



**HAL**  
open science

# Géomatique et épidémiologie : caractérisation des paysages favorables à *Culicoides imicola*, vecteur de la fièvre catarrhale ovine en Corse

Hélène S. L. Guis

► **To cite this version:**

Hélène S. L. Guis. Géomatique et épidémiologie : caractérisation des paysages favorables à *Culicoides imicola*, vecteur de la fièvre catarrhale ovine en Corse. Santé publique et épidémiologie. Université de Franche-Comté, 2007. Français. NNT : 250708 . tel-00846255

**HAL Id: tel-00846255**

**<https://theses.hal.science/tel-00846255>**

Submitted on 18 Jul 2013

**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Université de Franche-Comté - Faculté de Médecine et de Pharmacie

Année 2007 - N° 25.07.08

## **THÈSE**

Pour obtenir le grade de Docteur de l'Université de Franche-Comté

Spécialité : Sciences de la vie et de la santé

Ecole Doctorale « Homme, Environnement, Santé »

### **Géomatique et épidémiologie : Caractérisation des paysages favorables à *Culicoides imicola*, vecteur de la fièvre catarrhale ovine en Corse**

Par Hélène Guis

Née le 11 mai 1978 à Antananarivo, Madagascar

Soutenance publique prévue le 26 Novembre 2007

#### **Membres du Jury**

Rapporteurs

**M. Didier Fontenille**

**M. Marius Gilbert**

**Institut de recherche pour le développement**

**Université Libre de Bruxelles**

Président du Jury

**M. Jean-François Viel**

**Université de Franche-Comté**

Directeurs de thèse

**M. Stéphane de La Rocque**

**Centre de coopération internationale en recherche agronomique  
pour le développement & Organisation des Nations unies pour  
l'alimentation et l'agriculture**

**M. Frédéric Mauny**

**Université de Franche-Comté**







## Remerciements

Ce travail est le fruit d'un assemblage de briques, de parpaings, de cailloux du Larzac, et de grains de sables de multiples horizons. Merci à tous ceux qui ont contribué à sa construction, des plans d'architecte aux finitions.

Ces travaux se sont déroulés au sein de plusieurs équipes de recherche :

- l'équipe « Epidémiologie et écologie des maladies animales » (UR 16) du Cirad<sup>1</sup> à Montpellier ;
- l'équipe « Santé et environnement rural en Franche-Comté » à Besançon ;
- et l'équipe « Territoires, environnement, télédétection et information spatiale » (Cemgref<sup>2</sup>, Cirad et Engref<sup>3</sup>) à Montpellier.

Le choix des terrains d'études a été largement orienté par les préférences de *Culicoides imicola*, ce qui nous a emmenés en Corse du Sud et dans le Var.

Ces travaux ont été financés par le Ministère de l'Enseignement supérieur et de la Recherche au travers d'une allocation de recherche accordée à l'Université de Franche-Comté et attribuée au programme pluri-formation « Milieux naturels - milieux anthropisés » et d'une Action Concertée Incitative « écologie quantitative » accordée au Cirad. La Direction générale de l'alimentation du Ministère de l'agriculture et de la pêche a également contribué au financement des missions sur le terrain.

Ce travail a été codirigé par Frédéric Mauny (Université de Franche-Comté) et Stéphane de La Rocque (Cirad et FAO<sup>4</sup>). Je remercie Frédéric d'avoir accepté de diriger ce travail pourtant assez éloigné de ses préoccupations habituelles ; moucheron, moutons et satellites ne faisant pas initialement partie des objets de recherche de l'équipe du Département d'information médicale (DIM) du CHU St Jacques. Je remercie Stéphane d'avoir été à l'origine de ce projet passionnant et original et de m'avoir incité à faire ce pas du monde vétérinaire vers l'écologie et les SIG.

Ce travail n'aurait pas abouti sans Annelise Tran (Cirad), qui m'a encadré quotidiennement tout au long de ces quatre années de thèse. Je lui dois énormément, que ce soit pour la quantité de connaissances acquises auprès d'elle en géomatique, sa participation active à l'organisation et au déroulement de l'ensemble des travaux (et notamment l'intégration du volet sur le Var), que plus globalement, pour tout ce que l'on apprend en côtoyant une personne vivant dans un monde de solutions et non de problèmes. Mon étonnement persiste vis-à-vis d'une telle concentration de compétence, d'efficacité, d'autant que ces qualités s'accompagnent d'humilité, d'écoute, de pédagogie, de bonne humeur et ... de gentillesse (désolée, cela m'a échappé). Merci pour tout cela, pour tout ce que j'ai appris et pour ton soutien infaillible.

Je tiens à remercier sincèrement Didier Fontenille (Institut de recherche pour le développement) et Marius Gilbert (Université Libre de Bruxelles), d'avoir accepté de juger ce

---

<sup>1</sup> Cirad : Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement.

<sup>2</sup> Cemargref : Institut de recherche pour l'ingénierie de l'agriculture et de l'environnement

<sup>3</sup> Engref : École nationale du génie rural, des eaux et des forêts

<sup>4</sup> FAO : Organisation des Nations unies pour l'alimentation et l'agriculture

travail interdisciplinaire et pour leurs contributions complémentaires en entomologie et en analyse spatiale. Merci pour le temps et l'attention que vous avez accordé à ce travail.

Je remercie Jean-François Viel (Université de Franche-Comté), président du jury, directeur du DIM (CHU St Jacques de Besançon) au sein duquel une partie du travail s'est déroulé, pour avoir défendu ce dossier en vue de l'obtention d'une allocation de recherche et pour ses contributions scientifiques en particulier lors du montage du protocole.

Je remercie François Roger, directeur de l'UR 16 du Cirad pour son accueil au sein de son équipe, pour le suivi et le soutien qu'il a assuré et surtout pour m'avoir pleinement intégrée aux activités scientifiques du groupe « bluetongue » de l'UR, ce qui me permet aujourd'hui de poursuivre ces travaux par un post-doc en collaboration entre le Cirad et l'Université de Liverpool. Si on pouvait tous avoir un chef comme toi...

Au sein de ce groupe de travail Bluetongue, je remercie Guillaume Gerbier, Thierry Baldet, et Fabienne Biteau-Coroller de m'avoir fait découvrir l'étendue des mystères relatifs à ce minuscule moucheron et de la maladie qu'il transmet. Merci à tous les trois pour votre aide en tous lieux et à tout moment (sur le terrain, lors du montage, lors de rédaction et des valorisations) et vos conseils constructifs tout au long de ce travail d'équipe. Merci Guillaume pour ton autre façon de voir et de questionner le monde, à Thierry pour tout ce que j'ai appris à ton contact (et cela fait beaucoup !) et d'avoir toujours pris le temps pour me conseiller et m'aider, et à Fabienne pour ton aide et pour les bons moments passés à traquer les *Culicoides* dans le Var.

Je dois au moins 70 000 remerciements à Jean-Claude Delécolle (Université de Strasbourg), pour les centaines d'heures passées à la loupe pour la diagnose de chaque *Ceratopogonidae* capturé. Merci aussi pour ta patience, ta passion inébranlable, tes histoires de *Culicoides*, et tout ce que j'ai appris que ce soit à Strasbourg ou sur le terrain en Corse.

Trois fous ont accepté de me suivre lors de la principale campagne principale de piégeage en Corse : Thierry, Jean-Claude et Bruno Mathieu (EID Méditerranée). Je les remercie tous trois d'avoir accepté de me prêter main forte sur le terrain lors de cette mission commando plus qu'intense... J'espère que vous n'en gardez pas un trop mauvais souvenir ! Merci aussi, Bruno et Jean-Claude, pour votre aide lors des recherches de larves.

Valéria Soti a aussi accepté de m'accompagner sur le terrain pour effectuer des relevés de végétation. Merci pour ton aide, pour les dépannages sous ArcGis (avec Marie Demarchi) et pour tous les très bons moments partagés en Corse et à la Maison de la Télédétection.

Ce travail repose aussi sur une collaboration avec les services vétérinaires départementaux de Corse du Sud (SVD 2A), en particulier Jacques Parodi, directeur santé animale SVD 2A, et Guy Bousquet, technicien des SVD 2A. Je remercie Jacques Parodi pour sa collaboration et son accueil, et Guy Bousquet pour son aide et sa fine connaissance du terrain, qui a permis en particulier de localiser les élevages de Corse du Sud.

Les éleveurs de Corse du Sud m'ont réservé un accueil chaleureux, je les remercie pour leur participation et leur gentillesse, cette expérience fait partie des bons souvenirs de thèse.

Gérard de Wispelaere m'a incité à suivre et a soutenu ma candidature au Mastère Silat (Systèmes d'informations localisées pour l'aménagement du territoire), ce qui m'a permis de

découvrir et d'acquérir de solides connaissances en géomatique. Je le remercie très sincèrement pour cela, c'était une excellente idée, cela m'a ouvert une voie sur laquelle j'espère dorénavant continuer. Avec Stéphane et David Pazanet, il avait effectué les premiers travaux sur les environnements favorables à *C. imicola* en Corse. Retraité très actif, il a continué à m'aider et à me soutenir jusqu'à la soutenance.

Je remercie Bruno Barragué, qui au cours de son stage de master, encadré par Annelise, a effectué les relevés de végétation dans le Var, a réalisé les classifications des images d'Ajaccio et du Var et a testé les premiers modèles réalisés en Corse. Merci d'être entré dans le jeu de la modélisation des mouchérons et pour ton aide précieuse.

Mireille Pic-Mazzei a aussi consacré beaucoup de temps sur ce projet, à la loupe binoculaire, afin de trier et compter ces minuscules créatures. Merci !

Macarena Perez-Correa m'a sortie de l'impasse en m'initiant à eCognition, je la remercie pour cela et pour beaucoup d'autres choses.

Je remercie également Daniel Joly, directeur de recherche CNRS au sein de l'équipe « Théoriser pour Modéliser » (ThéMA) de Besançon et Patrick Giraudoux, directeur du Laboratoire de biologie environnementale de Besançon-Montbéliard, qui ont participé aux discussions sur l'élaboration du protocole.

Merci à l'ensemble de personnes de l'UR 16 de m'avoir intégrée, et pour tous les bons moments partagés. Un merci particulier à Marie-Anne Dutour et Sylvie Besnier qui m'ont bien facilité la tâche à maintes occasions. Je remercie également Emmanuel Camus, directeur de l'ancien département Elevage et médecine vétérinaire du Cirad, de m'avoir accueilli et fait confiance, et Renaud Lancelot, pour son aide et sa disponibilité. Je remercie aussi Catherine Cêtre-Sossah qui m'a aidé lors de la préparation des campagnes de capture et à trouver mon chemin dans un labo, j'espère que d'autres collaborations aussi sympathiques suivront.

Les années passées à la Maison de la Télédétection (MTD) ont été particulièrement riches; j'aimerais remercier Pascal Kosuth, directeur de l'UMR Tetis, et Agnès Bégué, responsable de l'équipe Géotrop pour leur accueil et leur soutien. Je souhaite aussi remercier l'équipe enseignante du Mastère Silat (formation suivie au cours de ma première année de thèse) pour la qualité de leur travail.

Je remercie également l'ensemble des personnes de la MTD pour les échanges et l'intérêt qu'ils ont manifesté vis-à-vis de ce moucheron original, ainsi que pour l'ambiance constructive et sympathique qui y règne. Merci aussi pour votre aide lors des pré-soutenances, pour les références glanées, pour l'aide à l'impression A0, ou suite à un problème informatique, et pour toutes les autres petites choses qui m'ont aidé. Merci Danny, Pascal, Sylvie, Jean-Stéphane, Isabelle (Altier), Isabelle (Moins), Véronique, Gérard, Stéphane, Mahmoud, Jean-Claude, Camille, Alain, Baptiste, Christian pour tout cela.

Je remercie aussi l'ensemble de l'équipe du DIM pour votre accueil à Besançon, votre soutien et vos marques d'attention. Notamment, lorsque je n'avais plus de pied à terre bisontin, nombreux sont ceux qui m'ont accueilli ou proposé de m'accueillir, merci pour ces bras ouverts : Stéphanie (chez qui j'avais fini par avoir une chambre attitrée, heureusement que Léandre est venu me la piquer !), Jocelyn, Holitiana, Anwuli et Laurence.

Je remercie ma nouvelle équipe LUCINDA (Liverpool University Climate and Infectious Disease of Animals) pour leur accueil. Merci Matthew de m'avoir laissé le temps de préparer ma soutenance sereinement.

Enfin, je remercie mes proches, familles et mes amis, qui m'ont soutenu et encouragé au cours de ces quatre années. C'est un petit mot pour un grand merci.

Merci à celui qui l'a suivie quotidiennement, dans les bons jours comme dans les pires, et qui a survécu à cette épreuve, merci Thomas.

# Sommaire

<b>Introduction</b>	1
<b><u>Première partie : État de l'art et contexte scientifique</u></b>	5
<b>Chapitre 1 : Géomatique, environnement et épidémiologie</b>	7
<b>1. Image</b>	8
1.1. L'information spectrale	8
1.2. La résolution spatiale	10
1.3. La résolution temporelle	10
<b>2. Environnement</b>	11
2.1. Utilisation directe de la luminance	11
2.2. Utilisation de grandeurs physiques, d'indices et d'indicateurs	11
2.3. Identification de l'occupation du sol par classification des images	13
2.3.1. Interprétation visuelle versus analyse numérique	13
2.3.2. Classifications numériques : méthodes non supervisées ou supervisées	13
2.4. Caractérisation du paysage à partir de l'occupation du sol	16
<b>3. Maladie et vecteur</b>	17
3.1. Lien entre environnement et maladie	17
3.2. Données épidémiologiques sur la maladie et les vecteurs	18
3.3. Localisation des données épidémiologiques	18
3.4. Modélisation du lien environnement – maladie/vecteur	19
<b>4. Exemples d'applications de la géomatique en épidémiologie</b>	21
4.1. Déroulement de la démarche	21
4.2. Illustration de la démarche	21
4.2.1. Exemple 1 : analyse temporelle des liens entre choléra et climat	21
4.2.2. Exemple 2 : prédiction de la répartition spatiale du paludisme dans le Monde en 2050 sous l'effet du changement climatique	22
4.2.3. Exemple 3 : comprendre et identifier les espaces à risque de trypanosomose animale	23
4.2.4. Bilan des illustrations	25
4.3. Principales limites liées à l'application de la géomatique en épidémiologie	25
4.3.1. Limites des connaissances sur l'éco-épidémiologie des maladies	25
4.3.2. Difficultés liées à l'interdisciplinarité	26
4.3.3. Complémentarité des différentes approches	26
4.4. Démarche générale du travail de thèse	26
<i>Résumé</i>	28
<b>Chapitre 2 : Épidémiologie de la fièvre catarrhale ovine et émergence en Corse</b>	29
<b>1. Épidémiologie de la fièvre catarrhale ovine</b>	29
1.1. Définition et importance	29
1.2. Historique	29
1.3. Agent pathogène	30
1.4. Modes de transmission et importance relative	30

1.5. Espèces affectées	30
1.6. Tableau clinique et diagnostic	30
1.7. Traitement, prévention et lutte	32
<b>2. Répartition géographique de la FCO</b>	<b>33</b>
2.1. Du berceau de la maladie à la situation mondiale actuelle	33
2.2. Circulation de la FCO en Europe depuis 1998	34
2.2.1. Circulation de la FCO dans le sud-est de l'Europe	35
2.2.2. Circulation de la FCO dans le sud-ouest de l'Europe	35
2.2.3. Circulation de la FCO dans le nord de l'Europe	36
2.3. Situation de la FCO en Corse depuis 2000	37
2.3.1. Foyers liés au sérotype 2 en 2000 et 2001	38
2.3.2. Foyers liés au sérotype 4 en 2003-2004 et au sérotype 16 en 2004	39
2.3.3. Diffusion des vecteurs et des sérotypes viraux, et implications en terme de surveillance	39
<b>3. Impact économique de la FCO</b>	<b>42</b>
3.1. Coûts directs	42
3.2. Coûts indirects	42
3.3. Impact économique de la FCO en Corse	43
<i>Résumé</i>	44
<b>Chapitre 3 : Les <i>Culicoides</i> vecteurs</b>	<b>45</b>
<b>1. Généralités sur les <i>Culicoides</i></b>	<b>45</b>
<b>2. Importance sanitaire des <i>Culicoides</i></b>	<b>46</b>
2.1. Pathogènes transmis par les <i>Culicoides</i>	46
2.2. Espèces de <i>Culicoides</i> vectrices de FCO	46
2.2.1. Définition d'une espèce vectrice	46
2.2.2. Principales espèces de <i>Culicoides</i> vectrices dans le monde	47
2.2.3. Absence de transmission verticale	48
<b>3. Bio-écologie de <i>C. imicola</i></b>	<b>49</b>
3.1. Cycle des <i>Culicoides</i>	49
3.2. Les gîtes larvaires de <i>C. imicola</i>	50
3.3. Dispersion active et passive des <i>Culicoides</i>	51
3.4. Préférences trophiques de <i>C. imicola</i> et rôle réservoir de certains hôtes	52
3.5. Sensibilité aux paramètres météorologiques et implications épidémiologiques	53
3.5.1. La température	53
3.5.2. Humidité et pluie	55
3.5.3. Effet du vent	55
<i>Résumé</i>	56
<b>Chapitre 4 : Modélisation de la répartition de la fièvre catarrhale ovine et de ses vecteurs : état de l'art et propositions</b>	<b>57</b>
<b>1. La modélisation des maladies vectorielles</b>	<b>57</b>
<b>2. Les modèles existants de répartition de la FCO ou de ses vecteurs</b>	<b>61</b>
2.1. Modélisation de la répartition de la FCO à partir de données météorologiques de terrain	61
2.2. Modélisation de la répartition des vecteurs	62
2.2.1. Modèles de dispersion des vecteurs	62
2.2.2. Modèles statiques de répartition des vecteurs	63

<b>3. Bilan, limites et propositions</b>	67
3.1. Avantages et inconvénients liés à l'objet modélisé	67
3.1.1. Modélisation de la maladie	67
3.1.2. Modélisation des vecteurs	67
3.2. Avantages et inconvénients liés au type de variables environnementales incluses	68
3.2.1. Données météorologiques recueillies sur le terrain	68
3.2.2. Données satellitaires	68
3.3. Limites des modèles existants à prédire la situation en Corse	69
3.3.1. Résultats de piégeages réalisés en Corse en 2002 et 2003	69
3.3.2. Prédications des modèles existants en Corse	70
3.3.3. Évaluation des prédictions	72
3.4. Propositions : objectifs du travail de thèse	72
3.4.1. Objectif général	72
3.4.2. Terrain d'étude : la Corse	72
3.4.3. Approche maladie et approche vecteur	73
3.4.4. Moyen pour caractériser l'environnement : images satellitaires à haute résolution spatiale	73
3.4.5. Méthode pour caractériser l'environnement	74
<i>Résumé</i>	75
 <b>Conclusion de la première partie</b>	 76
 <b><u>Deuxième partie</u> : Caractérisation de l'environnement et modélisation de la présence de la fièvre catarrhale ovine et de <i>Culicoides imicola</i></b>	 77
 <b>Chapitre 5 : Caractérisation de l'environnement</b>	 79
 <b>1. Zones et échelles d'étude</b>	 79
1.1. Zones d'étude	79
1.1.1. Présentation générale des trois zones d'étude	79
1.1.2. La Corse	80
1.1.3. Le Var	84
1.2. Les échelles de voisinage	85
<b>2. Caractéristiques altimétriques et hydrographiques</b>	86
2.1. Caractéristiques altimétriques	87
2.1.1. Source de données : les modèles numériques de terrain	87
2.1.2. Indicateurs altimétriques	88
2.2. Caractéristiques hydrographiques	91
<b>3. Caractéristiques environnementales issues des images SPOT</b>	92
3.1. Données satellitaires	92
3.2. Calcul de l'indice de végétation à différence normalisée	94
3.3. Caractérisation de l'occupation du sol	95
3.3.1. Lien entre végétation et <i>Culicoides</i>	95
3.3.2. Classification et carte d'occupation du sol	95
<b>3.4. Caractérisation du paysage</b>	108
3.4.1. Définition des indicateurs paysagers	108
3.4.2. Extraction des indicateurs paysagers	109
<i>Résumé</i>	112

<b>Chapitre 6 : Approche maladie</b>	113
<b>1. Données épidémiologiques</b>	113
1.1. Unité épidémiologique	113
1.2. Mesure de la maladie	113
1.3. Localisation des élevages	114
<b>2. Modélisation statistique du risque de FCO</b>	116
2.1. Méthodes statistiques	116
2.1.1. Analyses statistiques monovariées	116
2.1.2. Analyses statistiques multivariées	117
2.2. Résultats des analyses statistiques	118
2.2.1. Résultats des analyses statistiques monovariées	118
2.2.2. Résultats des analyses statistiques multivariées	119
2.3. Autocorrélation spatiale des résidus des modèles	123
2.4. Validation interne et externe des modèles	124
2.4.1. Validation interne	126
2.4.2. Validation externe dans la région d'Ajaccio	127
2.5. Analyses complémentaires	131
2.5.1. Comparaison des modèles avec et sans variables paysagères	132
2.5.2. Comparaison des modèles avec et sans les coordonnées géographiques	133
<b>3. Discussion</b>	135
3.1. Discussion sur les données épidémiologiques	136
3.1.1. Mesure de la maladie	136
3.1.2. Échantillonnage et localisation des élevages	137
3.1.3. Données sur les caractéristiques des élevages	138
3.2. Discussion sur les résultats obtenus	139
3.2.1. Variété des variables sélectionnées	139
3.2.2. Importance des variables paysagères	140
3.2.3. Echelles de voisinage	140
3.2.4. Variables sélectionnées dans le modèle à 1 km	140
3.3. Discussion sur les analyses complémentaires	142
<b>4. Conclusion</b>	143
<i>Résumé</i>	144
<b>Chapitre 7 : Données entomologiques</b>	145
<b>1. Recueil des données entomologiques</b>	145
1.1. Objectifs	145
1.2. Unité entomologique	146
1.3. Choix des sites de piégeage	146
1.4. Méthode de piégeage	148
1.5. Tri et identification des <i>Culicoides</i>	148
<b>2. Résultats de la principale campagne de piégeage (juin 2005)</b>	150
2.1. Déroulement de la campagne	150
2.2. Résultats généraux	151
2.3. Genres de <i>Ceratopogonidae</i> capturés lors de la campagne principale	155
2.4. Liste et répartition des espèces de <i>Culicoides</i> capturées lors de la campagne principale	155
2.5. Répartition de <i>C. imicola</i> dans et en dehors des élevages	164

2.5.1. Comparaison du statut des pièges (positif/négatif) en fonction de leur lieu de pose (au sein et en dehors des élevages)	164
2.5.2. Proximité des sites dits « hors élevages » aux élevages	165
2.5.3. Effet sur la présence de <i>C. imicola</i> de la distance aux élevages du site de piégeage	168
<b>3. Résultats de la campagne de piégeage de septembre 2005</b>	<b>168</b>
<b>4. Éléments de discussion</b>	<b>170</b>
4.1. Discussion sur le recueil des données entomologiques	170
4.2. Discussion sur les résultats des captures	171
4.2.1. Répartition et abondance des espèces	171
4.2.2. Répartition des <i>Culicoides</i> et de <i>C. imicola</i> au sein et en dehors des élevages	174
4.2.3. Piégeages réalisés en septembre	177
<i>Résumé</i>	178
<b>Chapitre 8 : Approche vecteur</b>	<b>179</b>
<b>1. Modélisation statistique du risque de présence de <i>C. imicola</i></b>	<b>179</b>
1.1. Analyses statistiques monovariées	180
1.1.1. Méthode	180
1.1.2. Résultats	181
1.2. Analyses statistiques multivariées	182
1.3. Autocorrélation spatiale	186
1.4. Validation interne et externe en Corse	186
1.4.1. Validation interne	186
1.4.2. Validation externe en Corse	187
1.5. Analyses complémentaires	189
1.6. Exportation et validation des modèles dans le Var	191
1.6.1. Les données entomologiques du Var	191
1.6.2. Sélection des sites de piégeages	191
1.6.3. Les modèles	193
1.6.4. Application dans le Var	195
<b>2. Discussion</b>	<b>196</b>
2.1. Discussion sur le choix des données entomologiques	196
2.2. Discussion sur les résultats	197
2.2.1. Variables associées au risque de présence de <i>C. imicola</i>	197
2.2.2. Qualité des modèles obtenus	199
<i>Résumé</i>	202
<b>Chapitre 9 : Bilan des approches maladie et vecteur</b>	<b>203</b>
<b>1. Cartes d'aléa de présence de FCO et de <i>C. imicola</i></b>	<b>203</b>
1.1. Méthodes	203
1.1.1. Calcul des variables explicatives en tout point de l'espace	203
1.1.2. Calcul des cartes d'aléa	206
1.2. Cartes d'aléa	207
1.2.1. Cartes d'aléa des modèles maladie	207
1.2.2. Cartes d'aléa des modèles vecteur aux trois échelles	211
1.2.3. Comparaison des cartes d'aléa des modèles maladie et vecteur	215
1.2.4. Carte d'aléa de présence de <i>C. imicola</i> dans le Var	216

1.3. Discussion des cartes d'aléa	218
1.3.1. Discussion sur la méthode de production des cartes d'aléa	218
1.3.2. Discussion des cartes d'aléa	219
<b>2. Discussion générale et perspectives</b>	221
2.1. Discussion des données environnementales	221
2.1.1. Types de données environnementales	221
2.1.2. Echelles d'étude	224
2.2. Bilan et perspectives des deux approches	224
<i>Résumé</i>	226
<b>Conclusion de la deuxième partie</b>	227
<b>Conclusion générale</b>	228
<b>Références</b>	232
<b>Glossaire</b>	255

## Liste des figures

<b>Figures</b>	<b>Page</b>
Figure 1 : Images et produits de la région de Corse issus i) d'un capteur optique, ii) d'un capteur thermique et iii) d'un capteur radar.	9
Figure 2 : Signature spectrale de l'eau, de la végétation et du sol.	10
Figure 3 : Régions du monde pour lesquelles Rogers <i>et al.</i> prédisent un changement de la distribution du paludisme en 2050 sous l'effet d'un scénario d'important changement climatique.	23
Figure 4 : Grille de décision pour l'identification des zones à risque de trypanosomose.	24
Figure 5 : Carte de répartition de la FCO dans le monde basée sur les déclarations officielles à l'OIE pour la période 2000-2006.	34
Figure 6 : Circulation des différents sérotypes de FCO en Europe depuis 1998.	35
Figure 7 : Zones règlementées pour la FCO en vigueur en Europe au terme de l'année 2007.	37
Figure 8 : Foyers de FCO par sérotype et par année en Corse.	41
Figure 9 : Distribution spatiale des <i>Culicoides</i> piégés en Corse en 2002 et 2003.	70
Figure 10 : Objectifs du travail de thèse	74
Figure 11 : Les trois zones d'étude dans le Bassin méditerranéen.	80
Figure 12 : Carte générale de Corse.	81
Figure 13 : Carte des deux zones d'étude de Corse du Sud.	82
Figure 14 : Carte de Corse : orientation technico-économique des communes.	83
Figure 15 : Zone d'étude dans le département du Var.	84
Figure 16 : Zones tampons autour des élevages et des pièges.	86
Figure 17 : Modèle numérique de terrain de la Corse.	87
Figure 18 : Modèle numérique de terrain du Var.	88
Figure 19 : Orientation des vents venant de Sardaigne vers la Corse.	89
Figure 20 : Principaux bassins versants de Corse.	90
Figure 21 : Réseau hydrographique de Corse.	91
Figure 22 : Illustration des zones tampons de 1 km autour des élevages de l'extrême sud de la Corse ayant les valeurs les plus faibles et la plus forte de longueur de réseau hydrographique les traversant.	92
Figure 23 : NDVI calculé à partir des images SPOT de Corse.	94
Figure 24 : NDVI calculé à partir de l'image SPOT du Var.	95
Figure 25 : Exemple de schéma permettant de positionner les relevés de végétation.	98
Figure 26 : Paramètres de segmentation des trois images SPOT.	100
Figure 27 : Illustration des résultats des segmentations.	100
Figure 28 : Comparaison visuelle de la qualité des deux images de Corse.	102
Figure 29 : Illustration des classes de végétation.	103
Figure 30 : Carte d'occupation du sol issue de la classification de l'image de l'extrême sud de la Corse.	104
Figure 31 : Carte d'occupation du sol issue de la classification de l'image d'Ajaccio.	104
Figure 32 : Carte d'occupation du sol issue de la classification de l'image du Var.	105
Figure 33 : Fusion des objets contigus de même nature.	105
Figure 34 : Localisation et statut sanitaire vis-à-vis de la FCO des 80 élevages ovins de l'extrême sud de la Corse.	115
Figure 35 : Variation de la sensibilité et spécificité en fonction du seuil du test.	125
Figure 36 : Courbes ROC.	125
Figure 37 : Statut prédit et réel des élevages de l'extrême sud de la Corse.	127
Figure 38 : Répartition des élevages de la région d'Ajaccio.	128
Figure 39 : Statut prédit et réel des élevages de la région d'Ajaccio.	131
Figure 40 : Anatomie de l'aile des <i>Culicoides</i> .	148
Figure 41 : Morphologie générale et aile de <i>C. imicola</i> .	149

Figure 42 : Principale campagne de piégeage (juin 2005).	150
Figure 43 : Distribution des effectifs de <i>C. imicola</i> , des autres <i>Culicoides</i> et des autres <i>Ceratopogonidae</i> .	152
Figure 44 : Nombre d'individus capturés pour les <i>Ceratopogonidae</i> autres que les <i>Culicoides</i> , pour les <i>Culicoides</i> autres que <i>C. imicola</i> et pour <i>C. imicola</i> dans les 96 pièges (juin 2005).	154
Figure 45 : Distribution des effectifs des 6 espèces de <i>Culicoides</i> .	159
Figure 46 : Nombre d'individus capturés pour les 6 espèces de <i>Culicoides</i> dans les 75 pièges posés au sein des élevages en juin 2005.	161
Figure 47 : Nombre d'individus capturés pour les 6 espèces de <i>Culicoides</i> dans les 21 pièges posés en dehors des élevages en juin 2005.	162
Figure 48 : Description des sites au sein des élevages où ont été obtenues les densités maximales pour chacune des 6 espèces de <i>Culicoides</i> .	164
Figure 49 : Localisation des piégeages dits « hors élevage ».	166
Figure 50 : Description des 3 sites hors élevage où <i>C. imicola</i> a été capturé	167
Figure 51 : Description des 2 sites, au sein des élevages, négatifs en septembre.	170
Figure 52 : Nouveau repère.	181
Figure 53 : Statut prédit et réel des pièges (modèle à 500 m) en Corse.	188
Figure 54 : Campagne de 40 piégeages réalisée dans le Var en septembre 2006 : localisation des 28 pièges sélectionnés et nombre de <i>C. imicola</i> capturés par piège.	193
Figure 55 : Statuts des 28 pièges prédits par le modèle à 500 m.	196
Figure 56 : Trois zones tests utilisées pour établir les variogrammes des variables paysagères.	206
Figure 57 : Modèle de calcul de la carte d'aléa pour le modèle maladie à 1 km pour les élevages mixtes (sous ArcInfo).	207
Figure 58 : Carte d'aléa issue du modèle maladie à 1 km pour les élevages mixtes.	208
Figure 59 : Carte d'aléa issue du modèle maladie à 1 km pour les élevages monospécifiques.	208
Figure 60 : Carte d'aléa issue du modèle maladie à 2 km pour les élevages mixtes.	209
Figure 61 : Carte d'aléa issue du modèle maladie à 2 km pour les élevages monospécifiques.	210
Figure 62 : Comparaison des cartes d'aléa issues des modèles maladie à 1 et 2 km pour les élevages mixtes.	211
Figure 63 : Carte d'aléa issue du modèle vecteur à 500 m.	212
Figure 64 : Carte d'aléa issue du modèle vecteur à 1 km.	212
Figure 65 : Carte d'aléa issue du modèle vecteur à 2 km.	213
Figure 66 : Carte d'aléa de la zone d'Ajaccio issue du modèle vecteur à 500 m.	213
Figure 67 : Comparaison des cartes d'aléa issues des modèles vecteur à 500 m et 1 km.	214
Figure 68 : Comparaison des cartes d'aléa issues des modèles vecteur à 500 m et 2 km.	215
Figure 69 : Comparaison des cartes d'aléa issues du modèle maladie à 500 m et du modèle vecteur à 1 km.	216
Figure 70 : Carte d'aléa issue du modèle vecteur à 500 m appliqué dans le Var.	217

## Liste des tableaux

<b>Tableaux</b>	<b>Page</b>
Tableau 1 : Epizooties de FCO en Corse depuis 2000.	38
Tableau 2 : Modèles géographiques de FCO en fonction de variables météorologiques.	62
Tableau 3 : Modèles géographiques de répartition de <i>C. imicola</i> en fonction de variables météorologiques issues de stations de terrain.	64
Tableau 4 : Modèles géographiques de répartition de <i>C. imicola</i> en fonction de variables météorologiques et environnementales issues d'images satellitaires.	66
Tableau 5 : Prédications d'abondance ou de présence/absence de <i>C. imicola</i> en Corse par les modèles géographiques existants.	71
Tableau 6 : Évaluation de la distance de dispersion active de trois espèces de <i>Culicoides</i> .	86
Tableau 7 : Caractéristiques des images SPOT.	93
Tableau 8 : Résultats de segmentation des trois images SPOT.	100
Tableau 9 : Surfaces relatives occupées par les classes des trois images SPOT.	103
Tableau 10 : Indicateurs de précision pour les trois classifications.	106
Tableau 11 : Précision pour le réalisateur des trois classifications.	107
Tableau 12 : Indicateurs paysagers définis à l'échelle de la zone tampon.	109
Tableau 13 : Indicateurs paysagers définis à l'échelle de la classe.	109
Tableau 14 : Illustration des indicateurs paysagers définis à l'échelle de la classe.	110
Tableau 15 : Liste des variables retenues lors des analyses monovariées (seuil 0,15).	119
Tableau 16 : Liste des variables retenues lors des analyses multivariées par groupe (seuil 0,1).	120
Tableau 17 : Modèles statistiques de présence de la FCO dans les élevages (seuil 0,1).	121
Tableau 18 : Odds ratios associés à une variation dont l'étendue est différente de 1.	122
Tableau 19 : Sensibilité et spécificité.	124
Tableau 20 : Validation interne des 3 modèles.	126
Tableau 21 : Validation externe des 3 modèles dans la région d'Ajaccio.	129
Tableau 22 : Seuil optimal issu de l'analyse ROC pour la région d'Ajaccio	130
Tableau 23 : Comparaison des modèles avec et sans variables paysagères.	132
Tableau 24 : Comparaison des modèles avec et sans (en éliminant) la variable latitude, établis avec les voisinage de 500 m et 2 km.	133
Tableau 25 : Modèles établi avec (en forçant) et sans la variable latitude établis pour le voisinage de 1 km.	133
Tableau 26 : Validation interne des 3 modèles avec et sans les coordonnées géographiques.	134
Tableau 27 : Validation externe des 3 modèles avec et sans les coordonnées géographiques dans la région d'Ajaccio.	135
Tableau 28 : Résultats des captures effectuées lors de la campagne de juin 2005.	151
Tableau 29 : Nombre de pièges en fonction des effectifs capturés.	152
Tableau 30 : Genres de <i>Ceratopogonidae</i> capturés lors de la campagne de juin 2005.	155
Tableau 31 : Liste des espèces de <i>Culicoides</i> capturées lors de la campagne de juin 2005.	158
Tableau 32 : Nombre de pièges en fonction des effectifs capturés pour les 6 espèces de <i>Culicoides</i> (96 pièges posés en juin 2005).	159
Tableau 33 : Nombre d'individus capturés au sein et en dehors des élevages pour les 6 espèces de <i>Culicoides</i> représentant plus de 5 % des captures de juin 2005.	160
Tableau 34 : Coefficient de corrélation des rangs de Spearman des densités capturées entre les 6 espèces de <i>Culicoides</i> (75 pièges au sein des élevages).	163

Tableau 35 : Tableau de contingence du statut des pièges en fonction de leur lieu de pose.	165
Tableau 36 : Proximité entre les pièges hors élevage et les élevages voisins.	167
Tableau 37 : Résultats des captures effectuées lors de la campagne de septembre 2005.	169
Tableau 38 : Effectifs piégés pour <i>C. imicola</i> , les autres <i>Culicoides</i> et les autres <i>Ceratopogonidae</i> .	169
Tableau 39 : Effectifs de <i>C. imicola</i> piégés dans et en dehors des élevages en septembre.	170
Tableau 40 : Liste des variables retenues lors des analyses monovariées (seuil 0,15).	182
Tableau 41 : Liste des variables retenues lors des analyses multivariées par groupe (seuil 0,1).	183
Tableau 42 : Modèles statistiques de présence de <i>C. imicola</i> dans les élevages (seuil 0,1).	184
Tableau 43 : Odds ratios associés à une variation dont l'étendue est différente de 1.	184
Tableau 44 : Validation interne des 3 modèles.	186
Tableau 45 : Validation externe des 3 modèles de l'approche vecteur en Corse.	187
Tableau 46 : Seuil optimal issu de l'analyse ROC pour les 15 pièges.	188
Tableau 47 : Comparaison des modèles avec et sans les coordonnées géographiques	189
Tableau 48 : Validation interne des modèles avec et sans NY.	190
Tableau 49 : Validation externe (15 pièges) en Corse des modèles avec et sans NY.	190
Tableau 50 : Modèles sans les coordonnées géographiques ni les caractéristiques d'élevage.	194
Tableau 51 : Odds ratios associés à une variation dont l'étendue est différente de 1.	194
Tableau 52 : Application des 2 modèles de l'approche vecteur dans le Var.	195
Tableau 53 : Seuils optimaux issus de l'analyse ROC pour le Var.	196

## Liste des annexes

<b>Annexes</b>	<b>Pages</b>
Annexe 1 : Températures et précipitations moyennes en Corse.	262
Annexe 2 : Fiche de relevés de végétation – Corse du Sud.	264
Annexe 3 : Attributs retenus pour les classifications orientées objet des trois images (outil <i>feature space optimisation</i> , eCognition®).	265
Annexe 4 : Matrices de confusions et images des probabilités d'appartenance des classifications.	267
Annexe 5 : Définition mathématique des indicateurs paysagers.	271
Annexe 6 : Script en IDL pour découper les images sous ENVI afin de créer une image de la taille de la zone tampon pour chaque élevage ou piège (A. Tran).	276
Annexe 7 : Résultats des analyses statistiques monovariées de l'approche maladie.	279
Annexe 8 : Résultats des analyses statistiques multivariées de l'approche maladie.	284
Annexe 9 : Autocorrélation spatiale des résidus des modèles issus de l'approche maladie.	286
Annexe 10 : Fiche descriptive du piège lumineux à insectes OVI.	289
Annexe 11 : Fiche présentant la campagne de piégeage aux éleveurs.	291
Annexe 12 : Répartition des 96 sites de piégeages selon les nuits (campagne principale, juin 2005).	292
Annexe 13 : Fiches de piégeages.	293
Annexe 14 : Analyse des conditions météorologiques pendant la campagne de piégeages de juin 2005.	295
Annexe 15 : Liste actualisée des espèces de <i>Culicoides</i> capturés en Corse (fin 2006).	302
Annexe 16 : Maillage de pièges autour d'une bergerie.	305
Annexe 17 : Résultats des analyses statistiques monovariées de l'approche vecteur.	307
Annexe 18 : Résultats des analyses statistiques multivariées de l'approche vecteur.	312
Annexe 19 : Autocorrélation spatiale des résidus des modèles issus de l'approche vecteur.	313
Annexe 20 : Krigeage des variables paysagères.	317

## Liste des valorisations

Valorisations	Page
<b>Articles</b>	322
<b>Article 1</b> : Guis H., Tran A., de La Rocque S., Baldet T., Gerbier G., Barragué B., Biteau-Coroller F., Roger F., Viel J.F. & Mauny F. <b>Use of high spatial resolution satellite imagery to characterize landscapes at risk for bluetongue.</b> <i>Vet Res</i> (2007) <b>38</b> (5): 669-83.	323
<b>Article 2</b> : Guis H., Tran A., Mauny F., Baldet T., Barragué B., Gerbier G., Viel J.F., Roger F. & de La Rocque S. <b>Multiple fine-scale satellite-derived approaches: application to bluetongue modelling in Corsica (France).</b> <i>Vet Ital</i> (2007) 43 (3): 699-707.	338
<b>Article 3</b> : Tran A., Biteau-Coroller F., Guis H. & Roger F. <b>Modélisation des maladies vectorielles.</b> <i>Epidémiol et santé anim</i> (2005) (47): 35-51.	347
<b>Article 4</b> : Gerbier G., Biteau-Coroller F., Guis H., Tran A., Zientara S. & Baldet T.) <b>Fièvre catarrhale ovine : Le point sur l'épidémiologie en Europe fin 2006.</b> <i>Bulletin des GTV</i> (2007 (39): 83-88.	363
<b>Article 5</b> : Gerbier G., Biteau-Coroller F., Grillet C., Parodi J., Zientara S., Baldet T., Guis H. & Roger F. <b>A description of the outbreak of Bluetongue (BTV 4) in Corsica in 2003: lessons for surveillance.</b> <i>Vet Rec</i> (2007; accepté)	369
<b>Article 6</b> : Tran A., Guis H., Biteau-Coroller F., Barragué B., Mathieu B., Setier-Rio M.-L., Gerbier G., Roger F. & Baldet T. <b>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 <i>Culicoides imicola</i>, vecteur de la fièvre catarrhale du mouton.</b> <i>Télédétection</i> (2008 ; accepté)	373

<b>Communications et posters</b>	385
<b>Communication 1</b> : Guis H., de La Rocque S., Tran A., Roger F., Gerbier G., Baldet T., Viel J.-F., Mauny F. <b>Caractérisation par télédétection des paysages favorables à <i>Culicoides imicola</i> en Corse.</b> <i>XIIème Forum des Jeunes Chercheurs, Besançon, 8-9 juin 2006</i>	386
<b>Communication 2</b> : Guis H., Tran A., Mauny F., Roger F., Gerbier G., Baldet T., Viel, J.-F., de La Rocque S. <b>Use of satellite imagery to predict the distribution of bluetongue in Corsica.</b> <i>XIth ISVEE (International Symposium on veterinary Epidemiology and Economics), Cairns, Australia, 6th - 11th August 2006.</i>	387
<b>Communication 3</b> : Biteau-Coroller F., Guis H., Mathieu B., Carpenter S., Baldet T., Roger F. <b>Vectorial capacity of <i>Culicoides imicola</i> in a new colonised area in southern mainland France.</b> <i>XIth ISVEE, Cairns, Australia, 6th - 11th August 2006.</i>	388
<b>Poster 1</b> : Guis H., Tran A., de La Rocque S., Baldet T. Delecolle J.-C., Mathieu B., Roger F., Viel, J.-F., Mauny F. <b>Towards the favourable landscapes for <i>Culicoides imicola</i>, the main bluetongue vector in Corsica.</b> <i>15th Euro SOVE (Society for Vector Ecology) Conference, Serres, Greece, 10th - 14th April 2006.</i>	391
<b>Poster 2</b> : Guis H., Tran A., Barrague B., Baldet T., Gerbier G., de La Rocque S., Roger F., Viel, J.-F., Mauny F. <b>A multiple fine-scale satellite-derived approach to model bluetongue in Corsica (France).</b> <i>First OIE International Conference on the Use of GIS in Veterinary Medicine, Silvi Marina, Italy, 8th -11th October 2006.</i>	392

## Liste des abréviations

ACP : Analyse en composantes principales

ARN : Acide ribonucléique

AUC : area under curve : aire sous la courbe

AVHRR : Advanced very high resolution radiometer

CIRAD : Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement

CNRS : Centre national de la recherche scientifique

COO : Classification orientée objet

CPP : Classification pixel à pixel

cELISA : Competitive enzyme-linked immunosorbent assay

CGIAR-CSI : Consultative Group on International Agricultural Research, Consortium for spatial information

CIRAD : Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement

CNES : Centre national d'études spatiales

DDSV : Direction départementale des services vétérinaires

ECDC : European Center for Disease Prevention and Control

EID-Méditerranée : Entente interdépartementale pour la démoustication du littoral méditerranéen

FAO : Food and agriculture organisation of the United Nations : Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture

FCO : Fièvre catarrhale ovine

GPS : Global positioning system (système de positionnement mondial)

IGN : Institut géographique national

INSEE : Institut National de la Statistique et des Études Économiques

ISIS : Incitation à l'utilisation scientifique d'images SPOT (programme du CNES)

IOI : indice de l'Océan Indien

LST : Land surface temperature (température de la surface terrestre)

MAP : Ministère de l'agriculture et de la pêche

MIR : Middle infrared reflectance (rayonnement dans l'infrarouge moyen)

NASA : National aeronautics and space administration

NDVI : Normalized difference vegetation index (indice de végétation à différence normalisée)

NOAA : National oceanic & atmospheric administration

OIE : Organisation mondiale de la santé animale, anciennement Office international des épizooties

OMS : Organisation mondiale de la santé (World health organization, WHO)

PCR : Polymerase chain reaction : réaction en chaîne par polymérase

PIR : Proche infrarouge (near infrared reflectance, NIR)

ROC : Receiver Operating Characteristic

RT-PCR : Reverse transcription polymerase chain reaction : réaction de polymérisation en chaîne par transcriptase inverse

SIG : Système d'information géographique

SPOT : Satellite pour l'observation de la terre

SRTM : Shuttle Radar Topographic Mission

TAIR : Air temperature (température de l'air)

USGS : United States Geological Survey



## Introduction

Selon McMichael (2001, 2004), l'histoire des maladies humaines peut être caractérisée par quatre transitions épidémiologiques majeures. La première de ces transitions se produit il y a environ 8 000 ans lors de la sédentarisation de l'homme et l'apparition de l'agriculture et de l'élevage. Abandonnant leurs habitudes de chasse et de cueillette, les petites communautés humaines qui commencent à se grouper dans des villages permanents et à pratiquer l'élevage entrent alors en contact étroit avec des agents de maladies animales (McMichael, 2001, 2004). Puis, entre le premier siècle avant J.-C. et l'an mil, les contacts militaires et commerciaux entre des populations originaires de continents différents (bassin méditerranéen, Eurasie, Asie du Sud) provoquent la deuxième transition en permettant l'échange d'agents infectieux et l'apparition de maladies majeures telles que la peste. Enfin, du XVI<sup>e</sup> au XIX<sup>e</sup> siècle, l'expansionnisme puis le colonialisme européen ont entraîné la diffusion trans-océanique de maladies, notamment aux Amériques (troisième transition). D'après McMichael (2004), le monde est actuellement confronté à la quatrième transition épidémiologique qui se caractérise par une échelle globale et résulte de multiples changements, notamment démographiques, environnementaux, sociaux et technologiques.

