" mesure à quel point des patches de différents types sont mélangés ;
- Connectivité : mesures relatives à la mesure de connexions fonctionnelles entre patches d'un même type ;
- Diversité : mesures relatives à la richesse (nombre de types de patches différents), la dominance d'un type de patch par rapport aux autres, ou au contraire une égale représentation de chaque classe ("evenness"), ou une combinaison de ces deux types de mesures par des indices dérivés de l'écologie des communautés comme l'indice de Shannon ou de Simpson [Shannon, 1948, Simpson, 1949].

D'autre part, ces différents indices peuvent être calculés à l'échelle du patch, de la classe ou bien du paysage... Afin de décider quelle métrique choisir parmi le nombre de métriques possibles (souvent corrélées entre elles), l'échelle et éventuellement les paramètres de calcul, l'utilisateur doit être en mesure en amont *i)* de bien comprendre le calcul de l'indice ainsi que son interprétation et *ii)*

d'identifier si cet indice a du sens, d'un point de vue écologique, pour le phénomène étudié.

Ainsi, dans le cadre de nos travaux sur les déterminants environnementaux de la distribution de vecteurs ou de réservoirs, nous avons été amenés à utiliser de tels indices pour l'étude de la fièvre catarrhale ovine, en utilisant comme critère de choix 1) la signification d'un point de vue écologique 2) la simplicité et 3) la diversité (un indice par famille) [Guis, 2007]. Une illustration de tels indices, qui seront mis en relation avec des données épidémiologiques et entomologiques dans la partie 2, est donnée dans le Tableau 1.1. Le choix de ces indices "standards" était justifié du fait du manque de connaissances (et donc d'hypothèses écologiques *a priori*) sur les caractéristiques environnementales pouvant déterminer la présence du vecteur de la maladie *Culicoides imicola*. D'autres indices paysagers peuvent être définis, en fonction des connaissances et des hypothèses sur le système épidémiologique étudié (voir l'exemple ci-après).

Enfin, il faut souligner que la description de l'évolution d'indices paysagers est révélatrice de l'évolution des paysages en terme de composition et de structure, comme par exemple celle des différents sites du projet CERoPATH présentés précédemment (§1.2.1) (Figure 1.9).

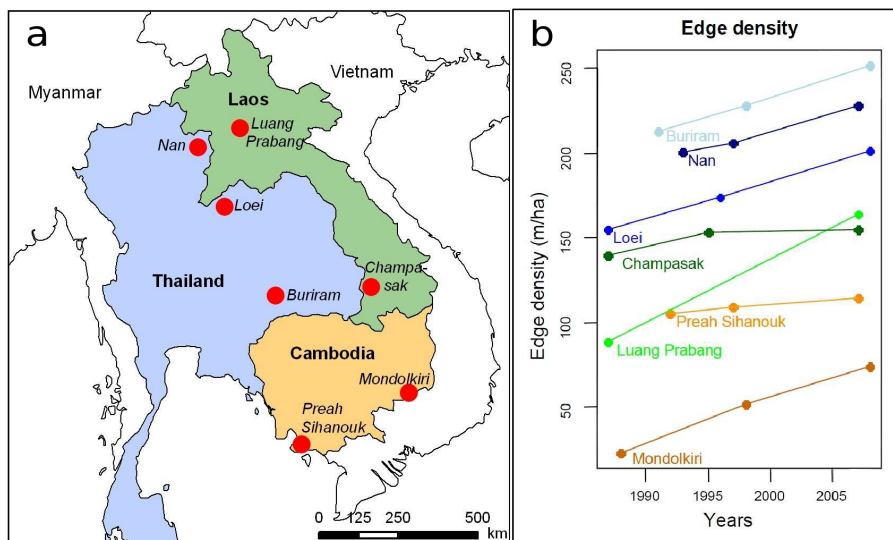


FIGURE 1.9 – Evolution de l'indice paysager de densité de frontières (edge density) sur sept sites d'Asie du Sud-Est entre 1987 et 2008 (projet CERoPaTH). a) Localisation des sites d'étude b) Evolution de l'indice "edge density" calculé à partir d'images SPOT acquises à trois dates différentes [Dupuy *et al.*, 2012].

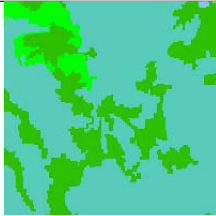
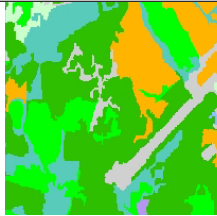
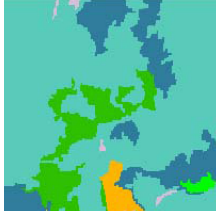
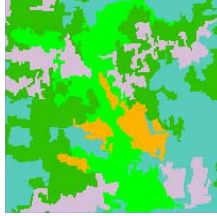
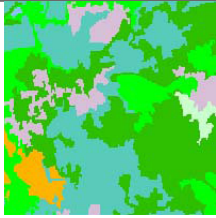

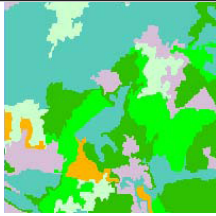
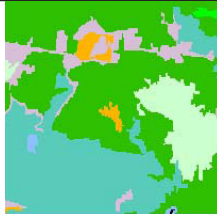
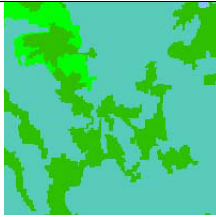
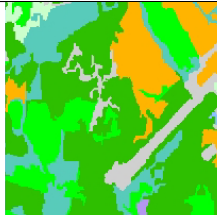
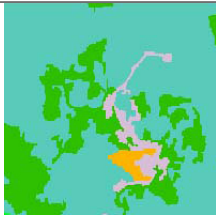
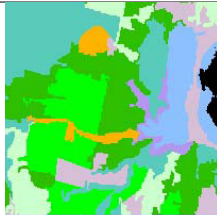
Nom	Définition	Image de la zone avec la valeur :	
		la plus faible	la plus forte
Densité d'entités (Patch density)	Nombre d'entités (tous types confondus) divisé par la surface		
Indice de forme de paysage (Landscape Shape Index)	Longueur totale de frontière (bordure) divisée par la longueur minimale de frontière entre classes		
Distance euclidienne moyenne au plus proche voisin	Distance moyenne à l'entité la plus proche de même type		
Indice de connectivité	Nombre de liens entre entités de même type dans un rayon défini, divisé par le nombre total de liens du même type		
Densité de richesse des entités (Patch richness density)	Nombre de types différents d'entités présents divisé par la surface		
Indice de diversité de Simpson	SIDI vaut 1 moins la somme des proportions de chaque type d'entité élevées au carré (probabilité que 2 pixels pris au hasard soient de type différent)		

TABLE 1.1 – Exemples d'indicateurs paysagers "standards". Cas d'une étude sur la fièvre catarrhale ovine, Corse [Guis, 2007].

Définition de nouveaux indices paysagers en fonction d'hypothèses écologiques. Dans le cadre des travaux effectués sur la FVR évoqués précédemment (§1.2.2), nous avons défini des indices paysagers à l'échelle de la mare, et ceci en fonction de résultats sur les facteurs de risque de la transmission du virus de la FVR connus ainsi que de connaissances sur l'écologie des vecteurs, les moustiques *Ae. vexans arabiensis* et *Cx. poicilipes*. En effet, les études précédentes sur la FVR dans la région de Barkédji, Ferlo, Sénégal, avaient démontré que l'incidence sérologique mesurée dans les troupeaux de petits ruminants était plus élevée à proximité des petites mares situées dans le lit principal de l'ancien fleuve Ferlo [Chevalier *et al.*, 2005]. Afin de caractériser plus finement et selon des hypothèses écologiques sur les contacts hôtes / vecteurs les facteurs de risque de la FVR dans cette zone, nous avons utilisé une image multispectrale à très haute résolution spatiale (Quickbird, taille de pixel : 2,4 m x 2,4 m) pour *i*) cartographier l'occupation du sol et *ii*) calculer des indices paysagers susceptibles de révéler des conditions favorables à la prolifération des moustiques et à leur dispersion autour de leur gîtes larvaires (les mares). Un résumé de ces différents indices est présenté dans la Table 1.2. Ils seront mis en relation avec des données épidémiologiques dans la partie 2 (§2.1.2).

1.3 Indicateurs météorologiques

Les conditions de température, de pluviométrie ou d'humidité sont autant de facteurs influençant la distribution et la dynamique de populations de nombreuses espèces, notamment d'insectes. Sur de courtes échelles de temps, les conditions **météorologiques** peuvent avoir un impact sur la dynamique des populations et leur distribution à une échelle locale. Sur de plus longues échelles de temps, les caractéristiques **climatiques** déterminent la distribution globale des espèces, définissant ainsi leur niche climatique. Ces dernières nécessitent des observations sur plusieurs décennies (au minimum trente ans) et ne peuvent donc pas être estimées par les capteurs d'observation de la Terre dont l'utilisation reste relativement récente. En revanche, des indicateurs issus de la télédétection sont utilisés dans le cadre d'études épidémiologiques, principalement des indicateurs de température et de pluviométrie (*e.g.* [Linthicum *et al.*, 1999, Lobitz *et al.*, 2000]).

1.3.1 Indicateurs de température

Les températures de surfaces aquatiques et terrestres peuvent être estimées à partir d'images acquises dans l'infrarouge thermique [Anding et Kauth, 1970, Reinart et Reinhold, 2008, Prata, 1993, Crosson *et al.*, 2012]. Cependant, la principale limite à leur utilisation est liée au compromis entre résolution spatiale et résolution temporelle de ces images : afin d'obtenir des données avec une résolution temporelle suffisante (*e.g.* données journalières), les capteurs thermiques ont une plus faible résolution spatiale (largeur de pixel de plusieurs centaines de mètres à plusieurs kms).

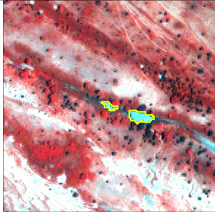
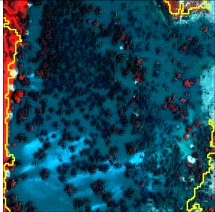
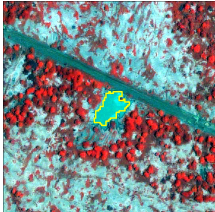
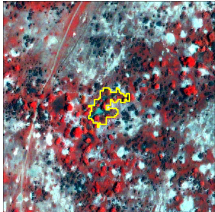
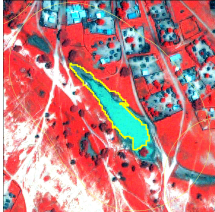
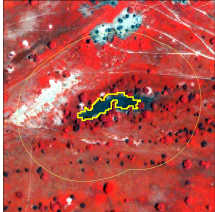
Nom	Définition / Hypothèse	Image de la zone avec la plus faible valeur	Image de la zone avec la plus forte valeur
Surface en eau	Surface de la mare / Le risque de FVR est plus élevé à proximité de petites mares [Chevalier <i>et al.</i> , 2005]	 75 m ²	 363 525 m ²
Indice de couverture végétale aquatique	Surface de la mare couverte par la végétation divisée par la surface totale de la mare / Les mares riches en végétation constituent des habitats favorables aux moustiques [Clements, 1999, Clements, 2000]	 0	 0.96
Indice de densité de végétation calculé dans un buffer de 100 m	Surface de végétation dense dans une zone tampon autour de la mare de 100 m divisée par la surface de végétation ouverte / Le couvert végétal favorise la dispersion des moustiques [Clements, 1999]	 0,08	 1,3

TABLE 1.2 – Exemples d’indicateurs paysagers définis à partir d’hypothèses écologiques (taille des imagerie : 350m x 350m). Cas d’une étude sur la fièvre de la Vallée du Rift, Sénégal [Soti, 2011, Soti *et al.*, 2013].

De ce fait, les estimations de températures terrestres, obtenues sur des pixels mixtes (incluant différents types d'occupation du sol), sont moins précises que les estimations de températures de la mer. Sur la terre, ces estimations par satellite sont donc généralement utilisés seulement lorsque les données météorologiques acquises par des stations au sol sont indisponibles, ou pour une caractérisation relative des variations de température sur de larges régions géographiques (*e.g.* [Malone *et al.*, 1994, Estrada-Pena, 1999]).

Sur la mer, les indicateurs de températures de surface par satellite fournissent une information précieuse permettant par exemple de caractériser des températures de l'eau favorables à des concentrations importantes de plancton, réservoir du bacille du choléra [Lobitz *et al.*, 2000] ou des anomalies de températures associées au phénomène *El Niño*, pouvant se traduire par des surplus pluviométriques favorables à la prolifération des moustiques [Linthicum *et al.*, 1999].

1.3.2 Indicateurs de pluviométrie

Les méthodes d'estimation des précipitations par satellite se basent sur les observations suivantes : *i*) les nuages produisent d'autant plus de précipitations qu'ils apparaissent plus brillants et que leurs sommets sont hauts donc froids, et *ii*) les nuages qui se dissipent produisent peu de précipitations. Ces méthodes utilisent donc généralement des données infrarouge thermique et micro-onde et nécessitent des données de calibration [Djama, 2010].

Utilisation du Normalized Difference Vegetation Index. L'indice de végétation à différence normalisée (Normalized Difference Vegetation Index - NDVI) est largement utilisé comme indice de pluviométrie dans de nombreuses études santé/environnement [Ward *et al.*, 2005, Anyamba *et al.*, 2009]. En effet, cet indice, calculé à partir des valeurs de réflectances mesurées dans le rouge et le proche infrarouge, est sensible à l'activité chlorophyllienne de la végétation, qui peut être elle même liée à la pluviométrie, en particulier en zone aride : dans ces régions, un évènement pluvieux est aussitôt suivi d'une réponse de la végétation.

Par exemple, dans le cadre des travaux réalisés sur la fièvre de la Vallée du Rift au Sénégal, nous avons montré que le NDVI était corrélé à la hauteur des mares étudiées (Figure 1.10). Par ailleurs, considérant cet indice de végétation comme un indicateur de conditions humides favorables à la prolifération d'insectes vecteurs, le NDVI peut être plus pertinent que la pluviométrie seule, dans des régions arides où la dynamique hydrologique est essentiellement due au ruissellement, comme par exemple sur la côte ouest du Yemen [Abdo-Salem *et al.*, 2011]. Cependant, cette relation peut être plus discutable dans d'autres contextes géographiques, et cet indice doit donc être interprété avec précaution.

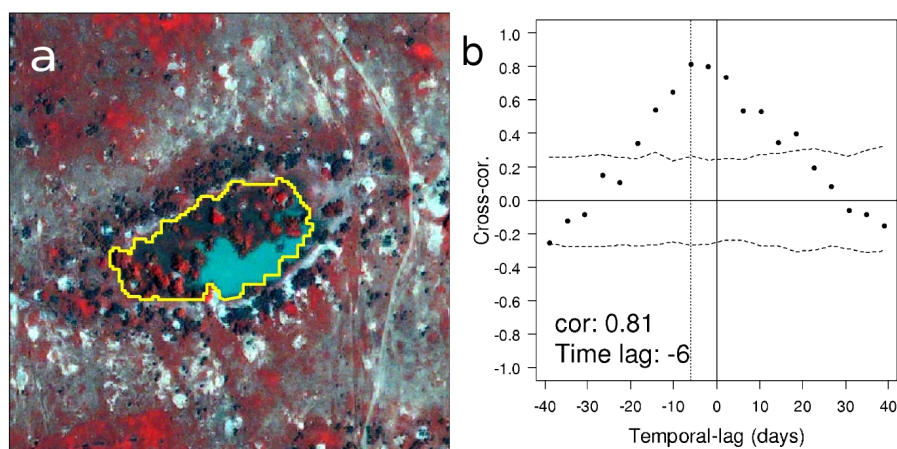


FIGURE 1.10 – Relation entre NDVI et dynamique hydrologique, région de Bar-kedji, Sénégal. a) Mare de Furdu (9700 m²), b) corrélation croisée entre les mesures de hauteurs d’eau et les valeurs de NDVI calculées à partir d’une série temporelle d’images MODIS sur la zone. Les lignes en pointillés indiquent l’enveloppe de confiance [Soti *et al.*, 2009].

1.4 Conclusions

Dans cette première partie, nous avons montré comment les techniques d’observation de la Terre pouvaient être utilisées pour caractériser les populations d’hôtes sensibles ainsi que l’habitat des vecteurs ou des réservoirs sauvages. Les travaux de recherche, de plus en plus nombreux à ce sujet, illustrent les applications variées de la télédétection dans le domaine de l’épidémiologie. Les limites -qui sont plus rarement discutées- sont principalement liées à la résolution spatiale des capteurs [Moloney *et al.*, 1998], ou bien au compromis inévitable entre résolution spatiale et couverture géographique ou répétitivité temporelle.

De ces différents exemples, deux principales conclusions peuvent être tirées. Tout d’abord, afin d’établir des liens successifs cohérents entre le système épidémiologique étudié, l’environnement et l’information dérivée de la télédétection, il est important de pouvoir définir des indicateurs adaptés en terme de contenu informatif, de couverture géographique, de résolutions spatiale et temporelle. D’autre part, la mise au point et le lancement chaque année de nouveaux capteurs avec de meilleures résolutions spatiales, temporelles et spectrales, accompagnés du développement de nouvelles méthodes de traitement d’image (*e.g.* classification orientées objet pour les images à très haute résolution spatiale), requiert un travail de veille constant sur ces innovations techniques et méthodologiques. Ces deux remarques mettent en lumière la nécessité d’une véritable collaboration interdisciplinaire entre épidémiologistes et télédéTECTEURS afin d’être en mesure d’exploiter au maximum l’information issue des systèmes d’observa-

tion de la Terre dans le domaine de l'épidémiologie [Herbreteau *et al.*, 2007].

Des perspectives de recherche concernant le développement d'indicateurs adaptés à des études en épidémiologie seront présentées dans la partie 4. Dans les parties suivantes, nous montrons comment les indicateurs issus de la télédétection présentés précédemment peuvent être assimilés dans des modèles statistiques (partie 2) ou mathématiques (partie 3) pour mieux comprendre les dynamiques de transmission de pathogènes.

Partie 2

Épidémiologie paysagère : décrire les patrons de transmission d'un pathogène en lien avec l'environnement

Dans cette partie, l'apport d'une approche analytique pour décrire - et si possible quantifier - les patrons de transmission d'un pathogène en fonction de caractéristiques environnementales est détaillé à partir d'exemples issus de mes travaux de recherche. L'épidémiologie paysagère décrit comment la dynamique des populations d'hôtes, de vecteurs et de pathogènes interagissent spatialement dans un environnement qui rend possible la transmission [Reisen, 2010]. Nous illustrons cette approche par des études portant sur les associations entre des caractéristiques environnementales et des données épidémiologiques ou entomologiques, dans l'espace et dans le temps.

2.1 Des caractéristiques environnementales peuvent-elles expliquer l'hétérogénéité spatiale de transmission d'un pathogène ?

Les maladies étudiées dans le cadre de mes travaux de recherche (maladies à transmission vectorielle ou à réservoir sauvage) sont *a priori* fortement dépendantes de conditions environnementales. Les travaux présentés ici illustrent comment la distribution spatiale des cas ou de l'incidence de ces maladies peut être expliquée par des variables environnementales (notamment les indicateurs de télédétection présentés dans la Partie 1).

2.1.1 Importance des variables paysagères pour décrire l'environnement à risque de fièvre catarrhale ovine

Dans le cadre de la thèse d'Hélène Guis [Guis, 2007, Guis *et al.*, 2007a, Guis *et al.*, 2007b], des données épidémiologiques provenant de 80 élevages du sud de la Corse (2000-2003) ont été mises en relation avec des données environnementales afin d'identifier les zones à risque de FCO.

Plusieurs tailles de voisinage autour des élevages ont été utilisées pour décrire le paysage autour des élevages (500 m, 1 km, 2 km), choisies en fonction des connaissances disponibles sur la dispersion active des *Culicoides*. Outre la proportion des différents types d'occupation du sol dans ces voisinages et les indices paysagers présentés précédemment (§1.2.3, Table 1.1), des caractéristiques topographiques et hydrographiques ont été incluses dans l'analyse. Une méthode d'analyse multivariée de type régression logistique a été choisie car la variable à expliquer, le statut sain ou infecté des élevages, était binaire et que les variables explicatives étaient quantitatives et qualitatives.

Les résultats ont montré qu'aucun type d'occupation du sol n'expliquait à lui seul le statut des élevages, soulignant le caractère opportuniste du moucheron vecteur de la FCO dans cette zone, *Culicoides imicola*. En revanche, les indices paysagers comme l'indice de densité de richesse des entités ou l'indice de forme de paysage constituaient des variables explicatives de la distribution de la FCO, suggérant que la fragmentation et l'imbrication des milieux constituent des indices de risque de la maladie. D'autre part, l'analyse a montré l'importance des caractéristiques des élevages comme la mixité du troupeau (un troupeau mixte comprenant à la fois des bovins et des ovins) ou la latitude (les élevages situés le plus au sud étant davantage à risque).

Enfin, l'application des modèles statistiques obtenus dans une phase de validation (interne et externe) a montré que ces modèles avaient une capacité de discrimination élevée mais ne pouvaient être utilisés à des fins prédictives sur de nouvelles zones géographiques uniquement de manière qualitative (en termes de risque relatif), vraisemblablement parce que l'étude a été conduite alors que le pathogène et son vecteur étaient en phase d'expansion récente depuis la Sardaigne. Une illustration de carte d'aléa établie à partir des facteurs de risque identifiés est présentée Figure 2.1.

En conclusion, ces travaux ont montré que certaines variables environnementales pouvaient expliquer l'occurrence de foyers de FCO, notamment des variables paysagères liées à la diversité des habitats, contribuant ainsi à une meilleure connaissance d'une maladie émergente en Europe et jusqu'alors peu étudiée. Cette démarche a été complétée par l'application de la même méthode sur des données entomologiques (données de présence/absence de *C. imicola*) [Guis, 2007].

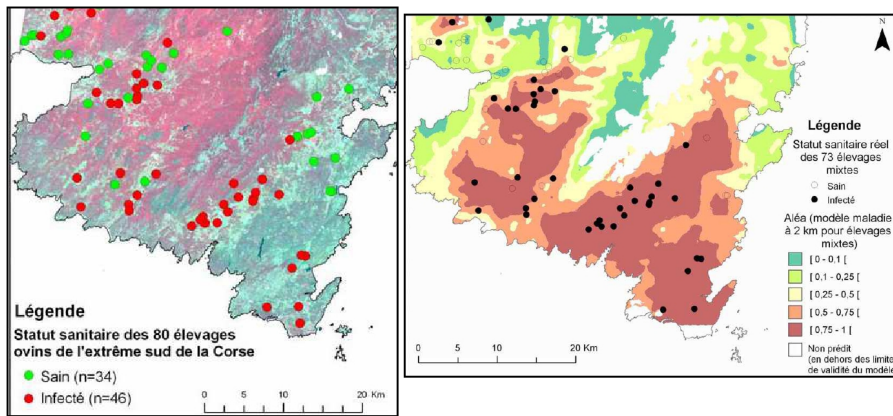


FIGURE 2.1 – Cartographie du risque de FCO dans le sud de la Corse à partir de données environnementales. A gauche : Localisation et statut sanitaire vis-à-vis de la FCO des élevages ovins (2000-2003). Fonds de carte : image SPOT. A droite : carte d'aléa issue du modèle maladie à 2 km pour les élevages mixtes [Guis, 2007].

2.1.2 Identification des paysages à risque de transmission de la fièvre de la Vallée du Rift

Dans le cadre des travaux de thèse de Valérie Soti [Soti, 2011, Soti *et al.*, 2013], la même démarche de mise en relation statistique entre des données épidémiologiques et des indices paysagers a été appliquée pour le cas de la fièvre de la Vallée du Rift dans la région du Ferlo, au Sénégal.

Les indices paysagers avaient été dérivés d'une image à très haute résolution spatiale (Quickbird), selon des hypothèses écologiques sur les contacts hôtes/vecteurs (§1.2.3, Table 1.2). Les données épidémiologiques consistaient ici en des données d'incidence sérologique collectées au cours de la saison des pluies 2003 et calculée à partir de 300 animaux (ovins et caprins) [Chevalier *et al.*, 2005]. Les petits ruminants prélevés étaient répartis dans huit campements localisés à proximité de mares temporaires dans la zone de Barkedji et inclus dans la zone d'étude couverte par l'image satellite.

Les résultats de cette étude ont montré que parmi les différents modèles testés, le meilleur modèle (selon le critère d'Akaike corrigé) expliquait l'incidence sérologique en fonction de l'indice de densité de végétation calculé dans une zone tampon de 500 m autour des mares (Table 1.2). Cet indice était corrélé positivement et de manière très significative avec l'incidence sérologique observée (Figure 2.2a). L'exploitation de cette relation entre indice de densité de végétation et incidence a permis de cartographier les zones à risque de FVR dans la zone d'étude en fonction de ce critère (Figure 2.2b).

Le lien santé/environnement mis en évidence ici est donc cohérent avec nos hypothèses sur les processus de transmission de la FVR dans cette région, trans-

mission impliquant deux espèces de moustiques vecteurs, *Aedes vexans* et *Culex poicilipes*. Ces moustiques ont pour habitat larvaire les mares temporaires, et les caractéristiques de ces mares sont déterminantes pour la prolifération de ces moustiques et le risque d'occurrence de la FVR : les mares entourées par un couvert végétal plus dense constituent des habitats protégés, favorables à ces moustiques; d'autre part, ce couvert végétatif favorise la dispersion des moustiques vers les campements où les petits ruminants sont parqués la nuit. La cartographie du risque entomologique établie à partir de cet indice paysager met bien en évidence l'hétérogénéité spatiale du risque de transmission (Figure 2.2b), hétérogénéité qui avait été observée lors des enquêtes épidémiologiques [Chevalier *et al.*, 2005].

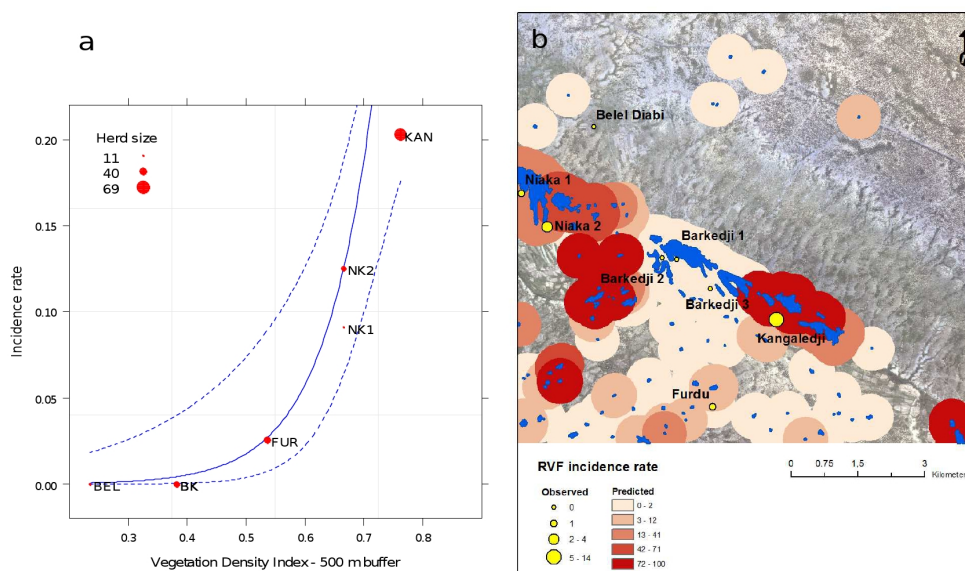


FIGURE 2.2 – Cartographie du risque de FVR dans le nord du Sénégal à partir de données environnementales. a) Taux d'incidence de la FVR dans les troupeaux de petits ruminants observés (cercles rouges) et prédits (ligne solide) à partir de l'indice de densité de végétation autour des mares dérivé d'une image Quickbird. b) Taux d'incidence prédits pour l'ensemble de la zone d'étude [Soti *et al.*, 2013].

2.1.3 Modélisation de la niche écologique d'un pathogène

Dans les deux exemples précédents, l'analyse des relations entre données épidémiologiques et données environnementales (indices paysagers dérivés de cartes d'occupation du sol) est effectuée à une échelle locale. A une échelle plus globale, la distribution spatiale des cas d'une maladie peut être étudiée par une approche écologique de modélisation de la "niche écologique" du pathogène. En écologie, cette notion de niche écologique correspond à la place occupée par une

espèce dans un écosystème, ainsi qu'à l'ensemble des conditions, biotiques et abiotiques, nécessaires à une population viable (enveloppe écologique). Ainsi, la niche écologique d'un pathogène dépend de celle de ses hôtes et ses vecteurs, elles-mêmes déterminées par un ensemble de conditions environnementales, notamment climatiques.

Il existe de nombreuses méthodes de modélisation de la niche écologique d'une espèce à partir de conditions du milieu d'une part (habitat, altitude, climat, etc.) et de données d'observation de la présence de l'espèce étudiée d'autre part (e.g. [Elith *et al.*, 2006, Tsoar *et al.*, 2007]). Ici nous donnons un exemple d'application d'une de ces méthodes pour cartographier le risque environnemental de distribution de la leishmaniose canine en France, étude réalisée dans le cadre du projet EDEN [Chamaille *et al.*, 2010].

Les données épidémiologiques consistaient en la localisation des cas de leishmaniose canine reportés en France entre 1965 et 2007 (rapports et publications scientifiques). Au total, 425 localisations ont été enregistrées comme données de présence du pathogène. Les données environnementales pouvant influencer sur la distribution des phlébotomes vecteurs et des hôtes ont été sélectionnées à dire d'experts et comprenaient les précipitations et températures d'été et d'hiver, le type de forêt, l'altitude, ainsi que les densités de populations humaine et canine.

Une analyse en composantes principales (ACP) suivie d'une classification hiérarchique ascendante a dans un premier temps mis en évidence l'existence de deux profils écologiques principaux des cas de leishmaniose reportés (Figure 2.3a), pouvant être interprétés comme des profils écologiques correspondant aux zones de répartition des deux espèces de phlébotomes impliqués dans la transmission du pathogène en France, *Phlebotomus ariasi* et *Phlebotomus perniciosus*.

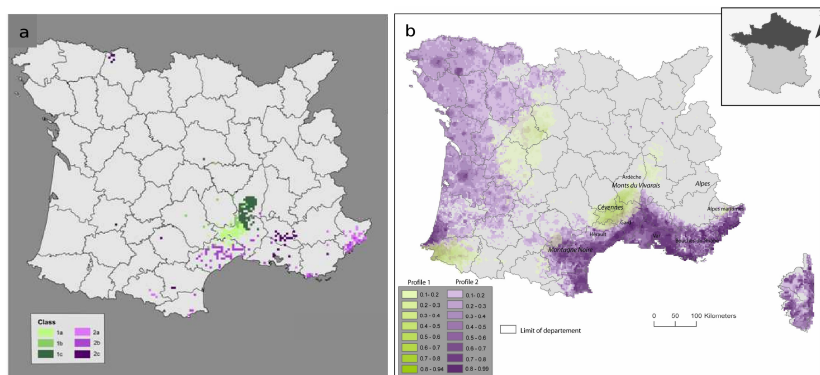


FIGURE 2.3 – Cartographie du risque de leishmaniose canine dans le sud de la France à partir de données environnementales. a) Localisation et classification des cas reportés entre 1965 et 2007. b) Carte de la niche écologique de la leishmaniose canine en France, avec en vert : le profil écologique potentiellement associé à *Phlebotomus ariasi* et en violet celui associé à *Phlebotomus perniciosus* [Chamaille *et al.*, 2010].

Dans un deuxième temps, un modèle de niche écologique, le modèle Maxent [Phillips *et al.*, 2006], a été appliqué pour chacun des deux profils afin de cartographier les zones de transmission potentielles de la leishmaniose canine par ses deux espèces vectrices (Figure 2.3b). Cette étude a ainsi contribué à une meilleure compréhension de la distribution spatiale de la leishmaniose canine en France, et en particulier de l'importance des deux phlébotomes vecteurs et des variables environnementales associées. Elle a également mis en évidence les limites d'une approche de modélisation de niche écologique à partir de données épidémiologiques pour un pathogène pouvant être transmis par deux vecteurs différents : dans ce cas, la modélisation de la niche de chacune des deux espèces de phlébotomes vecteurs serait plus appropriée, ce qui nécessite le recueil de données entomologiques. La carte de risque obtenue lors de cette première approche doit permettre de mieux cibler les zones de surveillance et des études entomologiques.

2.1.4 De l'importance de l'autocorrélation spatiale...

L'autocorrélation spatiale traduit la tendance que des localisations géographiquement proches présentent des caractéristiques similaires. Or les tests statistiques usuels ont pour condition de validité l'indépendance des observations. Si ce n'est pas le cas, et que le modèle statistique ne tient pas compte de cette autocorrélation spatiale, la mesure de l'association statistique entre variables explicatives et la variable expliquée risque d'être surestimée. Dans les exemples précédents, cette condition avait été vérifiée en amont de l'analyse statistique (en vérifiant l'indépendance de la variable à expliquer par des statistiques mesurant la dépendance spatiale [Soti, 2011]) ou en aval (en vérifiant l'indépendance des résidus du modèle [Guis, 2007]). L'exemple ci-après illustre l'importance que peut prendre le phénomène d'autocorrélation spatiale dans l'analyse de données santé/environnement, avec le cas d'une étude sur la grippe aviaire au Cambodge [Leger, 2010].

Les données épidémiologiques comprenaient la localisation et le statut (indemne ou infecté, selon une définition clinique d'un cas de grippe aviaire hautement pathogène H₅N₁) de 4275 villages répartis sur trois zones géographiques regroupant les communes de six provinces (Figure 2.4).

Les données environnementales et anthropiques incluses comme variables explicatives dans l'analyse concernaient la durée d'inondation annuelle (donnée extraite de l'analyse de séries temporelles d'imagerie MODIS - cf. § 1.2.2), le type d'occupation du sol (issu de la cartographie réalisée par l'Agence Spatiale Européenne dans le cadre du projet GLOBCOVER) la densité de population humaine, la densité de population de canards, et la densité de routes. Un voisinage de 2 km avait été choisi pour décrire l'environnement de chaque village [Leger, 2010].

Dans un premier temps, une étude de l'agrégation des villages infectés a été réalisée en utilisant la fonction K de Ripley modifiée. La fonction K est une mesure de la proportion de localisations situés à l'intérieur d'une distance h d'un autre point. Ces mesures observées pour chaque distance h peuvent

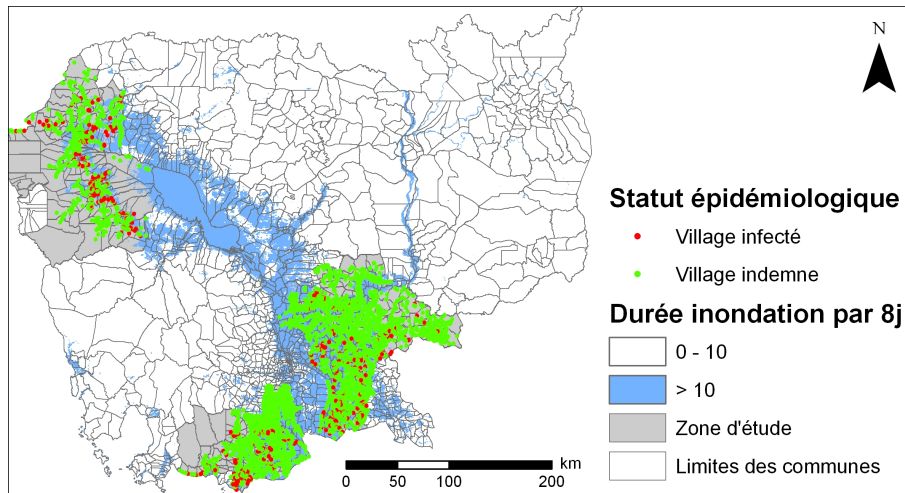


FIGURE 2.4 – Durée d'inondation estimée par imagerie satellite et statut infecté ou non par le virus H₅N₁ des villages de six provinces, Cambodge [Leger, 2010].

être comparées aux valeurs théoriques que prendrait la fonction K dans le cas d'une distribution aléatoire des villages infectés parmi l'ensemble des villages, en calculant l'indice $D(h)$ définie comme la différence entre la fonction K observée et la fonction K théorique. Cette étude a mis en évidence une agrégation des villages infectés, agrégation significative jusqu'à une distance de 32 km.

Dans un deuxième temps, les facteurs de risque des foyers de grippe aviaire ont été étudiés à l'aide d'un modèle autologistique, c'est-à-dire un modèle logistique classique auquel on ajoute une covariable particulière, le terme autorégressif, qui permet de prendre en compte la dépendance spatiale de la variable à expliquer. Le terme autorégressif peut être calculé pour chaque village comme la moyenne, pondérée par l'inverse de la distance, du nombre de villages infectés dans un voisinage défini par la limite de l'autocorrélation (32 km ici). Cette étude a mis en évidence l'importance de ce terme autorégressif, ainsi que celle (par ordre d'importance) de la densité de canards, de la distance aux routes principales et de la durée d'inondation maximale, pour expliquer le statut (indemne ou infecté) des villages. L'observation de la courbe ROC [Park *et al.*, 2004] associée à ce modèle permet d'estimer sa capacité à discriminer les villages infectés des villages indemnes; elle permet également de connaître l'importance du terme autorégressif sur le pouvoir prédictif du modèle.

Les résultats montrent que le modèle final est bon (aire sous la courbe ROC > 80 %), mais que le terme autorégressif seul suffit à discriminer les villages infectés des autres, les variables environnementales n'améliorant pas le pouvoir discriminant du modèle (Figure 2.5). Ainsi les résultats ne permettent pas de déterminer si *i*) la principale cause de contamination d'un village donné est la diffusion du virus à partir d'un village voisin et n'est pas liée à un environnement

à risque de fait de conditions environnementales ou anthropiques particulières ou si *ii*) des villages voisins ont le même statut infectieux parce qu'ils partagent le même environnement et que celui-ci a une influence sur la transmission du virus H₅N₁. Ici, des informations complémentaires (sur la temporalité en particulier) sur les foyers seraient nécessaires pour étudier plus précisément le rôle de l'environnement dans l'introduction et la diffusion du virus (travaux en cours).

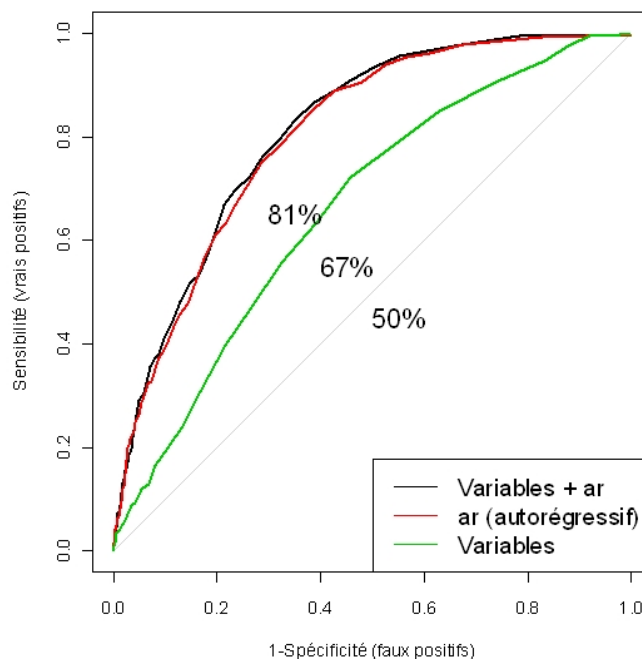


FIGURE 2.5 – Courbes ROC des modèles statistiques expliquant le statut infecté ou non par le virus H₅N₁ en fonction de variables environnementales (en vert), d'un terme autorégressif (en rouge) et des deux (en noir), Cambodge [Leger, 2010].

2.1.5 Conclusions partielles

Les différents exemples présentés ici mettent en évidence des associations statistiques entre des données sur la maladie et des variables environnementales, pour le cas de différentes maladies à transmission vectorielle, et une maladie à réservoir sauvage. Ils illustrent à différentes échelles l'importance que peut avoir l'environnement, notamment les caractéristiques du paysage, sur les variations spatiales de la transmission d'un pathogène et s'inscrivent dans une approche d'épidémiologie paysagère [Lambin *et al.*, 2010]. Ils montrent néanmoins aussi que la force d'association entre données épidémiologiques et données environnementales peut être variable, et peut notamment être confondue avec des phéno-

mènes d'autocorrélation spatiale.

Les modèles statistiques résultant de ce type d'analyse contribuent avant tout à une meilleure connaissance des déterminants environnementaux de la maladie. Les cartes de risque de transmission résultantes peuvent être utilisées pour mieux cibler les zones de surveillance ou d'études supplémentaires pour expliciter le lien maladie/environnement, par exemple des campagnes de captures d'hôtes réservoir ou de vecteurs.

2.2 Caractéristiques environnementales et distribution spatiale des vecteurs

Dans cette partie, nous présentons différents exemples de la même démarche analytique décrite précédemment, mais cette fois-ci afin d'étudier les associations entre variables environnementales et des données entomologiques (présence ou absence d'une espèce vectrice ou abondance de cette espèce). Cette démarche a pour avantage de mieux permettre d'explicitier les liens successifs entre maladie et environnement, pour le cas des maladies à transmission vectorielle.

2.2.1 L'occupation du sol détermine-t-elle la distribution spatiale des moustiques ?

Dans le cadre d'une étude sur le risque de ré-émergence du paludisme dans le sud de la France (projet EDEN) et des travaux de thèse de Priscilla Cailly, nous avons étudié le rôle de la répartition des gîtes larvaires sur la distribution spatiale de différentes espèces de moustiques du genre *Anopheles* et *Culex* [Tran *et al.*, 2008, Cailly *et al.*, 2011]. En effet, les larves de moustiques sont purement aquatiques et se développent dans des zones en eau ("gîtes larvaires") dont le type est plus ou moins spécifique à chaque espèce. D'autre part, durant leur phase aérienne les moustiques adultes se dispersent autour des gîtes larvaires, sur des distances qui sont variables selon les espèces. Ainsi, la distribution des surfaces en eau et de l'occupation du sol peut être déterminante pour la répartition spatiale des stades larvaires et adultes.

Nous avons étudié ainsi les relations entre la répartition des différents types d'occupation du sol et la distribution des moustiques *Anopheles hyrcanus* Pallas, vecteur potentiel du paludisme en Camargue, France, puis appliqué la même méthode pour trois autres espèces de moustiques présentes dans la même zone, *Culex modestus* Ficalbi, *Culex pipiens* Linnaeus et *Anopheles melanoon* Hackett.

Les données d'occupation du sol provenaient d'une carte réalisée à partir d'imagerie Landsat avec une typologie définie en accord avec les experts entomologistes (§1.2.1) pour bien représenter les différents gîtes larvaires potentiels des moustiques présents dans la zone d'étude, la Camargue (rizières, différents types de marais). Les données entomologiques consistaient en des captures de larves effectuées dans 80 gîtes larvaires de 3 sites d'étude et des captures d'adultes réalisées à l'aide de pièges lumineux à CO₂ dans les mêmes sites (Figure 2.6).

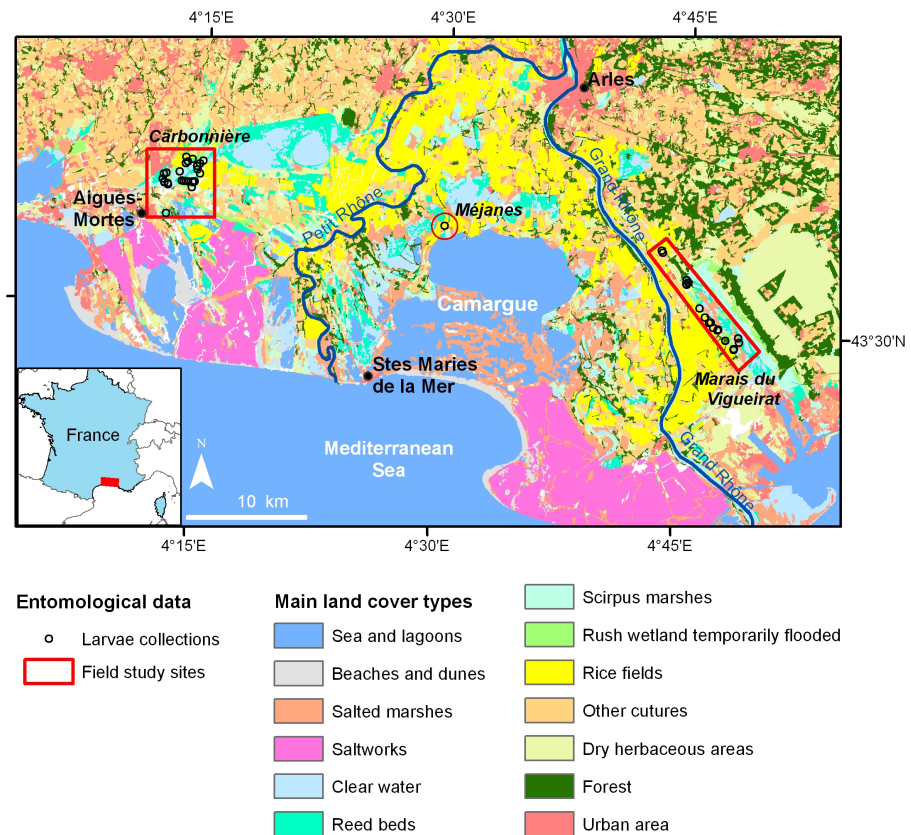


FIGURE 2.6 – Occupation du sol et localisation des sites de captures entomologiques en Camargue, France [Cailly *et al.*, 2011].

Dans un premier temps, nous avons, pour chacune des espèces étudiées, testé l'association entre la présence ou l'absence des larves et le type de gîte larvaire, par une régression logistique. Si des corrélations significatives pouvaient être mises en évidence, le modèle statistique était appliqué pour calculer, à partir de la carte d'occupation du sol initiale, une carte de probabilité de présence larvaire de l'espèce (indice larvaire). Dans un deuxième temps, faisant l'hypothèse que la distribution des moustiques adultes était déterminée par cet indice larvaire, un indice adulte a été défini comme la moyenne de l'indice larvaire dans un rayon de taille variable. Les valeurs de cet indice ont ensuite été comparées aux données de captures adultes.

Les résultats ont mis en évidence des associations entre la présence de populations aquatiques et le type de gîte larvaire pour toutes les espèces à l'exception de *Cx. pipiens* qui est considérée comme une espèce opportuniste [Clements, 1999]. Ce type d'étude permet donc de confirmer ou affiner des connaissances biologiques sur les traits de vie de ces espèces, mais aussi ensuite de pouvoir cartographier leur distribution spatiale (exemple pour *An. hyrcanus* : Figure 2.7a). Par ailleurs, pour les trois espèces *Anopheles hyrcanus*, *Culex modestus* et *Anopheles melanoon*, les résultats ont montré l'existence de corrélations significatives entre l'indice adulte calculé à partir de la carte d'occupation des sols et le nombre d'adultes observés (exemple pour *An. hyrcanus* : Figure 2.7b) mais avec des forces d'associations variables, suggérant l'existence d'autres facteurs susceptibles d'influencer la distribution des populations moustiques adultes, comme la présence d'hôtes. Les tests de rayons variables pour le calcul de l'indice adulte a également permis de mettre en évidence des distances de dispersion active variables selon les espèces.

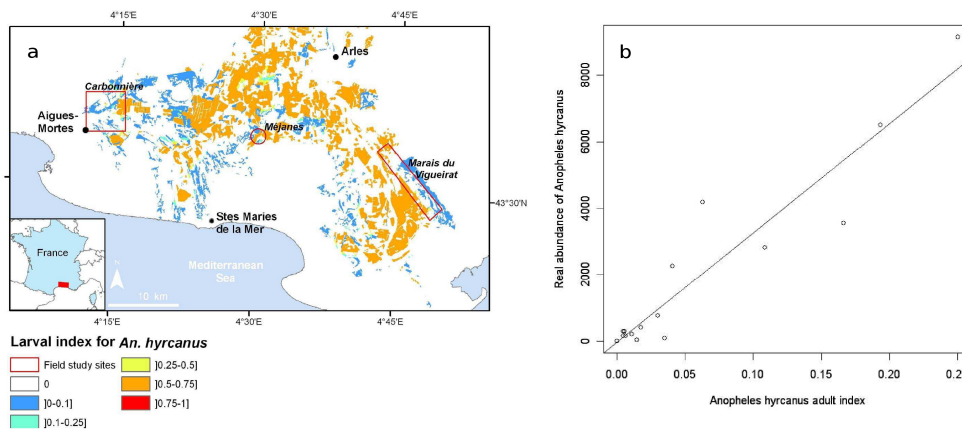


FIGURE 2.7 – Occupation du sol et distribution des populations d'*Anopheles hyrcanus*, Camargue, France. a) Cartographie de l'indice de probabilité de présence larvaire. b) Représentation bidimensionnelle de l'abondance observée et de l'indice adulte calculé à partir de la carte d'occupation du sol [Tran *et al.*, 2008].

Nos résultats confirment ainsi que l'occupation du sol est un bon prédicteur de la présence et l'abondance de la plupart des espèces de moustiques ayant pour principaux gîtes des gîtes larvaires naturels, comme cela a pu être également montré pour différentes espèces et d'autres contextes géographiques [Sithiprasasna *et al.*, 2005, Diuk-Wasser *et al.*, 2006, Mushinzimana *et al.*, 2006, Vanwambeke *et al.*, 2007].

Finalement, les cartes de distribution des différentes espèces peuvent être utilisées d'une part pour la surveillance et le contrôle des populations et d'autre part pour la spatialisation des modèles de risque de transmission d'une maladie et des modèles de dynamique de populations, modèles qui seront présentés dans la Partie 3.

2.2.2 Cartographier la niche climatique de *Culicoides imicola* à l'échelle mondiale

Le moucheron *Culicoides imicola* est le vecteur principal de la fièvre catarrhale ovine (FCO) et de la peste équine en Afrique. Il s'agit d'une espèce largement répandue de part le monde, en Afrique, en Asie et depuis quelques dizaines d'années dans le sud de l'Europe. Dans le cadre du post-doctorat de Sylvain Guichard, nous avons modélisé la niche écologique de ce vecteur à partir des données mondiales disponibles sur sa distribution et du modèle de niche éco-climatique CLIMEX [Guichard *et al.*, prep]. Ce modèle permet de décrire la réponse d'une espèce à des conditions climatiques et ainsi d'estimer sa distribution potentielle [Sutherst *et al.*, 2007]. De part son orientation mécaniste, le modèle CLIMEX est un modèle robuste pour prédire la niche potentielle d'une espèce en dehors de l'étendue géographique de sa distribution actuelle mais également selon différents *scenarii* climatiques futurs.

La localisation géographique des sites de présence de *Culicoides imicola* reportée dans la littérature (revue bibliographique portant sur la période 1959 à 2010) a été enregistrée dans une base de données. Toutes ces occurrences ont ensuite été agrégées dans une grille d'une résolution spatiale de 10', afin d'être en cohérence avec la base de données climatiques CliMond. Celle-ci consistait en des valeurs mensuelles de températures, de précipitation et d'humidité relative pour la période de 1950 à 2000, ainsi que pour des projections futures (2030 et 2070) selon deux modèles climatiques et deux *scenarii* de changements différents. Trois jeux de données ont été constitués à partir des données de présence de *Culicoides imicola* : 1) un set d'entraînement pour développer le modèle (Afrique sub-saharienne), 2) un set de vérification pour vérifier la justesse du modèle et éventuellement l'ajuster (Europe de l'Est, Moyen-Orient et Asie) et 3) un set de validation (Europe de l'Ouest et Afrique du Nord) (Figure 2.8).

Le modèle CLIMEX a ensuite été initialisé en fonction des traits de vie de *Culicoides imicola* décrits dans la littérature, puis ajusté sur le set d'entraînement pour inclure toutes les occurrences avec une couverture minimale. La phase de vérification a mis en évidence la nécessité d'inclure dans le modèle la présence de zones irriguées qui expliquent la présence de l'insecte dans les zones désertiques. Enfin, la phase de validation a montré un très bon pouvoir

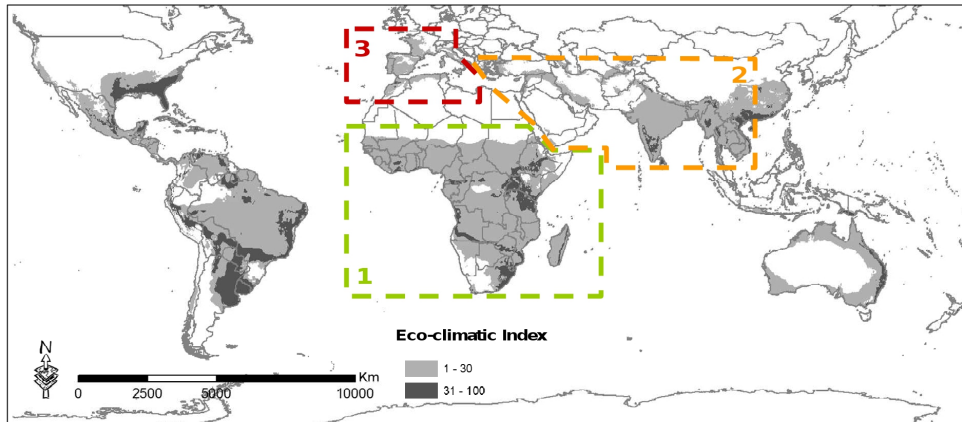


FIGURE 2.8 – Modélisation de la niche éco-climatique de *Culicoides imicola*. Les zones d'entraînement, de vérification et de validation du modèle CLIMEX sont délimitées en vert, orange et rouge, respectivement [Guichard *et al.*, prep].

prédictif du modèle (98 % des points de présence du set 3 sont correctement identifiés). La carte de distribution de *Culicoides imicola* obtenue est la première carte de distribution de cette espèce à l'échelle mondiale (Figure 2.8). Elle met en évidence la niche écologique potentielle de *Culicoides imicola* (l'indice éco-climatique indique si un endroit donné est propice à la présence de l'insecte), et son évolution possible à long terme du fait du changement climatique. De telles cartes sont une première étape essentielle pour étudier par une approche de modélisation l'impact de changements environnementaux sur l'occurrence des maladies vectorielles, approche qui sera présentée dans la partie 3.

2.3 Caractéristiques environnementales et dynamique temporelle de transmission d'un pathogène

Plusieurs études portant sur des maladies vectorielles comme la dengue, la fièvre de la Vallée du Rift ou des maladies à réservoir sauvage comme la fièvre Q ont mis en évidence des corrélations statistiques entre l'occurrence temporelle de foyers de maladies et la dynamique de variables environnementales (exemple Figure 2.9). De telles études contribuent à une meilleure compréhension du cycle de transmission du pathogène étudié (formulation de nouvelles hypothèses pour la transmission de la fièvre Q en Guyane par exemple [Gardon *et al.*, 2001]) et/ou à la mise en place de systèmes d'alerte précoce comme celui mis en place par la NASA pour la fièvre de la Vallée du Rift au Kenya [Anyamba *et al.*, 2009].

Néanmoins, si le lien entre la dynamique de variables environnementales (météorologiques, liées à la végétation, à l'évolution des zones en eau, etc.) et la

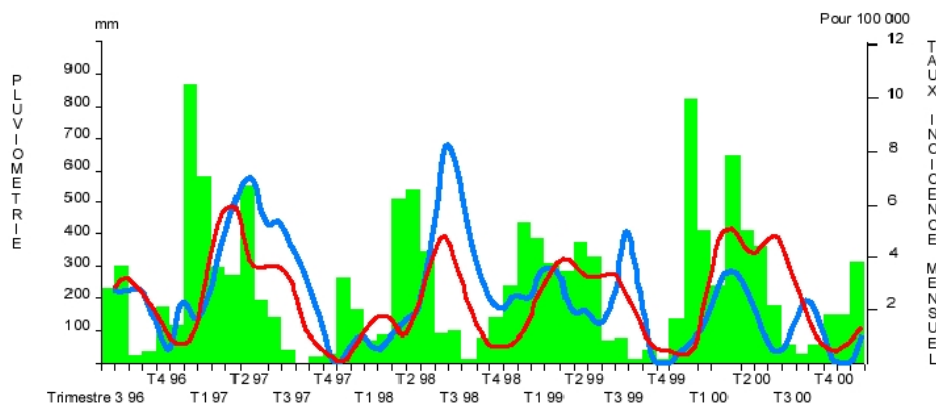


FIGURE 2.9 – Relation entre pluviométrie (histogramme en vert), incidence mensuelle de la fièvre Q (courbe bleue) et prévision par une fonction linéaire multiple de la pluviométrie (en rouge), Guyane, 1996-2000 [Gardon *et al.*, 2001].

dynamique de transmission d'un pathogène existe, il n'est pas toujours simple à démontrer par la mise en évidence de corrélations statistiques. Ainsi, les projets au cours desquels j'ai été amenée à aborder cette question ont plutôt contribué à montrer les limites de l'approche analytique (par ex., absence de corrélation statistique entre pluviométrie et abondance de moustiques), et la nécessité d'adopter une approche de modélisation mécaniste (qui sera développée dans la partie 3), ou bien celle de prendre en compte des facteurs socio-économiques.

2.3.1 Pluviométrie et dynamique de transmission de la fièvre de la Vallée du Rift

Le lien entre la pluviométrie et l'occurrence de la fièvre de la Vallée du Rift a été mise en évidence en Afrique de l'Est et du Sud [El Vilaly *et al.*, 2013]. En effet, de fortes pluies favorisent la disponibilité en gîtes larvaires pour les espèces de moustiques vectrices et donc la prolifération de ces moustiques. Ainsi, au Kenya (Davies *et al.*, 1985), en Afrique du Sud (McIntosh et Jupp, 1981), en Zambie (Davies *et al.*, 1992) et au Zimbabwe (Swanepoel, 1981) les épidémies surviennent après des périodes anormalement pluvieuses liées au phénomène *El Niño*. En revanche, en Afrique de l'Ouest, on ne trouve pas de corrélation systématique forte entre l'apparition de foyers et l'abondance de pluies [Ndione *et al.*, 2003].

Dans la partie 3, nous montrerons comment une approche mécaniste de modélisation du cycle de vie des moustiques permet de davantage expliciter le lien entre pluviométrie et risque d'occurrence de la maladie.

2.3.2 Importance de la prise en compte des facteurs socio-économiques

Avant l'année 2000, la FVR n'avait été reportée que sur le continent Africain. Mais en septembre 2000, le Yemen et l'Arabie Saoudite déclarent officiellement la première épizootie de FVR en péninsule arabique. Au Yémen, l'épidémie démarre sur la côte de Tihama (district de Az-Zuhrah, gouvernorat d'Al-Hodeidah) et cause au total 1328 cas humains dont 166 décès [WHO, 2000], plus de 21000 avortements animaux et 6000 morts animales entre septembre 2000 et février 2011 [Ahmad, 2000, Al Qadasi, 2002]. La région de Tihama sera la plus durement touchée par l'épizootie [Abdo-Salem *et al.*, 2006]. Depuis, aucune activité virale significative n'a été reportée au Yemen [Al Qadasi, 2009].

Dans le cadre de la thèse de S. Abdo-Salem, nous avons étudié si l'année 2000 présentait des conditions environnementales particulières par rapport aux autres années de la période 1999-2007, en privilégiant l'hypothèse selon laquelle de fortes pluies (traduites par une augmentation de l'indice de végétation NDVI) seraient favorables au développement des vecteurs et donc de la transmission de la maladie. Nous avons testé également si des facteurs socio-économiques (nombre d'animaux importés, date de la fête religieuse de l'Eid al-Kabeer) pouvaient expliquer cette émergence : en effet, une grande partie des animaux vivants importés provient de la corne de l'Afrique, où un épisode sévère de FVR eut lieu en 1997-1998 [Woods *et al.*, 2002]. Le virus de la FVR a donc pu être introduit au Yémen à partir de cette région [Davies, 2000], hypothèse supportée par des analyses génétiques du virus isolé en Arabie Saoudite et au Yémen, montrant des similarités avec celui qui a circulé au Kenya en 1997 [Shoemaker *et al.*, 2002].

Les résultats ont montré qu'en ne considérant que les variables environnementales seules, l'année 2000 n'était pas exceptionnelle (Figure 2.10a) : d'autres années étaient aussi pluvieuses, voire davantage.

En revanche, l'intégration à la fois de variables environnementales et socio-économiques permet d'avancer une hypothèse sur l'émergence de la FVR au Yemen en 2000 : la conjonction, au printemps, de la fête de l'Eid al-Kabeer, date à laquelle un très grand nombre de moutons est importé, avec des conditions de pluviométrie favorables à la prolifération des moustiques lors des deux saisons des pluies (printemps et automne), caractérise en effet l'année 2000 par rapport à toutes les autres (Figure 2.10b).

Bien sûr, la description d'un unique évènement de FVR ne permet pas de conclure définitivement sur les facteurs de risque d'occurrence de la maladie. Néanmoins, cette étude contribue à une meilleure compréhension des processus en jeu, et met en évidence l'importance des facteurs socio-économiques, en sus des facteurs environnementaux, dans l'émergence des maladies vectorielles.

2.4 Conclusions

Cette deuxième partie nous a permis d'illustrer la démarche d'épidémiologie paysagère par différentes études des corrélations entre des variables environ-

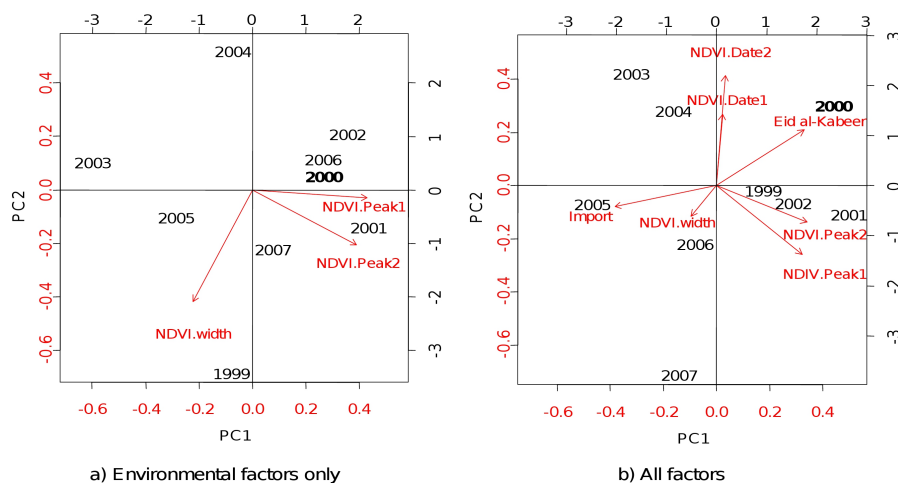


FIGURE 2.10 – Analyse en composantes principales des facteurs pouvant expliquer l’occurrence de la fièvre de la Vallée du Rift au Yemen : projection sur les composantes principales 1 et 2 des différentes années (1999-2007)(en noir) et des facteurs (en rouge). a) Résultats uniquement avec les variables environnementales. b) Résultats avec toutes les variables, environnementales et socio-économiques [Abdo-Salem *et al.*, 2011].

nementales et des données épidémiologiques ou entomologiques. Elle complète ainsi la première partie en montrant comment des indicateurs dérivés d’images de télédétection peuvent expliquer l’hétérogénéité spatiale et temporelle de la distribution d’un pathogène et des populations de vecteurs.

Dans les cas d’étude présentés, les variables environnementales expliquent la majeure partie de la variabilité observée des données dans le cas de maladies à transmission vectorielle ou impliquant un réservoir sauvage, mais nous montrons aussi que des conditions environnementales à risque ne suffisent pas toujours à expliquer la transmission d’un pathogène : les facteurs socio-économiques jouent également un rôle important.

Par ailleurs cette description des patrons ("patterns") de transmission des pathogènes met en évidence l’intérêt d’une approche de modélisation mécaniste afin de mieux comprendre les processus ("processes") qui sous-tendent l’hétérogénéité spatiale ou temporelle révélées par les données. L’apport d’une telle approche pour l’étude de maladies à transmission vectorielle est présenté dans la partie suivante (Partie 3) .

Partie 3

L'apport de la modélisation des processus à l'étude des maladies à transmission vectorielle

Ici nous présentons différents exemples de modèles mécanistes appliqués à l'étude des dynamiques spatiales et temporelles de populations de vecteurs (les moustiques en particulier), des interactions spatiales hôtes-vecteurs dans le cas d'une maladie multi-hôtes (la fièvre du Nil Occidental) et du risque de transmission d'un pathogène par une approche " R_0 ". En particulier, nous montrons comment des données environnementales (indicateurs dérivés d'images de télédétection, données météorologiques) peuvent être assimilés à ces modèles afin de prendre en compte la dynamique spatiale et temporelle de l'environnement et son impact sur la transmission des pathogènes.

