

Corse, puis dans le Sud de la France. En Europe, on redoutait ainsi qu'une épizootie (épidémie animale) n'arrive par le Sud. Mais c'est aux Pays-Bas qu'elle s'est finalement manifestée, en août 2006. En quelques années, l'épizootie s'est propagée à une vitesse de cinq kilomètres par jour dans toutes les directions, causant des dommages économiques importants dans les élevages ovins et bovins d'Europe de l'Ouest : avortements, baisse de la production de lait et de viande, campagnes massives de vaccination, restriction des échanges commerciaux, etc.

En raison de la localisation du foyer d'origine, des directions qu'elle a suivies et du virus qui l'a causée (BTV8, une forme virale différente de celle présente en Afrique du Nord), cette épizootie présente une dynamique qui ne peut être directement liée au changement climatique. Par la suite, on s'est d'ailleurs aperçu que les moucheron impliqués dans la transmission du BTV8 correspondaient non pas à *Culicoides imicola*, mais à d'autres espèces, qui auparavant n'étaient pas considérées comme des vecteurs efficaces. Des études génétiques ont également établi que les moucheron détectés dans le Sud de l'Europe s'y trouvaient depuis longtemps. Ainsi, l'apparente progression des *Culicoides* vers le Nord de l'Europe est surtout imputable à une augmentation des efforts de surveillance et de recherche pour les trouver, c'est-à-dire à une meilleure connaissance de leur répartition géographique.

Le changement climatique n'est pas totalement hors de cause pour autant. Une analyse croisée de l'évolution des conditions climatiques depuis les années 1960 et d'un modèle décrivant la dynamique des vecteurs et des organismes hôtes de cette maladie a montré que l'été 2006 correspondait à une période de risque maximal pour le déclenchement d'une épidémie dans le Nord-Ouest de l'Europe. Et, au-delà des facteurs climatiques qui ont favorisé la transmission du virus, tout porte à croire que son introduction est

liée aux activités humaines telles que l'importation (illégale ou accidentelle) d'animaux ou de vecteurs. Cet exemple montre à quel point il est parfois difficile de séparer la part du changement climatique et celle d'autres évolutions où les activités humaines occupent un rôle central : transferts de populations ou de marchandises d'origines animale et végétale, changement d'usage des sols, auxiliaires de culture qui détruisent les ravageurs, baisse de la biodiversité touchant les espèces réservoirs et les prédateurs, etc.

raît comme le dernier facteur, du moins en 2005, date où ce travail a été publié !

L'évolution génétique naturelle des micro-organismes y occupe la cinquième place. À titre d'exemple, rappelons que la mutation du virus du Chikungunya, qui s'est produite en septembre 2005 à La Réunion, a déclenché une épidémie de grande envergure qui a frappé plus de 300 000 habitants des îles de l'océan Indien. Les changements démographiques, sociétaux et comportementaux (les pratiques à risque, notamment) figurent à la deuxième place.



B. Chaubet - INRA



Lindgren et al., Environmental Health Perspectives, 2000



La tique *Ixodes ricinus* (à gauche), principale espèce vectrice de maladies vectorielles chez l'homme en Europe, devrait continuer à s'étendre au cours du XXI^e siècle. En Suède, son aire de répartition (points blancs) a doublé entre les années 1980 (au centre) et 1990 (à droite).

Les principales causes d'émergence

Parmi la multitude de publications scientifiques et institutionnelles qui se sont efforcées de mettre en lumière l'impact du changement climatique sur la santé humaine, les travaux de Mark Woolhouse et de Sonya Gowtage-Sequeria, du Centre des maladies infectieuses de l'Université d'Édimbourg, en Écosse, sont particulièrement intéressants. En réunissant une base de données très complète, ils ont classé les principales causes d'émergence et de dispersion de 177 agents infectieux apparus depuis les années 1960. Leurs conclusions battent en brèche une idée reçue : le changement climatique ne joue pas un rôle déterminant dans l'émergence de nouvelles maladies infectieuses, bien au contraire. Dans le classement que ces épidémiologistes ont établi, il appa-

En se fondant sur des modèles de niches écologiques, une étude récente sur la transmission de la dengue a ainsi montré que son expansion était principalement due aux densités élevées de population, aux conditions d'insalubrité ainsi qu'aux réseaux de transport humains. Enfin, au premier rang, se situent les changements d'usage des sols ainsi que les pratiques agricoles et agronomiques. Par ses activités, par ses comportements et par ses modes d'organisation socio-économique, l'homme est le principal responsable de l'apparition et de l'expansion des nouveaux agents pathogènes.

Pour illustrer le rôle des changements des conditions socio-économiques sur la prévalence de certaines pathologies, revenons sur le cas des maladies vectorielles transmises par les tiques.

La prévalence de l'encéphalite à tique a augmenté dans les pays baltes à partir du début des années 1990. Contrairement à la maladie de Lyme, qui n'a jamais fait l'objet d'un recensement systématique, l'encéphalite à tique a été très bien répertoriée depuis une quarantaine d'années, offrant ainsi des données de qualité. Or, dans chacun des pays baltes étudiés (Lituanie, Lettonie, Estonie), on a observé une grande hétérogénéité des variations de la prévalence d'une année à l'autre entre cantons. Cela suggère que le changement climatique – qui se produit de façon relativement homogène sur de vastes zones – n'est pas le seul en cause.