Malgré des avancées scientifiques importantes dans la prévention et le contrôle des maladies à la fin du XIX<sup>e</sup> et au début du XX<sup>e</sup> siècle (Satcher, 1995), ces dernières années ont été marquées par l'apparition, l'émergence ou la réémergence de maladies humaines et animales (Morse, 2004). Une maladie émergente peut se définir, au sens large, comme « *une maladie dont l'incidence réelle augmente de manière significative dans une population donnée, d'une région donnée et durant une période donnée, par rapport à la situation épidémiologique habituelle de cette maladie* » (Toma & Thiry, 2003). L'Organisation mondiale de la santé (OMS) considère qu'au cours de la période 1976-1996 au moins 30 nouvelles maladies humaines sont apparues (WHO, 1996) parmi lesquelles bon nombre peuvent être considérées comme émergentes<sup>1</sup>. Mais l'essentiel des émergences actuelles sont liées à d'anciennes maladies (Morse, 1995).

---

<sup>1</sup> Toute maladie nouvellement décrite n'est pas forcément émergente si par exemple elle existe depuis longtemps, bien que non reconnue, et que son incidence n'augmente pas.

Parmi les facteurs entraînant une augmentation de l'incidence de ces maladies sont souvent cités les modifications environnementales (pratiques agricoles, changement du climat, gestion des ressources en eau), démographiques, comportementales, sociétales, technologiques et industrielles, l'accroissement des échanges commerciaux et des voyages, l'évolution et l'adaptation des pathogènes et l'affaiblissement des structures de santé (Morse, 1995). Compte tenu de la diversité des facteurs à prendre en compte, de plus en plus d'études s'inscrivent dans des approches systémiques interdisciplinaires (Froment, 1997). Tout en reconnaissant la difficulté de l'exercice et la prudence avec laquelle il convient d'analyser les résultats, McMichael (2004) évalue l'importance relative de ces facteurs pour les quatre transitions épidémiologiques et conclut que les changements environnementaux occupent une place majeure dans la transition actuelle.

Parmi les maladies ayant émergé ou réémergé massivement à travers le monde ces 30 dernières années, beaucoup sont des maladies vectorielles\* (transmises par un arthropode vecteur\*) (Gubler, 2002) humaines ou animales. Les exemples sont nombreux : paludisme en Corée, peste à Madagascar, trypanosomose africaine en Afrique de l'Est et centrale, maladie de Lyme aux États-Unis, fièvre jaune en Afrique de l'Ouest (Gubler, 1998), dengue aux Amériques, encéphalite japonaise en Inde et en Asie du Sud-Est, fièvre de la Vallée du Rift en Égypte, en Arabie Saoudite et au Yémen (Gubler, 2002), et plus récemment fièvre West Nile aux États-Unis (Petersen & Roehrig, 2001), chikungunya sur l'île de la Réunion (Reiter *et al.*, 2006), en Inde (Mavalankar *et al.*, 2007) et en Italie (ECDC, 2007) et fièvre catarrhale ovine dans le bassin méditerranéen et en Europe du Nord. La plupart de ces maladies sont connues depuis longtemps (Gubler, 2002).

Ces émergences ou réémergences sont toujours multifactorielles (Chevalier *et al.*, 2004 ; Rodhain, 2003), chaque maladie étant liée à un ensemble complexe de facteurs propres (Gubler, 2002). Étant donné la sensibilité des vecteurs aux conditions environnementales, de nombreuses études ont cherché à évaluer l'effet des modifications environnementales, liées au changement climatique ou à l'augmentation de la pression anthropique<sup>2</sup>, sur les maladies vectorielles.

Le changement climatique joue vraisemblablement un rôle (Haines & Parry, 1993 ; Harvell *et al.*, 2002 ; Martens *et al.*, 1995 ; Patz *et al.*, 1996 ; Patz *et al.*, 2005 ; Purse *et al.*, 2005 ; Rogers & Randolph, 2006) notamment sur la distribution spatiale des vecteurs, la

---

<sup>2</sup> Le changement climatique serait en partie lié aux activités humaines ; ici il est fait référence aux autres effets liés à l'augmentation de la pression anthropique comme l'urbanisation, la déforestation ou l'intensification de l'agriculture.

dynamique temporelle de la maladie ou l'intensité de la transmission (Baylis & Githeko, 2006 ; Kovats *et al.*, 2001). Néanmoins, il reste souvent difficile de quantifier cet effet et d'établir un lien causal entre changement climatique et niveau de transmission (Kovats *et al.*, 2001 ; Rogers & Randolph, 2006), d'autant qu'il faut prendre en compte les effets de nombreux autres changements (démographiques, sociaux, environnementaux) concomitants (Kovats *et al.*, 2001). De plus, la vérification des prédictions pour le futur est par essence pour le moment impossible (Rogers & Randolph, 2006).

Mais le changement climatique, très souvent incriminé, n'est sans doute pas le facteur principal de la réémergence des maladies ; les facteurs principaux seraient plutôt liés aux changements socio-démographiques et aux autres modifications environnementales (Gubler *et al.*, 2001 ; Gubler, 2002 ; Reiter, 1998, 2001 ; Rodhain, 2003), notamment en ce qui concerne le paludisme (Hay *et al.*, 2002a ; Hay *et al.*, 2002b ; Martens & Hall, 2000 ; Rogers & Randolph, 2000). Ces facteurs ont vraisemblablement des impacts différents selon les échelles d'étude ; ainsi à une échelle continentale le climat peut être une bonne variable prédictive de la distribution de certaines maladies, alors qu'à une échelle locale d'autres facteurs environnementaux pourraient être plus importants (Kovats *et al.*, 2001).

Dans le contexte actuel d'émergence et de réémergence de maladies, notamment vectorielles, liées principalement aux changements environnementaux, il paraît essentiel de mieux caractériser le lien entre maladie et environnement. La géomatique\* regroupe l'ensemble des disciplines (télédétection, informatique, cartographie, photogrammétrie, géodésie...) et moyens informatiques permettant de représenter, d'analyser et d'intégrer des données géographiques. Elle peut donc contribuer à apporter des informations environnementales et à analyser le lien entre environnement et maladie. Ses applications en épidémiologie sont en plein essor à cause d'une part du contexte épidémiologique et d'autre part des progrès technologiques dont elle a bénéficié (concernant en particulier la diversification et l'amélioration des capteurs satellitaires et des outils informatiques) (Beck *et al.*, 2000 ; Hay *et al.*, 1998a).

Dans ce travail de thèse, une démarche associant géomatique et épidémiologie est proposée afin de caractériser le lien méconnu entre l'environnement et une maladie émergente dans un nouveau territoire. La fièvre catarrhale ovine, maladie animale vectorielle, a été choisie comme modèle en raison des questions soulevées par son émergence récente dans le bassin méditerranéen. Dans cette région, son principal vecteur, *Culicoides imicola*, est un moucheron d'origine sub-saharienne. Ainsi, cette étude porte sur les caractéristiques environnementales favorisant l'implantation de ce vecteur exotique et la survenue de la

maladie qu'il transmet. L'élaboration de cartes prédictives de distribution de la maladie et du vecteur peut permettre à terme de cibler les actions de surveillance, de prévention et/ou de lutte.

La première partie de ce travail présente un état de l'art sur les applications de la géomatique à l'épidémiologie (chapitre 1) et introduit les caractéristiques principales de l'épidémiologie de la fièvre catarrhale ovine (chapitre 2) et de ses vecteurs (chapitre 3). Les modèles déjà existants sont présentés afin de dégager des propositions de travail (chapitre 4).

La seconde partie de ce travail est consacrée à l'élaboration de deux démarches parallèles visant à caractériser l'environnement favorable à la maladie, d'une part, et à son vecteur, d'autre part. Les données environnementales utilisées sont présentées dans le chapitre 5. Puis les approches mises en œuvre sur la maladie (chapitre 6) et sur le vecteur (chapitres 7 et 8) sont détaillées. Les cartes d'aléa issues de ces modèles ainsi qu'une discussion générale clôturent cette partie (chapitre 9).

Enfin, une conclusion générale présente des réflexions et des propositions sur l'intégration des outils géomatiques pour la surveillance des maladies.

De par la nature interdisciplinaire du travail de thèse, ce mémoire s'adresse à des lecteurs d'horizons différents. Afin de faciliter la lecture, un glossaire regroupe à la fin du document les termes techniques, qu'ils soient botaniques, entomologiques, épidémiologiques, statistiques, ou géomatiques.

## **Première partie**

### **Introduction : état de l'art et contexte scientifique**

*Cette première partie détaille la démarche permettant d'établir les liens entre image satellitaire, environnement et maladie ou son vecteur (chapitre 1). Puis sont présentés l'épidémiologie de la maladie choisie comme modèle, la fièvre catarrhale ovine, et les éléments de bio-écologie de son principal vecteur en Corse, *Culicoides imicola* (chapitres 2 et 3). Enfin, les modèles déjà existants de répartition de la maladie et de son vecteur sont détaillés et les limites de ces modèles sont discutées. Suite à cet état de l'art, nous proposons une approche complémentaire pour mieux comprendre les variations locales observées de distribution de la maladie et de son vecteur en Corse (chapitre 4).*

# Chapitre 1

## Géomatique, environnement et épidémiologie

*Les applications de la géomatique à l'épidémiologie se sont beaucoup développées ces dernières années du fait de l'importance des facteurs environnementaux<sup>3</sup> dans l'émergence d'un grand nombre de maladies, et grâce aux progrès techniques des satellites, des capteurs et des capacités des traitements informatiques. Ces applications sont possibles parce que des liens peuvent être établis entre i) l'imagerie satellitaire, ii) l'environnement et iii) les maladies ou leurs vecteurs. Ces trois éléments et leurs liens sont décrits successivement. En fonction de l'objectif de ces applications, les données de télédétection et les méthodes employées sont différentes, comme l'illustrent les trois exemples de la partie 4 de ce chapitre. Après avoir discuté de certaines limites de ces approches, la démarche générale suivie pour cette thèse est brièvement présentée.*

Selon la définition publiée au Journal Officiel du 25/09/1984, la télédétection est « l'ensemble des connaissances et techniques utilisées pour déterminer les caractéristiques physiques et biologiques d'objets par mesures effectuées à distance, sans contact matériel avec ceux-ci ». Cette technologie est née lors des premières prises de vue photographiques en ballon par Nadar en 1855 et a réellement pris son essor lors du développement de l'aviation puis lors de la mise en orbite des premiers satellites. Depuis les années 1960, les capteurs de télédétection embarqués sur des satellites artificiels n'ont cessé de se diversifier, permettant de caractériser l'environnement à différentes échelles spatiales, temporelles et spectrales. En parallèle, les domaines d'applications, les moyens et les méthodes de traitement de l'information recueillie se sont considérablement développés.

Deux conditions sont nécessaires pour appliquer les outils géomatiques à l'épidémiologie : i) il faut que la maladie soit liée à l'environnement et ii) que les éléments de l'environnement pertinents pour la maladie puissent être caractérisés par télédétection (Beck

---

<sup>3</sup>Au sens large, l'environnement « désigne tout ce qui entoure une entité spatiale abiotique ou vivante » (Ramade, 2002). Ici, ce terme sera surtout employé pour désigner la dimension biophysique du milieu dans lequel un organisme fonctionne.

*et al.*, 1994 ; Tran, 2004). Bien que ces conditions soient remplies pour un nombre important de maladies, et malgré l'essor actuel de ces applications, les SIG (systèmes d'information géographique) et la télédétection restent encore sous-utilisés en épidémiologie (Graham *et al.*, 2004a). Ce chapitre a pour objectif de présenter les étapes permettant d'appliquer les outils géomatiques à l'épidémiologie. Pour cela, deux liens doivent être établis (Curran *et al.*, 2000) : i) celui entre l'image (satellitaire ou aérienne) et l'environnement puis ii) celui entre l'environnement et la maladie ou son vecteur. Ces trois éléments (image, environnement et maladie/vecteur) et leurs liens sont décrits ci-après.

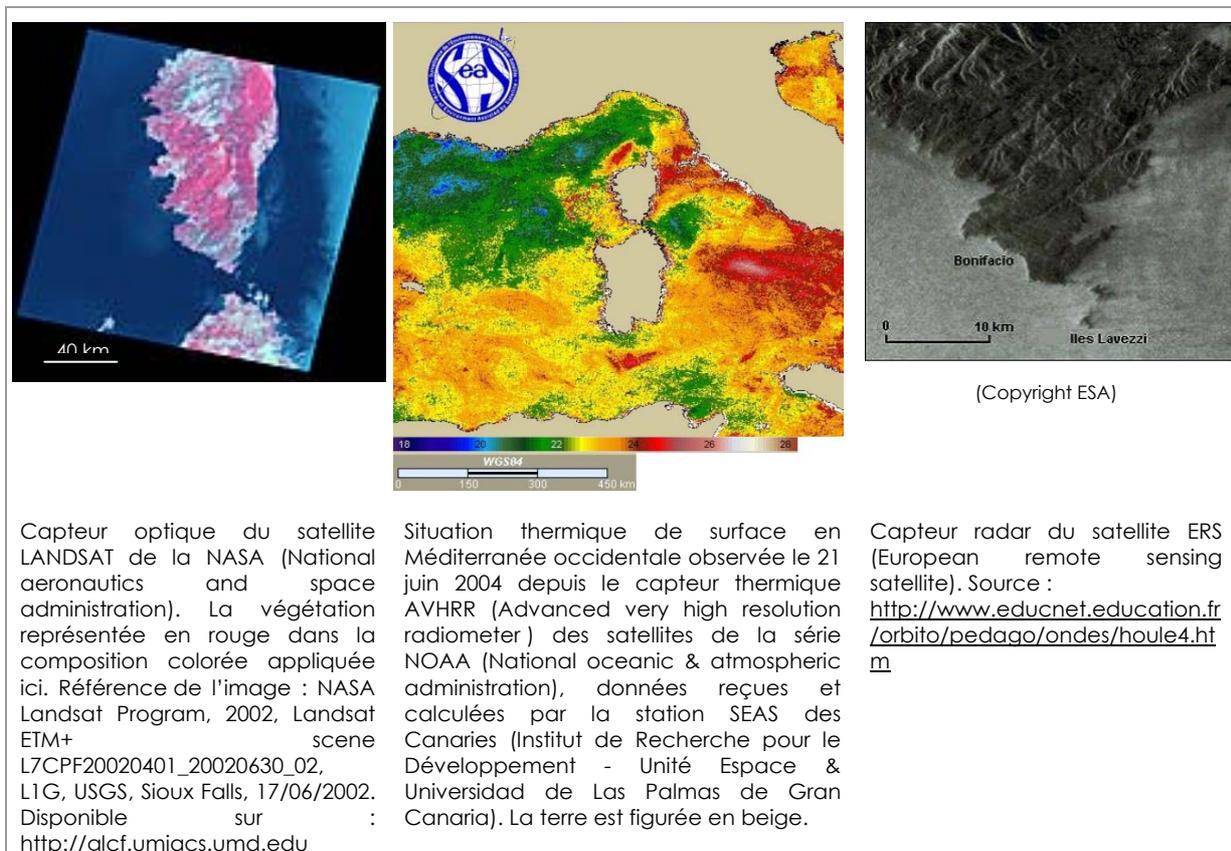
## **1. Image**

Les premières données utilisées en télédétection étaient des photographies argentiques aériennes puis satellitaires. Ces photographies ont maintenant été largement remplacées par des images numériques. Ces images numériques sont structurées sous forme de matrices spatialisées qui contiennent une information sur le rayonnement électromagnétique émis ou réfléchi par les objets détectés. Ces images sont obtenues grâce à différents capteurs embarqués sur des drones, des hélicoptères, ou plus fréquemment des avions ou des satellites. Il existe une grande variété d'images qui peuvent être décrites selon trois caractéristiques fondamentales : l'information spectrale mesurée et les résolutions spatiale et temporelle.

### ***1.1. L'information spectrale***

Les ondes du spectre électromagnétique se différencient selon leur longueur. En télédétection, le rayonnement électromagnétique est le plus souvent mesuré dans le visible, le proche et le moyen infrarouge, l'infrarouge thermique et le radar (domaine des hyperfréquences, c'est à dire les ondes qui traversent l'atmosphère) (Robin, 2002). Les images peuvent ainsi être acquises avec des capteurs optiques, thermiques ou radars (figure 1). Les capteurs optiques et thermiques sont « *passifs* » car ils mesurent la réflexion des ondes émises par le soleil et les ondes naturelles émises ou réfléchies par les objets à la surface de la Terre. À l'inverse, les capteurs radars sont « *actifs* » car ils émettent des ondes et en recueillent l'écho, ce qui leur donne l'avantage de pouvoir être utilisés de jour comme de nuit et d'être moins sensibles à la couverture nuageuse.

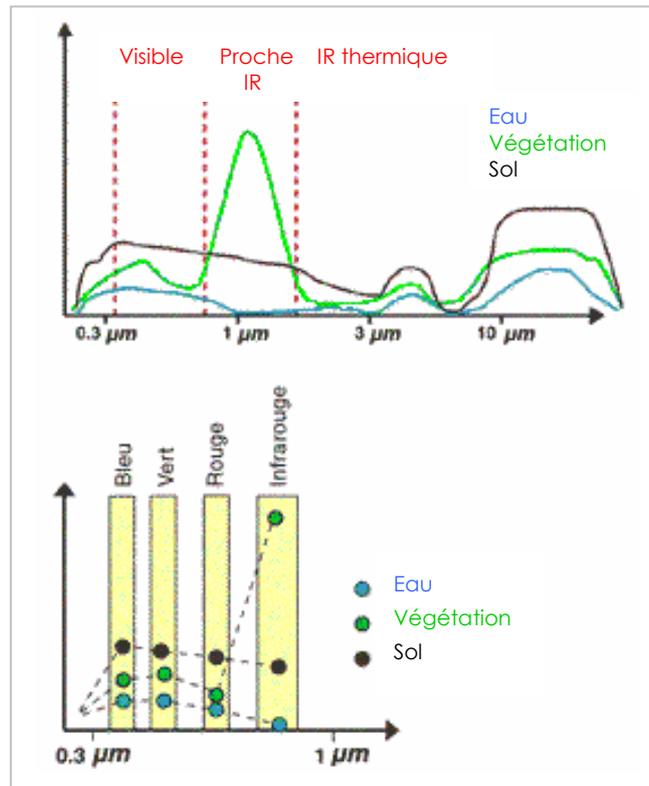
Figure 1 : Images et produits de la région de Corse issus i) d'un capteur optique, ii) d'un capteur thermique et iii) d'un capteur radar.



Au sein de ces trois catégories (optique, thermique, radar), l'information peut être mesurée dans une ou plusieurs bandes spectrales (gamme de longueurs d'ondes). Ainsi une image est dite i) « *panchromatique* » si elle mesure le rayonnement dans une seule gamme de longueurs d'ondes, ii) « *multispectrale* » si l'information est mesurée dans plusieurs gammes de longueurs d'ondes ou iii) « *hyperspectrale* » si l'information est mesurée dans un très grand nombre de bandes spectrales (par exemple, le capteur AVIRIS Airborne Visible/Infrared Imaging Spectrometer acquiert des informations dans 224 bandes spectrales).

L'objet étudié détermine l'information spectrale à mesurer. Par exemple, l'occupation du sol peut être mesurée par des capteurs optiques, la température de surface par des capteurs thermiques, et la pente, l'humidité ou la rugosité du milieu par des capteurs radars. Pour caractériser un objet, et donc le distinguer des autres, il est parfois nécessaire de mesurer le rayonnement dans plusieurs longueurs d'ondes. On obtient ainsi un profil (constitué d'une combinaison originale d'intensités variées à des longueurs d'ondes distinctes (Robin, 2002)) appelé « *signature spectrale* » propre à l'objet (figure 2).

Figure 2 : Signature spectrale de l'eau, de la végétation et du sol. Source : EO Edu, Petit Guide de télédétection, publié par TELSAT (programme belge de recherche en observation de la Terre) disponible sur <http://telsat.belspo.be/beo/fr/guide/index.htm>



### 1.2. La résolution spatiale

La résolution spatiale (ou la capacité à distinguer deux objets voisins) d'une image est liée à la taille des pixels (*picture elements*) constituant l'image. Pour les images obtenues à partir de satellites civils, la taille des pixels peut varier de quelques dizaines de centimètres (pixel de 61 cm de côté pour les images prises par le satellite Quickbird) à plusieurs kilomètres (pour les satellites météorologiques notamment). Plus la résolution spatiale d'une image est fine, plus petite est la fauchée (largeur de la zone couverte par l'image). Ainsi une image Quickbird aura une fauchée de 16,5 km alors que les images des satellites de la NOAA (National oceanic & atmospheric administration) ont une fauchée de 3 000 km. Ainsi un compromis entre résolution spatiale et fauchée devra être trouvé en fonction de l'objet et de l'échelle d'étude.

### 1.3. La résolution temporelle

La résolution temporelle (ou répétitivité ou cycle orbital) correspond à la fréquence avec laquelle un satellite va pouvoir acquérir la même scène. Les résolutions spatiale et temporelle

sont inversement liées : une résolution temporelle fine (répétitivité importante) ne pourra être obtenue que pour des images à basse résolution spatiale, et inversement. Par exemple, le satellite Quickbird a une résolution temporelle de 20 jours alors que les satellites de la NOAA revisitent chaque scène 2 fois par jour. Ainsi, selon les objectifs visés, il faudra trouver le meilleur compromis entre résolutions spatiale et temporelle.

## **2. Environnement**

L'environnement peut être caractérisé à partir d'une image soit i) en utilisant directement l'information sur la luminance (quantité d'énergie reçue par le capteur), soit ii) en quantifiant certaines caractéristiques environnementales au travers de grandeurs physiques, d'indices ou d'indicateurs ou iii) en réalisant une classification afin d'identifier des types d'occupation du sol (Curran *et al.*, 2000).

### **2.1. Utilisation directe de la luminance**

L'utilisation de la luminance est directe (et donc rapide) et évite d'appliquer une vision anthropocentrique des éléments du paysage (Foltête *et al.*, 2000). Néanmoins, les résultats sont plus difficiles à interpréter car la maladie (ou le vecteur) est directement mise en correspondance avec une valeur (ou un ensemble de valeurs) de radiométrie dans une certaine gamme du spectre électromagnétique.

### **2.2. Utilisation de grandeurs physiques, d'indices et d'indicateurs**

Il existe des modèles permettant de relier des valeurs radiométriques, mesurées par les capteurs dans les longueurs d'ondes de l'infrarouge thermique, avec des grandeurs physiques telles que les températures de surface de la mer (*SST : sea surface temperature*) ou de la terre (*LST : land surface temperature*).

De nombreux indices (nombre issu du rapport entre deux grandeurs mesurables) et indicateurs (variable mesurant ou appréciant un état ou une évolution et fournissant des renseignements sur d'autres variables plus difficiles d'accès) ont été développés pour quantifier certains éléments de l'environnement. Ils permettent par exemple d'estimer la biomasse ou la turbidité de l'eau.

Un des indices les plus fréquemment utilisés en épidémiologie est le NDVI\*, indice de végétation à différence normalisée (Tucker, 1979). Cet indice est défini comme le quotient

$(PIR - R)/(PIR + R)$  où PIR et R sont les réflectances de l'énergie solaire mesurées dans le proche infrarouge et dans le rouge. Les indices de végétation (tels que le NDVI) permettent de différencier très nettement les sols nus de la végétation puisque ces catégories d'occupation du sol réfléchissent cette énergie de manière très différente et ont donc des réponses spectrales très contrastées dans ces longueurs d'ondes (Hay, 2000 ; Jackson & Huete, 1991). En révélant l'activité chlorophyllienne de la végétation, le NDVI permet également de distinguer la végétation dense, saine et active (ayant une photosynthèse importante), de la végétation sénescente ou malade (Hay, 2000). Dans certaines conditions, il peut aussi constituer un indicateur de biomasse végétale (Tucker *et al.*, 1983), de pluviométrie (Rogers & Randolph, 1991) et peut être corrélé à l'évapotranspiration (Cihlar *et al.*, 1991) ou à l'humidité du sol (Farrar *et al.*, 1994). Il a été associé à de nombreuses maladies ou vecteurs, notamment à différentes espèces de glossines (Hendrickx *et al.*, 1999 ; Rogers & Randolph, 1991, 1993 ; Rogers *et al.*, 1996) et de tiques (Eisen *et al.*, 2006 ; Estrada-Pena, 1999 ; Ogden *et al.*, 2006 ; Randolph, 2000 ; Rogers & Randolph, 1993), au paludisme (Brooker *et al.*, 2006 ; Hay *et al.*, 1998b), à la fièvre de la vallée du Rift (Anyamba *et al.*, 2001 ; Linthicum *et al.*, 1987 ; Linthicum *et al.*, 1999), à l'infection des rongeurs par le Hantavirus (Boone *et al.*, 2000), à la schistosomiase urinaire (Brooker *et al.*, 2001) et intestinale (Bavia *et al.*, 2001), ou encore à la fièvre catarrhale ovine (Baylis *et al.*, 1998 ; Baylis & Rawlings, 1998 ; Baylis *et al.*, 1999 ; Baylis *et al.*, 2001 ; Purse *et al.*, 2004 ; Tatem *et al.*, 2003).

Le CCD (*Cold Cloud Duration*) est un indicateur également utilisé en épidémiologie et lié à la pluviométrie. Il est obtenu en analysant la durée de présence et la température des nuages : il correspond à la durée pendant laquelle un pixel est couvert par des nuages dont la température de la surface supérieure est en dessous d'un seuil mesuré dans l'infrarouge thermique.

Il existe de nombreux autres indices et indicateurs de température, de végétation ou d'humidité utilisés en épidémiologie (Goetz *et al.*, 2000 ; Hay, 2000) ; d'autres exemples sont présentés dans le chapitre 4 (paragraphe 2.2.2.2). De plus, selon les modalités de mesure (pas de temps) et les statistiques (critères de position ou de dispersion) appliquées à ces indicateurs, de nouveaux indicateurs peuvent être construits. Par exemple, en réalisant une transformée de Fourier sur une série temporelle d'images, on peut construire des indicateurs temporels relatifs aux phases et amplitudes des cycles annuels, bi- ou tri- annuels de certains indicateurs (Rogers & Randolph, 2003). Cette méthode a notamment été appliquée pour prédire la distribution des vecteurs des trypanosomoses (Rogers *et al.*, 1996), du paludisme

(Hay *et al.*, 1998b ; Rogers *et al.*, 2002) et de la fièvre catarrhale ovine (Baylis *et al.*, 2001 ; Purse *et al.*, 2004 ; Roger *et al.*, 2003 ; Roger, 2002 ; Tatem *et al.*, 2003).

### **2.3. Identification de l'occupation du sol par classification des images**

L'environnement peut aussi être caractérisé qualitativement en réalisant une carte d'occupation du sol à partir d'images satellitaires ou de photographies aériennes. Cette démarche est fondamentale en épidémiologie mais aussi dans de nombreux autres domaines d'application (agronomie, foresterie, urbanisme...) car elle permet de passer d'informations sur la luminance à des classes d'occupation du sol plus simples à conceptualiser. Dans son article de revue sur l'apport de la télédétection en santé, Beck *et al.* (2000) présentent de nombreux exemples de types d'occupation du sol (tels que les cultures, la forêt ou les surfaces en eau) pouvant être reliés à l'épidémiologie de maladies humaines.

Pour cartographier l'occupation du sol, différentes méthodes de classification peuvent être utilisées. Toutes les méthodes reposent sur un processus permettant de regrouper au sein de mêmes classes les pixels qui possèdent des caractéristiques semblables.

#### **2.3.1. Interprétation visuelle versus analyse numérique**

On peut tout d'abord distinguer l'interprétation visuelle des méthodes d'analyse numérique. L'interprétation visuelle nécessite une connaissance d'expert de la zone à cartographier. Même si l'exactitude des résultats peut être élevée, la méthode reste subjective, difficile à mettre en œuvre lorsqu'il y a beaucoup de données à traiter (un nombre important d'images par exemple), et ne permet pas d'assurer la standardisation dans le temps et dans l'espace (Curran *et al.*, 2000). L'analyse numérique est plus objective et permet de mieux utiliser toutes les données disponibles : l'ensemble des canaux de l'image ainsi que les autres sources éventuellement disponibles (relatives au relief ou à la pédologie par exemple). C'est pourquoi l'analyse numérique est plus fréquemment mise en œuvre.

#### **2.3.2. Classifications numériques : méthodes non supervisées ou supervisées**

Parmi les méthodes de classification numérique, on différencie classiquement les classifications non supervisées, automatiques et ne nécessitant aucune connaissance *a priori* du terrain, et les classifications supervisées pour lesquelles l'utilisateur doit définir le nombre et la nature des classes qu'il souhaite obtenir et fournir des échantillons d'apprentissage (ou de référence).

### 2.3.2.1. Classifications non supervisées

Bien qu'il existe plusieurs types de classifications non supervisées, les algorithmes sur lesquelles elles se fondent sur le même principe : les pixels ayant des propriétés spectrales similaires sont agrégés pour former des classes. Le principal inconvénient de cette approche est la nécessité pour l'utilisateur de légènder les classes après classification, lesquelles n'ont pas toujours de signification biologique. Néanmoins, ces méthodes peuvent être très rapides et utiles si l'élément recherché apparaît dans les groupes proposés (Girard & Girard, 1999). Elles peuvent notamment être utilisées en première étape d'une classification si l'on veut distinguer des éléments très différents tels que la mer de la terre.

### 2.3.2.2. Classifications supervisées

Les classifications supervisées sont généralement plus longues à réaliser car elles nécessitent un recueil préalable d'informations sur les échantillons d'apprentissage. Ces derniers servent de référence pour caractériser chaque classe ; le reste de l'image étant ensuite classé par analogie avec ces classes de référence. Ces méthodes peuvent être décomposées en trois étapes (Curran *et al.*, 2000).

La première étape consiste à définir les classes d'occupation du sol que l'on souhaite cartographier et à relever sur le terrain des parcelles d'apprentissage pour chacune des classes. Au sein d'une classe, les parcelles doivent être les plus homogènes possibles. Chaque classe va ainsi être caractérisée par un ensemble de propriétés définies par les parcelles d'apprentissage. Ces propriétés sont le plus souvent relatives aux caractéristiques spectrales des parcelles, mais d'autres propriétés, comme la texture (distribution spatiale des niveaux de gris pouvant décrire des motifs répétés dans l'image tels que l'alternance de rangs de vignes ou l'aspect cotonneux de la canopée d'une forêt de feuillus), le contexte ou des informations auxiliaires (par exemple le relief), peuvent également être prises en compte. L'utilisation de données auxiliaires peut se révéler très utile et permet parfois de réduire le nombre de parcelles d'apprentissage nécessaire (Foody & Mathur, 2004).

Lors de la deuxième étape, un algorithme de classification permet de classer les autres pixels de l'image dans la classe à laquelle ils ressemblent le plus en fonction de leurs propriétés. Il existe plusieurs types de classifications selon l'algorithme utilisé. Les types les plus fréquents sont les classifications i) de type métrique par distance minimale aux centres des classes (le pixel est classé dans la classe dont il est le plus proche en terme de distance aux centres des classes de référence), ii) de type arithmétique par hypercube (en définissant des bornes ou des seuils pour définir les classes) et iii) de type statistique par maximum de

vraisemblance (pour chaque pixel est calculée la probabilité d'appartenance aux différentes classes ; si la probabilité maximale d'appartenance dépasse un seuil défini par l'utilisateur, le pixel sera classé dans la classe correspondante, sinon il ne sera pas classé). La méthode de classification par maximum de vraisemblance permet de minimiser les risques d'erreur en utilisant au mieux les probabilités d'appartenance (Girard & Girard, 1999). Beaucoup de travaux portent sur ces algorithmes de classification, notamment sur l'apport de la logique floue, qui permet d'estimer l'appartenance d'un pixel à une classe non plus de façon booléenne mais en attribuant une valeur comprise entre 0 et 1 en fonction d'une règle d'appartenance. Cette règle d'appartenance décrit la relation entre l'attribut permettant de classer le pixel dans une classe et l'appartenance de ce pixel à cette classe. Elle peut prendre différentes formes, par exemple une relation sous forme de singleton, de seuil ou de courbe linéaire, gaussienne, en V, ou en S. De nouvelles approches comme les réseaux neuronaux sont actuellement développées et devraient prochainement être implémentées dans les logiciels classiques de traitement d'image. Quels que soient la méthode ou l'algorithme choisis, le résultat de la deuxième étape de la classification est une carte d'occupation du sol.

La dernière étape consiste à évaluer la précision de la classification à partir d'un nouveau jeu de parcelles de référence, les parcelles de validation, qui n'ont pas servi à réaliser la classification. Une matrice de confusion est construite afin de comparer, pour les parcelles de validation, la classe prédite par l'algorithme à la classe réelle observée sur le terrain (Curran *et al.*, 2000). Si la classification comporte trop de confusions, l'ensemble de la procédure est de nouveau mis en œuvre afin de l'améliorer.

Classiquement, les éléments classés sont les pixels (classification pixel à pixel ou CPP). Récemment, des méthodes de classification orientées objet (COO) ont été mises au point. Elles font appel à une première phase de segmentation de l'image en objets, puis les trois étapes de classification décrites ci-dessus (ou d'autres méthodes de classification) peuvent être appliquées non plus aux pixels mais aux objets segmentés. Les algorithmes de segmentation délimitent les objets en fonction de leur homogénéité. Le logiciel eCognition® par exemple va agréger de proche en proche les pixels voisins jusqu'à ce qu'un seuil d'hétérogénéité soit franchi. À ce moment le processus s'interrompt et l'objet est délimité. Un des intérêts de ces approches est que les objets peuvent être décrits avec un plus vaste choix d'attributs que les pixels (Benz *et al.*, 2004). Il est en effet possible d'intégrer dans les COO des informations sur la forme et la taille des objets ainsi qu'un nombre plus important que dans les CCP de variables relatives aux propriétés spectrales (moyenne ou écart-type de la luminance au sein d'un objet par exemple), texturales et topologiques (sur les objets voisins).

#### **2.4. Caractérisation du paysage à partir de l'occupation du sol**

Parmi les études cherchant à établir un lien entre occupation du sol et données épidémiologiques, les indicateurs environnementaux les plus fréquemment utilisés sont relatifs i) au type d'occupation du sol majoritaire ou correspondant à l'habitat connu d'un des acteurs du cycle épidémiologique (Boone *et al.*, 2000 ; Bouyer *et al.*, 2006 ; Eisen *et al.*, 2006 ; Guerra *et al.*, 2002 ; Jacob *et al.*, 2006 ; Keating *et al.*, 2004 ; Rizzoli *et al.*, 2002 ; Sithiprasasna *et al.*, 2005), ou encore ii) au pourcentage de surface couvert par ce type d'occupation du sol dans un voisinage donné (voisinage d'un cas malade ou d'un site de capture d'un vecteur ou d'un hôte intermédiaire) (Craig *et al.*, 2000 ; Hakre *et al.*, 2004 ; King *et al.*, 2004 ; Kitron *et al.*, 1996 ; Leblond *et al.*, 2007 ; Linard *et al.*, 2007 ; Minakawa *et al.*, 2005 ; Munga *et al.*, 2006 ; Pleydell *et al.*, 2004 ; Richards *et al.*, 2006 ; Wood *et al.*, 1992). En effet, ces deux variables, présence ou pourcentage de surface couverte par un type d'occupation du sol donné, sont facilement extraites avec les outils proposés dans les SIG (par exemple grâce à l'outil Spatial Analyst® sous ArcView®). Il existe pourtant une variété d'autres indicateurs pouvant caractériser l'occupation du sol. Ces indicateurs ont été développés et sont largement utilisés en écologie du paysage mais restent, à quelques exceptions près (Allan *et al.*, 2003 ; Estrada-Pena, 2002 ; Graham *et al.*, 2004b ; Jackson *et al.*, 2006 ; McKenzie *et al.*, 2002), rarement utilisés en épidémiologie (Ostfeld *et al.*, 2005).

L'écologie du paysage, discipline reliant l'écologie et la géographie (Burel & Baudry, 1999), étudie les interactions entre les structures spatiales et les processus écologiques (Turner, 2005). Cette approche s'est développée dans plusieurs domaines tels que l'agronomie, l'anthropologie, l'aménagement du territoire ou la biologie de la conservation (Burel & Baudry, 1999). Un de ces objets d'étude est la quantification des effets de la composition et de la structure des paysages sur l'habitat (Turner, 2005). Cet objet a été largement étudié dans le domaine de la conservation de la faune sauvage (Constible *et al.*, 2006 ; Luoto *et al.*, 2002 ; Rogers *et al.*, 2006 ; Schadt *et al.*, 2002), notamment chez les oiseaux (Fearer & Stauffer, 2003 ; Hazler *et al.*, 2006 ; Jacquin *et al.*, 2005 ; Magness *et al.*, 2006 ; Mörtberg & Karlström, 2005 ; Rodewald & Vitz, 2005).

Le terme « paysage » a de très nombreuses définitions (Burel & Baudry, 1999 ; Gulinck *et al.*, 2000 ; Laffly, 2005 ; Turner, 1989) selon les disciplines qui y font référence, la définition la plus simple étant sans doute celle de Turner (1989) : « secteur spatialement hétérogène ». Ce terme sera utilisé ici uniquement dans une approche issue de l'écologie du paysage, c'est-à-dire qu'il sera essentiellement fait référence aux « indices (ou indicateurs) paysagers » (tels que la fragmentation par exemple). Dans une telle approche, une carte d'occupation du sol est

conceptualisée comme une mosaïque d'entités (ou de « patchs ») d'occupation du sol (Kitron, 1998), une entité étant un polygone homogène d'un type donné d'occupation du sol. Les indices (ou indicateurs) paysagers (*landscape metrics*) développés en écologie du paysage quantifient la composition (abondance et variété des entités) et la structure spatiale (par exemple la fragmentation ou la connectivité) de cette mosaïque. Il existe un nombre infini d'indices et d'indicateurs paysagers, chaque utilisateur pouvant en définir de nouveaux plus pertinents en fonction de son objet d'étude. Des exemples d'indicateurs sont définis dans le chapitre 5.

*Il existe ainsi de multiples approches pour caractériser l'environnement : de façon directe via la luminance, ou de façon indirecte par des grandeurs physiques, des indices ou des indicateurs, ou encore, après classification, par des cartes d'occupation du sol et des indices ou indicateurs paysagers.*

### **3. Maladie et vecteur**

#### ***3.1. Lien entre environnement et maladie***

Comme souligné précédemment, la géomatique ne peut s'appliquer à l'épidémiologie que si l'environnement a une influence sur la maladie étudiée. Ce lien entre environnement et maladie est beaucoup moins bien décrit du point de vue du processus physique impliqué que celui entre image et environnement (Curran *et al.*, 2000). Dans le cas d'une maladie vectorielle, l'environnement peut exercer des influences à plusieurs niveaux : i) sur la biologie des hôtes, ii) sur celle des vecteurs et iii) sur celle du pathogène ainsi que iv) sur les interdépendances entre ces trois populations. L'effet sur les seuls vecteurs est lui-même très complexe, intégrant des effets sur l'habitat (présence, abondance, disponibilité des gîtes larvaires ou de repos) et sur le cycle de développement (durée du développement larvaire, survie des stades, fréquence de piqûre, dispersion). L'environnement a donc une forte influence sur la dynamique des populations de vecteurs. Étant donné la force de ce lien, on peut choisir de mettre en relation les données environnementales décrites à partir de l'image avec des données spatialisées concernant le vecteur. On peut aussi choisir d'utiliser des données spatialisées concernant la maladie même si, par essence, ce lien est moins direct que celui entre vecteur et environnement (Curran *et al.*, 2000). Travailler sur la maladie offre deux avantages : i) les données sur la maladie sont souvent plus faciles à recueillir que celles sur les

vecteurs et ii) elles intègrent les facteurs liés à l'exposition des hôtes (Jackson *et al.*, 2006 ; Linard *et al.*, 2007). Si les deux approches ne sont pas exclusives, elles sont rarement mises en œuvre en parallèle par la même équipe pour étudier à la fois la maladie et les vecteurs.

### **3.2. Données épidémiologiques sur la maladie et les vecteurs**

Dans une approche fondée sur la maladie, les données utilisées peuvent être le nombre de cas ou, de préférence, l'incidence\* ou la prévalence\*, qui ont l'avantage de tenir compte de la taille de la population totale et de l'hétérogénéité de sa distribution spatiale. Concernant les vecteurs, les données peuvent être analysées en termes de présence/absence ou d'abondance. Comme dans toute étude épidémiologique, la qualité de l'échantillonnage est fondamentale et le plan d'échantillonnage devra être adapté aux objectifs de l'étude (Toma *et al.*, 2001). Lorsqu'il n'est pas possible de recueillir des données exhaustives, l'étude devra s'attacher à être la plus représentative possible de la population étudiée. Comme toujours, le nombre d'observations déterminera la puissance de l'étude (sa capacité à mettre en évidence un lien statistique) et les marges d'erreur associées aux résultats.

### **3.3. Localisation des données épidémiologiques**

La localisation des données épidémiologique est l'un des points critiques du recueil des données. Il est généralement très difficile de connaître précisément le lieu d'exposition à cause, entre autres, de la mobilité des individus. Cette difficulté est d'autant plus marquée que l'échelle d'étude est fine. Ainsi, il est souvent nécessaire de poser l'hypothèse que les individus sont d'autant plus exposés qu'ils vivent à proximité d'un environnement à risque.

Les données épidémiologiques peuvent être recueillies de manière ponctuelle ou surfacique. L'entité ponctuelle la plus souvent choisie est le domicile (cas humain), l'élevage (cas animal) ou le lieu de capture (animal sauvage ou vecteur). Lors du recueil de données ponctuelles, l'étape de localisation des cas est souvent effectuée par GPS (global positioning system ou système de positionnement mondial) et peut s'avérer très coûteuse en temps. Pour des données surfaciques (définies pour un polygone), la localisation des hôtes est souvent définie selon des limites administratives, même si un zonage écologique est préférable. Grâce aux SIG, il est néanmoins possible de définir de nouvelles zones : par exemple Jackson (2006) définit des secteurs délimités par les routes car ces dernières peuvent constituer des barrières partielles pour les cervidés, hôtes de la maladie de Lyme.