3.1 Modélisation de la dynamique temporelle d'une population de moustiques

Dans la partie précédente, nous avons montré qu'une approche statistique permettait de cartographier la distribution spatiale des insectes vecteurs de maladies dans de nombreux cas, en particulier celle des moustiques (§2.2.1). Le lien entre l'habitat des vecteurs, qui peut être cartographié par télédétection (partie 1), et leur abondance permet de construire des cartes prédictives de l'abondance des vecteurs ou des taux de contacts hôtes-vecteurs, composantes essentielles du risque de transmission. Par conséquent l'approche statistique permet également d'identifier des facteurs de risque environnementaux de transmission d'un pathogène transmis par une population de vecteurs (exemple du virus de la FVR,

§2.1.2).

Néanmoins, l'association statistique entre dynamique de transmission d'un pathogène et des variables météorologiques est parfois difficile à mettre en évidence dans le cas d'une maladie à transmission vectorielle, et, d'autre part, les modèles statistiques ne permettent pas de tester des *scenarii* de stratégies de contrôle. Pour aborder ces questions de "Quand?" et "Comment?", nous avons donc développé des modèles de dynamique de population de vecteurs, décrivant de manière explicite leur cycle de vie, et prenant en compte en entrée des variables environnementales.

3.1.1 Modélisation de la dynamique de population des moustiques vecteurs de la fièvre de la Vallée du Rift au Sénégal

Dans le cadre de la thèse de V. Soti [Soti, 2011], nous avons développé un modèle de dynamique des populations des deux espèces de moustiques vectrices du virus de la FVR au Nord Sénégal, *Culex poicilipes* et *Aedes vexans*. Dans la zone d'étude, la région de Barkédji, Ferlo, les mares temporaires constituent une ressource en eau importante pour le bétail durant la saison des pluies (juillet-novembre), mais sont également propices au développement des populations de moustiques. Après avoir caractérisé ces mares (§1.2.2 et §1.2.3), et mis en évidence des facteurs de risque liés à ces points d'eau dans la transmission du virus (§2.1.2), nous avons modélisé la dynamique des populations de moustiques à un pas de temps journalier pour mieux comprendre le rôle joué par chacune des deux espèces dans le cycle de transmission et expliquer la circulation du virus certaines années seulement (1987, 1993, 2003) [Soti *et al.*, 2010, Soti *et al.*, 2012].

Pour simuler la dynamique de population des moustiques, deux types de modèles ont été couplés : *i*) un modèle hydrologique permettant de simuler la dynamique des surfaces en eau à partir de la pluviométrie [Soti *et al.*, 2010] et *ii*) un modèle de dynamique de population permettant de décrire l'évolution des différents stades du cycle de vie des moustiques, prenant en compte la spécificité des deux espèces [Soti *et al.*, 2012].

Modéliser la dynamique des gîtes larvaires

Les mares temporaires de la zone d'étude constituant les gîtes larvaires principaux des moustiques vecteurs de la FVR, les variations de surface de ces zones en eau sont déterminantes pour la dynamique des populations de moustiques, variations de surface qu'il a fallu modéliser dans un premier temps.

Le modèle hydrologique de la dynamique des mares temporaires de la zone d'étude consiste en un modèle de bilan hydrique combiné à une relation "Surface-Hauteur-Volume" (S-H-V) (Figure 3.1). Le modèle de bilan hydrique permet d'estimer le volume de la mare à un pas de temps journalier, en prenant en compte les apports d'eau (pluie directe et ruissellement) auxquels sont soustraites les pertes (infiltration et évaporation). Les apports et les pertes dépendent de paramètres comme la taille du bassin versant, le coefficient de ruis-

sellement, le coefficient de pluie antérieure et le seuil de ruissellement. Une fois le volume estimé, nous utilisons une relation « S-H-V » qui nécessite deux coefficients de forme de la mare, la pente α et la taille S_0 , déduits de la topographie des cuvettes et estimés à partir d'un Modèle Numérique de Terrain (MNT) fin (mesuré avec un théodolite). La relation mathématique permet de convertir une surface d'eau en hauteur d'eau, puis en volume d'eau, et vice-versa.

Des données de télédétection ont été utilisées pour estimer la taille des bassins versants (MNT ASTER pour les grandes mares situées dans le lit du Ferlo et image Quickbird pour les plus petites mares). Le modèle a été calibré à partir de données de hauteurs d'eau mesurées sur deux mares représentatives de la zone d'étude, puis validé sur deux autres mares. Les résultats montrent que les hauteurs d'eau simulées en utilisant les pluies journalières mesurées à Barkedji sont correctes et homogènes dans le temps (exemple Figure 3.2). Le modèle a été développé de manière très simple, dans un contexte pauvre en données, et est détaillé dans [Soti *et al.*, 2010].

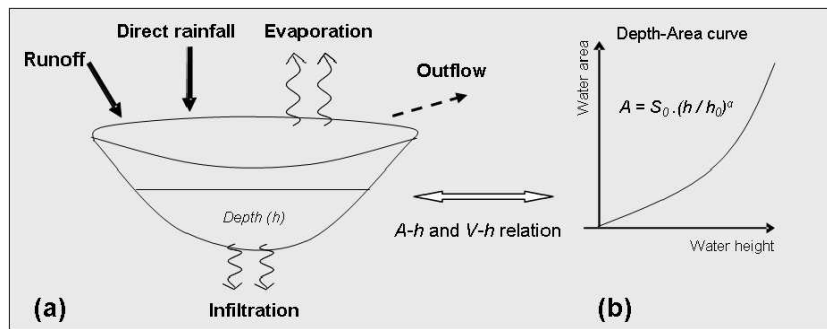


FIGURE 3.1 – Représentation schématique du modèle hydrologique. a) Modèle de bilan hydrique. b) Relation "Surface-Hauteur" [Soti *et al.*, 2010].

Modéliser la dynamique de population de *Culex poicilipes* et *Aedes vexans*

Le modèle hydrologique de la dynamique des mares dans la région sahélienne de Barkédji présenté précédemment est combiné à un modèle de dynamique de population de moustiques afin de prendre en compte l'influence des conditions hydriques du gîte de ponte sur l'évolution des stades aquatiques des moustiques, de l'œuf à l'imago. L'originalité du modèle est de prendre en compte les spécificités de chaque espèce pour l'oviposition et le développement des œufs. En effet, les femelles *Culex* déposent leurs œufs directement à la surface de l'eau, alors que les œufs d'*Aedes* sont pondus sur les bords humides des mares et nécessitent une période d'assèchement puis une mise en eau pour éclore.

Le modèle a été construit de façon simple, ne considérant qu'un stade aquatique et un stade adulte, et avec comme unique entrée la variation journalière de la surface des mares. La sortie du modèle est l'abondance de moustiques femelles

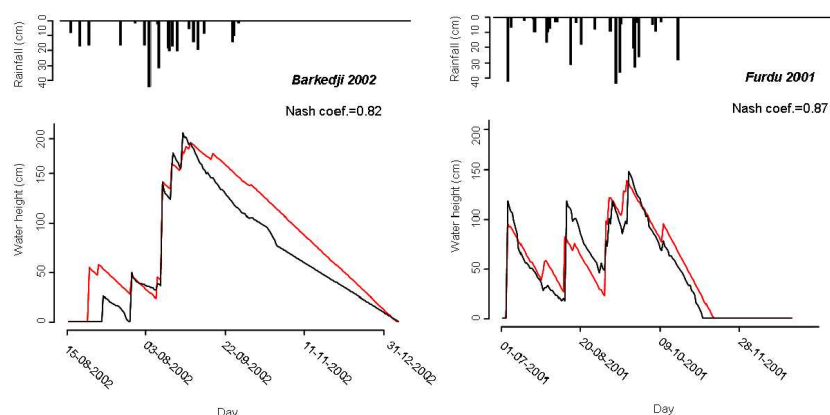


FIGURE 3.2 – Résultats de la calibration du modèle hydrique. En rouge, les hauteurs d'eau simulées et en noir les hauteurs d'eau observées [Soti *et al.*, 2010, Soti, 2011].

adultes, à un pas de temps journalier. Les paramètres du modèle (dix) ont été estimés à partir de données d'abondance entomologique collectées sur une mare proche de Barkedji (Furdu) pour les années 2002 et 2003. Le modèle a été validé sur une autre mare pour la même période et pour la période 1991-1996. Les détails du modèle sont donnés dans [Soti *et al.*, 2012].

Dans l'ensemble, le modèle reproduit correctement la dynamique de population des deux espèces, notamment le premier pic d'abondance d'*Aedes vexans* suivant les premières pluies, et le pic d'abondance en fin de saison de pluies pour *Culex poicilipes*, ainsi que les variations inter-annuelles d'abondance des deux espèces. Ce premier exemple illustre comment un modèle simple, uniquement piloté par la pluviométrie, permet de simuler de façon réaliste la dynamique d'une population de moustiques. Dans le paragraphe suivant, nous présentons la construction d'un modèle générique de dynamique temporelle de moustiques, considérant que les caractéristiques essentielles de la biologie et du cycle de vie des moustiques sont communes aux différentes espèces et situations géographiques.

3.1.2 Développement d'un modèle générique de dynamique temporelle de populations de moustiques

Dans le cadre des travaux de thèse de P. Cailly [Cailly *et al.*, 2011], nous avons développé un modèle décrivant de manière générique la dynamique temporelle d'une population de moustiques, prenant en compte les principaux stades du cycle de vie (Figure 3.3), et avec l'objectif d'obtenir un outil pour comparer différentes stratégies de lutte.

Ce modèle est mécaniste, piloté par les conditions météorologiques (températures, précipitations), et prend en compte les phénomènes de mise en diapause

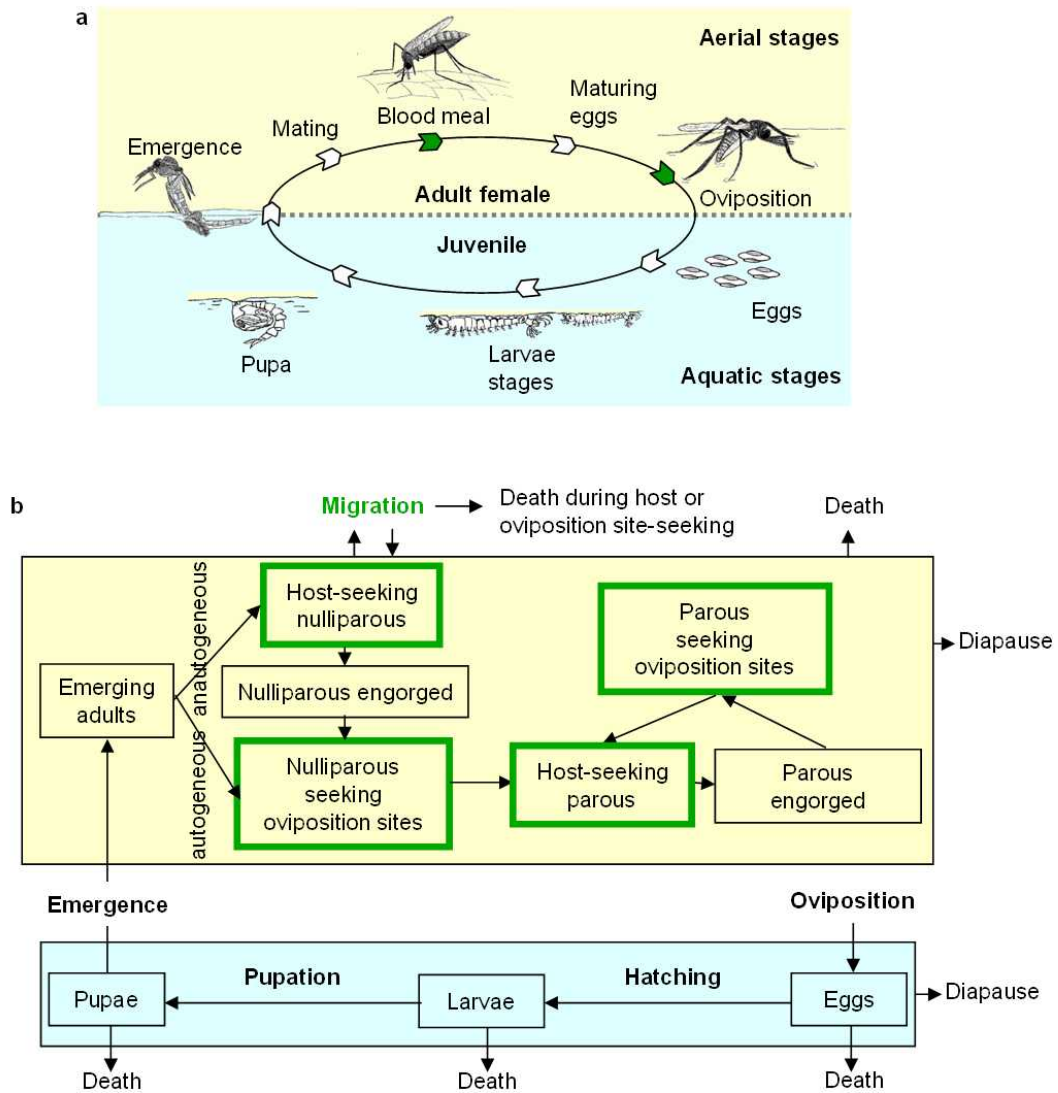


FIGURE 3.3 – Cycle de vie des moustiques. a) Succession des stades et des événements du cycle de vie. b) Modèle générique conceptuel de la dynamique de population de moustiques [Cailly *et al.*, 2012].

durant les périodes défavorables (hiver ou saison sèche). Les différents stades du cycle de vie (E : œuf, L : larve, P : nymphe, femelle émergente - A_{em} , adulte nulloipare - A_1 et pare - A_2) sont représentés, ainsi que le comportement des femelles adultes (h : recherche d'hôtes, g : transition de gorgée à gravide, o : ponte). Le modèle comprend deux systèmes d'équations différentielles ordinaires (Eq. 3.1 : exemple pour le genre *Aedes*), l'un pour la saison favorable (Eq. 3.1, $z=1$) et l'autre pour la saison défavorable (Eq. 3.1, $z=0$). La structure du modèle est commune pour les différentes espèces de moustiques ; la modification des valeurs des paramètres (constantes, lettres grecques dans l'Eq. 3.1) et des fonctions (dépendent des paramètres et des conditions météorologiques, lettres latines dans l'Eq. 3.1) permet d'adapter le modèle en fonction de l'espèce considérée et de la zone géographique.

$$\left\{ \begin{array}{l} \dot{E} = \gamma_{Ao}(\beta_1 A_{1o} + \beta_2 A_{2o}) - (\mu_E + z \cdot f_E)E \\ \dot{L} = z \cdot f_E E - (m_L(1 + L/k_L) + f_L)L \\ \dot{P} = f_L L - [m_P + f_P]P \\ \dot{A}_{em} = f_P P \sigma \exp[-\mu_{em}(1 + P/k_P)] - (m_A + \gamma_{Aem})A_{em} \\ \dot{A}_{1h} = \gamma_{Aem} A_{em} - (m_A + \mu_r + \gamma_{Ah})A_{1h} \\ \dot{A}_{1g} = \gamma_{Ah} A_{1h} - (m_A + f_{Ag})A_{1g} \\ \dot{A}_{1o} = f_{Ag} A_{1g} - (m_A + \mu_r + \gamma_{Ao})A_{1o} \\ \dot{A}_{2h} = \gamma_{Ao}(A_{1o} + A_{2o}) - (m_A + \mu_r + \gamma_{Ah})A_{2h} \\ \dot{A}_{2g} = \gamma_{Ah} A_{2h} - (m_A + f_{Ag})A_{2g} \\ \dot{A}_{2o} = f_{Ag} A_{2g} - (m_A + \mu_r + \gamma_{Ao})A_{2o} \end{array} \right. \quad (3.1)$$

Nous avons appliqué ce modèle générique de dynamique de population de moustiques à différentes espèces de Camargue (*Anopheles hyrcanus*, *Anopheles maculipennis*, *Culex pipiens*, *Culex modestus*, et *Aedes caspius*) [Cailly *et al.*, 2012, Ezanno *et al.*, 2012], ainsi qu'à *Aedes albopictus* en zone urbaine dans la région de Nice [Tran *et al.*, 2013]. La confrontation des résultats des simulations à des relevés entomologiques de terrain (exemple Figure 3.4) montre la capacité du modèle à prédire la dynamique d'une population de moustique sur plusieurs années, confirmant ainsi son caractère générique.

D'autre part, l'analyse de sensibilité de chacun des modèles, qui quantifie l'impact de la variation des paramètres d'entrée du modèle sur la variation des sorties (*e.g.* pic d'abondance d'adultes, date du pic, taux d'attaque, date d'émergence,...), permet d'identifier les paramètres du modèle auxquels il est le plus sensible. Ces paramètres les plus influents sont les paramètres à estimer le mieux mais aussi des points de contrôle potentiels du système biologique : lorsque cela est envisageable, agir sur ces paramètres permet de contrôler efficacement la dynamique de population.

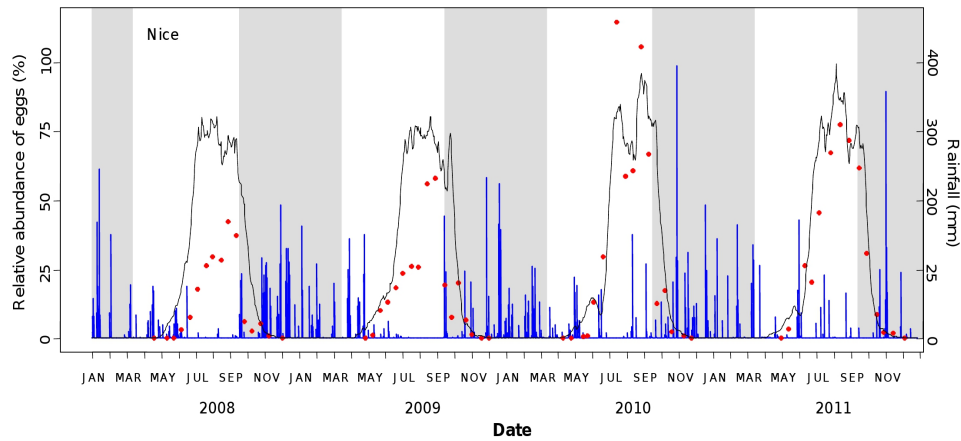


FIGURE 3.4 – Validation du modèle de dynamique de population de moustiques appliqué à *Aedes albopictus*, Nice, 2008-2011. Le nombre d'œufs simulé par le modèle (en noir) est comparé au nombre moyen d'œufs collectés dans des œufs pondoirs (en rouge). Les périodes de diapause sont représentées en gris, et la pluviométrie en bleu [Tran *et al.*, 2013].

3.1.3 Applications des modèles de dynamique de population de moustiques

Comparer différentes stratégies de contrôle des populations de moustiques

Afin d'illustrer une application du modèle générique de dynamique de population de moustiques, le modèle de population d'*Anopheles hyrcanus* en Camargue a été utilisé pour comparer l'efficacité de deux stratégies d'application d'un même larvicide : la première consistant à appliquer le larvicide à intervalles de temps réguliers, et la seconde consistant à appliquer le même larvicide lorsque la population de moustiques atteint une valeur seuil. Plusieurs intervalles de temps et plusieurs valeurs de seuil ont été testés. D'autre part, pour chacune des stratégies, différentes surfaces d'application ont été utilisées. Les résultats montrent qu'une application de larvicide à intervalles de temps réguliers (stratégie 1) agit efficacement sur la dynamique des population, de manière plus efficace qu'une gestion des applications basée sur un suivi des populations d'adultes (stratégie 2) (Figure 3.5).

Identifier des périodes à risque de transmission de maladies vectorielles

Pour les maladies transmises par des moustiques comme la fièvre de la Vallée du Rift, les périodes à risque pour la transmission du virus coïncident généralement avec des périodes à fortes densités de populations vectrices. Le modèle de

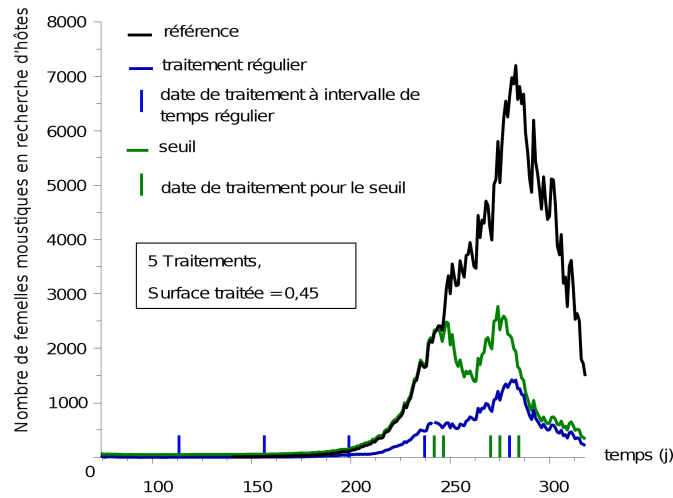


FIGURE 3.5 – Évaluation de deux stratégies de contrôle de populations de moustiques *Anopheles hyrcanus* : dynamique des populations sans traitement (en noir), avec traitements appliqués selon la stratégie 1 (en bleu) et selon la stratégie 2 (en vert) [Cailly *et al.*, 2012].

dynamique de population de *Culex poicilipes* et *Aedes vexans* les deux espèces vectrices de la FVR au Sénégal (§3.1.1), une fois validé, a servi à simuler les populations de ces deux espèces de 1961 à 2003, en fonction des données de pluviométrie journalières. Les sorties du modèle sont les dynamiques de chacune des espèces, ainsi que le produit des deux séries temporelles. Ce dernier indice, dénommé "indice d'abondance simultanée" (ISA), reflète la synchronicité des deux populations : les valeurs élevées de l'indice sont obtenues lorsque les deux populations de moustiques sont abondantes au même moment.

Les simulations mettent en évidence une grande variabilité inter-annuelle des dynamiques de populations des deux espèces (Figure 3.6), avec en général le pic des populations d'*Aedes* précédant celui des *Culex*. D'autre part, la comparaison des sorties du modèle avec les dates d'occurrence d'événements de FVR (épidémie ou épizootie) reportés au Nord Sénégal et au Sud de la Mauritanie entre 1987 et 2003 montre que les épisodes de FVR déclarés en 1987, 1993 et 2003 correspondent à des années pour lesquelles le modèle prédit des valeurs élevées de l'ISA - alors que ce ne sont pas les années avec les plus fortes pluviométries. Ainsi, cet indice pourrait constituer un indicateur pour les années à risque de transmission [Soti *et al.*, 2012].

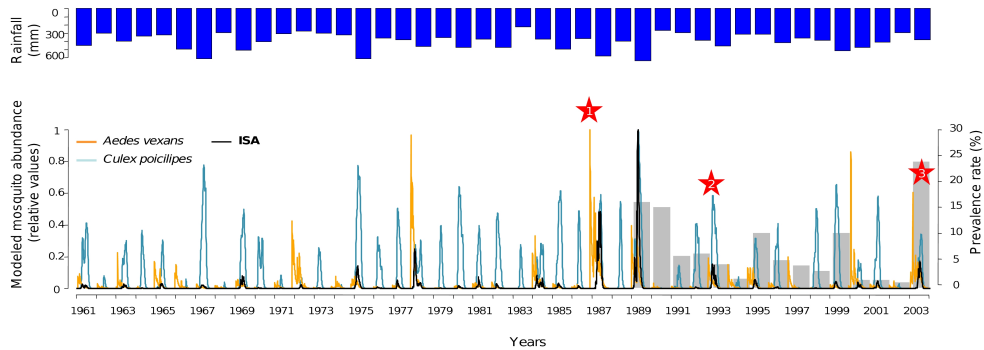


FIGURE 3.6 – Modélisation des dynamiques de populations de moustiques, Nord Sénégal, 1961-2003 : *Aedes vexans* (courbe orange), *Culex poicilipes* (courbe bleue) et indice d'abondance simultanée (en noir). La pluviométrie est représentée en bleu. Les étoiles indiquent les années d'épidémie ou d'épizootie de FVR [Soti *et al.*, 2012].

3.2 Modélisation de la dynamique spatiale de populations d'insectes

Dans le paragraphe précédent, nous avons détaillé comment la dynamique temporelle d'une population d'insectes (de moustiques, en l'occurrence) pouvait être modélisée de façon mécaniste, de manière à reproduire les principales étapes de leur cycle de vie, et comment de tels modèles pouvaient être appliqués pour comparer des stratégies de contrôle vectoriel ou pour identifier des périodes à risque de transmission. Ces modèles sont développés pour décrire la variabilité temporelle de la dynamique des moustiques, et sont donc très complémentaires des modèles statistiques de distribution spatiale des insectes présentés dans la partie 2 (§2.2) : les sorties du modèle de dynamique de population peuvent être très simplement couplées aux cartes de distribution des populations (exemple Figure 2.7) pour prédire l'évolution des populations dans le temps et dans l'espace. Cependant, ce faisant on fait l'hypothèse qu'il n'y a pas d'interactions entre les populations de deux cellules (ou pixels) voisines, ce qui n'est pas vérifié lorsque la taille des cellules est inférieure à la distance de déplacement des insectes, qui peuvent passer d'une cellule à l'autre et de ce fait modifier la dynamique de population globale. Dans ce paragraphe, nous présentons des modèles dynamiques de dynamique de population spatialement explicites, qui permettent de prendre en compte les déplacements des insectes et d'étudier des phénomènes de dispersion et de l'impact du paysage sur celle-ci.

3.2.1 Un modèle de diffusion appliqué à la dispersion des insectes ailés

Dans le cadre de ma thèse de doctorat, l'équation de diffusion classique en milieu homogène appliquée aux insectes [Okubo et Kareiva, 2001] a été ré-écrite afin d'exprimer les rôles séparés de tous les processus de forçage pouvant influencer sur les déplacements des insectes : les forces de transport (transport passif dû au vent par exemple), les forces d'attraction ou de répulsion (*e.g.* mouvements actifs des insectes attirés par la présence humaine) et l'effet de la rugosité du paysage sur le mouvement des insectes [Tran, 2004, Raffy et Tran, 2005, Tran et Raffy, 2006].

Dans cette nouvelle forme (Eq. 3.2), les paramètres associés à chacun des processus peuvent être estimés à partir de données météorologiques ou de données environnementales extraites d'images de télédétection, comme l'occupation du sol ou la densité de population humaine (voir les exemples de la Partie 1).

$$\left. \begin{aligned} \frac{\partial \rho}{\partial t}(P, t) - \operatorname{div} \left[D_R(P, t) \cdot \overrightarrow{\operatorname{grad}} \rho(P, t) \right] + \operatorname{div} \left[D_W(P, t) \cdot \overrightarrow{W}(P, t) \cdot \rho(P, t) \right] \\ + \operatorname{div} \left[K_H \cdot \rho(P, t) \cdot \overrightarrow{\operatorname{grad}} H(P, t) \right] = \alpha(P, t) - \beta(P, t) \end{aligned} \right\} \quad (3.2)$$

où ρ est la quantité volumique d'insectes au point P et au temps t ,
 $D_R(P, t)$ et $D_W(P, t)$ sont des tenseurs qui expriment la déformation locale créée par la rugosité du paysage sur le flux d'insectes et le flux de vent,
 $\overrightarrow{W}(P, t)$ est le champ de vent local au point P et au temps t ,
 $H(P, t)$ est la présence humaine qui crée une force attractive,
 $\alpha(P, t)$ correspond au nombre de naissances au point P et au temps t ,
et $\beta(P, t)$ au nombre de morts.

Un tel modèle permet de décrire par exemple la dispersion des moustiques autour des gîtes larvaires en fonction du type de paysage (exemple Figure 3.7), en particulier de visualiser l'effet d'une densité de végétation variable sur les distances de dispersion. Néanmoins, la phase démographique est très simplifiée dans ce modèle.

3.2.2 Modélisation en réseau d'itérations couplées de la dynamique d'une population de moustiques en environnement hétérogène

Ce type de modélisation a été adopté dans le cadre de la thèse de P. Cailly afin d'intégrer une composante spatiale dans le modèle de dynamique de temporelle décrit précédemment [Cailly *et al.*, 2011, Cailly *et al.*, 2012]. Dans cette catégorie de modèle, l'espace est discrétisé en cellules identiques, chacune d'elle identifiée par ses coordonnées (i, j) , et les populations sont décrites pour chaque cellule. Le modèle permet la distinction d'une phase démographique sur chaque

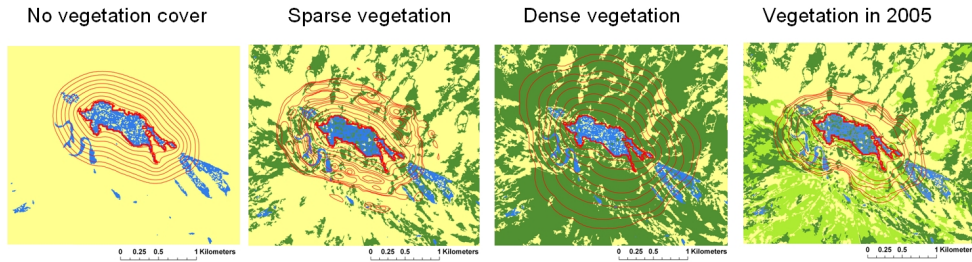


FIGURE 3.7 – Dispersion des moustiques *Culex poicilipes* autour d'un gîte larvaire dans différents types de paysages simulés en zone sahélienne. Les isolignes (en rouge) représentent la densité de moustiques. La végétation est représentée en vert, les sols nus en jaune et l'eau en bleu [Lambin *et al.*, 2010].

cellule de l'espace discrétisé et d'une phase de dispersion des individus des différents stades entre les cellules.

Le système d'équations différentielles ordinaires (Eq. 3.1) a donc été modifié pour décrire en chaque cellule (i, j) l'évolution des différents stades, et prendre en compte le déplacement des adultes (en recherche de sites de ponte ou d'hôtes à piquer). Ici les hôtes et les sites de pontes constituent donc des "attracteurs", et le type de milieu traversé (plus ou moins favorable aux déplacements) va impacter les temps de déplacements, processus pris en compte par le calcul de distance de moindre coût [Cailly *et al.*, 2011]. Le modèle, qui nécessite encore des développements techniques, permet par exemple d'illustrer l'influence du type de milieu sur les dynamiques de populations (Figure 3.8). À terme, ce modèle permettra de simuler la dynamique spatio-temporelle de populations de moustiques, et de comparer différentes stratégies de contrôle des populations en tenant en compte des caractéristiques spatiales de celles-ci (taux de couverture, milieux ciblés, etc.).

3.3 Modélisation des interactions spatiales hôtes-vecteurs dans le cas d'une maladie multi-hôtes

Dans les parties précédentes, nous avons montré comment la télédétection et les méthodes d'analyse de corrélation permettaient de cartographier les distributions des hôtes et des vecteurs. Néanmoins, dans le cas des maladies infectieuses multi-hôtes, plusieurs espèces peuvent être impliquées dans le cycle de transmission. L'étude de telles maladies nécessite le développement de méthodes permettant de calculer des facteurs de risque intégrateurs de l'hétérogénéité spatiale et temporelle des interactions hôtes-vecteurs. C'est le cas de la fièvre du Nil Occidental (Table 2), une maladie multi-hôtes, émergente, que nous avons étudiée en Camargue, dans le cadre du projet EDEN [Tran *et al.*, 2007, Tran *et al.*, prep].

Le virus du Nil Occidental (WNV) peut être transmis par différentes espèces

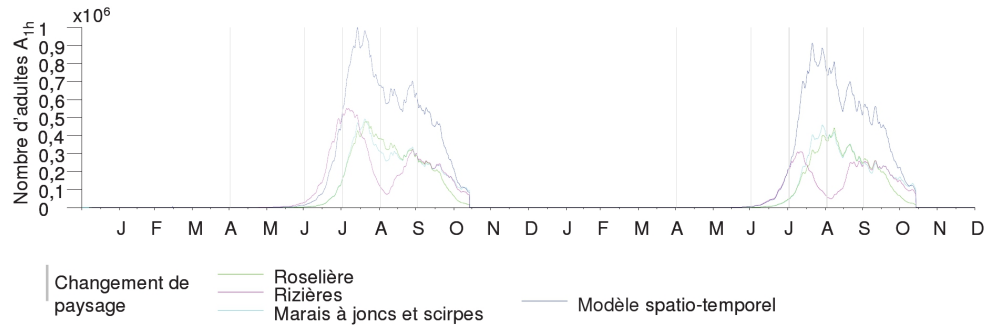


FIGURE 3.8 – Premières illustrations du modèle spatio-temporel sur paysage réel, Camargue, évoluant dans le temps [Cailly *et al.*, 2011]. Comparaison d'une sortie du modèle spatio-temporel agrégée dans l'espace sur l'ensemble de la zone (en bleu foncé) et dans les différents types de milieux qui évoluent dans le temps (roselières, marais et rizières).

de moustiques vecteurs à un très grand nombre d'espèces d'oiseaux sauvages. Les hommes et les chevaux peuvent également être infectés, mais sont considérés comme des "culs-de-sac" épidémiologiques (une fois infectés, ils ne transmettent pas le virus à un nouvel hôte). Nous avons adopté une approche de modélisation spatiale pour tester différentes hypothèses écologiques sur les modes de transmission du WNV, concernant l'introduction du virus dans la zone, son amplification et son émergence (Table 3.1).

Tout d'abord, nous avons caractérisé la distribution spatiale et saisonnière de différentes espèces d'oiseaux et de moustiques pouvant jouer un rôle dans le cycle de transmission du virus en Camargue (distributions validées par des collections entomologiques et des comptages). Ensuite, nous avons utilisé les fonctionnalités des SIG pour cartographier les aires potentielles de transmission en nous basant sur la co-occurrence des hôtes et des vecteurs considérés, et leurs abondances, produisant ainsi des cartes de circulation et d'émergence du virus WN pour l'ensemble des combinaisons des différents mécanismes d'introduction, d'amplification et d'émergence envisagés, chaque combinaison correspondant à un scénario de transmission possible (Table 3.1). Enfin, nous avons pu évaluer l'importance relative de ces différents *scenarii* pour expliquer les patrons de transmission observés en Camargue, en comparant ces cartes avec des données épidémiologiques issues de jeux de données indépendants (séro-prévalence mesurée sur l'avifaune sauvage et sur la population équine) par la méthode des poids d'Akaike [Burnham et Anderson, 2004].

Les résultats montrent que certaines combinaisons des hypothèses d'introduction, d'amplification et d'émergence expliquent les patrons de transmission observés en Camargue (Figure 3.9), alors que certaines hypothèses peuvent être écartées. En particulier, l'étude met en évidence le rôle des oiseaux migrateurs dans l'introduction du virus, l'existence d'une hétérogénéité de compétence dans

l'avifaune sauvage et l'absence d'effet de dilution dans le contexte camarguais (Table 3.1). Ce type d'approche peut être adapté à d'autres zones humides européennes où des épidémies de fièvre du Nil Occidental ont été reportées, et de manière plus générale pour tester différentes hypothèses écologiques de transmission dans le cas de pathogènes multi-hôtes.

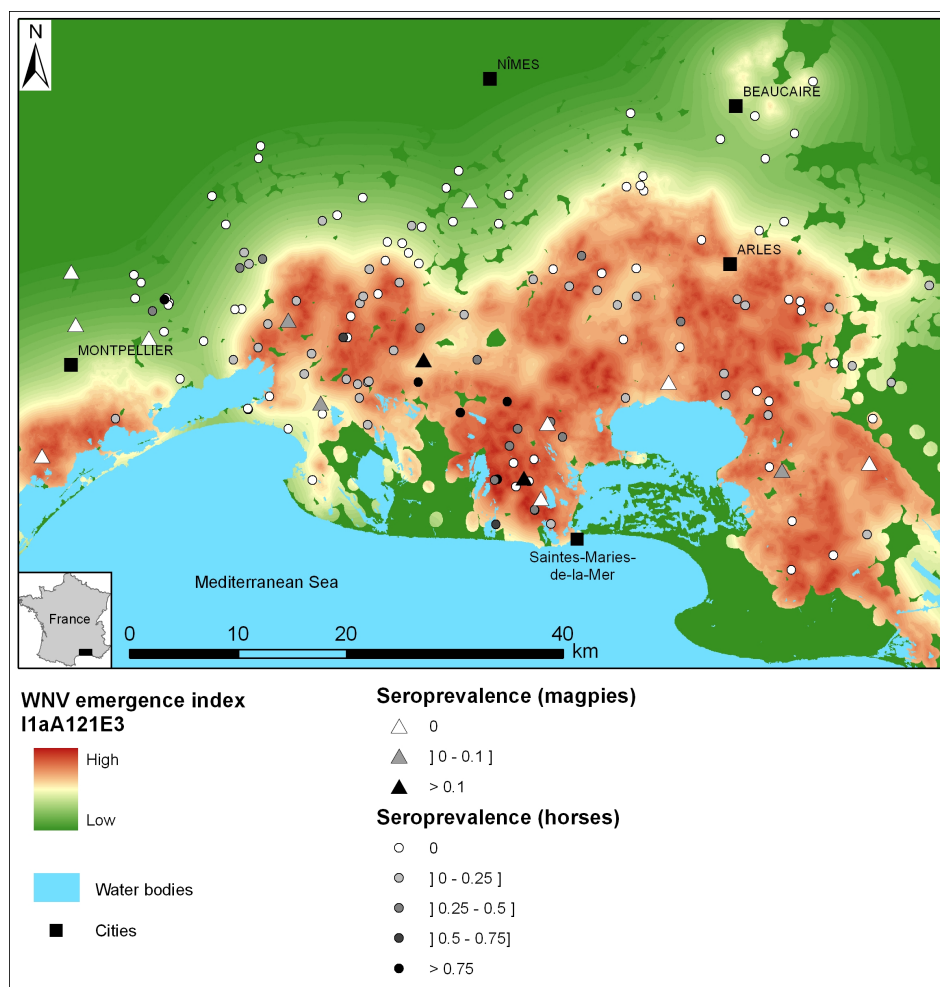


FIGURE 3.9 – Carte de l'indice de risque d'émergence du virus du Nil Occidental et résultats de séro-prévalence mesurée chez les pies et les chevaux [Tran *et al.*, prep].

Étape	Mécanisme	Définition	Code	Résultats de notre étude	
Introduction	Introduction par les oiseaux migrateurs [Jourdain <i>et al.</i> , 2007b, Owen <i>et al.</i> , 2006] [Rappole et Hubalek, 2003]	Par les migrateurs d'Afrique du Nord ou saharienne	I1a	++	
		Par les migrateurs en provenance d'Europe du Nord et de l'Est	I1b	++	
		<i>Culex modestus</i>	I2a	-	
Amplification	"Overwintering" du virus chez une ou plusieurs espèces de moustiques infectés [Balenghien <i>et al.</i> , 2008, Farajollahi <i>et al.</i> , 2005, Nasci <i>et al.</i> , 2001]	<i>Culex pipiens</i>	I2b	-	
		Les deux espèces	I2c	+	
		<i>Culex modestus</i>	A1xx	++	
		<i>Culex pipiens</i>	A2xx	-	
		Les deux espèces	A3xx	+	
	Hétérogénéité dans la compétence des hôtes		Les pies et les moineaux sont les principaux hôtes en Camargue [Jourdain <i>et al.</i> , 2007a]	Ax1x	-
			Toutes les espèces d'oiseaux sont impliquées, avec des compétences variables [Komar <i>et al.</i> , 2003]	Ax2x	++
			Toutes les espèces d'oiseaux sont impliquées, avec des compétences homogènes	Ax3x	-
			Pas d'effet particulier	Axx1	++
			La diversité réduit les taux de transmission (effet dilution)	Axx2	-
Emergence	La transmission vers les hôtes sensibles implique une ou plusieurs espèces de moustiques vecteurs [Balenghien <i>et al.</i> , 2006, Balenghien <i>et al.</i> , 2007, Balenghien <i>et al.</i> , 2007]	<i>Culex modestus</i>	E1	-	
		<i>Culex pipiens</i>	E2	-	
		Les deux espèces	E3	+	

TABLE 3.1 – Mécanismes de transmission du virus du Nil Occidental entre les populations d'hôtes et de vecteurs et résultats pour la Camargue [Tran *et al.*, prep].

3.4 Modélisation du risque de transmission d'un pathogène dans le cas d'une maladie vectorielle

Dans les paragraphes précédents, nous avons détaillé comment modéliser les dynamiques spatiales et temporelles de populations de vecteurs, ainsi que des contacts entre des populations d'hôtes et de vecteurs. Cependant, l'abondance des vecteurs ou les taux de contacts hôtes-vecteurs ne sont qu'une des nombreuses composantes du risque de transmission d'un pathogène. Ici nous présentons comment la cartographie de la distribution des hôtes et des vecteurs peut être intégrée dans des modèles épidémiologiques de transmission.

3.4.1 Cartographier le " R_0 "

Les modèles épidémiologiques de la transmission d'un agent pathogène dans une population hôte ont pour objectif principal la description des mécanismes de la transmission, afin par exemple de *i*) mieux comprendre ces mécanismes mis en jeu, *ii*) identifier les points de contrôle et les facteurs d'incertitude, *iii*) comparer différents *scenarii* ou stratégies de contrôle (vaccination, lutte anti-vectorielle, etc.), et *iv*) - si le modèle est validé- prédire la dynamique de transmission. En particulier, ces modèles permettent d'estimer le taux de reproduction de base (R_0), défini comme le nombre de cas secondaires générés à partir de l'introduction d'un premier cas infecté dans une population d'hôtes sensibles. Cet indicateur traduit la notion de seuil pour qu'un pathogène se propage ($R_0 > 1$) ou non ($R_0 < 1$) dans une population.

La majorité des modèles épidémiologiques sont des modèles en compartiments : les populations d'hôtes - et de vecteurs pour les maladies vectorielles - sont divisées en un nombre réduit de classes (compartiments) d'individus dans le même état infectieux. Au moins deux statuts individuels sont définis : sensible (S) et infecté (I), mais d'autres compartiments et transitions entre compartiments sont envisageables selon le système biologique étudié [Ezanno, 2010]. Le " R_0 " d'une maladie vectorielle peut être déduit de ce schéma de transmission en compartiment, et exprimé sous la forme suivante (cas pour un cycle de transmission impliquant une espèce d'hôtes et une espèce vectrice) [MacDonald, 1952, Garrett-Jones et Grab, 1964] :

$$R_0 = \frac{ma^2p^n}{-\ln p} \cdot \frac{b}{r} \quad (3.3)$$

où m est le nombre de vecteurs par hôte,
 a le taux de vecteurs piquant par jour,
 p le taux de survie journalier des vecteurs,
 n la durée d'incubation extrinsèque (en jours),
 b la probabilité de transmission du pathogène du vecteur à l'hôte (*i.e.* la compétence vectorielle),

et $1/r$ la durée pendant laquelle un hôte est infectieux.

Il faut noter que dans l'équation 3.3, le membre de gauche correspond à la capacité vectorielle, définie comme le nombre de piqûres potentiellement infectantes qu'un hôte infecté peut générer par l'intermédiaire de la population vectrice [Garrett-Jones et Grab, 1964]. Le produit de la capacité vectorielle et de la compétence vectorielle constitue un indice de risque entomologique [Poncon *et al.*, 2008].

Ainsi, le taux de reproduction de base d'une maladie peut être "décortiqué" en différentes composantes, qui peuvent être estimées par des mesures de terrains ou des expérimentations en laboratoire. Ces différentes composantes peuvent être considérées constantes ou bien variables dans le temps - en fonction de variables météorologiques comme la température par exemple, ainsi que dans l'espace. Les taux de contacts hôtes-vecteurs (ma), en particulier, varient dans le temps et dans l'espace, et les cartes de distribution de vecteurs comme les moustiques ou les *Culicoides* élaborées précédemment (Partie 2, §2.2) vont permettre de spatialiser cette composante et de produire des cartes de R_0 [Guis *et al.*, 2012] ou de l'indice de risque entomologique défini précédemment [Poncon *et al.*, 2008, Tran *et al.*, 2010b]. Une telle intégration de l'approche statistique pour prédire l'abondance des vecteurs à partir d'imagerie satellite d'une part, et de l'approche de modélisation mécaniste sous-jacente à la formule du R_0 d'autre part, est relativement récente [Hartemink *et al.*, 2009].

3.4.2 Exemple d'application : étudier l'impact de changements environnementaux sur les maladies à transmission vectorielle

Une approche par modélisation peut permettre de comparer différents *scenarii*, comme par exemple les valeurs du taux de reproduction de base R_0 dans différentes régions, ou bien à différentes dates. A condition que les composantes du R_0 dépendent de façon explicite de variables environnementales comme la température, ou l'occupation du sol, cet outil peut être utilisé pour comparer différentes situations et ainsi étudier l'impact de changements comme le changement climatique ou les changements d'occupation du sol sur le risque d'occurrence de maladies à transmission vectorielle.

Dans le cadre de son post-doc, Hélène Guis a ainsi modélisé le risque de transmission de la fièvre catarrhale ovine (FCO) par une approche R_0 , en prenant en compte pour chacun des paramètres la dépendance à des variables climatiques comme la température et la pluviométrie [Guis *et al.*, 2012]. Elle a ensuite cartographié les valeurs de R_0 pour l'Europe de l'Ouest de 1961 à 2000 d'après des données climatiques historiques et dans le futur (jusqu'à 2050) à partir de simulations issues de modèles climatiques, et étudié l'évolution des anomalies de R_0 , en comparaison avec une valeur moyenne de référence calculée pour l'ensemble de la période étudiée (1961-1999). Les cartes obtenues (exemple Figure 3.10) mettent en évidence une augmentation du risque de transmission selon un gra-

dient nord-sud (Figure 3.10a) et au fil des décennies (Figure 3.10b-f). Ainsi, l'émergence de la FCO en Europe du Nord en 2006 coïncide avec l'année pour laquelle l'anomalie de R_0 était la plus forte depuis 1961. D'autre part, cette approche a permis de différencier l'impact du changement climatique entre le nord et le sud de l'Europe : au nord, les anomalies positives de R_0 sont principalement dues aux changements de température et leur impact sur la durée de la période d'incubation extrinsèque, ainsi que le taux de piqûre; au sud, il se traduit par des modifications des taux de contact hôte-vecteur.

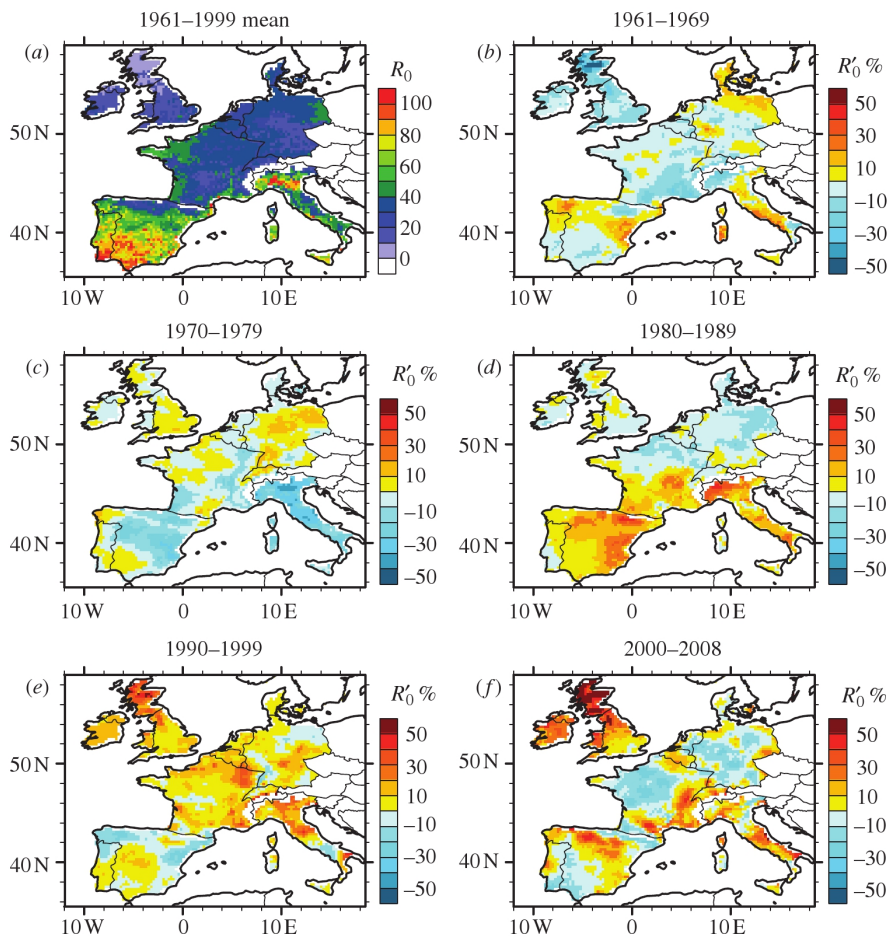


FIGURE 3.10 – Évolution du taux de reproduction de base (R_0) de la fièvre catarrhale ovine en Europe de l'Ouest. a) Moyenne calculée sur la période 1961-1999. b-f) Anomalies relatives de R_0 pour différentes décades [Guis *et al.*, 2012].

3.5 Conclusions

Dans cette troisième partie qui conclut la présentation de l'ensemble de mes travaux de recherche, l'apport d'une approche de modélisation a été détaillé pour le cas de différentes maladies à transmission vectorielle. Nos résultats soulignent l'intérêt d'une telle approche à plus d'un titre : en particulier *i*) comme outil d'intégration des connaissances (issues de données d'observation, d'expérimentation, de dires d'experts, d'une analyse préalable des données, etc.), *ii*) pour prendre en compte les dimensions temporelles et spatiales ainsi que l'influence de conditions environnementales sur le système vecteur-hôte-pathogène étudié, et *iii*) comme outil de simulation pour tester différentes hypothèses ou des *scenarii* de changements, ce qui peut difficilement être fait par des approches expérimentales.

La mise en œuvre d'une telle approche requiert des collaborations et des discussions à l'interface entre plusieurs disciplines, un tel dialogue permettant de bien définir l'objectif de l'étude, d'établir les connaissances sur le système biologique étudié et les simplifications acceptables, ainsi que de formuler les hypothèses à vérifier [Ezanno, 2010]. A noter que ces allers-retours nécessaires entre biologie et modélisation sont généralement très riches (Figure 3.11), le modèle devenant alors un "objet intermédiaire" facilitant le dialogue inter-disciplinaire.

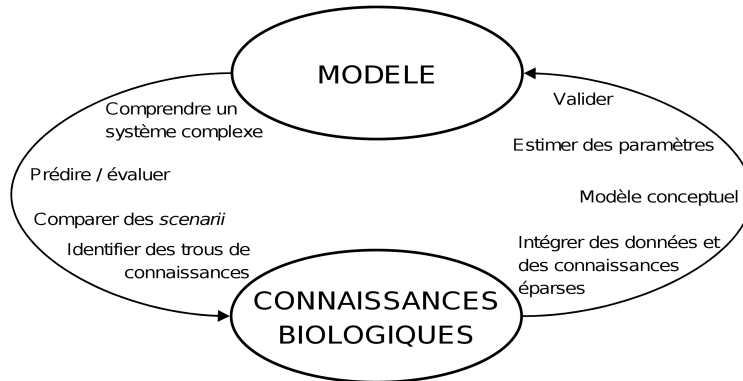


FIGURE 3.11 – Les apports réciproques de la biologie et de la modélisation [Ezanno, 2010].

Dans la dernière partie de ce mémoire nous discutons l'ensemble des résultats présentés dans les parties 1, 2 et 3, et en présentons les perspectives de recherche.

Partie 4

DISCUSSION GÉNÉRALE ET PERSPECTIVES DE RECHERCHE

4.1 Points de discussion

4.1.1 L'apport de la télédétection à l'épidémiologie

Depuis les prémises des applications de la télédétection à l'épidémiologie dans les années 1980, celles-ci ont connu un essor très important, tant en épidémiologie humaine qu'en épidémiologie animale, essor illustré par exemple par l'augmentation du nombre de publications scientifiques relatives à ces thèmes (Figure 4.1). En effet, la télédétection permet de définir des indicateurs relatifs aux populations étudiées, à l'habitat des vecteurs et des réservoirs sauvages des pathogènes (en particulier par la caractérisation de l'occupation du sol), au suivi de ces indicateurs dans le temps, et ce, à différentes échelles spatiales. Elle constitue ainsi un outil particulièrement adapté aux zones géographiques pauvres en données, difficiles d'accès, ou bien théâtre de changements rapides.

Un autre indicateur de l'essor des applications de la télédétection à l'épidémiologie est l'utilisation -récente- de l'imagerie satellite par les acteurs de santé publique - et donc le transfert des résultats de la recherche vers les utilisateurs comme par exemple les agences en charge de la lutte anti-vectorielle. Depuis 2012, je conduis ainsi deux expertises, l'une pour l'Entente Interdépartementale pour la Démoustication du littoral méditerranéen (EID-Méditerranée) sur la surveillance d'*Aedes albopictus*, l'autre pour le centre européen de contrôle et de prévention des maladies (ECDC) sur l'émergence de la fièvre de West Nile en Europe. Ces deux institutions intègrent donc dès à présent des données issues de la télédétection, ainsi que les résultats d'analyse et de modélisation du risque dans leurs plans de prévention, de surveillance et de contrôle de maladies à transmission vectorielle.

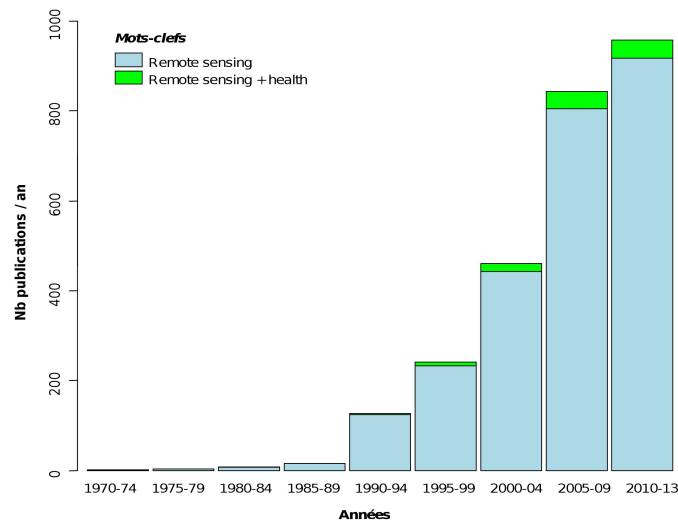


FIGURE 4.1 – Nombre de publications par année selon les critères de recherche sous *IsiWeb of Knowledge* : remote sensing *vs* remote sensing AND (health OR epidem* OR disease OR virus).

Comme nous l'avons souligné dans la Partie 1, la mise en œuvre de méthodes basées sur les techniques d'observation de la Terre en épidémiologie repose sur une forte dose d'interdisciplinarité entre épidémiologistes, écologues, géographes, télédéTECTEURS, modélisateurs... Cette mise en œuvre est facilitée au sein d'unités de recherche interdisciplinaires (comme l'unité AGIRs), et peut être promue par les projets européens comme EDEN (2005-2010) mettant en collaboration différentes équipes européennes et africaines de disciplines variées, ainsi que par les formations dispensées auprès des étudiants sur l'épidémiologie spatiale.

Dans le futur, l'évolution très rapide des technologies d'observation de la Terre, mais aussi de positionnement qui permettent le suivi de populations par télémétrie GPS par exemple soulève de nouvelles questions sur l'utilisation de la télédétection dans le cadre d'études épidémiologiques parmi lesquelles : *i*) des questions sur le développement de nouveaux indicateurs, issus de données à très haute résolution spatiale mais aussi à forte répétitivité temporelle générant des volumes de données importants ; *ii*) en particulier, sur la cartographie d'indicateurs adaptés à la description de la distribution des populations animales domestiques ou sauvages, ainsi que leur suivi dans le temps et dans l'espace et *iii*) des questions sur l'assimilation de ces indicateurs dans les modèles épidémiologiques.

4.1.2 Vers une meilleure compréhension des déterminants de la dynamique de transmission d'un pathogène

Les différentes études menées au fil de mon parcours sur les déterminants environnementaux des maladies à transmission vectorielle (au sens large), présentées dans les parties 2 et 3 de ce mémoire, contribuent à une meilleure compréhension de l'influence de ces déterminants - en particulier, le paysage - sur la transmission de différents pathogènes. De ces exemples variés, et d'autres études de cas issues du projet EDEN, nous avons essayé d'identifier des principes généraux d'épidémiologie spatiale, formulés sous forme de "propositions" de portée générale pour différentes maladies et contextes géographiques [Lambin *et al.*, 2010].

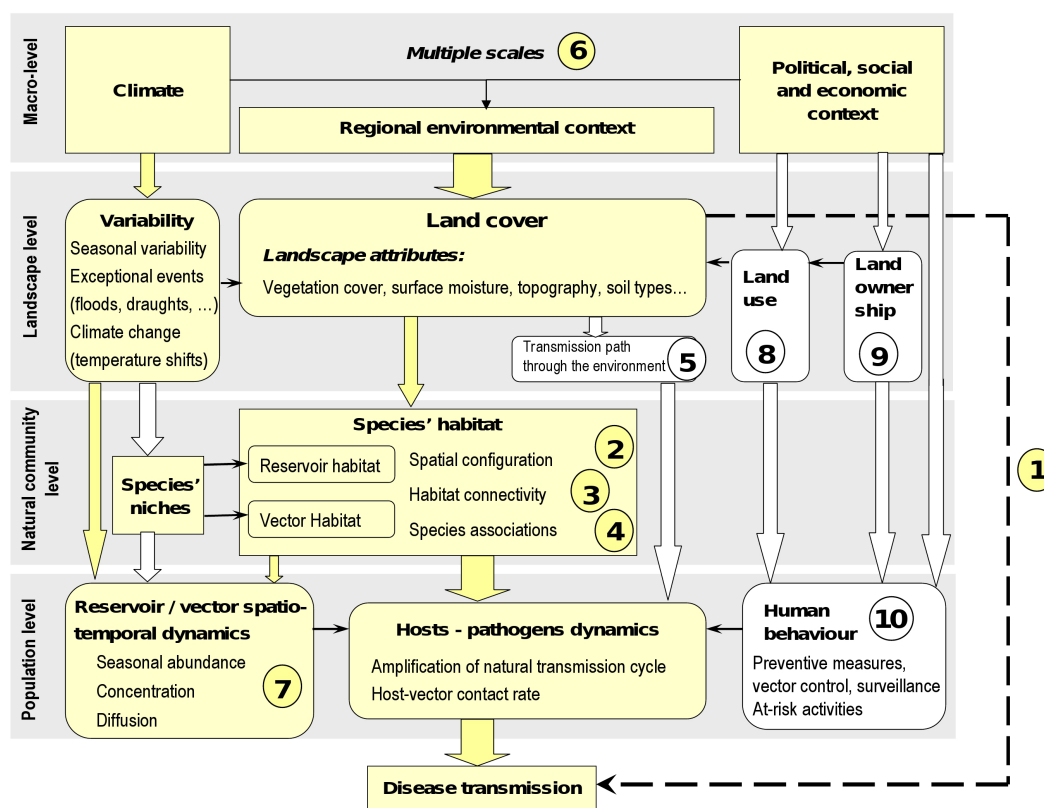


FIGURE 4.2 – Représentation graphique des déterminants paysagers de la transmission d'un pathogène. Les numéros font références aux propositions de l'article de Lambin *et al.* (2010). Les compartiments et numéros en jaune correspondent aux points abordés dans le cadre de mes travaux de recherche.

Ces dix propositions (résumées dans le graphique Figure 4.2) concernent les patrons et processus spatiaux associés aux cycles de transmission de pathogènes, à l'échelle du paysage, et peuvent être résumées comme suit :

1. Les caractéristiques du paysage influencent la transmission d'un pathogène ;
2. L'hétérogénéité spatiale du risque de transmission dépend non seulement de la présence ou de la surface d'habitats critiques mais aussi de leur configuration spatiale ...
3. ... et en particulier, de leur connectivité ;
4. Le paysage est un indicateur d'associations particulières entre les hôtes réservoirs et les vecteurs ;
5. L'environnement physique peut aussi jouer le rôle de réservoir d'un pathogène ;
6. L'émergence et la distribution d'un pathogène dépendent de différents types de facteurs agissant à différentes échelles ;
7. Le paysage et les variables météorologiques ont un impact sur la dynamique saisonnière, la concentration spatiale et la diffusion des pathogènes ;
8. La variation spatiale du risque de transmission dépend non seulement de l'*occupation* du sol mais aussi de l'*utilisation* du sol par les populations d'hôtes ;
9. La relation entre l'utilisation du sol et la probabilité de contact entre des vecteurs ou des animaux réservoirs et les hôtes humains dépend aussi du foncier ;
10. Le comportement humain est un facteur-clé des taux de contacts entre les hommes et les vecteurs, et donc du risque d'infection.

De manière très générale, les variations spatiales du risque d'infection sont ainsi contrôlées par trois types de facteurs : *i*) le cycle de transmission et la biologie des pathogènes, des vecteurs et des hôtes ; *ii*) le fonctionnement des écosystèmes à l'échelle du paysage ; et *iii*) l'utilisation du sol, le comportement, la mobilité, la connaissance et la perception du risque par les populations humaines ainsi que le contexte politique, social et économique. La plupart des études en épidémiologie spatiale ont jusqu'ici accordé moins d'importance aux deux derniers types de facteurs, dont la compréhension constitue un défi majeur de l'épidémiologie paysagère [Lambin *et al.*, 2010]. Pour ma part, je n'ai que très peu abordé les questions liées aux pratiques humaines lors de mes travaux de recherche (Figure 4.2), problématique qui fait partie du projet de recherche présenté ci-après (§4.2).

D'autre part, un autre déterminant important de l'hétérogénéité spatiale de la transmission d'un pathogène, non listé dans les propositions ci-dessus, concerne les aspects phylogénétiques des pathogènes et de leurs hôtes. En effet, les outils moléculaires et génétiques permettent aujourd'hui d'identifier et de suivre l'évolution des souches pathogènes et contribuent notamment à mieux comprendre les modes de transmission : différents cas infectés par la même souche de pathogène indiqueraient une infection récente et la transmission du pathogène entre les individus. Le couplage des résultats de ces analyses

avec les résultats d'analyses spatiales permet donc de déterminer si un agrégat spatial identifié résulte bien d'une transmission plus importante du fait de conditions environnementales particulières, ou bien révèle simplement une plus grande vulnérabilité des populations (conditions socio-économiques par exemple) à cet endroit [Guernier *et al.*, 2008]. Par ailleurs, la reconstruction de l'arbre phylogénétique des espèces permet de mettre en regard l'histoire évolutive de celles-ci avec des *scenarii* historiques (migrations, changements d'occupation du sol,...), et ainsi de mieux comprendre la distribution actuelle des pathogènes. Or, les outils d'analyse spatiale pourraient être davantage utilisés dans ce type d'étude, mettant ainsi "davantage de géographie dans la phylogéographie" [Kidd et Ritchie, 2006], pour être en mesure de mieux comprendre les phénomènes d'émergence [Clements et Pfeiffer, 2009, Murray et Daszak, 2013].

4.1.3 La complémentarité des approches

Télédétection et modèles

L'utilisation, l'assimilation d'indicateurs dérivés d'images d'observation de la Terre dans des modèles statistiques ou mécanistes, soulèvent de nombreuses questions méthodologiques, en particulier, les questions d'échelle et la représentation des données géographiques. Au cours de leurs thèses, H. Guis et V. Soti ont par exemple démontré l'influence de la taille du voisinage utilisé pour le calcul des indices paysagers sur l'identification de ces indices comme facteurs de risque de la FCO [Guis, 2007] et étudié la complémentarité de différents capteurs optiques pour la cartographie, la caractérisation et le suivi des mares temporaires au Sénégal [Soti *et al.*, 2009]. Ces différents tests sont importants pour une utilisation optimale des données de télédétection dans les études épidémiologiques, et d'autre part pour mieux appréhender la robustesse des résultats statistiques obtenus.

Par ailleurs, la prise en compte de l'espace dans les modèles requiert une modélisation des objets géographiques, qui se fait classiquement selon deux modes :

- Le mode vectoriel, dit « vecteur », c'est-à-dire sous forme de points, lignes ou polygones,
- Le mode matriciel, dit « raster », c'est-à-dire sous forme d'une image ou grille composée de cellules de même taille appelées pixels.

Or, les différents travaux de modélisation que nous avons menés (Partie 3) ont montré *i)* que le choix de l'un de ces deux modes de représentation disponibles dans les SIG contraint fortement le type de modélisation, et *ii)* que ces deux modes peuvent ne pas être adaptés à la modélisation d'objets dont la forme change au cours du temps (comme des mares temporaires, par exemple...). Ces constats ont contribué à alimenter la réflexion sur le développement d'un outil à la fois langage de modélisation et environnement de simulation pour l'étude de dynamique des paysages par P. Degenne et D. Lo Seen (UMR TETIS) [Degenne *et al.*, 2009, Degenne *et al.*, 2010]. Cet outil (Ocelet) a été conçu en particulier pour permettre aux modélisateurs de s'affranchir des contraintes liées au choix de représentation des objets géographiques et de modéliser diffé-

rents types d'interactions à l'aide de graphes (relations spatiales, hiérarchiques, fonctionnelles ou sociales). Son utilisation dans le cadre de recherches en épidémiologie sera discuté plus avant dans le projet de recherche (§4.2).