Sarah Randolph et Dana Sumilo, de l'Université d'Oxford, ont montré que le changement climatique – avec une augmentation de la moyenne annuelle des températures maximales (passant de 10 à 11°C) entre 1988 et 1990 – constitue un des facteurs en cause, mais ne peut pas expliquer l'hétérogénéité observée dans l'espace et dans le temps. Elles avancent l'hypothèse suivante : la recrudescence de l'encéphalite à tique observée durant cette période résulterait de la transition

socio-économique que les pays baltes ont connue au début des années 1990 en sortant du communisme.

À cette époque, de nombreux habitants de ces pays ont augmenté leur risque d'exposition au vecteur de la maladie en fréquentant davantage les forêts : les populations les plus pauvres, en s'efforçant de trouver des revenus ou des ressources complémentaires *via* la cueillette de champignons et de baies ; mais aussi les plus riches, en raison d'un accès accru aux activités de loisir, dans les campagnes notamment. L'abandon des fermes collectives a aussi entraîné des modifications dans l'utilisation des sols (des mises en jachère, par exemple), qui auraient favorisé la propagation de ces maladies où les faunes sauvages et domestiques interagissent étroitement.

À travers tous ces exemples, on mesure combien l'impact du changement climatique sur les maladies infectieuses est complexe, variable et difficile à étudier. D'une part, il est lié à de multiples acteurs : agents pathogènes, organismes hôtes, vecteurs de transmission, espèces réservoirs et interventions humaines. D'autre part, il est soumis à plusieurs variables physiques

telles que la température, l'humidité de l'air, le vent et les précipitations, dont l'évolution doit être estimée par l'analyse de leurs valeurs moyennes, mais aussi de leurs valeurs extrêmes, et plus généralement de leur variabilité durant telle ou telle période.

Tous ces paramètres sont souvent interdépendants, et les relations qu'ils entretiennent avec la prévalence des maladies infectieuses ne sont pas toujours linéaires (les paramètres et la prévalence ne varient pas dans les mêmes proportions). Les échelles spatiales et temporelles permettant d'analyser ces maladies sont par ailleurs très variables : de quelques centimètres carrés pour la dispersion des spores par la pluie, à une échelle planétaire quand il s'agit de l'évolution du climat global. Cela pose d'épineux problèmes de changement d'échelles, car certaines propriétés dites émergentes ne sont observables qu'à des niveaux d'intégration supérieurs. Ces propriétés n'apparaissent que si l'on se place à l'échelle des populations ou à celle des écosystèmes, par exemple, mais ne sont pas perceptibles quand on étudie les individus séparément. Enfin, les systèmes responsables de maladies ne sont ni fixes ni constants au cours du temps, car chacun des acteurs évolue en raison des modifications de la composition génétique des populations sous l'effet des différentes pressions de sélection exercées par les interactions des hôtes avec les agents pathogènes, ou par l'environnement, dont une des facettes est le climat.

L'écologie de la santé

C'est pourquoi un cadre plus large, associant écologie et biologie évolutive, a été proposé pour étudier ces questions complexes. À côté de l'approche *One Health/One World*, prenant peu en compte l'environnement, citons l'approche *EcoHealth* qui met en avant « le partage des responsabilités et la coordination des actions globales pour gérer les risques sanitaires aux interfaces animal-homme-écosystèmes » et l'im-

Principales causes d'apparition des nouveaux agents infectieux

Rang	Facteurs d'émergence	Exemples
1	Changements d'usage des sols, pratiques agricoles et agronomiques	Virus Nipah en Asie du Sud-Est, ESB
2	Changements démographiques, sociétaux et comportementaux	Coqueluche, VIH, syphilis
3	Précarité des conditions sanitaires	Choléra, tuberculose
4	Liés à l'hôpital (nosocomiaux) ou à des erreurs de soins et de pratiques	<i>Staphylococcus aureus</i> , <i>Pseudomonas aeruginosa</i>
5	Évolution des agents pathogènes (Chikungunya, antibiotiques, mutations...)	A/H1N1, H5N1
6	Contamination par les aliments ou l'eau	<i>E. coli</i> , ESB, <i>Salmonella</i>
7	Voyages et échanges intercontinentaux	Dengue, grippe saisonnière, H5N1
8	Désorganisation des systèmes de santé et de surveillance	Maladie du sommeil en Afrique centrale, maladies à tiques et tuberculose, ex-URSS
9	Transports de biens et d'animaux	Virus <i>Monkeypox</i> , H5N1, <i>Salmonella</i> ...
10	Changement climatique	Paludisme en Afrique de l'Est, dengue en Asie du Sud-Est, leishmaniose viscérale dans le Sud de l'Europe (forte suspicion)

Ce classement a été réalisé à partir de 177 agents pathogènes responsables de maladies infectieuses émergentes touchant les populations humaines depuis les années 1960