Les données environnementales sont le plus souvent disponibles sous forme de surfaces, le pixel de l'image déterminant la taille de la plus petite surface pour laquelle l'information

pourra être disponible. La correspondance entre l'échelle de recueil des données épidémiologiques et l'échelle de caractérisation de l'environnement reste souvent délicate à gérer. De plus, comme indiqué dans la partie 1.3, un compromis entre résolutions spatiale et temporelle doit être établi. Ce compromis dépend essentiellement de l'objectif de l'étude, comme l'illustrent les exemples présentés dans la partie 4.2 de ce chapitre.

### ***3.4. Modélisation du lien entre environnement et maladie/vecteur***

Les données environnementales et épidémiologiques (concernant la maladie ou le vecteur) peuvent être mises en correspondance dans un SIG grâce à leurs attributs spatiaux. Pour lier ces données, deux types de modèles peuvent être utilisés : les modèles mécanistes et les modèles statistiques.

#### *3.4.1. Les modèles mécanistes*

Les modèles mécanistes, aussi appelés biologiques, supposent une connaissance *a priori* des lois déterminant le phénomène étudié, par exemple ici entre environnement et transmission d'une maladie. D'abord, ces liens sont transcrits sous forme d'équations mathématiques. Ensuite, des données expérimentales ou des observations de terrain peuvent être utilisées pour estimer certains paramètres du modèle ou pour tester la validité des lois établies. Enfin, ces modèles peuvent servir à quantifier l'effet de la variation de certains facteurs ou de mesures de contrôles sur le niveau de transmission. En épidémiologie, les modèles en compartiments sont très fréquemment utilisés. La population est scindée en différents groupes en fonction de leur statut sanitaire. Par exemple, les modèles SEIR répartissent les individus en quatre groupes : sensibles (S), en incubation (E), infectieux (I) et résistants (R). L'évolution au cours du temps du nombre d'individu dans chaque compartiment est définie par les paramètres de transition (temps de séjour dans chaque compartiment et coefficient de transmission du groupe infectieux). Classiquement, dans ces modèles, on quantifie le taux de transmission en utilisant le taux de reproduction de base, noté  $R_0$ , qui correspond au nombre attendu de cas secondaires suite à l'introduction d'un cas primaire dans une population vierge (Macdonald, 1952). Ainsi, ce taux  $R_0$  permet de déterminer si les conditions permettant la survenue d'une épidémie dans une population sont réunies ( $R_0 > 1$ ) ou non ( $R_0 < 1$ ) (Diekmann & Heesterbeek, 2000).

En épidémiologie, les modèles mécanistes spatialisés restent rares (Tran, 2004). En effet, ces modèles mécanistes spatialisés exigent d'avoir une connaissance très fine des phénomènes étudiés (Rogers & Randolph, 2006), ce qui limite pour l'instant leur utilisation dans le

domaine de la télédétection appliquée à l'épidémiologie, le lien entre environnement et transmission des maladies n'étant encore que très imparfaitement compris ou quantifié.

#### 3.4.2. Les modèles statistiques

Lorsque les connaissances biologiques sont incomplètes, les modèles statistiques sont préférables (Rogers & Randolph, 2006). Pour identifier les facteurs environnementaux liés à la maladie ou au vecteur, de nombreuses méthodes, très diverses, sont disponibles (Guisan & Zimmermann, 2000). On peut citer, entre autres, les régressions et modèles linéaires généralisés (GLM), les méthodes de classification, les réseaux neuronaux, les techniques d'ordination, les approches bayésiennes, les méthodes des enveloppes environnementales (Guisan & Zimmermann, 2000) ou les méthodes hybrides, faisant appel à des algorithmes génétiques (algorithme GARP : *Genetic algorithm for rule-set production*) pour généraliser des techniques plus classiques telles que les méthodes de modélisation de niche écologique (Stockwell & Peters, 1999).

La régression logistique est très souvent utilisée en épidémiologie et en écologie, notamment pour cartographier l'habitat potentiel d'une espèce (Rushton *et al.*, 2004). Cette méthode permet d'établir une relation entre une variable (dite « expliquée ») qualitative à deux classes et des variables explicatives qualitatives ou quantitatives (Hosmer & Lemeshow, 2000). Ainsi, ces modèles permettent d'étudier la présence ou l'absence d'une espèce (hôte, vectrice ou réservoir) ou encore le statut malade ou sain d'un individu (Bouyer, 1991a, 1991b).

Il existe de nombreuses approches pour sélectionner les variables à intégrer dans un modèle statistique (ce qui suppose de choisir les variables, leur codage et la façon de tenir compte d'éventuelles interactions) (Bouyer *et al.*, 1995) et ensuite pour choisir le « meilleur » modèle parmi une série de modèles candidats (Horne & Garton, 2006 ; Stephens *et al.*, 2005). Ces approches peuvent être automatiques (telles que les procédures pas à pas) ou non, purement statistiques ou intégrer d'autres critères (par exemple on peut vouloir « forcer » une variable dans un modèle). Le plus souvent, on recherche le meilleur compromis entre l'exactitude (adéquation entre la réalité observée et les résultats prédits par le modèle) et la parcimonie (nombre minimal de variables dans le modèle décrivant correctement la relation). De nombreux indicateurs sont disponibles pour apprécier ces qualités (Rogers, 2006). Selon les objectifs de l'étude, d'autres critères peuvent être pris en compte comme la précision du modèle (évaluant l'étendue du domaine de variation de chaque variable, due à un manque de connaissance ou à une incertitude) ou sa capacité à être généralisé (c'est-à-dire à être appliqué

ailleurs ou dans d'autres situations). Enfin, les performances du modèle peuvent être évaluées sur le jeu de données qui a servi à sa construction (validation interne) ou sur un nouveau jeu de données (validation externe). Une validation systématique des modèles doit être encouragée. Une fois le modèle validé, l'inversion de la relation statistique observée permet d'obtenir des cartes de risque ou la prédiction de périodes à risque.

## **4. Exemples d'applications de la géomatique à l'épidémiologie**

Une revue des caractéristiques des trois éléments que sont l'image, l'environnement et les données épidémiologiques (maladie ou vecteur) et les liens les unissant a été présentée dans les parties 1, 2 et 3 de ce chapitre. La présente partie vise à expliquer (4.1) et à illustrer (4.2) le déroulement de la démarche menée lorsqu'on applique des outils géomatiques à l'épidémiologie. Puis, les principales limites de ces approches sont discutées. Enfin, en conclusion, la démarche générale dans laquelle s'inscrit cette thèse est présentée.

### ***4.1. Déroulement de la démarche***

La définition de l'objectif de l'étude constitue naturellement le point de départ de la démarche. La question de recherche concernant la maladie ou le vecteur détermine le type et l'échelle des données environnementales à acquérir. Ensuite, l'image satellite sera choisie en fonction de ces indicateurs environnementaux à étudier. Ainsi, la démarche commence par la question épidémiologique, de laquelle découlent les caractéristiques environnementales à rechercher, et donc l'image (les images) à utiliser.

### ***4.2. Illustration de la démarche***

Pour illustrer cette démarche, trois exemples ont été choisis pour leurs différences en termes de question posée, d'échelle d'étude et d'images utilisées.

#### ***4.2.1. Exemple 1 : analyse temporelle des liens entre choléra et climat***

Afin d'étudier le déterminisme climatique des épidémies de choléra, Constantin de Magny *et al.* (2007a) ont mis en relation des séries épidémiologiques de cas de choléra au Ghana avec des séries temporelles d'indices climatiques et physiques obtenus par télédétection. Les phyto- et zoo-planctons peuvent constituer des réservoirs de *Vibrio cholerae*, l'agent pathogène responsable du choléra. Le climat pouvant influencer sur l'abondance et la survie du

plancton en mer, des paramètres environnementaux relatifs à la température de l'océan ont été ciblés. Ces paramètres devaient en outre être disponibles avec une fréquence temporelle élevée. Les images prises avec le capteur AVHRR (permettant d'acquérir des informations relatives à la température) embarqué à bord des satellites de la NOAA (permettant une acquisition d'images avec une fréquence temporelle élevée) ont donc été choisies. À partir de ces images, l'indice d'oscillation australe (SOI : South oscillation index, valeur de la différence de pression atmosphérique entre Tahiti et Darwin en Australie), l'indice de l'océan Indien (IOI, différence de pression atmosphérique entre les Seychelles et Darwin), et la température de surface de la terre et de la mer ont pu être extraits. Par ailleurs, la pluviométrie a été relevée.

Les résultats montrent qu'il y a une forte cohérence (paramètre proche de la corrélation, mais adapté aux phénomènes périodiques oscillants) entre l'incidence du choléra et l'IOI, la pluviométrie et la température de surface de la terre (Constantin de Magny *et al.*, 2007a). Les facteurs climatiques semblent donc être fortement associés à l'incidence du choléra, parfois avec une période de latence. Mieux caractériser ces liens permettrait de prédire quelles sont les périodes à risque de survenue d'épidémies et de mettre en place des mesures de prévention adéquates.

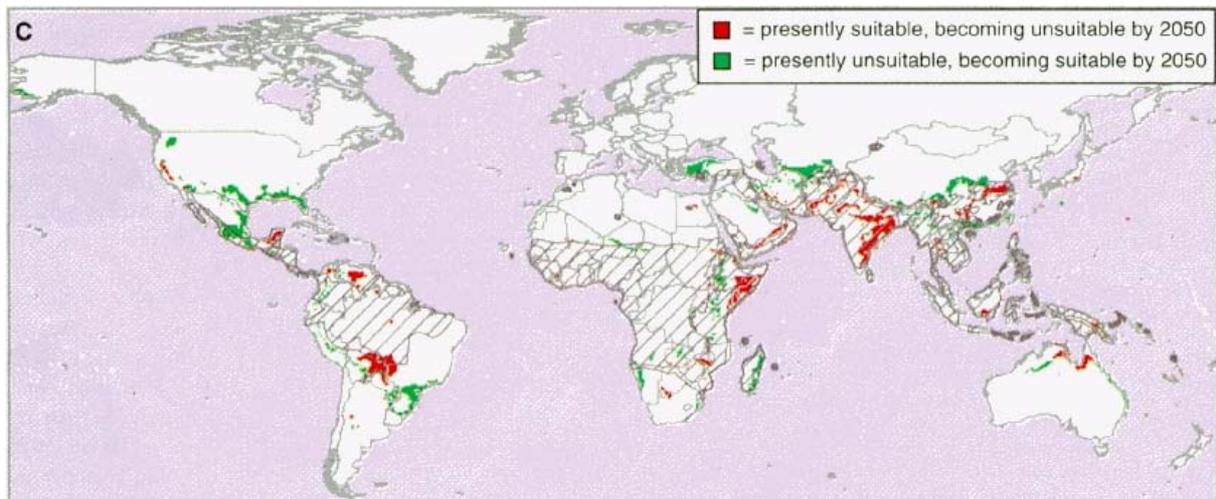
Dans cet exemple, la périodicité des épidémies de choléra est mise en évidence et peut être expliquée par des paramètres climatiques, en zone maritime. Cette étude a été menée à l'échelle nationale (Ghana), mais la large résolution spatiale des données satellitaires permet également de travailler à une échelle supranationale (plusieurs pays). La même équipe a d'ailleurs également révélé la cohérence entre la survenue de cas de choléra et l'IOI et la pluviométrie sur une zone incluant cinq pays d'Afrique de l'Ouest : la Côte d'Ivoire, le Ghana, le Togo, le Bénin et le Nigeria (Constantin de Magny *et al.*, 2007b).

#### *4.2.2. Exemple 2 : prédiction de la répartition spatiale du paludisme dans le monde en 2050 sous l'effet du changement climatique*

Dans un contexte où le lien entre climat et maladies vectorielles est largement débattu (Rogers & Randolph, 2006), Rogers & Randolph (2000) proposent de modéliser la distribution future (en 2050) du paludisme à l'échelle mondiale, sous l'effet de différents scénarios de changement climatique. La distribution actuelle du paludisme, obtenue auprès de l'OMS, est modélisée en fonction de variables climatiques mensuelles relatives à la température, à la précipitation et au déficit de pression de vapeur (VPD), obtenues à partir de satellites météorologiques à basse résolution spatiale (0,5 °) pour une période de 30 ans. Le

modèle ainsi obtenu est appliqué avec des scénarios de changement climatique réalisés par UK Hadley Center for Climatic Prediction and Research (s'appuyant eux-mêmes sur les scénarios du Groupe d'experts intergouvernemental sur l'évolution du climat, GIEC) pour produire des cartes de distribution du paludisme en 2050. Les résultats montrent que la distribution du paludisme n'est pas profondément modifiée, même avec le scénario le plus pessimiste (prévoyant un changement important du climat), (cf. figure 3 ci dessous) (Rogers & Randolph, 2000). Les régions du monde subissant les modifications les plus importantes sont celles situées aux limites de l'aire de répartition actuelle de la maladie.

Figure 3 : Régions du monde pour lesquelles Rogers *et al.* prédisent un changement de la distribution du paludisme en 2050 sous l'effet d'un scénario d'important changement climatique. (La probabilité de survenue du paludisme diminue de  $> 0,5$  à  $< 0,5$  en rouge ou augmente de  $< 0,5$  à  $> 0,5$  en vert. La zone hachurée correspond à la distribution actuelle du paludisme.) Source : Rogers D.J. & Randolph S.E., 2000, *Science*, **289** (5485): 1763-1766.



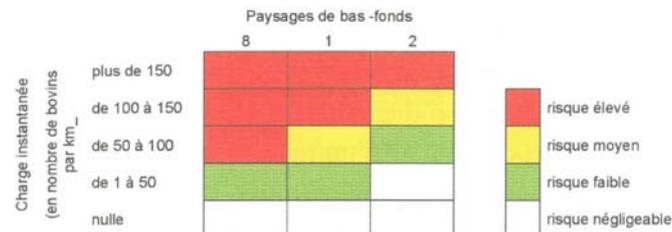
Dans cet exemple, la distribution mondiale du paludisme est liée à des paramètres climatiques, cette fois terrestres, avec pour objectif de décrire son éventuelle modification en fonction de scénarios de changement climatique.

#### 4.2.3. Exemple 3 : comprendre et identifier les espaces à risque de trypanosomose animale

Pour caractériser les espaces à risque de transmission de trypanosomose animale dans la zone agro-pastorale de Sidéradougou (Burkina Faso), de La Rocque *et al.* (2001b, 2001c) intègrent dans un SIG des informations relatives aux glossines vectrices et aux hôtes bovins. D'abord, les biotopes favorables à deux espèces de glossines vectrices sont caractérisés en

fonction des paysages de bas-fonds. Pour cela, une image à haute résolution spatiale, acquise par le satellite SPOT (Satellite pour l'observation de la Terre) est classée (classification supervisée par maximum de vraisemblance) en 13 unités. En intégrant des informations sur les structures végétales, hydrologiques, géomorphologiques et anthropiques, 8 unités de paysages de bas-fonds sont définies. Les densités des glossines observées au sein de ces unités permettent d'identifier celles qui leur sont les plus favorables. En parallèle, les zones d'usage (probabilités de présence) de chaque troupeau de la zone d'étude sont modélisée en fonction de la taille du troupeaux et de la localisation des parcs de nuits et des points d'eau fréquentés. En projetant les zones d'usage de tous les troupeaux sur un maillage géographique et en sommant les effectifs, une carte de densité de fréquentation de l'espace par les bovins est établie. Les zones à risque de transmission de trypanosomose sont définies comme l'intersection de l'espace des glossines et de l'espace des bovins en appliquant la grille de décision présentée dans la figure 4.

Figure 4 : Grille de décision pour l'identification des zones à risque de trypanosomose. Sources : de La Rocque *et al.*, 2001c, *Med Trop*, **61** : 365-371



Les résultats révèlent que 12 % du réseau hydrographique étudié appartiennent à la classe de risque maximale, 6 % à la classe de risque moyen, 13 % à la classe de risque faible et 69 % présentent un risque négligeable. Les résultats sont validés en mesurant le taux d'infection des glossines et la prévalence\* des trypanosomes dans les cheptels dans les différentes catégories de zones à risque. La démarche permet donc de cibler les mesures de lutte et de prévention dans les points épidémiologiques les plus dangereux (de La Rocque *et al.*, 2001b ; de La Rocque *et al.*, 2001c).

Dans cet exemple, la transmission de la maladie est liée à divers paramètres environnementaux terrestres. L'image satellitaire à haute résolution spatiale permet de décrire la végétation. En combinant ces informations à d'autres sources d'information (hydrologie, géomorphologie et anthropisation du milieu), des unités de paysages de bas-fonds sont définies puis reliées aux densités de glossines. Le SIG permet d'identifier l'intersection des

zones de présence des vecteurs et des hôtes et ainsi d'identifier et de comprendre les variations spatiales du risque de transmission à une échelle fine.

#### *4.2.4. Bilan des illustrations*

Comme l'illustrent ces exemples, le terrain et les problématiques épidémiologiques déterminent l'image satellitaire à utiliser. Le choix des variables environnementales est d'autant plus aisé que la maladie ou le vecteur sont bien connus. Néanmoins, l'application de telles démarches n'est possible que si ces variables environnementales peuvent être mesurées par télédétection. Malgré l'augmentation de la résolution spatiale des capteurs, certains objets, trop petits ou situés sous le couvert végétal, ne peuvent pas être détectés. D'autres indicateurs, indirects, doivent alors être choisis. Enfin, ces exemples illustrent aussi l'éventail important des échelles spatiales et temporelles couvertes par de telles approches.

### ***4.3. Principales limites liées à l'application de la géomatique en épidémiologie***

#### *4.3.1. Limites des connaissances sur l'éco-épidémiologie des maladies*

Les connaissances sur l'épidémiologie sont souvent incomplètes, en particulier lors de l'émergence d'une maladie dans un nouveau contexte écologique géographique ou temporel. En effet, le lien entre la maladie et l'environnement peut être nouveau (cas de l'arrivée d'une maladie sur un nouveau territoire) ou s'être modifié (cas de l'augmentation de l'incidence dans une zone où la maladie était déjà présente), et il est alors important de le caractériser.

De telles limites se répercutent sur i) le type de modèle utilisé et ii) l'explication écologique qui en découle. Il est rare de disposer de suffisamment de connaissances pour établir des modèles mécanistes de l'influence de l'environnement sur les maladies (*cf.* partie 3.4 de ce chapitre). Les modèles statistiques sont alors très utiles pour mettre en évidence des liens statistiques entre des images satellitaires et la maladie ou son vecteur. Néanmoins, dans un tel contexte (manque de connaissances sur l'écologie de la maladie ou du vecteur), ce lien reste souvent difficile à expliquer. Or, obtenir une explication biologique du lien statistique observé est nécessaire pour mieux comprendre les modalités de transmission de la maladie. Cela permet également de savoir si ce lien est susceptible d'exister dans d'autres contextes géographiques ou temporels et ainsi apprécier si le modèle pourra être appliqué ailleurs. Enfin, ce n'est qu'une fois les liens de causalité établis que des modèles mécanistes peuvent être explorés.

#### *4.3.2. Difficultés liées à l'interdisciplinarité*

Ces approches nécessitent une forte collaboration entre épidémiologistes, entomologistes, écologues et géomaticiens. La connaissance la plus approfondie possible de l'écologie et de l'épidémiologie de la maladie ou de son vecteur est souhaitable pour définir les indicateurs environnementaux pertinents. De même, une bonne connaissance des outils et méthodes géomaticiennes permet d'exploiter le maximum de l'information contenue dans l'image et de ne pas se limiter aux indicateurs environnementaux les plus usuels. Les questions scientifiques de recherche doivent concerner l'objet épidémiologique mais aussi les concepts, outils et méthodes géomaticiennes et de modélisation. Or, cette phase de recherche sur les indicateurs géomaticiens et sur les modèles les plus adaptés est rarement effectuée en parallèle. L'indispensable dialogue entre les disciplines doit être renforcé.

#### *4.3.3. Complémentarité des différentes approches*

Une échelle spatiale fine exclut une échelle temporelle fine et inversement, les capteurs ne permettant pas d'acquérir des images à hautes résolutions spatiale et temporelle (limite technologique des capteurs). Néanmoins, très peu d'études explorent des intégrations multi-échelles. De même, les approches sur la maladie et sur le vecteur sont rarement combinées. Une des principales difficultés provient sans doute de la diversité des données, outils et méthodes à recueillir et à mettre en œuvre dans les différentes approches. Il est en effet difficile de i) recueillir des données spatiales et temporelles (en quantité et qualité suffisante) et ii) de maîtriser l'ensemble des techniques. Une autre limite est vraisemblablement imposée par les coûts d'acquisition des données épidémiologiques et satellitaires. Réaliser en parallèle les approches maladie et vecteur peut pourtant permettre de mieux comprendre le système épidémiologique en place et simuler l'impact de mesures de contrôle combinées, comme les actions de désinsectisation et/ou de vaccination.

En conclusion, cette thèse ne prétend pas répondre à toutes les limites techniques et surtout méthodologiques passées en revue, mais tente seulement, dans la mesure du possible, de les prendre en compte.

#### **4.4. Démarche générale du travail de thèse**

Ce premier chapitre décrit le contexte épidémiologique actuel d'émergence ou de réémergence de maladies et il explique comment la géomatique peut contribuer à mieux caractériser le lien entre environnement et maladie et quelles en sont ses limites.

La démarche générale de la thèse est de développer une approche applicable à une maladie émergente pour laquelle le lien entre environnement et épidémiologie reste à explorer. Puisque ce lien n'est pas initialement déterminé, une démarche mécaniste ne peut pas être privilégiée. Nous proposons d'étudier la distribution spatiale d'une maladie émergente en portant une attention particulière à l'échelle d'étude et aux types d'indicateurs environnementaux (en intégrant notamment des indicateurs paysagers) de manière à pouvoir proposer des hypothèses écologiques pour mieux comprendre d'éventuels liens statistiques mis en évidence.

La fièvre catarrhale ovine, maladie vectorielle animale ayant récemment émergé en Europe, constitue un bon modèle pour cette approche car l'installation de son vecteur principal, *Culicoides imicola*, moucheron exotique, dans les écosystèmes du sud de l'Europe soulève de nombreuses questions. L'étude est centrée sur la Corse, récemment infectée (2000) et seul territoire métropolitain français où la maladie est présente au commencement de la thèse. Deux approches, sur la maladie et sur le vecteur, sont mises en parallèle et comparées.

Le chapitre suivant présente une synthèse sur l'épidémiologie de la fièvre catarrhale ovine et son émergence en Corse. Le troisième chapitre, consacré aux *Culicoides* vecteurs de la maladie, précise quelques caractéristiques de leur bio-écologie déterminant leur répartition. Le quatrième chapitre présente les modèles existants de répartition de la maladie et de ses vecteurs et la complémentarité du travail proposé dans cette thèse. À la fin de ce quatrième chapitre, les objectifs détaillés de la thèse sont exposés.

## *Résumé*

Dans le contexte épidémiologique actuel d'émergence ou de réémergence des maladies impliquant fréquemment des facteurs environnementaux, la géomatique, forte de progrès technologiques récents, apparaît comme un outil pertinent pour mieux décrire et comprendre le lien entre environnement et maladie, et ainsi prédire les zones et périodes à risque.

L'application de la géomatique à l'épidémiologie repose sur l'établissement de deux liens successifs : i) celui entre l'image et l'environnement, ii) puis celui entre l'environnement et la maladie ou son vecteur. Ces trois éléments (image, environnement et maladie/vecteur) et les liens les unissant sont passés en revue. Il apparaît qu'il existe une importante variété de données et de méthodes pour étudier le lien entre environnement et épidémiologie. La problématique épidémiologique constitue le point de départ de l'approche et définit les indicateurs environnementaux pertinents qui imposent le type d'image à acquérir. Trois exemples illustrent le déroulement et la variété des applications de la géomatique à l'épidémiologie. Enfin, quelques limites sont précisées.

La démarche générale proposée dans le cadre de cette thèse consiste à développer une approche pour caractériser le lien encore mal connu entre l'environnement et une maladie émergente dans un nouveau territoire. Elle prend soin d'adapter l'échelle d'étude et le type d'indicateurs environnementaux de manière à proposer des hypothèses écologiques pour mieux comprendre la distribution spatiale de la maladie. La maladie modèle choisie est la fièvre catarrhale ovine, en raison de son émergence récente en Europe et des questions soulevées par l'installation dans de nouveaux écosystèmes de son principal vecteur, originaire d'Afrique sub-saharienne.

Le chapitre suivant est consacré à l'épidémiologie de cette maladie.

## **Chapitre 2 :**

# **Épidémiologie de la fièvre catarrhale ovine et émergence en Corse**

*Ce chapitre a pour objectif de présenter une synthèse sur l'épidémiologie de la fièvre catarrhale ovine. L'Europe, où la maladie a récemment émergée, est actuellement confrontée à une situation complexe et d'une ampleur sans précédent, impliquant notamment plusieurs vecteurs et de nombreux sérotypes viraux. Les spécificités de la situation épidémiologique rencontrée en Europe, et plus particulièrement en Corse, sont détaillées afin de faire ressortir les problématiques soulevées et ainsi situer le contexte du travail de thèse. Enfin, quelques éléments sur l'impact économique de la maladie sont présentés afin d'en souligner son importance.*

## **1. Épidémiologie de la fièvre catarrhale ovine**

### ***1.1. Définition et importance***

La fièvre catarrhale ovine (FCO) ou fièvre catarrhale du mouton (*bluetongue*) est une arbovirose\* des ruminants causée par un *Orbivirus* (*Reoviridae*) transmis par des moucheron femelles du genre *Culicoides* (Diptera : Ceratopogonidae). Elle affecte principalement les ovins et plus rarement les bovins et caprins.

L'importance de cette maladie tient à sa large répartition géographique, son potentiel de diffusion rapide et ses conséquences économiques majeures, ce qui justifie son inscription sur la liste des maladies à notifier à l'Organisation mondiale de la santé animale (anciennement Office internationale des épizooties, OIE) (OIE, 2006a).

### ***1.2. Historique***

La FCO aurait été mise en évidence à la fin du XIX<sup>e</sup> siècle en Afrique du Sud (Erasmus, 1985 ; Gorman, 1990), suite à l'introduction dans la colonie du Cap de moutons Mérinos sensibles à la maladie (Mellor, 2001). Le tableau clinique est pour la première fois décrit dans la littérature scientifique au début du XX<sup>e</sup> siècle (Hutcheon, 1902). En 1943, Du Toit met en évidence la transmission vectorielle\* de la FCO en infectant des moutons par piqûre de

*Culicoides imicola* (à l'époque appelé *C. pallidipennis*) gorgés 10 jours auparavant sur des moutons virémiques (Du Toit, 1944).

### **1.3. Agent pathogène**

L'agent pathogène est un virus de la famille des *Reoviridae*, genre *Orbivirus* (comme le virus de la peste équine, également transmis par les *Culicoides*). Il existe 24 sérotypes\* de virus qui ne présentent pas de protection croisée\*. La fragmentation du génome en 10 segments d'ARN pourrait expliquer ce grand nombre de sérotypes (Lefèvre, 2003). En affectant notamment les cellules de l'endothélium vasculaire, le virus entraîne des hémorragies et des œdèmes.

### **1.4. Modes de transmission et importance relative**

La transmission est quasi exclusivement vectorielle (Mellor *et al.*, 2000). Néanmoins, le virus pouvant être isolé à partir de la semence de taureaux en phase de virémie, l'exportation de semence à partir des pays infectés est interdite. De même, l'exportation d'ovules et d'embryons depuis les pays infectés est également interdite. D'un point de vue épidémiologique, ces modes de transmissions sont négligeables voire inexistantes ; seule la transmission vectorielle permet la diffusion et le maintien de la maladie.

### **1.5. Espèces affectées**

Chez les animaux domestiques, la maladie survient le plus souvent chez les ovins, elle est rare chez les bovins, caprins et dromadaires (Abu Elzein, 1985). Chez les ruminants sauvages, elle est le plus souvent asymptomatique bien que des formes cliniques soient décrites en Amérique du Nord<sup>4</sup> (Mellor, 2001). Des anticorps ont aussi été identifiés chez les éléphants d'Afrique (Formenty *et al.*, 1994) et d'Asie (Bhat *et al.*, 1998) ainsi que chez des carnivores (Alexander *et al.*, 1994), sans que le rôle épidémiologique de ces espèces n'ait été déterminé. Cette maladie n'affecte pas l'homme.

### **1.6. Tableau clinique et diagnostic**

Chez les ovins, la phase clinique revêt différentes formes selon les conditions d'élevage, les races ovines, le sérotype viral impliqué et, selon certains auteurs, des facteurs environnementaux tels que l'exposition au soleil (rayons ultraviolets), qui aggraverait le

---

<sup>4</sup> Des formes cliniques ont été décrites chez le cerf de Virginie (*Odocoileus virginianus*), le pronghorn ou antilope américaine (*Antilocapra americana*) et le mouflon des Rocheuses (*Ovis canadensis*) (Mellor, 2001)

tableau clinique (Gibbs & Greiner, 1988 ; Mellor, 2001). La forme inapparente est très fréquente chez les races rustiques d'Afrique ou d'Amérique du Sud. Les formes cliniques varient d'une légère hyperthermie à la mort. Elles surviennent après une incubation moyenne de 6 à 8 jours. Les principaux symptômes<sup>5</sup> sont une forte hyperthermie, des lésions buccales, un œdème de la face, un jetage et un ptyalisme\* abondants, une raideur des membres, des boiteries, une fonte musculaire importante, des avortements chez les femelles gestantes, ce tableau clinique pouvant se compliquer par une pneumonie ou une atteinte digestive (Baudoux *et al.*, 2003). La morbidité\* peut atteindre 80 % du troupeau. La mortalité survient dans les 10 à 12 jours suivant le début de la maladie. Elle est en moyenne de 5 à 10 % mais peut atteindre 50 % (Gibbs & Greiner, 1988). La convalescence des animaux est longue et ceux-ci ont une valeur économique très réduite (stérilité, retard de croissance, mauvaise qualité de la viande...). Erasmus (1975) propose une description détaillée des symptômes chez les ovins et caprins (Erasmus, 1975).

Pour la description des lésions et des éléments de diagnostic différentiel, nous recommandons au lecteur de se référer au Vademecum (Baudoux *et al.*, 2003), disponible en ligne (<http://blue-tongue.cirad.fr/Vademecum/Vademecum%20FCO.pdf>) et richement illustré. Le diagnostic repose sur des tests sérologiques ou virologiques (OIE, 2004b), les plus utilisés étant le cELISA (*competitive enzyme-linked immunosorbent assay*) et la RT-PCR (*reverse transcription polymerase chain reaction*). L'évaluation du test cELISA a montré qu'il peut être utilisé en zone indemne (pour le suivi de troupeaux sentinelles) et en zone infectée, mais dans ce cas il doit être répété sur un deuxième échantillon pris 10 à 14 jours après le premier (Biteau-Coroller *et al.*, 2006). Enfin, il faut noter que ce test ne permet pas de distinguer les anticorps post-infectieux des anticorps vaccinaux.

---

<sup>5</sup> Plus précisément, la forme aiguë comprend une forte hyperthermie pouvant atteindre 42 °C, associée à de l'anorexie et de l'abattement durant 4 à 8 jours. Un à deux jours après le début de la fièvre surviennent des signes congestifs, œdémateux et hémorragiques tels qu'une stomatite\* ulcéro-nécrotique, des œdèmes de la face, un ptyalisme\* abondant consécutif aux lésions buccales (avec une salivation sanguinolente et nauséabonde), un larmolement et un jetage séro-muqueux puis muco-purulent (Baudoux *et al.*, 2003). La cyanose de la langue, qui a donné son nom anglais à la maladie (*bluetongue*) est inconstante. Après 2 à 3 jours, des ulcérations buccales (gencives, langue, lèvres, museau) apparaissent. À partir du 6<sup>e</sup> jour, des arthrites et des lésions du bourrelet coronaire peuvent entraîner des boiteries prononcées, des myosites\* entraînent des raideurs des membres, des torticolis, une voussure du dos et une fonte musculaire importante (jusqu'à 40 % du poids). Enfin, des malformations congénitales et avortements peuvent survenir chez les brebis gestantes. Une chute de la laine peut également se produire (Baudoux *et al.*, 2003). Des complications secondaires graves peuvent s'ajouter à ce tableau (atteinte pulmonaire ou digestive).

### **1.7. Traitement, prévention et lutte**

Il n'y a pas de traitement de la FCO. Il est recommandé de mettre les animaux atteints au calme, à l'ombre, avec un accès facile à l'eau et aux aliments (FAO, 2005). Compte tenu de la transmission vectorielle, la prévention sanitaire est fondée sur l'isolement (voire l'abattage) des animaux infectés et malades et la lutte anti-vectorielle. L'utilisation d'insecticides est recommandée mais le plus souvent leur effet sur les *Culicoides* (efficacité immédiate et persistance d'activité) n'a pas été évalué. De même, l'effet de l'ivermectine (antiparasitaire et anthelminthique de la famille des avermectines) est discuté (Holbrook, 1994 ; Holbrook & Mullens, 1994 ; Standfast *et al.*, 1985). Du fait de l'abondance des vecteurs et de la méconnaissance de leur biologie, l'éradication des vecteurs est considérée comme impossible (Meiswinkel *et al.*, 1994 ; Mellor *et al.*, 2000). Le fait de rentrer les animaux la nuit dans des locaux fermés dont les ouvertures sont protégées par des moustiquaires pourrait constituer une mesure efficace contre certaines espèces de *Culicoides* exophiles (Meiswinkel *et al.*, 2000) bien qu'elle semble difficile à mettre en œuvre en pratique. Lorsque le gîte larvaire est bien connu, des mesures d'assainissement (élimination ou réduction des gîtes) peuvent permettre de diminuer l'abondance des *Culicoides* en zone tempérée (Meiswinkel *et al.*, 1994).

La prophylaxie médicale (vaccination) est indispensable en zone d'enzootie\*, mais est compliquée par l'absence de protection croisée entre les différents sérotypes. Il existe deux catégories de vaccins : inactivés\* ou atténués\*. Les vaccins inactivés ne sont pas disponibles pour tous les sérotypes. L'utilisation des vaccins atténués reste souvent délicate (le virus vaccinal étant vivant) : ils n'ont pas toujours été évalués chez les races européennes plus sensibles au virus et, récemment, des cas de transmission vectorielle de virus vaccinal ont été mis en évidence à plusieurs reprises en Europe (*cf.* partie 2.2.2. de ce chapitre). Enfin, la vaccination peut avoir des effets secondaires importants, notamment chez les brebis gestantes (malformations, avortements...), ce qui réduit les conditions de son utilisation.

La réglementation sanitaire appliquée en France est disponible sur le site du ministère de l'Agriculture et de la Pêche ([http://www.agriculture.gouv.fr/spip/actualites\\_a1051.html](http://www.agriculture.gouv.fr/spip/actualites_a1051.html))<sup>6</sup>.

---

<sup>6</sup> La FCO est une « maladie réputée contagieuse » chez les ovins, bovins et caprins (décret du 06/08/1986). Suite à une suspicion de FCO, le vétérinaire sanitaire isole les malades, informe les services vétérinaires départementaux, met l'exploitation sous surveillance, recense les animaux sensibles, dénombre les animaux malades et morts, interdit tout mouvement d'espèce sensible, si possible veille à leur confinement aux heures d'activité des vecteurs, et procède à des prélèvements destinés à confirmer l'existence de FCO, au traitement insecticide des animaux et des bâtiments, à une enquête épidémiologique et au recensement des lieux susceptibles de favoriser l'hébergement du vecteur. Suite à la confirmation d'un foyer de FCO, ces mesures sont étendues à toutes les exploitations situées dans un rayon de 20 km (périmètre interdit). La directive 2000/75/CE du Conseil du 20 novembre 2000 (publiée dans le Journal officiel des Communautés européennes du 22/12/2000) définit les mesures à prendre dans les zones de protection (au moins 100 km autour de l'exploitation infectée) et de surveillance (au moins 50 km au-delà de la zone de protection).

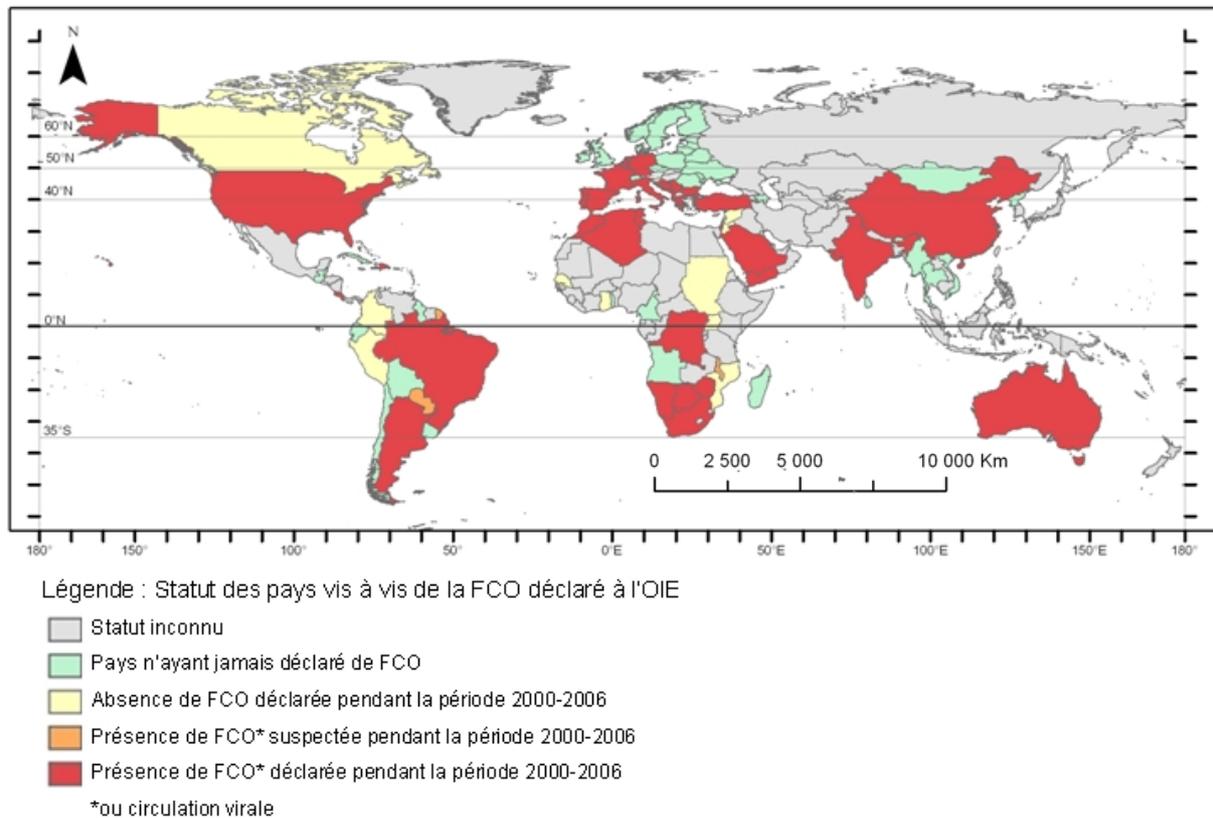
À l'échelle internationale, la protection des pays indemnes est basée sur la désinsectisation des moyens de transport et surtout sur l'interdiction des mouvements d'animaux réceptifs (et de leur semence) en provenance de zones infectées.

## **2. Répartition géographique de la FCO**

### ***2.1. Du berceau de la maladie à la situation mondiale actuelle***

Le berceau de la FCO est africain (Erasmus, 1985). Bien que le virus de la FCO ne fût isolé en dehors du continent africain qu'en 1943 à Chypre, la FCO y aurait été largement répandue dès 1924 (Polydorou, 1985 ; Sellers, 1975). La FCO a ensuite été décrite aux États-Unis en 1948 (désignée alors sous le nom de *sore-muzzle*), en Israël en 1951, dans la péninsule Ibérique en 1956 et dans le sous-continent indien en 1959 (Erasmus, 1985). Le virus de la FCO a par la suite été isolé dans de nombreux pays sans association systématique à des manifestations cliniques, comme en Australie en 1977, laissant supposer une présence plus ancienne du virus (Gibbs & Greiner, 1994). Jusqu'en 1998, sa répartition a classiquement été décrite sur tous les continents comme comprise entre les latitudes 35 °S et 40 °N, atteignant 50 °N aux États-Unis et en Chine (Mellor, 2001). En Australie, bien que de nombreux sérotypes de FCO aient circulé, aucun cas clinique n'a jamais été recensé (Gorman, 1990 ; Kirkland, 2004). La FCO sévit sous forme enzootique dans de nombreux pays d'Afrique, occasionnant des vagues épizootiques régulières au Maghreb. A partir de 1998, plusieurs épizooties\* de FCO ont atteint l'Europe, provoquant une situation sanitaire sans précédent. La carte des statuts sanitaires officiels des pays pour la période 2000-2006 (figure 5) montre que la FCO est très largement répandue et que la « traditionnelle » limite des 40 °N n'est plus valable (OIE, 2001, 2002, 2003, 2004a, 2006c, 2006d). Actuellement, les foyers actifs (avec des cas cliniques) déclarés sont situés dans le bassin méditerranéen et dans le nord de l'Europe.

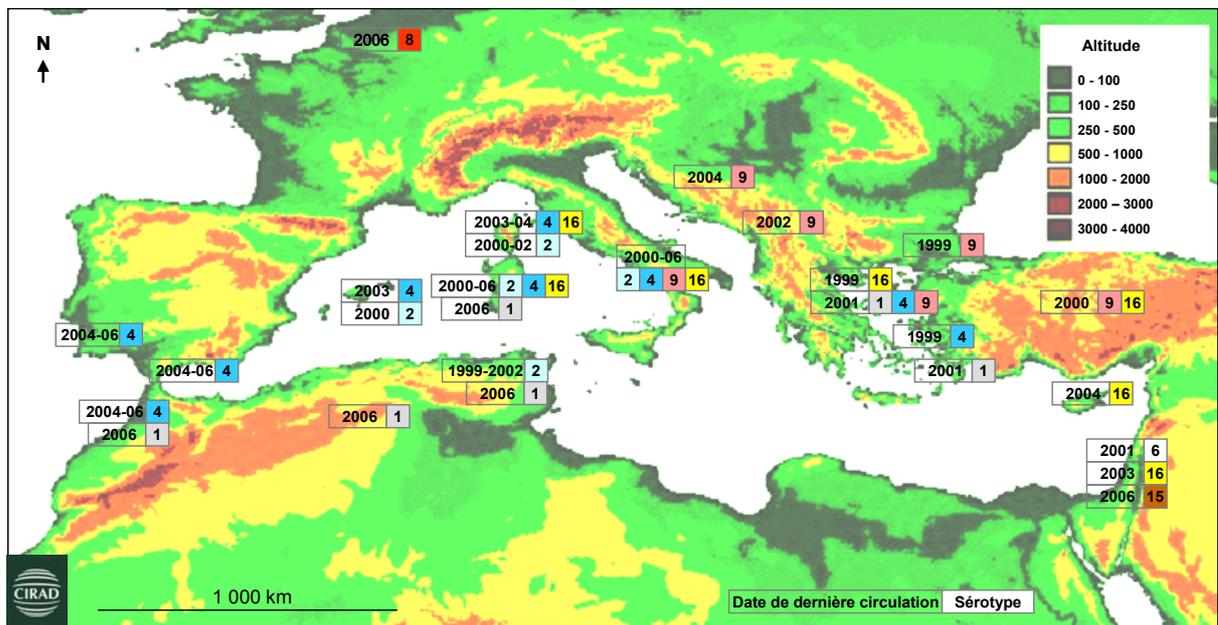
Figure 5 : Carte de répartition de la FCO dans le monde basée sur les déclarations officielles à l'OIE pour la période 2000-2006.



## 2.2. Circulation de la FCO en Europe depuis 1998

Depuis 1998, l'Europe a subi des incursions de multiples sérotypes de FCO. En fonction de l'origine des sérotypes circulants, trois zones de circulation de la maladie peuvent être distinguées en Europe (Mathieu *et al.*, 2007(soumis)) : le Sud-Est touché en 1998, le Sud-Ouest en 2000, et le Nord en 2006 (figure 6). Dans ces zones, les vecteurs impliqués sont différents (*cf.* chapitre 3).

Figure 6 : Circulation des différents sérotypes de FCO en Europe depuis 1998. (Source : Cirad, G. Gerbier, disponible sur : [http://blue-tongue.cirad.fr/Zoom/serotypMed1999\\_2006.jpg](http://blue-tongue.cirad.fr/Zoom/serotypMed1999_2006.jpg)).