Complémentarité des approches de modélisation

De nombreux travaux de recherche ont utilisé des méthodes statistiques (basées sur des données observées) et des modèles mécanistes (décrivant les processus) pour mieux comprendre et prédire des dynamiques écologiques et épidémiques. Ces deux types d'approches, dont les Parties 2 et 3 de ce mémoire présentent différents exemples, apparaissent hautement complémentaires pour étudier les systèmes complexes comme les cycles de transmission d'une maladie à transmission vectorielle.

En effet, l'étude de tels systèmes se heurte à différentes difficultés, dues au nombre d'espèces, de processus, d'échelles impliquées, les difficultés inhérentes à l'étude de la faune sauvage, des écosystèmes dans leur ensemble, celles dues à un manque de connaissance sur les mécanismes de transmission du pathogène, ou encore du nombre limité d'observations dans le cas de maladies émergentes. Ainsi, afin d'explorer l'ensemble des hypothèses pouvant expliquer l'occurrence d'une maladie, Plowright *et al.* (2008) recommandent d'établir préalablement un modèle conceptuel et un diagramme de cause (exemple Figure 4.3), qui permet de schématiser l'"espace des hypothèses", dans un processus dynamique et itératif au fur et à mesure que les données et les connaissances du systèmes deviennent disponibles [Plowright *et al.*, 2008].

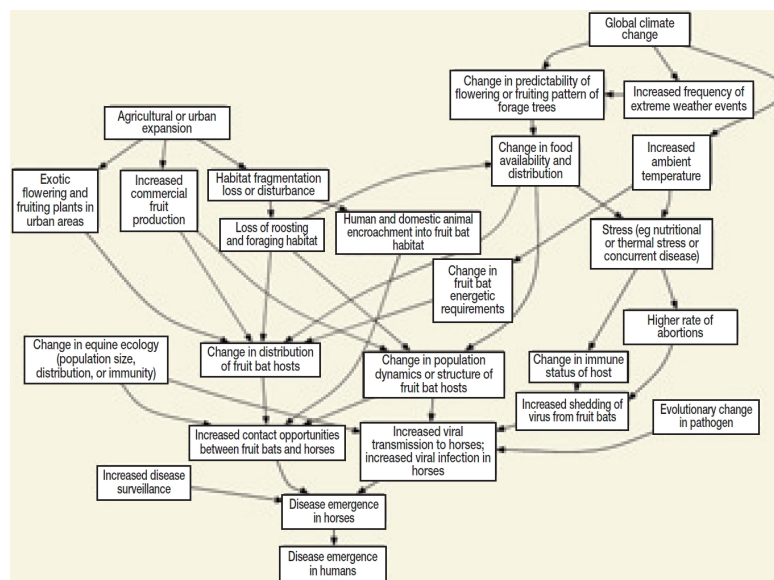


FIGURE 4.3 – Exemple de diagramme causal : facteurs pouvant expliquer l'émergence de virus Hendra en Australie. Source : [Plowright *et al.*, 2008].

D'autre part, les différentes approches (observationnelles *vs* basées sur les processus) sont le plus souvent utilisées de manière séparée, indépendante. A partir de ce constat, Ladeau *et al.* (2011) ont proposé récemment une réflexion sur un cadre conceptuel pour l'assimilation des données dans les modèles mathématiques pour l'étude des maladies infectieuses, afin de relever différents défis : 1) intégrer des données de sources multiples, à différentes échelles spatiales ; 2) tenir compte de l'incertitude dans les méthodes observationnelles et les modèles mécanistes ; 3) intégrer l'ensemble des connaissances en écologie et en épidémiologie. Plus précisément, les auteurs préconisent de relier trois types de modèles : les modèles basés sur les données, les modèles mécanistes de dynamique de transmission et les modèles "spatiaux" pour la cartographie des risques, et proposent une ébauche d'un tel cadre (Figure 4.4).

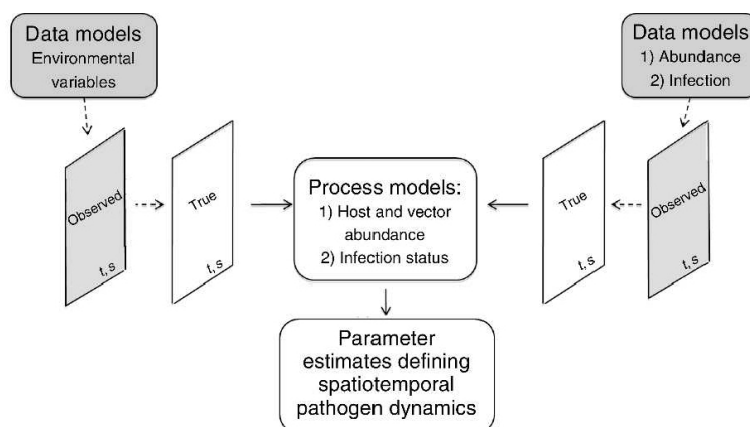


FIGURE 4.4 – Modèle conceptuel pour la compréhension et la prédiction des maladies vectorielles. La modélisation des composantes zoonotiques/écologiques requiert des modèles statistiques ('data models') pour faire le lien entre des données observées et les variables en entrée des modèles mécanistes ('process models'). Source : [LaDeau *et al.*, 2011].

En conclusion, et au regard des différentes études menées lors de mon parcours professionnel, la construction de modèles conceptuels paraît ainsi essentielle pour l'étude des maladies infectieuses vectorielles ou à réservoir sauvage pour d'une part, intégrer l'ensemble des connaissances disponibles sur le cycle de transmission et ses déterminants et d'autre part, mettre en œuvre de manière complémentaire et appropriée les outils de modélisation disponibles. Bien que d'apparence triviale, cette étape est incontournable pour appréhender la complexité des systèmes éco-épidémiologiques étudiés dans un contexte hautement inter-disciplinaire.

4.2 Projet de recherche

4.2.1 Un projet de recherche collectif

Chercheur de l'unité de recherche "Animal et Gestion Intégrée des Risques" (AGIRs) et accueillie dans l'UMR "Territoires Environnement Télédétection et Information Spatiale" (TETIS), mes perspectives de recherche s'inscrivent dans les projets de recherche de ces deux unités.

L'unité Animal et Gestion Intégrée des Risques (AGIRs)

Le projet de l'unité AGIRs du Cirad s'inscrit dans le cadre conceptuel interdisciplinaire et intersectoriel de santé globale ("One Health" et "EcoHealth"), aux interfaces de la santé humaine, de la santé animale et de la santé des écosystèmes. Cette stratégie s'applique à la prévention et à la lutte contre les maladies infectieuses aux interfaces entre animaux sauvages et domestiques et l'Homme en considérant à la fois celles présentant un potentiel pour des épidémies et pandémies mais aussi les maladies animales qui ont un impact sur la sécurité alimentaire et la pauvreté (OIE, 2008). L'unité aborde l'écologie et l'épidémiologie des maladies animales à diverses échelles, avec les objectifs généraux suivants :

- Identifier et évaluer au travers de dispositifs pérennes de surveillance (observatoires), les risques sanitaires majeurs (réels et perçus) liés à l'animal et pouvant pénaliser la santé publique et vétérinaire, le développement et la sécurité des sociétés du Sud et du Nord ;
- Rechercher et quantifier les facteurs structurels et fonctionnels (patterns) et les mécanismes (process) des principaux risques épidémiologiques portés ou subis par l'animal en intégrant les incertitudes liées aux changements locaux ou globaux qui les affectent ;
- Promouvoir une approche intégrée des risques liés à l'animal au sein des systèmes « Homme-Animal » par la recherche de leurs déterminants partagés liés à la mobilité, aux milieux et aux marchés ;
- A l'aide de modèles et de scénarios, concevoir et expérimenter des outils intégrés de prévention, de gestion et d'intervention pour surveiller, prévenir et limiter leurs causes et/ou leurs conséquences (crises) ;
- Intégrer la perception du risque, de l'individu aux institutions, la formation et la communication sur les risques liés à l'animal dans les instruments et les politiques de gestion et de prévention.

L'unité s'appuie sur deux dispositifs structurants principaux, la Plateforme de recherche Produire et Conserver en Partenariat (RP-PCP, Afrique Australe), et le réseau Gestion des risques épidémiologiques émergents en Asie du Sud-Est (GREASE, Asie du Sud-Est).

L'unité Territoires Environnement Télédétection et Information Spatiale (TETIS)

L'UMR TETIS (AgroParisTech - IRSTEA - Cirad) mène des recherches méthodologiques sur la maîtrise de l'information spatiale, mettant en œuvre

une approche intégrée de la chaîne de l'information spatiale, de son acquisition (notamment par télédétection satellitaire) à son traitement, sa gestion et son utilisation par les acteurs. Ses principaux axes de recherche concernent :

- La télédétection, l'acquisition et le traitement de données spatialisées ;
- L'analyse et la modélisation des structures spatiales et dynamiques des systèmes agri-environnementaux et territoriaux ;
- L'ingénierie des systèmes d'information spatialisée, la modélisation et la diffusion des données et connaissances ;
- L'accompagnement des projets de développement territorial et des gestion agri-environnementale en termes d'usage de l'information spatiale et de lien avec les processus de gouvernance.

4.2.2 Projet de recherche personnel

Mon projet de recherche pour les prochaines années se définit à l'interface des unités AGIRs et TETIS, faisant ainsi le lien entre recherches méthodologiques sur l'information spatiale et recherches thématiques sur les déterminants des risques épidémiologiques liés à la faune domestique ou sauvage. En lien avec les deux unités je poursuivrai mes recherches sur le développement d'indicateurs et de modèles spatialisés pour étudier les différentes composantes des systèmes éco-épidémiologiques. En particulier, dans la continuité des travaux menés jusqu'à présent, je souhaite approfondir les recherches sur la modélisation des maladies à transmission vectorielle dans le temps et dans l'espace, notamment pour aborder les questions de généralité des modèles et leur utilisation concrète pour le contrôle des populations de vecteurs et des pathogènes. D'autre part, je souhaite aborder de nouvelles questions de recherche relatives aux pratiques et perceptions des acteurs locaux dans l'analyse des risques épidémiologiques.

Développement d'indicateurs et de modèles spatialisés appropriés pour l'étude des maladies animales

Dans la continuité de mes recherches actuelles, je souhaite tester et questionner l'apport des techniques d'observation de la Terre et des modèles pour l'étude des maladies animales, en m'appuyant sur les différents projets menés par l'unité AGIRs, et les développements méthodologiques de l'unité TETIS. En particulier, je souhaite explorer davantage le potentiel de la télédétection pour la cartographie de la distribution des réservoirs sauvages des pathogènes et des interfaces faune domestique/faune sauvage ainsi que la détection d'anomalies climatiques, et aborder la modélisation des interactions multiples par l'utilisation de l'environnement de simulation *Ocelet*.

Apport de la télédétection à l'épidémiologie : séries temporelles d'images et très haute résolution spatiale. La disponibilité de séries temporelles d'images à moyenne résolution spatiale sur plusieurs décennies (ex. MODIS) ouvre de nouvelles perspectives d'applications en épidémiologie, notamment pour l'utilisation de nouveaux indicateurs (indices d'inondations, de feux, de

changements) en sus des indicateurs "traditionnels" (températures de surface, indices de végétation) pour mieux comprendre la dynamique spatio-temporelle de la distribution de la faune sauvage (ex. oiseaux, buffles, suidés, ...). Et ce, d'autant plus que ces développements sont accompagnés par celui des techniques de positionnement de la faune sauvage (colliers GPS, balises) et la mise à disposition des bases de données correspondantes (en particulier celles concernant l'avifaune sauvage). La mise en relation des deux types d'information paraît très prometteuse pour mieux comprendre et ensuite simuler les dynamiques des populations d'hôtes sauvages, et nécessitera le développement de méthodes statistiques et de modèles appropriés [Leyequien *et al.*, 2007]. Les projets actuels de l'unité AGIRs, notamment sur la distribution des buffles [thèse de doctorat en cours, T. Prin "Rôle de l'hétérogénéité spatiale des ressources et du risque de prédation naturelle et humaine sur la distribution de la population de buffles de la réserve naturelle de Niassa, Mozambique"] et celles des suidés sauvages [projet ASForce, 2012-2015] nous permettront d'approfondir ces questions.

D'autre part, l'apport de la très haute résolution spatiale pour la caractérisation de la distribution des hôtes ou des vecteurs de maladies devra être davantage exploré. Dans bien des cas, les capteurs à haute résolution spatiale (largeur de pixel de 10-20 m) sont suffisants pour caractériser l'habitat des espèces sauvages impliquées à l'échelle du paysage. Néanmoins, une caractérisation plus fine peut être nécessaire, pour par exemple cartographier un habitat très particulier, notamment une espèce d'arbre particulière jouant le rôle de réservoir pour des chauves-souris frugivores, réservoirs du virus Nipah. Le lancement récent de la constellation de satellites Pleiades par le CNES ouvre des perspectives intéressantes pour adresser ces questions, et également questionner le transfert d'échelle et la complémentarité des données de télédétection à très haute, haute et moyenne résolution spatiales.

Ocelet : un outil de modélisation et de simulation. Pascal Degenne et Danny Lo Seen (Cirad, UMR TETIS) ont développé ces dernières années *Ocelet*, un langage métier pour la modélisation spatiale et temporelle en sciences de l'environnement [Degenne *et al.*, 2009, Degenne *et al.*, 2010, Degenne, 2012]. A l'aide de graphes d'interactions, Ocelet permet de modéliser la dynamique de paysages comme résultante d'interactions multiples entre des *Entités* (les éléments physiques qui composent le paysage - parcelles, patches de végétation, villes, etc.- ainsi que les acteurs humains - gestionnaires, habitants, exploitants...), par la formalisation de différents types de *Relations* entre ces entités : relations spatiales, fonctionnelles, hiérarchiques, ou sociales, selon différents *Scénarios*. Par ailleurs, *Ocelet* permet de s'affranchir du choix de représentation des objets géographiques (mode vecteur ou mode raster), mais est aussi conçu pour intégrer des données issues de formats variés comme les données de télédétection (ou indicateurs dérivés).

Cet outil de modélisation nous paraît donc particulièrement adapté aux besoins de modélisation spatiale en épidémiologie des maladies animales, notamment pour l'étude des maladies impliquant un ou plusieurs réservoirs sauvages,

dont la présence et l'abondance mais aussi la mobilité dépendent de caractéristiques environnementales comme l'occupation du sol, et donc de pratiques des acteurs locaux à différents niveaux (pratiques individuelles et politiques publiques). La collaboration avec P. Degenne et D. Lo Seen initiée durant le projet STAMP et autour de la thèse de V. Soti sera donc poursuivie pour "tester" *Ocelet* sur des exemples en épidémiologie.

Modélisation des maladies à transmission vectorielle et implication pour le contrôle de ces maladies

La propagation spatio-temporelle des maladies vectorielles est fortement influencée par les facteurs environnementaux (paysage, localisation et abondance des hôtes et des vecteurs, etc.) et climatiques (température, humidité, etc.). En effet, la structure du paysage et la localisation des populations de vecteurs et d'hôtes en découlant déterminent l'exposition des hôtes à l'infection par un agent pathogène vectorisé, et varient dans le temps et l'espace. Les changements globaux, climatiques et liés à l'anthropisation du milieu, modifient la structure du paysage ainsi que la dynamique de population de vecteurs et donc en conséquence impactent sur l'émergence et la diffusion de maladies vectorielles. Cependant, il est difficile de quantifier voire de qualifier cet impact.

Une approche intégrative est nécessaire pour considérer conjointement la dynamique de population du vecteur et la dynamique épidémique, toutes deux variant dans le temps et l'espace. Une approche par modélisation s'avère pertinente pour représenter ce système biologique complexe, permettant de coupler les composantes spatiale et temporelle et donc de prendre en compte leurs interactions. Cependant, les modèles épidémiologiques spatio-temporels de propagation de maladies vectorielles représentent généralement une dynamique de population du vecteur simplifiée. Le cycle de vie du vecteur étant incomplet, de tels modèles ne permettent pas d'évaluer l'effet de changements globaux sur la dynamique de population de vecteurs et sur la propagation des maladies associées.

Vers un modèle générique de dynamique de population de moustiques

Le modèle de la dynamique spatiale et temporelle de populations de moustiques développé dans le cadre de la thèse de P. Cailly [Cailly, 2011, Cailly *et al.*, 2012] a d'abord concerné la dynamique de population en environnement favorable, pour lequel la composante spatiale n'était pas explicite, avec application à deux genres de moustiques : *Anopheles* et *Culex*. Ensuite, ce modèle a été étendu pour considérer la dynamique spatio-temporelle, avec application au genre *Anopheles*. Le modèle a par ailleurs été adapté au genre *Aedes*, dont le mode de reproduction diffère des *Anopheles* et *Culex* [Tran *et al.*, 2013].

Des travaux sont en cours pour vérifier le caractère générique du modèle spatio-temporel en l'utilisant pour différentes espèces de moustiques, dans différentes zones géographiques d'Europe et d'Afrique [stage de Pachka Hammami, Janvier-Juin 2013 : "Modelling the impact of climatic factors on the population

dynamics of different mosquito species, vectors of Rift Valley fever in Botswana", Université Montpellier 2]. Ces travaux seront poursuivis en lien avec les différents projets de l'unité AGIRs sur les maladies transmises par des moustiques (*e.g.* fièvre de la Vallée du Rift, fièvre de West Nile), pour améliorer le modèle (ajouts de fonctions) et en faire ainsi un outil robuste pour l'étude de la dynamique de population de moustiques, à disposition par exemple d'acteurs de santé publique comme l'EID.

Étudier l'impact des changements globaux sur la dynamique d'infection pour le cas des maladies à transmission vectorielle Une deuxième étape sera de coupler ce modèle de dynamique de population de moustiques à un modèle épidémiologique de maladie vectorielle théorique dans une population d'hôtes fictive. Le modèle épidémiologique sera un modèle simple à compartiments considérant une dynamique d'infection de type SIR (Sensible – Infecté – Retiré) pour les hôtes et de type SEI (Sensible – En incubation – Infecté) pour les vecteurs. Dans une première approche, les hôtes considérés seront supposés non limitants, *i.e.* présents de manière homogène dans l'espace et le temps, de manière à négliger leur dynamique de population et leurs mouvements. Ensuite, la dynamique de population des hôtes sera intégrée, en particulier les mouvements des hôtes entre zones géographiques (cadre de la métapopulation d'hôtes). L'impact de changements globaux sur la dynamique du vecteur et sur la dynamique épidémiologique sera étudiée dans ce cadre conceptuel, ce qui permettra notamment de discuter les contributions respectives du changement climatique (*ex.* augmentation des températures) et de modifications anthropiques de l'environnement (*ex.* urbanisation, changements d'utilisation des sols) sur les deux dynamiques (de population du vecteur et d'infection des hôtes et des vecteurs).

Évaluer les stratégies de contrôle des épidémies Une application importante du modèle est son utilisation pour tester les différentes stratégies de contrôle des maladies à transmission vectorielle, visant soit les vecteurs (par exemple, utilisation d'insecticide ciblée sur les stades aquatiques ou sur les stades adultes, lâcher de mâles stériles, inhibition de la diapause, etc.), soit les hôtes (*e.g.* vaccination, mesures de protection, ...). Toutes les méthodes de lutte anti-vectorielle présentent des inconvénients et une approche de modélisation contribuerait à élaborer une stratégie intégrative et d'en estimer les conditions d'applications optimales (nombre de traitements, couverture géographique, niveau d'implication de la population, ...).

Cette question de recherche appliquée s'inscrit dans le cadre du transfert des résultats de recherche vers les opérateurs de lutte anti-vectorielle comme l'EID-Méditerranée [Expertise 2012-2013 "Mise en œuvre sur trois agglomérations d'un outil de prévision du risque épidémiologique induit par *Aedes albopictus* basé sur l'imagerie satellitaire"].

L'ensemble de ces questions font l'objet d'un projet de thèse intitulé "Impact des changements globaux sur la propagation spatio-temporelle d'agents pathogènes transmis par les moustiques" proposé en co-direction avec Pauline

Ezanno (INRA-ONIRIS, UMR "Biologie, épidémiologie et analyse de risques en santé animale") et co-encadrée avec Thomas Balenghien (Cirad, UMR Contrôle des Maladies Animales Exotiques et Émergentes) (sujet présenté en 2012, en recherche de financements).

Modalités d'intégration des perceptions d'acteurs locaux dans l'analyse des risques sanitaires et environnementaux

L'étude de l'importance de la prise en compte des pratiques et des perceptions des acteurs locaux dans la modélisation du risque épidémiologique fait l'objet d'une collaboration avec Aurélie Binot-Herder (anthropologue, Cirad, unité AGIRs) [stages 2013] et en particulier d'un projet de thèse proposé dans le cadre du projet BiodivHealthSEA (financement Cirad, thèse Sud, en recherche de candidat).

La question de recherche principale de la thèse porte sur l'intégration de deux démarches, d'une part une démarche de cartographie participative pour spatialiser les risques environnementaux (*e.g.* [Peters-Guarin *et al.*, 2012] et sanitaires ([Dongus *et al.*, 2007, Cumming, 2010]) et d'autre part une démarche scientifique (analyse statistique de données environnementales, écologiques et épidémiologiques) : En quoi les représentations territoriales des acteurs locaux permettent elles d'améliorer l'analyse des risques sanitaires et environnementaux ? Nous souhaitons analyser les modalités, les limites et les apports de cette intégration dans le cas de risques d'émergence zoonotique en Asie du Sud-est, dans un contexte d'érosion de la biodiversité, d'urbanisation et de modification rapide de l'occupation des sols.

Le travail de thèse proposé vise à développer un système d'information géographique public participatif (PPGIS) intégrant des démarches de cartographie participative et d'analyse spatiale pour la représentation des risques environnementaux et sanitaires. Ce PPGIS sera utilisé pour élaborer des cartes de risques mettant en perspective les différentes représentations des changements environnementaux et des risques associés pour chaque catégorie d'acteurs. L'intégration des perceptions locales et des analyses spatiales devra déboucher sur un nouveau modèle socio-environnemental d'estimation du risque.

Le modèle écologique principal sur lequel nous proposons de travailler pour déterminer les risques sanitaires et environnementaux perçus est celui des rongeurs et des maladies zoonotiques (leptospirose, typhus) qu'ils transmettent à l'homme. Deux ou trois localités rurales de Thaïlande avec leur territoire constitueront les sites d'études. Ces terrains sont ceux des projets CERoPath et BiodivHealthSEA sur la diversité des rongeurs et des pathogènes qu'ils transmettent.

La méthode envisagée comporte les étapes suivantes :

Étape 1 : perceptions locales des acteurs locaux*

- Enquêtes sur les modalités locales de gouvernance environnementale et de gestion foncière;

- Enquêtes sur les perceptions des risques sanitaires et environnementaux associés aux rongeurs ;
- Cartographie participative des risques perçus par les populations sur le territoire des localités ;
- Modélisation d’accompagnement pour mettre en évidence les interactions perçues entre les changements environnementaux et les risques sanitaires et les règles de fonctionnement entre les agents d’un modèle conceptuel.

*Acteurs locaux : riverains du paysage écologique et opérateurs impliqués localement dans des programmes de gestion de la santé et de l’environnement. L’identification de ces réseaux d’acteurs hétérogènes et des structures socio-politiques de référence constituera un préalable au démarrage de l’étape 1.

Étape 2 : Analyse environnementale du risque de transmission de la maladie étudiée

- Construction d’un modèle conceptuel de l’écologie de la transmission et définition du service écosystémique associé ;
- Cartographie de la distribution des espèces réservoirs sauvages sur la base de données de distribution des rongeurs, de données épidémiologiques en santé animale et santé humaine (projets CERoPath et BiodivHealthSEA) ;
- Analyse spatiale des paysages tels que vus par télédétection spatiale (imagerie SPOT) et caractérisation des habitats (cartographies d’occupation du sol disponibles issues du projet CERoPath) ;
- Analyses statistiques entre variables environnementales, zoonotiques et épidémiologiques pour établir une inférence causale à partir d’un ‘modèle’ statistique.

Étape 3 : Hybridation des modèles conceptuels relatifs à l’analyse des risques et aux perceptions locales

- Intégration des perceptions locales pour améliorer l’estimation des contacts populations humaines/réservoirs sauvages et des risques de transmission du/des pathogènes ;
- Intégration des analyses statistiques dans le processus de cartographie participative ;
- Construction d’un modèle de risque de transmission intégrant perceptions locales et connaissances scientifiques, et test de différents *scenarii* de changements. Cette dernière activité sera mise en œuvre dans le cadre d’une démarche participative impliquant les acteurs locaux et les « experts » dans un exercice de regards croisés entre les différents modèles conceptuels.

Étape 4 : Représentations des services écosystémiques de régulation à l’interface santé/environnement

- Bilan des apports mutuels des démarches participatives et d’analyse dans la cartographie des risques sanitaires et environnementaux ;
- Définition de services écosystémiques rendus à l’interface santé/environnement ;

- Mise en perspective, dans le cadre d'une démarche itérative, des services de régulation des risques sanitaires associés aux changements environnementaux.

4.3 Conclusion

Les différentes études que j'ai pu mener ces dernières années ont permis de questionner l'apport de la télédétection et de la modélisation spatiale à la compréhension de différentes maladies animales et zoonotiques et de faire émerger les questions de recherche que j'envisage d'aborder à présent. Ce travail m'a amenée à établir un grand nombre de collaborations avec des chercheurs de différentes disciplines et à jouer le rôle de "relais" entre recherches méthodologiques en statistiques, modélisation, géomatique d'une part, et thématiques en épidémiologie et en écologie d'autre part. Afin d'améliorer les interactions entre les différentes équipes de recherche intéressées par ces questions, je souhaite donc continuer à contribuer à une meilleure connaissance réciproque des travaux de recherche, par exemple en élargissant l'animation scientifique organisée à la Maison de la Télédétection sur le thème "Télédétection, Environnement, Santé humaine, animale et végétale", à un réseau français multi-organismes.

Partie 5

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES CITÉES

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES CITÉES

Bibliographie

- [Abdo-Salem *et al.*, 2006] ABDO-SALEM, S., GERBIER, G., BONNET, P., AL-QADASI, M., TRAN, A., THIRY, E., AL-ERYNI, G. et ROGER, F. (2006). Descriptive and spatial epidemiology of rift valley fever outbreak in yemen 2000-2001. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 1081:240–242.
- [Abdo-Salem *et al.*, 2011] ABDO-SALEM, S., TRAN, A., GROSBOIS, V., GERBIER, G., AL-QADASI, M., SAEED, K., ETTER, E., THIRY, E., ROGER, F. et CHEVALIER, V. (2011). Can environmental and socioeconomic factors explain the recent emergence of rift valley fever in yemen, 2000-2001? *Vector Borne and Zoonotic Diseases*, 11(6):773–9.
- [Achard *et al.*, 2002] ACHARD, F., EVA, H. D., STIBIG, H. J., MAYAUX, P., GALLEGRO, J., RICHARDS, T. et MALINGREAU, J. P. (2002). Determination of deforestation rates of the world’s humid tropical forests. *Science*, 297(5583):999–1002.
- [Ahmad, 2000] AHMAD, K. (2000). More deaths from rift valley fever in saudi arabia and yemen. *Lancet*, 356(9239):1422.
- [Al Qadasi, 2009] AL QADASI, M. (2009). Rift valley fever outbreak in yemen sep2000/march 2001 and surveillance follow up. *In Rift Valley Fever Workshop : An integrated approach to controlling Rift Valley Fever (RVF) in Africa and the Middle East*, Cairo, Egypt.
- [Al Qadasi, 2002] AL QADASI, M. M. (2002). Rift valley fever outbreak in yemen, september 2000 to february 2001. *In World Veterinary Congress*, Tunis.
- [Allan *et al.*, 2003] ALLAN, B. F., KEESING, F. et OSTFELD, R. S. (2003). Effect of forest fragmentation on lyme disease risk. *Conservation Biology*, 17(1):267–272.
- [Allan *et al.*, 2009] ALLAN, B. F., LANGERHANS, R. B., RYBERG, W. A., LANDESMAN, W. J., GRIFFIN, N. W., KATZ, R. S., OBERLE, B. J., SCHUTZENHOFER, M. R., SMYTH, K. N., de ST MAURICE, A., CLARK, L., CROOKS, K. R., HERNANDEZ, D. E., MCLEAN, R. G., OSTFELD, R. S. et CHASE, J. M. (2009). Ecological correlates of risk and incidence of west nile virus in the united states. *Oecologia*, 158(4):699–708.
- [Anding et Kauth, 1970] ANDING, D. et KAUTH, R. (1970). Estimation of sea-surface temperature from space. *Remote Sensing of Environment*, 1:217–220.

- [Anyamba *et al.*, 2009] ANYAMBA, A., CHRETIEN, J. P., SMALL, J., TUCKER, C. J., FORMENTY, P. B., RICHARDSON, J. H., BRITCH, S. C., SCHNABELF, D. C., ERICKSON, R. L. et LINTHICUM, K. J. (2009). Prediction of a rift valley fever outbreak. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 106(3):955–959.
- [Baghdadi *et al.*, 2001] BAGHDADI, N., BERNIER, M., GAUTHIER, R. et NEESON, I. (2001). Evaluation of c-band sar data for wetlands mapping. *International Journal of Remote Sensing*, 22(1):71–88.
- [Baghdadi *et al.*, 2007] BAGHDADI, N., PEDREROS, R., LENOTRE, N., DEWEZ, T. et PAGANINI, M. (2007). Impact of polarization and incidence of the asar sensor on coastline mapping : example of gabon. *International Journal of Remote Sensing*, 28(17):3841–3849.
- [Baker et Cai, 1992] BAKER, W. L. et CAI, Y. M. (1992). The r le-programs for multiscale analysis of landscape structure using the grass geographical information-system. *Landscape Ecology*, 7(4):291–302.
- [Balenghien *et al.*, 2006] BALENGHIEN, T., FOUQUE, F., SABATIER, P. et BICOUT, D. J. (2006). Horse-, bird-, and human-seeking behavior and seasonal abundance of mosquitoes in a west nile virus focus of southern france. *Journal of Medical Entomology*, 43:936–946.
- [Balenghien *et al.*, 2008] BALENGHIEN, T., VAZEILLE, M., GRANDADAM, M., SCHAFFNER, F., ZELLER, H., REITER, P., SABATIER, P., FOUQUE, F. et BICOUT, D. J. (2008). Vector competence of some french culex and aedes mosquitoes for west nile virus. *Vector Borne and Zoonotic Diseases*, 8(5):589–95.
- [Balenghien *et al.*, 2007] BALENGHIEN, T., VAZEILLE, M., REITER, P., SCHAFFNER, F., ZELLER, H. et BICOUT, D. J. (2007). Evidence of laboratory vector competence of culex modestus for west nile virus. *Journal of the American Mosquito Control Association*, 23(2):233–6.
- [Basso Amaral, 2012] BASSO AMARAL, T. (2012). *Risk assessment of foot and mouth disease in the frontier between Brazil and Paraguay : a geographical approach*. Thèse de doctorat, Université Laval.
- [Beck *et al.*, 2000] BECK, L., LOBITZ, B. et WOOD, B. (2000). Remote sensing and human health : new sensors and new opportunities. *Emerging infectious diseases*, 6(3):217–226.
- [Beck *et al.*, 1994] BECK, L., RODRIGUEZ, M., DISTER, S., RODRIGUEZ, A., REJMANKOVA, E., ULLOA, A., MEZA, R., ROBERTS, D., PARIS, J., SPANNER, M., WASHINO, R., HACKER, C. et LEGTERS, L. (1994). Remote sensing as a landscape epidemiologic tool to identify villages at high risk for malaria transmission. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 51(3):271–280.
- [Bordes *et al.*, 2013] BORDES, F., HERBRETEAU, V., DUPUY, S., CHAVAL, Y., TRAN, A. et MORAND, S. (2013). The diversity of microparasites of rodents : a comparative analysis that helps in identifying rodent-borne rich habitats in southeast asia. *Infection Ecology and Epidemiology*, 3(20178).

- [Brown *et al.*, 2007] BROWN, J. D., SWAYNE, D. E., COOPER, R. J., BURNS, R. E. et STALLKNECHT, D. E. (2007). Persistence of h5 and h7 avian influenza viruses in water. *Avian Diseases*, 51(1):285–289.
- [Burnham et Anderson, 2004] BURNHAM, K. et ANDERSON, D. (2004). Multi model inference. understanding aic and bic in model selection. *Sociological methods & research*, 33(2):261–304.
- [Cailly, 2011] CAILLY, P. (2011). *Modélisation de la dynamique spatio-temporelle d'une population de moustiques, sources de nuisances et vecteurs d'agents pathogènes*. Ecole doctorale « Biologie Santé ». Thèse de doctorat, Université Nantes Angers.
- [Cailly *et al.*, 2011] CAILLY, P., BALENGHIEN, T., EZANNO, P., FONTENILLE, D., TOTY, C. et TRAN, A. (2011). Role of the repartition of wetland breeding sites on the spatial distribution of anopheles and culex, human disease vectors in southern france. *Parasites and Vectors*, 4:65.
- [Cailly *et al.*, 2012] CAILLY, P., TRAN, A., BALENGHIEN, T., L'AMBERT, G., TOTY, C. et EZANNO, P. (2012). A climate-driven abundance model to assess mosquito control strategies. *Ecological Modelling*, 227:7–17.
- [Chamaille *et al.*, 2010] CHAMAILLE, L., TRAN, A., MEUNIER, A., BOURDOISEAU, G., READY, P. et DEDET, J. P. (2010). Environmental risk mapping of canine leishmaniasis in france. *Parasites and Vectors*, 3.
- [Chevalier *et al.*, 2010] CHEVALIER, V., DUPRESSOIR, A., TRAN, A., DIOP, O. M., GOTTLAND, C., DIALLO, M., ETTER, E., NDIAYE, M., GROSBOS, V., DIA, M., GAIDET, N., SALL, A. A., SOTI, V. et NIANG, M. (2010). Environmental risk factors of west nile virus infection of horses in the senegal river basin. *Epidemiol Infect*, pages 1–9.
- [Chevalier *et al.*, 2005] CHEVALIER, V., LANCELOT, R., THIONGANE, Y., SALL, B., DIAITE, A. et MONDET, B. (2005). Rift valley fever in small ruminants, senegal, 2003. *Emerg Infect Dis*, 11(11):1693–700.
- [Clements, 1999] CLEMENTS, A. (1999). *The Biology of Mosquitoes : Sensory, Reception, and Behaviour*, volume 2. CABI Publishing, Eastbourne.
- [Clements, 2000] CLEMENTS, A. (2000). *The Biology of Mosquitoes : Development, Nutrition and Reproduction*, volume 1. CABI Publishing, Eastbourne.
- [Clements et Pfeiffer, 2009] CLEMENTS, A. C. et PFEIFFER, D. U. (2009). Emerging viral zoonoses : frameworks for spatial and spatiotemporal risk assessment and resource planning. *Vet J*, 182(1):21–30.
- [Cline, 1970] CLINE, B. (1970). New eyes for the epidemiologists : aerial photography and other remote sensing techniques. *Journal of Epidemiology*, 92(2):85–89.
- [Crosson *et al.*, 2012] CROSSON, W. L., AL-HAMDAN, M. Z., HEMMINGS, S. N. J. et WADE, G. M. (2012). A daily merged modis aqua-terra land surface temperature data set for the conterminous united states. *Remote Sensing of Environment*, 119:315–324.

- [Cumming, 2010] CUMMING, G. S. (2010). Risk mapping for avian influenza : a social-ecological problem. *Ecology and Society*, 15(3).
- [Curran *et al.*, 2000] CURRAN, P., ATKINSON, P., FOODY, G. et MILTON, E. (2000). Linking remote sensing, land cover and disease. *Advances in parasitology*, 47:37–80.
- [Davies, 2000] DAVIES, G. F. (2000). *Rift Valley Fever in Yemen*. Food and Agriculture Organization, Roma.
- [de La Rocque *et al.*, 2007] de LA ROCQUE, S., TRAN, A., ETTER, E., VIAL, L. et HENDRICKX, G. (2007). Environmental changes, disease ecology and geographic information system-based tools for risk assessment. *Veterinaria Italiana*, 43(3):381–391.
- [Degenne, 2012] DEGENNE, P. (2012). *Une approche générique de la modélisation spatiale et temporelle : application à la modélisation des paysages*. Ecole doctorale MSTIC. Thèse de doctorat, Université Paris Est.
- [Degenne *et al.*, 2010] DEGENNE, P., AIT LAHCEN, A., CURÉ, O., FORAX, R., PARIGOT, D. et LO SEEN, D. (2010). Modelling the environment using graphs with behaviour : do you speak ocelet ? In SWAYNE, D., WANHONG, Y., VOINOV, A., RIZZOLI, A. et FILATOVA, T., éditeurs : *International Congress on Environmental Modelling and Software (iEMSs 2010), 5-8 July 2010*, Ottawa, Canada.
- [Degenne *et al.*, 2009] DEGENNE, P., SEEN, D., PARIGOT, D., FORAX, R., TRAN, A., LAHCEN, A. A., CURE, O. et JEANSOULIN, R. (2009). Design of a domain specific language for modelling processes in landscapes. *Ecological Modelling*, 220(24):3527–3535.
- [Desvaux, 2011] DESVAUX, S. (2011). *Epidemiology of the highly pathogenic avian influenza H5N1 in Northern Vietnam : applications for surveillance and control*. Thèse de doctorat, Murdoch University.
- [Diuk-Wasser *et al.*, 2006] DIUK-WASSER, M. A., BROWN, H. E., ANDREADIS, T. G. et FISH, D. (2006). Modeling the spatial distribution of mosquito vectors for west nile virus in connecticut, usa. *Vector Borne Zoonotic Dis*, 6(3):283–95.
- [Djama, 2010] DJAMA, M. (2010). *Téledétection et estimation de la pluviométrie- application à un modèle de vidange et de remplissage de mares temporaires pour l'étude des vecteurs (Aedes vexans et Culex poicilipes) de la fièvre de la Vallée du Rift au Sénégal*. Mémoire de Mastère. Mastère Systèmes d'Informations Localisées pour l'Aménagement des Territoires (SILAT), Montpellier, France.
- [Dongus *et al.*, 2007] DONGUS, S., NYIKA, D., KANNADY, K., MTASIWA, D., MSHINDA, H., FILLINGER, U., DRESCHER, A. W., TANNER, M., CASTRO, M. C. et KILLEEN, G. F. (2007). Participatory mapping of target areas to enable operational larval source management to suppress malaria vector mosquitoes in dar es salaam, tanzania. *Int J Health Geogr*, 6:37.

- [Dupuy *et al.*, 2012] DUPUY, S., HERBRETEAU, V., FEYFANT, T., MORAND, S. et TRAN, A. (2012). Land-cover dynamics in southeast asia : contribution of object-oriented techniques for change detection. *In 4th international conference on Geographic Object-Based Image Analysis*, Rio de Janeiro, Brazil.
- [El Vilaly *et al.*, 2013] EL VILALY, A., ARORA, M., BUTTERWORTH, M., EL VILALY, M., JARNAGIN, W. et COMRIE, A. (2013). Climate, environment and disease : the case of rift valley fever. *Progress in Physical Geography*, Online version.
- [Elith *et al.*, 2006] ELITH, J., GRAHAM, C. H., ANDERSON, R. P., DUDIK, M., FERRIER, S., GUISAN, A., HIJMANS, R. J., HUETTMANN, F., LEATHWICK, J. R., LEHMANN, A., LI, J., LOHMANN, L. G., LOISELLE, B. A., MANION, G., MORITZ, C., NAKAMURA, M., NAKAZAWA, Y., OVERTON, J. M., PETERSON, A. T., PHILLIPS, S. J., RICHARDSON, K., SCACHETTI-PEREIRA, R., SCHAPIRE, R. E., SOBERON, J., WILLIAMS, S., WISZ, M. S. et ZIMMERMANN, N. E. (2006). Novel methods improve prediction of species' distributions from occurrence data. *Ecography*, 29(2):129–151.
- [Estrada-Pena, 1999] ESTRADA-PENA, A. (1999). Geostatistics and remote sensing using noaa-avhrr satellite imagery as predictive tools in tick distribution and habitat suitability estimations for *Boophilus microplus* (acari : Ixodae) in South America. *Veterinary Parasitology*, 81(1):73–82.
- [Estrada-Pena, 2002] ESTRADA-PENA, A. (2002). Understanding the relationships between landscape connectivity and abundance of ixodes ricinus ticks. *Experimental and Applied Acarology*, 28(1):239–248.
- [Ezanno, 2010] EZANNO, P. (2010). *Modélisation de la propagation et du contrôle d'un agent pathogène infectieux endémique dans une métapopulation animale*. Habilitation à Diriger des Recherches. Université de Nantes, Ecole doctorale "vie - santé", Nantes, France.
- [Ezanno *et al.*, 2012] EZANNO, P., CAILLY, P., BALENGHIEN, T., AUBRY-KIENTZ, M., L'AMBERT, G., TOTY, C. et TRAN, A. (2012). A generic climate-driven model to evaluate control strategies of mosquito populations in temperate wetlands. *In ESOVE 18th conference, 8-11th October*, Montpellier, France.
- [Ezenwa *et al.*, 2006] EZENWA, V. O., GODSEY, M. S., KING, R. J. et GUPTILL, S. C. (2006). Avian diversity and west nile virus : testing associations between biodiversity and infectious disease risk. *Proceedings of the Royal Society B-Biological Sciences*, 273(1582):109–117.
- [Farajollahi *et al.*, 2005] FARAJOLLAHI, A., CRANS, W. J., BRYANT, P., WOLF, B., BURKHALTER, K. L., GODSEY, M. S., ASPEN, S. E. et NASCI, R. S. (2005). Detection of west nile viral rna from an overwintering pool of culex pipens pipiens (diptera : Culicidae) in new jersey, 2003. *J Med Entomol*, 42(3):490–4.
- [Faure *et al.*, 2004] FAURE, J.-F., TRAN, A., GARDEL, A. et POLIDORI, L. (2004). Elaboration d'un indice de densité de population et analyse de sa distribution spatiale à belém (brésil) et cayenne (guyane française). *Bulletin*

- de la Société Française de Photogrammétrie et Télédétection, 173-174:135–144.
- [Gaidet *et al.*, 2012] GAIDET, N., CARON, A., CAPPELLE, J., CUMMING, G. S., BALANCA, G., HAMMOUMI, S., CATTOLI, G., ABOLNIK, C., de ALMEIDA, R. S., GIL, P., FEREIDOUNI, S. R., GROSOBOIS, V., TRAN, A., MUNDAVA, J., FOFANA, B., EL MAMY, A. B., NDLOVU, M., MONDAIN-MONVAL, J. Y., TRIPLET, P., HAGEMEIJER, W., KARESH, W. B., NEWMAN, S. H. et DODMAN, T. (2012). Understanding the ecological drivers of avian influenza virus infection in wildfowl : a continental-scale study across africa. *Proc Biol Sci*, 279(1731):1131–41.
- [Galuzo, 1975] GALUZO, I. (1975). Landscape epidemiology (epizootiology). *Adv Vet Sci Comp Med*, 19:73–96.
- [Gao, 1996] GAO, B. C. (1996). NdwI - a normalized difference water index for remote sensing of vegetation liquid water from space. *Remote Sensing of Environment*, 58(3):257–266.
- [Gardon *et al.*, 2001] GARDON, J., HERAUD, J. M., LAVENTURE, S., LADAM, A., CAPOT, P., FOUQUET, E., FAVRE, J., WEBER, S., HOMMEL, D., HULIN, A., COURATTE, Y. et TALARMIN, A. (2001). Suburban transmission of q fever in french guiana : evidence of a wild reservoir. *J Infect Dis*, 184(3):278–84.
- [Garrett-Jones et Grab, 1964] GARRETT-JONES, C. et GRAB, B. (1964). The assessment of insecticidal impact on the malaria mosquito's vectorial capacity, from data on the proportion of parous females. *Bulletin of the World Health Organization*, 31:71–86.
- [Graham *et al.*, 2004] GRAHAM, A. J., DANSON, F. M., GIRAUDOUX, P. et CRAIG, P. S. (2004). Ecological epidemiology : landscape metrics and human alveolar echinococcosis. *Acta Tropica*, 91(3):267–278.
- [Guernier *et al.*, 2008] GUERNIER, V., SOLA, C., BRUDEY, K., GUEGAN, J. F. et RASTOGI, N. (2008). Use of cluster-graphs from spoligotyping data to study genotype similarities and a comparison of three indices to quantify recent tuberculosis transmission among culture positive cases in french guiana during a eight year period. *BMC Infect Dis*, 8:46.
- [Guichard *et al.*, prep] GUICHARD, S., GUI, H., KRITICOS, D. et TRAN, A. (in prep.). Eco-climatic niche modelling of *Culicoides imicola*, vector of arboviruses. *Global Ecology and Biogeography*.
- [Gui, 2007] GUI, H. (2007). *Géomatique et épidémiologie : Caractérisation des paysages favorables à Culicoides imicola, vecteur de la fièvre catarrhale ovine en Corse*. Thèse de doctorat, Université de Franche-Comté, Spécialité Sciences de la vie et de la santé.
- [Gui *et al.*, 2012] GUI, H., CAMINADE, C., CALVETE, C., MORSE, A. P., TRAN, A. et BAYLIS, M. (2012). Modelling the effects of past and future climate on the risk of bluetongue emergence in europe. *J R Soc Interface*, 9(67):339–50.

- [Guis *et al.*, 2007a] GUIS, H., TRAN, A., de LA ROCQUE, S., BALDET, T., GERBIER, G., BARRAGUE, B., BITEAU-COROLLER, F., ROGER, F., VIEL, J. F. et MAUNY, F. (2007a). Use of high spatial resolution satellite imagery to characterize landscapes at risk for bluetongue. *Veterinary Research*, 38(5):669–683.
- [Guis *et al.*, 2007b] GUIS, H., TRAN, A., MAUNY, F., BALDET, T., BARRAGUE, B., GERBIER, G., VIEL, J. F., ROGER, F. et de LA ROCQUE, S. (2007b). A multiple fine-scale satellite-derived landscape approach : example of bluetongue modelling in corsica. *Vet Ital*, 43(3):699–707.
- [Hartemink *et al.*, 2009] HARTEMINK, N. A., PURSE, B. V., MEISWINKEL, R., BROWN, H. E., de KOEIJER, A., ELBERS, A. R., BOENDER, G. J., ROGERS, D. J. et HEESTERBEEK, J. A. (2009). Mapping the basic reproduction number ($r(0)$) for vector-borne diseases : a case study on bluetongue virus. *Epidemics*, 1(3):153–61.
- [Hay, 1997] HAY, S. (1997). Remote sensing and disease control : past, present and future. *Transactions of the royal society of tropical medicine and hygiene*, 92(2):105–106.
- [Herbreteau *et al.*, 2006] HERBRETEAU, V., DEMORAES, F., HUGOT, J. P., KIT-TAYAPONG, P., SALEM, G., SOURIS, M. et GONZALEZ, J. P. (2006). Perspectives on applied spatial analysis to animal health. *Impact of Emerging Zoonotic Diseases on Animal Health*, 1081:17–29.
- [Herbreteau *et al.*, 2007] HERBRETEAU, V., SALEM, G., SOURIS, M., HUGOT, J. et GONZALEZ, J. (2007). Thirty years of use and improvement of remote sensing, applied to epidemiology : From early promises to lasting frustration. *Health & Place*, 13(2):400–403.
- [Ivanova *et al.*, 2012] IVANOVA, S., HERBRETEAU, V., BLASDELL, K., CHAVAL, Y., BUCHY, P., GUILLARD, B. et MORAND, S. (2012). Leptospira and rodents in cambodia : environmental determinants of infection. *American Journal of Tropical Medicine & Hygiene*.
- [Jones *et al.*, 2008] JONES, K. E., PATEL, N. G., LEVY, M. A., STOREYGARD, A., BALK, D., GITTLEMAN, J. L. et DASZAK, P. (2008). Global trends in emerging infectious diseases. *Nature*, 451(7181):990–3.
- [Jourdain *et al.*, 2007a] JOURDAIN, E., SCHUFFENECKER, I., KORIMBOCUS, J., REYNARD, S., MURRI, S., KAYSER, Y., GAUTHIER-CLERC, M., SABATIER, P. et ZELLER, H. G. (2007a). West nile virus in wild resident birds, southern france, 2004. *Vector Borne Zoonotic Dis*, 7(3):448–52.
- [Jourdain *et al.*, 2007b] JOURDAIN, E., TOUSSAINT, Y., LEBLOND, A., BICOUT, D. J., SABATIER, P. et GAUTHIER-CLERC, M. (2007b). Bird species potentially involved in introduction, amplification, and spread of west nile virus in a mediterranean wetland, the camargue (southern france). *Vector Borne Zoonotic Dis*, 7(1):15–33.
- [Kermack et McKendrick, 1927] KERMACK, W. et MCKENDRICK, A. (1927). A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the Royal Society*, A115:700–721.

- [Kidd et Ritchie, 2006] KIDD, D. M. et RITCHIE, M. G. (2006). Phylogeographic information systems : putting the geography into phylogeography. *Journal of Biogeography*, 33(11):1851–1865.
- [Kitron, 1998] KITRON, U. (1998). Landscape ecology and epidemiology of vector-borne diseases : tools for spatial analysis. *Entomological Society of America*, 35(4):435–445.
- [Komar *et al.*, 2003] KOMAR, N., LANGEVIN, S., HINTEN, S., NEMETH, N., EDWARDS, E., HETTLER, D., DAVIS, B., BOWEN, R. et BUNNING, M. (2003). Experimental infection of north american birds with the new york 1999 strain of west nile virus. *Emerg Infect Dis*, 9(3):311–22.
- [Lacaux *et al.*, 2007] LACAUX, J. P., TOURRE, Y. M., VIGNOLLES, C., NDIONE, J. A. et LAFAYE, M. (2007). Classification of ponds from high-spatial resolution remote sensing : Application to rift valley fever epidemics in senegal. *Remote Sensing of Environment*, 106(1):66–74.
- [LaDeau *et al.*, 2011] LADEAU, S. L., GLASS, G. E., HOBBS, N. T., LATIMER, A. et OSTFELD, R. S. (2011). Data-model fusion to better understand emerging pathogens and improve infectious disease forecasting. *Ecological Applications*, 21(5):1443–1460.
- [Lambin *et al.*, 2010] LAMBIN, E. F., TRAN, A., VANWAMBEKE, S. O., LINARD, C. et SOTI, V. (2010). Pathogenic landscapes : interactions between land, people, disease vectors, and their animal hosts. *Int J Health Geogr*, 9:54.
- [Leger, 2010] LEGER, L. (2010). *Rôle de l'eau et d'autres variables environnementales et anthropiques dans l'émergence et la diffusion de la grippe aviaire (H5N1) au Cambodge*. Mémoire de Mastère. Master 2 Professionnel Biostatistiques, Montpellier, France.
- [Leyequien *et al.*, 2007] LEYEQUIEN, E., VERRELST, J., SLOT, M., SCHAEPMAN-STRUB, G., HEITKONIG, I. M. A. et SKIDMORE, A. (2007). Capturing the fugitive : Applying remote sensing to terrestrial animal distribution and diversity. *International Journal of Applied Earth Observation and Geoinformation*, 9(1):1–20.
- [Linard *et al.*, 2009] LINARD, C., PONCON, N., FONTENILLE, D. et LAMBIN, E. F. (2009). A multi-agent simulation to assess the risk of malaria re-emergence in southern france. *Ecological Modelling*, 220(2):160–174.
- [Linthicum *et al.*, 1999] LINTHICUM, K., ANYAMBA, A., TUCKER, C., KELLEY, P., MYERS, M. et PETERS, C. (1999). Climate and satellite indicators to forecast Rift Valley Fever epidemics in Kenya. *Science*, 285(5426):397–400.
- [Lobitz *et al.*, 2000] LOBITZ, B., BECK, L., HUQ, B., FUCHS, G., FARUQUE, A. et COLWELL, R. (2000). Climate and infectious disease : Use of remote sensing for detection of *vibrio cholerae* by indirect measurement. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 97(4):1438–1443.
- [Loss *et al.*, 2009] LOSS, S. R., HAMER, G. L., WALKER, E. D., RUIZ, M. O., GOLDBERG, T. L., KITRON, U. D. et BRAWN, J. D. (2009). Avian host commu-

- nity structure and prevalence of west nile virus in chicago, illinois. *Oecologia*, 159(2):415–24.
- [MacDonald, 1952] MACDONALD, G. (1952). The analysis of equilibrium in malaria. *Tropical diseases bulletin*, 49(9):813–829.
- [Machault *et al.*, 2011] MACHAULT, V., VIGNOLLES, C., BORCHI, F., VOUNATSOU, P., PAGES, F., BRIOLANT, S., LACAUX, J. P. et ROGIER, C. (2011). The use of remotely sensed environmental data in the study of malaria. *Geospat Health*, 5(2):151–68.
- [Malone *et al.*, 1994] MALONE, J., HUH, O., FEHLER, D., WILSON, P., WILENSKY, D., HOLMES, R. et ELMAGDOUB, A. (1994). Temperature data from satellite imagery and the distribution of schistosomiasis in Egypt. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 51(3):714–722.
- [McFeeters, 1996] MCFEETERS, S. K. (1996). The use of the normalized difference water index (ndwi) in the delineation of open water features. *International Journal of Remote Sensing*, 17(7):1425–1432.
- [McGarigal, 2002] MCGARIGAL, K. (2002). Landscape pattern metrics. In EL-SHAARAWI, A. H. et PIEGORSCH, W. W., éditeurs : *Encyclopedia of Environmental Metrics*, volume 2, pages 1135–1142. John Wiley & Sons, Chichester, England.
- [McGarigal *et al.*, 2002] MCGARIGAL, K., CUSHMAN, S., NEEL, M. et ENE, E. (2002). *FRAGSTATS : Spatial Pattern Analysis Program for Categorical Maps*. Computer software program produced by the authors at the University of Massachusetts, Amherst. Available at the following web site : <http://www.umass.edu/landeco/research/fragstats/fragstats.html>.
- [Moloney *et al.*, 1998] MOLONEY, J., SKELLY, C., WEINSTEIN, P., MAGUIRE, M. et RITCHIE, S. (1998). Domestic *Aedes aegypti* breeding site surveillance : limitations of remote sensing as a predictive surveillance tool. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 59(2):261–264.
- [Morens *et al.*, 2004] MORENS, D. M., FOLKERS, G. K. et FAUCI, A. S. (2004). The challenge of emerging and re-emerging infectious diseases. *Nature*, 430(6996):242–9.
- [Murray et Daszak, 2013] MURRAY, K. A. et DASZAK, P. (2013). Human ecology in pathogenic landscapes : two hypotheses on how land use change drives viral emergence. *Curr Opin Virol*, 3(1):79–83.
- [Mushinzimana *et al.*, 2006] MUSHINZIMANA, E., MUNGA, S., MINAKAWA, N., LI, L., FENG, C. C., BIAN, L., KITRON, U., SCHMIDT, C., BECK, L., ZHOU, G., GITHEKO, A. K. et YAN, G. (2006). Landscape determinants and remote sensing of anopheline mosquito larval habitats in the western kenya highlands. *Malar J*, 5:13.
- [Nasci *et al.*, 2001] NASCI, R. S., SAVAGE, H. M., WHITE, D. J., MILLER, J. R., CROPP, B. C., GODSEY, M. S., KERST, A. J., BENNETT, P., GOTTFRIED, K. et LANCIOTTI, R. S. (2001). West nile virus in overwintering culex mosquitoes, new york city, 2000. *Emerg Infect Dis*, 7(4):742–4.

- [Ndione *et al.*, 2003] NDIONE, J., BESANCENOT, J., LACAUX, J. et SABATIER, P. (2003). Environnement et épidémiologie de la fièvre de la vallée du rift (fvr) dans le bassin inférieur du fleuve sénégal. *Environnement, Risques et Santé*, 2:176–182.
- [Okubo et Kareiva, 2001] OKUBO, A. et KAREIVA, P. (2001). *Diffusion and ecological problems. Modern perspectives*, chapitre Some examples of animal diffusion. Springer-Verlag, New-York.
- [O'Neill *et al.*, 1988] O'NEILL, R. V., KRUMMEL, J. R., GARDNER, R. H., SUGIHARA, G., JACKSON, B., DEANGELIS, D. L., MILNE, B. T., TURNER, M. G., ZYGMUNT, B., CHRISTENSEN, S. W., DALE, V. H. et GRAHAM, R. L. (1988). Indices of landscape pattern. *Landscape Ecology*, 1(3):153–162.
- [Ostfeld et Keesing, 2000] OSTFELD, R. et KEESING, F. (2000). The function of biodiversity in the ecology of vector-borne zoonotic diseases. *Canadian Journal of Zoology-Revue Canadienne De Zoologie*, 78(12):2061–2078.
- [Owen *et al.*, 2006] OWEN, J., MOORE, F., PANELLA, N., EDWARDS, E., BRU, R., HUGHES, M. et KOMAR, N. (2006). Migrating birds as dispersal vehicles for west nile virus. *Ecohealth*, 3(2):79–85.
- [Park *et al.*, 2004] PARK, S. H., GOO, J. M. et JO, C. H. (2004). Receiver operating characteristic (roc) curve : practical review for radiologists. *Korean J Radiol*, 5(1):11–8.
- [Patz *et al.*, 2004] PATZ, J. A., DASZAK, P., TABOR, G. M., AGUIRRE, A. A., PEARL, M., EPSTEIN, J., WOLFE, N. D., KILPATRICK, A. M., FOUFOPOULOS, J., MOLYNEUX, D. et BRADLEY, D. J. (2004). Unhealthy landscapes : Policy recommendations on land use change and infectious disease emergence. *Environ Health Perspect*, 112(10):1092–8.
- [Patz *et al.*, 2000] PATZ, J. A., GRACZYK, T. K., GELLER, N. et VITTOR, A. Y. (2000). Effects of environmental change on emerging parasitic diseases. *Int J Parasitol*, 30(12-13):1395–405.
- [Peters-Guarin *et al.*, 2012] PETERS-GUARIN, G., MCCALL, M. K. et van WESTEN, C. (2012). Coping strategies and risk manageability : using participatory geographical information systems to represent local knowledge. *Disasters*, 36(1):1–27.
- [Phillips *et al.*, 2006] PHILLIPS, S. J., ANDERSON, R. P. et SCHAPIRE, R. E. (2006). Maximum entropy modeling of species geographic distributions. *Ecological Modelling*, 190(3-4):231–259.
- [Plowright *et al.*, 2008] PLOWRIGHT, R. K., SOKOLOW, S. H., GORMAN, M. E., DASZAK, P. et FOLEY, J. E. (2008). Causal inference in disease ecology : investigating ecological drivers of disease emergence. *Frontiers in Ecology and the Environment*, 6(8):420–429.
- [Poncon *et al.*, 2008] PONCON, N., TRAN, A., TOTY, C., LUTY, A. J. et FONTENILLE, D. (2008). A quantitative risk assessment approach for mosquito-borne diseases : malaria re-emergence in southern france. *Malar J*, 7:147.

- [Pradier *et al.*, 2008] PRADIER, S., LEBLOND, A. et DURAND, B. (2008). Land cover, landscape structure, and west nile virus circulation in southern france. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 8(2):253–263.
- [Prata, 1993] PRATA, A. J. (1993). Land-surface temperature determination from satellites. *Remote Sensing of Earths Surface and Atmosphere*, 14(3):15–26.
- [Raffy et Tran, 2005] RAFFY, M. et TRAN, A. (2005). On the dynamics of flying insects populations controlled by large scale information. *Theoretical Population Biology*, 68(2):91–104.
- [Rappole et Hubalek, 2003] RAPPOLE, J. H. et HUBALEK, Z. (2003). Migratory birds and west nile virus. *J Appl Microbiol*, 94 Suppl:47S–58S.
- [Reinart et Reinhold, 2008] REINART, A. et REINHOLD, M. (2008). Mapping surface temperature in large lakes with modis data. *Remote Sensing of Environment*, 112(2):603–611.
- [Reisen, 2010] REISEN, W. K. (2010). Landscape epidemiology of vector-borne diseases. *Annu Rev Entomol*, 55:461–83.
- [Rejmankova *et al.*, 1995] REJMANKOVA, E., ROBERTS, D., PAWLEY, A., MANGUIN, S. et POLANCO, J. (1995). Predictions of adult *anopheles albimanus* densities in villages based on distances to remotely sensed larval habitats. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 53(5):482–488.
- [Rodewald et Vitz, 2005] RODEWALD, A. D. et VITZ, A. C. (2005). Edge- and area-sensitivity of shrubland birds. *Journal of Wildlife Management*, 69(2): 681–688.
- [Sakamoto *et al.*, 2007] SAKAMOTO, T., VAN NGUYEN, N., KOTERA, A., OHNO, H., ISHITSUKA, N. et YOKOZAWA, M. (2007). Detecting temporal changes in the extent of annual flooding within the cambodia and the vietnamese mekong delta from modis time-series imagery. *Remote Sensing of Environment*, 109(3):295–313.
- [Schadt *et al.*, 2002] SCHADT, S., KNAUER, F., KACZENSKY, P., REVILLA, E., WIEGAND, T. et TREPL, L. (2002). Rule-based assessment of suitable habitat and patch connectivity for the eurasian lynx. *Ecological Applications*, 12(5): 1469–1483.
- [Shannon, 1948] SHANNON, C. (1948). A mathematical theory of communication. *The Bell System Technical Journal*, 27:379–423 and 623–656.
- [Shoemaker *et al.*, 2002] SHOEMAKER, T., BOULIANNE, C., VINCENT, M., PEZANITE, L., AL-QAHTANI, M. M., AL-MAZROU, Y., KHAN, A. S., ROLLIN, P. E., SWANEPOEL, R., KSIAZEK, T. G. et NICHOL, S. T. (2002). Genetic analysis of viruses associated with emergence of rift valley fever in saudi arabia and yemen, 2000-2001. *Emerging Infectious Diseases*, 8(12):1415–1420.
- [Simoonga *et al.*, 2009] SIMOONGA, C., UTZINGER, J., BROOKER, S., VOUNATSOU, P., APPLETON, C. C., STENSGAARD, A. S., OLSEN, A. et KRISTENSEN, T. K. (2009). Remote sensing, geographical information system and spatial

- analysis for schistosomiasis epidemiology and ecology in africa. *Parasitology*, 136(13):1683–93.
- [Simpson, 1949] SIMPSON, E. (1949). Measurement of diversity. *Nature*, 163: 688.
- [Sithiprasasna *et al.*, 2005] SITHIPRASASNA, R., LEE, W. J., UGSANG, D. M. et LINTHICUM, K. J. (2005). Identification and characterization of larval and adult anopheline mosquito habitats in the republic of korea : potential use of remotely sensed data to estimate mosquito distributions. *Int J Health Geogr*, 4:17.
- [Smith, 1997] SMITH, L. C. (1997). Satellite remote sensing of river inundation area, stage, and discharge : A review. *Hydrological Processes*, 11(10):1427–1439.
- [Soti, 2011] SOTI, V. (2011). *Caractérisation des zones et périodes à risque de la Fièvre de la Vallée du Rift au Sénégal par télédétection et modélisation éco-épidémiologique*. Thèse de doctorat, Université Montpellier 2.
- [Soti *et al.*, 2013] SOTI, V., CHEVALIER, V., MAURA, J., BÉGUÉ, A., LELONG, C., LANCELOT, R., THIONGANE, Y. et TRAN, A. (2013). Identifying landscape features associated with rift valley fever virus transmission, ferlo region, senegal, using very high spatial resolution satellite imagery. *International Journal of Health Geographics*, 12:e10.
- [Soti *et al.*, 2010] SOTI, V., PUECH, C., LO SEEN, D., BERTRAN, A., VIGNOLLES, C., MONDET, B., DESSAY, N. et TRAN, A. (2010). The potential for remote sensing and hydrologic modelling to assess the spatio-temporal dynamics of ponds in the ferlo region (senegal). *Hydrology and Earth System Sciences*, 14(8):1449–1464.
- [Soti *et al.*, 2009] SOTI, V., TRAN, A., BAILLY, J.-S., PUECH, P., LO SEEN, D. et BÉGUÉ, A. (2009). Assessing optical earth observation systems for mapping and monitoring temporary ponds in arid areas. *International Journal of Applied Earth Observation and Geoinformations*, 11:344–351.
- [Soti *et al.*, 2012] SOTI, V., TRAN, A., DEGENNE, P., CHEVALIER, V., LO SEEN, D., THIONGANE, Y., DIALLO, M., GUEGAN, J. F. et FONTENILLE, D. (2012). Combining hydrology and mosquito population models to identify the drivers of rift valley fever emergence in semi-arid regions of west africa. *PLoS Negl Trop Dis*, 6(8):e1795.
- [Sutherst *et al.*, 2007] SUTHERST, R., MAYWALD, G. et KRITICOS, D. (2007). *CLIMEX Version 3 : User's Guide*. Hearne Scientific Software Pty Ltd.
- [Swaddle et Calos, 2008] SWADDLE, J. P. et CALOS, S. E. (2008). Increased avian diversity is associated with lower incidence of human west nile infection : observation of the dilution effect. *PLoS One*, 3(6):e2488.
- [Tran, 2004] TRAN, A. (2004). *Télédétection et épidémiologie : Modélisation de la dynamique de populations d'insectes et application au contrôle de maladies à transmission vectorielle*. Thèse de doctorat, Université Strasbourg 1, Discipline Sciences de la Terre et de l'Univers.

- [Tran *et al.*, 2007] TRAN, A., GAIDET, N., L'AMBERT, G., BALENGHIEN, T., BALANÇA, G., CHEVALIER, V., SOTI, V., IVANES, C., ETTER, E., SCHAFFNER, F., BALDET, T. et De la ROCQUE, S. (2007). The use of remote sensing for the ecological description of multi-host disease systems : a case study on west Nile virus in southern France. *Veterinaria Italiana*, 43(3):687–697.
- [Tran *et al.*, 2002] TRAN, A., GARDON, J., WEBER, S. et POLIDORI, L. (2002). Mapping disease incidence in suburban areas using remotely sensed data. *American Journal of Epidemiology*, 156(7):662–668.
- [Tran *et al.*, 2010a] TRAN, A., GOUTARD, F., CHAMAILLÉ, L., BAGHDADI, N. et LO SEEN, D. (2010a). Remote sensing and avian influenza : a review of satellite image processing methods for extracting key parameters for avian influenza h5n1 virus survival in water. *International Journal of Applied Earth Observation and Geoinformation*, 12:1–8.
- [Tran *et al.*, prep] TRAN, A., L'AMBERT, G., BALANÇA, G., PRADIER, S., GROSBOIS, V., ETTER, E., BALENGHIEN, T., BALDET, T., LEBLOND, A., FONTENILLE, D., REITER, P. et GAIDET, N. (in prep.). West Nile virus in southern Europe : disentangling introduction and transmission processes through an integrative eco-epidemiological approach.
- [Tran *et al.*, 2013] TRAN, A., L'AMBERT, G., LACOUR, G., BENOÎT, R., DEMARCHI, M., CROS, M., CAILLY, P., AUBRY-KIENTZ, M., BALENGHIEN, T. et EZANNO, P. (2013). A rainfall- and temperature-driven abundance model for *Aedes albopictus* populations. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, in press.
- [Tran *et al.*, 2010b] TRAN, A., PONCON, N., TOTY, C., DERVIEUX, A., LINARD, C., GUIE, H., FERRE, J.-B., LO SEEN, D., ROGER, F., de LA ROCQUE, S., BALDET, T. et FONTENILLE, D. (2010b). Application of remote sensing to assess the risk of emergence of malaria in southern France. In *International week on space applications*, Toulouse, France.
- [Tran *et al.*, 2008] TRAN, A., PONCON, N., TOTY, C., LINARD, C., GUIE, H., FERRE, J.-B., LO SEEN, D., ROGER, F., de la ROCQUE, S., FONTENILLE, D. et BALDET, T. (2008). Using remote sensing to map larval and adult populations of *Anopheles hyrcanus* (Diptera : Culicidae) a potential malaria vector in southern France. *International Journal of Health Geographics*, 7(1):9.
- [Tran et Raffy, 2006] TRAN, A. et RAFFY, M. (2006). On the dynamics of dengue epidemics from large-scale information. *Theoretical Population Biology*, 69(1):3–12.
- [Tsoar *et al.*, 2007] TSOAR, A., ALLOUCHE, O., STEINITZ, O., ROTEM, D. et KADMON, R. (2007). A comparative evaluation of presence-only methods for modelling species distribution. *Diversity and Distributions*, 13(4):397–405.
- [Turner, 1990] TURNER, M. G. (1990). Spatial and temporal analysis of landscape patterns. *Landscape Ecology*, 4(1):21–30.
- [Turner, 2005] TURNER, M. G. (2005). Landscape ecology : What is the state of the science? *Annual Review of Ecology Evolution and Systematics*, 36:319–344.

- [Vanwambeke *et al.*, 2007] VANWAMBEKE, S. O., SOMBOON, P., HARBACH, R., ISENSTADT, M., LAMBIN, E. F., WALTON, C. et BUTLIN, R. (2007). Landscape and land cover factors influence the presence of aedes and anopheles larvae. *Journal of Medical Entomology*, 44(1):133–144.
- [Viel et Tran, 2009] VIEL, J. F. et TRAN, A. (2009). Estimating denominators : Satellite-based population estimates at a fine spatial resolution in a european urban area. *Epidemiology*, 20(2):214–222.
- [Ward *et al.*, 2005] WARD, M. P., RAMSAY, B. H. et GALLO, K. (2005). Rural cases of equine west nile virus encephalomyelitis and the normalized difference vegetation index. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 5(2):181–188.
- [White, 1978] WHITE, M., E. (1978). Reservoir surface area from landsat imagery. *Photogrammetric Engineering and Remote Sensing*, 44:1421–1426.
- [WHO, 2000] WHO (2000). Outbreak of rift valley fever, yemen. *Weekly epidemiological record*, 75(48):385–396.
- [Woods *et al.*, 2002] WOODS, C. W., KARPATI, A. M., GREIN, T., MCCARTHY, N., GATURUKU, P., MUCHIRI, E., DUNSTER, L., HENDERSON, A., KHAN, A. S., SWANEPOEL, R., BONMARIN, I., MARTIN, L., MANN, P., SMOAK, B. L., RYAN, M., KSIAZEK, T. G., ARTHUR, R. R., NDIKUYEZE, A., AGATA, N. N., PETERS, C. J. et T, W. H. O. H. F. a. (2002). An outbreak of rift valley fever in northeastern kenya, 1997-98. *Emerging Infectious Diseases*, 8(2):138–144.
- [Work et Gilmer, 1976] WORK, E. et GILMER, D. (1976). Utilization of satellite data for inventorying prairie ponds and lakes. *Photogrammetric Engineering and Remote Sensing*, 42:685–694.
- [Xiao *et al.*, 2005] XIAO, X. M., BOLES, S., LIU, J. Y., ZHUANG, D. F., FROLKING, S., LI, C. S., SALAS, W. et MOORE, B. (2005). Mapping paddy rice agriculture in southern china using multi-temporal modis images. *Remote Sensing of Environment*, 95(4):480–492.
- [Xu, 2006] XU, H. Q. (2006). Modification of normalised difference water index (ndwi) to enhance open water features in remotely sensed imagery. *International Journal of Remote Sensing*, 27(14):3025–3033.

PUBLICATIONS

Partie 6

LISTE DES PUBLICATIONS

Les étudiants (*), doctorants (**) et post-doctorants (***) sont indiqués par des astérisques.

6.1 Articles scientifiques

6.1.1 Articles publiés : revue internationale référencée

Les facteurs d'impact (IF) des journaux sont signalés en fin de référence entre crochets.

2013

Bordes F., Herbreteau V.***, Dupuy S., Chaval Y., **Tran A.**, Morand S. 2013. The diversity of microparasites of rodents : a comparative analysis that helps in identifying rodent-borne rich habitats in Southeast Asia. *Infection Ecology and Epidemiology*, 3 :20178.

Soti V.***, Chevalier V., Maura J.*, Bégué A., Lelong C., Lancelot R., Thiongane Y., **Tran A.** 2013. Identifying landscape features associated with Rift Valley fever virus transmission, Ferlo region, Senegal, using very high spatial resolution satellite imagery. *International Journal of Health Geographics*,12 :10. [IF 2,62]

Tran A., L'Ambert G., Lacour G., Benoît R., Demarchi M., Cros M., Cailly P.***, Aubry-Kientz M., Balenghien T., Ezanno P. A rainfall- and temperature-driven abundance model for *Aedes albopictus* populations. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 10 : 1698-1719. [IF 1,61]

2012

Cailly P.***, **Tran A.**, Balenghien T., L'Ambert G., Toty C., Ezanno P. 2012. A climate-driven abundance model to assess mosquito control strategies. *Ecological modelling*, 227 (1) : 7-17. [IF 2,33]

Gaidet N., Caron A., Cappelle J., Cumming G.S., Balança G., Hammoumi S., Cattoli G., Abolnik C., Servan de Almeida R., Gil P., Fereidouni S.R., Grosbois V., **Tran A.**, Mundava J., Fofana B., Ould El Mamy A.B., Ndlovu M., Mondain-Monval J.Y., Triplet P., Hagemeyer W., Karesh W.B., Newman S.H., Dodman T. 2012. Understanding the ecological drivers of avian influenza virus infection in wildfowl : A continental-scale study across Africa. Proceedings of the Royal Society of London. Biological Sciences, 279 (1731) : 1131-1141.[IF 5,42]

Guis H.***, Caminade C., Calvete C., Morse A.P., **Tran A.**, Baylis M. 2012. Modelling the effects of past and future climate on the risk of bluetongue emergence in Europe. Journal of the Royal Society Interface, 9 (67) : 339-350. [IF 4,40]

Soti V.** , **Tran A.**, Degenne P., Chevalier V., Lo Seen D., Thiongane Y., Diallo M., Guégan J.F., Fontenille D. 2012. Combining hydrology and mosquito population models to identify the drivers of Rift Valley fever emergence in semi-arid regions of West Africa. PLoS Neglected tropical diseases, 6 (8) : e 1795 (11 p.) [IF 4,72]

2011

Abdo-Salem S.** , **Tran A.**, Grosbois V., Gerbier G., Al-Qadasi M., Saeed K., Etter E., Thiry E., Roger F., Chevalier V. 2011. Can environmental and socioeconomic factors explain the recent emergence of Rift Valley Fever in Yemen, 2000-2001 ?. Vector-borne and zoonotic diseases, 11 (1) : 1-7. [IF 2,44]

Cailly P.** , Balenghien T., Ezanno P., Fontenille D., Toty C., **Tran A.** 2011. Role of the repartition of wetland breeding sites on the spatial distribution of *Anopheles* and *Culex*, human disease vectors in Southern France. Parasites and vectors, 4 (65) : 8 p. [IF 2,93]

Desvaux S., Grosbois V., Pham T.T.H., Fenwick S., Tollis S.* , Pham N.H., **Tran A.**, Roger F. 2011. Risk factors of highly pathogenic avian influenza H5N1 occurrence at the village and farm levels in the Red River Delta Region in Vietnam. Transboundary and emerging diseases, 58 (6) : 492-502. [IF 1,81]

Fall A.G., Diaite A., Lancelot R., **Tran A.**, Soti V., Etter E., Konaté L., Faye O., Bouyer J. 2011. Feeding behaviour of potential vectors of West Nile virus in Senegal. Parasites and Vectors, 4 (99) : 1-7. [IF 2,93]

2010

Chamaillé L.* , **Tran A.**, Meunier A., Bourdoiseau G., Ready P., Dedet J.P. 2010. Environmental risk mapping of canine leishmaniasis in France. Parasites and vectors, 3 (31). [IF 2,93]

Chevalier V., Dupressoir A., **Tran A.**, Diop O.M., Gotteland C.* , Diallo M., Etter E., Ndiaye M., Grosbois V., Dia M., Gaidet N., Sall A.A., Soti V., Niang M. 2010. Environmental risk factors of West Nile virus infection of horses in the Senegal River basin. Epidemiology and Infection, 138 (11) : 1601-1609. [IF 2,84]

Lambin E.F., **Tran A.**, Vanwambeke S.O., Linard C., Soti V.** 2010. Pathogenic landscapes : Interactions between land, people, disease vectors, and their animal hosts. *International Journal of Health Geographics*, 9 (54) : 13 p. [IF 2,62]

Soti V.**, Puech C., Lo Seen D., Bertran A.*, Vignolles C., Mondet B., Dessay N., **Tran A.** 2010. The potential for remote sensing and hydrologic modelling to assess the spatio-temporal dynamics of ponds in the Ferlo Region (Senegal). *Hydrology and earth system sciences*, 14 (8) : 1449-1464. [IF 3,14]

Tran A., Goutard F., Chamaillé L.*, Baghdadi N., Lo Seen D. 2010. Remote sensing and avian influenza : a review of image processing methods for extracting key variables affecting avian influenza virus survival in water from Earth Observation satellites. *International Journal of Applied Earth Observations and Geoinformation*, 12 (1) : 1-8. [IF 1,74]

2009

Degenne P., Lo Seen D., Parigot D., Forax R., **Tran A.**, Ait Lahcen A., Curé O. 2009. Design of a domain specific language for modelling processes in landscapes. *Ecological modelling*, 220 (24) : 3527-3535. [IF 2,33]

Soti V.**, **Tran A.**, Bailly J.S., Puech C., Lo Seen D., Bégué A. 2009. Assessing optical earth observation systems for mapping and monitoring temporary ponds in arid areas. *International journal of applied earth observation and geoinformation*, 11 (5) : 344-351. [IF 1,74]

Viel J. F., **Tran A.** 2009. Estimating Denominators : Satellite-Based Population Estimates at Fine Spatial Resolution in a European Urban Area. *Epidemiology* 20 : 214-222. [IF 5,56]

2008

Gerbier G., Baldet T., **Tran A.**, Hendrickx G., Guis H**, Mintiens K., Elbers A.R.W., Staubach C. 2008. Modelling local dispersal of bluetongue virus serotype 8 using random walk. *Preventive veterinary medicine*, 87 (1-2) : 119-130. [IF 2,05]

Ponçon N., **Tran A.**, Toty C., Luty A., Fontenille D. 2008. A quantitative risk assessment approach for mosquito-borne diseases : Malaria re-emergence in southern France. *Malaria journal*, 7 (1, su) (suppl.). [IF 3,19]

Tran A., Ponçon N., Toty C., Linard C., Guis H**, Ferré J.B., Lo Seen D., Roger F., De La Rocque S., Fontenille D., Baldet T. 2008. Using remote sensing to map larval and adult populations of *Anopheles hyrcanus* (Diptera : Culicidae) a potential malaria vector in Southern France. *International journal of health geographics*, 7 (9) : 1-12. [IF 2,62]

2007

Guis H**, **Tran A.**, De La Rocque S., Baldet T., Gerbier G., Barragué B., Biteau-Coroller F., Roger F., Viel J.F., Mauny F. 2007. Use of high spatial

resolution satellite imagery to characterize landscape at risk for bluetongue. *Veterinary research*, 38 : 669-683. [IF 4,06]

2006

Abdo-Salem S., Gerbier G., Bonnet P., Al-Qadasi M., **Tran A.**, Al-Eryni G., Roger F. 2006. Descriptive and spatial epidemiology of Rift valley fever outbreak in Yemen 2000-2001. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 1081 : 240-242. [IF 3,15]

Tran A., Raffy M. 2006. On the dynamics of dengue epidemics from large-scale information. *Theoretical population biology*, 69 : 3-12. [IF 1,65]

2005

Raffy M., **Tran A.** 2005. On the dynamics of flying insects population controlled by large scale information. *Theoretical population biology*, 68 (2) : 91-104. [IF 1,65]

2004

Tran A., Deparis X., Dussart P., Morvan J., Rabarison P., Remy F., Polidori L., Gardon J. 2004. Dengue spatial and temporal patterns, French Guiana, 2001. *Emerging Infectious Diseases* 10(4) : 615-621. [IF 6,17]

2002

Tran A., Gardon J., Weber S., Polidori L. 2002. Mapping disease incidence in suburban areas using remotely sensed data. *American Journal of Epidemiology* 156 (7) : 662-668. [IF 5,22]

6.1.2 Articles publiés dans une autre revue à comité de lecture

Adlaoui E., Faraj C., El Bouhmi M., El Aboudi A., Ouahabi S., **Tran A.**, Fontenille D., El Aouad R. 2011. Mapping malaria transmission risk in northern Morocco using entomological and environmental data. *Malaria research and treatment* (391-463) : [9] p.

Desvaux S.**, Pham Thi Thanh Hoa, Grosbois V., Fenwick S., Tollis S., Pham ngoc H., **Tran A.**, Roger F. 2010. Étude des déterminants de la diffusion et de la persistance du virus HP H5N1 dans le nord Vietnam : Études rétrospectives. *Épidémiologie et santé animale* (58) : 95-104.

De La Rocque S., **Tran A.**, Etter E., Vial L., Hendrickx G. 2007. Environmental changes, disease ecology and geographic information system-based tools for risk assessment. *Veterinaria italiana*, 43 (3) : 381-391. [IF 0,67]

Guis H.** , **Tran A.**, Mauny F., Baldet T., Barragué B., Gerbier G., Viel J.F., Roger F., De La Rocque S. 2007. A multiple fine-scale satellite-derived landscape approach : example of bluetongue modelling in Corsica. *Veterinaria italiana*, 43 (3) : 699-707. [IF 0,67]

Tran A., Gaidet N., L'Ambert G., Balenghien T., Balança G., Chevalier V., Soti V., Ivanes C., Etter E., Schaffner F., Baldet T., De La Rocque S. 2007. The use of remote sensing for the ecological description of multi-host disease systems : a case study on West Nile virus in southern France. *Veterinaria italiana*, 43 (3) : 687-697. [IF 0,67]

Tran A., Guis H.** , Biteau-Coroller F., Barragué B.* , Mathieu B., Setier-Rio M.L., Gerbier G., Roger F., Baldet T. 2007. Application de la télédétection à l'évaluation du risque d'émergence d'une maladie vectorielle - Introduction et diffusion dans le sud de la France de *Culicoides imicola*, vecteur de la fièvre catarrhale du mouton. *Télédétection*, 7 (1-2-3-4) : 425-438.

Tran A., Biteau-Coroller F., Guis H.** , Roger F. 2005. Modélisation des maladies vectorielles. *Épidémiologie et santé animale* (47) : 35-51.

6.1.3 Articles publiés dans une revue sans comité de lecture

Guis H.*** , Caminade C., Gerbier G., Lancelot R., **Tran A.** 2010. Évaluation de l'impact du changement climatique en santé animale. État des lieux et recommandations = The effects of climate change on animal health : Current situation and recommendations. *La Lettre de veille du Centre International de Hautes Études Agronomiques Méditerranéennes* (12) : 7-9.

Tran A., Tonneau J.P. 2009. Applications de l'information spatiale par champs thématiques : Populations et sociétés. *Les dossiers d'Agropolis International* (9) : 54.

6.1.4 Articles publiés dans une revue professionnelle

Gerbier G., Biteau-Coroller F., Guis H., **Tran A.**, Zientara S., Baldet T. 2007. Fièvre catarrhale ovine : le point sur l'épidémiologie en Europe fin 2006. *Bulletin des Groupements Techniques Vétérinaires* (39) : 83-88.

Gerbier G., Baldet T., Guis H., **Tran A.** 2007. Modifications climatiques et évolution des maladies virales vectorielles : exemple de la Bluetongue. *Bulletin des Groupements Techniques Vétérinaires, Recueil des journées nationales 2007*.

Gardon J., **Tran A.**, Polidori L. 2001. Guyane : vers une épidémiologie spatiale opérationnelle. *CNESquise-passe? (journal interne du CNES)* (104) : 14-16.

6.1.5 Articles soumis

Tran A., Ippoliti C., Balenghien T., Conte A., Gely M., Calistri P., Goffredo M., Baldet T., Chevalier V. A Geographic Information System-based multi-

criteria evaluation to map areas at risk for Rift Valley fever vector-borne transmission in Italy. *Transboundary and Emerging Diseases*.

6.1.6 Articles en préparation

Garni R.*, **Tran A.**, Guis H., Baldet T., Benallal K., Boubidi S., Harrat Z. Environmental determinants and risk map of cutaneous leishmaniasis in Ghardaïa, Algeria.

Guerrini L., **Tran A.**, Seck M.T., Ndione J.A., Bouyer J. Are tsetse aware of climate change?

Guichard S.***, Guis, H., Kriticos D., **Tran A.** Eco-climatic niche modeling of *Culicoides imicola*, vector of arboviroses. *Global Ecology and Biogeography*.

Léger L.*, **Tran A.**, Grosbois V., Vong S., Goutard F. Rôle de l'eau et d'autres variables environnementales et anthropiques dans l'émergence et la diffusion de la grippe aviaire (H₅N₁) au Cambodge.

Tran A., L'Ambert G., Balança G., Pradier S., Grosbois V., Balenghien T., Baldet T., Leblond A., Fontenille D., Reiter P., Gaidet N. West Nile virus in Southern Europe : disentangling introduction and transmission processes through an integrative eco-epidemiological approach.

6.2 Chapitres d'ouvrage

Sous presse

Bicout D.J., **Tran A.**, Durant B. Apports de la modélisation à la compréhension de l'épidémiologie du virus du Nil Occidental. In : Bicout, D.J. (ed.). *Que savons-nous du virus de West Nile en France?* Versailles : Ed. Quae.

2013

Lacetera N., Segnalina M., Bernabuccia U., Ronchia B., Vitalia A., **Tran A.**, Guis H., Caminade C., Calvete C., Morse A., Baylis M., Nardonea A. Climate Induced Effects on Livestock Population and Productivity in the Mediterranean Area. In : Navarra, A., Tubiana, L. (eds.). *Regional Assessment of Climate Change in the Mediterranean. Vol. 2 : Agriculture, Forests and Ecosystem Services and People. Advances in Global Change Research, 51*, Heidelberg : Springer [Allemagne].

2012

Venail R., Balenghien T., Guis H., **Tran A.**, Setier-Rio M.L., Delecolle J.C., Mathieu B., Cetre-Sossah C., Martinez D., Languille J., Baldet T., Garros C. 2012. Assessing diversity and abundance of vector populations at a national

scale : Example of Culicoides surveillance in France after bluetongue virus emergence. In : Mehlhorn Heinz (ed.). Arthropods as vectors of emerging diseases. Heidelberg : Springer [Allemagne], p. 77-102.

2010

Coroller F., Guis H., Mathieu B., **Tran A.**, Delecolle J.C., Baldet T., Pruvost O., Roger F. 2010. L'émergence de la fièvre catarrhale ovine en France : approche interdisciplinaire du compartiment "vecteurs". In : Barnouin J., Sache I. (eds.). Les maladies émergentes : épidémiologie chez le végétal, l'animal et l'homme. Versailles : Ed. Quae, p. 239-2248.

Guis H., Gély M., Moiroux N., **Tran A.** 2010. Utilisation des systèmes d'information géographique en épidémiologie (Annexe). In : Toma B., Dufour B., Bénét J.J., Sanaa M., Shaw A., Moutou F. Epidémiologie appliquée à la lutte collective contre les maladies animales transmissibles majeures . Maisons-Alfort : Association pour l'Etude de l'Epidémiologie des Maladies Animales, p. 2-9.

2009

Tran A., Guis H., Guernier V., Gerbier G. 2009. Épidémiologie spatiale : les maladies vues du ciel. In : Guégan J.F., Choisy M. Introduction à l'épidémiologie intégrative des maladies infectieuses et parasitaires. Paris : DeBoeck Université, p. 41-80.

2004

Tran A., Gardon J., Polidori L. 2004. Application of remote sensing for disease surveillance in urban and suburban areas. In : Desk Reference of Evidence-Based Practice in Health Care and Human Services. Oxford University Press.

6.3 Thèse et mémoires

Tran A. 2004. Télédétection et épidémiologie : modélisation de la dynamique de populations d'insectes et application au contrôle de maladies à transmission vectorielle. Strasbourg : Université Louis Pasteur, 199 p. Thèse de doctorat : Sciences de la terre et de l'univers .

Tran A. 1999. Fusion de données satellitales optiques et radars pour la détermination des limites forestières au Viêt Nam. Mémoire de stage de troisième année : Diplôme d'Ingénieur de l'Ecole Nationale Supérieure de Physique de Strasbourg, 82 p.

6.4 Communications dans des congrès et des colloques

6.4.1 Avec comité de lecture international

2012

Dupuy S., Herbreteau V.***, Feyfant T., Morand S., **Tran A.** 2012. Land-cover dynamics in Southeast Asia : Contribution of object-oriented techniques for change detection. In : Pontifical Catholic University of Rio de Janeiro (PUC-Rio) ; Brazilian National Institute for Space Research (INPE). 4th International Conference on GEographic Object-Based Image Analysis (GEOBIA 2012), Rio de Janeiro, Brésil, 07- 09 may 2012 . p. 217-222.

Ezanno P., Cailly P.***, Balenghien T., Aubry-Kientz M., L'Ambert G., Toty C., **Tran A.** 2012. A generic climate-driven model to evaluate control strategies of mosquito populations in temperate wetlands : [Abstract]. In : E-rove 2012 : from biology to integrated control in a changing world. Abstract book. Montpellier : European Society for Vector Ecology, p. 71-72. Conférence E-SOVE. 18, 2012-10-08/2012-10-11, Montpellier.

Garni R.*, **Tran A.**, Guis H., Baldet T. 2012. Environmental determinants for cutaneous leishmaniasis in Ghardaïa, Algeria, and risk map : [Abstract]. In : E-rove 2012 : from biology to integrated control in a changing world. Abstract book. Montpellier : European Society for Vector Ecology, p. 234. Conférence E-SOVE. 18, 2012-10-08/2012-10-11, Montpellier.

Tran A., Soti V.***, Diallo M., Lo Seen D., Degenne P., Thiongane Y., Guégan J.F., Fontenille D., Chevalier V. 2012. Remote sensing and dynamic modelling to forecast Rift Valley fever outbreaks in Senegal. In : Colloque Health and Space, 19-21 September 2012, Marseille, France.

Tran A., Ippoliti C., Gély M., Balenghien T., Conte A., Baldet T., Goffredo M., Calistri P., Chevalier V. 2012. A GIS-based multi-criteria evaluation approach to map Rift Valley fever risk areas in Europe : [Abstract]. In : E-rove 2012 : from biology to integrated control in a changing world. Abstract book. Montpellier : European Society for Vector Ecology, p. 67. Conférence E-SOVE. 18, 2012-10-08/2012-10-11, Montpellier.

Venail R., Balenghien T., Guis H., **Tran A.**, Setier-Rio M.L., Delecolle J.C., Mathieu B., Cetre-Sossah C., Martinez D., Languille J., Baldet T., Garros C. 2012. Assessing diversity and abundance of vector populations at a national scale : example of Culicoides surveillance in France after Bluetongue Virus emergence. In : E-rove 2012 : from biology to integrated control in a changing world. Abstract book. Montpellier : European Society for Vector Ecology, p. 24. Conférence E-SOVE. 18, 2012-10-08/2012-10-11, Montpellier.

2010

Cailly P.***, **Tran A.**, Balenghien T., Ezanno P. 2010. Factors affecting the size of a mosquito population in a favourable environment. *EDEN International*

Conference, 10-12 Mai, Montpellier, France.

Chamaillé L.*, **Tran A.**, Meunier A., Bourdoiseau G., Ready P., Dedet J.P. 2010. Ecological risk mapping of canine leishmaniasis in France. *EDEN International Conference*, 10-12 Mai, Montpellier, France.

Guis H.***, Guichard S.***, Caminade C., Baylis M., **Tran A.** 2010. Mapping the impacts of climate change on vector-borne diseases : application to Orbiviruses. *GeoVet 2010 Conference*, 1-3 Decembre, Sydney, Australie.

Guis H.***, Caminade C., Calvete C., Morse A. P., **Tran A.**, Baylis M. 2010. Climate change as a driver of the emergence of bluetongue in Europe. Meegid Xth conference, The Netherlands, November 2010.

Pradier S., Sandoz A., Lefebvre G., **Tran A.**, Lecollinet S., Leblond A. 2010. Influence of water on the circulation of the West Nile Virus in horses in Southern France. *International Symposium on HIV and Emerging Infectious Diseases*, 24-26 Mars, Marseille, France.

Soti V.***, **Tran A.**, Fontenille D, Lancelot R, Chevalier V., Thiongane Y., Degenne P., Lo Seen D. , Bégué A., Guégan J.F. 2010. A diffusion model to predict spatial and temporal population dynamics of Rift Valley Fever vectors in Northern Senegal. *EDEN International Conference*, 10-12 Mai, Montpellier, France.

Tran A., L'Ambert G, Balança G, Pradier S, Grosbois V, Roche B, Etter E, Balenghien T, Baldet T, Leblond A, Fontenille D, Reiter P, Gaidet N. 2010. Impact of vector and host distribution on the processes of introduction, amplification and emergence of a multi-host infectious disease : An integrative ecological and landscape study on West Nile virus in southern France. *EDEN International Conference*, 10-12 Mai, Montpellier, France.

2009

Abdo-Salem S., Chevalier V., Waret A., **Tran A.**, Gerbier G., Thiry E., Olive M.M., Gély M., Ben Jebara K., Al-Qadasi M., Saeed K., Bonnet P., Al-Eryani G., Roger F. 2009. Rift Valley Fever outbreaks and control in the middle east. *Office International des Epizooties : Séminaire régional pour le contrôle et la lutte contre la fièvre de la Vallée du Rift en Afrique Australe*, 16-18 Février, Bloemfontein, Afrique du Sud.

Abdo-Salem S., Waret A., Soti V., **Tran A.**, Etter E., Duboz R., Roger F., Chevalier V. 2009. Rift Valley Fever : processes of emergence and dissemination. *Rift Valley Fever Workshop : An integrated approach to controlling Rift Valley Fever in Africa and the Middle East*, 27-29 Janvier, Le Caire, Egypte. (poster)

Chevalier V., Dupressoir A., **Tran A.**, Diop O.M., Etter E., Sall A.A., Gaidet N., Dia M., Soti V., Niang M. 2009. Epidemiology and environmental risk factors of West Nile virus infection in the Senegal river basin. *Society for Veterinary Epidemiology and Preventive Medicine Conference*, 1-3 Avril, Londres, UK.

Soti V.***, **Tran A.**, Mondet B., Fontenille D., Chevalier V., Lancelot R., Thiongane Y., Degenne P., Lo Seen D., Guegan J-F. 2009. Contribution of a hydrologic pond model to predict spatial and temporal mosquito population dynamics in Northern Senegal. *Epidemics*, 2-4 Décembre, Athènes, Grèce. (poster)

2008

Cailly P.** , **Tran A.**, Balenghien T., Ezanno P. 2008. Modelling the inter-annual mosquito population dynamics : emergence date and biting risk. *Epidemics*, 1-3 Décembre, Asilomar CA, USA. (poster)

Franc A., Duvallet G., **Tran A.**, Soti V., Duranton J.F. 2008. Impacts of the environmental alterations in the Sofia basin (Madagascar) on the population dynamic and the gregarisation of the Red locust. *XXIII International Congress of Entomology*, 7-12 Juillet, Durban, Afrique du Sud.

Franc A., Soti V., **Tran A.**, Duvallet G., Duranton J.F. 2008. Deforestation, new migration pathways and outbreaks of the red locust *Nomadacris septemfasciata* (Orthoptera : Acrididae) in the Sofia river basin (Madagascar). *Conférence SAGEO (Spatial Analysis and GEomatics)*, 24-27 juin, Montpellier, France.

Soti V.** , **Tran A.**, Lo Seen D., Bégué A. 2008. Monitoring sahelian temporary ponds using MODIS/TERRA imagery. *Third International Conference BALWOIS*, 27-30 Mai, Ohrid - Republic of Macedonia.

Tran A., Ponçon N., Toty C., Torres N., Dervieux A., Linard C., Guis H.** , Ferré J.B., Lo Seen D., Roger F., de la Rocque S., Baldet T., Fontenille D. 2008. Application of remote sensing to assess the risk of emergence of malaria in Southern France. *International Week on Space Applications*, 22-25 Avril, Toulouse, France.

2007

Soti V.** , Chevalier V., Maura J.* , **Tran A.**, Etter E., Lelong C., Sow D., Ndiaye M., Sall B., Thiongane Y., Lancelot R., De La Rocque S. 2007. Application of very high spatial resolution remote sensing data for the characterization of risk areas for Rift Valley Fever in Senegal. *Gis Vet' 07 Conference*, 20-24 août, Copenhagen, Danemark. (poster)

2006

Guis H.** , **Tran A.**, Barragué B.* , Baldet T., Gerbier G., De La Rocque S., Roger F., Viel J.F., Mauny F. 2006. A multiple fine-scale satellite-derived approach to model bluetongue in Corsica (France). *First OIE International Conference on the Use of GIS in Veterinary Medicine*, 8-11 Octobre, Silvi Marina, Italie. (poster)

Guis H.** , **Tran A.**, De La Rocque S., Baldet T., Delecolle J.C., Mathieu B., Roger F., Viel J.F., Mauny F. 2006. Towards the favorable landscapes for *Culicoides imicola* the main bluetongue vector in Corsica. *15th Euro SOVE (Society for Vector Ecology) Conference*, 10-14 Avril, Serres, Grèce. (poster)

Guis H.** , **Tran A.**, De La Rocque S., Baldet T., Delecolle J.C., Mathieu B., Viel J.F., Roger F., Mauny F. 2006. Use of satellite imagery to predict the distribution of bluetongue vector *C. imicola* in Corsica. *ISVEE. Proceedings of the 11th Symposium of the International Society of Veterinary Epidemiology and Economics*, Cairns, Australie. (poster)

Guis H.** , **Tran A.**, Mauny F., Roger F., Gerbier G., Baldet T., Viel J.F., De La Rocque S. 2006. Use of satellite imagery to predict the distribution of bluetongue in Corsica. *ISVEE. Proceedings of the 11th Symposium of the International Society of Veterinary Epidemiology and Economics*, Cairns, Australie (poster).

Tran A., Gaidet N., L'Ambert G., Balenghien T., Balança G., Chevalier V., Soti V., Ivanès C., Etter E., Schaffner F., Baldet T., De La Rocque S. 2006. The use of remote sensing for the ecological description of multi-host disease systems : a case study on West Nile virus in southern France. *First OIE International Conference on the Use of GIS in Veterinary Medicine*, 8-11 Octobre, Silvi Marina, Italie (communication invitée).

2005

Abdo-Salem S., Gerbier G., Bonnet P., Al-Qadasi M., **Tran A.**, Al-Eryni G., Roger F. 2006. Descriptive and spatial epidemiology of Rift valley fever outbreak in Yemen 2000-2001. *Biennial Conference of the Society for Tropical Veterinary Medicine*, 26 Juin - 1^{er} Juillet 2005, Hanoi, Vietnam.

6.4.2 Autres communications

Herbreteau V.***, Dupuy S., Feyfant T., Morand S., **Tran A.** 2012. Habitat suitability modeling of murine rodents in South-East Asia : use of high resolution data at a local scale. In : Regional Workshop on Rodent Survey : from Trapping to Pathogen Screening, Bangkok, Thailand, May 15-18, 2012. Regional Workshop on Rodent Survey : from Trapping to Pathogen Screening, 2012-05-15/2012-05-18, Bangkok, Thaïlande.

Lacetera N., Segnalini M., Bernabucci U., Ronchi B., Vitali A., **Tran A.**, Guis H.***, Caminade C., Calvete C., Morse A., Baylis M., Nardone A. 2011. Climate Induced Effects on Livestock Population and Productivity in the Mediterranean Area. Oral communication; Circe final year meeting, Rome, Italy, May 2011.

Lo Seen D., Degenne P., Soti V.** , **Tran A.** 2011. Ocelet modelling language and simulation tool : possible applications in pest management ? *Atelier : Quels outils pour un changement d'échelle dans la gestion des insectes d'intérêt économique ?*, 4-5 Octobre 2011, Montpellier, France.

Soti V.** , Chevalier V., Maura J., Sow D., Bégué A., Lelong C., Lancelot R., **Tran A.**, 2011. Landscape characterization of Rift Valley Fever risk areas using very high spatial resolution imagery : case study in the Ferlo area, Senegal. *Atelier : Quels outils pour un changement d'échelle dans la gestion des insectes d'intérêt économique ?*, 4-5 Octobre 2011, Montpellier, France.

Cailly P.** , Ezanno P., **Tran A.**, Balenghien T. 2010. Modélisation de la dynamique spatio-temporelle de populations de moustiques, vecteurs d'agents

pathogènes. *Séminaire de restitution des actions INRA CIRAD en maladies infectieuses animales et émergentes*, 4-6 octobre 2010, Montpellier, France.

Guis H.***, Caminade C., Calvete C., Morse A.P., **Tran A.**, Baylis M. 2010. Évaluation des effets du changement climatique sur la fièvre catarrhale ovine en Europe. *Réunion d'information et d'échanges sur la restitution des résultats de la recherche opérationnelle FCO en France*, 18 Mars, Paris, France.

Guis H.***, **Tran A.** 2010. Risques épidémiologiques et changements globaux proposition d'une démarche scénarios - santé. *Séminaire de prospectives "Futurs méditerranéens, émergence et risques sanitaires : comment modéliser et scénariser ?"*, 11 Février, Montpellier, France.

Cailly P.**, **Tran A.**, Balenghien T., Ezanno P. 2009. Décrire l'abondance d'une population de moustiques afin d'identifier les facteurs l'influençant. *Journée des doctorants de l'ED Angers-Nantes*, 12 Novembre, Nantes, France.

Guis H.***, Caminade C., Calvete C. Morse A., **Tran A.**, Baylis M. 2009. Mapping the effects of climate change on bluetongue transmission in Europe. Oral communication; Epizone conference, Antalya, Turkey, May 2009.

Guis H.***, Caminade C., Calvete C. Morse A., **Tran A.**, Baylis M. 2009. Mapping the effects of climate change on bluetongue transmission in Europe. Oral communication; Host-Pathogen Community Interaction : from Mobility to Contact, Montpellier, France, April 2009.

Soti V.**, **Tran A.**, Mondet B., Fontenille D., Chevalier V., Lancelot R., Thiongane Y., Degenne P., Lo Seen D., Guegan J-F. 2009. Contribution of a hydrologic pond model to predict spatial and temporal mosquito population dynamics in Northern Senegal. *Epidemics*, 2-4 Decembre, Athènes, Grèce. (poster)

Soti V.**, **Tran A.**, Mondet B., Chevalier, V., Puech, C., Bégué A., Lancelot, R., Thiongane Y. 2009. Modelling the dynamics of temporary ponds in arid areas - Application : modelling the dynamics of mosquitoes, vectors of Rift Valley Fever, Ferlo area, Senegal. *EDEN annual meeting*, 14-16 Janvier, Marrakech, Maroc.

Soti V.**, **Tran A.**, Thiongane Y., Bailly J.S., Puech, C., Lo Seen D., Bégué A. 2009. Assessing optical Earth Observation Systems for mapping and monitoring temporary ponds in arid areas. *EDEN annual meeting*, 14-16 Janvier, Marrakech, Maroc. (poster)

Goutard F., Vong S., **Tran A.**, Rakowski F., Buchy P., Radomski J. 2008. Resistance of Influenza Viruses in environmental reservoirs and systems : an ecological approach in Cambodia. *Restad Meeting*, 21-22 Août.

Tran A., Ponçon N., L'Ambert G., Toty C., Torres N., Guis H., Ferré J.B., Lo Seen D., Roger F., de la Rocque S., Baldet T., Fontenille D. 2008. Application de la télédétection à la cartographie du risque d'émergence de maladies vectorielles. *Séminaire Risques émergents en régions littorales méditerranéennes*, 11 Avril, Montpellier, France.

Biteau-Coroller F., Guis H.**, **Tran A.**, Houisse I., Vial L., Baldet T., Gerbier G., Roger F. 2007. La fièvre catarrhale du mouton : un modèle d'émergence

réussie en Corse, mais quels risques pour le pourtour méditerranéen français? *Journées d'animation scientifique du département Santé Animale de l'INRA, session Emergence et diffusion des maladies infectieuses, 25-27 Juin, Tours, France.*

Gaidet N., **Tran A.**, L'Ambert G., Balenghien T., Balança G., Vollot B., Roche B., Ivanès C., Guégan J.-F., Schaffner F., de La Rocque S., Baldet T. 2007. Ecological study of West Nile Virus in Southern France : Use of GIS-based tools to investigate a multi-host disease system. *EDEN Annual Meeting, 10-12 Janvier, Antalya, Turquie.*

Gerbier G., Baldet T., Guis H.** , Tran A. 2007. Modifications climatiques et évolution des maladies virales vectorielles : exemple de la bluetongue. *Journées nationales des Groupements Techniques Vétérinaires, Nantes, 23-25 mai 2007.*

Guis H.** , **Tran A.**, Delécolle J.C., Mathieu B., Gerbier G., de La Rocque S., Mauny F., Biteau F., Viel J.F., Roger F., Baldet T. 2007. Towards the favourable landscapes for *Culicoides imicola*, main bluetongue vector in Corsica (France). Oral communication ; MedReoNet first annual meeting, Palma de Majorca, Majorca, December 2007.

Soti V.** , Maura J.* , **Tran A.**, Chevalier V., Etter E., Sow D., Ndiaye M., Sall B., Lancelot R., Thiongane Y. 2007. Application of very high spatial resolution remote sensing for the characterization of risk areas for rift valley fever in Senegal. *EDEN Annual Meeting, 10-12 Janvier, Antalya, Turquie.*

Tran A., Biteau-Coroller F., Guis H.** , Mathieu B., Setier-Rio M.L., Gerbier G., Baldet T., Roger F. 2007. Spatial modelling of vector-borne diseases using remote sensing and Geographic Information Systems : The case of bluetongue in Southern France. *Atelier Modélisation en Epidémiologie et Economie de la santé animale, 4-5 septembre, Montpellier, France.*

Guis H.** , De La Rocque S., **Tran A.**, Roger F., Gerbier G., Baldet T., Viel J.F., Mauny F. 2006. Caractérisation par télédétection des paysages favorables à *Culicoides imicola*, vecteur de la fièvre catarrhale ovine en Corse. *12ème Forum des jeunes chercheurs, 8-9 juin, Besançon, France. (poster)*

Tran A. 2006. Présentation de l'utilisation des outils géomatiques dans la construction de modèles spatialisés. *Atelier "Des modèles probabilistes et multi-agents pour comprendre les interactions populations animales – environnement écologique et anthropique à partir de données spatialisées et pour l'aide à la décision", 16 Mars, Montpellier, France.*

Tran A., Biteau-Coroller F., Guis H.** 2005. Modélisation des maladies vectorielles. *Journées de l'Association pour l'Etude de l'Epidémiologie des Maladies Animales, 19 Mai, Paris, France.*

Tran A. 2005. Outils de spatialisation : quelle aide pour quelles questions? *Atelier Ecologie de la santé en Bassin Amazonien, 21-25 Mars, Cayenne, Guyane.*

Tran A. 2005. High-resolution remote sensing and epidemiology. *EDEN Harmonization workshop on data, Remote Sensing and Geographic Information Systems, 29 Mars – 2 Avril, Louvain-la-Neuve, Belgique.*

Faure J.F., **Tran A.**, Gardel A., Polidori L. 2003. Sensoriamento remoto das formas de urbanização em aglomerações do litoral amazônico : elaboração de um índice de densidade populacional. *XIe colloque brésilien de télédétection (Simpósio Brasileiro de Sensoriamento Remoto)*, 5-10 Avril, Belo Horizonte, Brésil.

Tran A., Dussart P., Rabarison P., Remy F., Polidori L., Gardon J. 2003. Étude de la dynamique d'une épidémie de dengue. Iracoubo, Guyane, 2001. *Atelier de Modélisation en Épidémiologie*, 17-21 mars, Cargèse, France.

Tran A. 2003. L'apport de la télédétection en épidémiologie. *Assises de la Recherche en Amazonie*, 1-4 Octobre, Cayenne, Guyane française.

Tran A., Gardon J., Polidori L. 2002. Télédétection et épidémiologie des maladies transmissibles en Guyane : cas de la fièvre Q. *Conférence Régionale de Santé en Guyane*, 8 Octobre, Cayenne, Guyane française.

Tran A., Polidori L., Kasser M. 2000. Évaluation d'un MNT laser en forêt amazonienne. *Colloque "Télédétection et Topographie en milieu tropical humide"*, Société Française de Photogrammétrie et Télédétection, 2-6 Octobre, Cayenne, Guyane française.

Tran A., Polidori L., Guiral D. 2000. Caractérisation multi-capteurs des zones humides littorales. *Ve Workshop ECOLAB*, 19-25 Novembre, Macapa, Brésil.

6.5 Rapports

Tran A., Guis H. 2007-2011. Rédaction de 3 rapports d'avancement scientifique, de 4 livrables et du rapport final du workpackage «Integrated management of vulnerability in agriculture and health», projet CIRCE (Climate Change and Impact Research : the Mediterranean Environment).

Lambin E., **Tran A.**, Vanwambeke S., Linard C., Soti V., Rogers D. 2005-2010. Rédaction de 4 rapports d'avancement scientifique et du rapport final du workpackage «Horizontal Integration Team : Remote Sensing Tools», projet EDEN (Emerging Diseases in a changing European eNvironment).

Goutard F., **Tran A.** 2007. Rapport de mission Phnom Penh, Bangkok, 15-23 octobre 2007. CIRAD, Montpellier, 9 p.

Tran A., Soti V., Gaidet N. 2006. Ecological map of the West Nile Virus study area in Italy : Padule di Fucecchio. Rapport technique projet EDEN. CIRAD, Montpellier, 10 p.

Tran A. 2005. Rapport de mission Sénégal 2-6 mai 2005. Projet EDEN : Télédétection haute résolution spatiale et activités de la plate-forme Afrique au Sénégal. Études Fièvre de la Vallée du Rift et Fièvre de West Nile. CIRAD, Montpellier, 31 p.

Tran A. 2003. Télédétection et Épidémiologie : apport de la télédétection pour la surveillance de la dengue en Guyane. Rapport d'activités IRD pour le projet S2Dengue, 48 p.

Tran A. 2001. Télédétection et épidémiologie des maladies transmissibles en Guyane : cas du paludisme et de la fièvre Q. Rapport pour le Secrétariat

d'Etat à l'Outre-Mer, 40 p.

Tran A. 2000. Application de la télédétection hyperspectrale à la cartographie et l'étude des formations végétales du marais de Kaw. Rapport d'étude pour le PNRZH (Programme National de Recherche sur les Zones Humides), 41 p.

Tran A., Polidori L. 2000. Évaluation d'une chaîne de traitement de données laser altimétriques. Rapport conv. IRD/ALTOA 9054, 25 p.

6.6 Liste des mémoires d'étudiants encadrés (2004-2012)

6.6.1 Thèses

Cailly P., 2011. Modélisation de la dynamique spatio-temporelle d'une population de moustiques, sources de nuisances et vecteurs d'agents pathogènes. Ecole doctorale « Biologie Santé », Université Nantes Angers, 151 p.

Soti V., 2011. Caractérisation des zones et périodes à risque de la Fièvre de la Vallée du Rift au Sénégal par télédétection et modélisation éco-épidémiologique. Ecole doctorale SIBAGHE (Systèmes Intégrés en Biologie, Agronomie, Géosciences, Hydrosociences, Environnement), Université Montpellier 2, 177 p.

Guis H., 2007. Géomatique et épidémiologie : caractérisation des paysages favorables à *Culicoides imicola*, vecteur de la fièvre catarrhale ovine en Corse. Ecole doctorale « Homme, Environnement, Santé », Université de Franche-Comté, 418 p.

6.6.2 Master 2

(* : a donné lieu à une communication; ** : a donné lieu à une ou plusieurs publications)

Garni R., 2012. Information spatiale et épidémiologie des maladies vectorielles : développement d'une méthode de cartographie des zones à risque de leishmaniose cutanée, Ghardaïa-Algérie. Master International d'Entomologie médicale et vétérinaire, Université d'Abomey-Calavi - Université Montpellier 2, 39 p.*

Djama M., 2010. Télédétection et estimation de la pluviométrie-application à la modélisation des dynamiques de populations de moustiques vecteurs de maladies. Mastère SILAT (Systèmes d'Informations Localisées pour l'Aménagement des Territoires), Montpellier, 31 p.

Léger L., 2010. Rôle de l'eau et d'autres variables environnementales et anthropiques dans l'émergence et la diffusion de la grippe aviaire (H5N1) au Cambodge. Master 2 Professionnel « Biostatistique », Université Montpellier 2, 56 p.**

Laventure S., 2009. Suivi temporel des points d'eau du Parc Régional du W (Burkina Faso, Bénin, Niger). Master 2 Professionnel «Physique-Informatique», Université Montpellier 2, 71 p.

Tollis S., 2009. Application de la télédétection à moyenne résolution spatiale et des Systèmes d'Information Géographique à la définition d'indicateurs environnementaux relatifs au risque de grippe aviaire au Vietnam. Université Toulouse II, INP-ENSAT (Ecole nationale supérieure d'agronomie de Toulouse), 78 p.**

Bertran A., 2008. Télédétection, modélisation hydrologique spatialisée et santé - Méthode de suivi et de modélisation hydrologique spatialisée des mares sahéliennes appliquée à l'épidémiologie : étude des populations de moustiques, vecteurs du virus de la fièvre de la vallée du Rift au Sénégal. **

Cailly P., 2008. Modélisation de la dynamique d'une population de moustiques : prise en compte des facteurs environnementaux et couplage des composantes spatiale et temporelle. Master 2 Recherche « Ecologie, Evolution, Biométrie », Université de Lyon 1, 30 p. **

Chamaillé L., 2008. Apport de la télédétection pour la caractérisation des propriétés de l'eau – application à l'étude des facteurs de risque pour la survie du virus H5N1 dans l'environnement. Université Toulouse II, INP-ENSAT (Ecole nationale supérieure d'agronomie de Toulouse), 70 p.**

Dumas, M., 2007. Etude diachronique des biotopes de ponte du criquet nomade à partir d'images satellites SPOT. Bassin de la Sofia, Madagascar. Stage de césure de Master en Ecologie, Université Paul Sabatier, Toulouse, 93 p.*

Roux A., 2007. Utilisation des outils géomatiques pour la description d'un système infectieux multi hôtes - Cas du virus de West Nile dans le delta du Danube (Roumanie). Master Télédétection et Géomatique Appliquées à l'Environnement , Université Paris 7, 54 p.

Barragué B., 2006. Identification par télédétection des paysages méditerranéens favorables à *Culicoides imicola*, vecteur de la fièvre catarrhale ovine : validation de modèles statistiques de risque en Corse du Sud et dans le Var. Rapport de Master 2 Gestion de l'environnement, département de Géographie, Université Rennes 2, 48 p.**

Guis H. 2004. Caractérisation par télédétection de l'environnement favorable aux Culicoides vecteurs de la fièvre catarrhale ovine dans le bassin méditerranéen : cas de la Corse. Mastère SILAT (Systèmes d'Informations Localisées pour l'Aménagement des Territoires), Montpellier, 54 p.**

6.6.3 Master 1, mémoire d'ingénieur

Gotteland, C., 2008. La fièvre West Nile : facteurs de risque environnementaux et épidémiologie. Université Joseph Fourier, Grenoble, 16 p. **

Gratusse G., 2007. Mise en place d'une interface cartographique Internet pour la surveillance entomologique de la Fièvre Catarrhale Ovine. Rapport de

Licence Professionnelle Génie Géomatique pour l'Aménagement du Territoire.
Université de Toulouse, antenne d'Auch, 37 p.

Maura J., 2006. Application de la télédétection à très haute résolution spatiale à l'étude d'une maladie à transmission vectorielle : Mise en relation de variables paysagères et de l'incidence sur ovins pour l'identification de zones à risque de transmission de la Fièvre de la Vallée du Rift - Cas du Ferlo. Rapport de stage Ecole Nationale Supérieure d'Agronomie de Montpellier, 48 p.**

LISTE DES PUBLICATIONS

Partie 7

SÉLECTION DE PUBLICATIONS

7.1 Identifying landscape features associated with Rift Valley fever virus transmission, Ferlo region, Senegal, using very high spatial resolution satellite imagery

Soti V., Chevalier V., Maura J.*, Bégué A., Lelong C., Lancelot R., Thion-gane Y., **Tran A.** Identifying landscape features associated with Rift Valley fever virus transmission, Ferlo region, Senegal, using very high spatial resolution satellite imagery. *International Journal of Health Geographics*,12 :10



RESEARCH

Open Access

Identifying landscape features associated with Rift Valley fever virus transmission, Ferlo region, Senegal, using very high spatial resolution satellite imagery

Valérie Soti^{1,2,3*}, Véronique Chevalier¹, Jonathan Maura^{1,3}, Agnès Bégué³, Camille Lelong³, Renaud Lancelot⁴, Yaya Thiongane⁵ and Annelise Tran^{1,3}

Abstract

Introduction: Dynamics of most of vector-borne diseases are strongly linked to global and local environmental changes. Landscape changes are indicators of human activities or natural processes that are likely to modify the ecology of the diseases. Here, a landscape approach developed at a local scale is proposed for extracting mosquito favourable biotopes, and for testing ecological parameters when identifying risk areas of Rift Valley fever (RVF) transmission. The study was carried out around Barkedji village, Ferlo region, Senegal.

Methods: In order to test whether pond characteristics may influence the density and the dispersal behaviour of RVF vectors, and thus the spatial variation in RVFV transmission, we used a very high spatial resolution remote sensing image (2.4 m resolution) provided by the Quickbird sensor to produce a detailed land-cover map of the study area. Based on knowledge of vector and disease ecology, seven landscape attributes were defined at the pond level and computed from the land-cover map. Then, the relationships between landscape attributes and RVF serologic incidence rates in small ruminants were analyzed through a beta-binomial regression. Finally, the best statistical model according to the *Akaike* Information Criterion corrected for small samples (AIC_c), was used to map areas at risk for RVF.

Results: Among the derived landscape variables, the vegetation density index (VDI) computed within a 500 m buffer around ponds was positively correlated with serologic incidence ($p < 0.001$), suggesting that the risk of RVF transmission was higher in the vicinity of ponds surrounded by a dense vegetation cover. The final risk map of RVF transmission displays a heterogeneous spatial distribution, corroborating previous findings from the same area.

Conclusions: Our results highlight the potential of very high spatial resolution remote sensing data for identifying environmental risk factors and mapping RVF risk areas at a local scale.

Keywords: Rift Valley fever, Vector-borne diseases, Landscape approach, Quickbird, Risk areas mapping

* Correspondence: valerie.soti@cirad.fr

¹Cirad, UPR AGIRs, Montpellier F-34398, France

²Cirad, UPR SCA-Carabe, Montpellier F-34398, France

Full list of author information is available at the end of the article

Background

Rift Valley fever (RVF) is a viral disease that affects humans and domestic and wild ruminants [1-4]. The RVF virus (RVFV) is a member of the Phlebovirus genus (*Bunyaviridae* family). It is transmitted by mosquito bites, and also through contact with viremic fluids from infected ruminants to healthy ruminants or humans [5]. Most human cases are characterized by a 'dengue-like' illness with moderate fever, joint pain, and headache. But in its most severe form, the illness can progress to hemorrhagic fever, encephalitis, or ocular disease with significant death rate. Animals such as sheep, goats, and cattle are primarily affected. RVF causes abortions in pregnant females (80-100%), and high mortality of newborns, thus inducing important direct and indirect economic losses [6,7].

Since the first isolation of RVFV in Kenya in 1930 [8], major outbreaks have been occurred in African countries. In Eastern Africa, RVF outbreaks have been reported from 1977 to 2007 in Egypt, Kenya, Somalia, Tanzania, Somalia, and Sudan [9-14]. In 2000, the first RVF cases outside the African continent were reported in Saudi Arabia and Yemen [15]. In Southern Africa, several large-scale epidemics were observed since 2010 in South Africa, Botswana, and Namibia [16-18]. In West Africa, the two major RVF outbreaks occurred in 1987 and 2010 in the Senegal River basin [19-21]. Since 1987, several RVF serologic surveys showed a continuous low-level circulation of RVF and an enzootic transmission in this region, especially in Northern Senegal [22-31].

In East Africa, RVF outbreaks are known to be linked with above normal autumn rainfall periods [32,33], but in West Africa the drivers of RVF emergence remain poorly understood [34,35]. In the semi-arid regions of Northern Senegal the main candidate vectors of RVFV are *Aedes (Aedimorphus) vexans arabiensis* and *Culex poicilipes* (Diptera: Culicidae) mosquitoes [22,24,34,36-38]. The temporary ponds which are filled up during the rainy season (July-October) are favourable larval and resting habitats for these two species. However, those ponds are also the main water resources for sedentary and transhumant herds. Compounds, including human habitation and ruminants night pens are thus generally settled in the close vicinity of these ponds [39]. RVF mosquito vectors having a nocturnal activity for host-seeking [40], compounds either for humans or animals are considered as risk areas for RVFV transmission [28,39,41].

Nevertheless, a previous study demonstrated a strong spatial heterogeneity in RVFV transmission at local scale around Barkedji village, in the Ferlo Region in Senegal [28]. That study identified water surface area and water body location (inside and outside of the Ferlo riverbed) as risk factors explaining the spatial variation of

serological incidence in small ruminants. However, other factors related to vegetation in and around water bodies that could be potentially linked to mosquito density and distribution [42-46], were not investigated.

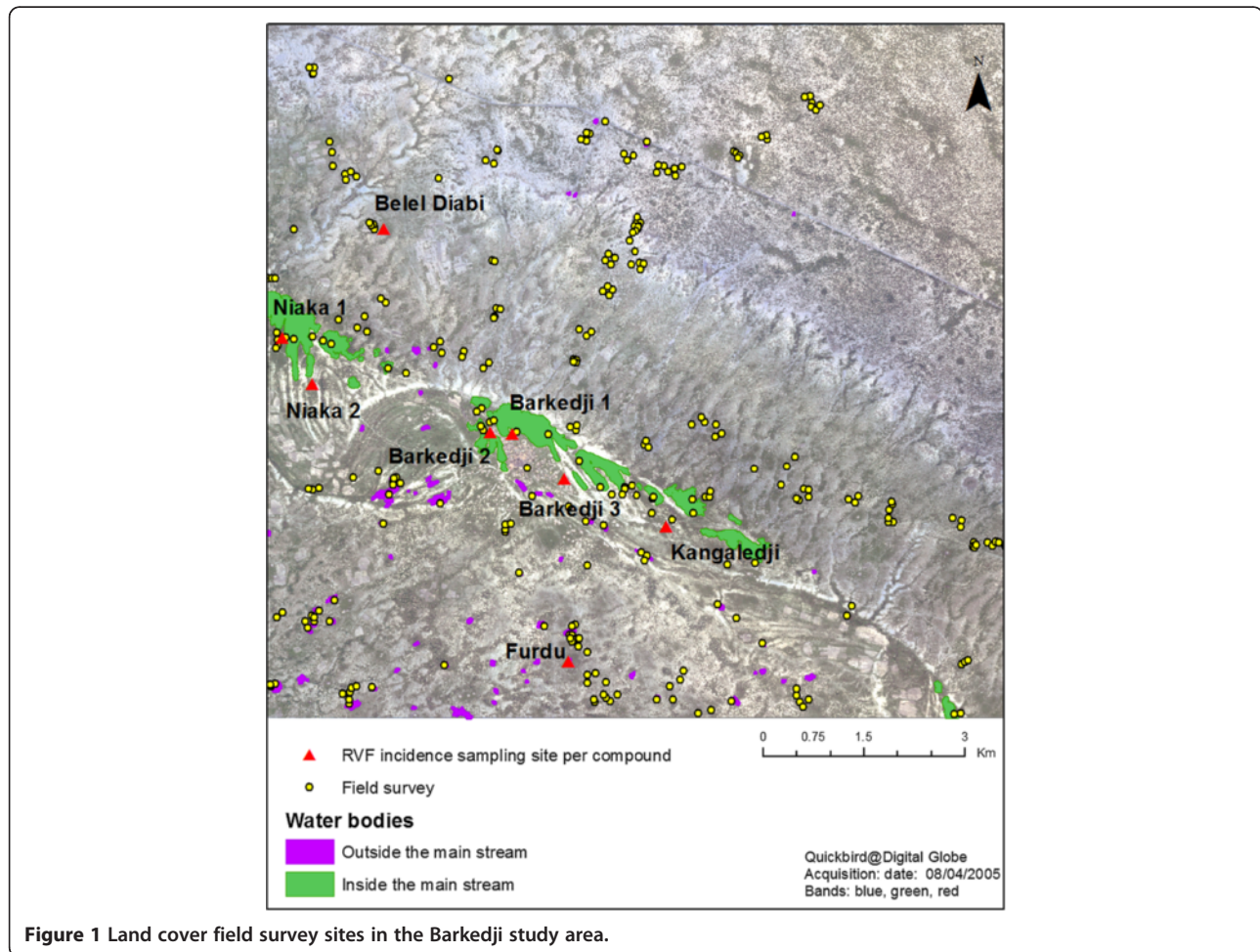
High spatial resolution (decametric) remote sensing has been successfully used to identify biotopes of vectors of different vector-borne diseases [42-45]. Here, we used sub-metric spatial resolution imagery to characterize favourable habitats to the reproduction and spread of RVF vectors, *Aedes vexans* and *Culex poicilipes* mosquitoes, and to identify pond-related landscape risk factors explaining the spatial heterogeneity of RVF incidence rate in small ruminants observed at a local scale.

Methods

The study area

The survey was conducted within an area of approximately 11 km × 10 km around the village of Barkedji (15.22° N; 14.86° W) in the Ferlo pastoral area (Northern Senegal) (Figure 1). Characterized by a semi-arid climate, the study area is made of a complex and dense network of ponds located within the fossil Ferlo river bed that are filled during the rainy season (from July to mid-October) but which dry out during the rest of the year. During the rainy season, pond water levels show daily fluctuations, increasing with rainfall and decreasing with infiltration (favoured by sandy-loam soils), high evapotranspiration and water consumption by livestock and humans [47]. These temporary water bodies are favourable breeding and resting sites for *Ae. vexans arabiensis* and *Cx. poicilipes* mosquitoes, and are also the main water resources for pastoral populations and their herds. Farmers usually settle in compounds on the basis of family and ethnic relationships. Each compound is made up of several night pens where animals stay. The spatial distribution of the compounds and night pens depends of the availability of water and pastures. Thus, they are mainly (~80%) located at an average distance between 1 and 1.5 km to Ferlo riverbed [39,48], where ponds are numerous and flooded longer during the rainy season. The night pens are usually placed more than 500 m apart, and the compounds are located between 200 m to 8 km from the ponds [39].

The vegetation cover is open and the number of woody species is rather limited with a predominance of the *Acacia* spp. On sandy soils, shrubby vegetation is mainly composed of *A. raddiana*, *A. senegal*, *Balanites aegyptiaca*, *Combretum glutinosum*, and grass species such as *Eragrostis tremula* and *Aristida adscensionis*. On lateritic soils, *A. seyal*, *Pterocarpus lucens*, *Dalbergia melanoxylon*, and different *Combretaceae* species are dominant as well as grass species like *Loudentia togoensis* and *Schoenefeldia* spp. [39].



Environmental data

A QuickBird satellite image was acquired on August 4th, 2005, with a ground resolution of 0.6×0.6 m in panchromatic mode, and of 2.4×2.4 m in multispectral mode with blue (B), green (G), red (R) and near infrared (NIR) bands. The acquisition date was chosen during the peak of the rainy season when ponds were expected to be at their maximum level (Figure 1). In September 2005, a land-cover field survey was conducted in the study area. The sites visited had previously been chosen through a stratified sampling procedure based on a regional vegetation map, and the location of the ponds was identified by image interpretation of the QuickBird scene (Figure 1). A total of 251 sites, including 98 ponds, were visited and described by their vegetation type and density. All collected information was geolocated using a global positioning system (GPS) receiver, and integrated in a Geographic Information System (GIS) database.

Epidemiological data

Because RVF mosquito vectors are active at night [40], RVFV transmission probably occur in pens where rumi-

nants spend the night. For this study, we used incidence data calculated from measurements made during the 2003 rainy season [28] on a sample of 300 sheep and goats distributed between eight compounds (Figure 1). The individual serological status was assessed using a virus neutralization test applied on sera extracted from small ruminant blood samples, as described in Chevalier et al. [28]. Incidence was estimated at the compound level (the minimum number of tagged and sampled animals was set at 30) by the frequency of seroconversions in animals from the beginning to the end of the rainy season. The observed serologic incidences showed a spatial heterogeneity between compounds with values ranging from 2.5% for Furdu, to 20.3%, for Kangaedji [28].

Steps for identification of RVF-at-risk landscapes

In order to identify pond-related landscape risk factors that explain the spatial heterogeneity in RVF incidence around Barkedji, the very high spatial resolution QuickBird image was classified to produce a land-cover map (step 1), from which environmental indices surrounding ponds were derived (step 2). Then, to analyze

the link between these latter indices and the observed RVF incidence rates, statistical models were built and their accuracy assessed (step 3).

Step 1: image processing for land-cover mapping

The typology of the land-cover map was predefined in accordance with field observations and knowledge on mosquito bio-ecology. Ten classes were defined, namely ‘water body’, ‘cultivated area’, ‘bare soil’, ‘lateritic soil’, ‘tree savanna’ (dense and sparse), ‘shrub savanna’ (dense and sparse), and ‘grass savanna’ (dense and sparse).