### 2.2.1. Circulation de la FCO dans le sud-est de l'Europe

En octobre 1998, le sérotype 9 a atteint quatre îles grecques proches de la côte turque (Panagiotatos, 2004). Entre 1999 et 2002, quatre sérotypes (1, 4, 9 et 16) ont circulé dans la région, affectant la Grèce et les pays voisins : Turquie, Bulgarie, République de Macédoine, Albanie, Serbie, Kosovo, Bosnie-Herzégovine et Croatie (Panagiotatos, 2004). Ces incursions semblent provenir de l'Est (notamment de la partie anatolienne de la Turquie, de la Syrie, de la Jordanie et d'Israël pour le sérotype 9) (Maan *et al.*, 2004). Au cours de l'hiver 2003-2004, des séroconversions liées au sérotype 16 ont été observées à Chypre, et en 2004 des séroconversions liées au sérotype 9 en Croatie (OIE, 2004a). Depuis 2002, peu d'informations sont disponibles sur les sérotypes circulant dans cette zone.

### 2.2.2. Circulation de la FCO dans le sud-ouest de l'Europe

Le sud-ouest européen a été touché en août 2000 avec l'arrivée du sérotype 2 en Sardaigne (Italie), provenant vraisemblablement de Tunisie ou d'Algérie. En octobre, la Sicile (Italie), l'Italie continentale, la Corse (France), Majorque et Minorque (Espagne) ont également été touchés. Entre 2000 et 2006, cette région a subi une série d'épizooties impliquant cinq

sérotypes différents (2, 9, 4, 16 et 1 par ordre chronologique), certains circulant simultanément dans un même pays (quatre sérotypes en Italie en 2004).

L'Italie présente la situation la plus complexe. Des foyers y ont été déclarés chaque année, et les cinq sérotypes ont circulé. Ce pays est à la jonction de deux zones de circulation de la FCO : celle du Sud-Ouest (sérotipe 2) et celle du Sud-Est (sérotypes 9 et 16) (Mellor, 2004b). L'analyse phylogénétique de souches de sérotipe 4 a d'ailleurs montré la circulation en Italie de souches provenant à la fois du Sud-Ouest et du Sud-Est de l'Europe (Potgieter *et al.*, 2005). En outre, la circulation d'une souche vaccinale (vaccin vivant atténué sérotipe 2) y a été détectée (Ferrari *et al.*, 2005 ; Tamba *et al.*, 2006). Il est possible que la même chose se soit produite avec la souche vaccinale de sérotipe 16 (utilisée puis retirée du marché en raison d'une atténuation insuffisante) (Monaco *et al.*, 2006) ou que cette souche ait subi des réassortiments avec des souches virales sauvages (Potgieter *et al.*, 2005).

La Corse a été touchée en 2000 et 2001 par le sérotipe 2, en 2003 par le sérotipe 4 et en 2004 par les sérotypes 4 et 16. Cependant, même si certaines années aucun foyer n'a été déclaré, le virus y a circulé chaque année entre 2000 et 2006, comme l'attestent les séroconversions des troupeaux sentinelles (*cf.* partie 2.3. de ce chapitre).

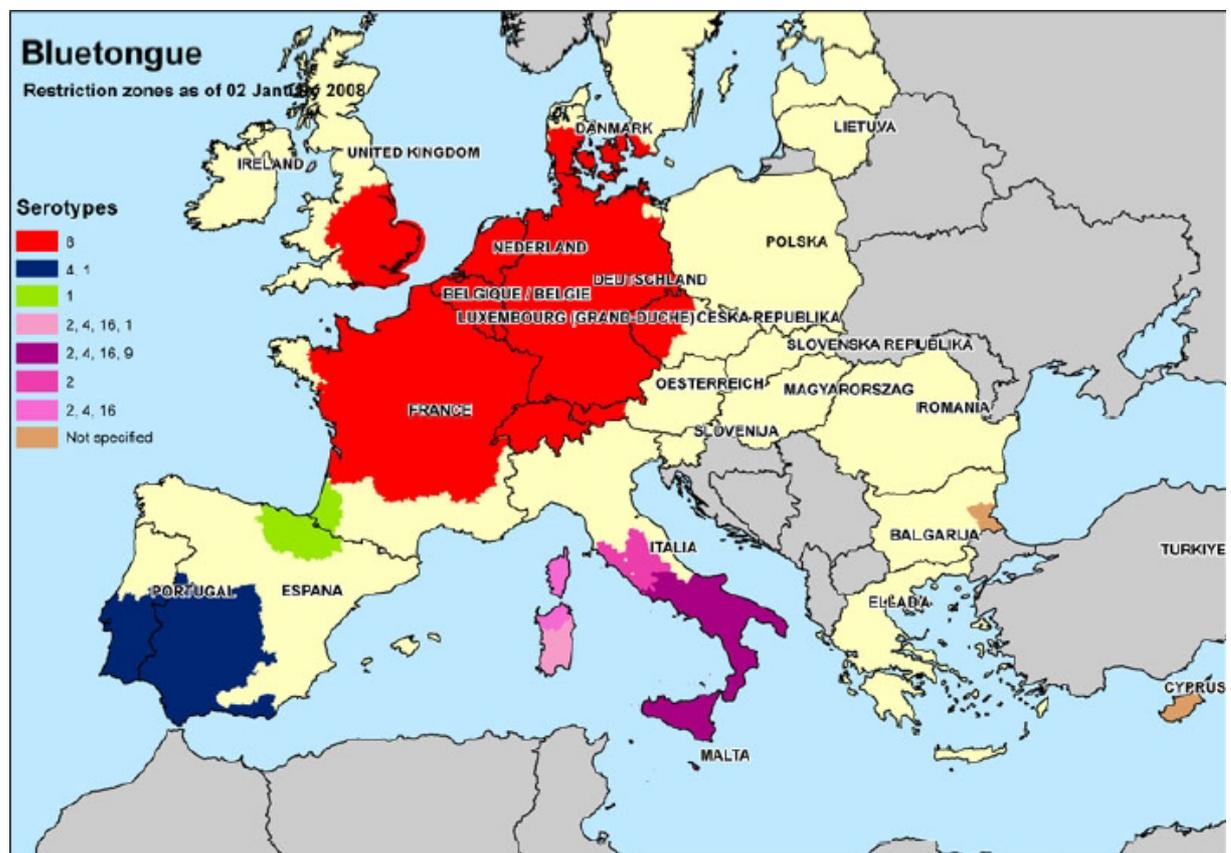
En Espagne, l'épizootie due au sérotipe 2 a été limitée à l'année 2000 et aux îles Baléares. Le sérotipe 4 a entraîné une nouvelle épizootie en 2003 aux îles Baléares, puis a affecté la Péninsule ibérique de 2004 à 2006. Le sérotipe 1 a été détecté au sud de l'Espagne en juillet 2007 (Defra, 2007) puis au nord, au Pays Basque espagnol puis dans le sud-ouest de la France, en novembre.

### *2.2.3. Circulation de la FCO dans le nord de l'Europe*

En août 2006, alors que les systèmes de surveillance de la FCO sont centrés sur le sud de l'Europe, c'est au nord que sont déclarés de nouveaux foyers de FCO. Les Pays-Bas, puis la Belgique, l'Allemagne, la France et le Luxembourg ont été touchés (van Rijn & Thiry, 2006). Le sérotipe 8 a été identifié, mais son origine et son mode d'introduction sont toujours inconnus (Thiry *et al.*, 2006). La circulation de ce sérotipe a été décrite en Afrique subsaharienne, en Amérique du Sud et dans le sous-continent indien (Enserink, 2006a). L'analyse génétique a montré qu'il est proche d'une souche isolée en 1982 au Nigeria (Enserink, 2006b). Il pourrait donc provenir d'Afrique subsaharienne, et aurait pu circuler silencieusement dans d'autres régions du monde ces vingt dernières années. Autre fait étonnant, de nombreux bovins sont atteints, sans que l'on sache si cela est lié au sérotipe ou à

d'autres facteurs (tels que la densité de bovins par exemple). L'épizootie s'est prolongée au cours de l'automne et de l'hiver 2006-2007 particulièrement doux. Au 1<sup>er</sup> Février 2007, 2 122 exploitations avaient été déclarés infectées (sur critères cliniques ou sérologiques) : 952 en Allemagne, 695 en Belgique, 460 aux Pays-Bas, 8 au Luxembourg et 7 en France. À partir de juillet 2007, une nouvelle et très importante épizootie (près de 49 000 foyers) liée au sérotype 8 a frappé ces cinq pays (OIE, 2007), ainsi que le Royaume-Uni, le Danemark, la Suisse et la République Tchèque (figure 7).

Figure 7 : Zones règlementées pour la FCO en vigueur en Europe au terme de l'année 2007. (Source : Commission européenne, disponible sur : <http://www.afssa.fr/Documents/SANT-Fi-PTFCOBilan2007.pdf>)



### 2.3. Situation de la FCO en Corse depuis 2000

A la fin de l'année 2003, au moment où cette thèse commençait, la Corse était la seule région de France métropolitaine touchée par la FCO (tableau 1). Afin de situer le contexte épidémiologique dans lequel ce travail s'est inscrit, la situation épidémiologique en Corse est détaillée.

Tableau 1 : Epizooties de FCO en Corse depuis 2000. (Source : Direction générale de l'alimentation, Ministère de l'Agriculture et de la Pêche, France (2007) Programme d'éradication et de surveillance de la fièvre catarrhale du mouton. Programme année 2006. Rapport final. 25 p.)

Hiver	Sérotype viraux	Nombre d'élevages infectés*	Nombre d'animaux** dans les élevages infectés	Nombre d'animaux malades, morts et abattus	Morbidité chez les ovins
2000-2001	2	49	12 074 (dont 9 905 ovins)	1 795 malades, dont 241 morts et 1 554 abattus	18 %
2001-2002	2	335	76 459 (dont 72 641 ovins)	12 518 malades, dont 9 828 morts et 285 abattus***	17 %
2002-2003	/	0	0	0	0 %
2003-2004	4	16	2 799 (dont 2 188 ovins)	157 malades, dont 115 morts et 10 abattus	7 %
2004-2005	4 et 16	40	7 945	631 malades, dont 283 morts et 210 abattus	17 %

\*Elevage où au moins un animal présentait des signes cliniques et dont l'infection a été confirmée par virologie.

\*\*Animaux présents dans les élevages : ovins, caprins et bovins. \*\*\*L'épizootie de 2001 a entraîné la destruction de 8 % du cheptel ovin corse.

### 2.3.1. Foyers liés au sérotype 2 en 2000 et 2001

En Corse, les premiers foyers<sup>7</sup> de FCO ont été détectés en octobre 2000 deux semaines après la découverte de *C. imicola* (Delécolle & de La Rocque, 2002). En deux mois, 49 foyers liés au sérotype 2 ont été recensés (Gregory *et al.*, 2002). Bien que la majorité des foyers (32/49) soient situés dans le département de Corse du Sud (2A), l'ensemble de l'île était touché.

Malgré la vaccination (vaccin vivant atténué monovalent type 2) de 102 000 ovins pendant l'hiver 2000-2001, de nouveaux foyers liés au sérotype 2 sont apparus en juillet 2001. L'épizootie de 2001 s'est caractérisée par une apparition plus précoce, une extension géographique plus importante et surtout un impact beaucoup plus fort. En effet, 335 foyers ont alors été recensés (Direction générale de l'alimentation, 2007 ; Gregory *et al.*, 2002), soit environ un élevage sur deux (Edderai *et al.*, 2002), pouvant donner l'apparence d'un cuisant échec vaccinal. La qualité intrinsèque du vaccin n'est cependant pas en cause (Edderai *et al.*, 2002 ; Santolini, 2002). Les raisons pouvant être évoquées pour expliquer cette situation comprennent, par ordre d'importance décroissante, i) le délai élevé entre la reconstitution du vaccin et son injection (entraînant une inactivation du vaccin après quelques heures), ii) les difficultés de mise en œuvre de la vaccination (période de gestation des brebis, âge des agnelles...) et iii) l'état général des animaux (Edderai *et al.*, 2002). A la suite d'une nouvelle campagne de vaccination en 2001 (pratiquée dans de meilleures conditions), aucun foyer n'a

<sup>7</sup> En France, la définition d'un foyer repose sur la confirmation virologique d'un cas clinique.

été déclaré en 2002. Néanmoins, le sérotype 2 a continué de circuler à bas bruit en 2002, comme l'atteste la séroconversion de bovins sentinelles et de veaux de moins d'un an (Gregory *et al.*, 2003). En 2003, la circulation de ce sérotype n'a pas été mise en évidence par le système de surveillance.

### 2.3.2. Foyers liés au sérotype 4 en 2003-2004 et au sérotype 16 en 2004

Entre octobre et décembre 2003, 16 foyers dus au sérotype 4 ont été déclarés en Corse (Gerbier *et al.*, 2004). Comme lors de la première année de circulation du sérotype 2, le sud-ouest de la Corse est la principale zone atteinte (Gerbier *et al.*, 2006). Bien que les campagnes de vaccination intègrent cette valence (vaccins vivants atténués type 2 et type 4), 13 foyers dus au sérotype 4 sont survenus en 2004. Conjointement à la circulation de ce sérotype, le sérotype 16 a fait son apparition. Une vaccination à l'aide d'un vaccin vivant atténué monovalent contre le type 16 a été entreprise dans une vingtaine d'élevages, mais, à la suite de l'apparition de signes évocateurs de FCO, l'autorisation d'utilisation de ce vaccin a été retirée en janvier 2005 (Direction générale de l'alimentation, 2006). Entre le début de 2004 et le premier semestre 2005, 40 foyers de FCO, dus au sérotypes 4, 16 et vraisemblablement au virus vaccinal type 16, ont été déclarés en Corse (Direction générale de l'alimentation, 2007). La vaccination du cheptel au cours de l'hiver 2005-2006 est effectuée avec un nouveau vaccin inactivé bivalent types 2 et 4 (Merial©). Au cours de l'été et de l'automne 2006, alors que des foyers dus au sérotype 8 ont émergé dans les Ardennes (08) et dans le Nord (59), aucun foyer de FCO n'a été déclaré en Corse. Néanmoins, la surveillance sérologique de veaux sentinelles a montré que le virus de la FCO (sérotypes 4 et 16) circule toujours dans l'île (Direction générale de l'alimentation, 2007), justifiant le maintien de la vaccination au cours de l'hiver 2006-2007. Les foyers survenus en Corse depuis 2000 sont présentés sur la figure 8.

### 2.3.3. Diffusion des vecteurs et des sérotypes viraux, et implications en terme de surveillance

#### 2.3.3.1. Rôle des vents sur la circulation de la FCO en Sardaigne et en Corse

L'émergence des sérotypes 2 et 4 de FCO en 2000 et 2003 en Corse a été précédée de quelques mois par leur circulation en Sardaigne. En l'absence de mouvements d'animaux entre la Corse et la Sardaigne (interdits dès le 30/08/2000), cette chronologie suggère des invasions régulières de vecteurs infectés depuis la Sardaigne. Ceci serait compatible avec la biologie des *Culicoides* (*cf.* chapitre 3). L'analyse des vents permettant aux *Culicoides* de franchir les 12 kilomètres séparant les deux îles conforte cette hypothèse (Gerbier *et al.*, 2007 (accepted)). Le même scénario pourrait se reproduire en 2007 puisque le sérotype 1 circule en

Sardaigne depuis l'automne 2006 et que les animaux en Corse ne sont pas vaccinés contre ce sérotype, la législation ne permettant pas de vacciner contre la FCO à titre préventif. Ainsi, une introduction de vecteurs infectés pourrait occasionner une nouvelle épizootie en Corse en 2007. Cela montre que l'échelle d'analyse de la circulation virale doit être supra-nationale, d'où la nécessité de coordonner les programmes de surveillance et de lutte contre la FCO entre les pays voisins.

#### 2.3.3.2. Rôle des vents dans l'introduction de vecteurs en zone indemne

Il est probable que les vents en provenance de Corse ait été responsables de l'introduction de *C. imicola* sur le littoral Est du Var (à 180 km des côtes corses) en 2004 (Mathieu *et al.*, 2007(soumis)). Le réseau de surveillance entomologique mis en place sur le littoral continental français montre que cette population est durablement installée<sup>8</sup> (Biteau-Coroller, 2006) mais reste confinée pour le moment aux plaines littorales des golfes de Fréjus et de Saint-Tropez. La même situation pourrait s'être produite en Catalogne, indemne de FCO mais où *C. imicola* est présent depuis peu, sans doute introduit par les vents depuis les Baléares (Sarto i Monteys & Saiz-Ardanaz, 2003 ; Sarto i Monteys *et al.*, 2004 ; Sarto i Monteys *et al.*, 2005). La diffusion du vecteur par les vents implique donc de mener une surveillance entomologique au-delà des zones où le vecteur est présent, comme cela est fait en France (Baldet *et al.*, 2004 ; Baldet *et al.*, 2005) et en Angleterre (Gloster *et al.*, 2007) notamment et souligne, si besoin était, l'importance du contrôle de la maladie dans les zones infectées.

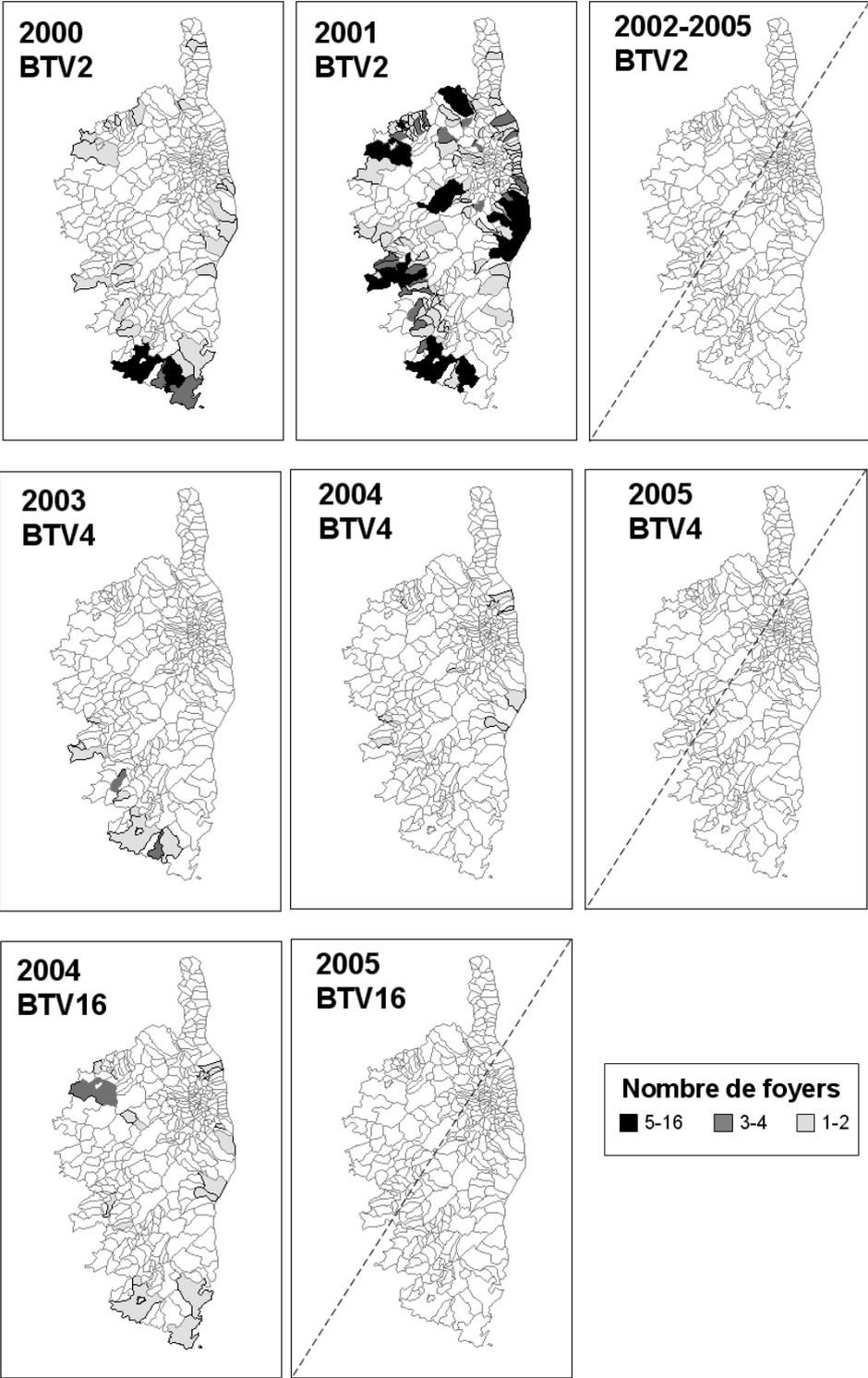
#### 2.3.3.3. Implication de la circulation à bas bruit de virus

À plusieurs reprises, la surveillance sérologique mise en place en Corse a permis de détecter la circulation de virus de la FCO à bas bruit avant la survenue de cas cliniques (Gerbier *et al.*, 2007 (accepted)). Ainsi, la surveillance active sérologique et/ou virologique d'animaux sentinelles a démontré son efficacité à détecter précocement la circulation virale et, en cas d'introduction d'un nouveau sérotype, pour adapter les campagnes de vaccination (Gerbier *et al.*, 2007 (accepted)).

---

<sup>8</sup> Bien que le virus de la FCO ne soit pas présent dans le Var, la présence de populations installées de *C. imicola* augmente le risque de diffusion de la maladie en cas d'introduction du virus.

Figure 8 : Foyers de FCO par sérotype et par année en Corse. Source : G. Gerbier et al., 2006, *Epidemiol et santé anim* (49) : 37-44.



BTV : Bluetongue virus : virus de la FCO ; - - - : absence de foyers déclarés

### ***3. Impact économique de la FCO***

L'impact économique de la FCO a fait l'objet de relativement peu d'études (Gibbs & Greiner, 1988). Deux aspects sont à considérer : l'impact direct lié à la mortalité, au déclassement des carcasses, à la mauvaise qualité de la laine, à la baisse de la production laitière et de la fertilité des béliers et aux mesures de contrôle (vaccination, tests diagnostiques et visites vétérinaires) et l'impact indirect lié aux restrictions des mouvements d'animaux et à l'arrêt des exportations. Bien que difficile à estimer, la part de ces deux types d'impacts peut être très différente selon les pays. Globalement, pour les six continents, la FCO pourrait représenter 3 milliards de dollars par an de pertes directes et indirectes, avec en particulier un frein aux échanges pour les pays exportateurs de ruminants (Mellor, 2001). Cependant, très peu de données économiques sont disponibles pour étayer ces estimations ; l'information sur l'impact économique de la FCO reste rare et fragmentaire.

#### ***3.1. Coûts directs***

Les coûts directs sont très variables selon les situations épidémiologiques. En Australie, aux États-Unis et en Amérique du Sud, ils sont faibles car il y a peu ou pas de foyers cliniques malgré la circulation de plusieurs sérotypes. Cette faible incidence et l'existence de vaccins efficaces expliquent d'ailleurs que peu d'études portant sur la FCO aient été financées aux États-Unis dans les années suivant la découverte de la maladie dans ce pays (Mulhern, 1985). Ailleurs, les coûts directs peuvent être très élevés : lors de l'épizootie de 1956-1960 en Espagne et au Portugal, on estime que 180 000 moutons seraient morts durant les seuls 4 premiers mois (Gorman, 1990). L'épizootie européenne actuelle, la plus importante jamais décrite, aurait conduit à la perte de plus de 1,5 millions d'ovins entre 1998 et 2006 (FAO, 2006). En Europe, ces coûts directs sont vraisemblablement plus importants dans les pays du pourtour du bassin méditerranéen que dans les pays du nord de l'Europe.

#### ***3.2. Coûts indirects***

Dans de nombreux pays, ce sont les coûts indirects qui sont les plus importants. Ainsi la seule interdiction d'exportation des semences de bovins représentait pour les États-Unis dans les années 1970 un coût d'environ 24 millions \$ par an (Gibbs & Greiner, 1988). On comprend ainsi l'intérêt des pays exportateurs de semence à évaluer précisément l'importance épidémiologique de la semence et des embryons vis-à-vis de la transmission de FCO (Bowen

*et al.*, 1985a ; Bowen *et al.*, 1985b ; Luedke, 1985 ; MacLachlan *et al.*, 1985), face à la perspective d'une éventuelle évolution de la législation (MacLachlan *et al.*, 1992 ; Walton, 2004). À ceci s'ajoutent les coûts à l'interdiction des exportations d'animaux vivants (ovins, mais aussi autres hôtes réceptifs au virus). Ainsi Tabachnick estime que la FCO représenterait 125 millions de dollars de pertes annuelles aux États-Unis.

### **3.3. Impact économique de la FCO en Corse**

L'impact économique de la FCO en Corse reste difficile à évaluer (Teissier du Cros, 2003) même si certains acteurs de la filière avancent une perte, pour l'ensemble de la filière ovine corse, de plusieurs millions d'euros (Moreau, 2004). La filière a beaucoup souffert des épizooties et les coûts directs sont élevés : au total, parmi les plus de 15 000 animaux qui ont été malades, plus de 12 000 animaux sont morts ou ont été abattus. La FCO aurait ainsi entraîné la disparition d'environ 10 % du cheptel corse, et seule la moitié des animaux perdus aurait été remplacés (Conseil Exécutif de Corse, 2006). La perte de lait consécutive à l'épizootie de 2001 se serait chiffrée à 100 000 litres et aurait également entraîné un déficit de 9 000 agneaux. De plus, les coûts de la vaccination et de sa mise en œuvre (> 500 000 € pour l'année 2007) et ceux des surveillances clinique et entomologique (> 300 000 € pour l'année 2007) sont importants (Direction générale de l'alimentation, 2007). Parmi les coûts indirects, on peut penser les coûts liés aux restrictions des mouvements d'animaux et à l'arrêt des exportations sont modérés puisque les échanges commerciaux de ruminants depuis la Corse sont limités (à l'inverse ces coûts sont sans doute très importants en Italie, Espagne, Hollande, Belgique et Allemagne). D'autres coûts indirects comme les pertes en termes de potentiel génétique au niveau du troupeau et de la race corse (*a priori* faibles selon l'Union pour la promotion de la race corse), ou ceux liés la fragilisation de la filière sont difficiles à estimer. Du fait notamment de la spécificité de la filière ovine corse (race corse) et de l'existence de produits régionaux spécifiques tels que le « brocciu », fromage bénéficiant d'une appellation d'origine contrôlée (Cesari, 2001), les épizooties de FCO ont également eu un impact important d'un point de vue culturel et social.

La démarche proposée au travers de cette thèse et visant à cibler la surveillance aux zones les plus à risques et à mieux comprendre les facteurs environnementaux influant sur l'épidémiologie de cette maladie s'inscrit dans ce contexte épidémiologique et économique.

## **Résumé**

La fièvre catarrhale ovine (FCO) est une arbovirose\* des ruminants causée par un *Orbivirus* transmis par des moucheron du genre *Culicoides* (Diptera : Ceratopogonidae). Elle affecte principalement les ovins et plus rarement les bovins et caprins.

Depuis 1998 l'Europe est confrontée à une situation épidémiologique complexe et d'une ampleur sans précédent. Le caractère exceptionnel de cette épizootie est lié :

- à l'expansion des limites traditionnelles de répartition de la FCO au-delà de 50 °N ;
- à l'expansion des limites de répartition de *Culicoides imicola*, vecteur d'origine subsaharienne, capturé pour la première fois notamment en Sardaigne, en Sicile, en Italie, en Corse, à Majorque et à Minorque (Mellor, 2004a), dans le Var, en Catalogne et au nord de la Péninsule ibérique ;
- à l'implication de nouveaux vecteurs (notamment en Italie et en Europe de l'Est et du Nord) ;
- au nombre de pays touchés (dont un nombre important touchés pour la première fois tels que l'Italie, la France, la Belgique, les Pays-Bas, l'Allemagne, et le Luxembourg) ;
- aux multiples origines des incursions de FCO ;
- au nombre de sérotypes impliqués (1, 2, 4, 8, 9, 16) ;
- à la durée des épizooties dans certains pays.

La Corse a été touchée depuis 2000 par les sérotypes 2, 4 et 16. Malgré une absence de foyers déclarés depuis la fin du premier semestre 2005, le virus de la FCO circule toujours dans l'île (sérotypes 4 et 16), justifiant le maintien de la surveillance sérologique et entomologique en Corse et sur le littoral méditerranéen français.

Le chapitre suivant sera consacré aux vecteurs de la maladie.

## Chapitre 3

### Les *Culicoides* vecteurs

*Après un aperçu sur la situation épidémiologique de la FCO à l'échelle mondiale, ce chapitre est consacré aux vecteurs de la maladie. Tout d'abord, l'importance sanitaire des Culicoides (pathogènes transmis et espèces vectrices) est exposée. Puis cinq caractéristiques de la bio-écologie de C. imicola, fondamentales pour caractériser les zones favorables à son installation et à sa multiplication, sont détaillées : cycle, gîtes larvaires, dispersion active et passive, préférences trophiques et sensibilité aux paramètres météorologiques (température, humidité et vents. Leurs implications sur l'épidémiologie de la FCO sont soulignées.*

#### 1. Généralités sur les *Culicoides*

Les *Culicoides* sont de petits moucheron (de 1 à 3 mm) de la famille des Ceratopogonidae<sup>9</sup>. Le genre *Culicoides* présente une grande diversité avec 1 254 espèces décrites à travers le monde (Beckenbach & Borkent, 2003), parmi lesquelles environ 96 % sont hématophages. Les *Culicoides* sont présents sur tous les continents sauf en Antarctique, en Nouvelle-Zélande (Mellor *et al.*, 2000), en Islande (Wilson *et al.*, 2006), à Hawaï et à l'extrême sud de l'Amérique du Sud (Meiswinkel *et al.*, 1994). Ils couvrent ainsi des milieux divers : de la toundra aux milieux tropicaux, du niveau de la mer à 2 300 m d'altitude (Callot *et al.*, 1967). La diversité et la petite taille de ces insectes expliquent, en partie, les difficultés d'identification et de taxonomie rencontrées par les systématiciens (Meiswinkel *et al.*, 2004).

---

<sup>9</sup> De par les nuisances qu'ils occasionnent, notamment en zone côtière, les Ceratopogonidae sont connus de tous sous leurs surnoms populaires: arabie en Camargue, *biting midges*, *no-see-ums*, *five-O's* (en référence à 5 heures, le début de leur période d'activité) et *punkies* aux États-Unis, *brûlots* au Canada, *yan-yans* en Guyane française, *jejenes* en Amérique du Sud, *kuiki* en Inde, *no-no* en Polynésie...

## **2. Importance sanitaire des *Culicoides***

### **2.1. Pathogènes transmis par les *Culicoides***

Les *Culicoides* transmettent des virus et des parasites aux hommes et aux animaux. Plus de 50 espèces d'arbovirus ont été isolés de représentants du genre *Culicoides*, la plupart appartiennent aux familles des *Bunyaviridae*, des *Reoviridae* ou des *Rhabdoviridae*. Les principaux pathogènes transmis à l'homme sont le virus d'Oropouche et les filaires du genre *Mansonella* (Mullen, 2002). Mais, du fait de la faible pathogénicité de ces agents (Linley *et al.*, 1983), l'importance sanitaire des *Culicoides* s'exprime surtout dans le domaine vétérinaire. Les plus importantes maladies animales transmises sont virales. Outre le virus de la FCO, les *Culicoides* transmettent le virus de la peste équine (*african horse sickness*), de la maladie épizootique hémorragique du cerf (*epizootic hemorrhagic disease*), de l'encéphalose équine, de la maladie d'Akabane, de la fièvre éphémère bovine et ceux du groupe Palyam (Meiswinkel *et al.*, 1994 ; Mellor *et al.*, 2000). Les *Culicoides* sont également responsables de la transmission de parasites : des protozoaires sanguins (Eucoccida, Kinetoplastida) notamment chez les oiseaux (Linley, 1985 ; Meiswinkel *et al.*, 1994) et des nématodes notamment chez les chevaux (onchocercoses du ligament suspenseur du boulet et du ligament cervical) (Mullen, 2002). Enfin, les piqûres de *Culicoides* peuvent constituer des nuisances importantes (*C. furens* aux Antilles, *C. impunctatus* en Europe du Nord) et entraîner des réactions allergiques cutanées (hypersensibilité) chez les ovins, bovins et chevaux (Connan & Lloyd, 1988 ; Yeruham *et al.*, 1993) comme les dermatites estivales équines (Hellberg *et al.*, 2006).

### **2.2. Espèces de *Culicoides* vectrices de FCO**

#### **2.2.1. Définition d'une espèce vectrice**

La démonstration de l'implication d'une espèce en tant que vecteur d'un pathogène repose sur différentes preuves : i) une biologie compatible avec le contact hôte/vecteur (préférences trophiques adaptées et présence durant la période de circulation du pathogène), ii) des isollements réguliers de l'agent pathogène chez des individus capturés sur le terrain

(exposition fréquente en conditions naturelles)<sup>10</sup>, et iii) une compétence vectorielle\* compatible avec la transmission (Mitchell, 1995).

### 2.2.2. Principales espèces de *Culicoides* vectrices dans le monde

De nombreuses espèces de *Culicoides* peuvent être considérées comme des vecteurs avérés ou potentiels de FCO. Cependant, à cause de la diversité et de la complexité taxonomique des *Culicoides* et à cause de l'impossibilité d'élever la majorité des espèces, ce qui limite les études de compétence vectorielle au laboratoire, la liste exhaustive est difficile à dresser.

En 1988, Gibbs et Greiner proposent une liste de 60 espèces vectrices avérées, suspectées ou potentielles. Plus récemment, Meiswinkel *et al.* (2004) établit une liste de 30 espèces qui seraient impliquées à des degrés variables dans la transmission de la FCO, dont 8 seulement seraient des vecteurs avérés : *C. imicola*, *C. bolitinos*, *C. brevitarsis*, *C. obsoletus*, *C. scoticus*, *C. pulicaris*, *C. sonorensis* et *C. insignis*. Néanmoins, les vecteurs de certains foyers n'ont pas encore été découverts (en Chine par exemple) et, l'importance épidémiologique des espèces suspectées de transmettre le virus de la FCO reste souvent à évaluer (en Europe du Sud-Est et en Italie, ainsi qu'en Europe du Nord par exemple).

À l'heure actuelle, peuvent être considérés comme vecteurs principaux :

- *Culicoides imicola* et *C. bolitinos* en Afrique (ces deux espèces appartiennent au Complexe Imicola<sup>11</sup>) ;
- *Culicoides sonorensis*<sup>12</sup> en Amérique du Nord (Tabachnick, 1996, 2004) ;
- *Culicoides insignis* et *C. pusillus* en Amérique du Sud et en Amérique centrale (Mellor *et al.*, 2000) ;
- *Culicoides brevitarsis*, *C. actoni*, *C. fulvus*, *C. wadai* en Australie et en Indonésie. Melville (2004) considère également *C. dumdumi* comme un vecteur majeur (Melville, 2004).

Pour l'Asie, l'information est fragmentaire : *C. fulvus*, *C. shultzei*, *C. imicola*, *C. gemellus*, *C. peregrinus*, *C. circumscriptus*, *C. arakawae*, et *C. actoni* pourraient être impliqués (Mellor *et al.*, 2000).

---

<sup>10</sup> Pour tester si une espèce est infectée par un virus, un lot de plusieurs individus de cette espèce est testé, après avoir sélectionné les femelles pares non gorgées (femelles s'étant déjà nourri au moins une fois mais n'ayant pas de repas sanguin frais dans l'appareil digestif).

<sup>11</sup> Ce Complexe comprend au moins dix espèces dont *C. imicola sensu stricto*.

<sup>12</sup> *C. sonorensis* est la seule espèce vectrice du Complexe Variipennis. Comme son statut d'espèce ou de sous-espèce, a été débattu on trouve également l'appellation *C. variipennis sonorensis*.

En Europe, ce sont des vecteurs différents qui seraient impliqués dans les trois zones de circulation de la maladie. Dans le Sud-Ouest, notamment en Espagne, Corse et Sardaigne, *C. imicola* est le vecteur principal. En Europe du Sud-Est (Balkans) et dans certaines régions d'Italie (Adriatique, régions d'altitude) où *C. imicola* est absent (Georgiev, 2004 ; Goffredo *et al.*, 2004 ; Torina *et al.*, 2004), *C. obsoletus sensu stricto*, *C. scoticus* (appartenant tous deux au Complexe Obsoletus) et *C. pulicaris* sont considérés comme des vecteurs probables car le virus de FCO a été isolé dans des lots d'individus capturés sur le terrain (Caracappa *et al.*, 2003 ; De Liberato *et al.*, 2005 ; Mellor & Pitzolis, 1979 ; Savini *et al.*, 2004 ; Savini *et al.*, 2005) et à cause de leur abondance dans les foyers de transmission (Mellor & Wittmann, 2002 ; Purse *et al.*, 2006 ; Scavia *et al.*, 2004 ; Torina *et al.*, 2004). Dans le nord de l'Europe, où *C. imicola* est également absent, la situation est encore plus confuse. Les récents résultats PCR positifs du virus de la FCO dans un lot de *C. dewulfi* (appartenant au Complexe Obsoletus) dans la zone index de Maastricht (OIE, 2006b) et chez *C. obsoletus/scoticus*<sup>13</sup> (De Liberato *et al.*, 2005 ; Savini *et al.*, 2005) laissent penser qu'ils pourraient être vecteurs, mais d'autres espèces pourraient également être impliquées. En effet, une multiplication virale a été observée chez *C. nubeculosus* et *C. impunctatus* après un repas infecté sur membrane (*C. nubeculosus* s'infecte aussi après un repas sur mouton virémique), et *C. nubeculosus* peut également transmettre le virus *in vitro* (repas sur membrane) 8 jours (à 25 °C) après un repas infectant (Jennings & Mellor, 1988). Il reste toutefois indispensable de clarifier le rôle de ces vecteurs potentiels afin d'une part d'identifier les vecteurs principaux et d'autre part de quantifier l'importance des vecteurs secondaires. Ainsi, même dans les régions où *C. imicola* est présent, d'autres espèces secondaires sont vraisemblablement impliquées<sup>14</sup>.

### 2.2.3. Absence de transmission verticale

Il n'a jamais été observé de transmission verticale\* de virus chez les *Culicoides* (Mellor & Boorman, 1995). Si certaines séquences de génome du virus de la FCO ont été détectées chez des larves ou nymphes de *C. sonorensis*, le virus en lui-même n'a pas été isolé (White *et al.*, 2005). Cette absence de transmission verticale a de fortes implications sur l'épidémiologie des maladies transmises notamment pour le maintien du virus d'une année sur l'autre dans l'écosystème (*cf.* partie 3.5.1. de ce chapitre).

---

<sup>13</sup> Il n'est pas possible de différencier morphologiquement les femelles de *C. obsoletus* de celles de *C. scoticus*.

<sup>14</sup> En Corse par exemple, dans une zone d'altitude élevée proche de Quenza, la séroconversion de caprins a été mise en évidence en l'absence de *C. imicola*.

### 3. Bio-écologie de *C. imicola*

Présente en Afrique, au Moyen-Orient, en Asie, et au sud de l'Europe, *C. imicola* (anciennement dénommée *C. pallidipennis*) est une des espèces de *Culicoides* les plus largement répandues à travers le monde (Mellor & Hamblin, 2004). Paradoxalement à cette large distribution, la connaissance de la bio-écologie de cette espèce reste très limitée : en effet, l'impossibilité de l'élever en conditions de laboratoire et sa petite taille sont un frein à la détermination de nombreux paramètres de son cycle : fertilité, reproduction, localisation des gîtes larvaires et de repos, habitat... Néanmoins, *C. imicola* étant le vecteur principal de FCO en Corse, nous nous attacherons à détailler l'état des connaissances sur les éléments les plus importants de sa bio-écologie afin de mieux comprendre l'épidémiologie et la répartition de la FCO : le cycle, les gîtes larvaires, la dispersion, les préférences trophiques et la sensibilité aux paramètres météorologiques. Dans la mesure du possible, nous ferons référence à des études portant spécifiquement sur *C. imicola*, et lorsque les données sont manquantes à d'autres espèces vectrices de FCO (*C. sonorensis*, *C. brevitarsis*...) mieux connues (Kettle, 1977).

#### 3.1. Cycle des *Culicoides*

Comme celui des autres *Culicoides*, le cycle de *C. imicola* comprend plusieurs stades de développement : œuf, 4 stades larvaires, nymphe et adulte. Les gîtes larvaires des *Culicoides* sont extrêmement variables selon les espèces : ruisseaux, végétation, sable, marécages, trous d'arbre, fumier, fruits pourris... (Mellor *et al.*, 2000). Ceux de *C. imicola* font l'objet de la partie 3.2. de ce chapitre. Tous les stades sont sensibles aux conditions de température et d'humidité, leur durée dépendant des facteurs abiotiques et de la nourriture disponible et variant selon les espèces. En général, la ponte a lieu 2 jours après le repas de la femelle, et l'éclosion des œufs 3 à 5 jours après la ponte (Delécolle & Schaffner, 2003). La vie larvaire dure de 5 jours à plusieurs semaines, et dans les pays tempérés, une diapause\* hivernale et une hibernation estivale sont possibles. Le stade pupal est généralement bref (2 à 3 jours) mais peut durer plusieurs semaines chez certaines espèces. Les adultes survivraient en moyenne 10 à 20 jours, mais certains pourraient survivre jusqu'à 90 jours. Généralement, en milieu tropical ou tempéré, plusieurs générations se succèdent dans l'année (espèces dites multivoltines) (Delécolle & Schaffner, 2003).

### 3.2. Les gîtes larvaires de *C. imicola*

Les gîtes larvaires de *C. imicola* sont classiquement décrits comme des sols humides ou saturés en eau et riches en matière organique<sup>15</sup> (Braverman *et al.*, 1974 ; Mellor & Pitzolis, 1979). Ils seraient donc plus « secs » que ceux des autres espèces de *Culicoides* (Braverman *et al.*, 1974 ; Mellor & Pitzolis, 1979). De même, les nymphes de *C. imicola* ne flottent pas et se noient si le gîte est inondé, contrairement à de nombreuses autres espèces de *Culicoides*.

En dehors de ces descriptions générales, peu d'informations précises sont disponibles sur les gîtes larvaires de *C. imicola*<sup>16</sup>. En effet, il s'agit rarement de l'espèce dominante dans les prélèvements de biotopes et le nombre de larves recueillies n'est généralement pas précisé ; il est donc difficile de savoir si les gîtes décrits sont très productifs ou non. Par exemple en Israël, Braverman (1974) retrouve des larves de *C. imicola* en bordure de flaques d'eau contenant de la matière organique en décomposition et quelques larves en bordure de flaques plus pauvres en matière organique, mais l'auteur ne donne pas d'information sur la quantité de larves récoltées (59/302 prélèvements positifs, dont 5 où *C. imicola* est dominant). Certaines publications insistent sur la difficulté de trouver des gîtes larvaires de *C. imicola*. Ainsi, au Zimbabwe, alors que *C. imicola* est l'espèce dominante dans les piégeages d'adultes (capturés dans des pièges lumineux), parmi les 7 694 *Culicoides* qui émergent de 87 prélèvements effectués, seuls 21 individus appartiennent à l'espèce *C. imicola* (Braverman, 1978). Dans cette même étude, la mise en place, pendant 5 mois, de gîtes artificiels (2/3 de matières fécales et 1/3 de terre) n'a permis de récolter que 3 *Culicoides* dont un seul *C. imicola*.

En Europe, peu de gîtes très productifs ont été décrits, même dans les sites où un grand nombre d'adultes peut être capturé. À Chypre, Mellor et Pitzolis (1979) ont retrouvé *C. imicola* dans 3 sites sur les 43 prélevés. Ces 3 sites positifs étaient associés à une petite fuite dans un tuyau d'irrigation, rendant le sol humide mais sans eau de surface, contenaient de la végétation en décomposition et étaient recouverts de jeunes pousses d'herbe. Dans aucun de ces gîtes, *C. imicola* n'était l'espèce dominante (le nombre de larves retrouvées n'a

---

<sup>15</sup> Les gîtes peuvent être des flaques d'eau créées par des fuites, des canaux d'évacuation d'eau (usée ou non), des sols imbibés d'eau riches en matière organique et des sols saturés en eau par exemple.

<sup>16</sup> Certains auteurs font également état de la présence de larves dans des bouses de vaches (Nevill, 1968), mais il s'agit vraisemblablement de larves de *C. bolitinos* et non de *C. imicola* (ces deux espèces se ressemblent beaucoup, et à l'époque *C. bolitinos* n'avait pas encore été distingué de *C. imicola*) (Meiswinkel, 1989 ; Meiswinkel *et al.*, 1994). En effet, à cette époque le statut taxonomique du Complexe *Imicola* n'était pas clarifié et deux espèces du Complexe, *C. imicola sensu stricto* et *C. bolitinos*, étaient toutes deux présentes en Afrique du Sud et vectrices de FCO. *Culicoides bolitinos* n'a été distingué de *C. imicola* qu'en 1989 (Meiswinkel, 1989). Les gîtes décrits par Nevill (1968) sont ainsi très probablement des gîtes de *C. bolitinos* (Meiswinkel, 1989), connu pour se reproduire dans les bouses de ruminants domestiques et sauvages {Meiswinkel, 1989 #612; Meiswinkel, 1994 #602

pas été spécifié). Néanmoins, ces auteurs affirment avoir retrouvé à Chypre, quelques années auparavant, un grand nombre des larves de *C. imicola* et en situation de dominance dans un gîte assez semblable mais plus riche en matière fécale (situé entre l'enclos et le tas de fumier d'une bergerie) (Mellor & Pitzolis, 1979). Les seuls gîtes très productifs ont été décrits en Sardaigne : jusqu'à 500 larves de *C. imicola* ont été obtenues à partir de 100 ml de boue prélevée à proximité d'un abreuvoir dans une ferme (Delrio *et al.*, 2002). Une centaine de larves ont également été retrouvées en bordure d'un petit lac artificiel et dans une flaque à proximité d'une bergerie (Delrio *et al.*, 2002).

En Corse, dans un élevage ovin connu pour ses fortes densités de *C. imicola*, un site ressemblant aux descriptions bibliographiques des gîtes larvaires, situé en bordure du canal d'évacuation des eaux de lavage de la bergerie et constitué de vase gorgée d'eau riche en matière organique a été prélevé en septembre 2003. Les échantillons, mis en élevage, n'ont permis d'obtenir que 4 *C. imicola* adultes (parmi 504 *Culicoides*). Différents pièges à émergence\* n'ont permis de récolter, sur trois jours, que 53 *C. imicola* et 165 autres *Culicoides* (J.-C. Delécolle, T. Baldet & B. Mathieu, communication personnelle), alors que 2 299 et 11 440 *C. imicola* adultes étaient capturés, 5 jours avant et 25 jours après respectivement, par un piège lumineux placé à quelques mètres de ce site. En juin 2004, des prélèvements de substrat ont de nouveau été effectués sur ce site. La présence de *C. imicola* a été identifiée dans deux lots (l'un composé d'une larve et l'autre de deux nymphes) en utilisant une technique de diagnostic par PCR (Cètre-Sossah *et al.*, 2004). La nuit suivante, un piège lumineux avait capturé 1 660 *C. imicola* adultes. Malgré les nombreuses tentatives pour trouver des larves sur ce site, le nombre de larves de *C. imicola* retrouvées reste très faible, surtout en regard du nombre d'adultes capturés. De nombreux autres gîtes larvaires potentiels à proximité de cet élevage ont également été prospectés, mais ils ne contenaient pas de larve de *C. imicola*.

La méconnaissance des gîtes larvaires et la petite taille de ces moucheron (trop petits pour être suivis sur le terrain à l'œil nu) freinent les études sur la bio-écologie de *C. imicola* : difficultés pour rechercher les gîtes de repos, suivre la reproduction, étudier le comportement dans l'espace et dans le temps, et plus généralement pour caractériser l'habitat de cette espèce.

### **3.3. Dispersion active et passive des Culicoides**

La majorité des espèces sont crépusculaires ou nocturnes et seules les femelles sont hématophages. Les femelles se déplacent activement pour rechercher un mâle, un repas de

sang, un gîte de ponte ou de repos (Sellers, 1992). La dispersion active (par le vol) des *Culicoides* est faible<sup>17</sup> : elle serait en général de quelques centaines de mètres (Kettle, 1951, 1990), pouvant atteindre quelques kilomètres pour *C. sonorensis*<sup>18</sup> (Lillie *et al.*, 1981). En revanche la dispersion passive par les vents (sous forme de « plancton aérien ») peut atteindre plusieurs centaines de kilomètres. Cette forme de dispersion, partie intégrante de la biologie des *Culicoides* (Murray, 1987b), a des répercussions majeures sur l'épidémiologie de la FCO puisque ce phénomène pourrait expliquer la diffusion de la maladie vers de nombreux pays (Alba *et al.*, 2004 ; Braverman & Chechik, 1996 ; De Liberato *et al.*, 2003 ; Ducheyne *et al.*, 2007(soumis) ; Sellers, 1975 ; Sellers *et al.*, 1978 ; Sellers *et al.*, 1979 ; Sellers & Pedgley, 1985 ; Sellers & Maarouf, 1989, 1991), notamment en France (Gerbier *et al.*, 2007 (accepted)).

### **3.4. Préférences trophiques de *C. imicola* et rôle réservoir de certains hôtes**

Les hôtes nourriciers préférentiels de *C. imicola* sont les ruminants sauvages et domestiques (bovins, ovins, caprins...) (Braverman *et al.*, 1971 ; Nevill & Anderson, 1972) et les équidés (Nevill & Anderson, 1972). Même si *C. imicola* est plutôt mammophile, en l'absence de ces hôtes préférentiels, il est aussi capable de se gorger sur des oiseaux (Braverman *et al.*, 1977). Certains auteurs décrivent des préférences de *C. imicola* plus marquées pour les chevaux et les bovins que pour les ovins (Braverman *et al.*, 1971 ; Du Toit, 1962 ; Nevill & Anderson, 1972), alors que d'autres études ont retrouvé *C. imicola* en plus grand nombre à proximité des troupeaux ovins que bovins (Mellor *et al.*, 1985). Néanmoins les données de préférence trophique sont souvent imprécises, à cause de l'absence de prise en compte de la disponibilité en hôtes sur le site de capture dans ces études et de la difficulté de capturer *C. imicola* directement sur les animaux (sur « appât ») (Du Toit, 1962).

Les bovins (Du Toit, 1962) et caprins (Luedke & Anakwenze, 1972) sont reconnus comme réservoirs de FCO : ils sont infectés, le plus souvent sans présenter de signes cliniques, amplifient le virus et constituent ainsi une source de virus pour l'infection de nouveaux vecteurs. Malgré ce rôle réservoir, la présence de bovins est souvent considérée comme protectrice pour les ovins : en étant plus attractifs pour les vecteurs, les bovins diminueraient le risque de transmission de la FCO aux ovins (Du Toit, 1962).

---

<sup>17</sup> Aucune donnée chiffrée concernant *C. imicola* n'est disponible.

<sup>18</sup> À l'époque appelé *C. variipennis*.

### ***3.5. Sensibilité aux paramètres météorologiques et implications épidémiologiques***

Les paramètres météorologiques et climatiques ont une très forte influence sur les populations de vecteurs ; leur dynamique saisonnière, et donc celle de la maladie, en est sans doute la manifestation la plus visible. Les conditions optimales de développement sont atteintes lorsque les conditions favorables de température, d'humidité, de vent... sont réunies.

#### *3.5.1. La température*

La température est un paramètre clef qui influe sur la transmission de la maladie *via* son influence sur la biologie des *Culicoides* (répartition, abondance, activité, dispersion, développement larvaire, durée de vie...) et sur le développement de l'agent pathogène (virogénèse), (Mathieu *et al.*, 2007(soumis)). En effet, le niveau de transmission peut être évalué par la capacité vectorielle\* et parmi les paramètres qui la définissent (Garrett-Jones, 1964), la densité, la fréquence de piqûre, la survie et la compétence des vecteurs et la durée d'incubation extrinsèque\* sont tous fortement influencés par la température.

##### *3.5.1.1. Température et biologie de C. imicola*

La température est déterminante pour l'activité : *C. imicola* serait actif lorsque des températures sont comprises entre 12,6 et 32 °C, avec un optimum entre 18 et 29 °C (Sellers & Mellor, 1993). Au laboratoire, 14 % des individus d'une population de *C. imicola* survivent 15 jours à -1,5 °C, aucun au-delà de 25 jours (Nevill, 1971). La diminution de la température avec l'altitude expliquerait les limites altitudinales de répartition des *Culicoides*. Des captures ont révélé la présence de *C. imicola* jusqu'à 759 mètres dans la Péninsule ibérique (Rawlings *et al.*, 1997), 1 275 mètres au Maroc (Baylis *et al.*, 1997) et de faibles effectifs ont été retrouvés à 1 000 mètres en Italie (Conte *et al.*, 2003).

Chez d'autres espèces de *Culicoides*, il a été montré que l'augmentation de température raccourcit la durée des stades larvaires et nymphal mais aussi la survie des adultes (Hunt *et al.*, 1989). Elle augmente l'activité des adultes (Murray, 1987b), le taux d'infection des moucheron par le virus, et raccourcit la période d'incubation extrinsèque (Mullens *et al.*, 2004). En revanche, en dessous de 15 °C, le virus ne se réplique plus dans l'insecte et la transmission est interrompue (Mullens *et al.*, 1995).

### 3.5.1.2. Température et maintien de la circulation virale

La température est un des facteurs déterminants pour expliquer le maintien de la circulation virale d'une année sur l'autre (*overwintering*) sans nouvelle introduction d'animaux ou de vecteurs infectés. Chez *C. imicola*, la diapause (phase d'arrêt du développement) étant assurée par le stade larvaire et en l'absence (*a priori*) de transmission verticale, le virus ne peut persister qu'au sein des populations de vecteurs adultes ou d'hôtes réservoirs. Dans certaines zones tropicales, les vecteurs adultes peuvent être présents toute l'année et ainsi maintenir le cycle de transmission. Cela pourrait également avoir été le cas dans certaines zones méditerranéennes telles que la Turquie occidentale et au sud de l'Espagne mais semble peu plausible à Madrid, à Lesbos ou en Colombie britannique<sup>19</sup> (Sellers & Mellor, 1993). En Turquie, il est avéré que des populations d'adultes ont permis le maintien du virus de la FCO pendant les hivers 1977-1978 et 1978-1979. Au cours de ces hivers, la moyenne des températures journalières maximales du mois le plus froid était de 12,5 °C (Sellers & Mellor, 1993).

En zone tempérée, il est rare que les adultes de *C. imicola* puissent se maintenir pendant l'hiver. Ainsi la maladie ne pourra être maintenue d'une année sur l'autre que si la durée d'absence des vecteurs adultes est inférieure à la durée maximale de virémie chez l'hôte. Deux paramètres sont donc à prendre en compte : la durée d'absence d'activité des vecteurs adultes et la durée de virémie (à un niveau suffisant) des espèces réservoirs. La durée maximale de la virémie peut atteindre 54 jours chez les ovins (Koumbati *et al.*, 1999) et, chez les bovins, la durée maximale de virémie prédite est 9 semaines<sup>20</sup> (Singer *et al.*, 2001). En connaissant le niveau de virémie « efficace », nécessaire à l'infection des vecteurs (niveau variable selon les populations de vecteurs, la température...), on pourrait estimer la durée maximale pendant laquelle un vecteur peut être absent sans que le cycle de transmission ne soit interrompu. Néanmoins, certaines études récentes émettent l'hypothèse que des bovins

---

<sup>19</sup> Sellers (1993) évalue la possibilité de persistance du virus au sein de populations de vecteurs adultes en fonction des conditions suivantes :

- (i)- la moyenne des températures journalières maximales du mois le plus froid  $\geq 12,5$  °C,
- (ii)- au moins 45 % des températures journalières maximales  $\geq 13$  °C,
- (iii)- la moyenne mensuelle de l'indice degré - jour  $\geq 1,35$  (Calcul de l'indice degré - jour : les jours ayant une température maximale comprise entre 18 et 29 °C ont un score de 6, ceux avec une température entre 13 et 17 °C ont un score compris entre 1 et 5),
- (iv)- au cours de l'hiver, il y a au maximum 40 jours pour lesquels la température journalière maximale  $< 13$  °C et au maximum 10 jours consécutifs ayant une température journalière maximale  $< 13$  °C.

<sup>20</sup> La probabilité que la virémie passe sous le seuil de détectabilité au delà de 9 semaines est supérieure à 99 %.

sans virémie détectable pourraient rester réservoirs pendant de longues périodes<sup>21</sup> (Takamatsu *et al.*, 2003 ; Takamatsu *et al.*, 2004) ; cette hypothèse n'a cependant pas encore été confirmée sur le terrain. Les phénomènes permettant la persistance du virus en milieu tempéré ne sont donc pas entièrement compris.

Enfin, il ne faut pas perdre de vue que, même si le vecteur ne se maintient pas dans la zone considérée, il peut persister dans une région proche à partir de laquelle il pourra être ré-introduit (*overwintering* dans une zone voisine). Cet argument plaide pour une gestion régionale ou supra-nationale des épizooties de FCO.

### 3.5.2. Humidité et pluie

Une humidité relative de l'air trop faible diminue l'activité et la survie des adultes. La pluie inhibe l'activité des adultes. L'humidité du sol est une variable déterminante de l'habitat larvaire de *C. imicola* (*cf.* partie 3.2. de ce chapitre) (Meiswinkel, 1997). Les œufs ne résistent pas à la sécheresse, alors que les nymphes, ne flottant pas, meurent si leur habitat est inondé (phénomène de lessivage des gîtes).

### 3.5.3. Effet du vent

Le vent a un effet inhibiteur sur la dispersion active (pour la recherche de proies, de gîtes larvaires et de repos) des adultes : les piégeages effectués les nuits de fort vent récoltent peu ou pas d'insectes. Ainsi, au Kenya, l'activité de *C. imicola* est fortement réduite lorsque le vent atteint 10 km.h<sup>-1</sup> (Walker, 1977).

En revanche, des vents d'une altitude allant jusqu'à 2 km, d'une vitesse de 10 à 40 km.h<sup>-1</sup> et d'une température de 12 à 35 °C permettent la dispersion passive des *Culicoides* sur plusieurs centaines de kilomètres (Sellers, 1992). Ainsi la dispersion de *C. brevitarsis* en Australie depuis les zones où il passe l'hiver vers les vallées et plaines côtières situées plus au sud peut être modélisée en fonction des vents (notamment sa vitesse) et de la température (Bishop *et al.*, 2000). La diffusion de *C. imicola* peut aussi être modélisée en prenant en compte le type de couvert végétal et les barrières géographiques (comme le relief) (Cêtre-Sossah *et al.*, 2008(accepté)). Comme il a été montré qu'une seule piqûre de *C. variipennis* suffisait pour transmettre la maladie (Foster *et al.*, 1968), il est possible que l'arrivée d'un seul moucheron infecté suffise à introduire la maladie dans un territoire indemne.

---

<sup>21</sup> Cela pourrait se produire grâce à un mécanisme de ré-activation au site de piqûre de particules virales présentes dans des lymphocytes

### **Résumé**

Il existe une grande diversité de *Culicoides*, notamment de *Culicoides* vecteurs de FCO. En Europe, au moins trois systèmes épidémiologiques impliquant des vecteurs différents sont en place.

En Corse, le vecteur principal est *C. imicola*. Malgré sa large répartition, son abondance et son importance vétérinaire, plusieurs facteurs limitent les connaissances sur la bio-écologie de cette espèce. Ses gîtes larvaires, constitués par des sols humides ou saturés en eau et riches en matière organique, restent difficiles à identifier et à caractériser précisément en Europe, même dans des élevages où les densités d'adultes sont très importantes. De par la nature de ses gîtes larvaires, ses préférences trophiques et ses capacités de dispersion active limitées, *C. imicola* apparaît comme inféodé aux élevages (de ruminants et de chevaux notamment) et aux zones de faible altitude. Les paramètres de température et d'humidité ont une forte influence sur la biologie de cette espèce (abondance, activité, dispersion, développement larvaire, survie...) ainsi que sur la transmission de la maladie (capacité vectorielle, maintien de la circulation virale d'une année sur l'autre...). Le vent a un effet inhibiteur sur la dispersion active des adultes mais assure leur dispersion passive sur des centaines de kilomètres.

À partir de ces connaissances sur la bio-écologie de *C. imicola*, plusieurs modèles de répartition et d'abondance de ce vecteur en Méditerranée ont été développés. Ils sont présentés dans le chapitre suivant.

## Chapitre 4

### Modélisation de la répartition de la fièvre catarrhale ovine et de ses vecteurs : état de l'art et propositions

*Dans le précédent chapitre, l'influence de paramètres physiques tels que la température et l'humidité sur la présence et la dynamique des populations de Culicoides a été présentée. Les premiers modèles de répartition de la FCO ou de ses vecteurs se sont appuyés sur ces variables météorologiques, obtenues à partir de stations météorologiques de terrain ou d'images satellitaires à basse résolution spatiale. Dans ce chapitre, après la présentation des deux principaux types de modèles applicables aux maladies vectorielles (partie 1), les modèles existants permettant d'expliquer et/ou de prévoir la répartition de la FCO et des Culicoides sont décrits (partie 2) et leurs points forts et leurs limites sont discutés (partie 3). Sur la base de cette appréciation, des propositions de travail sont faites pour l'étude de la maladie en Corse (partie 3.4).*

#### 1. La modélisation des maladies vectorielles

Un essai de synthèse sur les principaux types de modèles développés pour les maladies vectorielles a fait l'objet d'une publication (Tran *et al.*, 2005) dont est présenté ici un extrait définissant les grandes catégories de modèles appliqués dans ce domaine (l'article complet est inséré dans la section valorisation (article 3)).

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

---

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

---

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

Rappelons tout d'abord qu'un modèle est une représentation simplifiée d'un système réel : ainsi, un modèle n'est pas la réalité, il s'agit

d'une simplification effectuée afin de répondre à un problème donné, qui implique l'existence de limites de validité du modèle.

Les modèles peuvent généralement être classés en deux grandes catégories :

- les **modèles conceptuels**, qui s'attachent à expliquer de manière qualitative un phénomène ;
- les **modèles mathématiques**, qui visent à décrire de manière quantitative le fonctionnement d'un système, en écrivant sous forme d'équations les lois qui le régissent.

Parmi ces derniers, on distingue encore les modèles empiriques (ou statistiques), basés sur les données, et les modèles mécanistes (ou théoriques), qui sont basés sur les concepts. La première approche consiste à utiliser les résultats de l'expérience afin de déduire des relations statistiques entre les différentes variables du système. La seconde vise à déterminer ces relations à partir de la compréhension du fonctionnement du système. Enfin, parmi les modèles théoriques, on peut encore distinguer modèles déterministes, qui lient les variables entre elles de manière univoque, et modèles stochastiques, qui permettent d'introduire une part d'aléatoire dans les lois du modèle.

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

## 2. LES MODELES GEOGRAPHIQUES

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

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

paramètres environnementaux concernent non pas le vecteur mais directement la maladie (nombre de cas, taux d'incidence).

Les données d'observation de la Terre (images satellitaires, photographies aériennes), parce qu'elles permettent d'obtenir une information spatialisée sur l'environnement (occupation du sol, indices de température, de végétation), ont été largement utilisées pour ce type de modèle (Washino & Wood, 1994) (Hay, 1997) (Kitron, 1998), et appliquées à des maladies humaines telles que le paludisme (Beck *et al.*, 1994) (Omumbo *et al.*, 2002), la maladie de Lyme (Dister *et al.*, 1997) ou animales comme la trypanosomose animale (De La Rocque *et al.*, 2001) ou la peste équine (Baylis *et al.*, 1998). Le développement de ce type de modèle a également été facilité par l'essor récent des systèmes d'information géographique (SIG), qui sont des outils informatiques permettant le recueil, le stockage, l'intégration, l'analyse et la restitution de données géoréférencées (Gatrell & Löytönen, 1998).

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

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

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

cas de la fièvre catarrhale ovine, à deux échelles différentes.

### 3. LES MODELES EPIDEMIOLOGIQUES DE LA TRANSMISSION

#### 3.1. PRESENTATION GENERALE

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

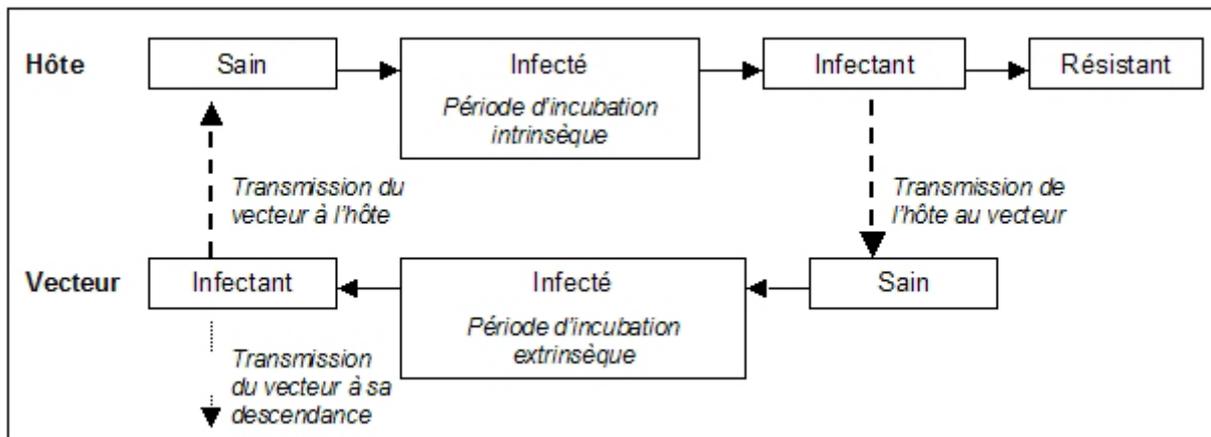
simuler de manière réaliste la dynamique de la maladie et, en particulier, d'évaluer, à partir de conditions initiales données, le nombre de nouveaux cas attendus, ainsi que d'identifier parmi différents facteurs les déterminants de la transmission.

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

Figure 2

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

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



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

(...)

De tels modèles ont été utilisés pour simuler la dynamique temporelle de maladies et pour étudier si, considérant les caractéristiques de la maladie et les conditions initiales, l'infection

va se propager ou non. Cette question pourra être étudiée à partir du calcul du « taux basique de reproduction » de la maladie (noté  $R_0$ ), défini comme le nombre de cas secondaires générés à partir de l'introduction d'un premier cas infecté dans une population d'hôtes sensibles, ou de la capacité vectorielle, indicateur synthétisant le rôle joué par le vecteur dans la transmission. Le détail de ces indicateurs est donné dans les paragraphes suivants.

#### 3.2. CALCUL DE LA CAPACITE VECTORIELLE

La capacité vectorielle d'une population de vecteurs est définie comme le nombre moyen de piqûres que les vecteurs, ayant piqué un individu infectant le jour  $t$ , infligent à la population d'hôtes pendant le reste de leur vie, une fois achevé le cycle d'incubation

extrinsèque (Garrett-Jones, 1964b). Autrement dit, elle représente le nombre de piqûres potentiellement infectantes qu'un individu peut générer, par l'intermédiaire de la population vectrice, par unité de temps, et constitue donc un indicateur du risque de transmission de la maladie.

(...)

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

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

avec **m** le nombre de vecteurs par hôte ;

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

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

(...)

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

maladies vectorielles ré-émergentes comme la dengue (Jetten & Focks, 1997).

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

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

Pour les maladies vectorielles, ce taux peut être estimé à partir de l'observation des cas déclarés (Degallier *et al.*, 2005), mais son expression détaillée est liée à celle de la capacité vectorielle, en multipliant celle-ci par la durée pendant laquelle l'hôte est infectant, qui peut être exprimée comme l'inverse du taux de guérison de l'hôte (noté  $r$ ) :

$$R_0 = \frac{C}{r} \text{ (MacDonald, 1957).}$$

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

## **2. Les modèles existants de répartition de la FCO ou de ses vecteurs**

Au cours de ces quinze dernières années, ont été développés plusieurs modèles géographiques pour décrire, comprendre et/ou prédire la répartition de la FCO et/ou des *Culicoides*, ainsi que, très récemment, un modèle épidémiologique sur la capacité vectorielle de *C. imicola* (Biteau-Coroller, 2006). Seuls seront détaillés ici les modèles géographiques.

Les modèles géographiques existant pour la FCO ou les *Culicoides* ont été développés à partir de données météorologiques de terrain (stations météorologiques) ou obtenues à partir d'images satellitaires à basse résolution spatiale. Leurs objectifs sont de mieux comprendre les facteurs déterminant la distribution d'une espèce, d'identifier les zones et/ou les périodes à risque (et celles où, au contraire, le risque est très faible ou nul), et de tester différents scénarios comme l'effet d'un changement climatique sur l'aire de répartition de l'espèce ou l'effet de stratégies de contrôle de la maladie (Baylis *et al.*, 2004 ; Tabachnick, 2004).

Les modèles relatifs à la FCO et aux *Culicoides* seront abordés successivement. Puis le bilan de ces modèles et leur capacité à prédire la situation observée, notamment en Corse, sera établi afin de dégager des propositions de travail et de définir les objectifs de cette thèse.

### ***2.1. Modélisation de la répartition de la FCO à partir de données météorologiques de terrain***

Les premières études modélisent la prévalence\* (ou l'incidence\*) de la FCO au sein de troupeaux bovins à partir de données météorologiques recueillies au niveau de stations météorologiques de terrain (Ward, 1994 ; Ward & Thurmond, 1995 ; Ward, 1996 ; Ward & Carpenter, 1996a, 1996b ; Wright *et al.*, 1993) (*cf.* tableau 2). Ces modèles tiennent compte des dimensions spatiale et temporelle de la circulation virale : ils ont pour objectif d'expliquer la saisonnalité et la répartition géographique de la circulation virale. Ils n'ont été développés que pour l'Australie et les Etats-Unis, où les vecteurs principaux sont respectivement *C. brevitarsis* et *C. sonorensis*. Parmi les variables météorologiques testées, celles qui sont le plus souvent associées au risque de séroconversion se rapportent à la température et à la pluviométrie. Cependant, les modalités de mesure (pas de temps de la mesure) et les descriptifs statistiques (critères de position ou de dispersion) de ces variables diffèrent selon les modèles : mesures journalière ou horaire, intégrant un décalage temporaire ou non (mesure à  $t - x$ ), valeur minimale, moyenne ou maximale... Les résultats de l'évaluation interne (réalisée sur le même jeu de données que celui qui a servi à construire le modèle) des modèles

sont très variables :  $R^2$  varie de 0,39 à 0,92. Aucun modèle n'a été validé sur un jeu de données externe (validation externe).

Tableau 2 : Modèles géographiques de FCO en fonction de variables météorologiques.

Auteurs, année (pays)	Protocole		Variables explicatives	Validation	
	Données épidémiologiques	Données météorologiques		interne	externe
Wright <i>et al.</i> , 1993 (USA)	séroconversion au sein d'un troupeau de 68 bovins	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Stations de terrain : 6 variables (relatives à la température, au nombre d'heures de végétation mouillée, à la pluviométrie et à l'ensoleillement)</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ moyenne hebdomadaire du nombre d'heures de végétation mouillée journalier</li> <li>▪ pluviométrie</li> </ul>	$R^2 = 0,62$	/
Ward, 1994 (Australie)	prévalence sérologique de 410 troupeaux bovins	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Stations de terrain : interpolation de 18 variables issues de 136 stations (relatives à la température, l'humidité, la pluviométrie, l'évaporation, la rosée, l'ensoleillement et à la pression atmosphérique)</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ température moyenne journalière maximale</li> <li>▪ pluviométrie moyenne annuelle</li> </ul>	$R^2 = 0,39$	/
Ward & Thurmond, 1995 (Australie)	séroconversion de 464 bovins issus de 44 troupeaux	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Stations de terrain : 3 variables (relatives à la température et à la pluviométrie)</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ moyennes mensuelles des températures journalières maximales 1 et 2 mois avant</li> <li>▪ moyennes mensuelles des températures journalières minimales 2 et 3 mois avant</li> <li>▪ pluviométries 1 et 3 mois avant</li> <li>▪ terme d'interaction</li> </ul>	$(RR-1)/RR = 98\%$	/
Ward, 1996 (Australie)	incidence dans 15 troupeaux bovins ayant séroconversion		<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ ratios des températures mensuelles maximales et minimales 1 et 6 mois avant</li> <li>▪ pluviométries 2 et 6 mois avant</li> </ul>	$R^2$ ajusté = 0,92	/
Ward & Carpenter 1996a et b (Australie)	séroconversion de 464 bovins issus de 44 troupeaux		mêmes variables que celles du modèle de Ward (1996) (modèle d'état et de transition)	$r = 0,75$	/

RR : risque relatif ;  $(RR - 1)/RR$  : fraction étiologique chez les exposés

## 2.2. Modélisation de la répartition des vecteurs

La répartition des vecteurs peut être étudiée soit de façon dynamique, en modélisant leur dispersion, soit de façon statique, en modélisant leur présence ou leur abondance.

### 2.2.1. Modèles de dispersion des vecteurs

Les études de dispersion ont surtout concerné les mouvements de *C. brevitarsis* en Australie. Seuls le nord et la côte est de ce pays présentent un climat qui permet la survie des

populations de *C. brevitarsis* pendant l'hiver (Murray, 1995). La limite sud de répartition de ces populations durablement installées constitue la « ligne brevitarsis » (Murray, 1987c). Chaque année, au cours de la saison chaude, les vents transportent des vecteurs vers le sud et permettent ainsi la circulation saisonnière des virus de la FCO ou d'Akabane dans les régions à forte densité de bétail (Bishop *et al.*, 1995a ; Murray, 1987a). Deux approches ont été employées pour modéliser cette dispersion. Outre la distance aux zones d'enzootie, la première approche fait appel à des paramètres météorologiques tels que la vitesse du vent et la température (Bishop *et al.*, 2000). La deuxième approche n'inclut pas de paramètres météorologiques mais tient compte de l'altitude et de la distance à parcourir (Bishop *et al.*, 2004a, 2004b). Une approche similaire a été appliquée pour modéliser la dispersion de *C. imicola* dans le Var {Tran, 2008 (accepté) #676} en fonction du relief, du type de couvert végétal et du chemin à parcourir depuis le site le plus proche où le vecteur est présent (*cf.* section valorisation, article 6).

### 2.2.2. Modèles statiques de répartition des vecteurs

L'introduction puis l'installation de *C. imicola* en Europe a suscité un nombre important d'études sur sa répartition dans cette nouvelle aire géographique. Les modèles statiques développés s'appuient tous sur des variables météorologiques qui ont pour origine soit des stations météorologiques de terrain (partie 2.2.2.1) soit des images satellitaires (partie 2.2.2.2).

#### 2.2.2.1. Modèles de répartition de *C. imicola* fondés sur des données météorologiques de terrain

Deux modèles de répartition de *C. imicola* ont été construits à partir de données météorologiques recueillies uniquement à partir de stations de terrain (Conte *et al.*, 2003 ; Wittmann *et al.*, 2001) (tableau 3). Le modèle de Wittmann *et al.* (2001) est uniquement fondé sur la température. Le modèle de Conte *et al.* (2003) inclut la température ainsi que d'autres paramètres (humidité et altitude). Globalement, ils présentent de bons résultats de validation interne ; en revanche, aucune validation externe quantitative n'a été réalisée.

Afin de prédire la présence ou l'absence de *C. imicola* dans les autres pays européens du bassin méditerranéen, les résultats du modèle de Wittmann *et al.* développé pour la péninsule Ibérique ont été extrapolés (Wittmann *et al.*, 2001). Les résultats ont été discutés mais pas évalués quantitativement. Ce modèle a également été utilisé pour prédire l'impact d'une

augmentation de température de 2 °C<sup>22</sup>, sans que cela n'ait pu être validé. Une validation externe qualitative a été effectuée par Calistri *et al.* (2003) en appliquant le modèle en Italie. Elle montre que ce modèle ne permet pas de traduire les différences de répartition de *C. imicola* observées sur le terrain. Les différences entre les observations et les prédictions sont importantes, notamment en Sicile, en Calabre, en Emilie-Romagne et dans les Pouilles (où pour plusieurs sites où *C. imicola* est absent, le modèle prédit une probabilité de présence supérieure à 75 %) (Calistri *et al.*, 2003).

Tableau 3 : Modèles géographiques de répartition de *C. imicola* en fonction de variables météorologiques issues de stations de terrain.

Auteurs (année)	Protocole :		Variable expliquée	Variables explicatives	Validation	
	Données entomologiques	Données météorologiques			interne	externe
Wittmann <i>et al.</i> (2001)	Piègées de <i>Culicoides</i> dans 30 sites sur la péninsule Ibérique, 1993- 1995	▪ <b>Stations de terrain :</b> température, humidité, pluviométrie (+altitude)	Présence / absence de <i>C. imicola</i>	▪ minimum de la <b>température</b> mensuelle minimale moyenne pour la période 1931-1960 ▪ maximum de la <b>température</b> mensuelle maximale pour la période 1931-1960 ▪ nombre moyen de mois par année ayant une <b>température</b> moyenne supérieure à 12,5 °C pour la période 1931-1960	taux de bonne prédiction = 83 %; sensibilité = 87,5 %; spécificité = 78,6 %	qualitative (Calistri <i>et al.</i> 2003)
Conte <i>et al.</i> (2003)	Piègées de <i>Culicoides</i> dans 546 sites en Italie, août- novembre 200?	▪ <b>Stations de terrain :</b> Interpolation de la température, l'humidité et la pluviométrie issues de 80 stations (+ altitude et longueur cours d'eau)	Abondance de <i>C. imicola</i>	▪ moyenne annuelle (1999- 2001) des <b>températures</b> journalières minimales ▪ moyenne annuelle (1999- 2001) de l' <b>humidité</b> relative journalière minimale ▪ <b>altitude</b> moyenne	taux de bonne prédiction = 77,5 %; sensibilité = 68 %; spécificité = 84 %	/

#### 2.2.2.2. Modèles de répartition des vecteurs fondés sur des données météorologiques issues d'images satellitaires

Les modèles comprenant des données météorologiques et environnementales issues d'images satellitaires (Baylis *et al.*, 1998 ; Baylis & Rawlings, 1998 ; Baylis *et al.*, 1999 ; Baylis *et al.*, 2001 ; Purse *et al.*, 2004 ; Roger *et al.*, 2003 ; Roger, 2002 ; Tatem *et al.*, 2003) développés pour *C. imicola* sont présentés dans le tableau 4. Les premiers modèles (Baylis *et*

<sup>22</sup> Augmentation de 2 °C de chacune des trois variables explicatives liées à la température incluses dans le modèle

*al.*, 1998 ; Baylis & Rawlings, 1998 ; Baylis *et al.*, 1999) comprennent à la fois des données météorologiques recueillies sur le terrain et issues d'images satellitaires. Baylis *et al.* (1999) montre en Afrique du Sud que les modèles utilisant des données météorologiques issues d'images satellitaires obtiennent de meilleurs résultats que ceux obtenus avec des données issues de stations météorologiques de terrain (Baylis *et al.*, 1999).

Les variables satellitaires utilisées sont toutes obtenues à partir du radiomètre AVHRR (Advanced Very High Resolution Radiometer) à basse résolution spatiale. Les variables extraites sont relatives à l'indice de végétation à différence normalisée (NDVI), à la température de la surface terrestre (LST), à la température de l'air (TAIR), au rayonnement dans l'infrarouge moyen (MIR) et au déficit de pression de vapeur (VPD). Tous ces modèles font intervenir le NDVI, sauf celui développé à partir de piégeages réalisés en France (Roger *et al.*, 2003 ; Roger, 2002), et le LST, sauf celui développé au Maroc (Baylis *et al.*, 1998 ; Baylis & Rawlings, 1998). Comme précédemment, les modalités de mesure et les statistiques des variables diffèrent entre modèles (amplitude du cycle, phase du cycle, cycle annuel, biennuel...). À partir des piégeages réalisés, certains auteurs proposent également des modèles de répartition pour les autres espèces de *Culicoides* potentiellement vectrices de FCO (*C. obsoletus*, *C. scoticus*, *C. pulicaris* et *C. newsteadi*) (Purse *et al.*, 2004 ; Roger *et al.*, 2003 ; Roger, 2002), ils ne seront pas détaillés ici.

Certains modèles ont fait l'objet de validations externes quantitatives (Baylis & Rawlings, 1998 ; Capela *et al.*, 2003). Ces évaluations (tableau 4) font état d'une faible adéquation entre les prédictions et les données observées, soulignant la difficulté d'extrapoler les modèles d'un pays à un autre, même au sein du bassin méditerranéen. Le modèle développé par Baylis *et al.* (2001) pour le bassin méditerranéen a également fait l'objet d'une validation externe qualitative en Italie par Calistri *et al.* (2003). Malgré une bonne adéquation pour la Sardaigne et le centre-ouest de l'Italie, ce modèle ne permet pas de prédire la distribution de *C. imicola* observée en Sicile, en Calabre et dans les Pouilles (Calistri *et al.*, 2003).

Tableau 4 : Modèles géographiques de répartition de *C. imicola* en fonction de variables météorologiques et environnementales issues d'images satellitaires.

Auteurs (année)	Protocole :		Variable expliquée	Variables explicatives	Validation	
	Données entomologiques	Données météorologiques			interne	externe
Baylis & Rawlings (1998) ; Baylis et al. (1998)	3 887 piègeages de <i>Culicoides</i> dans 22 sites au Maroc, 1994-1995	<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ <b>Station terrain</b> : température, humidité, vent</li> <li>▪ <b>Satellites</b> : radiomètre AVHRR (pixel = 7,6 km<sup>2</sup>)</li> </ul>	Abondance de <i>C. imicola</i>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ <b>Vitesse du vent</b> (minimum des moyennes mensuelles des minima journaliers)</li> <li>▪ <b>NDVI</b> (minimum annuel des valeurs mensuelles moyennées sur 10 ans)</li> </ul>	R <sup>2</sup> ajusté = 53,2 %	Péninsule Ibérique : R <sup>2</sup> = 39,7 % pour sites du sud ; non validé au nord
Baylis et al. (1999)	959 piègeages de <i>Culicoides</i> dans 34 sites en Afrique du Sud, 1984-1986	<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ <b>Station terrain</b> : température et pluviométrie</li> <li>▪ <b>Satellites</b> : radiomètre AVHRR (pixel = 7,6 km<sup>2</sup>)</li> </ul>	Abondance de <i>C. imicola</i>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ <b>LST</b> (moyenne sur 3 ans des minima annuels)</li> <li>▪ <b>NDVI</b> (moyenne sur 3 ans des minima annuels)</li> </ul>	R <sup>2</sup> = 66,9 %	/
Baylis et al. (2001)	7 006 piègeages de <i>Culicoides</i> dans 60 sites sur la péninsule Ibérique et 22 sites au Maroc, 1993-1995	<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ <b>Satellites</b> : radiomètre AVHRR (pixel = 7,6 km<sup>2</sup>) et MNT (pixel = 8 km<sup>2</sup>)</li> </ul>	Abondance de <i>C. imicola</i>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ <b>NDVI</b> (phases des cycles annuel et triannuel)</li> <li>▪ <b>MIR</b> (amplitude du cycle annuel)</li> <li>▪ <b>Altitude</b></li> <li>▪ <b>VPD</b> (phase du cycle annuel)</li> <li>▪ <b>LST</b> (minimum et phase du cycle annuel)</li> </ul>	kappa = 0,90	kappa = 0,202 (Capela et al. 2003; Portugal, 87 sites)
Roger (2002) ; Roger et al. (2003)	Pièges de <i>Culicoides</i> dans 32 sites en France, 2000-2001	<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ <b>Satellites</b> : radiomètre AVHRR et MNT (pixel = 1 km<sup>2</sup>)</li> </ul>	Abondance de <i>C. imicola</i>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ <b>LST</b> (minimum, maximum et phase du cycle triannuel)</li> <li>▪ <b>MIR</b> (phase du cycle annuel)</li> </ul>	kappa = 0,68	Foyers de FCO : AUC ROC = 0,73
Tatem et al. (2003)	Pièges de <i>Culicoides</i> dans 87 sites au Portugal, 2000-2001	<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ <b>Satellites</b> : radiomètre AVHRR (pixel = 1 km<sup>2</sup>) et MNT (pixel = 1 km<sup>2</sup>)</li> </ul>	Présence/absence de <i>C. imicola</i>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ <b>MIR</b> (moyen, amplitude et phase du cycle annuel)</li> <li>▪ <b>NDVI</b> (minimum et phases des cycles biannuel et triannuel)</li> <li>▪ <b>LST</b> (maximum)</li> <li>▪ <b>TAIR</b> (moyen et phase du cycle triannuel)</li> </ul>	kappa = 0,91 ; Sensibilité = 93 % ; Spécificité = 98 %	/
			Classes d'abondance de <i>C. imicola</i>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ <b>NDVI</b> (phase du cycle annuel et amplitude du cycle biannuel)</li> <li>▪ <b>MIR</b> (moyen et amplitude du cycle biannuel)</li> <li>▪ <b>LST</b> (variance)</li> <li>▪ <b>TAIR</b> (phase du cycle triannuel et amplitude du cycle biannuel)</li> </ul>	kappa = 0,88	/
Purse et al. (2004)	767 pièges de <i>Culicoides</i> dans 248 sites en Sicile, 2000-2002	<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ <b>Satellites</b> : radiomètre AVHRR (pixel = 1 km<sup>2</sup>) et MNT (pixel = 1 km<sup>2</sup>)</li> </ul>	Présence/absence de <i>C. imicola</i>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ <b>LST</b> (phase du cycle triannuel, amplitude du cycle biannuel)</li> <li>▪ <b>MIR</b> (moyenne, minimum, phases des cycles triannuel et annuel, et amplitude du cycle annuel)</li> <li>▪ <b>NDVI</b> (phase du cycle annuel, moyenne et variance)</li> </ul>	kappa = 0,68	/

**NDVI** : normalized difference vegetation index\* = indice de végétation à différence normalisée ; **LST** : Land surface temperature\* = température de la surface terrestre ; **MIR** : middle infrared reflectance\* = rayonnement dans l'infrarouge moyen ; **VPD** : vapour pression deficit = déficit de pression de vapeur ; **TAIR** : air temperature\* = température de l'air.

### **3. Bilan, limites et propositions**

Les avantages et inconvénients des modèles et les informations qu'ils apportent sont synthétisés et replacés dans le contexte épidémiologique de la FCO en France afin de dégager des propositions de travail de thèse.

#### ***3.1. Avantages et inconvénients liés à l'objet modélisé***

L'application des modèles épidémiologiques doit à terme servir d'outils d'aide au contrôle des maladies. Pour cela, l'objectif de ces modèles peut être de mieux définir les zones et périodes à risque ou de mieux comprendre le cycle de transmission de la maladie (facteurs de risque ou seuils d'interruption par exemple). Deux approches peuvent être distinguées selon qu'elles portent sur la maladie ou sur le vecteur.

##### *3.1.1. Modélisation de la maladie*

Les modèles fondés sur la maladie (ou sur la circulation virale) ont l'avantage, par rapport à ceux fondés sur les vecteurs, d'étudier directement le phénomène que l'on cherche à prévenir (la maladie). En revanche, ils ne permettent pas de comprendre le mécanisme intime menant au « résultat » maladie. En effet, pour que le virus circule (et éventuellement que la maladie se déclare), il faut que trois « acteurs » soient réunis : i) le virus, ii) une espèce sensible, iii) un vecteur compétent et capable. Les modèles géographiques, cherchant à relier la maladie avec l'environnement (ici les variables météorologiques), présentent un lien moins direct que celui existant entre l'environnement et l'abondance de vecteurs, surtout si le virus n'a pas de réservoir environnemental (pas de maintien dans le milieu extérieur), comme c'est le cas pour la FCO. Le plus souvent, ils ne tiennent pas compte du déplacement des animaux, ni de leur localisation au moment de l'exposition au pathogène. En revanche, les données épidémiologiques concernant la maladie sont souvent moins difficiles à recueillir, notamment s'il s'agit de maladies à déclaration obligatoire, que les données entomologiques.

##### *3.1.2. Modélisation des vecteurs*

Modéliser la présence ou l'abondance de vecteurs correspond à estimer le risque « potentiel » de survenue de FCO qui caractérise les zones où, si des animaux sensibles sont présents, le virus pourra circuler. Ainsi, cette démarche peut être menée même en l'absence de circulation virale ; elle permet alors de cibler les programmes d'épidémiologie. Cette approche présente aussi l'avantage d'améliorer les connaissances sur les vecteurs, ce qui est

particulièrement intéressant pour les *Culicoides* dont la bio-écologie est mal connue. En revanche, le recueil des données entomologiques nécessaires à la construction des modèles est souvent fastidieux, notamment dans le cas des *Culicoides* en raison de leur abondance, leur petite taille, leur variété ainsi que les similitudes morphologiques des espèces piégées et les problèmes taxonomiques qui leur sont associés.