Then, an object-based analysis was conducted using Definiens eCognition software (Definiens-imaging eCognition™ software) to achieve the land-cover map of the study area. First, using the ‘multi-resolution segmentation’ algorithm the QuickBird image was segmented into homogenous objects that represent meaningful entities (e.g., ponds or vegetation patches) by grouping adjacent pixels with similar spectral and textural properties [49]. After exploring numerous scale and shape parameters, two levels of image segmentation were set using parameter values as summarized in the Table 1, in order to well distinguish isolated trees and ponds from other land-cover patches.

The multi-scale classification method was used to classify the segmented image. After testing different features and feature value ranges, a total of eight criteria were selected for the image classification (Table 1). Object classification used a combination of boolean membership functions and a nearest neighbor supervised classification method based on objects intrinsic characteristics (reflectance values, shape and texture) including vegetation and water indices [50,51]. The Normalized Difference Vegetation Index (NDVI) was useful for discriminating vegetation from bare and lateritic soils, and to separate different classes of vegetation cover [52,53]. The Haralick texture

indices, dissimilarity, entropy and homogeneity [54] derived from the panchromatic band allowed extracting the different classes of savanna (grass, shrubby and tree savanna). With a sample of 72 ground truth sites (out of the 215 visited ones) as training data, the large image-object scale was classified into ten land-cover classes.

Yet, the large image-object scale was too coarse to accurately classify all the smaller features such as certain ponds and the isolated trees inside and close to them. Therefore, the small image-object scale was used to separate these object classes. The classification rules of the large image-objects were applied to small image-objects. To correctly delineate ponds of the study area and tree crowns inside ponds, we applied the nearest neighbor supervised classification method on the Normalized Difference Water Index (NDWI) with 49 pond samples as training data [55].

Finally, the classification accuracy was evaluated using ground truth data that were not used in the classification process (test data were acquired on 130 sites). In the error matrix, the allocated land-cover class of the training objects was compared to the observed land-cover class and the quality of the classification was measured through the overall accuracy coefficient and the Kappa index [56]. The overall accuracy is essentially a measure of how many ground truth pixels were correctly classified. The Kappa index represents the proportion of agreement obtained after removing the proportion of agreement that could be expected to occur by chance [57]. The Kappa index returned values ranging from 0 for poor agreement between predicted and observed values, to 1 for perfect agreement.

Step 2: landscape attributes calculation

Landscape attributes were defined at the pond-level, based on previous findings on risk factors for RVFV

Table 1 Parameters used in the object-based image analysis process

Segmentation level	Segmentation parameters				Classification	
	Spectral band ¹ (weight)	Scale	Shape	Compactness	Type of classification	Object Features ²
Level 1	MS (1)	200	1	0	Boolean membership functions	NDWI: Mean
Level 2	MS (1)	50	0.8	0.3	Boolean membership functions	NDVI: Mean
					Nearest	G: Mean, SD
					Neighbour	R: Mean, SD
					Classifier	NIR: Mean, SD
	PAN (0)				PAN: Haralick Dissimilarity, Haralick Entropy, Haralick Homogeneity	

1: MS MultiSpectral, PAN Panchromatic.

2: G Green, R Red, NIR Near infrared, SD Standard deviation, NDVI Normalized Difference Vegetation Index, NDWI Normalized Difference Water Index.

transmission [28] and on bibliographic knowledge of *Ae. vexans arabiensis* and *Cx. poicilipes* ecology. Altogether, seven landscape indices likely to be key variables influencing the abundance and distribution of the RVF vectors and therefore RVFV transmission were derived from the land-cover map, using ESRI ArcGIS™ (Redlands, CA, USA) software.

Pond surface and location

Chevalier and colleagues [28] showed that smaller ponds encountered a higher RVF incidence than larger ponds, and that the serologic incidence was higher inside the Ferlo riverbed than outside. Thus, we determined for each pond its surface and location inside and outside the Ferlo bed. The ponds surfaces were calculated from the ‘water body’ objet of the land-cover map, and the pond locations were determined using an ASTER Digital Elevation Model (DEM) with a 30 m pixel resolution [58].

Vegetation density index (VDI)

Considering that vegetation cover provides shelter for mosquitoes and also favours their dispersal [46,59], we calculated a vegetation density index (VDI) using the vegetation classes of the land-cover map. This index is an indicator of the vegetation cover density, assuming that the “dense tree savanna” and the “dense shrub savanna” classes are habitats likely to favour mosquito presence, abundance and spread, whereas other land-covers are not. Therefore, the VDI is defined for each pond as the proportion in surface area of dense vegetation cover versus other land cover types within a buffer around the pond.

$$VDI_i = \begin{cases} \frac{CL_i}{(B_i - CL_i)} & \text{if } CL_i \leq \frac{B_i}{2} \\ 1 & \text{otherwise} \end{cases} \quad (1)$$

where CL_i is the surface area of closed landscape vegetation (“dense tree savanna” and the “dense shrub savanna” classes) within a buffer size around the pond i and B_i the buffer area. VDI ranges from 0 to 1.

Three buffer sizes (100, 500 and 1000 m) were used for VDI computation, reflecting the minimum, functional and maximum active flight distance of mosquitoes from their breeding site. These are in agreement with the mark-release-recapture study performed in Barkedji area by Ba and colleagues [37] who showed that neither *Ae. vexans arabiensis* nor *Cx. poicilipes* mosquitoes spread far from the ponds, with active flying capacities of 620 m and 550 m respectively. Other studies conducted in temperate regions [60-63] suggest that these species may spread on larger distances. However, we considered that such results could not be extrapolated

to West Africa and we chose to refer to studies performed in Barkedji for the buffer size selection.

Pond density index (PDI)

Assuming that the risk of RVF was higher in areas with high small ponds density [28], we calculated a pond density index (PDI) within a 1000 m buffer around each pond, taking into account pond surface areas, as follows:

$$PDI_i = \begin{cases} \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^n \frac{1}{PA_j} & \text{if } n \neq 0 \\ 0 & \text{otherwise} \end{cases} \quad (2)$$

where PA_i is the surface area of pond i and n is the number of neighbouring ponds within a 1000 m buffer considered as maximum active flight distance for both mosquito species. This index increases with the density of small ponds in the vicinity of pond i , and is null if no pond is detected in the buffer around pond i .

Water vegetation coverage index (WVI)

A water vegetation coverage index (WVI) was defined for each pond to reflect its suitability as mosquito breeding site, given that ponds that are densely covered or shadowed by vegetation are considered favourable larval habitats for *Ae. vexans arabiensis* and *Cx. poicilipes* [46,64,65]. The WVI is a ratio of the pond area covered by vegetation to the pond total surface area:

$$WVI_i = \frac{WV_i}{PA_i} \quad (3)$$

where WV_i is the vegetation area belonging to pond i and PA_i is the surface area of pond i .

Step 3: statistical analysis

Each compound was characterized by the landscape attributes of the closest pond. The three compounds close to Barkedji pond (BK1-3 on Figure 1) were all associated to Barkedji pond. Spatial autocorrelation of serological incidence data were analysed by calculating the Moran’s I index [66,67]. Then, the potential link between RVF serologic incidence data and landscape attributes was assessed using a beta-binomial logistic regression model, with serologic incidence aggregated at the compound level as the response, and the seven landscape metrics as the explanatory variables. Beta-binomial regression is a robust statistical method, adapted in the case of over-dispersed proportion data, which are often encountered in epidemiological or ecological studies [68]. Interactions between landscape variables were tested using the Pearson correlation coefficient (criteria: Pearson correlation coefficient <0.8).

The corrected *Akaike* Information Criterion (AIC_c) was used to select the most plausible model [69] :

$$AIC_c = AIC + \frac{2k(k+1)}{n-k-1} \quad (4)$$

where k is the number of parameters in the statistical model and n , the sample size.

The best model was chosen based on the lowest AIC_c value, and models within 2 AIC_c units were considered comparable ($\Delta AIC_c < 2$) [69]. Finally, the regression coefficients of the best AIC_c model were used to predict the RVF incidence for all ponds of the study area. R freeware and additional packages (lme, aod, Mass, lattice and gam library) were used for data analyses and graphs [70].

Results

Accuracy measures of the Barkedji land-cover map (Figure 2) showed a good agreement between predicted and observed values with a global accuracy rate of 87%,

and a Kappa index of 0.85. Dominant classes are the “dense tree savannah” (25%), mainly located around ponds, the “bare soil” class (21%) and the “dense grass savannah” (19%). Each of the other savannah classes occupies around 10% of the study area. According to the error matrix, most errors occur between classes with sparse vegetation, lateritic soils and crops. Otherwise, ponds and dense vegetation classes were identified with very high accuracy rates (>90%). Ninety eight ponds were identified within the study area.

Seven landscape attributes (Table 2) were derived from the land-cover vegetation map, and calculated for the 98 ponds of the study area: the pond surface, the pond location (inside or outside the main Ferlo riverbed), the pond density index (PDI), the water vegetation coverage index (WVI), and the vegetation density index (VDI) computed for three buffer sizes (100, 500 and 1000 m buffer radius). The analysis of the distribution of these variable and index estimations revealed a high variability in the pond surface, ranging from 74 to 347 368 m², in

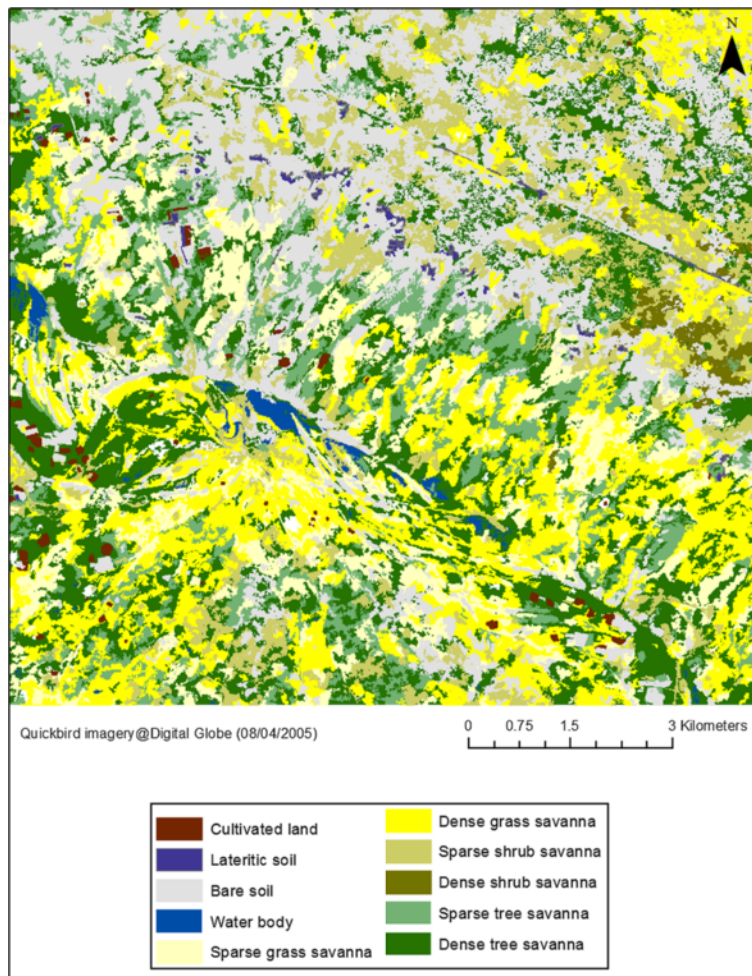


Figure 2 Land-cover map of Barkedji area, August 2005.

Table 2 Landscape variable estimation summary

Index	Variable	Average	Min.	Max.
1 Pond area (m ²)	Parea	140999	345	347368
2 Pond density index	PDI	0.045	0.010	0.092
3 Water vegetation coverage index	WVI	0.37	0.10	0.72
4 Vegetation density index calculated within a 100 m buffer	VDI_100m	0.57	0.43	0.76
5 Vegetation density index calculated within a 500 m buffer	VDI_500m	0.50	0.23	0.76
6 Vegetation density index calculated within a 1000 m buffer	VDI_1000m	0.47	0.26	0.68
7 Pond location	Ferlo	Inside the main stream 2	Outside the main stream 6	

the pond density and water vegetation coverage indices. Vegetation density index (VDI) values are comparable for the three buffer sizes, with higher maximum values observed for the 100 and 500 m buffer size, reflecting the concentration of dense vegetated areas around the ponds (Table 2).

Serologic incidence data are not spatially auto-correlated among the different sites (Moran's I index = 0.03; $p=63$). Compounds were thus considered as spatially independent in the statistical analysis.

Altogether, 24 models were tested using a beta-binomial logistic regression (Table 3). According to the AIC_c values the serologic incidence may be explained as a function of the VDI calculated for a 500 m ($AIC_c=25.4$) or a 100 m buffer size ($AIC_c=26.3$) [69]. Parameters of the 500 m buffer size VDI model are given in Table 4. This latter index was found to be positively and highly significantly correlated with RVF serologic incidence ($p<0.001$).

Figure 3 shows the RVF incidence as predicted by the 500 m buffer size VDI.

Figure 4 highlights a strong spatial heterogeneity of predicted RVF incidence rates in the study area. Barkedji

pond shows a very low predicted incidence rate, in comparison with similar large ponds located in the Ferlo riverbed, such as Niaka or Kangaedji ponds for which the predicted incidence is respectively moderate and high. The lowest predicted incidence rates were obtained for smaller and isolated ponds located outside of the main stream, such as Belel Diabi pond.

Discussion

The land-cover map derived from the QuickBird imagery allowed a good discrimination of different land-cover types at a very high spatial resolution ($Kappa = 0.83$), despite some confusions between the sparse vegetation classes. These confusions are due to the soil reflectance which affects the signal of vegetated surfaces [71,72]. However, the pond and the dense vegetation classes which are the only classes used in the calculation of the seven landscape attributes were very accurately identified. The very high spatial resolution of the QuickBird image was particularly suitable for the calculation of landscape attributes at a fine scale, such as the water vegetation coverage index (WVI) and the vegetation density index (VDI), which need information on the vegetation type and cover density at a tree scale. As shown in recent studies [55,73,74], the very high spatial resolution imagery is appropriate for the detailed mapping of the 98 temporary ponds which areas are small for most of them (33% of ponds have an area less than 1000 m² and 64% have an area less than 2600 m²), with the smallest one covering only 74 m² and the largest being the Barkedji pond with ~ 347 400 m².

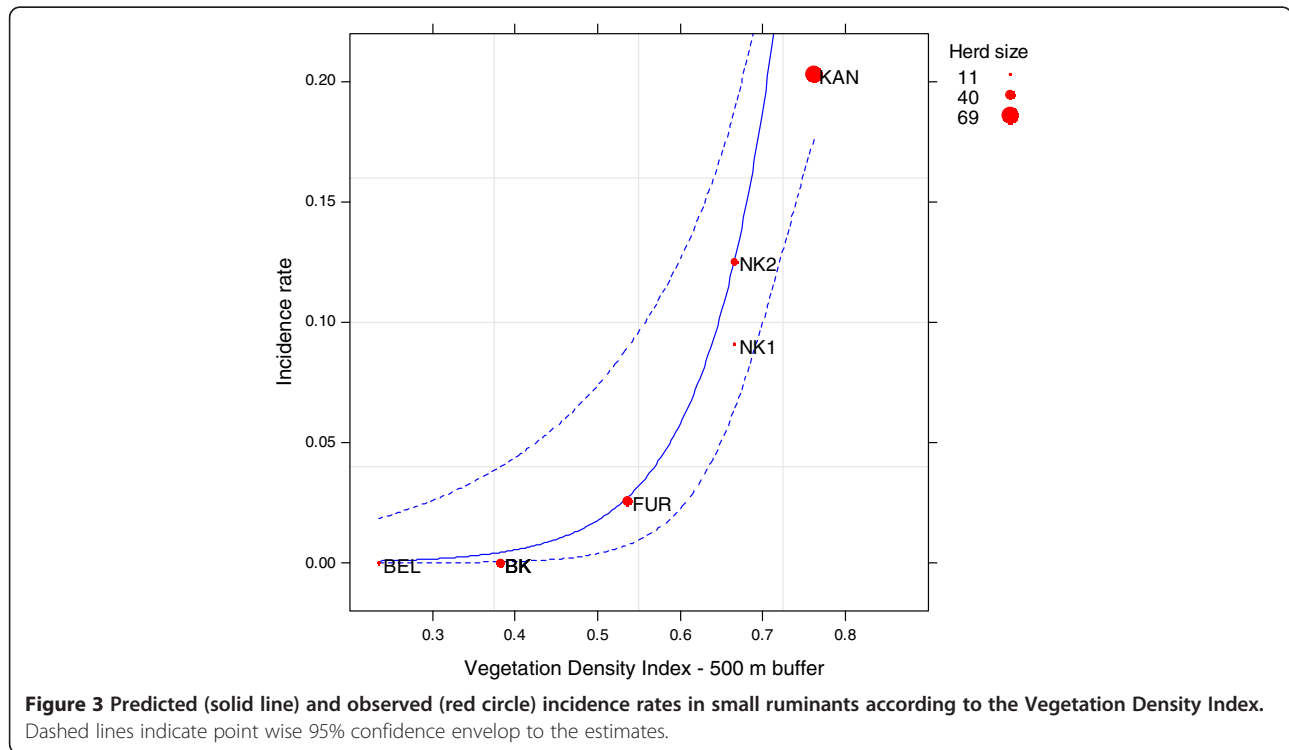
Table 3 Comparison of the ten best beta-binomial models of Rift Valley fever serologic incidence measured in small ruminants, Barkedji area, Senegal, 2003 rainy season

Model	Deviance	Parameter (nb)	AIC_c	ΔAIC_c
1 VDI_500m	2.76	3	25.4	0
2 VDI_100m	3.71	3	26.3	0.95
3 VDI_1 000m	7.43	3	30.1	4.67
4 VDI_500m + PDI	1.81	4	33.8	8.39
5 VDI_500m + Parea	2.41	4	34.4	8.98
6 VDI_500m + Ferlo	3.09	4	35.1	9.66
7 Ferlo + WVI	3.29	4	35.3	9.87
8 VDI_100m + PDI	3.85	4	35.8	10.43
9 VDI_100m + Parea	4.04	4	36	10.61
10 VDI_1 000m + PDI	4.17	4	36.1	10.75

Models are ordered from best to worst among a set of 24 candidate models. The two first models can be considered having substantial support ($\Delta AIC_c < 2$) (bold text).

Table 4 Parameters of the best beta-binomial model of Rift Valley Fever serologic incidence in small ruminants, Barkedji area (Senegal), 2003 rainy season

	Parameter	Standard error	p
Intercept	-9.56	2.26	$2.39 \cdot 10^{-5}$
VDI_500m	11.31	3.14	$3.08 \cdot 10^{-4}$
Overdispersion coefficient	$3.31 \cdot 10^{-4}$	$2 \cdot 10^{-13}$	1



Results of the statistical analysis suggest that the Vegetation density index (VDI), reflecting the density of vegetation cover around the ponds, is a risk factor for RVF transmission, independently of the buffer size used for calculation. This comes in support of the assumption that a dense vegetation cover around water bodies would constitute a sheltered habitat for mosquitoes [46], and hence favour the mosquito spread to the night pens. The buffer radius of 500 m as the optimal buffer size could be interpreted as the active distance flight of both mosquito species around the breeding site (the ponds). A 500 m distance is consistent with ranges usually reported in the literature [37]. The low dispersal capacity of *Ae. vexans* and *Cx. poicilipes* mosquitoes measured in the Barkedji study area [46] could then be explained by the spatial distribution of vegetation which is concentrated around the ponds (Figure 2) and by their connection to the night pens. As demonstrated in other studies [75,76], landscape features could control the female mosquitoes spreading from their breeding sites to hosts and thus impact pathogen transmission. This provides an additional feature to Chevalier and colleagues [28] findings showing a heterogeneous distribution of RVF transmission in the Ferlo area. Despite a very high pond density, these results confirm that the risk of RVF transmission is highly heterogeneous in this area and is pond dependent. The low predicted incidence rate of the Barkedji pond, is an interesting result in concordance with entomological observations conducted in the study

area [48]. Our results corroborate the importance of landscape features (surface and spatial configuration) to better understand the ecological conditions likely to favour RVF transmission [75].

Some limitations of our method must be pointed out. A first weakness of our analysis concerns the time lag between the acquisition of the satellite image (2005) and the serological surveys (2003). Indeed, we assumed that land use does not change so much within a two years duration: although the ponds show high intra-annual variations, their locations and the other land cover types do not change from year to year in the Ferlo pastoral region. For future application of our results, the rates of land cover changes occurring in the Ferlo region have to be more precisely estimated to update the obtained risk map (Figure 4) at an adequate frequency.

Meteorological variables such as rainfall and temperature were not analyzed in this study, despite they impact the ponds' and the mosquito populations' dynamics. Indeed, to explain the spatial heterogeneity of RVF incidence rate in small ruminants observed at a local scale, we only tested variables showing spatial variations across the study area, which is not the case of the meteorological variables. Yet, a perspective of this work could be to analyze space- and time-dependent risk factors, such as the pond water surface estimated by hydrologic modeling from rainfall data [58], or the mosquito abundances [77]. Such a study would allow the production of accurate maps of RVF risk areas evolving over time,

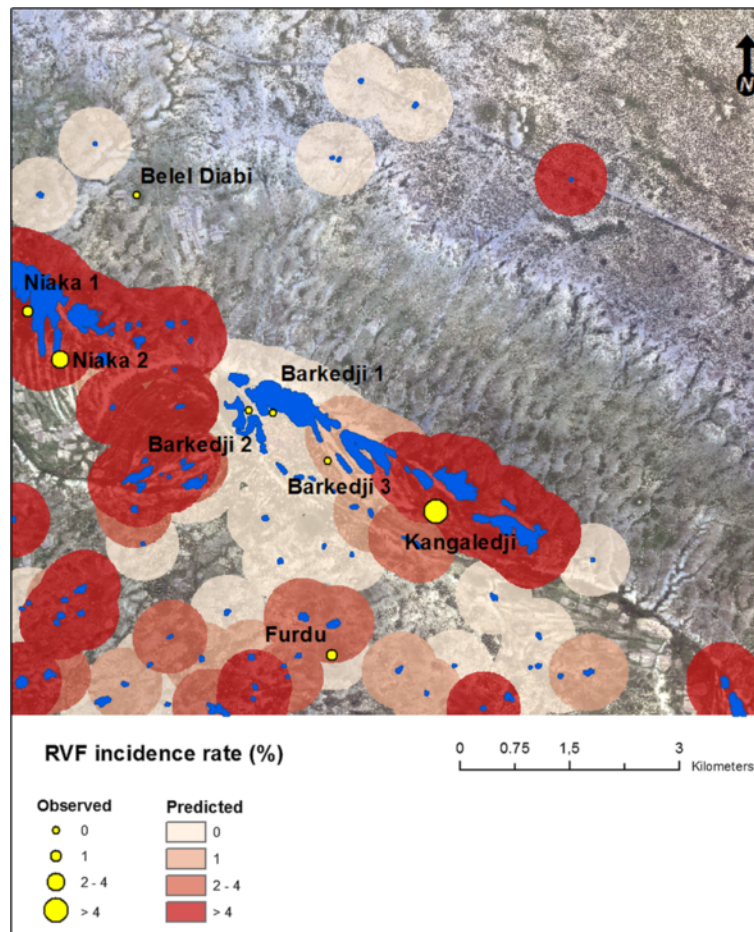


Figure 4 Predicted and observed incidence rates in small ruminants, Barkedji area (Senegal), 2003 rainy season.

instead of a 'static' map as illustrated in Figure 4. An intensive serological follow-up of different herds over several years would be required to validate such maps.

Our results highlighted the potential of very high spatial resolution remote sensing data to identify environmental risk factors and map RVF risk areas at a local scale. The methodology carried out in this paper could be easily reproduced to a larger area. Based on the extraction of the Vegetation density index (VDI), the method could be applied in semi-arid regions, as northern Senegal and southern Mauritania, which are characterized by relatively dense vegetation close to water resources as rivers, lakes or small water bodies. The contrast between bare soils and vegetation, which is proper to sub-sahelian areas, facilitates vegetation identification from satellite imagery. Given the small size of water bodies and the areas of dense vegetation limited to the close vicinity of the ponds, the use of very high spatial resolution QuickBird imagery is relevant. It allows reduced confusion related to vegetation types (trees or grasses), and also extraction of small water bodies which

are particularly favourable to *Aedes vexans* mosquitoes [48]. Then, the use of very high spatial resolution imagery from recent or forthcoming satellites such as SPOT 6 or Pleiades, would allow the monitoring of larger areas with a metric resolution (~0.50 m). As a matter of fact, a RVF serosurveillance system based on sentinel herds had been implemented following the 1987 outbreak in Mauritania and Senegal [78]. Our methodology could be used to identify risk areas where to focus the surveillance. Alternatively, recommendations could be provided to breeders with regards to which water bodies they use and the potential risk associated. Finally, entomological surveys are needed to complete our understanding of the RVF transmission mechanism in the study area, and in particular the impact of land-cover on mosquito presence, abundance and spread [79].

Conclusion

For the first time, a map of the risk areas for RVF transmission based on the analysis of remotely sensed and epidemiologic data is provided at a local scale. This paper

demonstrated the value of satellite imagery and more specifically very high spatial resolution imagery for extracting environmental features relevant to the study of the epidemiology of RVF at a local scale. The statistical analysis showed a strong correlation between RVF incidences and the vegetation density index (VDI) computed within a 500 m buffer around ponds. The resulting map of RVF incidence risk for the hundred ponds of the Barkedji pastoral area shows a heterogeneous spatial distribution in accordance with field observations. This work could be easily reproduced and applied to larger areas to provide mapping support for developing strategies for mosquito and disease surveillance in sahelian regions of western Africa.

Competing interests

The authors declare that they have no competing interests.

Authors' contributions

VS carried out the study and drafted the manuscript. VC and AT conceived the study, participated in its design and coordination and helped to draft the manuscript. JM, AB and CL contributed to the image processing methodology. RL and YT participated to the statistical data analysis. All authors wrote, read and approved the final manuscript.

Acknowledgements

This study was funded by EU Grant GOCE-2003-010284 EDEN (<http://www.eden-fp6project.net/>) and Nevantropic SAS. Rift Valley fever incidence data collection was supported by the grants "ACI Action écologie quantitative" funded by the French Ministry of Research, and the grant "CORUS" funded by the French Ministry of Foreign Affairs. We thank Danny Lo Seen (Cirad), Ibra Toure (Cirad-PPZS), Eric Etter (Cirad), Diam Abdoul Sow (ISRA) and Thomas Manga, Barkedji veterinary public service agent, who accommodated the scientists and the farmers of the village who warmly welcomed us during the field mission.

Author details

¹Cirad, UPR AGIRs, Montpellier F-34398, France. ²Cirad, UPR SCA-Carabe, Montpellier F-34398, France. ³Cirad, UMR TETIS, Montpellier F-34093, France. ⁴Cirad, UMR CMAEE, Montpellier F-34398, France. ⁵ISRA, ISRA-LNERV, Dakar Hann BP 2057, Senegal.

Received: 27 November 2012 Accepted: 14 February 2013

Published: 1 March 2013

References

1. Digoutte JP, Saluzzo JF, Adam F: **Recent data on hemorrhagic fevers in West Africa.** *Bull Soc Pathol Exot Filiales* 1985, **78**(5 Pt 2):874–878.
2. LaBeaud AD, Cross PC, Getz WM, Glinka A, King CH: **Rift Valley fever virus infection in african buffalo (*syncerus caffer*) herds in rural South Africa: evidence of interepidemic transmission.** *Am J Trop Med Hyg* 2011, **84**(4):641–646.
3. Meegan JM, Bailey CH, et al: *Rift Valley fever, The arboviruses: epidemiology and ecology.* FL: CRC Press; 1988:51–76.
4. Peters C, Meegan J: **Rift Valley fever.** In *Viral zoonoses, section B.* Edited by Beran GW SJ. Florida: CRC press; 1981.
5. McIntosh BM: **Rift Valley fever. I. vector studies in the field.** *J S Afr Vet Assoc* 1972, **43**:391–395.
6. Ksiazek TG, Jouan A, Meegan JM, Le Guenno B, Wilson ML, Peters CJ, Digoutte JP, Guillaud M, Merzoug NO, Touray EM: **Rift Valley fever among domestic animals in the recent West African outbreak.** *Res Virol* 1989, **140**(1):67–77.
7. Easterday BC: **Rift Valley fever.** *Adv Vet Sci* 1965, **10**:65–127.
8. Daubney R, Hudson JR, Garnham PC: **Enzootic hepatitis or Rift Valley fever: an undescribed disease of sheep, cattle and man from east africa.** *J Pathol Bacteriol* 1931, **89**:545–579.
9. Hoogstraal H: **Rift Valley fever: an historical perspective.** *J Egypt Public Health Assoc* 1978, **53**(3–4):129–135.
10. Meegan JM, Hoogstraal H, Moussa MI: **An epizootic of Rift Valley fever in Egypt in 1977.** *Vet Rec* 1979, **105**(6):124–125.
11. Abu-Elyazeed R, El-Sharkawy S, Olson J, Botros B, Soliman A, Salib A, Cummings C, Arthur R: **Prevalence of anti-Rift-Valley-fever IgM antibody in abattoir workers in the Nile delta during the 1993 outbreak in Egypt.** *Bull World Health Organ* 1996, **74**(2):155–158.
12. WHO: **Outbreaks of Rift Valley fever in Kenya, Somalia, and United Republic of Tanzania, December 2006–April 2007.** *Wkly Epidemiol Rec* 2007, **82**:169–180.
13. Hassan OA, Ahim C, Sang R, Evander M: **The 2007 Rift Valley fever outbreak in Sudan.** *Plos Neglect Trop D* 2011, **5**(9):1935–2735.
14. Woods CW, Karpatis AM, Grein T, McCarthy N, Gaturuku P, Muchiri E, Dunster L, Henderson A, Khan AS, Swanepoel R, et al: **An outbreak of Rift Valley fever in northeastern Kenya, 1997–98.** *Emerg Infect Dis* 2002, **8**(2): 138–144.
15. Shoemaker T, Boulianne C, Vincent MJ, Pezzanite L, Al-Qahtani MM, Al-Mazrou Y, Khan AS, Rollin PE, Swanepoel R, Ksiazek TG, et al: **Genetic analysis of viruses associated with emergence of Rift Valley fever in Saudi Arabia and Yemen, 2000–2001.** *Emerg Infect Dis* 2002, **8**(12):1415–1420.
16. WHO: **Global Alert and Response - Rift Valley Fever.** http://www.who.int/csr/don/archive/disease/rift_valley_fever/en/.
17. OIE-WAHID: **Rift Valley fever, Namibia. Report n°9258.** http://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Reviewreport/Review?page_refer=MapFullEventReport&preportid=9258.
18. OIE-WAHID: **Rift Valley fever, Botswana. Report n° 9947.** http://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Reviewreport/Review?page_refer=MapFullEventReport&reportid=9447.
19. Jouan A, Le Guenno B, Digoutte JP, Philippe B, Riou O, Adam F: **An RVF epidemic in Southern Mauritania.** *Annales de l'Institut Pasteur/Virologie* 1988, **139**:307–308.
20. Digoutte JP, Peters CJ: **General aspects of the 1987 Rift Valley fever epidemic in Mauritania.** *Res Virol* 1989, **140**(1):27–30.
21. Saluzzo JF, Chartier C, Bada R, Martinez D, Digoutte JP: **Rift Valley fever in Western Africa.** *Rev Elev Med Vet Pays Trop* 1987, **40**(3):215–223.
22. Zeller HG, Fontenille D, Traore-Lamizana M, Thiongane Y, Digoutte JP: **Enzootic activity of Rift Valley fever virus in Senegal.** *Am J Trop Med Hyg* 1997, **56**(3):265–272.
23. Chevalier V, Thiongane Y, Lancelot R: **Endemic transmission of RVF in sénégal.** *Transbound Emerg Dis* 2009, **56**:372–374.
24. Diallo M, Nabeth P, Ba K, Sall AA, Ba Y, Mondo M, Girault L, Abdalahi MO, Mathiot C: **Mosquito vectors of the 1998–1999 outbreak of Rift Valley Fever and other arboviruses (Bagaza, Sanar, Wesselsbron and West Nile) in Mauritania and Senegal.** *Med Vet Entomol* 2005, **19**(2):119–126.
25. Marrama L, Spiegel A, Ndiaye K, Sall AA, Gomes E, Diallo M, Thiongane Y, Mathiot C, Gonzalez JP: **Domestic transmission of Rift Valley Fever virus in Diawara (Senegal) in 1998.** *The Southeast Asian J. Trop. Med. Public Health* 2005, **36**(6):1487–1495.
26. Thonnon J, Picquet M, Thiongane Y, Lo MA, Sylla R, Verduyck J: **Rift Valley fever surveillance in lower Senegal river basin: update 10 years after the epidemic.** *Trop Med Int Health* 1999, **4**(8):580–585.
27. Chevalier V, Lancelot R, Thiongane Y, Sall B, Mondet B: **Incidence of Rift Valley fever in small ruminants in the Ferlo pastoral system (Senegal) during the 2003 rainy season.** *Emerg Infect Dis* 2005, **11**(11):1693–1700.
28. Chevalier V, Lancelot R, Thiongane Y, Sall B, Diaite A, Mondet B: **Rift Valley fever in small ruminants, Senegal, 2003.** *Emerg Infect Dis* 2005, **11**(11): 1693–1700.
29. Faye O, Diallo M, Diop D, Bezeid O, Bâ H, Niang MDI, Mohamed S, Ndiaye K, Diallo DLP, Diallo B, et al: **Rift Valley fever outbreak with East-Central African virus lineage in Mauritania, 2003.** *Emerg Infect Dis* 2007, **13**:1016–1023.
30. Nabeth P, Kane Y, Abdalahi MO, Diallo M, Ndiaye K, Ba K, Schneegans F, Sall AA, Mathiot C: **Rift Valley fever outbreak, Mauritania, 1998: seroepidemiologic, virologic, entomologic, and zoologic investigations.** *Emerg Infect Dis* 2001, **7**(6):1052–1054.
31. Traore-Lamizana M, Fontenille D, Diallo M, Ba Y, Zeller HG, Mondo M, Adam F, Thonnon J, Maiga A: **Arbovirus surveillance from 1990 to 1995 in the Barkedji area (Ferlo) of Senegal, a possible natural focus of Rift Valley fever virus.** *J Med Entomol* 2001, **38**(4):480–492.
32. Davies FG, Linthicum KJ, James AD: **Rainfall and epizootic Rift Valley fever.** *World Health Org Rep* 1985, **63**(5):941–943.

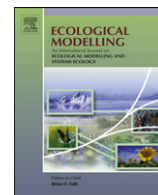
33. Linthicum KJ, Anyamba A, Tucker CJ, Kelley PW, Myers MF, Peters CJ: **Climate and satellite indicators to forecast Rift Valley fever epidemics in Kenya.** *Science* 1999, **285**(5426):397–400.
34. Fontenille D, Traore-Lamizana M, Diallo M, Thonnon J, Digoutte JP, Zeller HG: **New vectors of Rift Valley fever in west Africa.** *Emerg Infect Dis* 1998, **4**(2):289–293.
35. Ndiaye J-A, Bicout DJ, Mondet B, Lancelot R, Sabatier P, Lacaux J-P, Ndiaye M, Diop C: **Conditions environnementales associées à l'émergence de la fièvre de la Vallée du Rift (FVR) dans le delta du fleuve Sénégal en 1987.** *Environnement, Risques et Santé* 2005, **4**:10005–10010.
36. Diallo M, Lochouart L, Ba K, Sall AA, Mondo M, Girault L, Mathiot C: **First isolation of the Rift Valley fever virus from *Culex poicilipes* (Diptera: Culicidae) in nature.** *Am J Trop Med Hyg* 2000, **62**(6):702–704.
37. Ba Y, Diallo D, Kebe CMF, Dia I, Diallo M: **Aspects of bioecology of two Rift Valley fever virus vectors in Senegal (West Africa): *Aedes vexans* and *Culex poicilipes* (Diptera: Culicidae).** *J Med Entomol* 2005, **42**(5):739–750.
38. Fontenille D, Traore-Lamizana M, Zeller H, Mondo M, Diallo M, Digoutte JP: **Short report: Rift Valley fever in western Africa: isolations from *Aedes* mosquitoes during an interepizootic period.** *Am J Trop Med Hyg* 1995, **52**(5):403–404.
39. Pin-Diop R, Touré I, Lancelot R, Ndiaye M, Chavernac D: **Remote sensing and geographic information systems to predict the density of ruminants, hosts of Rift Valley fever virus in the Sahel.** *Veterinaria Italiana series* 2007, **42**(3):675–686.
40. Mondet B, Diaite A, Ndiaye JA, Fall AG, Chevalier W, Lancelot R, Ndiaye M, Poncon N: **Rainfall patterns and population dynamics of *Aedes* (*Aedimorphus*) *vexans* *arabiensis*, Patton 1905 (Diptera: Culicidae), a potential vector of Rift Valley Fever virus in Senegal.** *J Vector Ecol* 2005, **30**(1):102–106.
41. Tourre YM, Lacaux JP, Vignolles C, Ndiaye JA, Lafaye M: **Mapping of zones potentially occupied by *Aedes vexans* and *Culex poicilipes* mosquitoes, the main vectors of Rift Valley fever in Senegal.** *Geospat Health* 2008, **3**(1):69–79.
42. Beck LR, Rodriguez MH, Dister SW, Rodriguez AD, Rejmankova E, Ulloa A, Meza RA, Roberts DR, Paris JF, Spanner MA, et al: **Remote sensing as a landscape epidemiologic tool to identify villages at high risk for malaria transmission.** *Am J Trop Med Hyg* 1994, **51**(3):271–280.
43. Hay SI, Snow RW, Rogers DJ: **From predicting mosquito habitat to malaria seasons using remotely sensed data: practice, problems and perspectives.** *Parasitol Today* 1998, **14**(8):306–312.
44. Masuoka PM, Claborn DM, Andre RG, Nigro J, Gordon SW, Klein TA, Kim H-C: **Use of IKONOS and Landsat for malaria control in the Republic of Korea.** *Remote Sens Environ* 2003, **88**(1–2):187–194.
45. Tran A, Ponçon N, Toty C, Linard C, Guis H, Ferré J-B, Seen DL, Roger F, Rocque S, Fontenille D, et al: **Using remote sensing to map larval and adult populations of *Anopheles hyrcanus* (Diptera: Culicidae) a potential malaria vector in Southern France.** *International Journal of Health Geographics* 2008, **7**:9.
46. Cléments AN: *The Biology of Mosquitoes: Sensory, Reception, and Behaviour*, Volume 2. Wallingford: CABI Publishing; 1999.
47. Diop AT, Diaw OT, Diémé I, Touré I, Sy O, Diémé G: **Ponds of the Sylvopastoral Zone of Senegal.** *Rev Elev Med Vet Pays Trop* 2004, **57**(1–2):77–85.
48. Chevalier V, Mondet B, Diaite A, Lancelot R, Fall AG, Poncon N: **Exposure of sheep to mosquito bites: possible consequences for the transmission risk of Rift Valley Fever in Senegal.** *Med Vet Entomol* 2004, **18**(3):247–255.
49. Definiens: *Professional 5 Reference Book*. In. München, Germany: Definiens AG; 2006:122.
50. McFeeters SK: **The use of the normalised difference water index (NDWI) in the delineation of open water features.** *Int J Remote Sensing* 1996, **17**:1425–1432.
51. Xu HQ: **Modification of normalised difference water index (NDWI) to enhance open water features in remotely sensed imagery.** *Int J Remote Sensing* 2006, **27**(14):3025–3033.
52. Tucker CJ: **Red and photographic infrared linear combinations for monitoring vegetation.** *Remote Sens Environ* 1979, **8**:127–150.
53. Townshend JRG, Justice CO: **Analysis of the dynamics of African vegetation using the normalized difference vegetation index.** *Int J Remote Sensing* 1986, **7**:1555–1570.
54. Haralick RM, Shanmugam K, Dinstein IH: **Textural features for image classification.** *IEEE Trans Syst Man Cybern* 1964, **2**:610–621.
55. Soti V, Tran A, Bailly J-S, Puech C, Lo Seen D, Bégue A: **Assessing optical Earth Observation Systems for mapping and monitoring temporary ponds in arid areas.** *Int J Appl Earth Observation and Geoinformation* 2009, **11**:344–351.
56. Congalton R: **A review of assessing the accuracy of classifications of remotely sensed data.** *Remote Sensing of Environ* 1991, **37**:35–46.
57. Foody GM: **On the compensation for chance agreement in image classification accuracy assessment.** *Photogrammetric Eng and Remote Sensing* 1992, **58**(10):1459–1460.
58. Soti V, Puech C, Lo Seen D, Bertran A, Vignolles C, Mondet B, Dessay N, Tran A: **The potential for remote sensing and hydrologic modelling to assess the spatio-temporal dynamics of ponds in the Ferlo Region (Senegal).** *Hydrological Earth Syst Sci* 2010, **14**:1449–1464.
59. Raffy M, Tran A: **On the dynamics of flying insects populations controlled by large scale information.** *Theor Popul Biol* 2005, **68**(2):91–104.
60. Causey OR, Kumm HW, Laemmer V: **Dispersal of forest mosquitoes in Brazil: further studies.** *Am J Trop Med Hyg* 1950, **30**:301–312.
61. Reisen WK, Mahmood F: **Relative abundance, removal sampling, and mark-recapture estimates of population size of *Anopheles culicifacies* and *An stephensi* at diurnal resting sites in rural Punjab province, Pakistan.** *Mosquitoes News* 1981, **41**:22–30.
62. Brust RA: **Dispersal behaviour of adult *Aedes sticticus* and *Aedes vexans* (Diptera: Culicidae) in Manitoba.** *Can Entomologist* 1980, **112**(1):31–42.
63. O'Malley CM: ***Aedes vexans* (Meigen): an old foe.** In: *Proceedings of the 77th Annual Meeting of New Jersey Mosquito Control Association: The New Jersey Mosquito Control Association* 2000, **77**:90–95.
64. Becker N: **Life strategies of mosquitoes as an adaptation of their habitats.** *Bull Soc Vector Ecol* 1989, **14**:6–25.
65. Cléments AN: *The biology of mosquitoes: development, nutrition and reproduction* vol. 1. Eastbourne: CABI Publishing; 1992.
66. Cliff AD, Ord JK: *Spatial autocorrelation*. London: Pion; 1973.
67. Moran PAP: **The interpretation of statistical maps.** *J Royal Stat Soc* 1948, **B**: 10:243–251.
68. Richards SA: **Dealing with overdispersed count data in applied ecology.** *J Appl Ecol* 2008, **45**(1):218–227.
69. Burnham KP, Anderson DR: *Model selection and multimodel inference: a practical information-theoretic approach*. New-York: Springer; 2002.
70. R Development Core Team: *R: A language and environment for statistical computing*. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing; 2012.
71. Richardson AJ, Wiegand CL: **Distinguishing vegetation from soil background information.** *Photogrammetric Eng and Remote Sensing* 1977, **43**(12):1541–1552.
72. Huete AR, Post DF, Jackson RD: **Soil Spectral Effects on 4-Space Vegetation Discrimination.** *Remote Sens Environ* 1984, **15**(2):155–165.
73. Lacaux JP, Tourre YM, Vignolles C, Ndiaye JA, Lafaye M: **Classification of ponds from high-spatial resolution remote sensing: Application to Rift Valley Fever epidemics in Senegal.** *Remote Sens Environ* 2007, **106**(1):66–74.
74. Liebe J, van de Giesen N, Andreini M: **Estimation of small reservoir storage capacities in a semi-arid environment.** *Phys Chem Earth* 2005, **30**(6–7 SPEC. ISS):448–454.
75. Lambin EF, Tran A, Vanwambeke SO, Linard C, Soti V: **Pathogenic landscapes: Interactions between land, people, disease vectors, and their animal hosts.** *International Journal of Health Geographics* 2010, **9**:54.
76. Tran A, Raffy M: **On the dynamics of dengue epidemics from large-scale information.** *Theor Popul Biol* 2006, **69**(1):3–12.
77. Soti V, Tran A, Degenne P, Chevalier V, Lo Seen D, Thiongane Y, Diallo M, Guegan JF, Fontenille D: **Combining hydrology and mosquito population models to identify the drivers of Rift Valley fever emergence in semi-arid regions of West Africa.** *PLoS Negl Trop D* 2012, **6**(8):e1795.
78. Thiongane Y, Gonzales JP, Fati A, Akakpo JA: **Changes in Rift Valley fever neutralizing antibody prevalence among small domestic ruminants following the 1987 outbreak in the Senegal river basin.** *Res Virol* 1991, **142**(1):67–70.
79. Diallo D, Talla C, Ba Y, Dia I, Sall A, Diallo M: **Temporal distribution and spatial pattern of abundance of the Rift Valley fever and West Nile fever vectors in Barkedji, Senegal.** *J Vector Ecol* 2011, **36**(2):426–436.

doi:10.1186/1476-072X-12-10

Cite this article as: Soti et al.: Identifying landscape features associated with Rift Valley fever virus transmission, Ferlo region, Senegal, using very high spatial resolution satellite imagery. *International Journal of Health Geographics* 2013 **12**:10.

7.2 A climate-driven abundance model to assess mosquito control strategies

Cailly P., **Tran A.**, Balenghien T., L'Ambert G., Toty C., Ezanno P. 2012. A climate-driven abundance model to assess mosquito control strategies. *Ecological modelling*, 227 (1) : 7-17.



A climate-driven abundance model to assess mosquito control strategies

Priscilla Cailly^{a,b,c,*}, Annelise Tran^{c,d}, Thomas Balenghien^e, Grégory L'Ambert^f,
Céline Toty^{g,h}, Pauline Ezanno^{a,b}

^a INRA, UMR1300 Bio-agression, épidémiologie et analyse de risques en santé animale, BP40706, F-44307 Nantes, France

^b ONIRIS, UNAM Université Nantes Angers Le Mans, France

^c CIRAD, UPR AGIRs Animal et Gestion Intégrée des Risques, Montpellier, France

^d UMR TETIS, Territoires, Environnement, Télédetection et Information Spatiale, Maison de la télé-détection, 500 rue Jean-François Breton F-34 093, Montpellier Cedex 5, France

^e CIRAD, UMR Contrôle des maladies, Campus International de Baillarguet, F-34398 Montpellier, France

^f EID Méditerranée, 165, Avenue Paul-Rimbaud, F-34184 Montpellier Cedex 4, France

^g IRD, URO16 Caractérisation et Contrôle des Populations de Vecteurs, BP64501, F-34394, Montpellier Cedex 5, France

^h Centre de Recherche et de Veille sur les maladies émergentes dans l'Océan Indien, 97490 Sainte Clotilde, Ile de la Réunion, France

ARTICLE INFO

Article history:

Received 27 July 2011

Received in revised form 29 October 2011

Accepted 31 October 2011

Keywords:

Climate-driven model

Population dynamics

Control strategy

Sensitivity analysis

Mosquito

Anopheles

ABSTRACT

As mosquitoes are vectors of major pathogens worldwide, the control of mosquito populations is one way to fight vector-borne diseases. The objectives of our study were to develop a tool to predict mosquito abundance over time, identify the main determinants of mosquito population dynamics, and assess mosquito control strategies. We developed a generic, mechanistic, climate-driven model of seasonal mosquito population dynamics that can be run over several years because it takes diapause into account. Both aquatic and adult stages are considered, resulting in 10 model compartments: eggs, larvae, and pupae for juveniles; emergent, nulliparous, and parous for adults, the latter two broken down into host-seeking, resting, and ovipositing adults. We then applied the model to *Anopheles* species of southern France, some of which (nulliparous adults) overwinter. We defined specific transition functions and parameter values for these species and this geographical area based on a literature review. Our model correctly predicted entomological field data. Control points in the model were related to mortality rates of adults, the sex-ratio at emergence, parameters related to development functions and the number of eggs laid by females. Lastly, we used our model to compare the efficiency of mosquito control strategies targeting larvae. We found that a larvicide spraying at regular time intervals acted as a preventive measure against mosquito emergence, and that such a strategy was more efficient than spraying only when the abundance of host-seeking females reached a given threshold. The proposed model can be applied easily to other mosquito species and geographic areas by adapting transition functions and parameter values.

© 2011 Elsevier B.V. All rights reserved.

1. Introduction

Vector-borne diseases, and particularly mosquito-borne diseases, can be highly fatal to human and animal populations. For instance, half of the world's population is at risk of malaria, which is transmitted by *Anopheles* mosquitoes, and an estimated 243 million cases led to nearly 863,000 deaths in 2008 (World Malaria Report 2009; WHO, 2009). Moreover, vector-borne diseases are both emerging in hitherto disease-free areas and re-emerging in areas where they previously had been eradicated. One example

is the sharp increase of dengue virus infections over the past few decades due to urban population growth, increased international trade and travel, and inadequate control of the virus' main vector, *Aedes aegypti* (Linnaeus) mosquitoes (Gubler, 2002). Recently, the Chikungunya virus also has appeared in the Indian Ocean region, affecting thousands of people (Pialoux et al., 2007). Mosquitoes furthermore transmit pathogens responsible for important zoonotic diseases such as Rift Valley and West Nile fevers (Campbell et al., 2002).

The transmission of mosquito-borne pathogens is highly dependent on mosquito population dynamics (Focks et al., 1993; Ahumada et al., 2004; Depinay et al., 2004; Juliano, 2007; Shaman and Day, 2007). As mosquitoes are very climate sensitive, environmental conditions trigger their dynamics and consequently affect disease spread. Understanding this vector–environment relationship thus is essential for the control of mosquito populations and the prevention of diseases (Juliano, 2007). However, there is a lack

* Corresponding author at: ONIRIS, UMR1300 BioEpAR, BP40706, F-44307 Nantes, France. Tel.: +33 240 687 854; fax: +33 240 687 768.

E-mail addresses: p.cailly@laposte.net (P. Cailly), annelise.tran@cirad.fr (A. Tran), thomas.balenghien@cirad.fr (T. Balenghien), glambert@eid-med.org (G. L'Ambert), celine.toty@ird.fr (C. Toty), pauline.ezanno@oniris-nantes.fr (P. Ezanno).

of efficient tools that can be used to determine which vector control strategies (chemical, biological, or genetic control of immature or adult stages) are most suitable within a given context (IRD, 2009).

Modelling describes biological knowledge within a mathematical or computational framework to achieve a better understanding of how a biological system works. Modelling therefore is an effective means to develop decision support tools for the control of vectors such as mosquitoes. The integrative nature of modelling is needed to understand the population dynamics of mosquitoes, describe variations in abundance over time, and identify the most influential parameters, i.e. the potential control points of the biological system simulated. Several models have been developed to predict mosquito population dynamics (e.g. Focks et al., 1993; Ahumada et al., 2004; Depinay et al., 2004; Otero et al., 2006; Schaeffer et al., 2008; Gong et al., 2010). However, all of these models were built for a specific mosquito species in a specific geographic context. The ensuing simplifications of the mosquito life cycle in these models limit their capacity to be applied to other mosquito species or areas. The diapause phenomenon, which enables mosquitoes to survive through unfavourable seasons, also rarely is taken into account in existing models (Gong et al., 2010). However, this information is essential for predicting population dynamics over several years (Becker et al., 2010).

Our objectives were to develop a general model to predict mosquito abundance over several years, to identify the main determinants of mosquito population dynamics, and to assess mosquito control strategies. To develop a modelling framework that can be applied to several different species and areas, we explicitly modelled each event of the mosquito life cycle and the event's dependence on the climate based on an extensive review of current knowledge on mosquito biology. To demonstrate the capacity of our model to identify the key parameters of mosquito population dynamics and to assess the efficiency of control strategies, we applied the model to describe *Anopheles* population dynamics in a wetland area of southern France (the Camargue). Model outputs were compared to entomological field data and a sensitivity analysis was performed to identify the key parameters of the model. Finally, we demonstrated the model's ability to assess the efficiency of mosquito control strategies.

2. Materials and methods

2.1. Model of mosquito population dynamics

2.1.1. Generic modelling framework

The life cycle of mosquitoes involves aquatic (egg, larva and pupa) and terrestrial (adult) stages (Fig. 1a). Male and female adults mate rapidly after emerging from the last aquatic stage. The lifespan of males usually is shorter than that of females. After insemination, females disperse to seek a host, possibly resulting in long-distance movements and a risk of host defence response. After a blood meal, females mostly remain in a sheltered place during the few days needed for the eggs to mature. They ingress and egress from resting sites, resulting in local and less risky movements. Then, females seek for an oviposition site, which may result again in long-distance and risky movements. Depending on the species, different sites may be used, from aquatic environments to humid places. Hatching may occur either within a few days or may be delayed for several months depending on the species and the period of the year when the eggs are laid. The larvae then mature through four larval stages before moulting into pupa, from which adults emerge on the surface of water (Clements, 1999).

We first considered mosquito population dynamics in a generic way. The model that we developed is (i) mechanistic, i.e. we used an *a priori* mathematical description of all processes of mosquito

population dynamics; (ii) deterministic, i.e. it represents the average behaviour of the population – such an approach is well adapted for large populations such as those formed by mosquitoes; (iii) climate-driven; as poikilotherms, mosquitoes are unable to regulate their body temperature and thus are highly dependent on environmental conditions (Jetten and Takken, 1994); and (iv) can explicitly take overwintering processes into account if needed (as two periods of the year are separately considered during which processes can be different) and thus can be run through several consecutive years; the dynamics in year $n + 1$ explicitly depends on the dynamics in year n and on survival rates during unfavourable seasons.

Our model represents all of the steps of the mosquito life cycle (Fig. 1b) conventionally described in the literature (Clements, 1999, 2000). Ten different stages were considered: 3 aquatic stages (E , eggs; L , larvae; P , pupae), 1 emerging adult stage (A_{em}), 3 nulliparous stages (A_{1h} , A_{1g} , A_{1o}), and 3 parous stages (A_{2h} , A_{2g} , A_{2o}). Parous females are females that have oviposited at least once, thus including multiparous females. Adults were subdivided regarding their behaviour during the gonotrophic cycle (h , host-seeking; g , transition from engorged to gravid; o , oviposition site seeking). Once parous, females repeat their gonotrophic cycle until death. Individual transitions between stages were due to ten possible events (Fig. 1b): egg mortality or hatching, larva mortality, pupation (moult of larvae to pupae), pupa mortality, adult emergence, mortality, engorgement, egg maturing, and oviposition. Density-dependent mortality was assumed at the larval stage as it is generally observed (Clements, 2000). The success of adult emergence was considered dependent on pupa density, as emergence success has been shown to be negatively correlated to pupa density (Jetten and Takken, 1994). Because they do not blood feed (and therefore cannot be involved in pathogen transmission), adult males were not explicitly considered and were excluded from future computations at emergence.

The model is based on two systems of ordinary differential equations (ODE), one for the favourable period (1), during which mosquitoes are active, and one for the unfavourable period (2), during which diapause occurs. The choice of which ODE system to use was determined by the time of year considered, which was taken as an indicator of both the temperature level and the length of the day in a given geographical area.

During the favourable period, the ODE system is:

$$\begin{cases} \dot{E} = \gamma_{A_0}(\beta_1 A_{1_0} + \beta_2 A_{2_0}) - (\mu_E + f_E)E \\ \dot{L} = f_E E - (m_L(1 + L/\kappa_L) + f_L)L \\ \dot{P} = f_L L - (m_P + f_P)P \\ \dot{A}_{em} = f_P P \sigma \exp(-\mu_{em}(1 + P/\kappa_P)) - (m_A + \gamma_{A_{em}})A_{em} \\ \dot{A}_{1h} = \gamma_{A_{em}} A_{em} - (m_A + \mu_r + \gamma_{A_h})A_{1h} \\ \dot{A}_{1g} = \gamma_{A_h} A_{1h} - (m_A + f_{A_g})A_{1g} \\ \dot{A}_{1o} = f_{A_g} A_{1g} - (m_A + \mu_r + \gamma_{A_o})A_{1o} \\ \dot{A}_{2h} = \gamma_{A_o} (A_{1o} + A_{2o}) - (m_A + \mu_r + \gamma_{A_h})A_{2h} \\ \dot{A}_{2g} = \gamma_{A_h} A_{2h} - (m_A + f_{A_g})A_{2g} \\ \dot{A}_{2o} = f_{A_g} A_{2g} - (m_A + \mu_r + \gamma_{A_o})A_{2o} \end{cases} \quad (1)$$

Model parameters are in Greek letters. They are constant. For stage X , γ_X is the transition rate to the next stage, β_X the egg laying rate, μ_X the mortality rate, and κ_X the environment carrying capacity which limits the population growth due to density-dependent mortality. Moreover, σ is the sex-ratio at the emergence. Only the proportion of emerging pupae that survives to emergence transits to stage “emerging adults”. The classic formula of a density-dependent survival rate $1 - \mu_{em}(1 + (P/\kappa_P))$ can be expressed as a

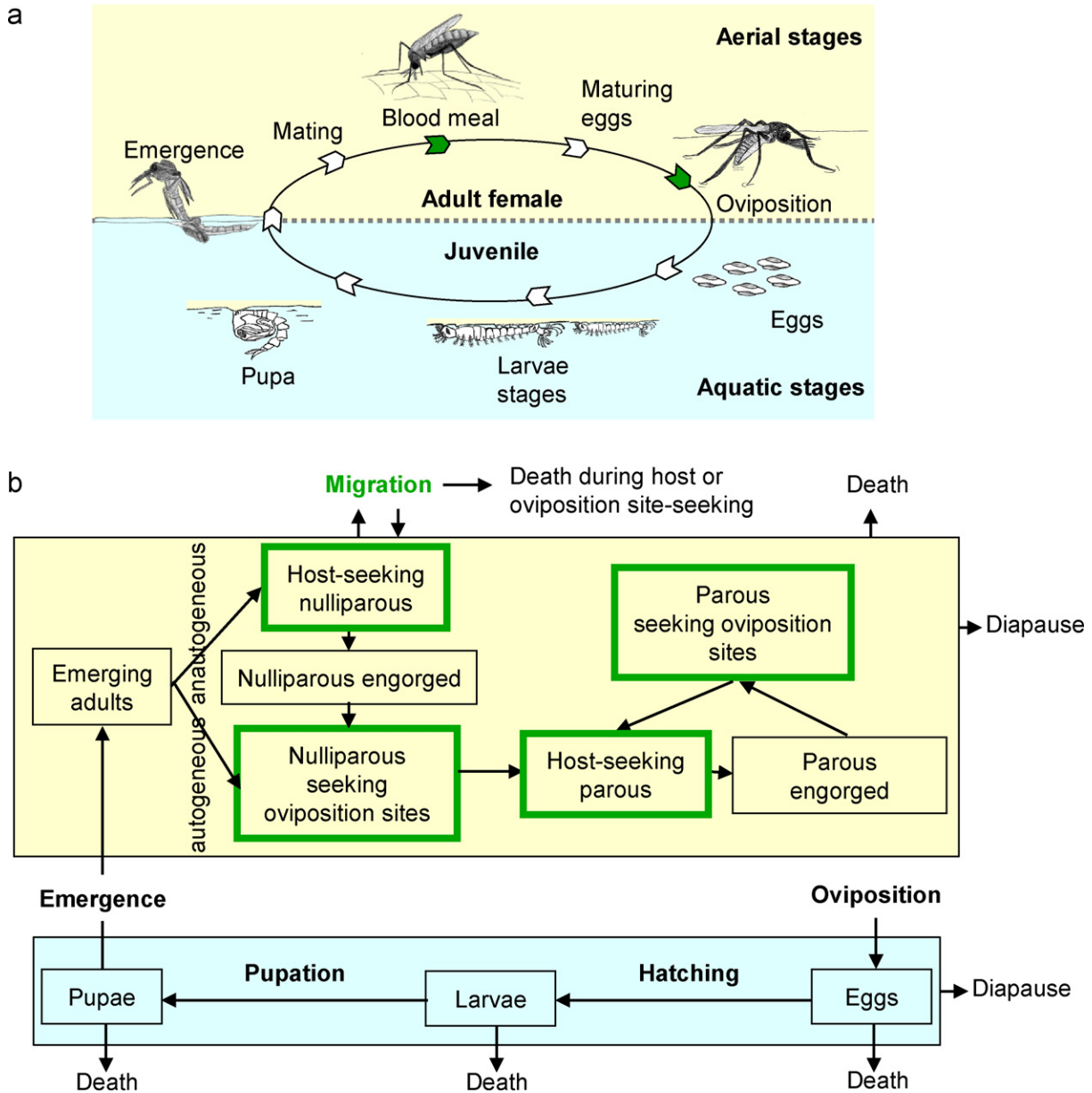


Fig. 1. Mosquito life cycle. (a) Succession of stages and events. Mosquitoes are insects with a complete metamorphosis, with aquatic juveniles and terrestrial adults. (b) Generic model diagram of mosquito population dynamics. Females are divided into nulliparous (which have never laid eggs) and parous (which have laid eggs at least once). (a and b) Juveniles are drawn in blue, adult females in yellow. The green compartments indicate the females which move to seek a host or an oviposition site. (For interpretation of the references to colour in this figure legend, the reader is referred to the web version of this article.)

probability using $e^{-\mu_{em}(1+(P/\kappa_P))}$ as the time interval is one. Lastly, we assumed an additional adult mortality rate related to the seeking behaviour, μ_r , which does not vary with climatic factors. This rate applies only on adult stages involving risky movements (host or oviposition site seeking).

Model functions are in Latin letters. They depend on parameters and climate-driven functions (i.e. functions of temperature, humidity or precipitation varying over time). The kinds of forcing functions retained are specific to the mosquito genus and at times even the species. For stage X (A for adults), f_X is the transition function to the next stage, and m_X the mortality function. For all mosquito species, we assumed that the egg mortality and adult mortality related to seeking behaviour are not related to the climate, whereas other mortalities are (Jetten and Takken, 1994). Moreover, we assumed that transitions between successive stages

are all climate-driven for the aquatic stages, whereas only the duration of egg maturation (transition from engorged to gravid) is climate-driven in adults (Jetten and Takken, 1994).

Depending on the mosquito species, either eggs or nulliparous adults enter into diapause. During the unfavourable period, the ODE system is:

$$\begin{cases} \dot{X} = -Xm_X & \text{for } X \in \{L, P, A_{2h}, A_{2g}, A_{2o}\} \\ \dot{E} = -\mu_E E \\ \dot{A}_{em} = -(m_A^{dia} + \gamma_{Aem})A_{em} \\ \dot{A}_1 = \gamma_{Aem}A_{em} - m_A^{dia}A_1, & \text{with } A_1 = A_{1h} + A_{1g} + A_{1o} \end{cases} \quad (2)$$

with $m_A^{dia} = \mu_A$ (independent of the climate) if nulliparous adults enter into diapause, $m_A^{dia} = m_A$ (climate-driven) otherwise. To

Table 1Parameter values of the model of population dynamics adapted to *Anopheles hyrcanus* and *Anopheles maculipennis* s.l. in a favourable temperate wetland.

Parameter	Definition	Value	Source
β_1	Number of eggs laid by ovipositing nulliparous females (per females)	150	Jetten and Takken (1994)
β_2	Number of eggs laid by ovipositing parous females (per females)	200	Jetten and Takken (1994)
κ_L	Environment carrying capacity for larvae (larvae ha ⁻¹) ^a	8.00E+08	Jetten and Takken (1994)
κ_P	Environment carrying capacity for pupae (pupae ha ⁻¹) ^a	1.00E+07	Jetten and Takken (1994)
σ	Sex-ratio at the emergence	0.5	Clements (2000)
μ_E	Egg mortality rate (day ⁻¹)	0.1	Jetten and Takken (1994)
μ_L	Minimum larva mortality rate (day ⁻¹)	0.08	Jetten and Takken (1994)
μ_P	Minimum pupa mortality rate (day ⁻¹)	0.1	Jetten and Takken (1994)
μ_{em}	Mortality rate during adult emergence (day ⁻¹)	0.1	To our best knowledge
μ_A	Minimum adult mortality rate (day ⁻¹)	1/30	Jetten and Takken (1994)
μ_r	Adult mortality rate related to seeking behaviour (day ⁻¹)	0.08	To our best knowledge
T_E	Minimal temperature needed for egg development (°C)	12.2	Jetten and Takken (1994)
TDD_E	Total number of degree-days necessary for egg development (°C)	26.6	Jetten and Takken (1994)
γ_{Aem}	Development rate of emerging adults (day ⁻¹)	0.25	Jetten and Takken (1994)
γ_{Ah}	Transition rate from host-seeking to engorged adults (day ⁻¹)	2	Jetten and Takken (1994)
γ_{Ao}	Transition rate from oviposition site-seeking to host-seeking adults (day ⁻¹)	2	Jetten and Takken (1994)
T_{Ag}	Minimal temperature needed for egg maturation (°C)	9.9	Jetten and Takken (1994)
TDD_{Ag}	Total number of degree-days necessary for egg maturation (°C)	36.5	Jetten and Takken (1994)

^a Acreage of the study area.

ensure that only one stage may enter into diapause, other stages were reinitialised at the end of the unfavourable period (this step thus becoming species-dependent).

2.1.2. Parameter values and functions of the model adapted to *Anopheles* species in a temperate wetland

We applied the developed model (1–2) to *Anopheles hyrcanus* (Pallas) and to species of the Maculipennis Complex, referred to hereafter as *Anopheles maculipennis sensu lato*. Both *Anopheles atroparvus* Van Thiel, which belongs to the Maculipennis Complex, and *An. hyrcanus* are found in the Camargue, the main wetland of southern France. Both species bite humans, are competent for different *Plasmodium* strains, and therefore are considered to be possible malaria vectors in this region (Jetten and Takken, 1994; Ponçon et al., 2008). The Camargue is located in the Rhône River delta on the Mediterranean coast. The Mediterranean climate is characterised by warm, dry summers and mild, wet winters. Total annual rainfall usually ranges between 500 and 700 mm. The annual mean temperature is 14 °C. The landscape includes wetlands (salt ponds, marshes, rice fields) and dry areas (agricultural zones, scrubland, and forests). In this temperate Mediterranean climate, mosquitoes are sensitive to changes in seasons: the nulliparous hibernate when temperatures and the photoperiod decrease (Jetten and Takken, 1994).

The model adapted to *Anopheles* species in the Camargue is defined by specific parameter values, forcing functions, and transition functions between stages of the life cycle or ending with death. Parameter values were determined based on findings in the literature and expert knowledge (Table 1). We took into account the alternation of seasons by defining a date after which the short photoperiod induced hibernation of nulliparous adults. Hibernation occurs in the model from November 15 to March 14 the following year. Only nulliparous adults survive until the start of the next favourable season when they all seek a host (Clements, 1999). The only forcing function retained is temperature (T , varying over time). The daily temperature at time t is chosen randomly in a uniform distribution ranging from the average minimum to the average maximum temperatures, these boundaries being calculated from temperatures recorded by the national meteorological service “Météo France” on a 10-day basis from 1978 to 2007 at Grau-du-Roi, located in the Camargue. The relative humidity is considered to remain constant based on the weather forecast data (most variations occurring within the day). Precipitation was not modelled because the availability of oviposition sites and hosts does not depend on rainfall in such a large wetland. Transition

functions between aquatic stages and for engorged adults depend on temperature. The concept of degree-day is applied widely in mosquito population dynamics models to assess the quantity of accumulated heat necessary for development from one stage to another. This measure determines the physiological time (Jetten and Takken, 1994; Craig et al., 1999). A development rate driven by temperature can be expressed for stage X as a function of the temperature at time t ($T(t)$), the minimal temperature above which individuals survive (T_X), and the total number of degree-days necessary for their development (TDD_X). An instantaneous rate can be derived from such a cumulative process assuming temperature remains constant over the development period (Craig et al., 1999), which generally holds true for a period consisting of only a few days. This relation is used to express the development rate of eggs and of engorged adults becoming gravid at time t :

$$\begin{cases} f_X(T(t)) = (T(t) - T_X)/TDD_X \\ \text{if } T(t) \leq T_X, f_X(T(t)) = 0 \end{cases} \quad (3)$$

with X in $\{E, A_g\}$

Values of T_X and TDD_X are given in Table 1. The development of other aquatic stages (larvae and pupae) is positively correlated to temperature within an optimum range (Jetten and Takken, 1994). The photoperiod has no effect on the duration of the aquatic development (Jetten and Takken, 1994). A Logan curve adjusted for different species of *Anopheles* for each of the four larval sub-stages and for the pupa stage (Jetten and Takken, 1994) is used to express the relationship between the temperature (in °C) and the development rate between 10 °C and 35 °C (temperatures never exceeded 35 °C in the study area):

$$f_P(T(t)) = 0.021 \frac{\exp(0.162(T(t) - 10)) - \exp(0.162(35 - 10)) - (35 - T(t))}{5.007} \quad (4)$$

$$f_L = \frac{f_P}{4} \quad (5)$$

Expressions for the mortality rates of larvae, pupae and adults are derived from Shaman et al. (2006) and adapted to *Anopheles* species under a temperate climate. They all depend on temperature:

$$m_X(T(t)) = \exp \frac{-T(t)}{2} + \mu_X, \quad \text{with } X \in \{L, P\} \quad (6)$$

$$\begin{cases} m_A(T(t)) = 0.1 - 0.00667T + 0.000148T^2 \\ \text{if } m_A(T(t)) < \mu_A, m_A = \mu_A \end{cases} \quad (7)$$

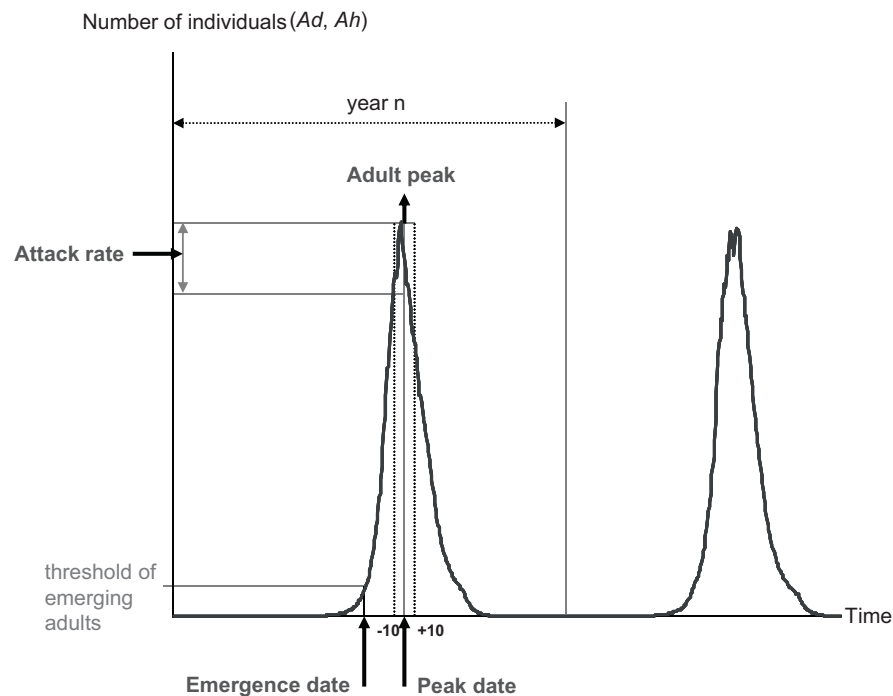


Fig. 2. Aggregated outputs of the model.

2.1.3. Model outputs

The model predicted the abundance of mosquitoes per stage over time. In addition, the dynamic information computed by the model was aggregated using average output values (Fig. 2). The adult peak was the average maximum number of adults observed in a year. Emerging adults (A_{em}) were set to zero at the end of the hibernation period. A threshold of 10 emerging adults was defined to identify the date during the favourable period when a new generation occurred in the year. The emergence date was the average of this date. The attack rate was the average of the daily number of host-seeking adults ($A_h = A_{1h} + A_{2h}$) during the 21 days around the peak dates (the 10 days before and after the peak date, plus the peak date). The parity rate was the ratio of the total number of parous females to the total number of females.

2.1.4. Initial conditions and simulations

The model was implemented in Scilab 5.0.3 (www.scilab.org). Simulations were run over 6 years because the first year was not retained for output computation. Initially, the population consisted of $1.00E+6$ nulliparous, host-seeking adult mosquitoes (stage A_{1h}), t_0 corresponding to the 1st of January.

2.2. Model validation

To validate the model for *Anopheles*, we used data collections of mosquitoes performed in two representative areas of the Camargue. The “Carbonnière” site, a transitional zone between dry areas and wetlands, includes arable paddies and different types of marshes. There is a considerable amount of human activity through agriculture, animal husbandry, hunting, tourism, agriculture, etc. Mosquito control is carried out mainly against the pest species *Aedes caspius* (Pallas) and *Aedes detritus* Haliday. The “Marais du Vigueirat” site is a nature reserve holding a large wetland with marshes and reed beds. Human activities and impacts in the reserve are limited, and mosquito populations are not controlled. Both sites

provide favourable environments, i.e. hold breeding sites, accessible hosts, and resting places.

Adults belonging to *An. hyrcanus* and to *An. maculipennis* s.l. were collected from March to October 2005 (Ponçon et al., 2007) and from March to November 2006. In 2005, 8 CDC-light traps baited with carbon dioxide dry ice were used in each study area. In 2006, only one trap was used on each site. CO_2 was used as bait because it mimics host breathing and therefore attracts host-seeking females. Collections were carried out overnight from 7.00 pm to 10.00 am over two consecutive nights once every two weeks. The mean number of *Anopheles* collected per trap over the two consecutive nights was calculated, as well as the mean number simulated for the same dates. The total numbers of *Anopheles* collected and simulated per month then were calculated.

We compared the monthly observed relative abundances of mosquitoes (relative to the total number of mosquitoes collected in a year for each collection site) with the monthly simulated relative abundances of host-seeking females (relative to the total number of host-seeking females present in a year). We compared relative abundances because it was not possible to have absolute quantitative information on the expected mosquito abundance (we only had information on the mosquitoes collected) and therefore absolute numbers (either observed or simulated) were meaningless. The degree of association between the sum of the mosquitoes collected by the 8 traps and the simulated abundance was assessed for each collection site in 2005 by calculating the Bravais–Pearson correlation coefficient. In 2006, mosquitoes were collected by only one trap, therefore providing insufficient information on the mean population dynamics to be analysed; this year only is given as an indication of A_h presence on the site.

2.3. Key model parameters

Sensitivity analyses (SA) indicate how model predictions vary with model inputs (Saltelli et al., 2000). We carried out a global

SA on aggregated model outputs using a variance-based method: the Fourier Amplitude Sensitivity Test (FAST) (Saltelli et al., 2000) defined in the sensitivity package (version 1.4-0 of 2008-07-15 by Gilles Pujol) of the R software (<http://www.r-project.org/>). All parameters in the model (18) were varied simultaneously. The global SA provided an estimate of the contribution of each parameter and each interaction between parameters to the variance of each model output (Saltelli et al., 2000). The variation space of input parameters was defined by their nominal values $\pm 10\%$ (Table 1) and a uniform distribution. A variation interval of $\pm 25\%$ also was tested and gave the same results (data not shown). Only parameters contributing to more than 10% of the output variance were considered to be influential parameters. We limited the analysis to the first-order interactions, beyond which it becomes difficult to interpret the results. We consequently considered as negligible interactions between three or more factors.

For each output, the whole output variance (V) was separated into the variance attributable to each parameter i (V_i ; main effect) and the variance attributable to interactions between parameters (V_{ij} for the first-order interaction between parameters i and j): $V = \sum V_i + \sum V_{ij}$. Sensitivity indices (S_i and S_{ij}) were the ratio between

the estimated and the total variance (for the main effect and the first-order interactions, respectively): $1 = \sum S_i + \sum S_{ij}$. We analysed the model sensitivity using 180,000 simulations.

2.4. Scenarios of control strategies

We evaluated whether the model can be used to compare the efficiency of different control strategies. Mosquito control methods can be divided into three groups (Walker, 2002): environmental management, which aims to avoid the creation of larval habitats (marsh alteration, vegetation planting, filling, grading, drainage, etc.) (Takken and Knols, 2009); insecticide applications (targeted residual spraying, larviciding, space spraying), which have been used widely in control programs against mosquito-borne diseases (Takken and Knols, 2009); and biological control, which uses natural enemies of the targeted species and biological toxins (larvivorous fish, nematode, bacteria, etc.) (Takken and Knols, 2009).

We studied control strategies using a biological toxin that currently is used worldwide (Takken and Knols, 2009), particularly against *Anopheles* in Asian rice fields (Regis et al., 2001). We choose to consider a sprayed insecticide similar to *Bacillus thuringiensis israelensis* (Bti), a bio-larvicide, which has a limited

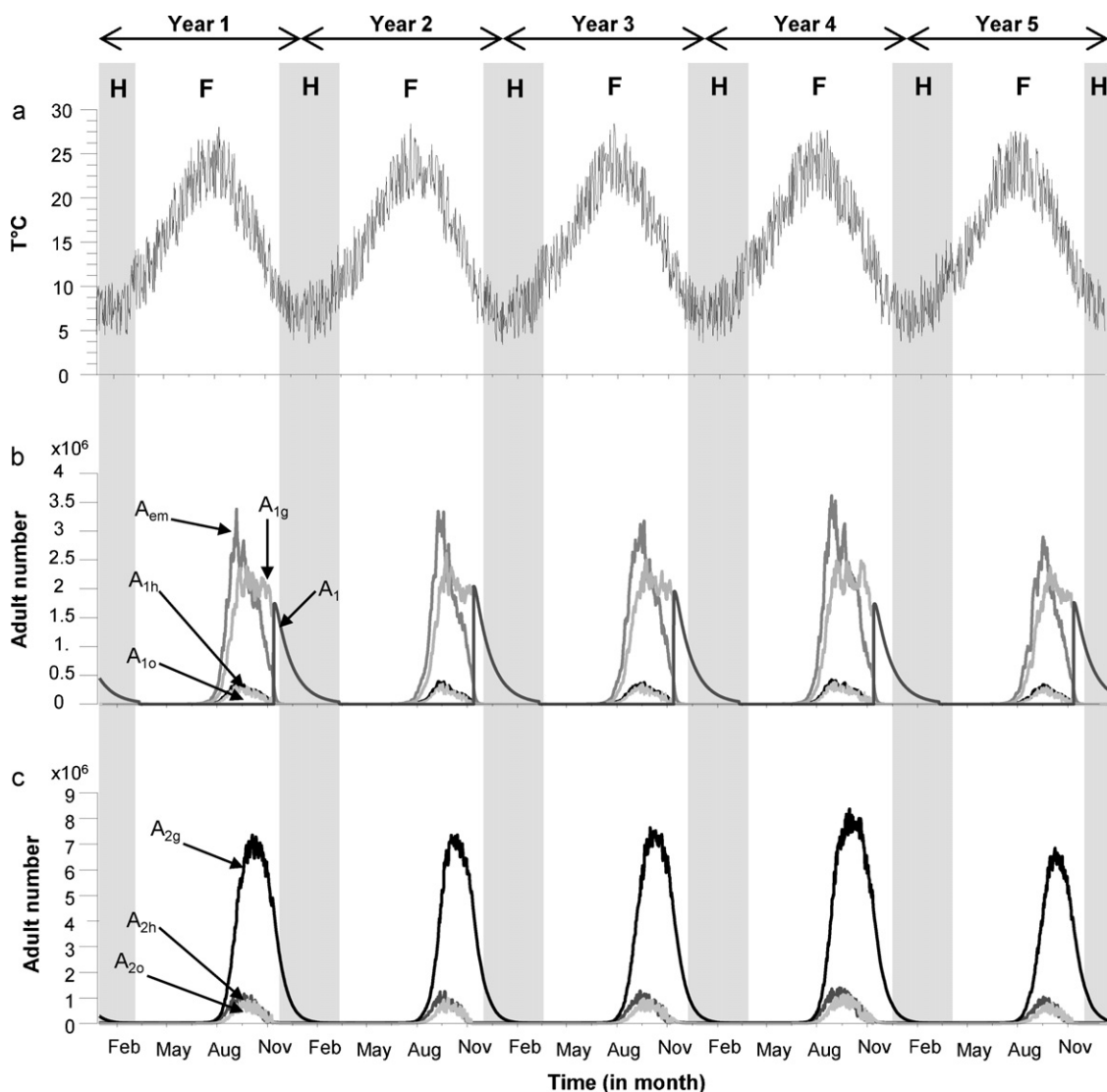


Fig. 3. Mosquito population dynamics simulated over five years according to simulated temperatures (a). (b) Nulliparous stages: emerging adult stage (A_{em}), host-seeking females (A_{1h}), engorged females (A_{1g}), ovipositing females (A_{1o}); (c) parous stages (A_{2h} , A_{2g} , A_{2o}). H denotes the hibernation period (the unfavourable season) and F the favourable season.

environmental impact due to the absence of effect on non-dipteral organisms. Bti has been used widely for mosquito control since the 1980s (Kroeger et al., 1995). Larva mortality rates induced by Bti during the seven-day period that the insecticide persists in the environment were derived from Kroeger et al. (1995). The treatment induces daily larva mortality rates (μ_{TL}) of 5.599, 3.650, 3.030, 2.535, 2.205, 2.107, and 1.973 the day of treatment and 1–6 days after treatment, respectively, and no mortality thereafter. These Bti-induced mortalities were added to the “natural” larva mortality rate in the model (Eq. (8)).

We compared two strategies applied during the favourable period for mosquitoes using simulated temperatures (Fig. 3a). In the first strategy, Bti was sprayed at regular time intervals, and 21 intervals between sprayings were tested, from 127 days down to 7, respectively leading to 1–35 sprayings per year. In the second strategy, Bti was sprayed when the abundance of host-seeking females (A_h) exceeded a threshold value, and 161 thresholds were tested from 10^5 to 17×10^5 females, leading to 3–15 sprayings per year. As the number of sprayings performed only may be calculated at the end of the experiment, all pairs of numbers of treatments and sprayed surface cannot be tested. Moreover, different thresholds can give the same number of treatments for a given surface sprayed. In such cases, we kept the highest threshold. For each strategy, we tested the effect of varying the proportion of the surface sprayed ($p_{surface}$; Eq. (8)), from 0% (no part of the area treated) to 100%

(the entire area treated). The expression for the larva mortality rate during treatment is:

$$m_L^T(d) = p_{surface} \times (\mu_{TL}(d) + m_L) + (1 - p_{surface}) \times m_L \quad (8)$$

with d the number of days since the last treatment.

We calculated the percentage of reduction of the number of A_h during the period of treatment compared to the reference without spraying. We also tested both strategies in an environment with a lower larva carrying capacity ($\kappa_L = 8.10^2$ larvae per hectare, the acreage of the study area below which the population cannot be maintained) to examine the impact of a larva density-dependent process on the efficiency of a larvicide. We tested both strategies by first applying the strategy for one year, and then for 3 consecutive years to identify possible cumulative effects.

3. Results

3.1. Mosquito population dynamics in a favourable wetland

Based on simulated temperatures over 5 consecutive years (Fig. 3a), the model predicted adequate periodic variations in the abundance per stage of the mosquito life cycle (Fig. 3b–c), with a peak occurring in August. Differences between years were due to differences in simulated temperatures (the model being otherwise deterministic). During the year, parous became more numerous

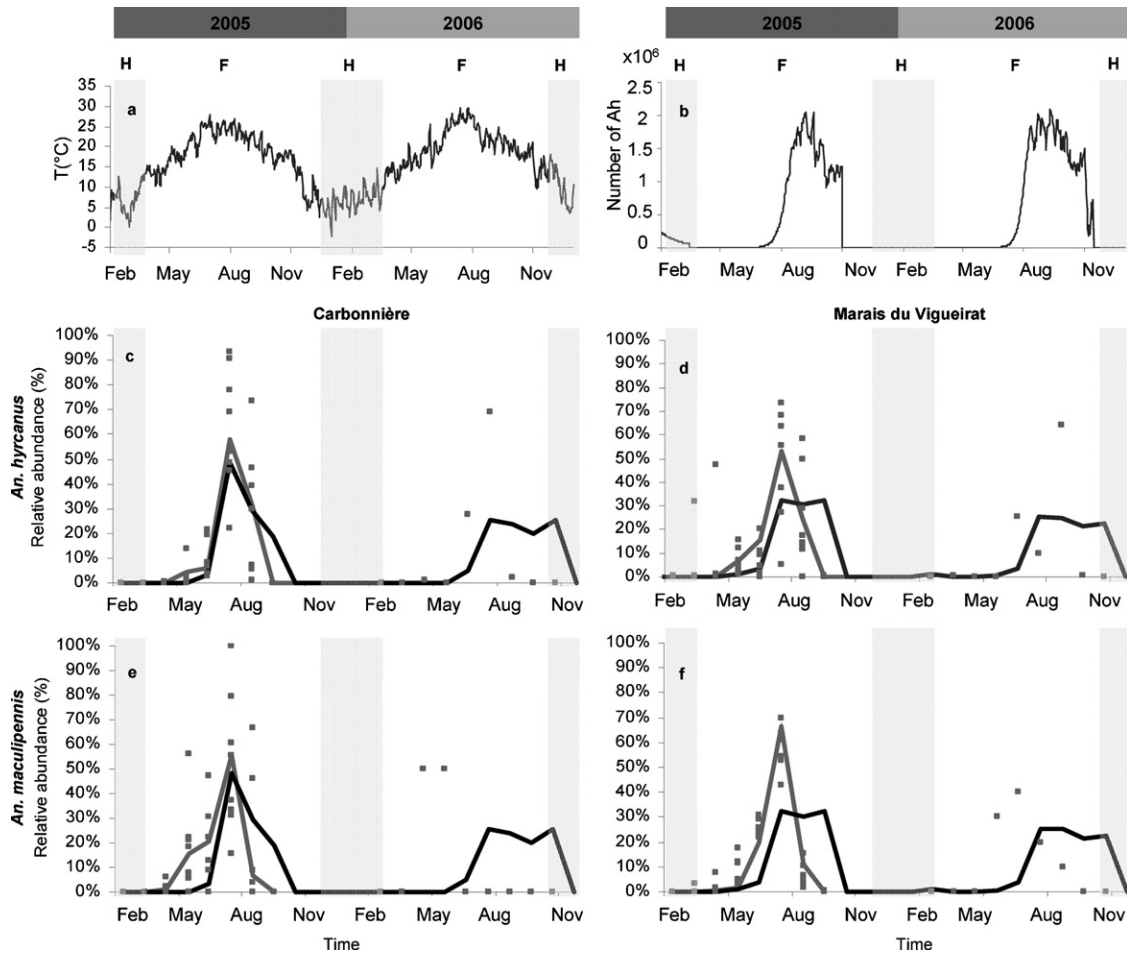


Fig. 4. Model validation. The simulated dynamics of host-seeking adults (b) based on observed temperatures (a) was compared to field data on host-seeking *Anopheles* species collected in the Camargue in 2005 and 2006 using relative abundances (c–f): *An. hyrcanus* on the “Carbonnière” (c) and “Marais du Vigueirat” (d) sites; *An. maculipennis* s.l. on the “Carbonnière” (e) and “Marais du Vigueirat” (f) sites. Mosquitoes were collected on both sites by 8 traps in 2005 and 1 trap in 2006. Point: one trap for one month; grey line, sum of the 8 traps in 2005; black line, model prediction. H denotes the hibernation period (the unfavourable season) and F the favourable season.

than nulliparous, leading to an increase in parity rate. Among nulliparous and parous females, engorged adults (A_g) were the most numerous; this is due to the temperature-dependent nature of their transition to the next stage and the absence of mortality induced by a seeking behaviour.

3.2. Model validation

Based on observed temperatures in 2005 and 2006 (Fig. 4a), the model showed *Anopheles* mosquitoes to be present in the Camargue from June to October with a maximum population in August (Fig. 4b). Simulated data were consistent with field data collected in 2005 (Fig. 4c–f: cross-correlation of 0.87 for Fig. 4c; 0.57 for Fig. 4d; 0.66 for Fig. 4e and f), especially when comparing values for *An. hyrcanus* on the “Carbonnière” site (Fig. 4c). This demonstrates

that our model correctly predicts the mean dynamic of *Anopheles* populations in favourable wetlands.

3.3. Key model parameters

Parameters identified as influential were first the minimum adult mortality rate (μ_A), second the sex-ratio at emergence (σ), the minimal temperature needed for egg development (T_E), and the minimal temperature (T_{Ag}) and the total number of degree-days (TDD_{Ag}) needed for egg maturation and development rate of emerging adults (γ_{Aem}), and third the number of eggs laid by parous females (β_2) (Fig. 5). Variations of μ_A contributed to variations of 4 out of 5 outputs (i.e. all except the parity rate as μ_A equally affects nulliparous and parous females; Fig. 5a–e). Variations of σ contributed to variations of the three outputs

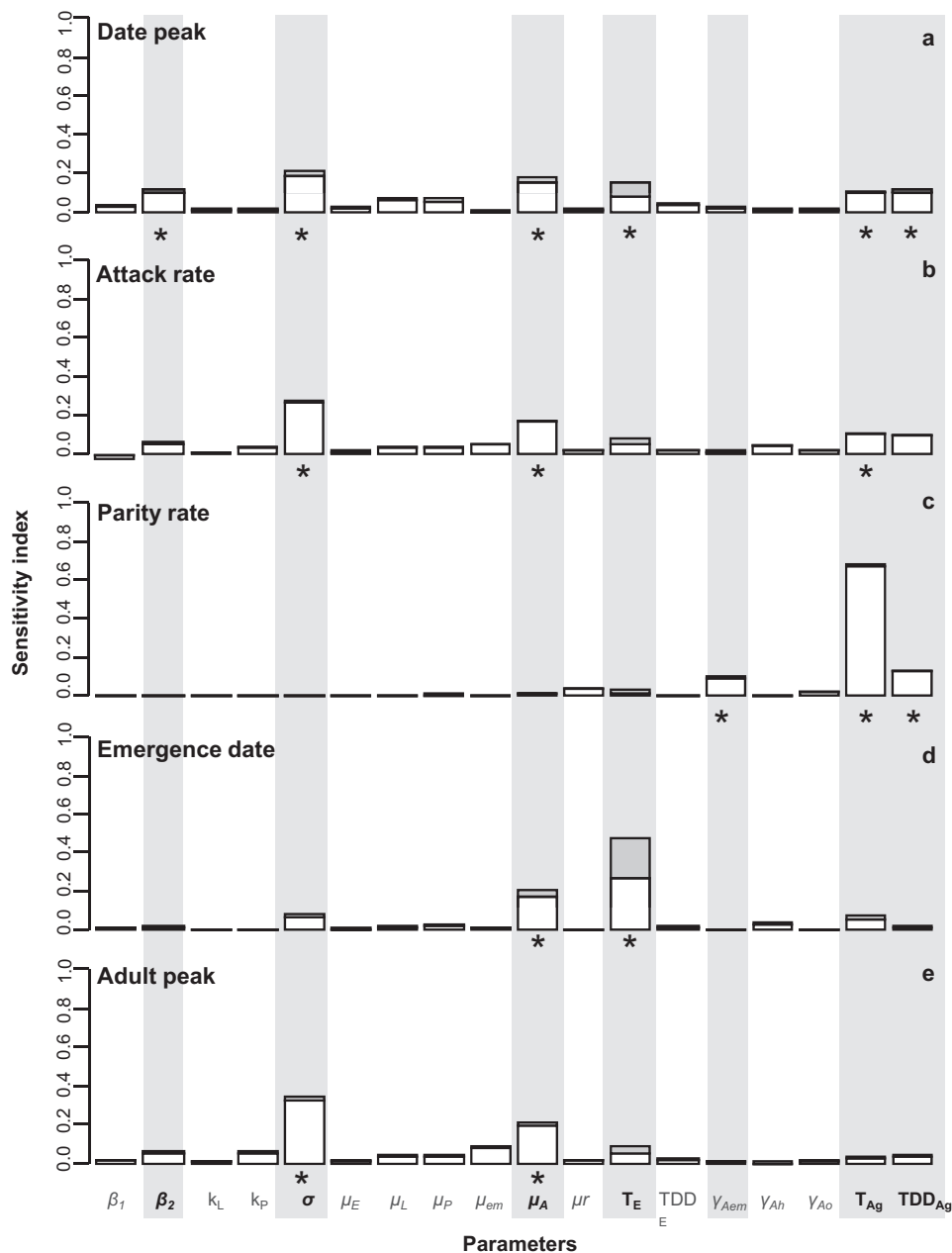


Fig. 5. Sensitivity indices of the Fourier amplitude sensitivity test (FAST) for the peak date (a), the emergence date (d), the parity rate (c), the attack rate (b), and the adult peak (e). In white, main effects; in grey, interactions. 180,000 simulations (with 10,000 points per parameter, $\pm 10\%$ around their nominal value). Parameters contributing to more than 10% of the output variance were considered to be influential parameters (identified by a star for each output). See Table 1 for parameter definitions.

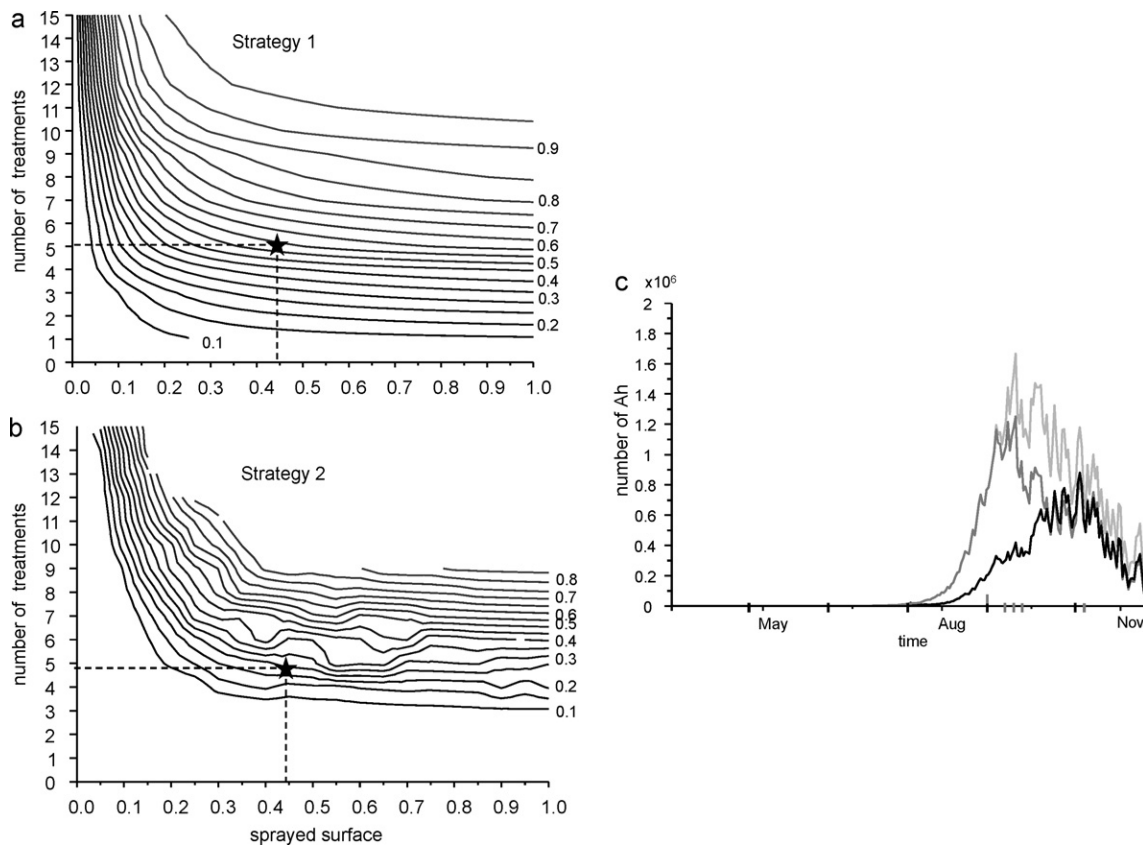


Fig. 6. Assessment of two control strategies. Percentage of reduction (represented with a contour plot, the reduction ranging from 10% to 95% with an interval of 5%) of the abundance of host-seeking females ($A_h = A_{1h} + A_{2h}$) with and without treatment, as a function of the surface sprayed and the number of treatments: (a) regular time intervals between sprayings (strategy 1); (b) sprayings determined by the A_h abundance over a given threshold (strategy 2); (c) A_h dynamics without treatment (in light grey), under strategy 1 (in black) and strategy 2 (in dark grey) both when 45% of the surface area was sprayed 5 times (dates are indicated by sticks). (c) Performed during a single year. Scenarios were run using simulated temperatures (see Fig. 3a).

related to the peak in abundance: the adult peak, the peak date, and the attack rate. Variations of T_E (either as a main effect or as first-order interactions with other parameters) influenced mainly the emergence date, and second the peak date. Variations of the parameters related to egg maturation (T_{Ag} and TDD_{Ag}) contributed to variations of the attack rate, the parity rate, and the peak date. Variations of β_2 only contributed to variations of the peak date. Variations of γ_{Aem} only contributed to variations of the parity rate. Other parameters contributed only slightly to output variations.

3.4. Scenarios of control strategies

The model estimated the number of treatments needed and the proportion of the surface to be sprayed to reach a given percentage of reduction in host-seeking females (A_h) (Fig. 6a and b). A comparison of the two strategies indicates that spraying with a regular time interval is more efficient. For instance, when 45% of a surface area was sprayed (Fig. 6c), five sprayings with a regular time interval led to a 53% reduction in the number of host-seeking females (Fig. 6a). In contrast, under the second strategy, five sprayings of the same surface area led to only a 27% reduction (Fig. 6b); to reach a 53% reduction, eight treatments were needed.

The carrying capacity for larvae (κ_L) barely influenced the effect of control strategies. For the smallest κ_L , both control strategies also reduced the number of host-seeking females, the strategy with regular treatments was still the most effective.

When mosquito control was performed for one year only, the decrease in host-seeking female abundance ceased once control measures ceased, the population returning to its initial dynamics within one to several years depending on the control scenario

applied (Fig. 7a). When a treatment was performed over several successive years, the treatment effect was higher the second and third years than the first one (Fig. 7b). The reduction in the number of host-seeking females was then of 67% and 45% for strategy 1 and 2, respectively (when 45% of a surface area was sprayed with five sprayings).

4. Discussion

We developed a climate-driven model of mosquito population dynamics to include alternating seasons and diapause processes. Our model simulates the population dynamics over several years, with the dynamics of one season depending on those of the preceding season. This model is generic because the model structure is common to all mosquito species. It can be applied to other species of genus *Anopheles* and *Culex* and to other environments simply by changing parameter values and functions. For *Aedes* genus species, eggs are the diapausing stage (Clements, 2000). This particularity can be captured by the proposed model. However, the between-stage transition from eggs to larvae needs to be driven by the water level (Becker et al., 2010), which should be modelled specifically (Porphyre et al., 2005).

We developed a mechanistic model representing all of the events and stages of the mosquito life cycle. On one hand, we considered specific compartments for nulliparous and parous adults because, although they have the same gonotrophic cycle, they do not have the same fertility. Moreover, only nulliparous adults hibernate for species belonging to genus *Anopheles* (Jetten and Takken, 1994). Lastly, this kind of model structure enables the model to

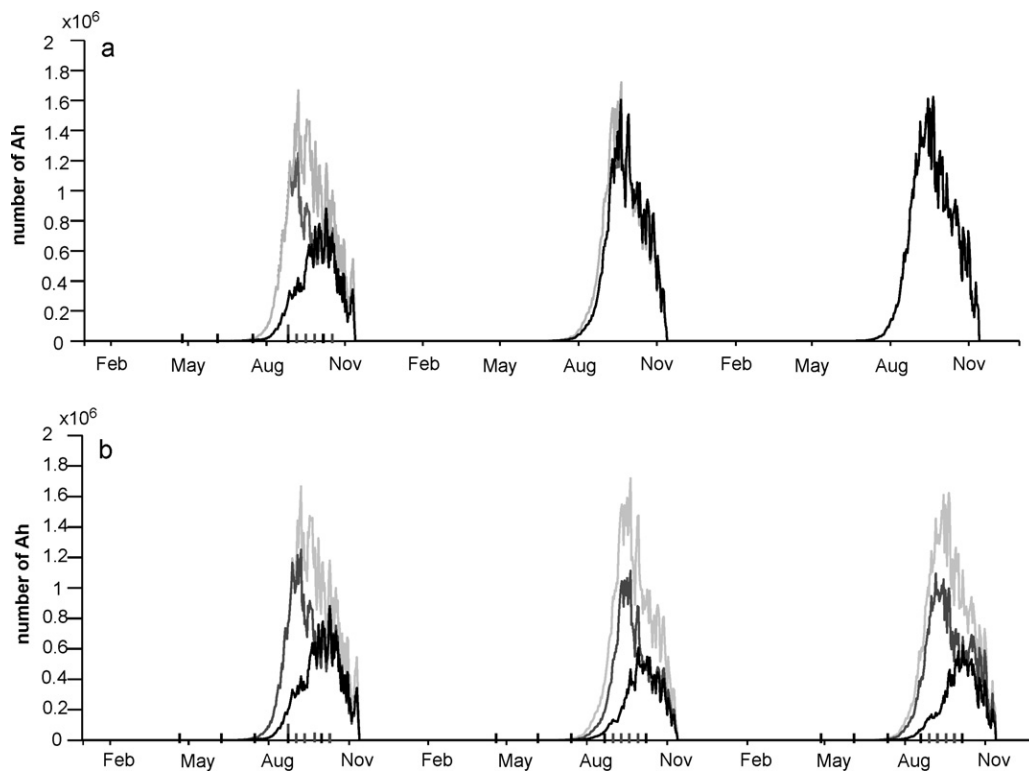


Fig. 7. Effect of the two control strategies over several years. (a) Performed during a single year; (b) performed over several years. The abundance of host-seeking females ($A_h = A_{1h} + A_{2h}$) A_h dynamics without treatment (in light grey), under strategy 1 (regular time intervals between sprayings) (in black) and strategy 2 (sprayings determined by the A_h abundance over a given threshold) (in dark grey) both when 45% of the surface area was sprayed 5 times the first year (dates are indicated by sticks) Scenarios were run using simulated temperatures (see Fig. 3a).

be coupled with an epidemiological model. Host-seeking nulliparous are infectious for a host only if transovarial transmission has occurred, whereas host-seeking parous are infectious after acquiring the pathogen on infected hosts at nulliparous or parous stages. Hence, the vectorial risk is different between these two stages. However, if the model were to be coupled with an epidemiological model, several categories of parous females should be accounted for to represent the delay before transmission as for example due to the extrinsic incubation period. On the other hand, we divided the gonotrophic cycle into three stages (host-seeking, engorged, ovipositing) for several reasons. First, such a model structure is needed to compare simulated abundances with field observations made only on host-seeking females. Second, while the transition from engorged to gravid depends on temperature, other transitions in the gonotrophic cycle are less influenced by this parameter. Nevertheless, hosts and oviposition sites have to be found, and related movements give rise to additional mortality. This is especially true in less favourable environments where hosts and oviposition sites may be dispersed, becoming limiting factors of the population dynamics.

Knowledge of *Anopheles* biology made it possible to construct a model consistent with entomological field data collected in the Camargue (France). Model parameter values were determined *a priori* and not fitted on observed data. However, model accuracy was not equivalent between the two study sites. Data were not collected on the same dates on the two sites. Mosquitoes were collected on two consecutive nights (Ponçon et al., 2007). A longer period would have produced more robust estimations of mosquito abundances over time but would have been less feasible. Model predictions on a two-day interval also are not sufficiently consistent to be representative of a monthly abundance. However, such an interval was needed to enable the comparison between the model and the field data. In addition, a seasonal variability occurs in the field in

oviposition site abundance, even during the favourable period (e.g. because of managed priming). Such variability between sites and over time is not represented in our deterministic model, which produces average population dynamics in a favourable environment. Moreover, if less favourable conditions were to be modelled, possibly leading to species extinction, a stochastic model should be preferred.

The key parameters identified (adult mortality rates, sex-ratio at the emergence, development rates, and number of eggs laid) represent potential control points in the biological system when they can be managed in the field. Acting on these parameters should be an efficient way to control mosquito population dynamics. Varying adult mortality may be impossible due to the difficulty of targeting adult stages and to restrictions on insecticide spraying in some countries (Zulueta et al., 1980). Control strategies targeting aquatic stages, such as larval habitat drainage or predator introduction, usually are more feasible (Becker et al., 2010). Currently, research is focussing on the control of mosquito populations by altering the sex-ratio (Becker et al., 2010). Parameters related to development rates can be managed by Insect Growth Regulators (IGRs) as IGRs block the moulting process resulting in infinite development rates (Becker et al., 2010). Their influence on model predictions indicates that these parameters have to be identified precisely. The determination of key model parameters can be used therefore to orientate future research efforts. To improve the predictive capacity of the model, further research is necessary to better estimate the uncertain and key parameters identified here and to assess their dependence on climate factors. To apply the model to other species and geographical zones, these parameters have to be documented clearly. Almost half of the model parameters were not highlighted as influential parameters. They do not need to be estimated precisely as long as the range of possible values is correct. However, zero does not belong to this range for any of the non influential

parameters (even with a 25% interval). Therefore, no parameter can be neglected.

Our model can predict variations in mosquito abundance for a large range of typical control strategies, even those targeting a precise stage of the life cycle. This is possible because the life cycle is represented in its entirety and the mortality rate of each stage is considered separately, following Hancock's (2009) recommendations. Other published models do not allow this because they simplify the life cycle (Ahumada et al., 2004; Porphyre et al., 2005; Otero et al., 2006; Schaeffer et al., 2008; Shaman and Day, 2007; White et al., 2011). Furthermore, while the efficiency of a molecule can be obtained by lab or field studies (Kroeger et al., 1995; Fillinger et al., 2003), modelling is essential to evaluate the impact of strategies on a large range of scenarios. We have shown that the spraying of a larvicide at a regular time interval acts as a preventive measure against mosquito emergence, such a strategy being more efficient than sprayings done when host-seeking female abundance reaches a given threshold. Treating at a regular time intervals reduces the total number of sprayings and thus control costs. Sprayings performed after abundance reaches a given threshold (as in the second strategy) come too late to control the population dynamics. When using lower thresholds, sprayings occurred earlier but the total number of treatments increased. Moreover, expensive surveillance systems would be required for this strategy. When treatment occurred over several years, we obtained the same results with a reduced intensity of treatment because the population decreased year by year. More refined control strategies driven by more than one indicator (here either the time interval between treatments or an abundance threshold) could be of interest in the field (White et al., 2011) and could be tested in the future with our model. For example, a starting date for control could be defined as related to the initial oviposition of the overwintering cohort, or the threshold of adult abundance could increase over time to reflect different control purposes: preventive control to reduce at most the abundance peak vs. curative control to reduce the nuisance during the peak. As a climate-driven model, our model also can be used to predict variations in mosquito abundance under different climate change scenarios. Lastly, the model can be an input to model mosquito-borne disease spread and control.

Acknowledgments

We thank Magda Castel for her contribution to the SA. This work was co-funded by INRA and CIRAD. The field data were collected by IRD and EID as part of the EU project grant GOCE-2003-010284 EDEN. P.C., A.T., T.B. and P.E. were responsible for model formulation, model confrontation with field data and use of the model for testing control strategies. P.C., A.T. and P.E. were responsible for the sensitivity analysis. G.L.A. and C.T. collected the field data. P.C., A.T., T.B. and P.E. wrote the paper and co-authors commented on it.

References

- Ahumada, J.A., Lapointe, D., Samuel, M.D., 2004. Modeling the population dynamics of *Culex quinquefasciatus* (Diptera: Culicidae), along an elevational gradient in Hawaii. *J. Med. Entomol.* 41, 1157–1170.
- Becker, N., Petric, D., Zgomba, M., Boase, C., Madon, M., Dahl, C., Kaiser, A., 2010. Mosquitoes and their Control, 2nd ed. Springer.
- Campbell, G.L., Marfin, A.A., Lanciotti, R.S., Gubler, D.J., 2002. West Nile virus. *Lancet Infect. Dis.* 2, 519–529.
- Clements, A.N., 1999. *The Biology of Mosquitoes: Sensory, Reception, and Behaviour*. CABI Publishing, Eastbourne.
- Clements, A.N., 2000. *The Biology of Mosquitoes: Development, Nutrition and Reproduction*. CABI Publishing, Eastbourne.
- Craig, M.H., Snow, R.W., le Sueur, D., 1999. A climate-based distribution model of malaria transmission in Sub-Saharan Africa. *Parasitol. Today (Personal ed.)* 15, 105–111.
- Depinay, J.M., Mbogo, C.M., Killeen, G., Knols, B., Beier, J., Carlson, J., Dushoff, J., Billingsley, P., Mwambi, H., Githure, J., Toure, A.M., McKenzie, F.E., 2004. A simulation model of African *Anopheles* ecology and population dynamics for the analysis of malaria transmission. *Malar. J.* 3, 29.
- Fillinger, U., Knols, B.G.J., Becker, N., 2003. Efficacy and efficiency of new *Bacillus thuringiensis* var *israelensis* and *Bacillus sphaericus* formulations against Afrotropical anophelines in Western Kenya. *Trop. Med. Int. Health* 8, 37–47.
- Focks, D.A., Haile, D.G., Daniels, E., Mount, G.A., 1993. Dynamic life table model for *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae): simulation results and validation. *J. Med. Entomol.* 30, 1018–1028.
- Gong, H., DeGaetano, A., Harrington, L., 2010. Climate-based models for West Nile Culex mosquito vectors in the Northeastern US. *Int. J. Biometeorol.*, 1–12.
- Gubler, D.J., 2002. The global emergence/resurgence of arboviral diseases as public health problems. *Arch. Med. Res.* 33, 330–342.
- Hancock, P.A., 2009. Combining fungal biopesticides and insecticide-treated bednets to enhance malaria control. *PLoS Comput. Biol.* 5, e1000525.
- IRD, 2009. La lutte antivectorielle en France. IRD Editions, Marseille, p. 533 (collection Expertise collégiale).
- Jetten, T.H., Takken, W., 1994. *Anophelism Without Malaria in Europe: A Review of the Ecology and Distribution of the Genus Anopheles in Europe*. Wageningen Agricultural University Press, Wageningen.
- Juliano, A.J., 2007. Population dynamics. *J. Am. Mosq. Control Assoc.* 23, 265–275.
- Kroeger, A., Horstick, O., Riedl, C., Kaiser, A., Becker, N., 1995. The potential for malaria control with the biological larvicide *Bacillus thuringiensis israelensis* (Bti) in Peru and Ecuador. *Acta Trop.* 60, 47–57.
- Otero, M., Solari, H.G., Schweigmann, N., 2006. A stochastic population dynamics model for *Aedes aegypti*: formulation and application to a city with temperate climate. *Bull. Math. Biol.* 68, 1945–1974.
- Pialoux, G., Gauzere, B., Jaureguiberry, S., Strobel, M., 2007. Chikungunya, an epidemic arbovirus. *Lancet Infect. Dis.* 7, 319–327.
- Ponçon, N., Toty, C., L'Ambert, G., Le Goff, G., Brengues, C., Schaffner, F., Fontenille, D., 2007. Biology and dynamics of potential malaria vectors in Southern France. *Malar. J.* 6, 18.
- Ponçon, N., Tran, A., Toty, C., Luty, A., Fontenille, D., 2008. A quantitative risk assessment approach for mosquito-borne diseases: malaria re-emergence in southern France. *Malar. J.* 7, 147.
- Porphyre, T., Bicout, D.J., Sabatier, P., 2005. Modelling the abundance of mosquito vectors versus flooding dynamics. *Ecol. Model.* 183, 173–181.
- Regis, L., Silva-Filha, M.H., Nielsen-LeRoux, C., Charles, J-F., 2001. Bacteriological larvicides of dipteran disease vectors. *Trends Parasitol.* 17, 377–380.
- Saltelli, A., Chan, K., Scott, M., 2000. *Sensitivity Analysis*. John Wiley and Sons, New York.
- Schaeffer, B., Mondet, B., Touzeau, S., 2008. Using a climate-dependent model to predict mosquito abundance: Application to *Aedes* (*Stegomyia*) *africanus* and *Aedes* (*Diceromyia*) *furcifer* (Diptera: Culicidae). *Infect. Genet. Evol.* 8, 422–432.
- Shaman, J., Spiegelman, M., Cane, M., Stieglitz, M., 2006. A hydrologically driven model of swamp water mosquito population dynamics. *Ecol. Mod.* 194, 395–404.
- Shaman, J., Day, J., 2007. Reproductive phase locking of mosquito populations in response to rainfall frequency. *PLoS ONE* 2, e331.
- Takken, W., Knols, B.G.J., 2009. Malaria vector control: current and future strategies. *Trends Parasitol.* 25, 101–104.
- Walker, K., 2002. *A Review of Control Methods for African Malaria Vectors*. Camp Dresser and McKee International, Arlington V, p. 54 (Environmental Health Project, April 2002; Activity Report 108/USAID Contract No. HRN-I-00-99-00011-00).
- White, M.T., Griffin, J.T., Churcher, T.S., Ferguson, N.M., Basáñez, M.G., Ghani, A.C., 2011. Modelling the impact of vector control intervention on *Anopheles gambiae* population dynamics. *Parasit. Vectors* 4, 153.
- WHO, 2009. *World Malaria Report 2009*. WHO, Geneva.
- Zulueta, J.D., Mujtaba, S.M., Shah, I.H., 1980. Malaria control and long-term periodicity of the disease in Pakistan. *Trans. R. Soc. Trop. Med. Hyg.* 74, 624–632.

7.3 Pathogenic landscapes : Interactions between land, people, disease vectors, and their animal hosts

Lambin E.F., **Tran A.**, Vanwambeke S.O., Linard C., Soti V. 2010. Pathogenic landscapes : Interactions between land, people, disease vectors, and their animal hosts. *International Journal of Health Geographics*, 9 (54) : 13 p.



RESEARCH

Open Access

Pathogenic landscapes: Interactions between land, people, disease vectors, and their animal hosts

Eric F Lambin^{1,2*}, Annelise Tran^{3,4,5}, Sophie O Vanwambeke¹, Catherine Linard⁶, Valérie Soti³

Abstract

Background: Landscape attributes influence spatial variations in disease risk or incidence. We present a review of the key findings from eight case studies that we conducted in Europe and West Africa on the impact of land changes on emerging or re-emerging vector-borne diseases and/or zoonoses. The case studies concern West Nile virus transmission in Senegal, tick-borne encephalitis incidence in Latvia, sandfly abundance in the French Pyrenees, Rift Valley Fever in the Ferlo (Senegal), West Nile Fever and the risk of malaria re-emergence in the Camargue, and rodent-borne Puumala hantavirus and Lyme borreliosis in Belgium.

Results: We identified general principles governing landscape epidemiology in these diverse disease systems and geographic regions. We formulated ten propositions that are related to landscape attributes, spatial patterns and habitat connectivity, pathways of pathogen transmission between vectors and hosts, scale issues, land use and ownership, and human behaviour associated with transmission cycles.

Conclusions: A static view of the “pathogenicity” of landscapes overlays maps of the spatial distribution of vectors and their habitats, animal hosts carrying specific pathogens and their habitat, and susceptible human hosts and their land use. A more dynamic view emphasizing the spatial and temporal interactions between these agents at multiple scales is more appropriate. We also highlight the complementarity of the modelling approaches used in our case studies. Integrated analyses at the landscape scale allows a better understanding of interactions between changes in ecosystems and climate, land use and human behaviour, and the ecology of vectors and animal hosts of infectious agents.

Introduction

The emergence and re-emergence of vector-borne and zoonotic diseases is controlled by ecosystem changes at the landscape level, in addition to other factors [1]. Spatial (or landscape) epidemiology is defined as the study of spatial variation in disease risk or incidence [2]. An integrated analysis at the landscape scale allows a better understanding of interactions between changes in ecosystems and climate, land use and human behaviour, and the ecology of vectors and animal hosts of infectious agents. Although Hippocrates already recognized the importance of the environment on health, scientists such as Jacques May and Eugene Pavlovsky formalized these ideas in the 20th century. Medical geography was

defined as the study of the distribution of manifested and potential diseases over the earth’s surface followed by the study of correlations between these and environmental factors [3]. The Russian epidemiologist Pavlovsky coined the term “landscape epidemiology”:

Figuratively speaking, the existence of the natural focus of a transmissible disease depends on a continuous interaction of the quintet (five) of its prerequisites associated with a specific geographic landscape [4].

These five prerequisites were listed as:

(1) Animal donors; (2) vectors; (3) animal recipients; (4) the pathogenic agent itself in an infective state, (5) the influence of factors of the external environments contributing to an unhindered transmission of infection from one organism to another (circulation of pathogenic agent) [4].

* Correspondence: eric.lambin@uclouvain.be

¹Georges Lemaître Centre for Earth and Climate Research, Earth and Life Institute, University of Louvain, 3 place Pasteur, Louvain-la-Neuve, B-1348, Belgium

Full list of author information is available at the end of the article

Spatial interactions between these agents in a landscape explain patterns of infection risk and may contribute to disease emergence. Analysing these complex landscape systems of interacting agents requires an interdisciplinary approach. Data from different sources and collected at different scales need to be linked, using innovative analytic methods.

As part of a broader project on the impact of environmental changes on vector-borne diseases, we conducted a series of landscape scale studies of different disease systems in Europe and West Africa. These studies allowed better understanding of the influence of landscapes on the transmission of each of these infections. Here we present a review of the key findings from these case studies on the impact of land changes on emerging or re-emerging diseases that are transmitted by arthropod vectors and/or have an animal origin (zoonoses). Through an inductive approach, we identify general principles governing spatial epidemiology, outlining a set of propositions of general validity for different diseases and geographic contexts. All these propositions are related to spatial patterns and processes associated with transmission cycles at the landscape scale. Together, they contribute to advance the theory of spatial epidemiology.

Methods

Analytic tools used for the case studies

We developed various methods to understand interactions between land change, vectors, animal and human hosts. It was crucial to develop tools to link the various components of disease systems across space and to model spatial interactions. These innovations in analytic methods were a key component for developing an integrated approach of disease systems. For each site, we produced detailed land cover maps based on remote sensing data at medium to fine spatial resolutions and extracted landscape metrics. We also mapped land surface brightness, greenness, and wetness based on these data. Various spatial statistical models were used. Habitat suitability models relate the presence or abundance of vectors or animal hosts to landscape predictors that represent aspects of the species' habitat- e.g., vegetation cover, landscape configuration, surface moisture, topography, soil types. The spatial units for these models were small plots for which field observations on vector presence or abundance were collected. A variant models infection prevalence among vectors and/or hosts, as measured by field trapping in different landscapes. Another type of spatial statistical models used human cases, as compiled by public health records. Explanatory variables in these models are demographic and socio-economic variables from census data, land use maps including types of settlements, proxy variables for risk

behaviours, climate and land cover. The spatial units of these latter models are administrative units at which census data are aggregated.

The Basic Reproductive Rate (R_0) - which quantifies the average number of new infections that will arise from introducing an infective host into a susceptible population [5] - has been extensively used [6,7]. R_0 is generally estimated at the aggregate level of populations. In estimating R_0 , the degree of contact between people and vectors is an essential factor for disease dynamics. Factors influencing people-vector contacts include the relative population densities and spatial distributions of both vectors and people [2], and their movements and behaviours. Previous studies based on R_0 have often assumed a constant value across space of the human biting rate, given the difficulty in obtaining spatially-explicit and quantitative estimates of this variable. By coupling R_0 models with spatial statistical models, we spatialized R_0 and therefore better represented the spatial heterogeneity in the risk of establishment of an infection. Among the various input variables forming R_0 , the vector-host ratio displays the greatest spatial heterogeneity. By combining fine-scale land cover variables and coarse-scale climatic variables, we predicted the spatial distribution of vectors. This was then integrated with maps of human host distribution to spatialize the vector-host ratio in the R_0 formula [8,9]. A few previous studies attempted to spatialize R_0 [10-12], mostly for diseases that are transmitted directly (e.g., foot-and-mouth disease, avian influenza). These studies identified high-risk areas based on landscape data and explored characteristics of epidemics, such as the spread distance, and the efficacy of control measures. Hartemink *et al.* [13] investigated a spatial R_0 at district level for the veterinary blue tongue disease in the Netherlands.

We also developed a spatially-explicit modelling approach to represent spatial variations in people-vector contacts at the landscape scale using multi-agent simulations (MAS) [14]. An agent is an autonomous computer entity capable of interacting with other agents and adapting its behaviour to a changing environment [15,16]. Agents can represent heterogeneous entities, e.g. people, animals, institutions, or land parcels, with their specific attributes and decision rules. The agent-based approach allows simulation and understanding of complex systems through the modelling of discrete events [17]. MAS can be used as a virtual laboratory to test hypotheses impossible to test in the field. MAS are particularly well suited to model disease systems as they combine biological, environmental and social processes.

Finally, we developed a spatially-explicit population dynamics model of mosquito populations [18,19], integrating the dynamics of their breeding sites (water bodies in which the females lay their eggs), the presence

of hosts, and landscape attributes controlling the spread of mosquitoes. The model is mechanistic as it uses an *a priori* mathematical description of the main processes determining mosquito population dynamics. It is also deterministic as it represents an average behaviour of the population an approach that is well adapted for large populations, such as mosquito populations.

Method to generalize across the case studies

The set of propositions described below were generated in an inductive manner, by generalisation from the set of empirical studies that we conducted. For each case study, we extracted the main conclusion(s) on the role of land use and land cover in the transmission cycle. The validity of these conclusions was then evaluated for each of the other case studies. In a synthesis table, we identified all the case studies for which a particular conclusion was empirically supported. We also identified disease systems for which the literature suggests that this conclusion may be valid.

The eight case studies

We summarize below and in Table 1 the case studies reviewed here.

West Nile virus (WNV) transmission in the Senegal River basin

Chevalier et al. [20] conducted a serological study on horses in five ecologically contrasted regions of the Senegal River basin (Senegal) to assess WNV transmission. Blood samples were taken from 367 horses from the five regions and screened by ELISA for anti-WNV IgM and IgG. Positive samples were then confirmed by seroneutralization. The seroprevalence rate was 85% overall but it varied significantly between sites. To assess

whether environmental conditions could explain these differences, a land cover map was derived from two satellite images from the dry and wet seasons, and the surface covered by each land-cover type was calculated for each study area. Environmental data were analysed using principal components analysis and generalized linear mixed models.

Tick-borne encephalitis (TBE) incidence in rural parishes of Latvia

Vanwambeke et al. [21] investigated the landscape-level factors influencing TBE incidence in rural parishes of Latvia, distinguishing between land cover, use and ownership. Land cover was used to depict the ecological suitability of the landscape for ticks and their hosts. Landscape composition and configuration were extracted from land cover maps. Land use represented human exposure to ticks, mostly through visits to forests. It was measured using proxy variables extracted from agricultural and household censuses. Land ownership of forests represented the accessibility to vector habitats for the public. Data were analysed using non-spatial and spatial negative binomial regression models.

Sandfly abundance in the French Pyrenees

A spatially-explicit R_0 model was developed for canine leishmaniasis in the French Pyrennees [9]. An important variable for such a model is the density of the vector, which was estimated continuously in space using multivariate regression models. Based on extensive field trapping of sandflies, and using landscape composition and configuration at a medium spatial resolution and remotely sensed climate-related factors at a coarse spatial resolution, the abundance of sandflies was predicted throughout the study area. This was then used as an input for the calculation of a spatially-explicit R_0 .

Table 1 Description of the eight case studies included in the review

	WNV Senegal	TBE Latvia	Sandflies Pyrenees	RVF Senegal	WNF Camargue	PUUV Belgium	Lyme Belgium	Malaria Camargue
<i>Pathogen</i>	flavivirus	flavivirus	protozoan parasite	phlebovirus	flavivirus	hantavirus	spirochetal bacteria	eukaryotic protist
<i>Vector or host</i>	mosquito	tick	sandfly	mosquito	mosquito	rodent	tick	mosquito
<i>Region</i>	Senegal river basin	Latvia/northeastern Latvia	French Pyrennees	Ferlo, Senegal	Camargue, France	Belgium	Belgium	Camargue, France
<i>Scale</i>	department	country	3 departments	department	ecount	country	country	ecount
<i>Spatial resolution</i>	30 m	100-30 m	30 m	2.4 m	30 m	30 m, municipality	municipality	30 m
<i>Climate</i>	semi-arid	temperate	mediterranean	semi-arid	mediterranean	temperate	temperate	mediterranean
<i>Field data</i>	horse serology	human cases	sandfly trapping	ruminant serology	horse & bird serology	rodent serology; human cases	human cases	mosquito trapping
<i>Analyses</i>	statistical	statistical	statistical	statistical; simulation model	simulation model	statistical	statistical	Multi-agent simulation

Rift Valley Fever (RVF) in the semi-arid region of the Ferlo, Senegal

The impact of landscape variables on the transmission of RVF in small ruminants was investigated in the semi-arid region of Barkedji, Ferlo, Senegal [22]. The relationship between landscape features, derived from a very high spatial resolution image, and serologic incidence was analysed statistically using a mixed-effect logistic regression model. A model of mosquito population dynamics was also developed. This model, based on current knowledge on the biology of the two RVF vectors species, *Aedes vexans* and *Culex poicilippes*, takes into account the main events of the mosquito life cycle and climatic fluctuations. Simulations of daily spatial and temporal variations in the area of temporary ponds around a village in Senegal relied on the Tropical Rainfall Measuring Mission (TRMM) rainfall product [18,19]. Mosquito population dynamics was simulated based on variations in water level and surface.

Animal hosts of West Nile Fever (WNV) in the Camargue region

Based on the seasonal distribution of mosquito and bird populations, simulations of introduction, amplification and emergence of WNV under different realistic scenarios were produced and compared with seroprevalence measured in horse and bird populations [23].

Rodent-borne Puumala hantavirus (PUUV) in Belgium

The link between environmental features and PUUV prevalence in bank vole population was investigated in Belgium. Linard et al. [24] explored the relationship between environmental variables and host abundance, PUUV prevalence in the host, and human cases of nephropathia epidemica. Statistical analyses were carried out on 17 broadleaf forest sites. To understand causal pathways between environment and disease risk, the study distinguished between environmental factors related to the abundance of hosts, such as land-surface attributes, landscape configuration, and climate, and factors that may favour virus survival in the environment, such as climate and soil attributes. A national scale model explained the spatial distribution of PUUV human infections at the municipality level [25].

Geographic distribution of human cases of Lyme borreliosis (LB) in Belgium

The impact of fine-grained landscape patterns on the exposure of people to LB infection was also investigated in Belgium. A combination of factors linked to the vector and host populations, landscape attributes, and socio-economic factors were included in a negative binomial regression to explain the number of LB cases per municipality [25].

Risk of malaria re-emergence in the Camargue

A larval index for the main potential vector of malaria in the Camargue area, *Anopheles hyrcanus*, was defined as

the probability of observing its larvae in a given site at least once over a year. It was mapped by associating in a statistical model environmental indices that were derived from high spatial resolution imagery and entomological field data (Figure 1) [26]. Linard et al. [14] developed a spatially-explicit multi-agent simulation representing the spatio-temporal dynamics of interactions between the agents that could influence malaria transmission in the Camargue: people, mosquitoes, animal hosts and landscape. This model integrates movements and behaviours of people and vectors, and factors influencing transmission risk spatially. The model allowed testing potential drivers of malaria re-emergence such as changes in biological attributes of vectors, agricultural practices, land use, tourism activities and climate. Scenarios of possible futures varied the value of exogenous variables (e.g., tourist population visiting the area), initial conditions (e.g., land cover, in response to changes in land use policies or market forces) or parameters (e.g., level of protection of visitors against mosquito bites) [27].

The ten propositions

1. Landscape attributes may influence the level of transmission of an infection

This general proposition applies to all our studies (Table 2). The distribution, density, behaviour, and population dynamics of arthropod vectors and their non-human hosts are partially controlled by landscape features. The spatial distribution of vectors and the level of transmission is thus influenced by the environment [28,29]. This was illustrated by studies testing the relationship between disease occurrence and environmental features [30,31]. The case of WNV in Senegal illustrates this link, and the subsequent propositions provide details on the causal links between landscapes and diseases (Figure 2). In the serological study in the Senegal River basin, Chevalier et al. [20] found that IgG seroprevalence rate in horses was decreasing with proximity to seawater, flooded banks and salted mudflats. These landscape features acted as protective factors as they are highly unfavourable to the presence of *Culex* mosquitoes, the main WNV vectors. In Senegal, environmental constraints on vector distribution are more limitative for WNV transmission than bird distribution. Similar results were observed in the Camargue region, France and in Iowa, also with significant relationships between landscape features and seroprevalence of WNV [32,33], with different risk and protective factors though. This highlights the need for a landscape scale analysis of infections, especially when there are multiple possible hosts and vectors species.