### **3.2. Avantages et inconvénients liés au type de variables environnementales incluses**

Tous les modèles présentés ici s'appuient sur des variables environnementales météorologiques, soit recueillies directement à partir de stations de terrain, soit obtenues à partir d'images satellitaires à basse résolution spatiale. Mis à part deux modèles qui testent l'effet de l'altitude (Conte *et al.*, 2003 ; Wittmann *et al.*, 2001) et de la longueur des cours d'eau (Conte *et al.*, 2003), aucune autre influence environnementale n'est testée.

#### **3.2.1. Données météorologiques recueillies sur le terrain**

Les données recueillies sur le terrain peuvent être issues de stations de terrain fixes, parfois situées à quelques kilomètres des sites échantillonnés, ou de petites stations mobiles placées sur le site même. Les données des stations fixes sont souvent disponibles pour de longues périodes de temps mais ne reflètent pas forcément les conditions locales observées sur le site échantillonné (Baylis *et al.*, 1998). De plus, il arrive que plusieurs sites dépendent d'une même station. Afin d'éviter ce problème, certains protocoles de piégeage échantillonnent un site<sup>23</sup> proche de chaque station, ou bien interpolent les variables météorologiques (comme dans Conte *et al.*, 2003). Les stations mobiles sont plus souples d'utilisation, mais, outre leur coût, elles sont très dépendantes des conditions locales (lieu de pose choisi) et ne permettent pas de travailler sur de longues séries temporelles. De plus, un nombre limité de paramètres sont mesurés. Enfin, la production de cartes de risque à partir de modèles fondés sur des données issues de stations de terrain se heurte à des problèmes d'interpolation puisque les paramètres du modèle ne sont mesurés que pour un nombre limité de sites.

#### **3.2.2. Données satellitaires**

Pour tous les modèles présentés ci-dessus, les données météorologiques proviennent toutes du capteur AVHRR porté par les satellites NOAA (National Oceanic and Atmospheric Administration). Ces satellites présentent une basse résolution spatiale (taille du pixel

---

<sup>23</sup> Dans le cas des *Culicoides*, les sites sont des élevages de ruminants ou de chevaux.

de 1,1 km<sup>2</sup>)<sup>24</sup> et une haute résolution temporelle (au moins deux acquisitions de la même scène par jour), les deux étant inversement proportionnelles. Le capteur AVHRR mesure le rayonnement électromagnétique dans cinq bandes spectrales couvrant les domaines du visible, du proche infrarouge et de l'infrarouge thermique (Girard & Girard, 1999). À partir des images acquises par ces capteurs, des indices météorologiques (tels que LST ou TAIR) peuvent être extraits. Les informations sont souvent synthétisées en réalisant une analyse de Fourier sur une série d'images afin de déterminer non pas la valeur brute de ces indices à un temps donné, mais leur moyenne, leurs caractéristiques en termes de cyclicité (phase et amplitude des cycles). Les principaux avantages de ces indices sont leur disponibilité en tout point de l'espace couvert par l'image à une fréquence temporelle élevée. De plus, parce que l'information est mesurée pour une surface donnée (« taille » du pixel) et non en un point particulier, ils sont moins sensibles aux variations locales que les données issues des stations météorologiques de terrain. Ils pourraient ainsi être plus en adéquation avec les échelles d'études utilisées en épidémiologie géographique (en prenant en compte l'influence du milieu dans le voisinage du site échantillonné et non au site exact d'échantillonnage) (Baylis *et al.*, 1998).

### ***3.3. Limites des modèles existants à prédire la situation en Corse***

Les résultats des piégeages réalisés en Corse avant le début de la thèse sont utilisés afin d'évaluer les prédictions des modèles existants pour cette région.

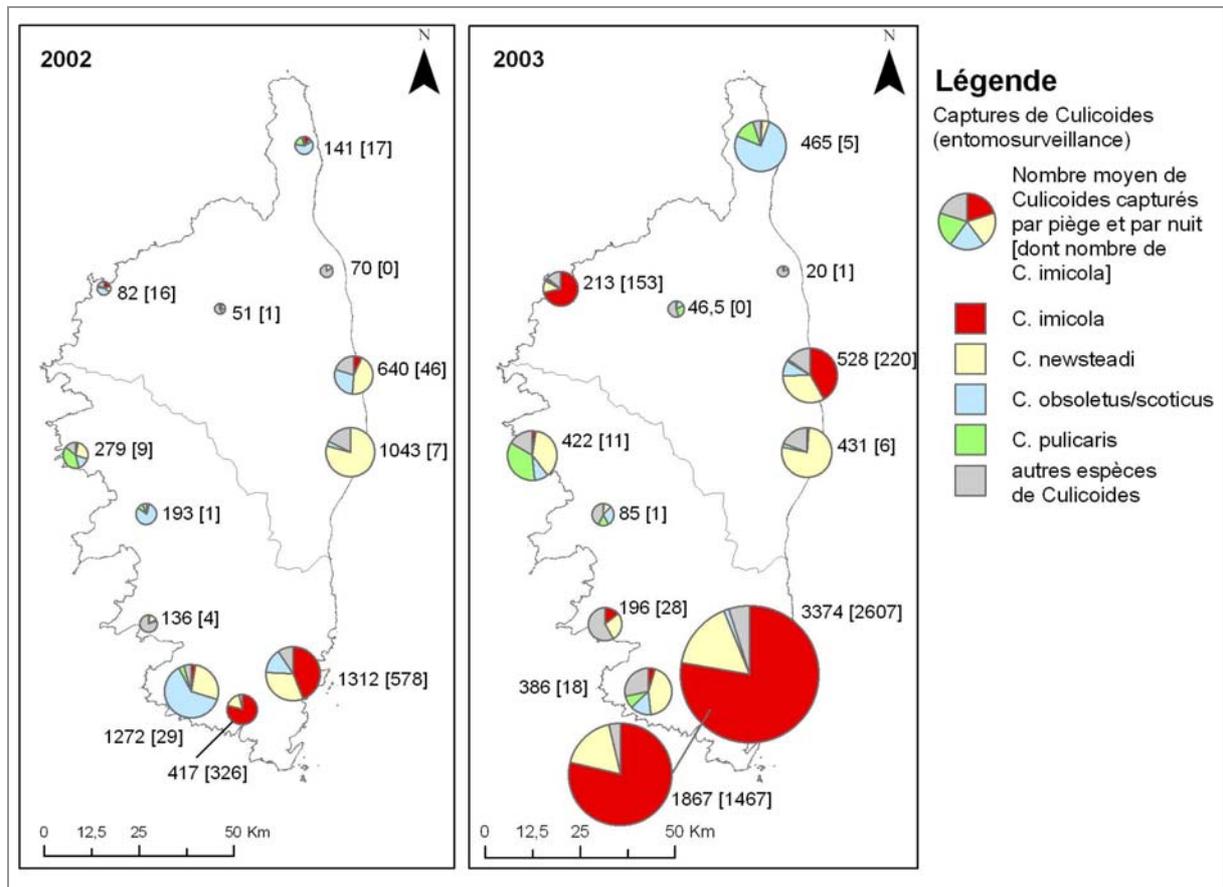
#### ***3.3.1. Résultats de piégeages réalisés en Corse en 2002 et 2003***

Les résultats des piégeages réalisés en 2002 dans le cadre de la surveillance entomologique en Corse (figure 9) ont montré que les densités de *C. imicola* étaient très variables (Baldet *et al.*, 2004 ; Baldet *et al.*, 2005). Cette espèce a été capturée dans 11 des 12 sites, et le nombre moyen capturé par nuit a dépassé 10 individus dans 6 sites. Elle était prédominante dans le sud de l'île, à Porto-Vecchio et à Figari. En 2002, *C. imicola* représentait environ 18 % des *Culicoides* capturés avec une moyenne de 86 individus par piège et par nuit (180 nuits de piégeages, 12 sites, 11 mois) (Baldet *et al.*, 2004 ; Baldet *et al.*, 2005). En 2003, les densités de *C. imicola* ont augmenté, surtout dans l'extrême sud de l'île mais aussi dans deux sites en Haute Corse. Cette espèce représentait 57,9 % des spécimens capturés avec une moyenne de 366 individus par piège et par nuit (174 nuits de piégeage, 12 sites, 12 mois) (Baldet *et al.*, 2005).

---

<sup>24</sup> Dans certains des modèles présentés, les images ont été re-échantillonnées, d'où une taille de pixel différente.

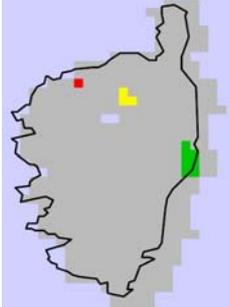
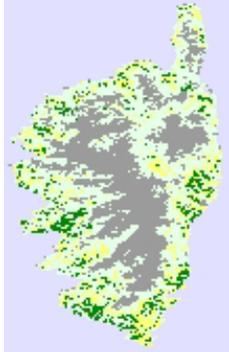
Figure 9 : Distribution spatiale des *Culicoides* piégés en Corse en 2002 et 2003. Source des données utilisées pour la réalisation de la carte : entomosurveillance réalisée par le Cirad, l'EID, l'Université de Strasbourg et les DDSV de Corse du Sud et de Haute Corse.



### 3.3.2. Prédictions des modèles existants en Corse

La capacité des modèles présentés précédemment pour prédire la situation épidémiologique en Corse est globalement faible. Aucun modèle fondé sur la maladie (partie 2.1 de ce chapitre) n'a été développé dans un contexte régional méditerranéen ou pour une région où le vecteur est *C. imicola*. Les prédictions des modèles fondés sur le vecteur *C. imicola* dans le bassin méditerranéen, quand elles sont disponibles pour la Corse, sont d'efficacité variable (tableau 5).

Tableau 5 : Prédictions d'abondance ou de présence/absence de *C. imicola* en Corse par les modèles géographiques existants.

Auteur (année)	Carte de prédiction pour la Corse	Légende	Bilan pour la Corse					
Wittmann <i>et al.</i> , (2001)		<p>Probability of occurrence</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>● 0-0.09</li> <li>● 0.1-0.29</li> <li>● 0.3-0.49</li> <li>● 0.5-0.74</li> <li>● 0.75-1.0</li> </ul>	Le modèle prédit de faibles abondances (0,1 – 0,29) de <i>C. imicola</i> à Ajaccio (Corse).					
Baylis <i>et al.</i> , (2001)		<p>Predicted abundance class</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>■ Highest</li> <li>■ Intermediate</li> <li>■ Lowest</li> <li>■ No Prediction</li> </ul>	Globalement, ce modèle ne permet pas de prédire l'abondance de <i>C. imicola</i> en Corse, le milieu étant trop différent.					
Roger (2002)		<ul style="list-style-type: none"> <li>■ No prediction</li> <li>■ Prediction of abundance: none</li> <li>■ Prediction of abundance: low</li> <li>■ Prediction of abundance: high</li> </ul>	Le seul modèle utilisant des données de Corse prédit une distribution de <i>C. imicola</i> sous forme de patches de densités fortes et faibles en plaine, au sein d'une matrice de densité nulle (en plaine également). Les zones d'altitude élevée sont trop différentes pour que le modèle puisse prédire la densité du vecteur.					
Tatem (2003)		<p>Présence / absence</p> <table border="1" data-bbox="627 1160 959 1245"> <tr><td>■ Sea</td></tr> <tr><td>■ Absence (&lt;0.5 Probability of Presence)</td></tr> <tr><td>■ Presence (&gt;0.5 Probability of Presence)</td></tr> <tr><td>■ No Prediction</td></tr> </table>	■ Sea	■ Absence (<0.5 Probability of Presence)	■ Presence (>0.5 Probability of Presence)	■ No Prediction	Ce modèle présence/absence prédit l'absence de <i>C. imicola</i> en Corse	
■ Sea								
■ Absence (<0.5 Probability of Presence)								
■ Presence (>0.5 Probability of Presence)								
■ No Prediction								
Tatem (2003)		<p>Abondance</p> <table border="1" data-bbox="762 1350 970 1462"> <tr><td>■ Sea</td></tr> <tr><td>■ Zero/Low Abundance</td></tr> <tr><td>■ Intermediate Abundance</td></tr> <tr><td>■ High Abundance</td></tr> <tr><td>■ No Prediction</td></tr> </table>	■ Sea	■ Zero/Low Abundance	■ Intermediate Abundance	■ High Abundance	■ No Prediction	Ce modèle prédit une abondance nulle ou faible pour l'essentiel de la Corse. Une petite zone d'abondance intermédiaire est prédite sur la côte nord-ouest de l'île (Calvi et Saint Florent), et une petite zone de forte abondance est prédite sur la côte sud-ouest de l'île (Propriano).
■ Sea								
■ Zero/Low Abundance								
■ Intermediate Abundance								
■ High Abundance								
■ No Prediction								
de La Rocque <i>et al.</i> , (2004)		<p>Application du modèle développé par Baylis <i>et al.</i> (1999) afin de caractériser les zones favorables à <i>C. imicola</i>.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>■ Milieu très favorable</li> <li>↑</li> <li>□ Milieu moins favorable</li> </ul>	L'application en Corse des paramètres du modèle développé par Baylis <i>et al.</i> (1999) en Afrique du Sud prédit des zones très favorables à <i>C. imicola</i> dans le sud-ouest de l'île ainsi que dans la plaine orientale.					
Purse (2004)		<p><b>Rouge</b> : absence de <i>C. imicola</i>  <b>Vert</b> : présence de <i>C. imicola</i>  <b>Gris</b> : pas de prédiction</p>	Ce modèle prédit l'absence de <i>C. imicola</i> en Corse (à part quelques rares sites côtiers notamment à proximité de Ghisonaccia)					

### 3.3.3. Évaluation des prédictions

Il est difficile de comparer les cartes de répartition prédites par les modèles parce que d'une part, sans accès aux données, cette comparaison ne peut être que qualitative, et d'autre part les situations observées (12 sites de piégeage) et prédites (pour des pixels supérieurs à 1 km<sup>2</sup>) sont examinées à des échelles très différentes. Néanmoins, deux modèles paraissent refléter l'existence de variations locales d'abondance : celui intégrant des données entomologiques corses (Roger *et al.*, 2003 ; Roger, 2002) et celui développé initialement en Afrique du Sud (Baylis *et al.*, 1999) et appliqué en Corse (de La Rocque *et al.*, 2004). Toutefois, comme le suggèrent Pili *et al.* (2006) pour la Sardaigne, une analyse à une échelle plus fine et incluant d'autres facteurs environnementaux paraît indispensable pour mieux refléter les variations locales de densités du vecteur et de répartition des foyers et ainsi établir des cartes de prédictions plus proches de la situation observée (Pili *et al.*, 2006).

## 3.4. Propositions : objectifs du travail de thèse

### 3.4.1. Objectif général

L'objectif général de ce travail de thèse est de développer une approche nouvelle pour caractériser l'environnement favorable à *C. imicola* et à la FCO en Corse, à une échelle locale. Le but est de mieux caractériser les zones à risque de présence du vecteur et de la maladie, afin de cibler la surveillance, en milieu infecté et en milieu indemne, et afin de mieux comprendre les facteurs environnementaux influant sur l'épidémiologie de la FCO et sur l'installation de son vecteur exotique dans les écosystèmes méditerranéens.

### 3.4.2. Terrain d'étude : la Corse

La Corse a été choisie comme terrain d'étude car fin 2003, au début du travail de thèse, le vecteur et la maladie s'étaient installés depuis peu dans le bassin méditerranéen et notamment en Corse<sup>25</sup>. L'île avait été durement frappée par deux épizooties (2000-2001, sérotype 2, et 2003, sérotype 4), et la situation dans l'ensemble du bassin méditerranéen semblait se complexifier (nouveaux sérotypes viraux, nouveaux vecteurs impliqués et nouveaux pays touchés). La maladie était présente sur l'ensemble de l'île, mais avec de fortes disparités locales, certains élevages fortement infectés étant voisins d'élevages sains. L'origine de ces disparités demeurait inconnue.

---

<sup>25</sup> À cette époque, la Corse était la seule région métropolitaine française atteinte par la FCO.

### 3.4.3. Approche maladie et approche vecteur

Deux approches, l'une sur la maladie et l'autre sur les vecteurs ont été mises en œuvre en utilisant la même méthode, afin de pouvoir les comparer et étudier leur concordance. L'approche fondée sur la maladie a consisté à comparer des élevages sains et infectés, celle fondée sur le vecteur à comparer des sites de piégeage<sup>26</sup> où le vecteur est présent à ceux où il est absent.

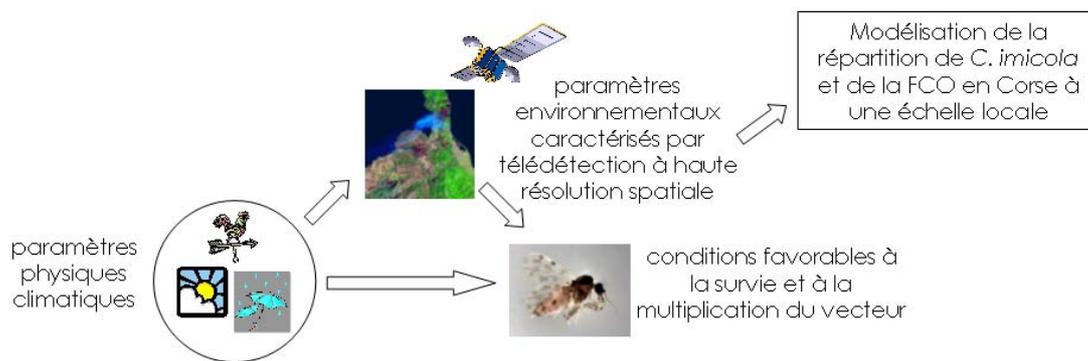
### 3.4.4. L'utilisation d'images satellitaires à haute résolution spatiale pour caractériser l'environnement

Afin de travailler à une échelle fine pour mieux traduire les variations locales observées, tout en bénéficiant de la couverture en données environnementales en tout point de l'espace, l'environnement a été caractérisé à partir d'images satellitaires à haute résolution spatiale. Ces images ne permettent pas d'extraire des variables météorologiques telles que celles utilisées dans les modèles présentés ci-dessus. En revanche, elles apportent une information abondante et fine sur l'occupation du sol, notamment la végétation. Ce travail s'est fondé sur deux hypothèses : i) les milieux favorables à *C. imicola* et à la FCO peuvent être caractérisés par d'autres facteurs environnementaux que les facteurs météorologiques, ii) ces « autres » facteurs environnementaux peuvent être extraits d'images satellitaires à haute résolution spatiale. En effet, nous émettons l'hypothèse que les conditions météorologiques auxquelles les *Culicoides* sont sensibles (*cf.* chapitre 3) influent sur le milieu, notamment sur les caractéristiques de la végétation, qui peuvent ainsi être considérées comme des indicateurs pour caractériser les conditions favorables au vecteur et à la maladie (figure 10). Cette approche a donc été complémentaire de celle développée jusqu'à présent et a introduit de nouvelles variables environnementales. Trois sources d'informations spatialisées ont été utilisées pour caractériser l'environnement : i) un modèle numérique de terrain (MNT), ii) un fichier numérique du réseau hydrographique, iii) une image satellitaire à haute résolution spatiale issue du satellite SPOT (Satellite pour l'observation de la Terre).

---

<sup>26</sup> Les pièges sont posés dans des élevages ovins.

Figure 10 : Objectifs du travail de thèse.



### 3.4.5. Méthode utilisée pour caractériser l'environnement

#### 3.4.5.1. Analyse paysagère

En plus de mieux décrire les variations locales, travailler à une échelle spatiale fine permet aussi de tester des variables environnementales que l'on peut plus facilement relier à l'écologie du vecteur. Ainsi, une approche de type paysagère a été proposée (de La Rocque *et al.*, 2004). Même si des informations sur l'occupation du sol sont de plus en plus fréquemment intégrées pour identifier et cartographier des facteurs de risque environnementaux (Beck *et al.*, 1994 ; Bouyer *et al.*, 2006 ; de La Rocque *et al.*, 2001a ; King *et al.*, 2004), souvent, seule la surface occupée par chaque classe d'occupation du sol est prise en compte. Nous avons inclus ici d'autres variables relatives à la composition du paysage (par exemple la diversité) et à sa structure (telles que la longueur des bordures ou la connectivité). Cette approche étant appliquée pour la première fois à la FCO et à *C. imicola* et les connaissances sur la bio-écologie du vecteur étant limitées, la démarche proposée ici est de type exploratoire.

#### 3.4.5.2. Effet de la taille du voisinage

L'environnement (paysager, hydrologique et topographique) a été étudié au voisinage d'élevages dont on connaît le statut sanitaire pour la FCO pour l'approche maladie et où un piégeage a été effectué pour l'approche vecteur. Plusieurs tailles de voisinage ont été testées afin de déterminer si une taille de voisinage semblait plus pertinente que les autres et tester les distances pour lesquelles les éléments environnementaux avaient une influence sur le vecteur et sur la maladie.

## ***Résumé***

Plusieurs modèles géographiques de répartition de la FCO et de ses vecteurs ont été développés ces dernières années. Les paramètres environnementaux étudiés sont essentiellement météorologiques. Peu de modèles paraissent adaptés pour expliquer les variations locales de distribution des foyers de FCO et de densité de *C. imicola* observées en Corse. De ce constat la proposition de travail suivante a été posée : **développer une approche nouvelle pour caractériser l'environnement favorable à *C. imicola* et à la FCO en Corse, à une échelle locale**. La démarche développée répond aux **objectifs détaillés suivants** :

- mieux comprendre la répartition du vecteur principal et de la maladie en Corse, à une échelle locale ;
- identifier des variables environnementales, notamment paysagères, associées au risque de présence du vecteur et/ou de la maladie ;
- proposer des hypothèses pour relier ces variables à la maladie et/ou à la bio-écologie du vecteur ;
- identifier les tailles de voisinage pertinentes pour étudier l'influence de l'environnement ;
- valider la démarche ;
- déterminer en zone indemne les zones propices à la survie et à la sédentarisation des *Culicoides*, zones à surveiller en priorité.

Pour cela, l'environnement au voisinage d'élevages sains ou infectés (approche maladie) et de sites de piégeage où le vecteur est présent ou absent (approche vecteur) ont été comparés en Corse. L'environnement a été caractérisé en s'appuyant sur trois sources de données à haute résolution spatiale (un modèle numérique de terrain, le réseau hydrographique et une image satellitaire) et en définissant des variables en lien avec les traits de vie du vecteur. Ainsi, à partir de l'image, une approche paysagère a été mise en œuvre afin d'étudier à la fois la composition et la structure du paysage. Cette démarche a été effectuée en testant plusieurs tailles de voisinage. Enfin, la démarche, une fois validée, a été employée à des fins prédictives pour cibler les zones à risque à surveiller en priorité.

## Conclusion de la première partie

*Du fait notamment de l'importance des facteurs environnementaux dans l'émergence ou la réémergence de nombreuses maladies, la géomatique, en permettant de mieux décrire et comprendre le lien entre environnement et maladie, connaît un essor considérable en épidémiologie. Un état de l'art de ses applications en épidémiologie a été présenté (chapitre 1).*

*Une approche a été proposée pour caractériser le lien (méconnu) entre l'environnement et une maladie émergente dans un nouveau territoire. Cette approche ambitionne de prendre en compte les questions d'échelle d'étude et d'identifier des indicateurs environnementaux potentiellement déterminants pour l'écologie de la maladie. La maladie choisie comme modèle est la fièvre catarrhale ovine, en raison de son émergence récente en Europe et des questions soulevées par l'installation dans de nouveaux écosystèmes de son principal vecteur, *Culicoides imicola*, originaire d'Afrique sub-saharienne.*

*L'épidémiologie de la maladie, la situation en Europe, notamment en Corse (chapitre 2), et les connaissances limitées de la bio-écologie de son principal vecteur (chapitre 3) ont été présentées. Puis, ont été détaillés les modèles déjà existants de répartition de la maladie ou de son vecteur, développés à basse résolution spatiale et prenant en compte essentiellement des paramètres météorologiques (chapitre 4).*

*Une approche complémentaire, adaptée pour expliquer les variations locales de distribution des foyers de FCO et de *C. imicola* observées en Corse a été proposée. Les méthodes mises en oeuvre dans le cadre de cette démarche et les résultats obtenus sont présentés et discutés dans la partie suivante.*

## **Deuxième partie**

### **Caractérisation de l'environnement et modélisation de la présence de la fièvre catarrhale ovine et de *Culicoides imicola***

*Cette deuxième partie présente les deux approches mises en œuvre en parallèle afin de caractériser l'environnement favorable à la survenue de fièvre catarrhale ovine (approche maladie) et à la présence de son principal vecteur, Culicoides imicola (approche vecteur).*

*Dans un premier temps, l'environnement autour des élevages et des pièges dans des voisinages de 500 m, 1 km et 2 km est décrit. Pour cela, des indicateurs relatifs à l'altimétrie (issus d'un modèle numérique de terrain), à l'hydrographie (issus d'une base de données hydrographiques), à l'occupation du sol et au paysage (ces deux types d'indicateurs étant issus d'images satellitaires SPOT) sont calculés (chapitre 5).*

*L'approche maladie, visant à identifier les zones à risque de fièvre catarrhale ovine, est fondée sur des données épidémiologiques provenant de 80 élevages de l'extrême sud de la Corse. Ces données, les méthodes statistiques mises en œuvre, les résultats obtenus ainsi que leur validation dans la région d'Ajaccio sont présentés dans le chapitre 6.*

*L'approche vecteur, visant à identifier les zones les plus favorables à la présence du vecteur, est fondée sur les résultats de campagnes de piégeages effectuées en Corse en 2005. La méthode de capture et les résultats des piégeages sont détaillés dans le chapitre 7. Une partie de ces piégeages, réalisés au sein d'élevages, ont servi à modéliser le lien entre vecteur et environnement. Les résultats obtenus et leur validation en Corse et dans le Var sont exposés chapitre 8.*

*Le dernier chapitre (9) présente les cartes d'aléa issues des différents modèles des deux approches. Une discussion portant sur les données environnementales et sur le bilan, la comparaison et les perspectives des deux approches clôture cette partie.*

## Chapitre 5

### Caractérisation de l'environnement

*Ce chapitre présente les données utilisées, les méthodes mises en œuvre et les résultats obtenus pour caractériser l'environnement au voisinage des élevages, étape nécessaire à l'identification à l'échelle locale des zones favorables à la FCO et à son vecteur. Tout d'abord, les zones d'étude et les échelles de voisinage sont décrites (1). Puis, la mise au point d'indicateurs environnementaux, issus de trois sources de données à haute résolution spatiale, est passée en revue : i) les caractéristiques altimétriques, extraites des modèles numériques de terrain (2.1), ii) les caractéristiques hydrographiques, définies à partir d'une base de données de l'Institut géographique national (2.2) et iii) les indicateurs relatifs à l'occupation du sol et aux paysages issus des images satellitaires SPOT (3).*

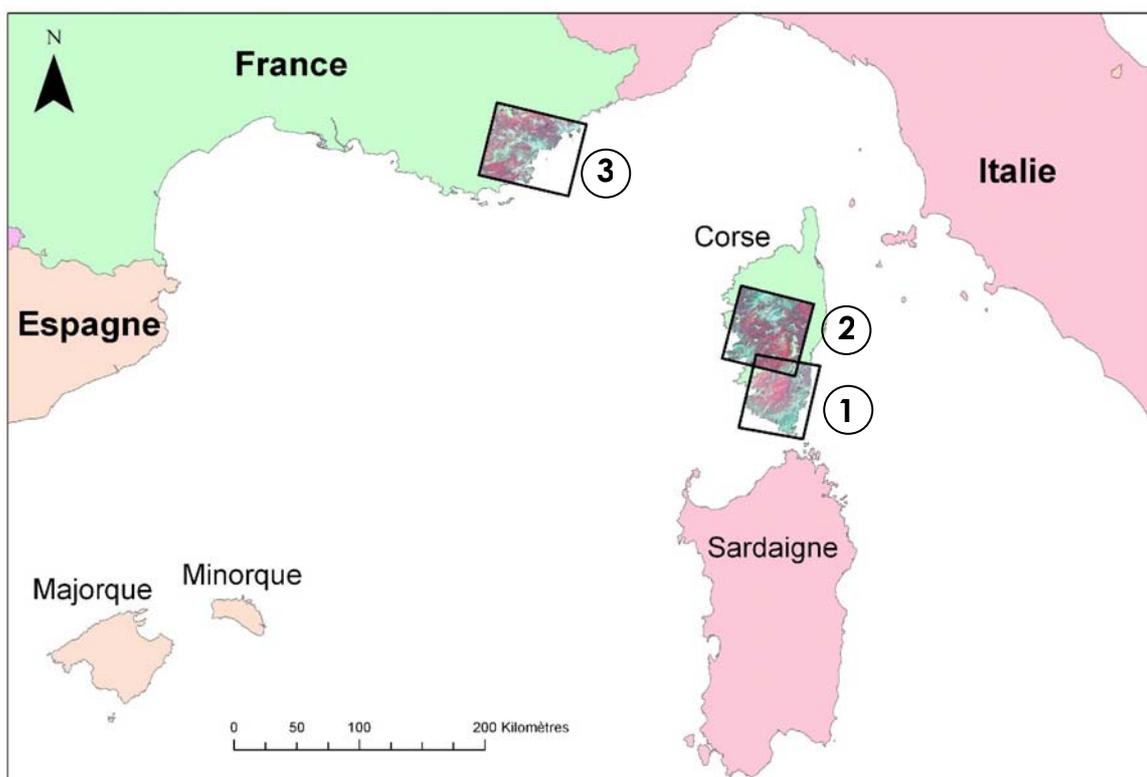
#### 1. Zones et échelles d'étude

##### 1.1. Zones d'étude

###### 1.1.1. Présentation générale des trois zones d'étude

Trois zones d'étude ont été définies (figure 11) : deux en Corse du Sud (département 2A) et une dans le Var (83). La zone d'étude principale, où la relation entre l'environnement et les données épidémiologiques a été modélisée, est située à l'extrême sud de l'île et comprend les régions de Bonifacio et du Sarténais. La deuxième zone d'étude est la zone de validation externe du modèle. Elle est également située en Corse du Sud, mais est localisée un peu plus au nord de la première, dans la région d'Ajaccio. Enfin, une troisième zone située dans l'est du département du Var a été utilisée afin de tester l'application du modèle dans une autre région méditerranéenne. Dans cette région, *Culicoides imicola* est présent depuis fin 2004, mais la maladie est pour le moment absente. La géographie et les caractéristiques agricoles de la Corse (en particulier de la Corse du Sud) et du Var sont détaillées dans les parties 1.2 et 1.3 de ce chapitre.

Figure 11 : Les trois zones d'étude dans le Bassin méditerranéen.



Zone 1 : zone d'étude principale (construction du modèle) : extrême sud de la Corse  
Zone 2 : zone de validation externe du modèle en Corse : région d'Ajaccio  
Zone 3 : zone de validation externe du modèle en Méditerranée : département du Var.

### 1.1.2. La Corse

#### 1.1.2.1. Géographie

La Corse est la seule région administrative française métropolitaine entièrement insulaire. Elle est également la moins peuplée (260 000 habitants) et celle qui comprend la densité de population la plus faible (30 habitants/km<sup>2</sup>) des régions métropolitaines (Brunet, 2004). L'île a une superficie de 8 712 km<sup>2</sup>, elle s'étire du nord au sud sur 183 km et d'est en ouest sur 84 km au maximum. Elle est plus proche de l'Italie (80 km) que de la France continentale (170 km) et n'est qu'à 12 km de la Sardaigne. Souvent décrite comme une « montagne dans la mer », elle culmine au Monte Cintu à 2 706 m et comporte plus de 100 sommets dépassant 2 000 m. Son relief et l'importance du couvert végétal conditionnent l'habitat, l'économie et le mode de vie des habitants (Gauthier, 2002). Les forêts et milieux semi-naturels (formations arbustives, pelouses, pâturages naturels et roches) couvrent 85 % du territoire (INSEE, 2006a). De part la position de la chaîne de montagnes, on distingue deux versants inégaux : un côté cismontagnard (*u Cismonte* : en deçà des monts) face à l'Italie et un versant transmontagnard (*u Pumonte* : au-delà des monts) à l'ouest (Brunet, 2004). L'influence de

cette barrière géographique se retrouve dans le découpage administratif de la région en deux départements, la Corse du Sud (2A) et la Haute Corse (2B), la frontière entre les deux suivant un axe Nord-Ouest/Sud-Est. Un parc naturel régional, couvrant 40 % de la surface de l'île, se situe à cheval sur les deux départements, dans la zone montagneuse (figure 12). Les deux zones d'étude de Corse du Sud sont présentées dans la figure 13.

Figure 12 : Carte générale de Corse.

Source : <http://eur.il.yimg.com/eur.yimg.com/i/fr/enc/jpeg/cartes/cc283f0.jpeg>

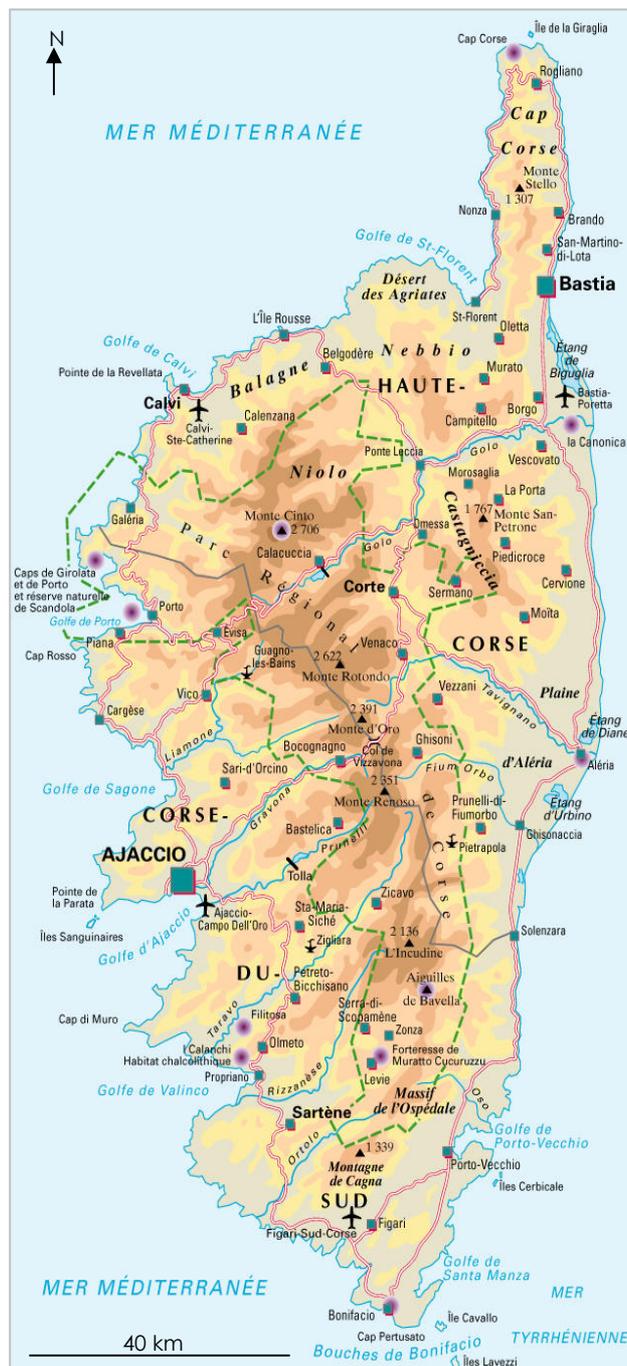
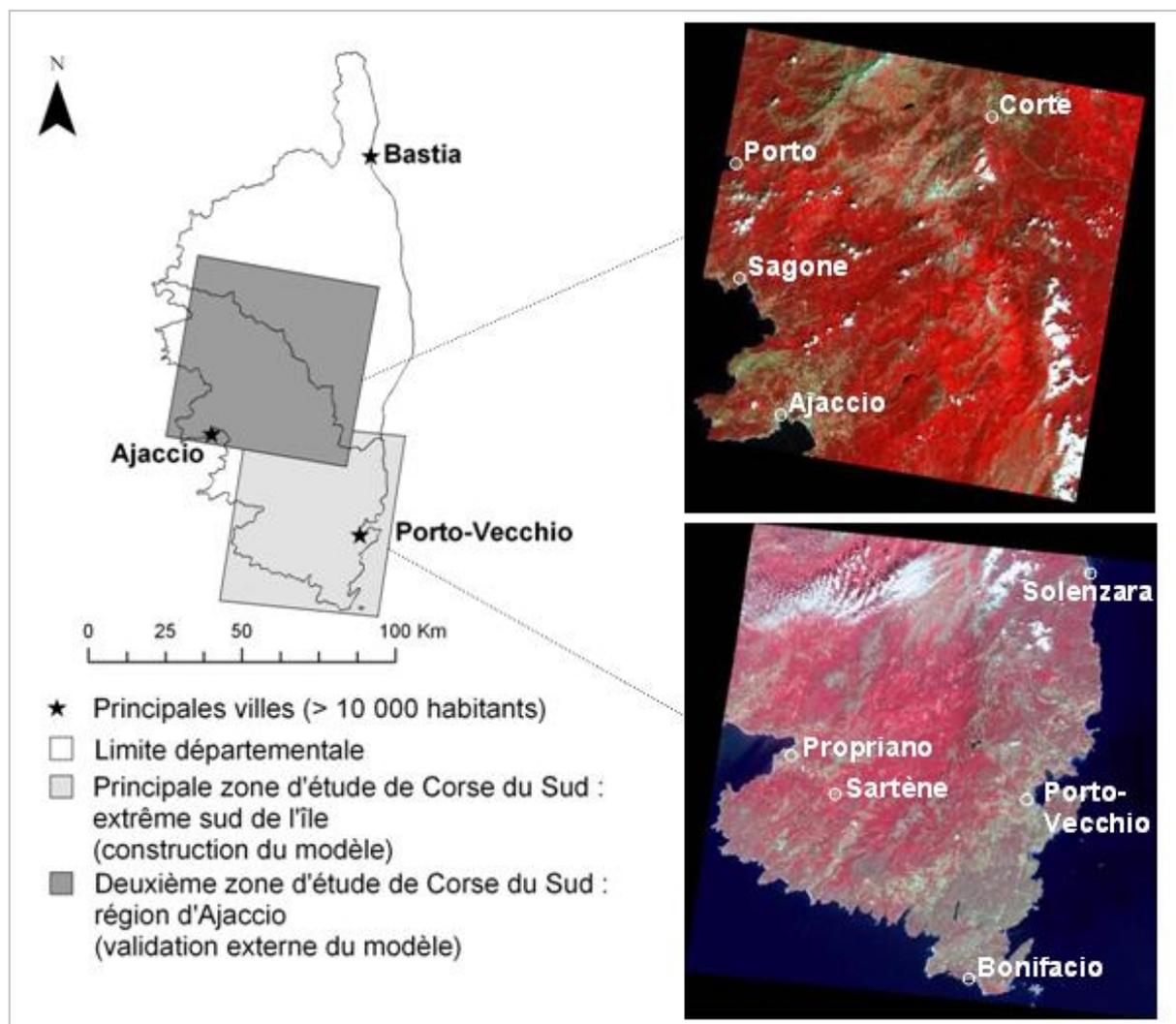


Figure 13 : Carte des deux zones d'étude de Corse du Sud.



Données SPOT/Programme ISIS, © CNES (2001 & 2002), distribution Spot Image S.A.

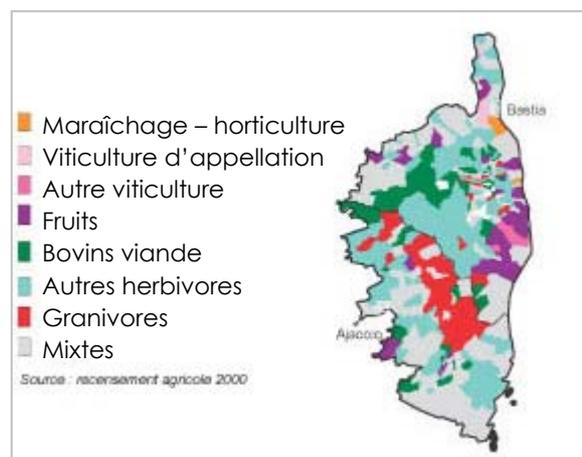
### 1.1.2.2. Agriculture

La Corse est la région la plus rurale de métropole mais aussi la moins agricole (Brunet, 2004): à peine 37 % de la surface est utilisée pour l'agriculture (MAP, 2006b). De plus, 90 % de la surface agricole utilisée est représentée par les pâturages (superficie toujours en herbe et pâturages collectifs) et non par les cultures (MAP, 2006b), contre 34 % en moyenne sur le territoire national (figure 14). En 2005, sur 1 735 exploitations professionnelles<sup>27</sup> recensées,

<sup>27</sup> Une exploitation agricole est « une unité de production autonome qui atteint une dimension économique minimum : 1 ha de surface agricole, 10 ares de vignes AOC, présence d'un reproducteur : 1 vache nourrice, 1 truie mère... » {MAP, 2006 #904}. Elle est dite professionnelle si deux autres conditions sont satisfaites : i) elle emploie au moins l'équivalent d'une personne à trois quart temps sur l'année et ii) sa taille économique dépasse 12 ha d'équivalent-blé, soit en Corse 3 ha d'agrumes, 40 vaches allaitantes ou 60 brebis (MAP, 2006b). En 2000, les exploitations non professionnelles représentaient 40 % des unités recensées mais géraient seulement 10 % du potentiel agricole (MAP, 2006b).

plus de 50 % sont des élevages (INSEE, 2006c). L'élevage le plus important en nombre d'exploitations est ovin et caprin (560 exploitations, soit 32 %) mais cette filière ne représente que 17 % de la valeur des productions agricoles (MAP, 2006b). L'élevage de bovins allaitants (élevés pour la viande) représente 385 exploitations (22 %) et 6 % de la valeur des productions (MAP, 2006b).

Figure 14 : Carte de Corse : orientation technico-économique des communes. Source : Ministère de l'Agriculture et de la Pêche, Agreste, statistique agricole (disponible sur : [http://agreste.agriculture.gouv.fr/region\\_5/corse\\_145/index.html](http://agreste.agriculture.gouv.fr/region_5/corse_145/index.html))



En Corse du Sud (4 014 km<sup>2</sup> et 118 500 habitants en 1999), seulement 21 % de la surface est utilisée pour l'agriculture (MAP, 2006a), et dans cet espace 96 % des terres sont des surfaces toujours en herbe et des pâturages (INSEE, 2006b). L'élevage ovin et caprin domine avec 220 exploitations professionnelles (sur un total de 550, soit 40 %) et 39 930 animaux. La race dominante est la brebis corse, rustique et bonne laitière (compte tenu de son petit format). L'élevage ovin et caprin représente 23 % de la valeur des productions (MAP, 2006a). L'élevage de bovins allaitants représente 125 exploitations (23 %), 27 600 animaux et 9 % de la valeur des productions (MAP, 2006a). Ces deux types d'élevage restent cependant nettement moins développés qu'en Haute Corse, où sont recensées 340 exploitations (109 200 animaux) pour l'élevage ovin et caprin et 260 exploitations (46 170 animaux) pour les bovins (MAP, 2006c).