2. Spatial variations in disease risk depend not only on the presence and area of critical habitats but also on their spatial configuration

Numerous studies aimed at understanding associations between land cover and disease risk focus on the

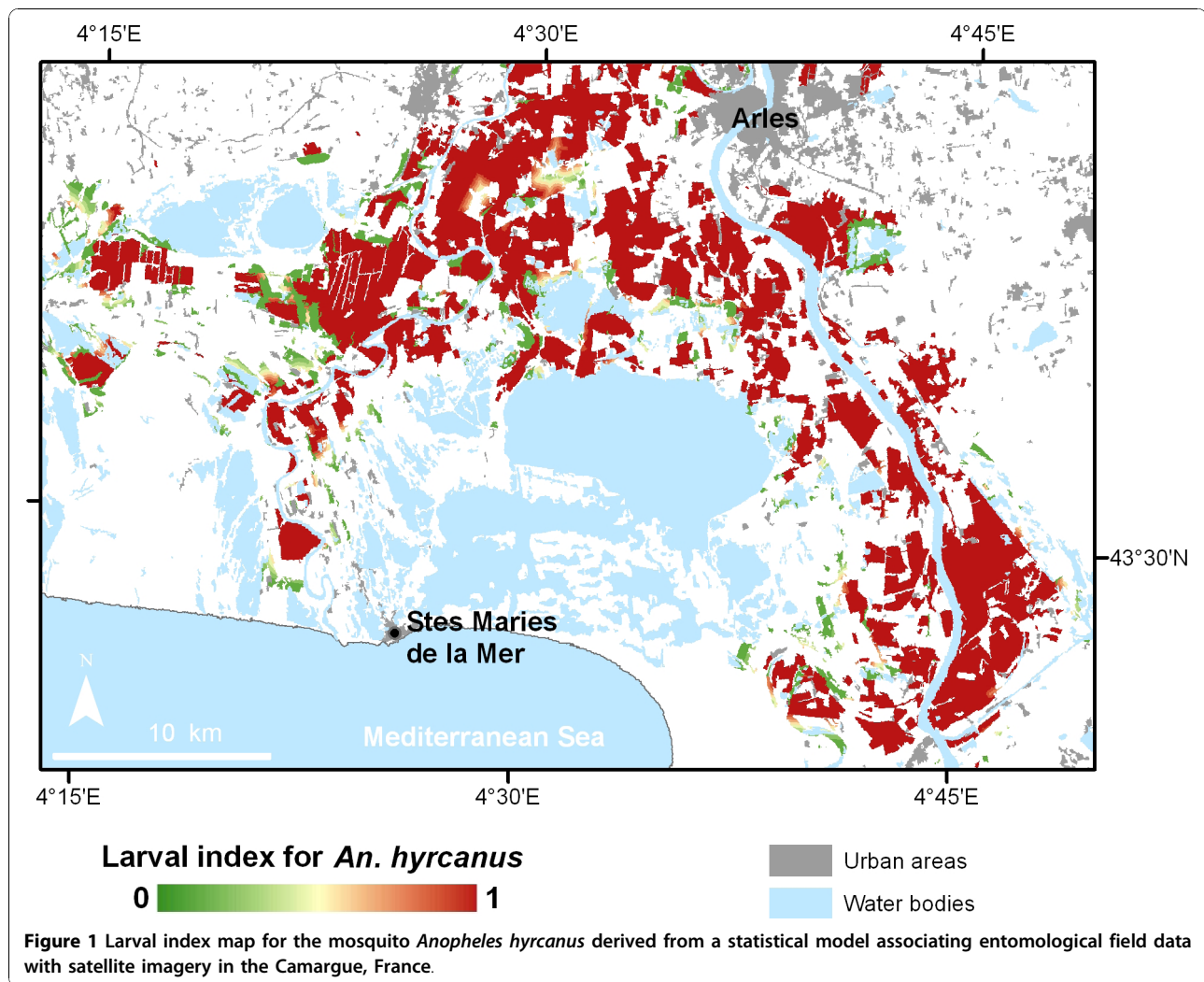


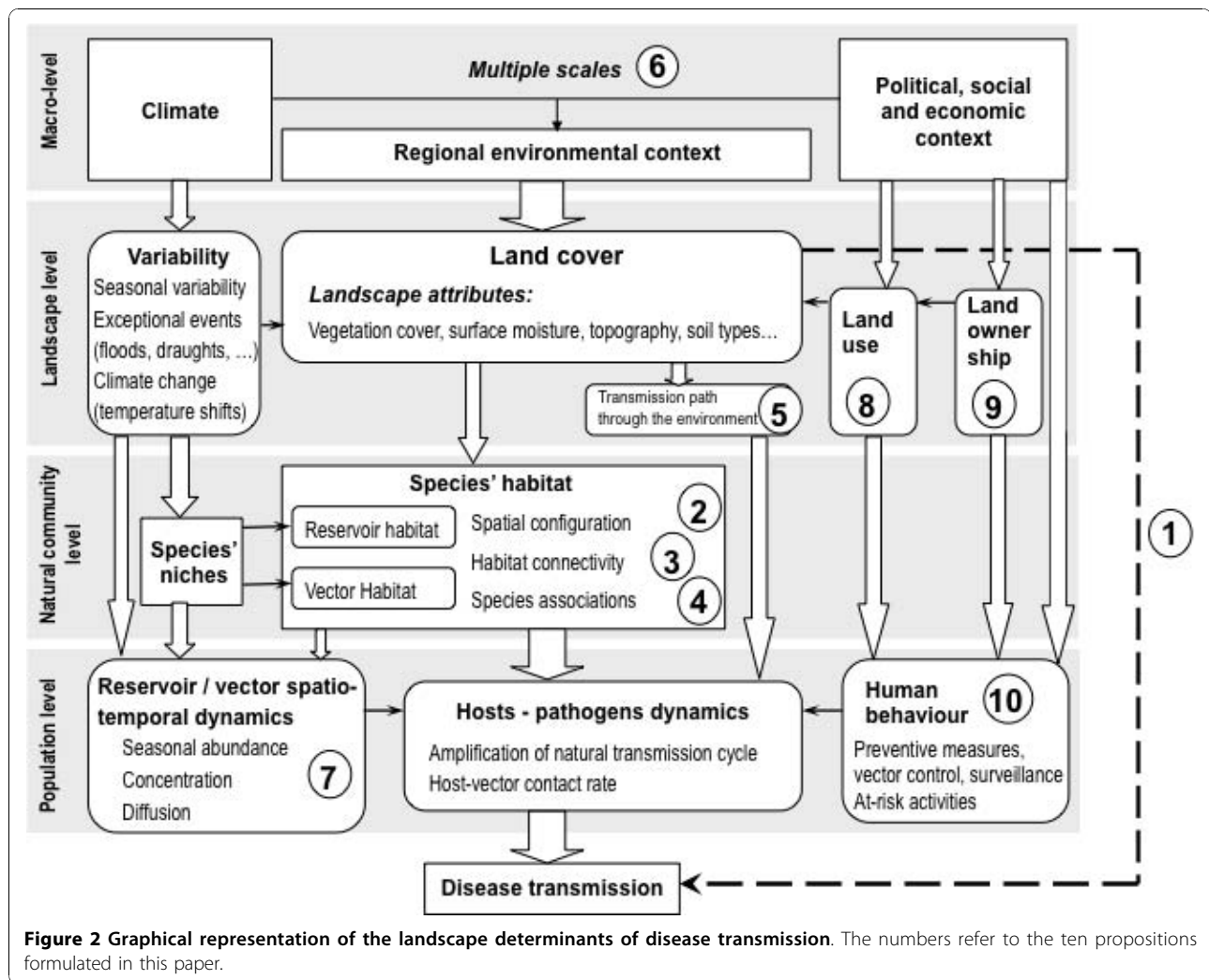
Table 2 Validation of the ten propositions proposed in this paper with the eight case studies included in the review

	<i>WNV</i> Senegal	<i>TBE</i> Latvia	<i>Sandflies</i> Pyrenees	<i>RVF</i> Senegal	<i>WNF</i> Camargue	<i>PUUV</i> Belgium	<i>Lyme</i> Belgium	<i>Malaria</i> Camargue
1. Landscape attributes	E	E	+	E	E	E	E	+
2. Spatial configuration		E	E		+	E	E	
3. Habitat connectivity				E	+	E		
4. Species associations	+	+			E	+	+	
5. Transmission paths		+				E	+	
6. Multiple scales		E	E	+		E		
7. Concentration, diffusion				E	+			E
8. Land use		E				E	E	+
9. Land ownership		E						
10. Human behaviour		E				E	E	E

E: empirical evidence from that case study.

+: case study is consistent with the proposition, based on the literature.

-: case study is in disagreement the with proposition, based on the literature.



presence of critical habitats for vectors or reservoir hosts [34-40]. In most cases, the surface area of those habitats was used to quantify landscape characteristics, ignoring their spatial configuration. Yet, more complex and fragmented landscapes are associated with more ecotones (i.e., transition areas between two adjacent ecosystems), which increase the likelihood of contacts between species associated with various habitats [41]. Moreover, fragmented landscapes provide more habitats for edge species, and a greater diversity of resources. For example, ecotones between forests and open areas commonly have high tick densities [42], as well as higher incidence of infection [43]. The incidence of LB was significantly associated with the importance of land cover edges between forest and herbaceous land cover types in the US [44,45]. Allan et al. [46] found an increasing density of infected tick nymphs with decreasing size of forest patch. In Belgium, Linard et al. [25] showed that the probability of LB infection was higher in areas with a

large interface between settlements and forests in peri-urban areas. In the multivariate statistical analysis of TBE incidence in rural parishes of Latvia [21], human cases of TBE were associated with the mean area of forest patches, their shape, and the proportion of mixed and transitional vegetation cover types around forests. Conversely, TBE incidence was lower not only where there were relatively large areas of unfavourable land covers for ticks, such as arable land, but also where forests were surrounded by agricultural land. Similar results were found in the statistical model predicting the abundance of the sandfly *Phlebotomus ariasi* in the French Pyrenees [9]. It was best predicted with landscape descriptors measured in a 1000-m buffer, including Shannon's landscape diversity index (i.e., a measure of the diversity and balance in landscape composition), the proportion of forests, and the mean area of forest patches. Others studies on different vector-borne and zoonotic diseases highlighted the importance of habitats

configurations for infection transmission. For example, Pradier et al. [32] showed a significant association between WNV's level of circulation in Southern France and a landscape metrics measuring the degree of interweaving of land cover classes. Graham et al. [31] also demonstrated that habitat form was related to the prevalence in China of human alveolar echinococcosis caused by a helminth, the tapeworm *Echinococcus multilocularis*.

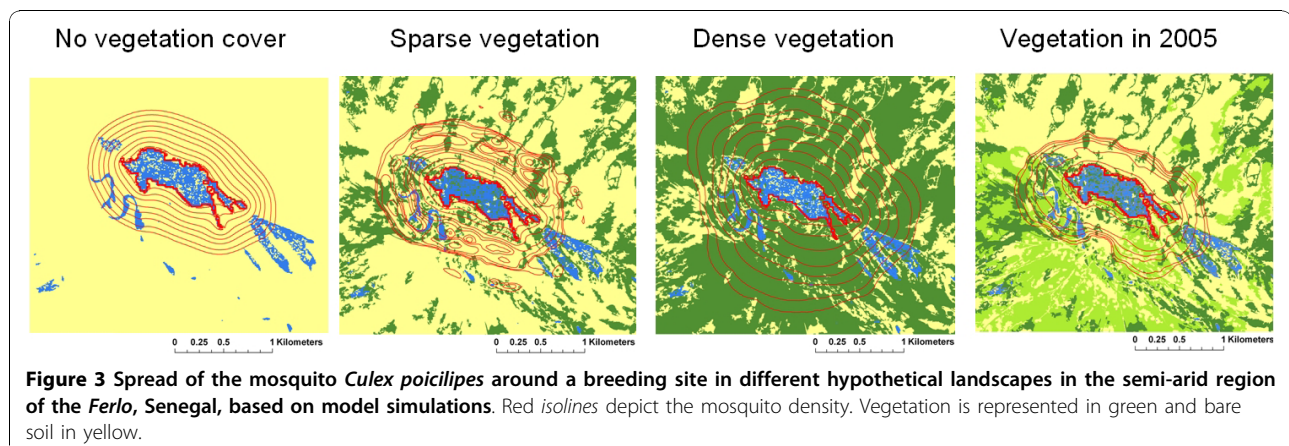
3. Disease risk depends on the connectivity of habitats for vectors and hosts

The proximity of vector and host habitats may not result in a high level of risk if these critical habitats are not connected spatially by landscape features favourable to the circulation of vectors and/or hosts. Spatial diffusion of vectors is particularly crucial in the case of mosquito-borne diseases. At night, when female mosquitoes generally feed, most of the hosts (e.g., humans, cattle) are immobile. The ability of female vectors to spread from their breeding sites to hosts increases host/vector contacts. Landscape features largely control these movements [47]. The study of RVF in the semi-arid region of the Ferlo in Senegal showed that ruminant herds living around temporary water bodies were at greater risk of RVF if they were located close to ponds surrounded by vegetation [22]. A landscape closure index - representing the proportion of surface around each pond covered by vegetation such as dense forest and shrub savannah - was positively correlated with higher serologic incidence. The presence of dense vegetation around water bodies favours the spread of mosquitoes from the pond where they breed to the nearby ruminant herds (Figure 3). The importance of connectivity between habitats for the spread of mosquitoes was also demonstrated for *Culex* species in Southern France [48]. The connectivity between forest patches may also influence rodent populations and therefore the transmission of rodent-

borne diseases such as hantavirus. Linard et al. [24] found that the spatial distribution of bank voles was different during epidemic and non-epidemic years. The number of bank voles captured was higher in more isolated forest patches during the non-epidemic year, whereas it was higher in less isolated patches during the epidemic year. Well-connected patches have more chances to be recolonized after local extinctions [49]. Habitat connectivity could also influence the virus occurrence in hosts by controlling movements of individuals and thus contact rate between infected and susceptible rodents. Langlois et al. [50] observed that hantavirus incidence in deer mice was higher in landscapes with a higher level of fragmentation of the preferred habitat. In Western Africa, Guerrini et al. [51] showed that the riverine forest fragmentation level is a critical factor to determine the habitat of riverine tsetse species, vectors of animal trypanosomosis.

4. The landscape is a proxy for specific associations of reservoir hosts and vectors linked with the emergence of multi-host diseases

Great numbers of hosts and vectors species are potentially involved in the transmission of WNF, making its epidemiology complex. One should better understand underlying processes accounting for observed patterns of WNF when correlations between land use/cover and disease prevalence have been established [52]. In the Camargue region, we showed that epidemic processes of introduction, amplification and emergence of WNV were related to specific associations of hosts and vectors species in time and space. Based on maps of seasonal distributions of mosquito and bird populations, simulations of introduction, amplification and emergence of WNV were compared with seroprevalence measured in horse and bird populations [23]. Introduction of the virus by migratory birds explained accurately the observed spatial patterns of WNV transmission, whereas overwintering of WNV in mosquitoes did not. *Cx.*



modestus was identified as the main amplifier of WNV, which is consistent with competence studies [53]. In the Camargue, the virus was only isolated in sparrows and magpies [54]. Yet, other competent bird species - or all bird species - may contribute to WNV amplification. The bird community composition did not seem to play a major role in the amplification of WNV in the Camargue (no "dilution effect"), unlike what was observed in the New World [52,55,56]. The final risk map, based on landscape attributes, synthesizes the different processes leading to WNV emergence in horses and identifies risk areas requiring veterinary surveillance.

5. To understand ecological factors influencing spatial variations of disease risk, one needs to take into account the pathways of pathogen transmission between vectors, hosts, and the physical environment

The transmission of vector-borne diseases requires a direct contact - i.e., a bite - between an infectious vector and a susceptible host. By contrast, zoonoses such as PUUV can be transmitted directly, by physical contact between infected and susceptible hosts, or indirectly, with the environment as an intermediate. Actually, the virus can be shed in the environment via rodent excretions, and transmitted to humans in aerosols [57,58]. The environmental conditions controlling the direct and indirect transmission paths differ. In a study of the link between environment and PUUV prevalence in bank voles in Belgium, Linard et al. [25] showed that PUUV prevalence among bank voles is more linked to variables favouring the survival of the virus in the environment, and thus indirect transmission. In particular, low winter temperatures were strongly linked to high prevalence among bank voles, and high soil moisture was associated with high numbers of nephropathia epidemica cases among humans. The risk of transmission to humans is therefore not only determined by host abundance, but also by the indirect transmission path, largely controlled by climatic factors and soil characteristics influencing virus survival in the environment. Another illustration is provided by the differences in dynamics of two pathogens vectored by the same species, *Borrelia spp.* and TBE virus. Transmission to ticks related to systemic and non-systemic host infections (respectively, infection of many and specific parts of the body) has been described for both pathogens. Yet, transmission through co-feeding of ticks in non-systemically infected hosts may be more important to sustain the transmission of TBE [59,60]. As a result, spatial variations of TBE infection risk are controlled by more restrictive ecological conditions, as closer interactions between infected competent hosts and ticks are required compared to LB. The TBE transmission cycle is therefore more fragile [61,62]. The transmission via the environment can also play a role in the transmission of avian influenza viruses:

contaminated water supplies can constitute a reservoir that maintains the virus in the environment and be a source of contamination for wild or domestic birds [63].

6. The emergence and distribution of infection through time and space is controlled by different factors acting at multiple scales

The emergence of a disease in a particular region is associated with multiple macro-level changes such as a shift in political and economic regimes that influence people's livelihood strategies and therefore their interaction with natural ecosystems [64,65], rapid conversion of natural habitats, and urbanization. In some cases, variations in climate may act synergistically with these socio-economic changes, even though the relative magnitude of climate change impacts remains contentious [66]. Macro-economic and climatic conditions create favourable or unfavourable background conditions for the development of pathogens, vectors, and hosts. The actual realisation of the transmission cycle and transmission to humans depends on the overlap of the preferred habitats of competent vectors and infected hosts, and on the entry of humans into these infected areas. Therefore, the fine-grained spatial heterogeneity in disease emergence is determined by natural and cultural landscape attributes that act as fine-scale spatial determinants of the multiple factors controlling the transmission cycle. For example, while an acceleration of warming of spring temperatures in the Baltic region played some role in the dramatic increase in TBE incidence [67], it did not account for the high spatial heterogeneity of incidence at an infra-national scale. Landscape factors related to the ecology of the disease and to human activities better explain this spatial heterogeneity [21]. In Western Europe, bank voles are known to display cyclic abundance peaks, which significantly increase PUUV infection among rodents and humans. These peaks are related to high tree seed production, triggered by high summer and autumn temperatures the preceding years [68,69]. While such macro-scale factors influence PUUV incidence at the regional scale, landscape characteristics related to rodent habitats and human land use determine the local scale spatial heterogeneity of transmission. Spatial variations in sandfly abundance in the French Pyrenees was also explained by a combination of coarse and fine resolution remotely-sensed metrics that are associated with, respectively, regional climatic trends and local-scale landscape variables reflecting land use [9]. In (disease) ecology, the relevance of the scale factor has been widely demonstrated [70] and yet it remains poorly explored in empirical studies of landscape epidemiology.

7. Landscape and meteorological factors control not just the emergence but also the spatial concentration and spatial diffusion of infection risk

In the semi-arid region of the Ferlo, Senegal, temporary ponds - i.e., that are flooded after the first rains and

remain dry for most of the dry season - constitute a favourable habitat for RVF vectors, *Ae. vexans* and *Cx. poicilippes*. Modelling spatial and temporal variations in water level and surface of temporary ponds around a village in Senegal allowed simulating mosquito population dynamics and host distribution [18,19]. Results showed that rainfall drives *Culex* and *Aedes* populations and therefore the risk of circulation of RVF virus. Depending on the frequency of rainfall events, high densities of *Culex* and *Aedes* may occur simultaneously. This co-occurrence of species leads to a higher risk of transmission, *Ae. vexans* and *Cx. poicilipes* acting as, respectively, initiators and amplifiers of RVF virus circulation. Thus, in the Ferlo region, a combination of rainfall frequency and amount identifies years at risk for RVF. Landscape features also influence the spread distance of mosquitoes away from their breeding sites [19]. In East Africa, heavy rainfall events were associated with RVF outbreaks [71]. Such events lead to major increase in mosquito vector populations [72]. The flooded areas that are potential mosquito breeding sites ("dambos") constitute the main risk areas [73]. Meteorological conditions can also influence exposure of humans [74].

8. Spatial variation in disease risk depends not only on land cover but also on land use, via the probability of contact between, on one hand, human hosts and, on the other hand, infectious vectors, animal hosts or their infected habitats

Land cover is defined by the attributes of the earth's land surface and immediate subsurface, including biota, soil, topography, surface and groundwater, and human structures. Land use is defined by the purposes for which humans exploit the land cover. While a focus on land cover helps understanding the presence of vectors and hosts, a focus on land use identifies which places people visit for specific activities, at what time of the day and of the year, and at what frequency. The attractiveness of various places for a given activity depends on their attributes such as accessibility and value for that activity - e.g., presence of recreational features, easily accessible forests with amenities such as good trails. Our studies on human cases of PUUV and LB in Belgium showed that the spatial distributions of the two diseases were very dissimilar [25]. PUUV was mostly prevalent in forested, rural and low income municipalities as transmission to humans was mostly associated with hunting and forestry work. By contrast, LB was mostly found in forested, peri-urban and wealthy municipalities, as infection was mostly associated with gardening and recreational activities in forests. Thus, it is less land cover (i.e., the presence of broad-leaved forests) than land use (associated with income level and type of settlements) that controls the spatial distribution of human cases of these two diseases. Agents involved in different land uses - e.g., a tourist and a local farmer - also have varying levels

of awareness of the risk of infection transmission and rate of adoption of preventive measures. Socio-economic factors such as income and education have been quantitatively related to frequency of human visits to forests and exposure to tick bites [75]. In Latvia, the main reasons for people to enter forests included looking for alternative livelihood sources or recreation. People with low income and education visit forests more commonly with the purpose of collecting wild food, while more wealthy and educated people are more likely to visit forests for recreation [75]. In our study of TBE incidence in rural parishes of Latvia [21], human cases of TBE were positively related to variables indicating wild food pickers and negatively related to variables associated with hikers. Different socio-economic groups are represented in various proportions in different regions of a country. In the Camargue, the scenarios tested using a multi-agent simulation showed that water management practices in rice fields influence the rate of contact between people and potential malaria vectors [27]. According to the flooding date of rice fields, the maximum abundance of vectors and people can be reached simultaneously, resulting in high contact rates. In a study on West Nile Virus disease risk in the US, Winters et al. [76] emphasized the importance of taking into account human activities to assess risk of vector exposure in montane areas heavily used for recreation in the summer.

9. The relationship between land use and the probability of contact between vectors and animal hosts and human hosts is influenced by land ownership

Land ownership and access rules determine whether distributions of ticks and human activities overlap in space and time. In most countries, State forests are more accessible to the public than privately-owned forests. In the statistical analysis of TBE incidence in rural parishes of Latvia [21], land ownership proved to be an important explanatory variable, with a positive relationship between TBE incidence and the presence of State-owned forests. Because forest ownership is associated with different forest management practices, land ownership may reflect not just access to forests but also differences in forest management practices. The latter have an impact on habitat quality for ticks and tick-hosts, and on the attractiveness of forests for human activities. For example, forest age, use of plantation and sanitary cutting may affect the presence of ticks, rodents, and forest food. While issues of land ownership have been widely studied in conservation science [77], they have been ignored in landscape epidemiology.

10. Human behaviour is a crucial controlling factor of vector-human contacts, and of infection

Humans can adopt a range of preventive measures to decrease the risk of contact with vectors or pathogens. The rate of adoption of these measures depends on the

availability of such preventive measures, the nuisance of the vector, the risk of infection and its level of perception by susceptible agents. For transmission to occur, one needs a combination of a conducive environment, which is created by an ecosystem favourable to interactions between pathogens, vectors and their animal hosts, and risk behaviours by human hosts that lead to a greater incidence among a human population. For example, the emergence of TBE in the Baltics was associated with a complex combination of abiotic, biotic and human factors [64,75]. Similarly, the spatial distributions of PUUV and LB infections in Belgium were related to human activities and behaviours, among other factors [25]. In an area of Sweden endemic for TBE and LB, differences were found in adoption of preventive measures between permanent and part-time residents and between genders, suggesting differing risk perception [78]. Dengue infection in northern Thailand was explained by variables related to the ecology of *Aedes*, the mosquito vector, and by risk and protective behaviours [79,80]. One of the greatest challenges in landscape epidemiology is to better integrate human behaviours.

Discussion

The above propositions have the status of hypotheses requiring further testing in different geographic and biological contexts. Yet, they further our understanding of the impact of land-use and land-cover change on the transmission cycle of vector-borne diseases. A practical implication of this enhanced knowledge is to identify indicators of “pathogenic landscapes”, to provide early warning signals of an increased likelihood of disease transmission. A static view of the “pathogenicity” of landscapes overlays maps of the spatial distribution of: (i) vectors and their habitats, (ii) animal hosts carrying specific pathogens and their habitat, (iii) susceptible human hosts and their land use. A more dynamic view would represent the spatial and temporal dynamics of these agents at multiple scales. Potential indicators of a higher transmission risks would be derived from any combination of social and ecological processes that are associated with spatial boundaries and temporal transitions that increase - or create new - interactions between disease transmission agents. Spatial indicators of infection risks would be associated with ecotones; margins of the geographic distributions of vectors, hosts or pathogens; and highly connected places, being at the crossroad of circulating vectors, hosts or pathogens. Temporal indicators of infection risks would be associated with biological mutation of pathogens, invasion of vectors, change in composition of animal host population, migration of naïve human hosts, abrupt land use/cover changes (not just land cover conversions but also

subtle land cover modifications), political and economic changes, rapid climatic changes... Importantly, it is synergistic interactions between several of these indicators that are most likely to be associated with high infection risks.

The above findings have implications for the design of public health surveillance systems. For example, georeferencing of serological data collected on hosts is essential. For human cases, recording the place of infection in addition to the place of residence of patients is also necessary. Systematic trapping of vectors and/or animal hosts for serological surveys should be spatially targeted on areas with a high risk of transmission. This could be achieved through spatially stratified sampling schemes defined based on the relevant landscape attributes. Budgeting should allow for rapidly increasing the intensity of serological surveys on hosts in periods of unexpected socio-economic, ecological or climatic transitions that have the potential to affect transmission of infections. Data on land cover, land use, and socio-economic factors associated with risk behaviours should be systematically integrated in surveillance systems. Finally, the ability of public health analysts to integrate data from different sources, at multiple scales, and representing various components of disease systems should be enhanced.

The different modelling approaches used in the case studies were highly complementary. A detailed and accurate land cover mapping by remote sensing was at the basis of the methods used. Spatial statistical models were used to explore empirical relationships between disease systems and landscape patterns, as a preliminary approach of disease systems for the development of more integrated models. The finding of statistically significant associations does not establish causal relationships. Moreover, regression models cannot be used for extrapolation beyond the region of the variable space corresponding to the original data. R_0 models allow investigation of establishment potential in the absence of a disease. They are based on a representation of biological processes of transmission. Yet, the spatial heterogeneity of environmental attributes is not explicitly included in these models. The development of multi-agent simulations necessitates a considerable amount of data and a good preliminary knowledge of the disease system. MAS represent the dynamics of people-vector contacts in space and time and are therefore ideal to explore scenarios associated with conditions that have not been observed previously. Coupling R_0 models with MAS could therefore better represent the influence of spatial and temporal heterogeneity in people-vector contacts on the risk of establishment of an infection. There is a logical sequence in the use of the various methods, from the land cover description by remote sensing to

the spatially-explicit multi-agent simulation, transiting through exploratory statistical analyses to better understand the key components of disease transmission and their associations.

Conclusion

We conclude as we started, with a quote by E.N. Pavlovsky (1966):

“The epidemiological significance of a locality is determined by the following factors: (a) the landscape of an area with natural foci of diseases in newly-settled and reclaimed regions (...); (b) the extent and nature of contact between man and his natural environment.”

All our case studies show that spatial variations in infection risk are controlled by three sets of factors: (i) the pathogenic cycle and the biology of vectors, hosts and pathogens; (ii) ecosystem processes at the landscape scale, as influenced by ecosystem structure and composition, landscape connectivity and configuration, climate, species interactions; and (iii) land use, human behaviour and mobility, knowledge and perception of disease risk, and socio-economic conditions. In general, previous studies in spatial epidemiology have ignored or given less emphasis to the latter set of factors (i.e., land use and human behaviours). The challenge in landscape epidemiology is to integrate dynamically these different factors, with an emphasis on their interactions and not just on their spatial overlay. By identifying a set of propositions on factors controlling these interactions, this review contributes to a general understanding of spatial variations in disease risk.

Acknowledgements

This study was funded by EU Grant GOCE-2003-010284 EDEN; it has been catalogued by the EDEN Steering Committee as EDEN247 <http://www.eden-fp6project.net>. We are grateful to partners of the EDEN project who have shared their data and expertise on the case studies.

Author details

¹Georges Lemaître Centre for Earth and Climate Research, Earth and Life Institute, University of Louvain, 3 place Pasteur, Louvain-la-Neuve, B-1348, Belgium. ²School of Earth Sciences and Woods Institute, Stanford University, 473 Via Ortega, Stanford, CA 94305-4216, USA. ³CIRAD, Animal et gestion intégrée des risques (Agirs), CIRAD, Montpellier, France. ⁴CIRAD, UMR Territoires, environnement, télédétection et information spatiale (TETIS), CIRAD, Montpellier, France. ⁵SAS Nevantropic, Cayenne, French Guiana, France. ⁶Spatial Ecology and Epidemiology Group, Department of Zoology, University of Oxford, Tinbergen Building, South Parks Road, Oxford, OX1 3PS, UK.

Authors' contributions

EFL designed and coordinated the synthesis study. AT, SV, CL, VS contributed to the synthesis study and analyzed the data for individual case studies. All authors wrote, read and approved the final manuscript.

Competing interests

The authors declare that they have no competing interests.

Received: 24 August 2010 Accepted: 27 October 2010
Published: 27 October 2010

References

1. Patz JA, Daszak P, Tabor GM, Aguirre AA, Pearl M, Epstein J, Wolfe ND, Kilpatrick AM, Foutopoulos J, Molyneux D, Bradley D: **Members of the Working Group on Land Use Change Disease Emergence. Unhealthy landscapes: policy recommendations on land use change and infectious disease emergence.** *Environmental Health Perspectives* 2004, **112**:1092-1098.
2. Ostfeld RS, Glass GE, Keesing F: **Spatial epidemiology: an emerging (or re-emerging) discipline.** *Trends in Ecology & Evolution* 2005, **20**(6):328-336.
3. May JM: **History, definition, and problems of medical geography: a general review.** *XVIIth International Geographical Congress, Washington. International Geographical Union* 1952, 1-9.
4. Pavlovsky EN: *Natural nidity of transmissible diseases in relation to the landscape epidemiology of zoonothronoses* Moscow: Peace Publishers; 1966.
5. McDonald G: *The epidemiology and control of malaria* London: Oxford University Press; 1957.
6. Rogers DJ: **The dynamics of vector-transmitted diseases in human communities.** *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences* 1988, **321**(1207):513-539.
7. Anderson RM, May RM: *Infectious diseases of humans: dynamics and control* Oxford University Press; 1991.
8. Ponçon N, Tran A, Toty C, Luty AJ, Fontenille D: **A quantitative risk assessment approach for mosquito-borne diseases: malaria re-emergence in southern France.** *Malar J* 2008, **7**:147.
9. Hartemink NA, Vanwambeke SO, Heesterbeek JAP, Rogers DJ, Morley D, Lambin EF, Pesson B, Davies C, Mahamdallie S, Ready P: **Modelling and mapping the basic reproduction number R_0 for canine leishmaniasis: a case study for a region in South West France.** In *Vector-borne diseases: the basic reproduction number R_0 and risk maps*. PhD Thesis. Edited by: Hartemink NA. University of Utrecht; 2009.
10. Ferguson NM, Donnelly CA, Anderson RM: **The foot-and-mouth epidemic in Great Britain: pattern of spread and impact of interventions.** *Science* 2001, **292**:1155-60.
11. Boender GJ, Hagenaars TJ, Bouma A, Nodelijk G, Elbers AR, De Jong MC, Van Boven M: **Risk maps for the spread of highly pathogenic avian influenza in poultry.** *PLoS Comput Biol* 2007, **3**:e71.
12. Curtis A, Mills JW, Blackburn JK: **2007. A spatial variant of the Basic Reproduction Number for the New Orleans yellow fever epidemic of 1878.** *The Professional Geographer* 2007, **59**:492-502.
13. Hartemink NA, Purse BV, Meiswinkel R, Brown HE, De Koeijer A, Elbers ARW, Boender GJ, Rogers DJ, Heesterbeek JAP: **Mapping the basic reproduction number (R_0) for vector-borne diseases: a case study on bluetongue virus.** *Epidemics* 2009, **1**:153-161.
14. Linard C, Ponçon N, Fontenille D, Lambin EF: **A multi-agent simulation to assess the risk of malaria re-emergence in southern France.** *Ecological Modelling* 2009, **220**(2):160-174.
15. Bousquet F, Barreteau O, Le Page C, Mullon C, Weber J: **An environmental modelling approach: The use of multi-agents simulations.** *Advances in environmental and ecological modelling* Paris: Elsevier; 1999, 113-122.
16. Hare M, Deadman P: **Further towards a taxonomy of agent-based simulation models in environmental management.** *Mathematics and Computers in Simulation* 2004, **64**:25-40.
17. Bousquet F, Le Page C: **Multi-agent simulations and ecosystem management: a review.** *Ecological Modelling* 2004, **176**:313-332.
18. Soti V, Tran A, Bailly JS, Puech C, Lo Seen D, Begue A: **Assessing optical Earth observation systems for mapping and monitoring temporary ponds in arid areas.** *International Journal of Applied Earth Observation and Geoinformation* 2009, **11**:344-351.
19. Soti V, Puech C, Lo Seen D, Bertran A, Vignolles C, Mondet B, Dessay N, Tran A: **The potential of remote sensing and hydrologic modelling to assess the spatio-temporal dynamics of ponds in the Ferlo region (Senegal).** *Hydrology and Earth System Sciences* 2010, **14**:4-16.
20. Chevalier V, Dupressoir A, Tran A, Diop OM, Gottland C, Diallo M, Etter E, Ndiaye M, Grosbois V, Dia M, Gaidet-Drapière N, Sall AA, Soti V, Niang M: **2010. Environmental risk factors of West Nile infection in the Senegal River basin.** *Epidemiology and Infection* 2010, **138**:1601-1609.
21. Vanwambeke SO, Šumilo D, Bormane A, Lambin EF, Randolph SE: **Landscape predictors of tick-borne encephalitis in Latvia: land cover,**

- land use, and land ownership. *Vector-borne and Zoonotic Diseases* 2010, **10**:497-506.
22. Maura J: *Application de la télédétection à très haute résolution spatiale à l'étude d'une maladie à transmission vectorielle: Mise en relation de variables paysagères et de l'incidence sérologique sur ovins pour l'identification de zones à risque de transmission de la Fièvre de la Vallée du Rift* Montpellier: CIRAD report; 2007.
 23. Tran A, Gaidet N, L'Ambert G, Balenghien T, Balanca G, Chevalier V, Soti V, Ivanec C, Etter E, Schaffner F, Baldet T, De La Rocque S: **The use of remote sensing for the ecological description of multi-host disease systems: a case study on West Nile virus in southern France.** *Veterinaria Italiana* 2007, **43**(3):687-697.
 24. Linard C, Tersago K, Leirs H, Lambin EF: **Environmental conditions and Puumala virus transmission in Belgium.** *International Journal of Health Geographics* 2007, **6**(55).
 25. Linard C, Lamarque P, Heyman P, Ducoffre G, Luyasu V, Tersago K, Vanwambeke SO, Lambin EF: **Determinants of the geographic distribution of Puumala virus and Lyme borreliosis infections in Belgium.** *International Journal of Health Geographics* 2007, **6**(15).
 26. Tran A, Ponçon N, Toty C, Linard C, Guis H, Ferre J-B, Lo Seen D, Roger F, De La Rocque S, Fontenille D, Baldet T: **Use of remote sensing to map larval and adult populations of *Anopheles hyrcanus* (Diptera: Culicidae) a potential malaria vector in Southern France.** *International Journal of Health Geographics* 2008, **7**(9).
 27. Linard C, Ponçon N, Fontenille D, Lambin EF: **Risk of malaria re-emergence in southern France: testing scenarios with a multi-agent simulation model.** *EcoHealth* 2009, **6**(1):135-147.
 28. Patz JA, Graczyk TK, Geller N, Vittor AY: **Effects of environmental change on emerging parasitic diseases.** *International Journal of Parasitology* 2000, **30**:1395-405.
 29. Norris D: **Mosquito-borne diseases as a consequence of land use change.** *EcoHealth* 2004, **1**:19-24.
 30. Boone JD, McGwire KC, Otteson EW, Debaca RS, Kuhn EA, Villard P, Brussard PF, St Jeor SC: **Remote Sensing and Geographic Information Systems: Charting Sin Nombre Virus Infections in Deer Mice.** *Emerging Infectious Diseases* 2000, **6**:248-258.
 31. Graham AJ, Danson FM, Giraudoux P, Craig PS: **Ecological epidemiology: landscape metrics and human alveolar echinococcosis.** *Acta Tropica* 2004, **91**:267-278.
 32. Pradier S, Leblond A, Durand B: **Biodiversity landscape metrics and West Nile virus circulation in southern France.** *Vector Borne and Zoonotic Diseases* 2008, **8**:253-263.
 33. Degroote JP, Sugumarar R, Brend SM, Tucker BJ, Bartholomay LC: **Landscape, demographic, entomological, and climatic associations with human disease incidence of West Nile virus in the state of Iowa, USA.** *Int J Health Geogr* 2008, **7**:19.
 34. Beck LR, Rodriguez MH, Dister SW, Rodriguez AD, Rejmankova E, Ulloa A, Meza RA, Roberts DR, Paris JF, Spanner MA, Washino RK, Hacker C, Legters LJ: **Remote Sensing as a landscape epidemiologic tool to identify villages at high risk for malaria transmission.** *Am J Trop Med Hyg* 1994, **51**:271-280.
 35. Rejmankova E, Roberts DR, Pawley A, Manguin S, Polanco J: **Predictions of adult anopheles albimanus densities in villages based on distances to remotely sensed larval habitats.** *Am J Trop Med Hyg* 1995, **53**:482-488.
 36. Roberts DR, Paris JF, Manguin S, Harbach RE, Woodruff R, Rejmankova E, Polanco J, Wullschlegler B, Legters LJ: **Predictions of malaria vector distribution in Belize based on multispectral satellite data.** *Am J Trop Med Hyg* 1996, **54**:304-308.
 37. Sharma VP, Dhiman RC, Ansari MA, Nagpal BN, Srivastava A, Manavalan P, ADIGA S, Radhakrishnan K, Chanrasekhar MG: **Study of the feasibility of delineating mosquito-genic conditions in and around Delhi using Indian Remote Sensing satellite data.** *Indian Journal of Malariology* 1996, **33**:107-125.
 38. Malone JB, Abdel-Rahman MS, El Bahy MM, Huh OK, Shafik M, Bavia M: **Geographic Information Systems and the distribution of *Schistosoma mansoni* in the Nile Delta.** *Parasitology Today* 1997, **13**:112-119.
 39. Eisen RJ, Eisen L, Lane RS: **Remote sensing (Normalized difference vegetation index) classification of risk versus minimal risk habitats for human exposure to *Ixodes pacificus* (Acari: Ixodidae) nymphs in Mendocino County, California.** *Journal of Medical Entomology* 2005, **42**:75-81.
 40. Minakawa N, Munga S, Atieli F, Mushinzimana E, Zhou GF, Githekp AK, Yan GY: **Spatial distribution of anopheline larval habitats in Western Kenya highlands: Effects of land cover types and topography.** *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 2005, **73**:157-165.
 41. Despommiers D, Ellis BR, Wilcox BA: **The role of ecotones in emerging infectious diseases.** *EcoHealth* 2006, **3**(4):281-289.
 42. Daniel M, Kolar J, Zeman P, Pavelka K, Sadlo J: **Predictive map of *Ixodes ricinus* high-incidence habitats and a tick-borne encephalitis risk assessment using satellite data.** *Experimental & Applied Acarology* 1998, **22**:417-433.
 43. Kantso B, Svendsen CB, Jensen PM, Vennestrom J, Krogfelt KA: **Seasonal and habitat variation in the prevalence of *Rickettsia helvetica* in *Ixodes ricinus* ticks from Denmark.** *Ticks and tick-borne diseases* 2010, **1**:101-103.
 44. Jackson LE, Hilborn ED, Thomas JC: **Towards landscape design guidelines for reducing Lyme disease risk.** *International Journal of Epidemiology* 2006, **35**:315-322.
 45. Horobik V, Keesing F, Ostfeld RS: **Abundance and *Borrelia burgdorferi*-infection prevalence of nymphal *Ixodes scapularis* ticks along forest-field edges.** *EcoHealth* 2006, **3**(4):262-268.
 46. Allan BF, Keesing F, Ostfeld RS: **Effect of forest fragmentation on Lyme disease risk.** *Conservation Biology* 2003, **17**(1):267-272.
 47. Raffy M, Tran A: **On the dynamics of flying insects populations controlled by large scale information.** *Theoretical Population Biology* 2005, **68**:91-104.
 48. Balenghien T: **De l'identification des vecteurs du virus West Nile à la modélisation du risque d'infection dans le sud de la France.** PhD Thesis University of Grenoble; 2006.
 49. Kozakiewicz M, Apeldoorn RV, Bergers P, Gortat T, Kozakiewicz A: **Landscape approach to bank vole ecology.** *Polish Journal of Ecology* 2000, **48**(suppl):149-161.
 50. Langlois JP, Fahrig L, Merriam G, Artsob H: **Landscape structure influences continental distribution of hantavirus in deer mice.** *Landscape Ecology* 2001, **16**:255-266.
 51. Guerrini L, Bord JP, Ducheyne E, Bouyer J: **Fragmentation analysis for prediction of suitable habitat for vectors: Example of riverine tsetse flies in Burkina Faso.** *Journal of medical entomology* 2008, **45**:1180-1186.
 52. Ezenwa VO, Godsey MS, King RJ, Guptill SC: **Avian diversity and West Nile virus: testing associations between biodiversity and infectious disease risk.** *Proceedings of the Royal Society B-Biological Sciences* 2006, **273**:109-117.
 53. Balenghien T, Vazeille M, Grandadam M, Schaffner F, Zeller H, Reiter P, Sabatier P, Fouque F, Bicot DJ: **Vector competence of some French *Culex* and *Aedes* mosquitoes for West Nile virus.** *Vector Borne and Zoonotic Diseases* 2008, **8**:589-595.
 54. Jourdain E, Schuffenecker I, Korimbocus J, Reynard S, Murri S, Kayser Y, Gauthier-Clerc M, Sabatier P, Zeller HG: **West Nile virus in wild resident birds, Southern France, 2004.** *Vector Borne Zoonotic Dis* 2007, **7**: 448-52.
 55. Swaddle JP, Calos SE: **Increased avian diversity is associated with lower incidence of human West Nile infection: observation of the dilution effect.** *PLoS One* 2008, **3**:e2488.
 56. Allan BF, Langerhans RB, Ryberg WA, Landesman WJ, Griffin NW, Katz RS, Oberle BJ, Schutzenhofer MR, Smyth KN, De St Maurice A, Clark L, Crooks KR, Hernandez DE, McLean RG, Ostfeld RS, Chase JM: **Ecological correlates of risk and incidence of West Nile virus in the United States.** *Oecologia* 2009, **158**:699-708.
 57. Kallio ER, Klingstrom J, Gustafsson E, Manni T, Vaeheri A, Henttonen H, Vapalahti O, Lundkvist A: **Prolonged survival of Puumala hantavirus outside the host: evidence for indirect transmission via the environment.** *Journal of General Virology* 2006, **87**(8):2127-2134.
 58. Sauvage F, Langlais M, Yoccoz NG, Pontier D: **Modelling hantavirus in fluctuating populations of bank voles: the role of indirect transmission on virus persistence.** *Journal of Animal Ecology* 2003, **72**:1-13.
 59. Randolph SE, Gern L, Nuttall PA: **Co-feeding ticks: epidemiological significance for tick-borne pathogen transmission.** *Parasitology Today* 1996, **12**:472-479.
 60. Randolph SE, Gern L: **Co-feeding transmission and its contribution to the perpetuation of the Lyme Disease Spirochete *Borrelia afzelii*.** *Emerging Infectious Diseases* 2003, **9**:893-894.
 61. Randolph SE, Šumilo D: **Tick-borne encephalitis in Europe: dynamics of changing risk.** In *Emerging pests and vector-borne diseases in Europe*. Edited by: Takken W, Knols BGJ. Wageningen: Wageningen Academic Publishers; 2007.

62. Hartemink NA, Randolph SE, Davis SA, Heesterbeek JAP: **The basic reproduction number for complex disease systems: Defining R_0 for tick-borne infections.** *The American Naturalist* 2008, **171**:743-754.
63. Markwell DD, Shortridge KF: **Possible waterborne transmission and maintenance of influenza viruses in domestic ducks.** *Applied and Environmental Microbiology* 1982, **43**:110-5.
64. Randolph SE, Andolph SE: **Tick-borne encephalitis incidence in Central and Eastern Europe: consequences of political transition.** *Microbes and Infections* 2008, **10**:209-216.
65. Randolph SE: **Tick-borne encephalitis virus, ticks and humans: short-term and long-term dynamics.** *Current Opinion in Infectious Diseases* 2008, **21**:462-467.
66. Lafferty KD: **The ecology of climate change and infectious diseases.** *Ecology* 2009, **90**:888-900.
67. Šumilo D, Asokliene L, Bormane A, Vasilenko V, Golovljova I, Randolph SE: **Climate change cannot explain the upsurge of tick-borne encephalitis in the Baltics.** *PLoS One* 2007, **2**:e500.
68. Tersago K, Verhagen R, Servais A, Heyman P, Ducoffre G, Leirs H: **Hantavirus disease (nephropathia epidemica) in Belgium: Effects of tree seed production and climate.** *Epidemiology and Infection* 2009, **137**:250-256.
69. Clement J, Vercauteren J, Verstraeten WW, Ducoffre G, Barrios JM, Vandamme A-M, Maes P, Van Ranst M: **Relating increasing hantavirus incidences to the changing climate: the mast connection.** *International Journal of Health Geographics* 2009, **8**:1.
70. Horwitz P, Wilcox BA: **Parasites, ecosystems and sustainability: an ecological and complex systems perspective.** *International Journal for Parasitology* 2005, **35**:725-732.
71. Linthicum KJ, Anyamba A, Tucker CJ, Kelley PW, Myers MF, Peters CJ: **Climate and satellite indicators to forecast Rift Valley fever epidemics in Kenya.** *Science* 1999, **285**:397-400.
72. Davies FG, Linthicum KJ, James AD: **Rainfall and epizootic Rift Valley fever.** *World Health Org Rep* 1985, **63**:941-943.
73. Pope KO, Sheffner EJ, Linthicum KJ, Bailey CL, Logan TM, Kasischke ES, Birney K, Njogu AR, Roberts CR: **Identification of Central Kenyan Rift Valley Virus vector habitats with Landsat TM and evaluation of their flooding status with airborne imaging radar.** *Remote Sensing of Environment* 1992, **40**:185-196.
74. Randolph SE, Asokliene L, Avsic-Zupanc T, Bormane A, Burri C, Gern L, Golovljova I, Hubalek Z, Knap N, Kondrusik M, Kupca A, Pejcoch M, Vasilenko V, Zygutiene M: **Variable spikes in tick-borne encephalitis incidence in 2006 independent of variable tick abundance but related to weather.** *Parasites & Vectors* 2008, **1**:44.
75. Šumilo D, Bormane A, Asokliene L, Vasilenko V, Golovljova I, Avsic-Zupanc T, Hubalek Z, Randolph SE: **Socio-economic factors in the differential upsurge of tick-borne encephalitis in Central and Eastern Europe.** *Reviews in Medical Virology* 2008, **18**:81-95.
76. Winters AM, Bolling BG, Beaty BJ, Blair CD, Eisen RJ, Meyer AM, Pape WJ, Moore CG, Eisen L: **Combining mosquito vector and human disease data for improved assessment of spatial West Nile virus disease risk.** *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 2008, **78**:654-665.
77. Rissman AR, Merenlender AM: **The conservation contributions of conservation easements: analysis of the San Francisco Bay Area protected land database.** *Ecology and Society* 2008, **13**:40.
78. Stjernberg L, Berglund J: **Tick prevention in a population living in highly endemic area.** *Scandinavian Journal of Public Health* 2005, **33**:432-438.
79. Van Bethem BHB, Vanwambeke SO, Khantikul N, Burghoorn-Maas C, Panart K, Oskam L, Lambin EF, Somboon P: **Spatial patterns of and risk factors for seropositivity fore dengue infection.** *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 2005, **72**:201-208.
80. Vanwambeke SO, Van Bethem BHB, Khantikul N, Burghoorn-Maas C, Panart K, Oskam L, Lambin EF, Somboon P: **Multi-level analyses of spatial and temporal determinants for dengue infection.** *International Journal of Health Geographics* 2006, **5**:5.

doi:10.1186/1476-072X-9-54

Cite this article as: Lambin *et al.*: Pathogenic landscapes: Interactions between land, people, disease vectors, and their animal hosts. *International Journal of Health Geographics* 2010 **9**:54.

Submit your next manuscript to BioMed Central and take full advantage of:

- Convenient online submission
- Thorough peer review
- No space constraints or color figure charges
- Immediate publication on acceptance
- Inclusion in PubMed, CAS, Scopus and Google Scholar
- Research which is freely available for redistribution

Submit your manuscript at
www.biomedcentral.com/submit



7.4 Use of high spatial resolution satellite imagery to characterize landscape at risk for bluetongue

Guis H., **Tran A.**, De La Rocque S., Baldet T., Gerbier G., Barragué B., Biteau-Coroller F., Roger F., Viel J.F., Mauny F. 2007. Use of high spatial resolution satellite imagery to characterize landscape at risk for bluetongue. *Veterinary research*, 38 : 669-683

Use of high spatial resolution satellite imagery to characterize landscapes at risk for bluetongue

Hélène GUI^{a,b,c}, Annelise TRAN^{b,c*}, Stéphane de LA ROCQUE^b, Thierry BALDET^b, Guillaume GERBIER^b, Bruno BARRAGUÉ^b, Fabienne BITEAU-COROLLER^b, François ROGER^b, Jean-François VIEL^a, Frédéric MAUNY^a

^a Department of Public Health, Biostatistics and Epidemiology Unit, Faculty of Medicine, St. Jacques University Medical Center, 2 place St. Jacques, 25030 Besançon Cedex, France

^b French Agricultural Research Center for International Development (CIRAD), Epidemiology and Ecology of Animal Diseases Unit, Baillarguet Campus, TA 30 B, 34398 Montpellier Cedex 5, France

^c Territories, Environment, Remote Sensing and Spatial Information Joint Research Unit (UMR TETIS), Maison de la Télédétection, 500 rue J.-F. Breton, 34093 Montpellier Cedex 5, France

(Received 18 October 2006; accepted 27 March 2007)

Abstract – The recent and rapid spread in the Mediterranean Basin of bluetongue, a viral disease of ruminants transmitted by some species of *Culicoides* (biting midges), highlights the necessity of determining the conditions of its emergence. This study uses high spatial resolution satellite imagery and methods from landscape ecology science to identify environmental parameters related to bluetongue occurrence in Corsica, a French Mediterranean island where the disease occurred for the first time in 2000. A set of environmental variables recorded in the neighborhood of 80 sheep farms were related to case occurrence through a logistic regression model computed within three subsequent buffer distances of 0.5, 1 and 2 km. The results reveal the role of landscape metrics, particularly those characterizing land-use units such as prairies and woodlands, as well as farm type, latitude and sunshine to explain the presence of bluetongue. Internal and external validation both indicate that the best results are obtained with the 1 km buffer size model (area under Receiver Operating Characteristic curve = 0.9 for internal validation and 0.81 for external validation). The results show that high spatial resolution remote sensing (i.e. 10 m pixels) and landscape ecology approaches contribute to improving the understanding of bluetongue epidemiology.

epidemiology / bluetongue / remote sensing / geographic information systems / landscape ecology

1. INTRODUCTION

Bluetongue (BT) is a vector-borne disease which affects ruminants, with high severity for sheep. BT is recorded in the list of diseases with mandatory notification to the World Organisation for Ani-

mal Health (Office International des Épi-zooties) because of its major consequences on animal health, economies and international trade¹. Bluetongue virus (BTV) is transmitted by some species of biting

* Corresponding author: annelise.tran@cirad.fr

¹ OIE, Diseases notifiable to the OIE [on line] (2004) http://www.oie.int/eng/maladies/en_classification.htm [consulted 16 October 2006].

midges of the *Culicoides* genus (Diptera: Ceratopogonidae). Until recently Europe was BT-free, although incursions did occur at intervals. Since 1998, in Europe, the circulation of six different BTV serotypes have caused the most severe outbreaks of BT on record [25]. In Western Europe, the first cases of BT were detected in August 2000 in the Italian island of Sardinia [12]. The virus was then rapidly detected in the nearby island of Sicily, the mainland of Italy, the French island of Corsica, and the Spanish islands of Menorca and Mallorca (October 2000) [25]. In the western part of the Mediterranean basin, climate changes could have contributed to this spread through the northward expansion of the main Afro-Asian BT vector, *Culicoides imicola* [39]. In Corsica, *C. imicola* was first detected in October 2000 [20] a few weeks before BT outbreaks occurred. An entomological surveillance network implemented from 2002 onwards has confirmed that this vector is now well established throughout the island [2]. BTV circulation has been detected every year since its introduction in 2000. More knowledge is needed to understand the conditions of BT emergence in Corsica, the first step being to better define the risk zones.

To identify the areas at risk for bluetongue, several models predicting BT vector distribution have been developed using climatic data [14, 50] and low spatial resolution remote sensing data [3–7, 38, 46]. Low spatial resolution satellite sensors can provide surrogates of meteorological data through specific channel values or the calculation of indices related to temperature, humidity and vegetation. These methods have been developed for different vector-borne diseases [8, 41, 42] and take benefit from the area-wide availability of the data and their repetitiveness over time. The accuracy of these predictions on the presence/absence or abundance of *C. imicola* is variable (from $R^2 = 0.53$ [3, 4] to $\kappa = 0.91$ [46]): understandably,

they are more accurate in the regions from which entomological training data sets come from. Predictions from the only model taking into account Corsican entomological data are in good agreement with the observed vector distribution at the low spatial resolution of the study². Nevertheless, to reveal local contrasts in distribution patterns of BT, additional fine scale analyses are necessary [37].

High spatial resolution approaches can both take benefit from knowledge on vector and disease ecology and landscape biometrics [19], and help acquire additional knowledge on vector ecology when only limited field information is available, as is still the case for *C. imicola*. Using such approaches, the environmental landscapes favorable or unfavorable to vectors and to the diseases they carry can be identified. To characterize these landscapes, a wide variety of metrics referring to complementary aspects of vector or host ecology are available. These metrics quantify the composition of the mosaic (patch type, abundance, diversity, etc.) or its structure (shape, edge, neighbors, etc.). Applications of landscape ecology include different diseases such as trypanosomiasis [10, 18] and Lyme disease [22, 27, 28, 40]. Such applications to vectors and vector-borne diseases have been reviewed by Kitron [29].

The aim of this study was to characterize favorable landscapes for BT occurrence in southern Corsica. We test the hypothesis that BT outbreaks in southern Corsica are not distributed randomly but can be explained by landscape elements detected at fine spatial remote sensing resolutions and by farm characteristics. To identify potential landscape risk factors, the environment surrounding BT-free and

² Roger F.L., Emergence of bluetongue disease in the mediterranean basin: Modelling locations at risk for potential vectors (*Culicoides* spp.) using Satellite Imagery, MSc, University of London, 2002.

BT-infected sheep farms is described using a high spatial resolution SPOT (Satellite pour l'Observation de la Terre) image and a digital elevation model (DEM). The satellite image of southern Corsica was classified to obtain a land cover map that was used in a landscape analysis to characterize the spatial structure of the mosaic of vegetation patches. Statistical models of BT occurrence were created and their accuracy was assessed.

2. MATERIALS AND METHODS

2.1. Localization of farms and disease outbreaks

The study was restricted to the farms under the charge of one of the governmental veterinary assistants of southern Corsica. With his help, the farms under his responsibility were georeferenced in a Geographical Information System (GIS) using ESRI ArcGis™ (Redlands, CA, USA), their official identification number recorded and species bred listed. Amongst these livestock farms, only those including sheep holdings were selected ($n = 80$, referred to as *sheep farms*). Two types of farming systems were recorded in the sheep farms: one with only sheep holdings (referred to as *monospecific sheep farms*), and the second with sheep and other livestock (cattle and/or goats, referred to as *mixed farms*). The official declaration of BT occurrence by French veterinary services was based on detection of BTV by RT-PCR in clinically suspected sheep by the national reference laboratory. BT infected farms were defined as farms in which at least one BT outbreak (whatever the serotype) had been officially declared between 2000 and 2003 ($n = 46$). All other sheep farms for which no BT outbreaks had been officially declared were considered BT-free ($n = 34$).

2.2. Remote sensing derived environmental data

To characterize the environment in the neighborhood of the 80 sheep farms, buffer zones were defined around each farm. The active flight range of *C. imicola* was not precisely described, but referring to other *Culicoides* species [30], it should range between a few hundred meters and a few kilometers. Therefore, three sizes of buffer zones were tested: 0.5, 1 and 2 km in radius. Since knowledge on the bio-ecology of *C. imicola* is limited, a wide range of environmental data, derived from a DEM and from a high spatial resolution SPOT satellite image, were tested.

2.2.1. Environmental data derived from the DEM

The DEM of Corsica was provided by the IGN (Institut Géographique National); its pixel size is 50 m. Five variables were extracted from the DEM, namely altitude (mean in the buffer), slope (mean in the buffer), a sunshine index (mean and standard deviation in the buffer), and aspect (modal class). The sunshine index was calculated according to the sun's position on the 30th of June 2001 at 16 h GMT (ENVI® software, ITT, CO, USA). This index varied between 0 and 1 and can be considered as an indicator of temperature and humidity. The aspect was measured clockwise in degrees with $0 = 360^\circ$ facing north and 180° facing south. It was classified in three equal classes: one with a southern exposure facing Sardinia ($130\text{--}250^\circ$), and two others facing north-east ($10\text{--}130^\circ$) and north-west ($250\text{--}10^\circ$), to test if areas facing Sardinia (the closest infected area) could be more at risk than the others. Finally, hydrographical data were used to quantify the length of the rivers flowing through the buffer zones.

2.2.2. Environmental data derived from the SPOT image

Data on vegetation coverage were extracted from a SPOT 4 satellite image (pixel of 10 m) acquired on the 6th of June 2001. SPOT 4 images include 4 channels in the green, red, near infrared (NIR) and middle infrared (MIR) portions of the spectrum.

2.2.2.1. NDVI

The NDVI, a standardized vegetation index [49], was calculated for this image. Minimum, maximum, mean, and standard deviation values in the buffer were extracted. The image was also used to produce a land-cover classification.

2.2.2.2. Land-cover map

A land-cover map was obtained by carrying out a supervised object-oriented classification (eCognitionTM software, Definiens-imaging, Munich, Germany). In object-oriented approaches, the image is first segmented into homogeneous polygons, so-called objects. A supervised classification then allocates the objects to pre-defined land-cover classes in three key stages [16]. The first stage was the acquisition and characterization of training sites; more than 180 sites of known land cover, identified in the field with a GPS (Global Positioning System) receiver, are geolocated on the satellite image and the features of the respective objects were used as a training set. At the second stage, a standard nearest neighbor classification algorithm was used to allocate each object, according to its features, to the most similar land-cover class. In this way, a thematic classification was produced. A major advantage of classifying objects rather than pixels is the fact that features such as topology (i.e. relations to the neighboring objects), shape, texture, and a wider range of statistics on spectral signatures can be used to characterize the

objects [9]. In all, 49 features were used to classify the image. During the last stage, the accuracy of the obtained classification was evaluated using a new set of training data, i.e. ground-truth data, coming from more than 210 sites. In a confusion matrix, the allocated land-cover class of the new set of objects is compared to the observed land-cover class.

2.2.2.3. Landscape metrics

A landscape analysis was conducted on the land-cover map to characterize its spatial structure. In this study, being the first in the field to link landscape metrics and *Culicoides*, a wide range of landscape metrics were chosen, including area-density-edge, diversity, isolation-proximity and connectivity. Using the Fragstats freeware³, metrics were calculated at two levels: one for each land-cover class found in a buffer (class-level metrics) and the other for the whole landscape, i.e. for the entire buffer regardless of the class (buffer-level metrics). The description of the selected metrics is provided in Table I.

2.3. Statistical analysis

2.3.1. Univariate analysis

As a first step, a descriptive analysis (including a Pearson correlation matrix) was performed for all the variables. The quantitative variables were tested both as quantitative and, after coding in classes, as qualitative variables. They were kept as quantitative variables whenever possible, and were coded in terciles (or in presence/absence if more relevant) when necessary to accommodate for non-monotonic

³McGarigal K., Cushman S.A., Neel M.C., Ene E., FRAGSTATS: Spatial Pattern Analysis Program for Categorical Maps, version 3.3, University of Massachusetts, Amherst, USA, [on line] 2002 www.umass.edu/landeco/research/fragstats/fragstats.html [consulted 16 October 2006].

Table I. Landscape metrics extracted from Fragstats.

Descriptor	Name (<i>Metric level;</i> <i>Pattern component</i>)	Definition
PD	Patch Density (<i>Buffer-level; Area-density-edge</i>)	Number of patches in the buffer (of all patch types), divided by the buffer area, and then converted to 100 hectares.
LSI	Landscape Shape Index (<i>Buffer-level; Area-density-edge</i>)	Total length of edge divided by the minimum length of class edge possible for a maximally aggregated class (achieved when the class is maximally clumped into a single, compact patch).
ENN_MN	Mean Euclidian Nearest Neighbour Distance (<i>Buffer-level; Isolation-proximity</i>)	Mean distance (m) to the nearest neighboring patch (regardless of the patch type).
CONNECT	Connectance index (<i>Buffer-level; Connectivity</i>)	Number of joinings between all patches of the same type within a 50 meter range (user-defined threshold), divided by the total number of possible joinings between all patches of the same type (whatever the range), and then converted to a percentage.
PRD	Patch Richness Density (<i>Buffer-level; Diversity</i>)	Number of different patch types present within the buffer divided by buffer area, and then converted to 100 hectares.
SIDI	Simpson's Diversity Index (<i>Buffer-level; Diversity</i>)	SIDI equals 1 minus the sum, across all patch types, of the proportional abundance of each patch type squared. It represents the probability that any 2 pixels selected at random would be different patch types.
PLAND_X*	Percentage of Landscape covered by patches of class X (<i>Class-level; Area-density-edge</i>)	PLAND equals the sum of the areas (m ²) of all patches of the corresponding patch type, divided by total landscape area (m ²) and then converted to a percentage.
NP_X*	Number of patches of class X (<i>Class-level; Area-density-edge</i>)	Number of patches of each of the 9 types of land-cover classes.
LSI_X*	Landscape shape index of class X (<i>Class-level; Area-density-edge</i>)	LSI calculated for each of the 9 types of land-cover classes.

* X represents each of the 9 types of land-cover classes.

and nonlinear responses (e.g. little risk associated with both small and high values of the variable, and high risk associated with a mean value of the variable). Mann-Whitney, Pearson chi-square or Fisher exact tests [1] were used to test associations between BT status and environmental data. Significant variables in preliminary univariate screening analysis at a 0.15 *p*-value for at least one size of buffer were then

tested in a multivariate analysis with a logistic regression stepwise procedure.

2.3.2. Multivariate analysis

One of the main purposes of multivariate logistic regression is to examine the role of explanatory variables, having adjusted for other variables [17]. Much

caution was taken to examine the effects of correlations on variable selection at all steps of the process. The variables were first gathered in five thematic groups (topography, land-use units, buffer-level landscape metrics, class-level number of patches and class-level landscape shape indexes). Variables of each theme that were significant in the multivariate analysis with a 0.10 p -value were next tested with the significant variables of the other themes. The entire process was repeated for each buffer size, thus producing one logistic model for each buffer size (Systat® software, SSI, CA, USA).

2.3.3. Autocorrelation

In spatial data sets, observations that are close in space tend to be more similar than observations that are far apart, i.e. data are spatially correlated. Underlying logistic regression techniques are the two basic assumptions that the residuals of the model are independently and identically distributed. If the data are spatially correlated and the predictor variables do not take this autocorrelation into account, the residuals of the model will be spatially autocorrelated, and the statistical link between the predictor variables and the predicted variable may be over-estimated [48]. A Monte Carlo test based on the variogram was used to check for evidence of spatial correlation of residuals⁴. This test consists in comparing the observed variogram with variogram “envelopes” computed by simulating permutations of the data values

⁴Ribeiro P.J. Jr., Christensen O.F., Diggle P.J., geoR and geoRglm: Software for Model-Based Geostatistics. Proceedings of the 3rd International Workshop on Distributed Statistical Computing (DSC 2003), March 20–22, Vienna, Austria, [online] 2003 <http://www.ci.tuwien.ac.at> in Conferences - DSC-2003 – Proceedings [consulted 9 January 2007].

across locations. This test was carried out with the R freeware⁵ (geoR and geoRglm packages).

2.4. Internal accuracy assessment

The models were first validated internally, i.e. on the same data set of 80 farms of southern Corsica. The predictive accuracy of the models was assessed using the ROC (Receiver Operating Characteristic) curve method [32, 36]. The area under curve (AUC) of the ROC curve, its 95% confidence interval and the sensitivity and specificity (cut-off point 0.5) of the models were calculated to evaluate the quality of the models. The greater the AUC, the more discriminating the model is and the closer the predictions are to the observed data.

2.5. External accuracy assessment

The models were validated externally, i.e. on new environmental and epidemiological data sets. A SPOT image of the Ajaccio region (Corsica, France), situated north of the first study area, was classified using the same methods and land-cover classes. The variables selected in the models were extracted and the risk probability was calculated and compared to the official disease status of sheep farms located in the Ajaccio region. When more than 25% of the buffer zone surrounding a farm fell outside the satellite image, the farm was excluded, thus the number of farms included varied from 130 farms with the 2 km buffer to 151 farms with the 0.5 km buffer. Similar to the internal validation, external validation relied on the AUC of the ROC curve.

⁵R Development Core Team, R: a language and environment for statistical computing, version 2.3.1, R Foundation for statistical computing, Vienna, Austria, [on line] 2005 <http://www.r-project.org/> [consulted 16 October 2006].

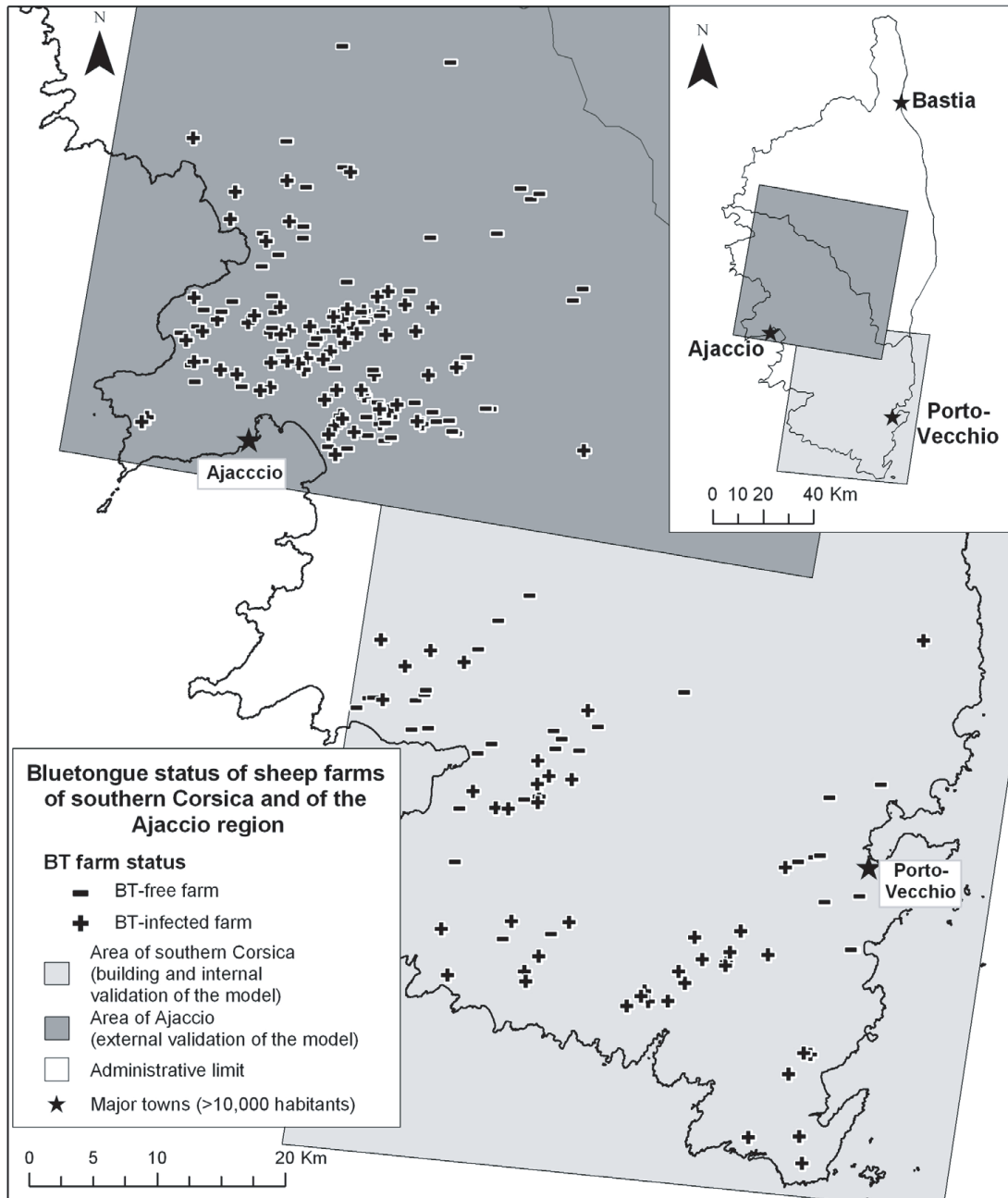


Figure 1. Bluetongue status of sheep farms of southern Corsica and of the Ajaccio region.

3. RESULTS

3.1. Farm characteristics

The locations of the BT-infected ($n = 46$) and BT-free ($n = 34$) farms are presented in Figure 1. The absence of

farms in the central part of the island is due to a high mountain range (1400 m above sea level), with all farms being located under 800 m. Seven farms were monospecific sheep farms and 73 were mixed farms.

Table II. Variables selected in the BT models for the three sizes of buffers.

Variables* classes	Models					
	0.5 km buffer		1 km buffer		2 km buffer	
	OR	(90% CI)	OR	(90% CI)	OR	(90% CI)
Farm type						
Monospecific sheep farm	1		1		1	
Mixed farm	57.83	(3.97–842.76)	133.29	(10.74–1653.83)	37.16	(4.93–280.08)
Latitude (km)	0.88	(0.83–0.94)	–		0.86	(0.81–0.92)
Mean sunshine	–		1E-4	(3E-8–0.56)	2E-6	(4E-11–0.08)
Patch richness density						
Low values (T1)	1		–		–	
Medium values (T2)	4.86	(1.54–15.33)	–		–	
High values (T3)	0.81	(0.21–3.09)	–		–	
Low shrublands						
Absence	–		1		–	
Presence	–		5.2	(1.43–18.92)	–	
LSI of impervious surface	–		1.53	(1.05–2.22)	–	
LSI of open prairies						
Low values (T1)	–		1		–	
Medium values (T2)	–		0.13	(0.03–0.66)	–	
High values (T3)	–		1.31	(0.28–6.20)	–	
LSI of woodlands						
Low values (T1)	–		1		–	
Medium values (T2)	–		12.18	(2.27–65.35)	–	
High values (T3)	–		10.07	(1.98–51.07)	–	
Nb of patches of open prairies	–		–		1.24	(1.10–1.40)

Intercept: 513.06 for the 0.5 km buffer, –3.37 for the 1 km buffer and 612.86 for the 2 km buffer.

* Variables selected with $p < 0.1$. Variables were kept as continuous variables unless it was more relevant to recode them in terciles (T) or to dichotomize (presence/absence) them.

OR: odds ratio; CI: confidence interval.

3.2. Land-cover maps

Nine land-cover classes were defined, namely low shrublands, woodlands (including forests and *maquis*, a typical Mediterranean association of dense shrubs and trees), pine trees, open prairies, prairies with tree cover, cultivated land, marshes, impervious surface and water. The confusion matrixes revealed that the overall accuracies of the classifications were fair (71%) for southern Corsica and very good (90%) for the Ajaccio region.

3.3. Selected variables in the models

The variables included in each of the three buffer-specific models as well as their contribution are detailed in Table II. All three models include landscape metrics, three environmental variables are common to at least two models and six others are included in only one model.

– The three models include the type of farm as a predictive variable. The high odds ratio values and large confidence intervals reflect the sampling imbalance of

Table III. Internal and external evaluation of the BT models for the three sizes of buffers.

Model evaluation	0.5 km buffer	1 km buffer	2 km buffer
Internal Validation ($n = 80$)			
AUC ROC curve (95% CI)	0.85 (0.77–0.93)	0.90 (0.83–0.97)	0.88 (0.81–0.96)
Sensitivity (cut-off: 0.5)	87%	85%	87%
Specificity (cut-off: 0.5)	62%	85%	68%
External Validation			
Number of farms	151	134	130
AUC ROC curve (95% CI)	0.73 (0.65–0.81)	0.81 (0.74–0.88)	0.77 (0.69–0.85)

CI: confidence interval; n : number of farms.

BT infection in monospecific sheep farms (1 out of 7, 14%) and in mixed farms (45/73, 62%).

– Latitude and mean sunshine are selected in two models, the southernmost farms or those with the least sunshine being at higher risk.

– The 1 km buffer size model includes the landscape shape index (LSI) of 3 land-cover classes (impervious surfaces, open prairies and woodlands). The LSI is related to the length of the edges.

– Finally, other metrics such as the patch richness density, the presence of low shrublands and the number of patches of open prairies are selected in the 0.5, 1 and 2 km buffer size models respectively.

– High LSI (important length of edges) and high numbers of patches of open prairies are both associated with higher risk in the 1 and 2 km buffer size models, respectively.

– Neither isolation-proximity nor connectivity metrics was selected by the models.

3.4. Validation results

The results of the internal and external validation are presented in Table III. The three models have a good ($0.80 < \text{AUC} < 0.9$) or a high ($\text{AUC} > 0.9$)

accuracy (1 km buffer size model). The 1 km buffer size model has the best compromise between sensitivity and specificity (85% in both cases), while the other two models have slightly better values of sensitivity (87%) but far worse values of specificity (62 and 68%).

The 1 km buffer size model was also the best model when tested with a new data set (external validation) since it has a good accuracy (AUC of the ROC curve = 0.81) whereas the 0.5 and 2 km buffer size models have a fair accuracy ($0.7 < \text{AUC} < 0.8$).

Figure 2 shows the distribution of BT-infected and BT-free farms as predicted by the 1 km buffer size model for southern Corsica. True positives ($n = 39$) and true negatives ($n = 29$) are farms whose status was correctly predicted (BT-infected and BT-free respectively). False positives ($n = 5$) are farms which are BT-free but were predicted BT-infected and false negatives ($n = 7$) are farms which are BT-infected but were predicted BT-free.

The residuals of the 1 km buffer size model were not spatially autocorrelated, reflecting the fact that the spatial interactions (if any) had already been taken into account in the model. The map (Fig. 2) shows that the farms that were wrongly predicted as infected (false positives) or disease-free (false negatives) do not cluster in particular areas of southern Corsica.

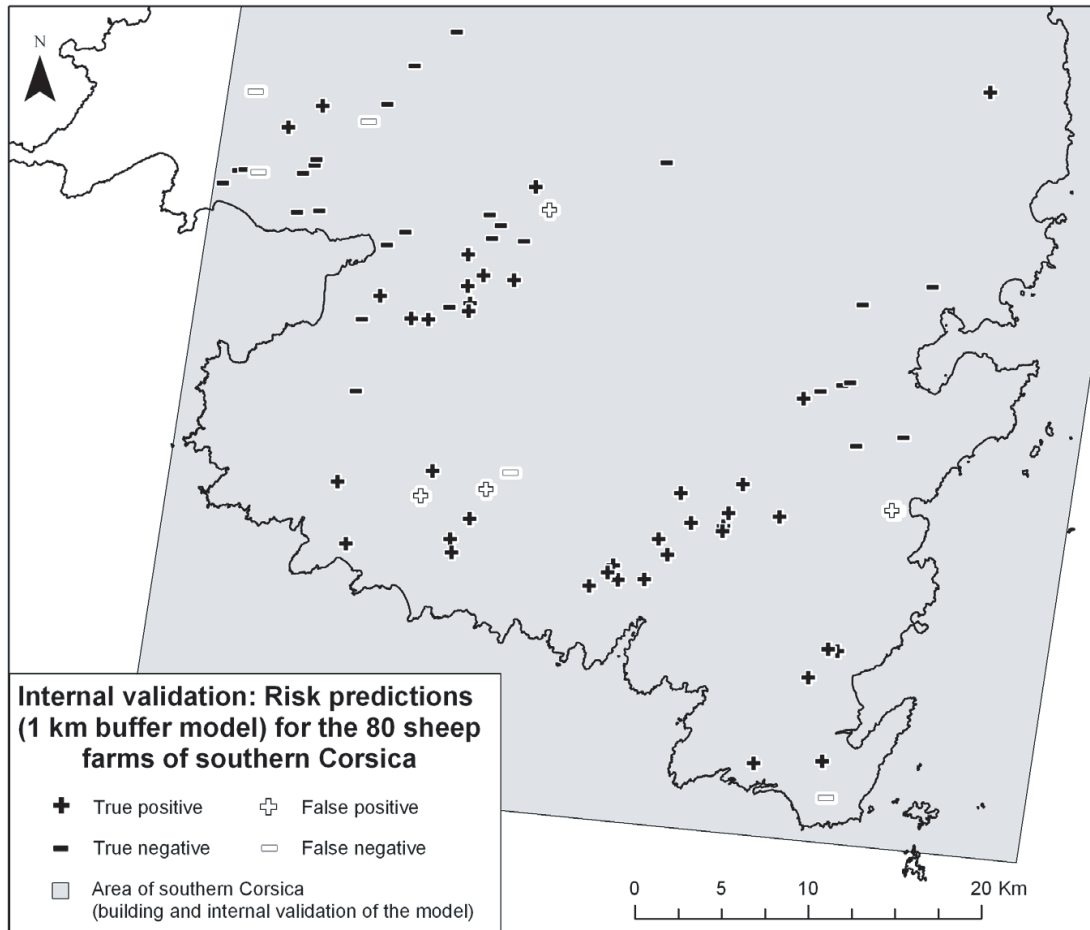


Figure 2. Internal validation: Risk predictions (1 km buffer model) for the 80 sheep farms of southern Corsica.

4. DISCUSSION

4.1. Landscape metrics

Our results suggest that landscape components may be important in defining favorable environments for BT since there are significant statistical associations between landscape metrics and BT risk, regardless of the buffer scale considered. With a few exceptions [22, 26], in most landscape ecology studies one type of metrics, namely the percentage of land surface, is explored since it is the simplest metric and can easily be extracted from GIS software (such as the Spatial Analyst extension of ArcView, for example).

Although Fragstats is a free and simple software, more complex landscape metrics (such as LSI, PRD, connectance, etc.) are still rarely used even if they have proven to be very useful in characterizing subtle ecological aspects of transmission, as in the case of Lyme disease [22]. This study shows that landscape approaches can also be useful when little is known about the vector's ecology.

4.2. Buffer scales

Three sizes of buffer zones were tested since active flight range of *C. imicola* is not precisely known. The results show that

different variables are selected according to the buffer scale chosen, although these variations may be in part amplified by the small number of farms included. Since environmental factors seem to have an influence at the 3 buffer scales chosen, testing a wider range of buffer scales would be necessary to determine within what range of buffer sizes there is an influence of the neighbouring environment on BT risk. Since the 1 km buffer size model appeared to be the most discriminating, we chose to focus the discussion on the significant ($p < 0.1$) variables of this model.

4.3. Reservoir species

The results show that whatever the buffer scale considered, mixed farms seem to be more at risk than monospecific sheep farms (where only sheep are bred). Some authors have suggested that cattle may be more attractive to *Culicoides* than sheep and thus may serve to protect sheep from infection by drawing the insects to themselves [21, 31]. Our results seem to indicate the opposite, although, as previously stated, because of the imbalance between mixed and monospecific sheep farm groups, the results should be interpreted with much caution. If these results are confirmed, one hypothesis may be that cattle and goats, known reservoirs of BT virus [21, 31], may have a more important role as reservoirs rather than just as feeding hosts in the epidemiology of the disease.

4.4. Low shrublands and latitude: a source-point effect

Latitude was a key variable selected in the 0.5 and 2 km buffer size models. While not selected in the 1 km buffer size model, latitude may be indirectly present since the correlated low shrublands unit (correlation coefficient: -0.6) that is preferentially distributed in the southernmost part

of Corsica, is selected in the model. This importance of latitude probably reflects a distance to a disease source-point, i.e. the distance to Sardinia. Since introduction of ruminants from BT-infected areas like Sardinia was prohibited two months before first Corsican outbreaks, the risk of incoming viremic animals can be considered minor [24]. This finding supports the hypothesis that there are regular invasions of infected midges from Sardinia to Corsica. Indeed, the French and Italian BT-surveillance networks have shown that the first outbreaks due to BTV2 in 2000 and BTV4 in 2003 in Corsica were preceded by outbreaks of the same serotype in Sardinia⁶ [23]. Since *Culicoides* can be passively transported by winds over hundreds of kilometers [11, 44, 45], the 12 km of sea between Corsica and Sardinia could have been easily crossed. Furthermore, weather conditions and wind patterns were shown to be favorable for transportation of BTV4 infected midges in 2003 [24].

4.5. Sunshine and lack of humidity

Mean sunshine was negatively associated with BT risk. This may seem rather surprising since *C. imicola* is a tropical midge whose northern limit in cooler European regions is linked to temperature [39]. Since sunshine was estimated for a summer afternoon, the minimal temperatures required for *C. imicola* are surpassed (the mean monthly temperature in June in southern Corsica is 19 °C). One hypothesis could be that the limiting factor is the lack of humidity rather than temperature.

⁶ Gerbier G., Baldet T., Cêtre-Sossah C., et al., Emergence of Bluetongue in France 2000-2004, in: SciQuest (Ed.), Proc. 11th ISVEE, Cairns, Australia, [on line] (2006) <http://www.sciquest.org.nz/default.asp?pageid=69&pub=10&vol=11> [consulted 16 October 2006].

4.6. The importance of edge metrics

High values of lengths of edges (LSI) of woodlands, open prairies and impervious surfaces are associated with high BT risk. This shows that it may be more important to consider the fragmentation of the environment rather than the percentage of surface covered by a land-cover class. It is interesting to note that the percentage of surface and the LSI are not always positively correlated and may even be negatively correlated, as in the case of woodlands. Edges and borders may be important for disease transmission by several means such as by providing meeting points between hosts and vectors, or by providing landscapes where essential elements of a habitat are closely intricate.

The results suggest that fragmented landscapes containing woodlands and prairies are linked with BT risk. More thorough knowledge on the life history traits of *C. imicola* is necessary to determine whether edges of woodlands are important because they offer resting sites for *C. imicola*, or whether landscapes containing large compact surfaces of woodlands with small lengths of edges characterize farms which are more isolated, with big patches of woodlands acting like a barrier for *C. imicola*. These results show that until then, the links with environmental characteristics must be explored with caution, using simple metrics, assessing their robustness in different study areas and must be completed with complementary entomological field studies.

4.7. Combining high and low spatial resolution approaches

This study shows that the scope of satellite imagery to model vector-borne diseases is very wide; at low spatial and high temporal resolutions, climatic surrogates can be extracted [3–7, 38, 46], and at finer spatial resolutions, landscape approaches

can help untangle the interplay between vector-borne diseases and their environment and support entomological and epidemiological field studies. While the use of local scale approaches is still limited, it will hopefully be promoted in the future, taking benefit of the increasing development of sensors. The aims of both approaches are then different but highly complementary; a key issue now is to establish a link between the two and combine them to describe both climatic and landscape conditions of occurrence of diseases.

4.8. Conclusion

An innovative ecological high spatial resolution approach was carried out to model the occurrence of BT in southern Corsica. Since little is known on the ecology of *C. imicola*, many precautions were taken; several sizes of neighborhoods were tested, the best model being chosen according to internal and external validation criteria. The results highlight the importance of landscape features (especially edge metrics), farm types, and reveal the ‘source point effect’ of Sardinia. The method presented here is relatively flexible, and new environmental characteristics (such as pedological information [15]) can easily be taken into account if necessary. Before these results can be used to help identify future hotspots outside Corsica which could aid the management of the disease, it is necessary to locally adapt the model to take into consideration prevailing ecological and environmental conditions, especially if different *Culicoides* species are involved, as in southern [13, 43], eastern [35] and recent outbreaks of northern Europe [47]. Such an approach will be adapted to the Var, a French region where *C. imicola* is present but not the virus, to help focus the trapping sites of the entomological surveillance system in the areas where BT risk is the greatest.

As a first approach, the models presented here were based on easily accessible epidemiological data, i.e. official BT outbreaks. Since disease-based models suffer from several limitations (a major one being a looser link with environmental conditions), a similar analysis (same spatial resolution, buffer scales, variables and study area) will be developed using entomological data coming from an extensive *Culicoides* trapping campaign. This will help to determine whether models based on more costly and labor intensive *Culicoides* collections [33, 34] outperform disease-based models.

ACKNOWLEDGEMENTS

The authors would like to thank the French Veterinary Services of southern Corsica (DDSV 2A), especially G. Bousquet and J. Parodi, for their collaboration during data collection. They would also like to thank D. Pleydell for his help with R software and V. Soti for her help with the field work. The authors thank the reviewers for their very constructive comments on the manuscript. The SPOT image was obtained with financial support of the ISIS (Incitation à l'utilisation scientifique d'images SPOT) program of the CNES (Centre National d'Etudes Spatiales). This work was funded by a grant ACI "écologie quantitative" from the French Ministry of Research. H. Guis received a doctoral fellowship from the University of Franche-Comté and the French Ministry of Research.

REFERENCES

- [1] Armitage P., Colton T., Encyclopedia of biostatistics, John Wiley and Sons, New-York, USA, 1998.
- [2] Baldet T., Delécolle J.-C., Mathieu B., De La Rocque S., Roger F., Entomological surveillance of bluetongue in France in 2002, Vet. Ital. (2004) 40(3):226–231.
- [3] Baylis M., Bouayoune H., Touti J., El Hasnaoui H., Use of climatic data and satellite imagery to model the abundance of *Culicoides imicola*, the vector of African horse sickness virus, in Morocco, Med. Vet. Entomol. (1998) 12:255–266.
- [4] Baylis M., Rawlings P., Modelling the distribution and abundance of *Culicoides imicola* in Morocco and Iberia using climatic data and satellite imagery, Arch. Virol. Suppl. (1998) 14:137–153.
- [5] Baylis M., Meiswinkel R., Venter G.J., A preliminary attempt to use climate data and satellite imagery to model the abundance and distribution of *Culicoides imicola* (Diptera: Ceratopogonidae) in southern Africa, J. S. Afr. Vet. Assoc. (1999) 70:80–89.
- [6] Baylis M., Mellor P.S., Wittmann E.J., Rogers D.J., Prediction of areas around the Mediterranean at risk of bluetongue by modelling the distributions of its vector using satellite imaging, Vet. Rec. (2001) 149:639–643 (erratum Vet. Rec. (2002) 150:404).
- [7] Baylis M., O'Connell L., Purse B.V., Modelling the distribution of bluetongue vectors, Vet. Ital. (2004) 40(3):176–181.
- [8] Beck L.R., Lobitz B.M., Wood B.L., Remote sensing and human health: new sensors and new opportunities, Emerg. Infect. Dis. (2000) 6:217–227.
- [9] Benz U.C., Hofmann P., Willhauck G., Lingenfelder I., Heynen M., Multi-resolution, object-oriented fuzzy analysis of remote sensing data for GIS-ready information, ISPRS J. Photogramm. (2004) 58:239–258.
- [10] Bouyer J., Guerrini L., Desquesnes M., de la Rocque S., Cuisance D., Mapping African Animal Trypanosomosis risk from the sky, Vet. Res. (2006) 37:633–645.
- [11] Braverman Y., Chechik F., Air streams and the introduction of animal diseases borne on *Culicoides* (Diptera, Ceratopogonidae) into Israel, Rev. Sci. Tech. (1996) 15:1037–1052.
- [12] Calistri P., Giovannini A., Conte A., Nannini D., Santucci U., Patta C., Rolesu S., Caporale V., Bluetongue in Italy: Part I, Vet. Ital. (2004) 40(3):243–251.
- [13] Caracappa S., Torina A., Guercio A., Vitale F., Calabro A., Purpari G., Ferrantelli V., Vitale M., Mellor P.S., Identification of a novel bluetongue virus vector species of *Culicoides* in Sicily, Vet. Rec. (2003) 153:71–74.
- [14] Conte A., Giovannini A., Savini L., Goffredo M., Calistri P., Meiswinkel R., The effect of

- climate on the presence of *Culicoides imicola* in Italy, *J. Vet. Med. B Infect. Dis. Vet. Public Health* (2003) 50:139–147.
- [15] Conte A., Ippooliti C., Calistri P., Pelini S., Savini L., Salini R., Goffredo M., Meiswinkel R., Towards the identification of potential infectious sites for bluetongue in Italy: a spatial analysis approach based on the distribution of *Culicoides imicola*, *Vet. Ital.* (2004) 40(3):311–315.
- [16] Curran P.J., Atkinson P.M., Foody G.M., Milton E.J., Linking remote sensing, land cover and disease, *Adv. Parasitol.* (2000) 47:37–80.
- [17] Darlington G.A., Collinearity, in: Armitage P., Colton T. (Eds.), *Encyclopedia of biostatistics*, John Wiley and Sons, New-York, USA, 1998, pp. 788–789.
- [18] De La Rocque S., Augusseau X., Guillobez S., Michel V., De Wispelaere G., Bauer B., Cuisance D., The changing distribution of two riverine tsetse flies over 15 years in an increasingly cultivated area of Burkina Faso, *Bull. Entomol. Res.* (2001) 91:157–166.
- [19] De La Rocque S., Michel V., Plazanet D., Pin R., Remote sensing and epidemiology: examples of applications for two vector-borne diseases, *Comp. Immunol. Microbiol. Infect. Dis.* (2004) 27:331–341.
- [20] Delécolle J.-C., de La Rocque S., Contribution à l'étude des *Culicoides* de Corse. Liste des espèces recensées en 2000/2001 et redescription du principal vecteur de la fièvre catarrhale ovine : *C. imicola* Kieffer, 1913 (Diptera, Ceratopogonidae), *Bull. Soc. Entomol. Fr.* (2002) 107:371–379.
- [21] Du Toit R.M., The role played by bovines in the transmission of bluetongue in sheep, *J. S. Afr. Vet. Med. Assoc.* (1962) 33:483–490.
- [22] Estrada-Pena A., Understanding the relationships between landscape connectivity and abundance of *Ixodes ricinus* ticks, *Exp. Appl. Acarol.* (2002) 28:239–248.
- [23] Gerbier G., Parodi J., Biteau-Coroller F., Baldet T., Mathieu B., Zientara S., Cêtre-Sossah C., Roger F., Surveillance de la fièvre catarrhale ovine (bluetongue) en France et dans l'ouest méditerranéen : bilan et perspectives, *Epidemiol. et Santé Anim.* (2006) 37–44.
- [24] Gerbier G., Biteau-Coroller F., Grillet C., Parodi J., Zientara S., Baldet T., Guis H., Roger F., A description of the outbreak of Bluetongue (BTV 4) in Corsica in 2003: lessons for surveillance, *Vet. Rec.* (2007) (in press).
- [25] Gomez-Tejedor C., Brief overview of the bluetongue situation in Mediterranean Europe, 1998–2004, *Vet. Ital.* (2004) 40(3):57–60.
- [26] Graham A.J., Danson F.M., Giraudoux P., Craig P.S., Ecological epidemiology: landscape metrics and human alveolar echinococcosis, *Acta Trop.* (2004) 91:267–278.
- [27] Guerra M., Walker E., Jones C., Paskewitz S., Cortinas M.R., Stancil A., Beck L., Bobo M., Kitron U., Predicting the risk of Lyme disease: habitat suitability for *Ixodes scapularis* in the north central United States, *Emerg. Infect. Dis.* (2002) 8:289–297.
- [28] Jackson L.E., Hilborn E.D., Thomas J.C., Towards landscape design guidelines for reducing Lyme disease risk, *Int. J. Epidemiol.* (2006) 35:315–322.
- [29] Kitron U., Landscape ecology and epidemiology of vector-borne diseases: tools for spatial analysis, *J. Med. Entomol.* (1998) 35:435–445.
- [30] Lillie T.H., Marquard W.C., Jones R.H., The flight range of *Culicoides variipennis* (Diptera: Ceratopogonidae), *Can. Entomol.* (1981) 133:419–426.
- [31] Luedke A.J., Anakwenze E.I., Bluetongue virus in goats, *Am. J. Vet. Res.* (1972) 33:1739–1745.
- [32] McNeil B.J., Keller E., Adelstein S.J., Primer on certain elements of medical decision making, *N. Engl. J. Med.* (1975) 293:211–215.
- [33] Meiswinkel R., Gomulski L.M., Delécolle J.-C., Goffredo M., Gasperi G., The taxonomy of *Culicoides* vector complexes – unfinished business, *Vet. Ital.* (2004) 40(3):151–159.
- [34] Mellor P.S., Boorman J., Baylis M., *Culicoides* biting midges: their role as arbovirus vectors, *Annu. Rev. Entomol.* (2000) 45:307–340.
- [35] Panagiotatos D.E., Regional overview of bluetongue viruses, vectors, surveillance and unique features in Eastern Europe between 1998 and 2003, *Vet. Ital.* (2004) 40(3):61–72.
- [36] Park S.H., Goo J.M., Jo C.H., Receiver operating characteristic (ROC) curve: practical review for radiologists, *Korean J. Radiol.* (2004) 5:11–18.

- [37] Pili E., Ciucce S., Culurgioni J., Figus V., Pinna G., Marchi A., Distribution and abundance of bluetongue vectors in Sardinia: comparison of field data with prediction maps, *J. Vet. Med. B Infect. Dis. Vet. Public Health* (2006) 53:312-316.
- [38] Purse B.V., Tatem A.J., Caracappa S., Rogers D.J., Mellor P.S., Baylis M., Torina A., Modelling the distributions of *Culicoides* bluetongue virus vectors in Sicily in relation to satellite-derived climate variables, *Med. Vet. Entomol.* (2004) 18:90-101.
- [39] Purse B.V., Mellor P.S., Rogers D.J., Samuel A.R., Mertens P.P., Baylis M., Climate change and the recent emergence of bluetongue in Europe, *Nat. Rev. Microbiol.* (2005) 3:171-181.
- [40] Rizzoli A., Merler S., Furlanello C., Genchi C., Geographical information systems and bootstrap aggregation (bagging) of tree-based classifiers for Lyme disease risk prediction in Trentino, Italian Alps, *J. Med. Entomol.* (2002) 39:485-492.
- [41] Rogers D.J., Randolph S.E., Snow R.W., Hay S.I., Satellite imagery in the study and forecast of malaria, *Nature* (2002) 415:710-715.
- [42] Rogers D.J., Randolph S.E., Studying the global distribution of infectious diseases using GIS and RS, *Nat. Rev. Microbiol.* (2003) 1:231-237.
- [43] Savini G., Goffredo M., Monaco F., Di Gennaro A., de Santis P., Meiswinkel R., Caporale V., The isolation of bluetongue virus from field populations of the *Obsoletus* Complex in central Italy, *Vet. Ital.* (2004) 40(3):286-291.
- [44] Sellers R.F., Pedgley D.E., Tucker M.R., Possible windborne spread of bluetongue to Portugal, June-July 1956, *J. Hyg. (Lond)* (1978) 81:189-196.
- [45] Sellers R.F., Gibbs E.P., Herniman K.A., Pedgley D.E., Tucker M.R., Possible origin of the bluetongue epidemic in Cyprus, August 1977, *J. Hyg. (Lond)* (1979) 83:547-555.
- [46] Tatem A.J., Baylis M., Mellor P.S., Purse B.V., Capela R., Pena I., Rogers D.J., Prediction of bluetongue vector distribution in Europe and north Africa using satellite imagery, *Vet. Microbiol.* (2003) 97:13-29.
- [47] Thiry E., Saegerman C., Guyot H., Kirten P., Losson B., Rollin F., Bodmer M., Czapliski G., Toussaint J.F., De Clercq K., Dochy J.M., Dufey J., Gillemann J.L., Messeman K., Bluetongue in northern Europe, *Vet. Rec.* (2006) 159:327.
- [48] Thomson M.C., Connor S.J., Environmental information systems for the control of arthropod vectors of disease, *Med. Vet. Entomol.* (2000) 14:227-244.
- [49] Tucker C.J., Red and Photographic Infrared Linear Combinations for Monitoring Vegetation, *Remote Sens. Environ.* (1979) 8:127-150.
- [50] Wittmann E.J., Mellor P.S., Baylis M., Using climate data to map the potential distribution of *Culicoides imicola* (Diptera: Ceratopogonidae) in Europe, *Rev. Sci. Tech.* (2001) 20:731-740.

7.5 Mapping disease incidence in suburban areas using remotely sensed data

Tran A., Gardon J., Weber S., Polidori L. 2002. Mapping disease incidence in suburban areas using remotely sensed data. *American Journal of Epidemiology* 156 (7) : 662-668.



PRACTICE OF EPIDEMIOLOGY

Mapping Disease Incidence in Suburban Areas using Remotely Sensed Data

Annelise Tran^{1,2}, Jacques Gardon¹, Sacha Weber², and Laurent Polidori²

¹ Laboratoire d'Epidémiologie, Institut Pasteur de la Guyane, Cayenne, French Guiana.

² Laboratoire Régional de Télédétection, Institut de Recherche pour le Développement Guyane, Cayenne, French Guiana.

Received for publication September 5, 2001; accepted for publication May 24, 2002.

A method using remotely sensed data was developed to map the incidence of Q fever in the vicinity of Cayenne, French Guiana. A satellite image was processed to map land cover and generate a population density index, which was used to determine areas of high disease incidence during the 1996–2000 period. A comparison with results obtained using population census data showed strong concordance between the two incidence maps. All high-incidence areas identified using population census data were also detected using remotely sensed data. This demonstrates the potential of remote sensing as a new tool for rapid mapping of disease incidence in epidemiologic surveys.

disease outbreaks; incidence; maps; population density; Q fever; remote sensing

Abbreviations: HRV, high resolution visible; HRVIR, high resolution visible and infrared; IRIS, Ilots Regroupés pour l'Information Statistique; SPOT, Satellite Pour l'Observation de la Terre.

Spatial epidemiology aims at analyzing the spatial distribution of disease data to identify risk populations and possible causal factors (1). The first requirement of epidemiologic surveys is to estimate disease incidence in order to concentrate the investigation on high-incidence areas, determine risk factors, and take preventive measures.

During an outbreak investigation, incidence rate estimation requires a census of the risk population. In many cases, notably in the field of infectious diseases, that amounts to estimation of the number of people who live in the target area. However, population census data are often expensive and difficult to obtain quickly. In some cases, particularly in developing countries, such data are obsolete or nonexistent.

Because it provides information on land cover, which is often linked to population densities, remote sensing could offer potential for epidemiologists as a new, rapid, and relatively cheap tool with which to compute and map incidence. In the health domain, various remote sensing data at different resolutions have been used to study the temporal and spatial distributions of disease or arthropod vectors. In most studies, parameters are derived from the images and their relation

with epidemiologic or entomologic field data is exploited to map disease risk or vector density (2–4). They are mostly natural environmental parameters, such as type of vegetation (5, 6), vegetation index (7, 8), sea (9, 10) and land (11, 12) surface temperatures, or amount of water (13–15). Nevertheless, remote sensing could also be used to calculate social, urban, or demographic parameters relevant to epidemiologic studies.

The use of remote sensing for demographic studies allows urban growth monitoring, in qualitative and quantitative terms, at low cost and with regular updating. It is based on the relation between population and urban morphology (16–18). For quantitative surveys, homogeneous areas are identified by interpretation of remotely sensed images and then linked with population densities (19–22). Nevertheless, the use of satellite data for precise demographic surveys encounters serious difficulties linked with the complexity of urban morphology (23–25).

The purpose of the present study was to evaluate the efficiency of remote sensing data for the characterization of high-incidence areas. We used data from a recently

Reprint requests to Annelise Tran, Laboratoire Régional de Télédétection, Institut de Recherche pour le Développement Guyane, Route de Montabo, BP 165, 97 323 Cayenne, French Guiana (e-mail: tran@cayenne.ird.fr).

described investigation of a Q fever outbreak in Cayenne, French Guiana, and its suburbs (26). In the target area, the incidence rate was computed alternatively with census data used as the denominator and with the estimation of population density obtained using multispectral data from the Satellite Pour l'Observation de la Terre (SPOT).

The study was conducted in French Guiana, where Q fever, a zoonosis caused by the bacterium *Coxiella burnetii*, has been producing an epidemic since 1996. People become infected mainly by inhaling aerosols generated during parturition of contaminated animals. In French Guiana, which is located in the Amazonian forest complex between Brazil and Suriname, the incidence of Q fever has increased significantly since 1996 (26, 27). However, the behavior of this original epidemic significantly differs from the usual case. On the one hand, this epidemic occurred in the main urban area of the country, whereas Q fever is mostly considered a rural disease in the literature. On the other hand, the reservoir responsible for transmission has not been identified, but many facts strengthen the hypothesis of there being a wild reservoir, whereas it is usually constituted by domestic ungulates.

MATERIALS AND METHODS

Population

The study area encompasses the city of Cayenne and its surroundings, representing 80,000 inhabitants. Located between the Atlantic Ocean and the Amazon rainforest, it includes housing areas surrounded by wooded hills and coastal wetlands. People mainly live in individual houses and small buildings. Over the past 5 years (1996–2000), 140 cases of Q fever have been reported in Cayenne and its suburbs, and 112 of these patients have been accurately located via global positioning system at their address. The first glimpse of the spatial distribution of the case patients, without taking into account population density, shows a relative homogeneity of the spatial distribution. Cases were present in the town center as well as in the suburbs (figure 1). The objective of the incidence mapping was clarification of this interpretation.

Landscape map generation

We used a SPOT XS (XS: multispectral mode) image (SPOT-4, August 19, 1999) to identify and map the landscape elements within the study area. A second SPOT XS image (SPOT-2, November 17, 1991) was processed in the same way in order to fill in missing data caused by cloud cover in the 1999 image (13.7 percent). Indeed, the use of optical sensors like the high resolution visible (HRV) sensor is often limited by cloud cover, particularly in equatorial areas. Both images were geometrically processed to be compatible with the global positioning system data.

The HRV-XS sensor onboard SPOT satellites measures the intensity of solar radiation reflected by objects on the Earth in three wavelengths: green, red, and near infrared. The high resolution visible and infrared (HRVIR) sensor from SPOT-4 provides an additional measurement in the middle infrared range. The pixel (or picture element) size,

corresponding to the smallest area for which the sensor can record data, is 20 m × 20 m.

Because of the existing link between the characteristics of an object and its spectral properties, spectral information given by multispectral sensors allows researchers to differentiate between objects having different spectral responses, and in some cases to characterize or identify them. The process used to discriminate and map different types of land cover, called image classification, is based on the spectral properties of the landscape: Pixels with similar spectral responses are merged into the same class. In order to generate a land cover map of Cayenne, we used a supervised classification, which requires field knowledge to define the different classes. Unsupervised classification is a more automatic process but is less meaningful and therefore less adapted to our study.

The 11 landscape elements identified were dense urban areas, suburban areas, mangrove areas, dense secondary forest, sparse secondary forest, swamp, sand, bare soil, roads, free water, and a miscellaneous nonlandscape class (clouds, cloud shadows). The classification was performed on the four channels of the 1999 SPOT image using a Bayesian process called maximum likelihood classification (Imagine software; ERDAS, Atlanta, Georgia) (28, 29). The 1991 SPOT image was processed in the same way on areas corresponding to the nonlandscape class (13.7 percent of the 1999 image). Although results of the two classifications are not rigorously comparable (different spectral inputs, different dates), we considered it better to use a second image rather than suffer from a total lack of data. We did not compute radiometric and atmospheric corrections, which are not required for a supervised classification process.

Calculation of a population density index

Because the classification allows discrimination between urban areas (including dense urban areas, suburban areas,

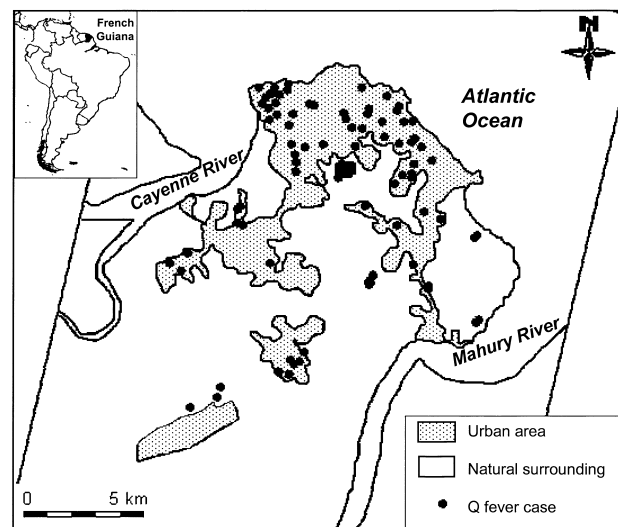


FIGURE 1. Cases of Q fever in Cayenne, French Guiana, 1996–2000.

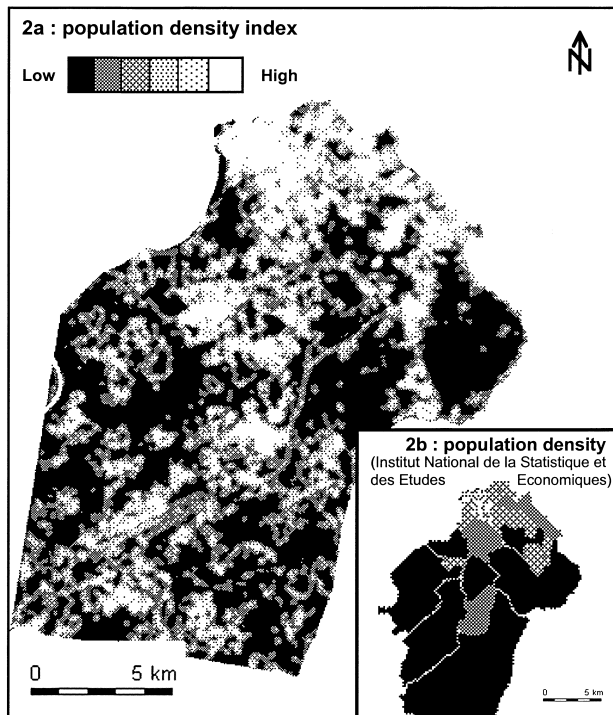


FIGURE 2. Population density in Cayenne, French Guiana, according to a population density index (part *a*) and population census data from the Institut National de la Statistique et des Etudes Economiques (part *b*). Lighter areas are areas with a higher density of urban elements (buildings, roads, etc.). Darker areas are areas with a lower density of urban elements.

bare soil, and roads) and natural areas (mangrove, dense and sparse secondary forest, swamp, sand, and free water), we merged the different landscape elements into these two classes. Then, assuming that population density is related to the presence of urban elements like buildings, roads, houses, etc., we empirically computed a population density index for each pixel (corresponding to a 20- × 20-m area). This index is defined as the number of neighboring pixels belonging to the urban class, within 200 m of the central pixel boundary (figure 2, part *a*). Using a binary image, where urban pixels take the value 1 and all others take the value 0, this can be done by convolving the binary image with a 20- × 20-pixel circular low pass filter (Imagine software).

Calculation of the disease incidence index

We first calculated in the same way the case density, equal for each pixel to the number of neighboring pixels where a Q fever case had been located, within 200 m of the central pixel boundary. We then computed the ratio between the two values (number of cases through the population density index) for each pixel. Finally, we interpolated the resulting values taken for each disease case, in order to map disease incidence (figure 3). We computed a 200-m regular grid by means of the kriging technique (Surfer software; Golden Software, Inc., Golden, Colorado) (30). Kriging is a

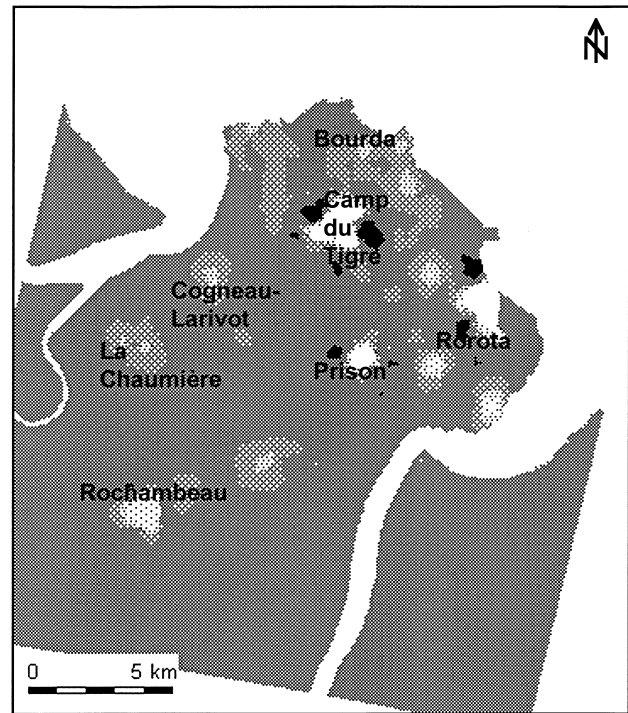


FIGURE 3. Map of Q fever incidence in Cayenne, French Guiana (disease incidence index map), obtained using satellite data from 1999 and 1991. Lighter areas are areas of higher incidence, and darker areas are areas of lower incidence.

geostatistical interpolation method that takes into account the trends expressed in the spatial data. It is based on the exploitation of a variogram model, which allows one to describe a variable's spatial behavior (31).

Several filter sizes have been tested, and 200 m has been identified as the most adapted size for computing a disease incidence index. Indeed, a 200-m neighborhood permits characterization of the incidence distribution at a district level, which is more suitable, in the case of our epidemiologic study, than a smaller size (house level) or a bigger size (city level).

Population census data

We used 1999 population census data from the French National Institute of Statistics and Economic Studies (Institut National de la Statistique et des Etudes Economiques) to estimate the validity of our population estimation. Cayenne and its suburbs are divided into 35 districts called statistical block groups (Ilots Regroupés pour l'Information Statistique (IRIS)), with a mean surface area of 6.2 km² (32). For each one, the average population density is known (figure 2, part *b*).

We computed the incidence value for each IRIS district by dividing the number of cases in the district by the number of inhabitants. We obtained an accurate incidence map with a low spatial resolution corresponding to the IRIS district size. To compare maps with the same spatial resolution, we inter-

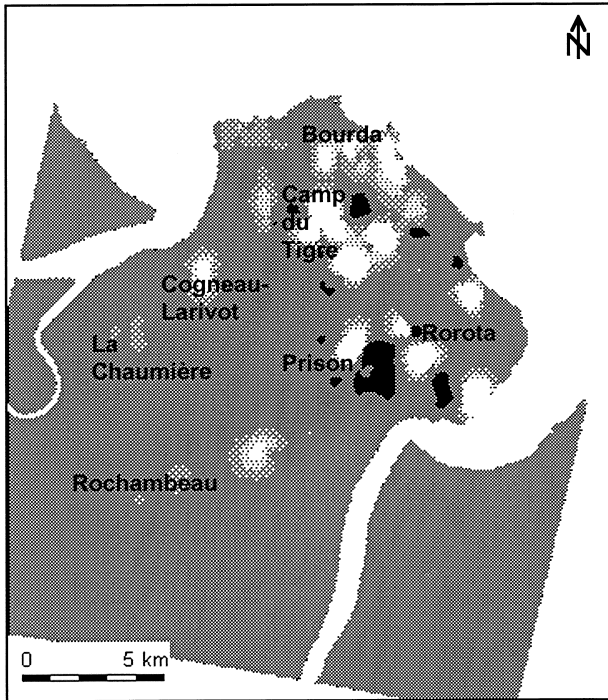


FIGURE 4. Map of Q fever incidence in Cayenne, French Guiana, obtained using 1999 population census data from the Institut National de la Statistique et des Etudes Economiques. Lighter areas are areas of higher incidence, and darker areas are areas of lower incidence.

polated the incidence values taken for each Q fever case to resample the disease incidence map with a 200-m pixel (figure 4).

Validation

Population densities and disease incidence rates obtained using population census data were compared with those obtained using satellite data. Because the observation scales are different (mean population census district surface = 6.2 km²; SPOT XS pixel size = 20 m), comparing the results is not easy. Maps obtained using population census data are more accurate but have a lower spatial resolution. On the other hand, maps obtained using satellite data offer a higher spatial resolution but less accurate values.

We visually compared the maps in terms of information content (qualitative validation). We then computed the average population density index for each IRIS district and compared it with the population density value generated by the census (quantitative validation).

RESULTS

Qualitative evaluation

There was strong concordance between the low- and high-density areas in the two population density maps (figure 2). Because of its higher spatial resolution, the map derived from the satellite image showed the heterogeneity within

each IRIS district, as well as details such as roads and isolated groups of houses or buildings. Nevertheless, the trends observed in the population census map were the same as those observed in the population density index map.

The disease incidence map derived from the population census data (figure 4) highlighted several areas with high Q fever incidence rates (Camp du Tigre, Rorota, Bourda, Prison, Rochambeau, La Chaumière, and Cogneau-Larivot), all located on the outskirts of Cayenne. Visual control showed that the incidence map obtained using satellite imagery (figure 3) was very similar to the map obtained using population census data (figure 4). The same incidence spots were observed, though not with the same intensity.

Two examples illustrate two main sources of difference. The first example concerns additional spots: Two additional peaks were observed in the population census incidence map near the Camp du Tigre peak (figure 4). The second example concerns intensity differences: Some spots, such as the Cogneau-Larivot area, appear with a much lower intensity in the incidence index map than in the real incidence map. These differences are due to the low spatial resolution of the census data (example 1) and to the reduced accuracy of the population density index calculation (example 2).

In spite of these differences, our incidence index map is relevant for epidemiologic study as long as absolute incidence values are not needed. Indeed, epidemiologic surveys using this map would be concentrated on the same strong incidence areas as surveys using the real incidence map obtained with population census data.

Quantitative evaluation

We used logarithmic transformation in order to reduce the saturation of our population density index for high population densities. It is then correlated with the real density given by the population census with a high correlation coefficient ($r = 0.91$; $p < 10^{-5}$). These results demonstrate the efficiency of our method for obtaining a rough estimate of population density (figure 5).

DISCUSSION

When population density is taken into account, the apparent homogeneity of the distribution of Q fever cases over the Cayenne region in fact hides a strong heterogeneity in disease incidence. This confirms the relevance of reporting the locations of case patients and merging this information with demographic data. Results show that satellite multispectral data can provide a relevant population density index with which to map the incidence distribution. Although it does not predict an accurate absolute value of disease incidence, it provides a correct relative precision and above all a high spatial resolution.

The comparison between our incidence index map and the incidence map obtained using population census data confirms the efficiency of remote sensing techniques in identifying areas of high disease incidence, in the same way that classical population census demographic data should do. In that way, estimation of the population distribution with satellite imagery can be used to compensate for a lack of popula-

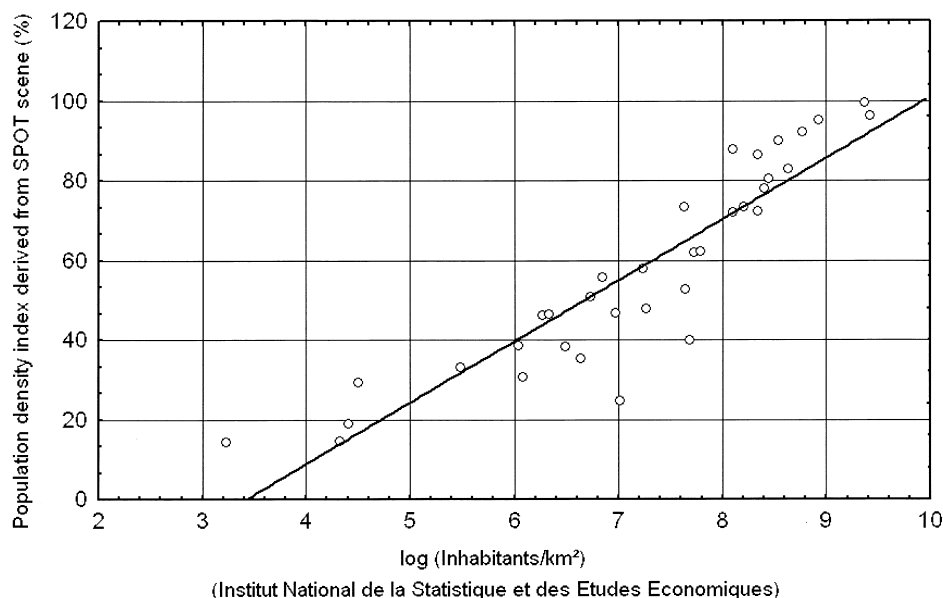


FIGURE 5. Bidimensional representation of the population density index created using multispectral data from the Satellite Pour l'Observation de la Terre (SPOT) versus the logarithm of real population density in Cayenne, French Guiana (population census data). The circles show the population density index values derived from the SPOT data, and the solid line is the regression line.

tion census data; moreover, it presents many advantages: It is rapid, relatively cheap, and computationally easy, and it provides a visual product simplifying analysis and interpretation of the results.

The higher spatial resolution of satellite data limits errors in the detection of incidence spots. For example, the two additional spots detected using the population census data (example 1) are clearly artifacts due to the too-important size of the IRIS districts. Indeed, in the district that included these two spots, all points are supposed to have the same incidence value, which is equal, in that case, to the high incidence value of Camp du Tigre.

Limitations of our method must be pointed out, however. On the one hand, it does not provide an accurate value for disease incidence, only an index linked to this value. Consequently, it is suitable for epidemiologic surveys that need a qualitative analysis of the incidence distribution rather than a quantification of the extent of the epidemic. Indeed, computation of population density using satellite data encounters the same difficulties as those involved in demographic applications of remote sensing: The complexity of urban morphology and of the link existing between population and land use, depending on sociocultural parameters, limits an accurate estimation of population density using satellite data with moderate spatial resolution. On the other hand, the population density index presents several inaccuracies linked with its definition. We have shown that it becomes saturated for dense urban areas. Indeed, the index cannot increase as soon as the 200-m neighborhood is full of buildings, while the population density can still increase.

Moreover, the index calculation is the same for areas with low and high population densities, although the relation between population and building density is very different.

Schematically, in areas of low population density, one house corresponds to one family, whereas in high-density areas like town centers, one roof corresponds to one building housing several families. Depending on the district, our index should be adjusted for a more accurate population estimation.

In the same way, the difference between residential and nonresidential buildings is not taken into account in the index calculation. Example 2 shows that although the district of Cogneau-Larivot is detected in the two maps as a strong incidence spot, the spot intensity is much lower in the incidence index map than in the map derived from the population census. It can be explained by the presence of industrial plants in that district: Our population density index indicates a high population density because the number of buildings is important. This contributes to an increase in the population density estimation and therefore to a reduction in the incidence rate.

Such limitations could be overcome using additional information such as selective field surveys, previous population census data, etc. This information would improve investigators' knowledge of the existing relation between population and urban landscape characteristics and therefore the index calculation. Moreover, since the use of a SPOT image permits discrimination between different urban classes (dense urban, suburban), index accuracy could also be improved by using more than one urban class in the calculation.

Perspectives

Remote sensing could provide additional information on habitat. Different types of districts could be distinguished (city centers, residential districts, spontaneous settlements, buildings, individual houses with gardens), and habitat could

be described in both environmental and social terms. All of this information is relevant for epidemiologic surveys. Indeed, more so than a population density index, remote sensing could provide epidemiologists with a descriptive analysis of the population affected by the disease for further studies.

In the epidemiologic survey of Q fever conducted in French Guiana, many results led to the hypothesis that the reservoir of the bacterium was a wild animal (26). In such conditions, the priority was to identify trapping areas for reservoir identification and habitat characterization. This was allowed by our study.

Application of the method to other sites and other diseases

We implemented a population density index in the particular case of a survey on Q fever in French Guiana (26); it was adapted for a region-scale survey at a study site with a particular urban morphology. In another context, particularities of the disease and the region—such as study scale, required accuracy, environmental conditions, location of cases, and local sociocultural practices—would have to be taken into consideration. Most of the parameters used in our study, like the sensor characteristics, the number of images, and the size of the surface used in calculation of the population density index, were determined on the basis of knowledge from field and disease epidemiology. Further study is needed to determine how they should be adapted for other sites and diseases.

Conclusion

Our results demonstrate that remote sensing can be used as a new tool for rapid mapping of disease incidence in an epidemiologic survey. We were able to identify the areas with high incidence rates, and we validated our approach using population census data.

Locally, this incidence map will aid in further research on the risk factors for Q fever and the reservoir of the bacterium responsible for Q fever in Cayenne. More generally, the method described in this paper could be applied to other diseases in other areas, provided that demographic data could be estimated through a land cover study.

ACKNOWLEDGMENTS

This research was funded by the Contrat de Plan Etat-Région Guyane and the Secrétariat d'Etat à l'Outre-Mer.

The authors thank M. Guillemet from the Institut National de la Statistique et des Etudes Economiques for discussion and data and the Programme National d'Environnement Côtier for the 1999 SPOT image.

REFERENCES

- Haining R. Spatial statistics and the analysis of health data. In: *Am J Epidemiol* 2002;156:662–668
- Gatrell AC, Löytönen M, eds. GIS and health: GISDATA 6. Washington, DC: Taylor and Francis, Inc, 1998:29–47.
- Curran PJ, Atkinson PM, Foody GM, et al. Linking remote sensing, land cover and disease. *Adv Parasitol* 2000;47:37–80.
- Thomson MC, Connor SJ. Environmental information systems for the control of arthropod vectors of disease. *Med Vet Entomol* 2000;14:227–44.
- Hay SI, Packer MJ, Rogers DJ. The impact of RS on the study and control of invertebrate intermediate hosts and vectors for disease. *Int J Remote Sensing* 1997;18:2899–930.
- Beck LR, Rodriguez MH, Dister SW, et al. Remote sensing as a landscape epidemiologic tool to identify villages at high risk for malaria transmission. *Am J Trop Med Hyg* 1994;51:271–80.
- Daniel M, Kolar J, Zeman P, et al. Predictive map of *Ixodes ricinus* high-incidence habitats and a tick-borne encephalitis risk assessment using satellite data. *Exp Appl Acarol* 1998;22:417–33.
- Hay SI, Snow RW, Rogers DJ. Predicting malaria seasons in Kenya using multitemporal meteorological satellite sensor data. *Trans R Soc Trop Med Hyg* 1998;92:12–20.
- Rogers DJ, Hay SI, Packer MJ. Predicting the distribution of tsetse flies in West Africa using temporal Fourier processed meteorological satellite data. *Ann Trop Med Parasitol* 1996;90:225–41.
- Linthicum KJ, Anyamba A, Tucker CJ, et al. Climate and satellite indicators to forecast RVF epidemics in Kenya. *Science* 1999;285:397–400.
- Lobitz B, Beck L, Huq B, et al. Climate and infectious disease: use of remote sensing for detection of *Vibrio cholerae* by indirect measurement. *Proc Natl Acad Sci U S A* 2000;97:1438–43.
- Malone JB, Huh OK, Fehler DP, et al. Temperature data from satellite imagery and the distribution of schistosomiasis in Egypt. *Am J Trop Med Hyg* 1994;51:714–22.
- Estrada-Peña A. Geostatistics and remote sensing using NOAA-AVHRR satellite imagery as predictive tools in tick distribution and habitat suitability estimations for *Boophilus microplus* (Acari: Ixodae) in South America. *Vet Parasitol* 1999;81:73–82.
- Roberts DR, Paris JF, Manguin S, et al. Predictions of malaria vector distribution in Belize based on multispectral satellite data. *Am J Trop Med Hyg* 1996;54:304–8.
- Rejmankova E, Roberts DR, Pawley A, et al. Predictions of adult *Anopheles albimanus* densities in villages based on distances to remotely sensed larval habitats. *Am J Trop Med Hyg* 1995;53:482–8.
- Pope KO, Sheffner EJ, Linthicum KJ, et al. Identification of central Kenyan Rift Valley fever virus vector habitats with Landsat TM and evaluation of their flooding status with airborne imaging radar. *Remote Sensing Environ* 1992;40:185–96.
- Olorunfemi JF. Land use and population: a linking model. *Photogrammetric Engineering Remote Sensing* 1984;50:221–7.
- Chen S, Zeng S, Xie C. Remote sensing and GIS for urban growth analysis in China. *Photogrammetric Engineering Remote Sensing* 2000;66:593–8.
- Armand-Fargues M. Le suivi de l'urbanisation par PIAO à partir d'images de SPOT (aire métropolitaine de Santiago du Chili). *Bull SFPT* 1996;142:5–14.
- Adeniyi PO. An aerial photographic method for estimating urban population. *Photogrammetric Engineering Remote Sensing* 1983;49:545–60.
- Watkins JF, Morrow HA. Small area population estimates using aerial photography. *Photogrammetric Engineering Remote Sensing* 1985;51:1933–5.
- Baudot Y, Wilmet J. Quantification de la croissance urbaine au

- moyen des satellites à haute résolution: applications à Lumumbashi, Marrakech et Ouagadougou. In: Actes du Colloque International MARISY'92, Rabat, Maroc, 7-9 Octobre, 1992. Rabat, Morocco: Royal Centre for Remote Sensing (CRTS), 1992:279-91.
22. Dureau F. La production rapide d'informations démographiques et économiques par sondage aréolaire sur une image satellitaire: application à trois villes de pays en développement (Quito, Bogota et Yaoundé). In: Télédétection des milieux urbains et périurbains. Montreal, Quebec, Canada: AUPELF-UREF, 1997:215-24.
 23. Sabine H. Le couplage d'une image satellitaire à des photographies aériennes obliques pour l'étude de la croissance démographique d'une ville du Monde arabe à partir du lien entre le bâti et la population: application au cas de Marrakech. *Télédétection* 1999;1:71-94.
 24. Fahsi A, Assaf M, Azerzaq M. Cartographie des densités du bâti à partir des images satellitaires: application à la ville de Casablanca. *Bull SFPT* 1996;144:11-18.
 25. Gardel A. Télédétection et enjeux d'aménagement en contexte urbain tropical: application à l'île de Cayenne, Guyane. (Doctoral thesis). Dunkerque, France: Université du Littoral Côte d'Opale, 2000.
 26. Gardon J, Héraud J-M, Laventure S, et al. Suburban transmission of Q fever in French Guiana: evidence of a wild reservoir. *J Infect Dis* 2001;184:278-84.
 27. Pfaff F, Francois A, Hommel D, et al. Q fever in French Guiana: new trends. *Emerg Infect Dis* 1998;4:131-2.
 28. Richards JA. Remote sensing digital image analysis. Berlin, Germany: Springer-Verlag, 1994.
 29. Imagine, version 8.3.1. Atlanta, GA: ERDAS, 1998.
 30. Surfer, version 7.02. Golden, CO: Golden Software, Inc, 2000.
 31. Isaaks EH, Srivastava RM. An introduction to applied geostatistics. New York, NY: Oxford University Press, 1989.
 32. Institut National de la Statistique et des Etudes Economiques. Recensement de la population française, mars 1999. Exploitation principale. (CD-ROM). Paris, France: Institut National de la Statistique et des Etudes Economiques, 1999.

RÉSUMÉ

Les maladies vectorielles ont un impact important sur la santé publique et vétérinaire et le nombre de leurs émergences ou ré-émergences au cours des dernières décennies a significativement augmenté. De ce fait, une meilleure connaissance de leurs mécanismes de transmission, de diffusion et d'émergence est requise pour la mise en place de méthodes de contrôle ou de surveillance adaptées. En particulier, la compréhension de l'influence de l'environnement physique et humain sur le système hôte-vecteur-pathogène paraît essentielle dans un contexte de changements globaux.

Les travaux présentés ici font la synthèse de onze années de recherche dans le domaine de la télédétection spatiale appliquée à l'épidémiologie de maladies vectorielles. Cette thématique est abordée autour de trois questions de recherches principales concernant : *i*) la définition d'indicateurs environnementaux pertinents en épidémiologie à partir d'images d'Observation de la Terre; *ii*) la description et la quantification des patrons de transmission d'un pathogène en fonction de caractéristiques environnementales, par une approche analytique; *iii*) la prise en compte du paysage et de la dynamique des conditions environnementales dans la modélisation des processus de transmission.

Ces différents thèmes sont illustrés par des exemples d'étude de plusieurs maladies, en particulier la fièvre de la Vallée du Rift, la fièvre du Nil Occidental et la fièvre catarrhale ovine.

Mots-clés : Épidémiologie spatiale, modélisation, télédétection, Systèmes d'Information Géographique, maladie vectorielle, zoonose.

ABSTRACT

Vector-borne diseases have a major impact on public and veterinary health, and their emergences or re-emergences have significantly increased in recent decades. Hence, a better knowledge of their transmission, diffusion and emergence mechanisms is required for implementing appropriate control and surveillance measures. Understanding the influence of physical and human environment on the host-vector-pathogen system seems particularly critical in a context of global changes.

The works presented here summarize eleven years of research on applications of remote sensing to the epidemiology of vector-borne diseases. This topic is addressed through three main research questions : *i*) the definition of environmental indices relevant to epidemiology, extracted from Earth Observation images; *ii*) the description and quantification of the transmission patterns of a pathogen in relation to environmental features; *iii*) the modelling of transmission processes, taking into account landscape characteristics and environmental conditions dynamics.

These issues are illustrated by examples of studies of several diseases, as Rift Valley fever, West Nile fever, and bluetongue.

Keywords : Spatial epidemiology, modelling, remote sensing, Geographic Information Systems, vector-borne disease, zoonosis.