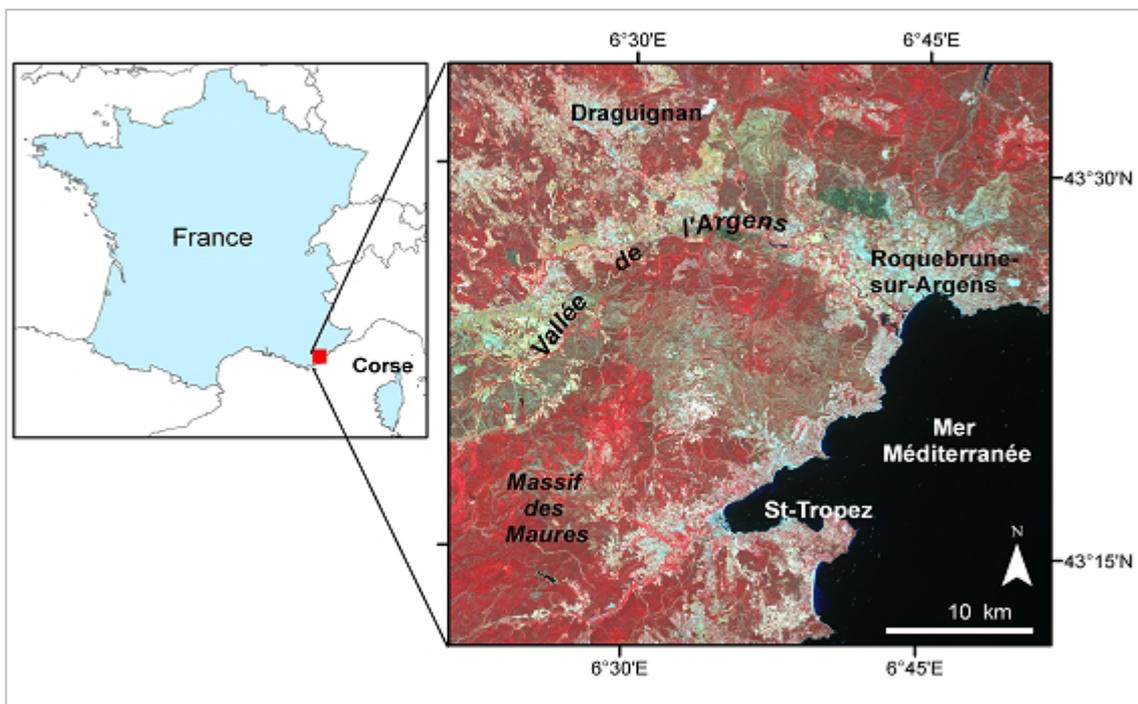
### 1.1.3. Le Var

#### 1.1.3.1. Géographie

Le Var est un département de la région Provence-Alpes-Côte d'Azur situé dans le sud-est de la France. Sa superficie est de 6 032 km<sup>2</sup>, dont 55 % est couverte par des bois et des forêts (MAP, 2006d). Il est très peuplé : 957 750 habitants en 2004, soit une densité de 160 habitants par km<sup>2</sup>. De plus, le Var étant un département très touristique, la population double pendant l'été.

La zone d'étude est située à l'est du département, centrée sur la vallée de l'Argens. Elle est délimitée à l'est par la mer Méditerranée, au sud par le massif des Maures et au nord-est par celui de l'Esterel (figure 15). Elle est située à 170 km de la Corse.

Figure 15 : Zone d'étude dans le département du Var. Source : Tran *et al.*, 2008, Télédétection (accepté).



Données SPOT/Programme ISIS, © CNES (2005), distribution Spot Image S.A.

#### 1.1.3.2. Agriculture

En 2004, 15 % de la surface du département est utilisée pour l'agriculture, dont 36 % est occupée par des vignes, 35 % par des surfaces toujours en herbe, 22 % par les terres arables, 6 % par les vergers et le reste par d'autres cultures permanentes (MAP, 2005). Par rapport à la Corse, il y a donc proportionnellement moins de surface utilisée pour l'agriculture, et

l'utilisation de ces surfaces est très différente puisque la part des surfaces en herbe est trois fois moindre, la vigne et les cultures occupant une place plus importante.

Parmi les 6 725 exploitations recensées en 2004 (MAP, 2005), seules environ 3 % concernent l'élevage ovin et caprin (60 000 ovins et 4 850 caprins). L'élevage bovin est très peu présent (410 animaux), à l'inverse des équidés (3 900 animaux) et de l'apiculture (24 000 ruches, le Var étant le premier département en nombre de ruches) (MAP, 2005). La production animale représente une très faible part des productions agricoles du département : moins de 2 % contre 98 % pour les productions végétales (dont 44 % pour les vins et 44 % pour les fleurs et plantes) (MAP, 2005). Ainsi, bien que le nombre d'ovins et caprins soit plus élevé dans le Var qu'en Corse du Sud, leur importance relative est beaucoup plus faible.

Après cette brève description des zones d'étude, les échelles de voisinage à laquelle les données sont utilisées pour caractériser l'environnement sont décrites.

### ***1.2. Les échelles de voisinage***

L'environnement a été décrit au voisinage d'élevages (approche maladie) et de sites de piégeage (approche vecteur). Un des objectifs de cette thèse était d'identifier les tailles de voisinage pertinentes pour étudier l'influence de l'environnement sur le risque épidémiologique. L'installation durable d'une population de vecteurs dans un point de l'espace implique la présence simultanée de gîtes de repos et de reproduction ainsi que d'hôtes nourriciers disponibles dans un voisinage suffisamment proche pour être parcouru en un temps relativement court. Ainsi, les tailles de voisinage à tester dépendent de la distance de dispersion active (par le vol) du vecteur.

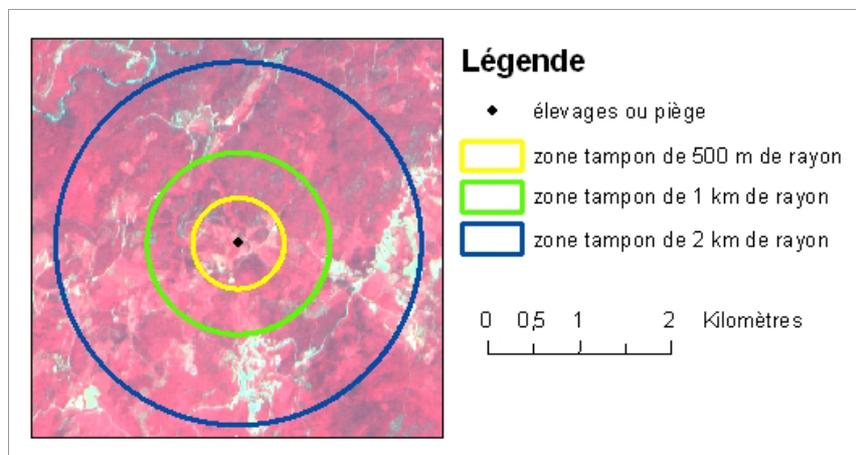
Aucune donnée de dispersion n'est disponible pour *C. imicola*. Toutefois, des études concernant *C. variipennis* (Lillie *et al.*, 1981), *C. mohave* (Brenner *et al.*, 1984) et *C. mississippiensis* (Lillie *et al.*, 1985) ont été effectuées aux États-Unis (en utilisant des méthodes de capture, marquage, recapture) leurs résultats sont présentés dans le tableau 6.

Tableau 6 : Évaluation de la distance de dispersion active de trois espèces de *Culicoides*.

<b>Auteur (année)</b>	<b>Espèce</b>	<b>Distance moyenne parcourue (DMoyP) et distance maximale parcourue (DMaxP)</b>
Lillie <i>et al.</i> , (1981)	<i>Culicoides variipennis</i>	DMoyP varie entre 0,8 et 2,11 km/24 h En moyenne sur les 8 jours d'étude : DMoyP = 1,89 km/24 h DMaxP = 2,8 km/24 h (1 femelle)
Brenner <i>et al.</i> , (1984)	<i>Culicoides mohave</i>	DMoyP = 1,2 km/12 h (1 <sup>re</sup> période d'activité) et 1,94 km/30 h (suite à la 2 <sup>e</sup> et 3 <sup>e</sup> période d'activité) DMaxP = 6 km/30 h (1 femelle, contre le vent dominant)
Lillie <i>et al.</i> , (1985)	<i>Culicoides mississippiensis</i>	DMoyP = 2 km/24 h (1 <sup>re</sup> étude) et 2,2 km/24 h (2 <sup>e</sup> étude) DMaxP = 3,2 km/24 h (1 individu)

Comme les distances moyennes parcourues varient entre 0,8 et 2,2 km/jour, et en considérant qu'un environnement favorable doit être situé à moins d'une journée de vol, il a été choisi de tester des rayons de voisinage (« zones tampon ») de 0,5, 1 et 2 km autour des élevages et des pièges (figure 16). L'environnement a été décrit pour chaque élevage ou piège à l'intérieur de ces trois voisinages.

Figure 16 : Zones tampons autour des élevages et des pièges.



## 2. Caractéristiques altimétriques et hydrographiques

Cette partie présente d'une part l'origine des données utilisées et les variables altimétriques (liées au relief) (2.1) et hydrographiques (2.2) qui en ont été extraites.

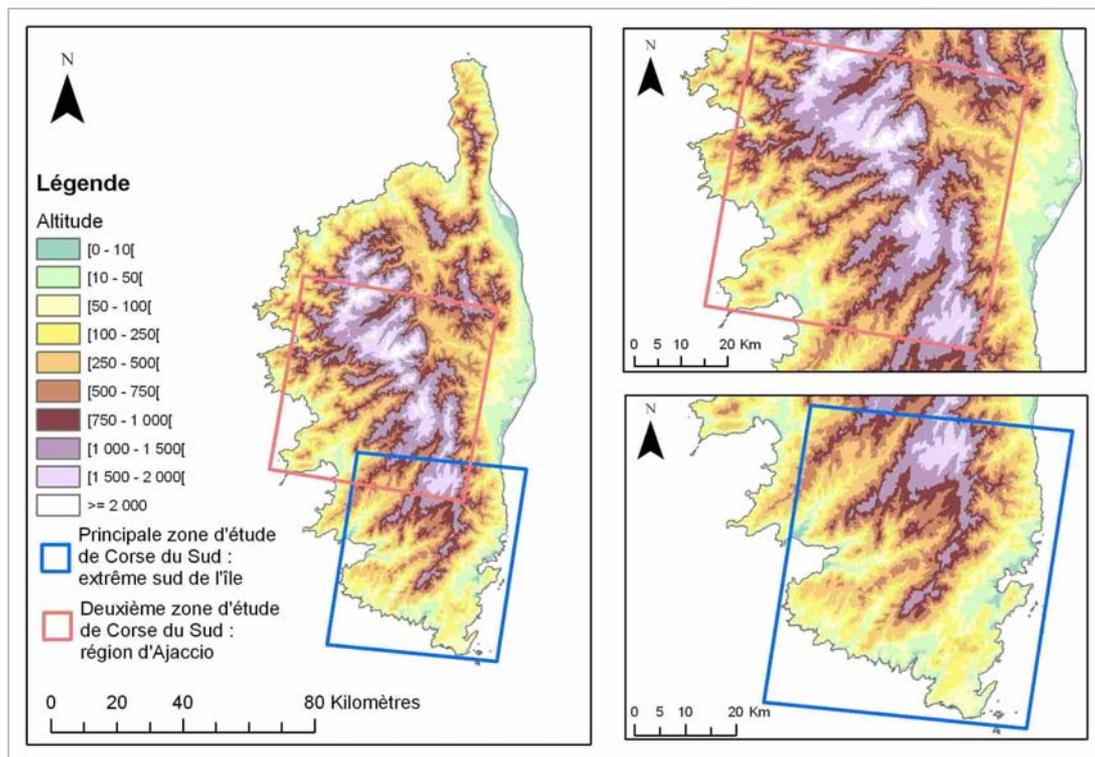
## 2.1. Caractéristiques altimétriques

### 2.1.1. Source de données : les modèles numériques de terrain

#### 2.1.1.1. Le MNT de Corse

Le MNT de la Corse a été acquis auprès de l'Institut géographique national (IGN, BD ALTI®). Sa résolution spatiale (taille du pixel) est de 50 mètres et sa précision altimétrique annoncée est décimétrique (figure 17). Il est projeté en Lambert 4 cartographique. Sur la zone d'étude principale (extrême sud de l'île comprenant les zones de Bonifacio et du Sartenais), l'altitude varie de 0 à 2 124 mètres et, sur la deuxième zone d'étude (Ajaccio), de 0 à 2 691 m.

Figure 17 : Modèle numérique de terrain de la Corse. Source du MNT : IGN, BD ALTI®.

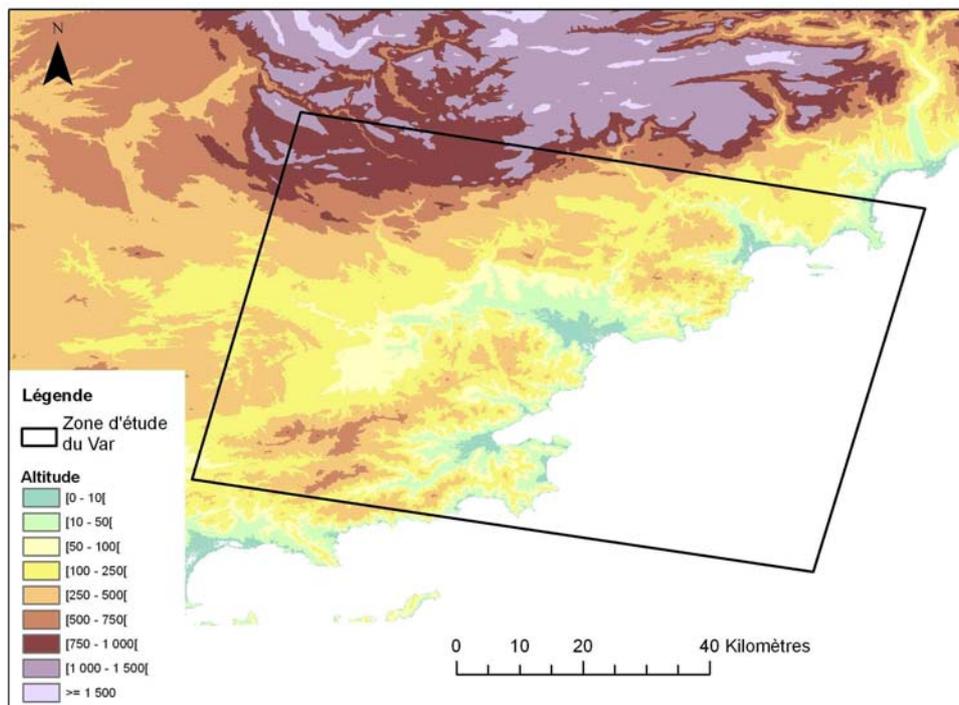


#### 2.1.1.2. Le MNT du Var

Le MNT du Var (figure 18) provient des données de la mission SRTM (*Shuttle Radar Topographic Mission*) mise en place par la NASA (*National Aeronautics and Space Administration*) et le NGA (*Department of Defense's National Geospatial-Intelligence Agency*), et distribué par l'USGS (*United States Geological Survey*). Ces données ont été

rendues disponibles par le consortium pour l'information spatiale du Groupe consultatif pour la recherche agricole internationale (Consultative Group on International Agricultural Research, Consortium for spatial information, CGIAR-CSI)<sup>28</sup>. La taille du pixel est de 90 m et la précision de l'ordre du décimètre (Jarvis *et al.*, 2004). L'altitude pour la zone d'étude est comprise entre 0 et 670 m.

Figure 18 : Modèle numérique de terrain du Var. Source du MNT : SRTM.



## 2.1.2. Indicateurs altimétriques

### 2.1.2.1. Altitude, pente, ensoleillement et orientation

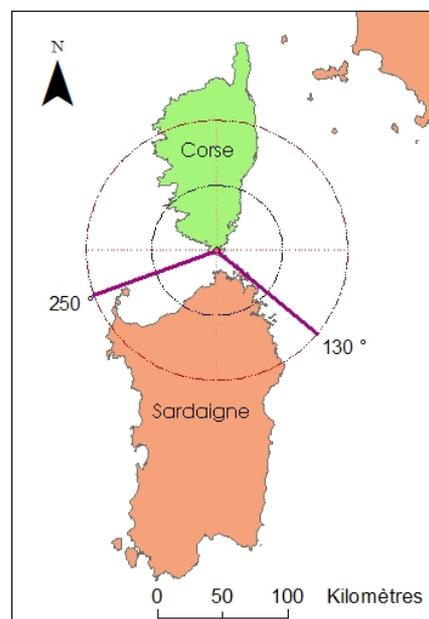
Quatre variables quantitatives caractérisant l'altimétrie des zones d'étude ont été extraites des MNT grâce au logiciel ENVI<sup>®</sup> : l'altitude, la pente, l'ensoleillement et l'orientation. Ces variables ont été choisies pour leur influence potentielle sur la bio-écologie de *C. imicola*.

L'altitude est la variable de base, elle influe fortement sur la température et donc sur la distribution des vecteurs (dont *C. imicola*, cf. chapitre 3, partie 3.5.1.1). En Corse, la température et la pluviométrie moyenne semblent suivre le profil altitudinal de l'île

<sup>28</sup> Les données sont disponibles sur le site <http://srtm.csi.cgiar.org/> à partir de la base de données CGIAR-CSI SRTM 90m.

(annexe 1). La pente pourrait être un indicateur à la fois de la température (car liée à l'altitude) et de l'humidité (car elle influe sur l'écoulement des eaux de pluie). L'ensoleillement<sup>29</sup> est un indicateur calculé en fonction de la position du soleil dans le ciel. Il a été calculé ici pour la date du 30 juin 2001 à 16 heures GMT (*Greenwich Mean Time*), soit 18 heures en France (heure d'été), et prend des valeurs comprises entre 0 et 1. Il reflète également les conditions de température et d'humidité. L'orientation traduit l'exposition au soleil et aux vents. Comme l'exposition au soleil est déjà prise en compte dans l'ensoleillement, l'orientation a ici été discrétisée de façon à prendre en compte essentiellement la composante liée aux vents. Pour la principale zone d'étude (extrême sud de la Corse), elle a ainsi été codée en trois classes équitables définies en fonction de l'exposition aux vents en provenance de Sardaigne, vents qui pourraient transporter *C. imicola* : 10-130°, 130-250°, 250-10° (0° = 360° étant situé au Nord et les mesures d'orientation étant effectuées dans le sens des aiguilles d'une montre). Les surfaces potentiellement à risque sont celles ayant une orientation 130-250° (figure 19)<sup>30</sup>.

Figure 19 : Orientation des vents venant de Sardaigne vers la Corse.



<sup>29</sup> L'ensoleillement est ici un indicateur théorique. Il ne correspond pas à la mesure de l'énergie du rayonnement solaire perçue par une surface au sol. L'indicateur théorique tient compte du relief et de la position du soleil dans le ciel, mais pas de la présence éventuelle d'arbres ou de bâtiments.

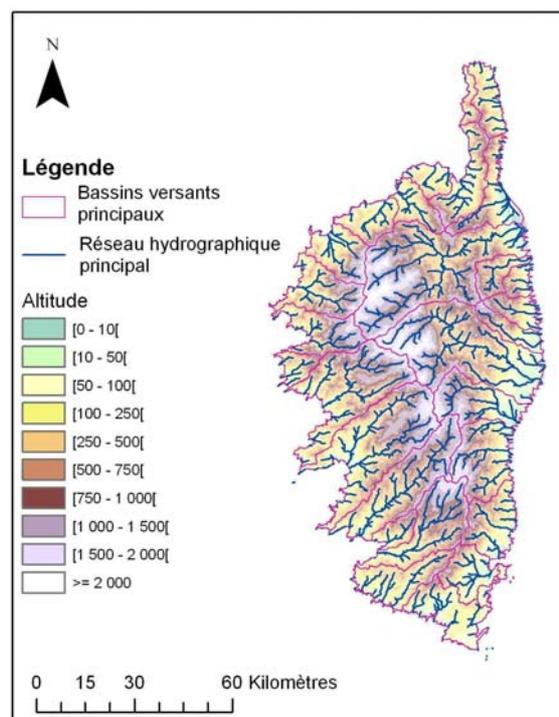
<sup>30</sup> Les données concernant le Var ne sont pas présentées car elles ne sont pas avérées nécessaires (les modèles retenus ne comprennent pas cette variable).

Les valeurs moyennes d'altitude, de pente et d'ensoleillement ainsi que la valeur majoritaire d'orientation dans les zones tampon ont été extraites sous ArcView<sup>®31</sup>.

#### 2.1.2.2. Bassins versants

Les MNT ont aussi servi à définir les bassins versants (ou bassins hydrographiques, portions de territoires délimitées par des lignes de crête, dont les eaux alimentent un exutoire commun). Cela permet de tester un éventuel risque associé au bassin versant ; ce risque pouvant exister si la dispersion terrestre de *C. imicola* s'effectue le long des cours d'eau. Les bassins versants ont été définis sous ArcInfo<sup>®32</sup>. Les bassins élémentaires, correspondant à la surface d'alimentation des affluents, ont été regroupés afin de définir 29 bassins principaux en Corse (figure 20)<sup>33</sup>.

Figure 20 : Principaux bassins versants de Corse.



<sup>31</sup> ArcView<sup>®</sup> 3.2., fonction *analysis – summarize zones* du module *spatial analyst*.

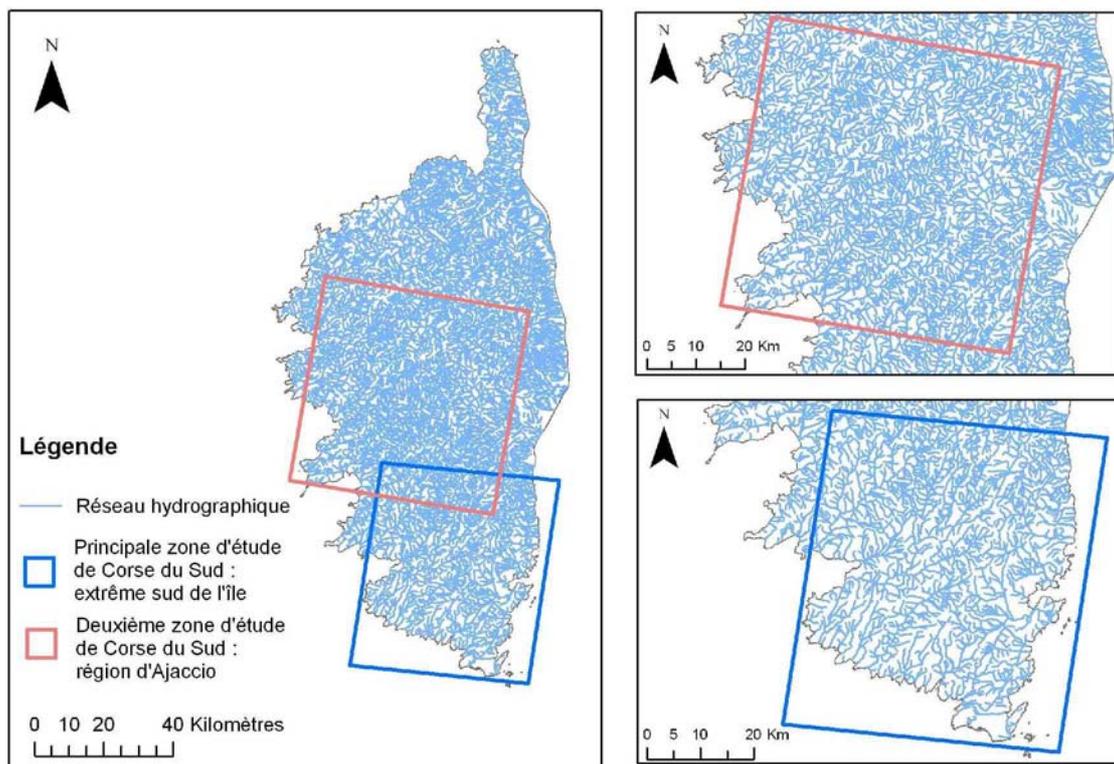
<sup>32</sup> ArcInfo<sup>®</sup> 9.1., en utilisant les outils *hydrology* du module *spatial analyst*.

<sup>33</sup> Les données concernant le Var ne sont pas présentées car elles ne sont pas avérées nécessaires (les modèles retenus ne comprennent pas cette variable).

## 2.2. Caractéristiques hydrographiques

Les caractéristiques hydrographiques pourraient influencer sur la répartition de *C. imicola* en étant un indicateur de l'humidité du milieu et en constituant des voies de déplacement pour les adultes. Le réseau hydrographique de la Corse, obtenu auprès de l'IGN, est issu du produit BD CARTO® (figure 21)<sup>34</sup>. Cette base de données a été préférée à un calcul à partir du MNT (partie 2.1.2.2 de ce chapitre) car elle est plus dense et plus précise. La longueur des cours hydrographiques traversant chaque zone tampon a été calculée sous ArcView®<sup>35</sup>. La figure 22 illustre les zones tampons de 1 km autour des élevages de l'extrême sud de la Corse ayant les valeurs les plus faibles et la plus forte de longueur de réseau hydrographique les traversant. Le distance des élevages à la mer en suivant les cours hydrographiques a aussi été calculée. À titre comparatif, la distance au littoral (à vol d'oiseau) a été calculée.

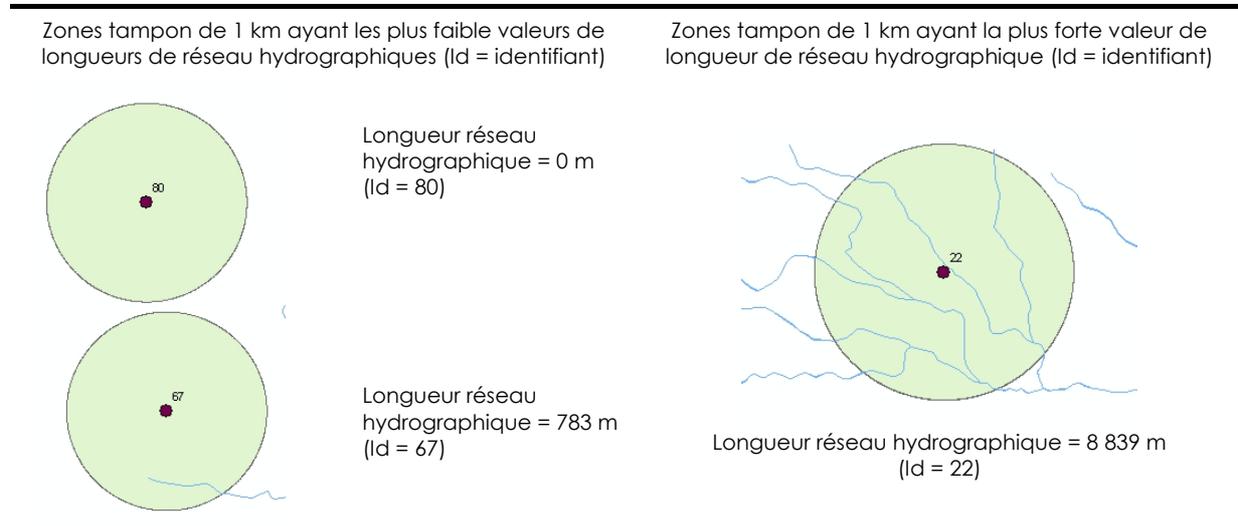
Figure 21 : Réseau hydrographique de Corse. Source : IGN, BD CARTO®.



<sup>34</sup> Même remarque que la précédente.

<sup>35</sup> ArcView® 3.2. en utilisant le module *geoprocessing wizard* puis une fonction en ligne de commande (`[Shape].Return length`) dans le *field calculator*.

Figure 22 : Illustration des zones tampons de 1 km autour des élevages de l'extrême sud de la Corse ayant les valeurs les plus faibles et la plus forte de longueur de réseau hydrographique les traversant.



### 3. Caractéristiques environnementales issues des images SPOT

Cette partie présente les images SPOT utilisées, l'indice de végétation NDVI qui en a été extrait (3.2), puis les méthodes de classification utilisées pour obtenir une carte d'occupation du sol (3.3). Cette carte a permis de calculer le pourcentage de surface de chaque classe d'occupation du sol au voisinage des élevages et des pièges. Elle a aussi permis de définir et d'extraire des indicateurs paysagers reflétant la structure spatiale et la composition des entités de végétation dans le voisinage (3.4).

#### 3.1. Données satellitaires

Les images SPOT sont illustrées et localisées dans les figures 13 (Corse) et 15 (Var) dans les parties 1.1.2.1 et 1.1.3.1 de ce chapitre. Les caractéristiques techniques de ces images sont résumées dans le tableau 7. Les trois images ont été acquises grâce au programme ISIS (Incitation à l'utilisation scientifique d'images) du CNES (Centre national d'études spatiales).

Tableau 7 : Caractéristiques des images SPOT. (Données SPOT/Programme ISIS, © CNES (2001, 2002, 2005), distribution Spot Image S.A.)

<b>Caractéristiques de l'image</b>	<b>Extrême sud de la Corse</b>	<b>Ajaccio</b>	<b>Var</b>
Numéro de l'image	405926601060610161721 Sat+2	5059265020720124282J	5 053-262/5 05/07/11 10:18:16 1 J
Satellite (capteur)	SPOT 4 (HRV*2)	SPOT 5 (HRG*2)	SPOT 5 (HRG1)
Produit	SpotView (niveau 3 ortho)	SpotView (niveau 3 ortho)	Spot Scène (niveau 2A)
Date de prise de vue	06/06/2001	20/07/2002	11/07/2005
Bandes spectrales	0,50 - 0,59 (vert), 0,61 - 0,68 (rouge), 0,78 - 0,89 (PIR) et 1,58 - 1,75 (MIR)		
Taille du pixel	10 mètres (mode « M+Xi »)	10 mètres (mode multispectral)	10 mètres (mode multispectral)
Taille de l'image	7187 lignes x 6566 colonnes (47 189 842 pixels)	6953 lignes x 6953 colonnes (48 344 209 pixels)	7498 lignes x 8338 colonnes (62 518 324 pixels)
Projection (datum, ellipsoïde de référence)	Lambert IV carto Paris (NTF*, ellipsoïde de Clarke 1880 IGN)	Lambert IV carto Paris (NTF, ellipsoïde de Clarke 1880 IGN)	UTM WGS84, Zone 32N

\*Abréviations : HRV = High resolution visible ; HRG = High resolution geometric ; NTF : Nouvelle triangulation française.

L'image SPOT de l'extrême sud de la Corse du Sud a été acquise par le satellite SPOT 4 en 2001. Elle a servi à réaliser un premier travail sur la fièvre catarrhale ovine (Plazanet, 2002). Elle a une résolution spatiale de 10 mètres qui résulte de la fusion d'une image acquise en mode monospectral (« M », à 10 mètres) avec une autre image acquise en mode multispectral (« Xi », à 20 mètres). Les images de la région d'Ajaccio et du Var ont été acquises par le satellite SPOT 5. Elles ont une résolution spatiale de 10 mètres en mode multispectral.

Les deux images de Corse (extrême sud et Ajaccio) sont des produits SpotView de niveau 3. Ce type de produit est corrigé d'un point de vue radiométrique et orthorectifié, c'est-à-dire corrigé géométriquement par rapport aux conditions de la prise de vue et projeté (ici en Lambert 4 Carto, méridien de Paris). La mise en projection cartographique est effectuée à partir de points d'appui et d'un MNT pour éliminer les distorsions dues au relief. Ce type de produit est particulièrement recommandé pour des régions ayant un relief important (SPOT Image, 2005), comme la Corse.

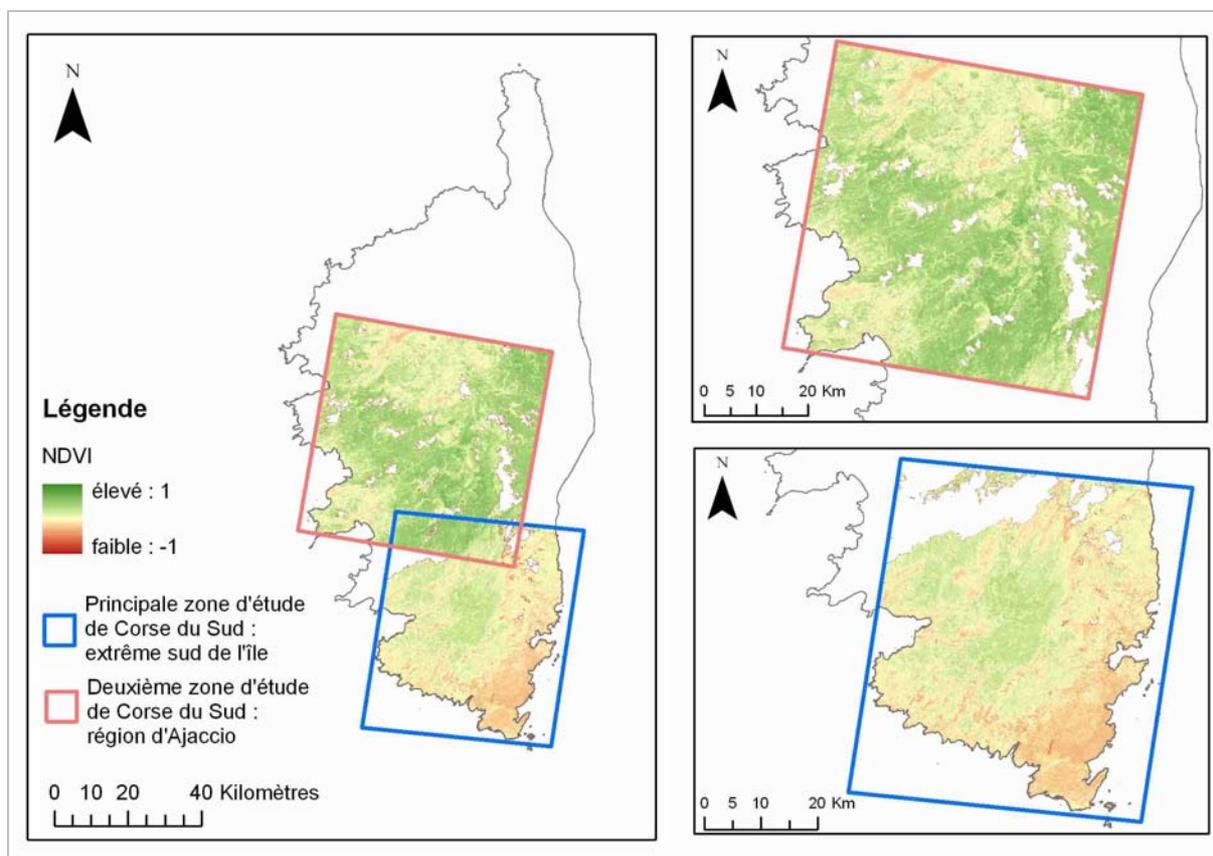
L'image du Var est un produit Spot Scène de niveau 2A. Ce type de produit est également corrigé d'un point de vue radiométrique et géométrique mais les corrections géométriques sont effectuées dans la projection cartographique standard (UTM WGS84 par défaut) sans prise de points d'appui. La précision de localisation annoncée est « meilleure que 30 m »

(SPOT Image, 2005). Aucun défaut de localisation n'a été constaté lors du recueil des relevés de terrain.

### 3.2. Calcul de l'indice de végétation à différence normalisée

Compte tenu de l'importance du NDVI (défini dans la partie 2.2.2 du chapitre 1) dans les modèles de répartition de *C. imicola* développés à basse résolution spatiale (partie 2.2.2.2 du chapitre 4), cet indice a été calculé à partir des images SPOT. L'indice, calculé grâce au logiciel ENVI<sup>®</sup>, correspond à une mesure ponctuelle effectuée à la date de prise de vue de l'image (figures 23 et 24). Il diffère donc des indices utilisés dans les modèles à basse résolution spatiale, ces derniers étant une synthèse de mesures effectuées sur des séries temporelles d'images. Les figures 23 et 24 montrent qu'il y a plus de zones ayant de faibles valeurs de NDVI (ayant une activité chlorophyllienne moindre) dans l'extrême sud de la Corse que dans la zone d'Ajaccio ou dans le Var. Les valeurs minimales, moyennes et maximales du NDVI dans les zones tampons ont été extraites sous ArcView<sup>®36</sup>.

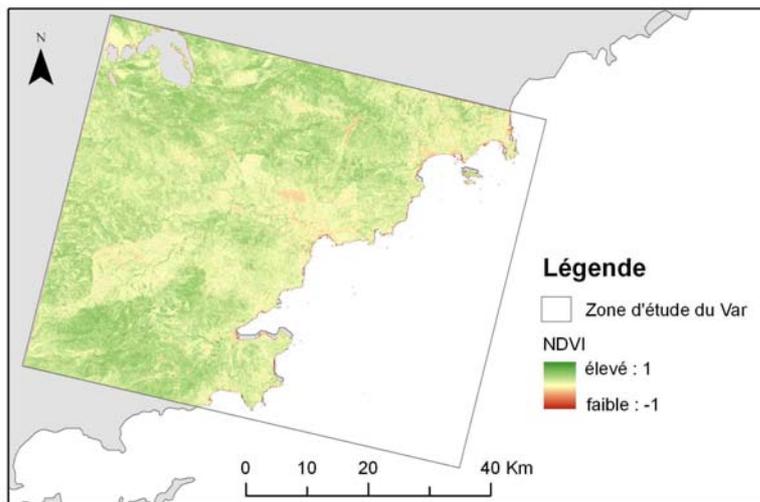
Figure 23 : NDVI calculé à partir des images SPOT de Corse.



Données SPOT/Programme ISIS, © CNES (2001 & 2002), distribution Spot Image S.A.

<sup>36</sup> ArcView<sup>®</sup> 3.2., fonction *analysis – summarize zones* du module *spatial analyst*

Figure 24 : NDVI calculé à partir de l'image SPOT du Var.



Données SPOT/Programme ISIS, © CNES (2005), distribution Spot Image S.A.

### 3.3. Caractérisation de l'occupation du sol

#### 3.3.1. Lien entre végétation et Culicoides

Les larves et adultes de certaines espèces de *Culicoides* ont été trouvés associés à des formations végétales : en Australie, les adultes de *C. brevitarsis* sont retrouvés associés aux herbes du genre *Poa* et aux joncs (genre *Juncus*) (Bishop *et al.*, 1995b), en Ecosse, les larves et adultes de *C. impunctatus* sont associés aux joncs (Blackwell *et al.*, 1994 ; Kettle, 1951), aux États-Unis, les larves et adultes de *C. mississippiensis* sont plus fréquemment retrouvés associés à *Spartina alterniflora* (Kline, 1991) et *Ilex vomitoria* (le yaupon) que sur *Juniperus silicicola* ou *Juncus roemerianus* (Lillie & Kline, 1986) et les larves de *C. furens* sont associées à *Distichlis spincata* (Kline, 1991)

Bien que cela n'ait pas été testé pour *C. imicola*, on peut émettre l'hypothèse que cette espèce pourrait également être associée à certaines formations végétales. De plus, la végétation peut être considérée comme un indicateur global d'un ensemble de conditions du milieu incluant les conditions météorologiques, le type de sol et l'utilisation du milieu par l'homme. L'image SPOT a ainsi été classée afin de produire une carte d'occupation du sol.

#### 3.3.2. Classification et carte d'occupation du sol

##### 3.3.2.1. Choix de la méthode

Trois méthodes de classification ont été testées : i) une méthode non supervisée de type isodata (par centres mobiles), et deux méthodes supervisées qui sont ii) une classification

pixel à pixel (CCP) et iii) une classification orientée objet (COO) (Guis, 2004a). Ces méthodes ont été décrites dans le chapitre 1.

La classification non supervisée présentait des confusions importantes, même avec 200 classes initiales. Cette classification n'est donc pas présentée ici.

Parmi les classifications supervisées, la COO a été retenue pour deux raisons. Tout d'abord ses résultats étaient meilleurs que ceux de la CPP (réalisée sous ENVI<sup>®</sup> en utilisant un algorithme de maximum de vraisemblance) en termes de précision totale et de pourcentage de pixels classés (la meilleure CPP n'ayant permis d'obtenir une précision totale de 69,4 % et ayant 6,9 % de pixels non classés) (Guis, 2004a). De plus, l'approche paysage mise en œuvre par la suite nécessite la définition d'objets. Or la COO définit des objets lors de la première étape de segmentation de l'image, alors que, si l'on opte pour une CPP, les objets doivent être définis en regroupant les pixels contigus classés dans la même classe. Cette dernière solution, bien que possible, présente un risque plus important de former des objets moins homogènes en termes de forme et de taille. Ainsi, seule la méthode de COO est présentée ici. Cette méthode a été mise en œuvre pour les 3 images SPOT, en utilisant le logiciel eCognition<sup>®</sup>. La démarche, définie pour l'image de l'extrême sud de la Corse (principale zone d'étude), est décrite ci-dessous. Elle a été reprise par Bruno Barragué<sup>37</sup> pour réaliser les classifications de la région d'Ajaccio et du Var (Barragué, 2006).

### 3.3.2.2. Acquisition des relevés de végétation

Des missions de terrain d'environ une semaine ont été effectuées afin d'acquérir les relevés de végétation servant de parcelles d'apprentissage et de validation pour les classifications supervisées. Elles ont été menées en août 2004 pour la principale zone d'étude (Guis, 2004b), en septembre 2005 pour la région d'Ajaccio (Guis, 2005), et en mai 2006 pour le Var (Barragué, 2006). Les relevés ont été faits entre 1 et 3 ans après l'acquisition des images (juin 2001 pour l'image de l'extrême sud de la Corse, juillet 2002 pour celle d'Ajaccio et juillet 2005 pour celle du Var), mais approximativement à la même saison (deux mois d'écart), ce qui est important pour la correspondance entre la végétation relevée dans les parcelles et les valeurs radiométriques mesurées par les capteurs. Étant donnée la difficulté d'accès des terrains en Corse, les déplacements ont été effectués en voiture et la majorité des parcelles sont ainsi situées à proximité d'une route ou d'un chemin carrossable. Cela peut

---

<sup>37</sup> Bruno Barragué a réalisé ces classifications dans le cadre d'un master II Gestion de l'environnement (Université Rennes 2), co-encadré avec Annelise Tran.

biaiser le recueil si l'ensemble des classes de végétation à échantillonner n'est pas défini à l'avance et si les relevés ne sont pas répartis dans l'ensemble de la zone à cartographier. Une attention particulière a donc été portée à ces deux facteurs, en utilisant des fiches de végétation préalablement préparées, en effectuant tous les jours le cumul des relevés effectués par classe et en explorant chaque jour une nouvelle zone géographique.

Les classes de végétation que l'on souhaitait obtenir pour la carte d'occupation des sols ont été définies préalablement aux missions en s'appuyant sur la littérature décrivant les groupes végétaux classiquement présents en Corse (Gamisans, 1999 ; Gauthier, 2002) et dans le Var (Galangau & Loisel, 1989 ; Quertier *et al.*, 2002) ainsi que sur les anciennes cartes de végétation potentielle produites par le Centre national de la recherche scientifique (CNRS) (Dupias *et al.*, 1965 ; Molinier *et al.*, 1976). Une fois les classes définies, une fiche de relevé de végétation a été élaborée (*cf.* annexe 2). Un nombre assez important de classes (28 pour la principale zone d'étude) a été choisi, laissant la possibilité de les fusionner par la suite. En effet, cette démarche est préférable au choix initial d'un petit nombre de classes, pouvant inclure des sous-classes différentes, et qui conduirait alors à rechercher des classes spectralement hétérogènes dans l'image.

Les relevés de végétation ont été effectués sur des zones répondant au compromis suivant : elles devaient être à la fois les plus grandes et les plus homogènes possibles (Girard & Girard, 1999). Les zones où effectuer les relevés ont été en partie présélectionnées avant la mission et en partie définies sur le terrain. Avant la mission, plusieurs documents ont servi à présélectionner des zones homogènes, réparties sur l'ensemble de l'image et appartenant à toutes les classes que l'on souhaitait retrouver de la carte d'occupation du sol :

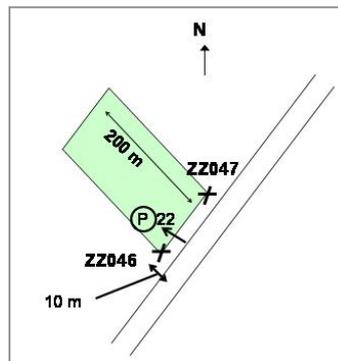
- les cartes IGN 1:25000 ont servi à repérer des classes peu fréquentes telles que les marais et à identifier des zones accessibles par la route et où des relevés pouvaient être effectués ;
- une composition colorée des trois canaux (contenant le plus de variance) de l'analyse en composante principale\* (ACP) de l'image SPOT a été produite. L'image obtenue est plus contrastée que l'image initiale, et il est plus facile d'apprécier les zones homogènes d'un point de vue radiométrique.

Sur le terrain des relevés ont été effectués lorsque des zones homogènes et suffisamment grandes étaient repérées.

Pour chaque relevé de terrain, les coordonnées du site ont été relevées par GPS, la fiche de relevé de végétation a été remplie, et des photos de la végétation ont été prises. Les relevés

ont été repérés par au moins deux points GPS et un schéma permettant de positionner la parcelle (figure 25). Sur le terrain, les flores de Corse (Gamisans, 1999 ; Gauthier, 2002) et du Var (Galangau & Loisel, 1989 ; Quartier *et al.*, 2002) ont servi à identifier les espèces végétales non reconnues.

Figure 25 : Exemple de schéma permettant de positionner les relevés de végétation.



Sur ce schéma ont été représentés le Nord, la route, la distance de la parcelle relevée à la route, la parcelle, sa taille, les points GPS (ici ZZ046 et ZZ047), l'endroit de prise de vue, le numéro (ici P22) et l'orientation de la photo.

Au total, pour chacune des trois missions, plus d'une centaine de relevés de végétation ont été effectués. À ces relevés de terrain s'ajoutent des parcelles reconnues par interprétation visuelle de l'image ou identifiées sur les cartes IGN 1:25000 comme des parcelles de sable, de roche, d'eau (rivières, étangs et mer) ou encore de zones urbaines et de routes. Pour chaque classe, les parcelles ont été séparées aléatoirement en deux groupes, l'un servant pour l'apprentissage (environ 60 % des parcelles), l'autre pour la validation (environ 40 %).

### 3.3.2.3. Préparation de l'image et segmentation

Les images ont tout d'abord été séparées en 2 classes par la méthode de classification non supervisée de type « isodata » afin de créer un masque contenant la mer. Les nuages et leurs ombres ont été découpés manuellement et masqués. Pour l'extrême sud de la Corse, la partie masquée de l'image représente 59,7 % de l'image initiale et a donc permis de gagner du temps de calcul lors du traitement de l'image masquée. Les surfaces non masquées sont détaillées dans le tableau 8.

#### 3.3.2.4. Segmentation de l'image

Avant de réaliser une classification orientée objet, l'image doit être segmentée en objets homogènes. La segmentation est paramétrée grâce à plusieurs facteurs (figure 26). Tout d'abord, l'utilisateur peut choisir un critère d'échelle qui correspond au niveau de finesse de la segmentation, en fonction de la taille des objets qu'il souhaite caractériser. Un grand facteur d'échelle se traduira par des objets de grande taille. Pour l'image de l'extrême sud de la Corse, un facteur d'échelle de 50 a été choisi afin de distinguer des objets tels que les champs et les prairies. Pour l'image du Var, un facteur d'échelle plus petit (15) a été choisi afin de tenir compte de l'existence d'un grand nombre de petites parcelles de cultures (figure 27). Ensuite, l'utilisateur peut définir un critère d'homogénéité qui prend en compte deux facteurs, un spectral et un de forme. Pour les trois images, le facteur spectral (radiométrique) a été fixé à 90 % et le facteur de forme à 10 % car les objets à caractériser se distinguaient plus par leur radiométrie que par leur forme. Enfin, le facteur de forme est aussi paramétrable par un facteur de lissage et un facteur de compacité (*compactness*). Le facteur d'échelle semble être celui qui est le plus déterminant (Perez Correa, 2004). Le choix des autres critères reste relativement empirique ; il convient donc de tester différentes configurations jusqu'à ce que le résultat paraisse visuellement satisfaisant (c'est-à-dire que les objets tels que les parcelles de cultures, la ripisylve<sup>38</sup>, les rivières ou le bâti soit correctement délimités).

---

<sup>38</sup> formation boisée présente le long d'un cours d'eau

Figure 26 : Paramètres de segmentation des trois images SPOT.

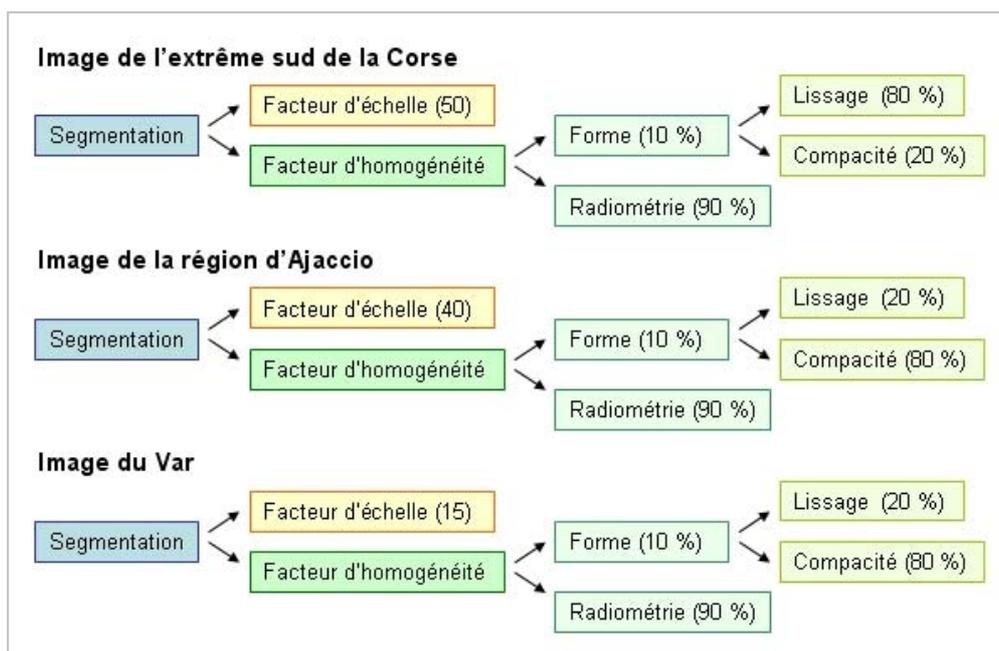
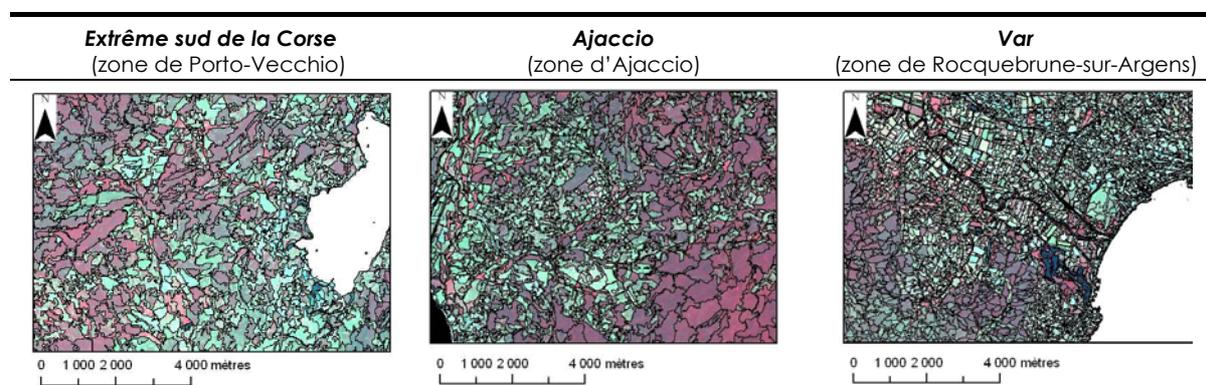


Tableau 8 : Résultats de segmentation des trois images SPOT.

Résultats de la segmentation	Extrême sud de la Corse	Ajaccio	Var
Nombre d'objets	14 433	37 070	169 163
Surface totale de la zone à classer (km <sup>2</sup> )	1 909	3 148	2 771
Densité d'objets/km <sup>2</sup>	7,6	11,8	61

Figure 27 : Illustration des résultats des segmentations.



Données SPOT/Programme ISIS, © CNES (2001, 2002 & 2005), distribution Spot Image S.A.

### 3.3.2.5. Classification par plus proches voisins

Une fois les images segmentées, les objets correspondant aux parcelles d'apprentissage ont été définis dans eCognition®. Les images ont ensuite été classées en utilisant un algorithme de classification par plus proches voisins. L'utilisateur dispose d'un très large choix d'attributs (plus de 250) sur lesquels il peut effectuer la classification. Avec la fonction *Feature space optimisation*, un espace comportant autant de dimensions qu'il y a d'attributs est créé. Un indicateur de la séparabilité des classes d'apprentissage est calculé et les attributs les plus utiles pour séparer les parcelles d'apprentissage des différentes classes sont identifiés. Lors de la classification de l'image entière, chaque objet est alors rattaché à la classe la plus proche de lui dans l'espace multidimensionnel défini, en utilisant la méthode des plus proches voisins.

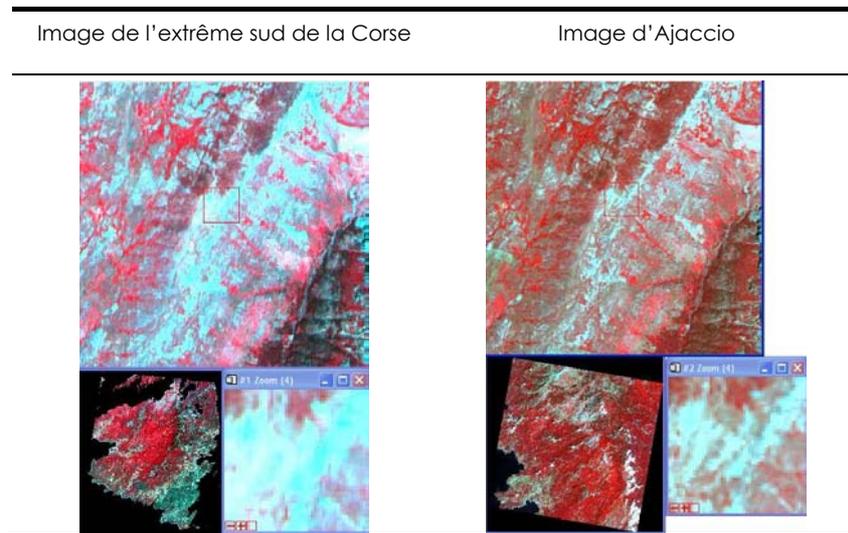
La qualité de la classification a été estimée à partir de l'indicateur de séparabilité des classes d'apprentissage et en réalisant une matrice de confusion (qui estime le pourcentage d'objets bien classés à partir des parcelles de validation). Si la classification obtenue n'était pas satisfaisante, plusieurs solutions étaient envisagées : regroupement (lorsque deux classes se confondaient et que leur fusion était cohérente d'un point de vue sémantique) ou subdivision de certaines classes (si elles étaient hétérogènes) ou ajustement du nombre et des types d'attributs initialement testés, ou encore proposition de nouveaux attributs. Par exemple, sur l'image de l'extrême sud de la Corse, deux types de prairies pouvaient être distinguées : celles en herbe (éventuellement irriguées) et celles qui étaient sèches, distinction qui ne se retrouvait pas toujours sur le terrain, en raison du décalage temporel entre le moment de la prise de vue et le moment où la végétation est relevée. De même, pour cette image, plusieurs regroupements parmi les classes « maquis\* », « garrigue\* » et « pelouse\* » ont été testés car le découpage présenté sur les cartes du CNRS ayant servi à définir les classes de végétation n'a pas été retrouvé sur le terrain. Pour chaque modification concernant les parcelles d'apprentissage, le choix des attributs a de nouveau été optimisé. La longueur de ce processus a été très variable. Ainsi pour l'image de l'extrême sud de la Corse, en dépit d'une quarantaine de COO<sup>39</sup> testées ; les résultats en terme de matrice de confusion sont restés moins bons que ceux obtenus lors de la première classification de l'image de la région d'Ajaccio. Une des hypothèses qui pourrait expliquer cette difficulté est la différence de qualité intrinsèque des images, celle de l'extrême sud la Corse résultant de la fusion d'une image à 20 m et d'une image à 10 m. Une différence de netteté et de finesse est d'ailleurs

---

<sup>39</sup> En tout, une centaine de classifications ont été testées : 10 classifications non supervisées, 60 CPP et 40 COO.

visible entre les deux images (figure 28 : même résolution, même paramètres d’affichage), notamment sur la partie agrandie (partie en bas à droite).

Figure 28 : Comparaison visuelle de la qualité des deux images de Corse.

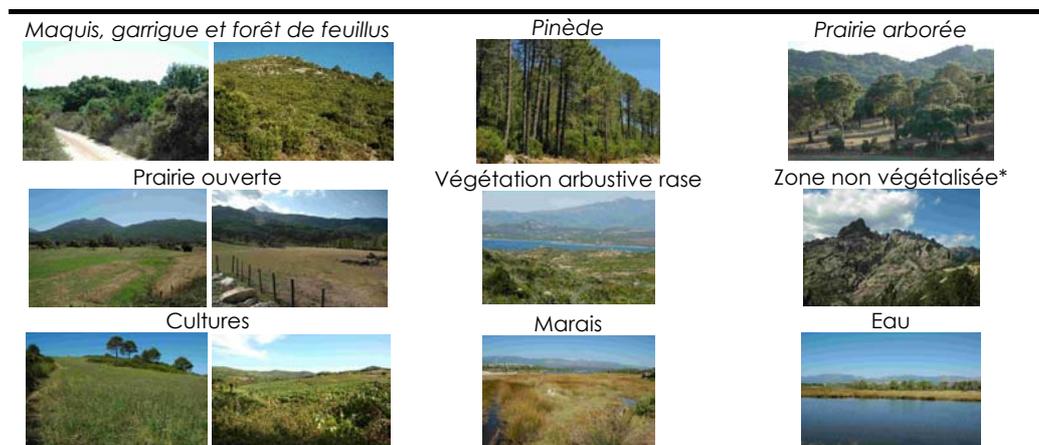


### 3.3.2.6. Résultats des classifications

Pour l’image de l’extrême sud de la Corse, 41 attributs (sur 259) ont été retenus pour obtenir la meilleure classification (annexe 3). Pour les images de la région d’Ajaccio et du Var, l’utilisation de l’outil *feature space optimisation* ne s’est pas avérée satisfaisante, les classifications obtenues à partir de 5 attributs liés à la radiométrie (annexe 3) s’étant révélées meilleures que celles obtenues à partir des attributs proposés par l’outil (14 et 40 attributs respectivement pour les images de la région d’Ajaccio et du Var).

Dans la mesure du possible, les mêmes classes d’occupation du sol ont été utilisées pour les 3 classifications. Dans le Var, la présence d’une zone incendiée a nécessité de créer une classe supplémentaire et, à l’inverse, les classes « prairie arborée », « garrigue » et « marais » n’étaient pas représentées. La figure 29 illustre chaque classe. Les surfaces occupées par chaque classe pour les trois classifications sont présentées dans le tableau 9. Des illustrations des cartes d’occupation du sol issues des classifications sont présentées dans les figures 30, 31 et 32. Sur ces trois illustrations, les nuages sont masqués (d’où les « trous » dans l’image).

Figure 29 : Illustration des classes de végétation.

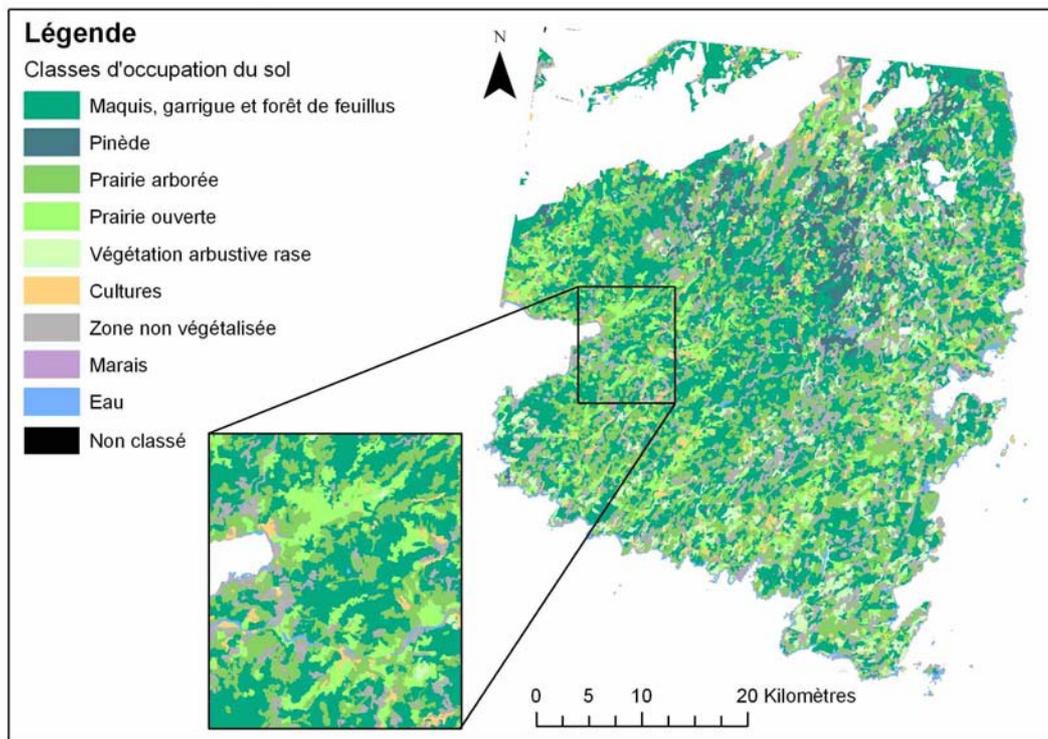


\*Les zones non végétalisées comprennent les roches, le sable, les zones urbaines et goudronnées et les sols nus.

Tableau 9 : Surfaces relatives occupées par les classes des trois images SPOT.

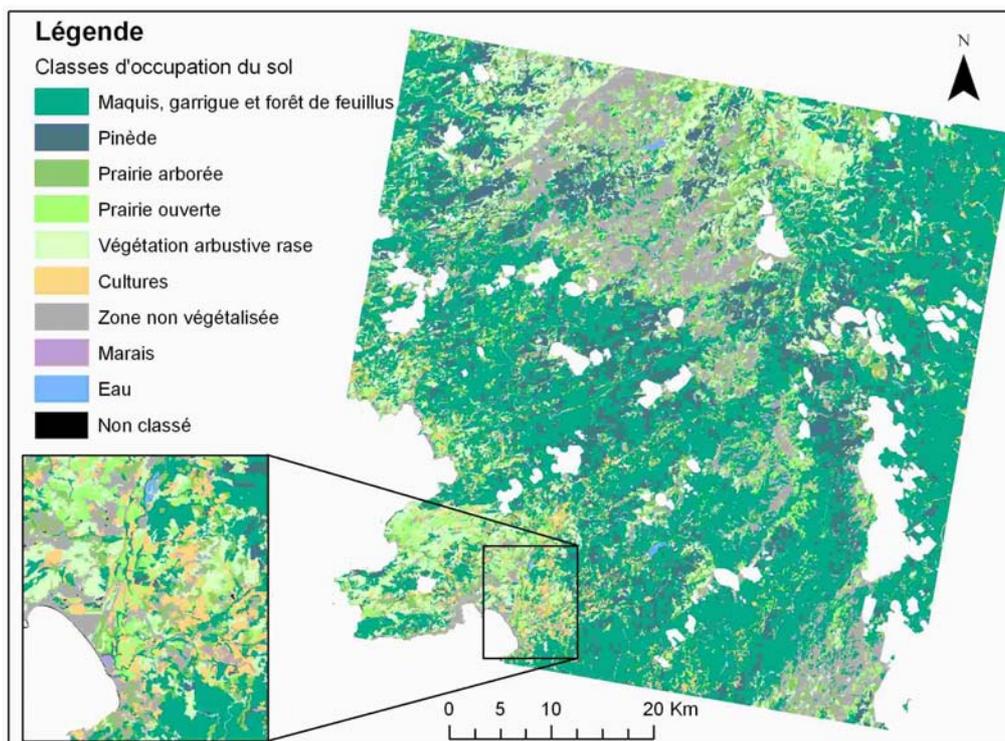
<b>Classes</b>	<b>Extrême sud de la Corse</b> (% de surface)	<b>Ajaccio</b> (% de surface)	<b>Var</b> (% de surface)
Maquis, garrigue et forêt de feuillus	49,31	47,41	54,11
Pinède	3,02	11,84	7,35
Prairie arborée	19,76	7,78	7
Prairie ouverte	6,83	3,96	4,84
Végétation arbustive rase	5,63	14,06	10,98
Cultures	1,76	8,23	11,56
Zone non végétalisée	12,76	12,06	10,36
Marais	0,14	0,02	7
Eau	0,75	0,18	0,35
Zone brûlée	7	7	0,37
Non classé	0,03	0,02	0,08
Total (surface classée)	100,00 (1 909 km <sup>2</sup> )	100,00 (3 148 km <sup>2</sup> )	100,00 (2 771 km <sup>2</sup> )

Figure 30 : Carte d'occupation du sol issue de la classification de l'image de l'extrême sud de la Corse.



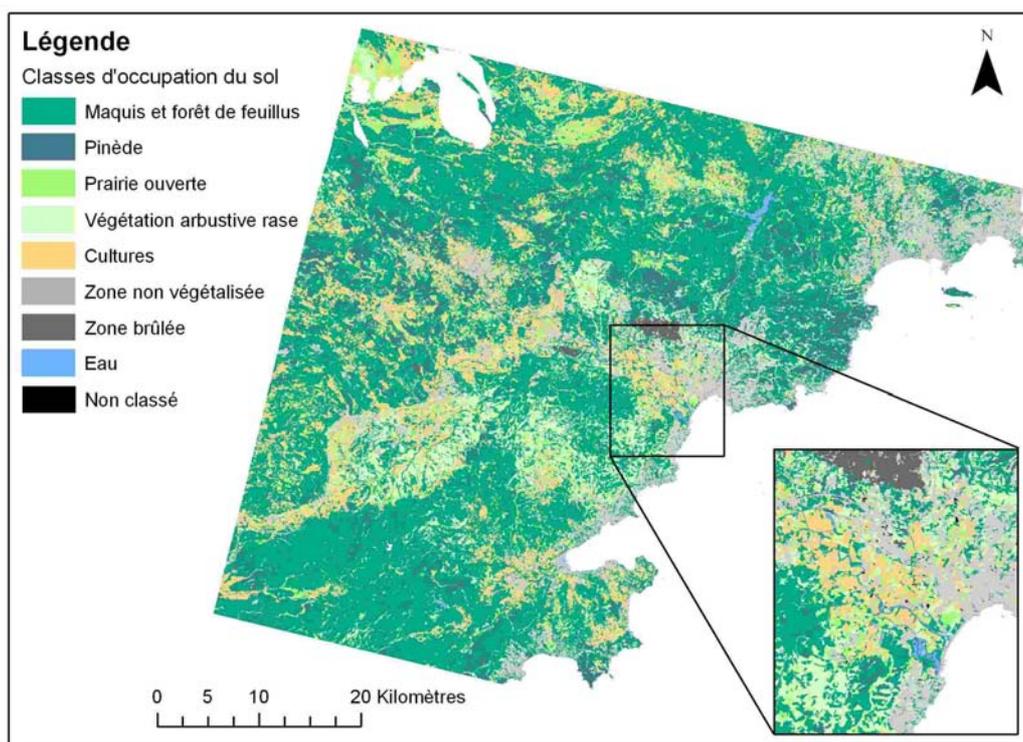
Données SPOT/Programme ISIS, © CNES (2001), distribution Spot Image S.A.

Figure 31 : Carte d'occupation du sol issue de la classification de l'image d'Ajaccio.



Données SPOT/Programme ISIS, © CNES (2002), distribution Spot Image S.A.

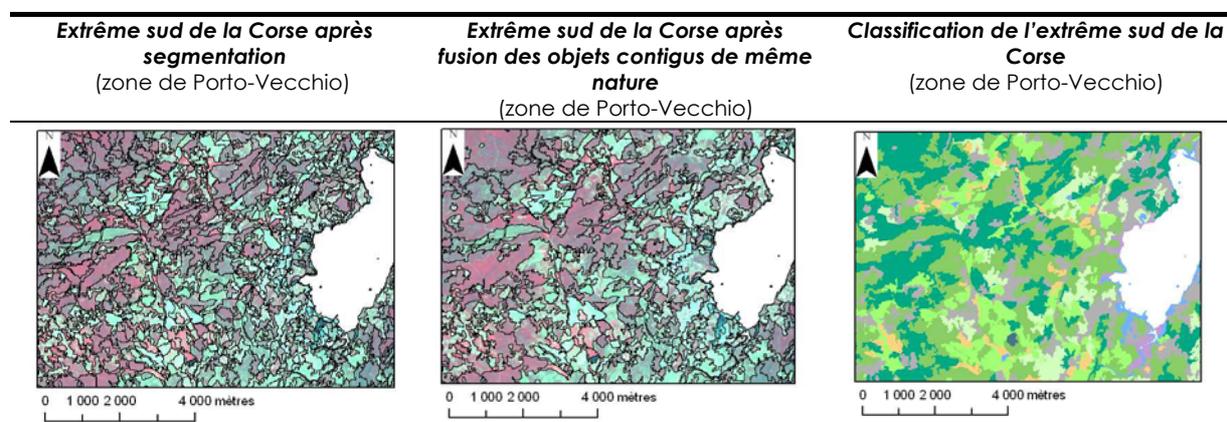
Figure 32 : Carte d'occupation du sol issue de la classification de l'image du Var.



Données SPOT/Programme ISIS, © CNES (2005), distribution Spot Image S.A.

Les objets contigus appartenant à la même classe ont été fusionnés afin de diminuer le nombre d'objets. Ainsi, pour l'extrême sud de la Corse, les 14 443 objets issus de la segmentation ont été agrégés en 6 704 nouveaux objets (figure 33). Le pourcentage de surface couverte par chaque type de végétation dans les zones tampons (au voisinage des élevages et des pièges) a été calculé sous ArcView<sup>®40</sup>.

Figure 33 : Fusion des objets contigus de même nature.



Données SPOT/Programme ISIS, © CNES (2001), distribution Spot Image S.A.

<sup>40</sup> ArcView<sup>®</sup> 3.2. en utilisant la fonction *tabulate areas* de l'outil *spatial analyst*.

### 3.3.2.7. Évaluation des classifications

Afin d'évaluer l'exactitude des trois classifications, plusieurs indicateurs ont été calculés. Tout d'abord, les précisions totales, calculées en nombre d'objets (pourcentage de parcelles de validation bien classées) et en nombre de pixels<sup>41</sup> (pourcentage des pixels de validation bien classés), la précision pondérée par la surface des classes et le pourcentage d'objets non classés sont présentés dans le tableau 10. Les matrices de confusion des trois classifications sont présentées en annexe 4. Le tableau 11 détaille pour chaque classe la précision pour le réalisateur (pourcentage de parcelles de validation bien classées) ainsi que le nombre d'objets et de pixels utilisés comme parcelles de validation.

Tableau 10 : Indicateurs de précision pour les trois classifications.

<b>Images</b>	<b>Extrême sud de la Corse</b>	<b>Ajaccio</b>	<b>Var</b>
Précision totale (en nombre d'objets)	76,8 %	92,2 %	96,0 %
Précision totale (en nombre de pixels)	75,6 %	97,9 %	96,9 %
Précision pondérée par la surface des classes	75,4 %	95,5 %	95,9 %
Objets non classés (Surface non classée)	1,7 % (0,03 %)	0,4 % (0,02 %)	1,1 % (0,08 %)

Les trois classifications présentent des indicateurs de précision satisfaisants (extrême sud de la Corse) ou très bons (Ajaccio et Var) (tableau 10), la différence étant vraisemblablement liée pour partie à la qualité intrinsèque des images initiales. Les pourcentages d'objets non classés sont très faibles. L'indicateur de précision pondérée par la surface des classes permet d'ajuster la précision en fonction de l'importance relative des classes et est ainsi moins sensible aux variations du nombre d'objets utilisés pour la validation dans chaque classe.

<sup>41</sup> La précision totale exprimée en nombre de pixels bien classés est la façon usuelle d'établir la précision pour les CPP, elle est donnée ici à titre indicatif.

Tableau 11 : Précision pour le réalisateur<sup>42</sup> des trois classifications.

Image classée	Indicateurs de précision	Parcelles de validation								
		Maquis, garrigue et forêt de feuillus	Pinède	Prairie arborée	Prairie ouverte	Zone arbustive rase	Cultures	Zone non végétalisée	Eau	Total
Extrême sud de la Corse	Précision pour le réalisateur (% d'objets)	79	80	70	50	25	63	77	90	76,8
	Nombre d'objets	34	10	10	18	8	8	142	63	293
	Nombre de pixels	57 220	13 534	8 982	16 731	9 774	5 069	90 885	9 100	211 295
Ajaccio	Précision pour le réalisateur (% d'objets)	100	100	83	44	100	100	100	100	92,2
	Nombre d'objets	45	18	6	18	14	4	15	21	141
	Nombre de pixels	15 090	2 975	626	1 752	1 552	119	924	10 507	33 545
Var	Précision pour le réalisateur (% d'objets)	100	85	/	89	100	88	96	100	96,0
	Nombre d'objets	39	13	/	9	11	34	80	28	251
	Nombre de pixels	3 238	1 676	/	557	411	1 543	3991	10 827	23 257

Le nombre d'objets ayant servi à construire la matrice de validation varie entre 141 et 293, et au sein des classes de 4 à 142 (tableau 11). Le nombre de pixels constituant les parcelles de validation varie entre 23 257 et 211 295 (et 119 et 90 885 au sein des classes). Certaines parcelles de végétation étaient parfois peu fréquemment rencontrées sur le terrain, ce qui s'est traduit par un faible nombre de parcelles de validation (comme les cultures dans la région d'Ajaccio). Le pourcentage d'objets bien classés pour chaque classe varie entre 25 et 100 %, mais ces pourcentages doivent être comparés en intégrant la différence en terme de nombre d'objets ayant servi pour la validation. Les matrices détaillées (annexe 4) permettent de savoir quelles sont les confusions les plus couramment rencontrées.

<sup>42</sup> pourcentage de parcelles de validation bien classées

### 3.4. Caractérisation du paysage

#### 3.4.1. Définition des indicateurs paysagers

En considérant les cartes d'occupation du sol comme des mosaïques d'entités<sup>43</sup> de végétation, des indicateurs paysagers peuvent être définis afin de caractériser la structure spatiale et la composition de la mosaïque. Une telle étude mettant en relation des données sur la FCO et les *Culicoides* avec des indicateurs paysagers n'a jamais été menée. Les critères de choix des indicateurs retenus ont été : i) leur signification d'un point de vue écologique, ii) leur simplicité et iii) leur diversité (appartenance à des familles différentes). Les indicateurs choisis ont été définis à deux échelles spatiales<sup>44</sup> : i) pour l'ensemble des entités, quel que soit leur type (échelle d'un secteur, ici de la zone tampon) et ii) pour un ensemble d'entités appartenant au même type d'occupation du sol (échelle de la classe) (McGarigal *et al.*, 2002b). Au total, six indicateurs ont été retenus à l'échelle de la zone tampon (tableau 12), et deux indicateurs à l'échelle de la classe (pour chacune des neuf classes) (tableau 13). Ainsi, 24 indicateurs ont été extraits dans les voisinages des élevages et des pièges pour chacune des trois échelles de voisinage. Leur définition mathématique est détaillée en annexe 5.

---

<sup>43</sup> Le terme français « entité » est ici employé pour désigner un polygone dont la surface est composée d'un même type d'occupation du sol, désigné en anglais sous le terme « patch ».

<sup>44</sup> Globalement, ces indicateurs peuvent être calculés à 3 échelles : i) à l'échelle d'une seule entité, ii) pour un ensemble d'entités de même type d'occupation du sol (échelle classe) et iii) pour l'ensemble des entités, quel que soit leur type (échelle d'un secteur ou de l'image entière). Dans cette étude, l'échelle d'une seule entité n'a pas été retenue. Pour illustrer l'effet des échelles, on peut prendre l'exemple du périmètre. À l'échelle d'une entité, le périmètre est la longueur des segments formant le contour d'une entité. À l'échelle de la classe, le périmètre est la somme des périmètres de toutes les entités du type d'occupation du sol considéré. Enfin, à l'échelle d'un secteur, cet indice mesure l'ensemble des périmètres de toutes les entités (quel que soit leur type).

Tableau 12 : Indicateurs paysagers définis à l'échelle de la zone tampon.

<b>Nom abrégé</b>	<b>Nom</b> <i>(famille d'indice)</i>	<b>Définition</b>
PD	Patch Density Densité d'entités <i>(Aire-densité-frontière)</i>	Nombre d'entités dans la zone tampon (tous types d'entités confondus), divisé par la surface de la zone tampon et exprimé pour une surface de 100 hectares.
LSI	Landscape Shape Index Indice de forme de paysage <i>(Aire-densité-frontière)</i>	Longueur totale de frontière (bordure) divisée par la longueur minimale de frontière entre classes, obtenue pour une classe agrégée au maximum (lorsque la classe est agrégée en une seule entité compacte).
ENN_MN	Mean Euclidian Nearest Neighbour Distance Distance euclidienne moyenne au plus proche voisin <i>(Isolement-proximité)</i>	Distance moyenne à l'entité la plus proche de même type, la distance entre entités étant mesurée de bord à bord. (La distance bord à bord se mesure à partir des centres des pixels.)
CONNECT	Connectance index Indice de connectivité <i>(Connectivité)</i>	Nombre de liens entre entités de même type dans un rayon de 50 mètres (seuil défini par l'utilisateur), divisé par nombre total de liens entre entités de même type (quel que soit le rayon), et exprimé en pourcentage.
PRD	Patch Richness Density Densité de richesse des entités <i>(Diversité)</i>	Nombre de types différents d'entités présents dans la zone tampon, divisé par la surface de la zone tampon et exprimé pour une surface de 100 hectares.
SIDI	Simpson's Diversity Index Indice de diversité de Simpson <i>(Diversité)</i>	SIDI vaut 1 moins la somme de l'abondance proportionnelle de chaque type d'entité élevée au carré. Cet indice représente la probabilité que 2 pixels pris au hasard soient de type différent.

Tableau 13 : Indicateurs paysagers définis à l'échelle de la classe.

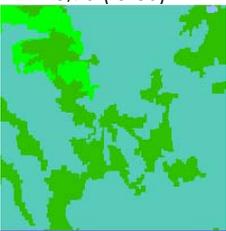
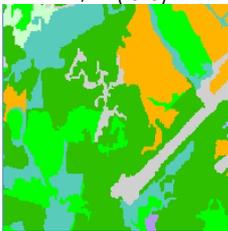
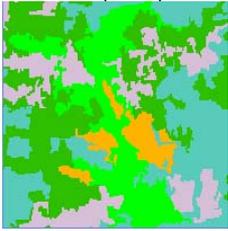
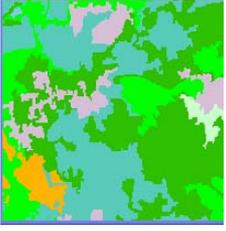
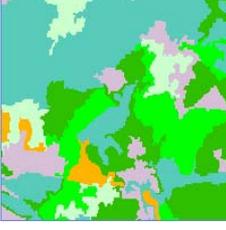
<b>Nom abrégé</b>	<b>Nom</b> <i>(famille d'indice)</i>	<b>Définition</b>
NP_X	Number of patches of class X Nombre d'entités de la classe X <i>(Aire-densité-frontière)</i>	Nombre d'entités de la classe X
LSI_X	Landscape shape index of class X Indice de forme de paysage de la classe X <i>(Aire-densité-frontière)</i>	LSI calculé pour les entités de la classe X

### 3.4.2. Extraction des indicateurs paysagers

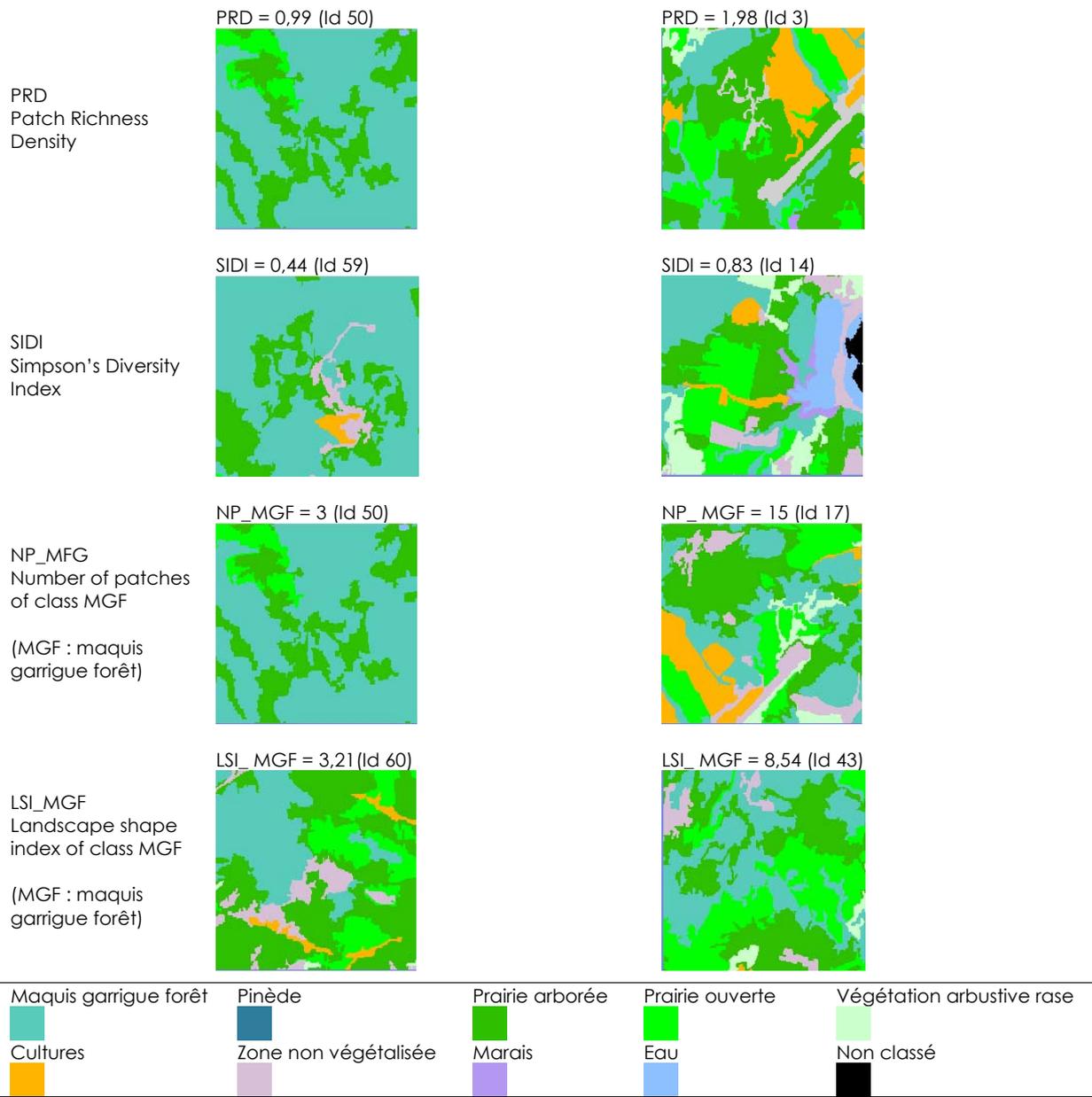
Pour extraire ces indicateurs pour chacune des zones tampons (de 0,5, 1 et 2 km de rayon) au voisinage des élevages et des pièges, les images satellitaires ont été découpées en autant de petites images de la taille des zones tampons, en utilisant un script sous le logiciel ENVI®

(A. Tran, communication personnelle) (annexe 6). Puis les indicateurs ont été extraits grâce au logiciel Fragstats<sup>®45</sup> (McGarigal *et al.*, 2002a). Afin d'illustrer concrètement les indicateurs extraits, les petites images correspondant aux valeurs minimales et maximales de chaque indicateur pour les zones tampons de 1 km autour des élevages de l'extrême sud de la Corse sont présentées dans le tableau 14.

Tableau 14 : Illustration des indicateurs paysagers définis à l'échelle de la classe.

Indicateur paysager	Image de la zone ayant la plus faible valeur de l'indicateur (Id = identifiant)	Image de la zone ayant la plus forte valeur de l'indicateur (Id = identifiant)
PD Patch Density	PD = 3,96 (Id 50) 	PD = 14,11 (Id 3) 
LSI Landscape Shape Index	LSI = 4,45 (Id 39) 	LSI = 8,29 (Id 22) 
ENN_MN Mean Euclidian Nearest Neighbour Distance	ENN_MN = 63,76 (Id 5) 	ENN_MN = 463,57 (Id 28) 
CONNECT Connectance index	CONNECT = 3,96 (Id 76) 	CONNECT = 16,67 (Id 28) 

<sup>45</sup> Disponible en ligne : [www.umass.edu/landeco/research/fragstats/fragstats.html](http://www.umass.edu/landeco/research/fragstats/fragstats.html)



## **Résumé**

Ce chapitre présente les trois zones d'étude : i) l'extrême sud de la Corse, où les modèles reliant environnement et données épidémiologiques et entomologiques ont été développés, ii) la région d'Ajaccio, où ces modèles ont été validés (validation externe), et iii) le Var, où le modèle sur les vecteurs est appliqué. En s'appuyant sur la distance de vol de différentes espèces de *Culicoides*, on peut émettre l'hypothèse que l'environnement influe sur le vecteur et la maladie dans un voisinage de quelques centaines de mètres à quelques kilomètres. Trois tailles de zones tampons de 500 m, 1 et 2 km ont ainsi été définies autour des élevages et des pièges. L'environnement est ensuite caractérisé pour ces trois échelles de voisinage.

Afin de caractériser l'environnement favorable à *C. imicola* et à la FCO en Corse à une échelle locale, trois sources de données environnementales ont été utilisées. Tout d'abord des modèles numériques de terrain ont permis d'extraire les variables altimétriques suivantes : altitude, pente, ensoleillement et orientation. À partir d'un réseau hydrographique, la longueur des réseaux parcourant les zones tampons autour des élevages et des pièges a été calculée. Enfin, une classification orientée objet par plus proches voisins a été mise en œuvre sur les images SPOT à haute résolution spatiale. Les cartes d'occupation du sol obtenues ont servi à calculer le pourcentage de surface de la zone tampon occupée par chacune des classes d'occupation du sol. Ces cartes ont également permis d'extraire des indicateurs paysagers reflétant la structure spatiale et la composition des entités de végétation.

Les trois chapitres suivants présentent les approches mises en œuvre sur la maladie et sur les vecteurs.

## **Chapitre 6 :**

### **Approche maladie**

*Afin d'identifier les zones à risque de FCO, des données épidémiologiques provenant de 80 élevages de l'extrême sud de la Corse sont mises en relation avec les données environnementales décrites dans le chapitre précédant (chapitre 5). Les données épidémiologiques utilisées (1), les méthodes statistiques mises en œuvre pour modéliser le lien entre maladie et environnement, les résultats obtenus et leur validation (2) puis leur discussion (3) sont présentés successivement. Ces travaux ont fait l'objet de deux publications présentées dans la section valorisations (articles 1 et 2).*

#### **1. Données épidémiologiques**

Des données épidémiologiques concernant 80 élevages ovins de l'extrême sud de la Corse ont été recueillies afin d'être mises en relation avec les données environnementales. Le choix de l'unité épidémiologique (1.1), la méthode de mesure de la maladie (1.2) et la localisation des élevages (1.3) sont présentés ci-dessous.

##### ***1.1. Unité épidémiologique***

En France, tout élevage est soumis à déclaration auprès des services vétérinaires départementaux, et chaque animal doit être recensé et identifié. Les services vétérinaires disposent de la liste des exploitations à l'échelle communale. Cependant, compte tenu de l'hétérogénéité spatiale au sein des communes, une échelle plus fine a été adoptée. Afin de pouvoir comprendre pourquoi, au sein d'une même commune, certains élevages étaient infectés alors que d'autres étaient sains, l'élevage a été choisi comme unité épidémiologique.

##### ***1.2. Mesure de la maladie***

Pour mesurer l'état sanitaire des élevages vis-à-vis d'une maladie, plusieurs indicateurs peuvent être utilisés : la sérologie, la virologie ou bactériologie, ou la clinique, chacun

présentant des contraintes limitant leur utilisation. Par exemple, les résultats d'analyses sérologiques, virologiques ou bactériologiques ne peuvent être utilisés que s'ils ont été recueillis selon un protocole d'échantillonnage adapté. De même, les symptômes pouvant être frustes ou confondus avec d'autres maladies, la présence de la maladie doit être confirmée dans les élevages cliniquement suspects par des analyses complémentaires.

La FCO fait partie des maladies à notifier à l'Organisation mondiale de la santé animale (OIE). Ainsi, en France, la déclaration de toute suspicion clinique de fièvre catarrhale ovine est obligatoire. Elle engendre une procédure visant à confirmer ou infirmer la suspicion au moyen de tests virologiques. Au terme de cette procédure, les élevages ayant été confirmés positifs par RT-PCR par le laboratoire de référence sont officiellement déclarés infectés. On peut considérer que la démarche de déclaration des cas suspects de FCO par les éleveurs est bien suivie car elle conditionne l'obtention d'aides compensatoires de l'État en cas d'infection des troupeaux.

La détermination du statut sanitaire des élevages étudiés a donc reposé sur la déclaration obligatoire (suspicion clinique confirmée par analyse virologique). Seuls les élevages ovins ont été retenus puisque en Corse seuls ces animaux présentaient des signes cliniques. La liste des élevages ovins officiellement infectés (quel que soit le sérotype impliqué) pendant la période 2000-2003 a été obtenue auprès des services vétérinaires de Corse du Sud. Tout élevage ovin ne faisant pas partie de la liste a été considéré comme non infecté.

### ***1.3. Localisation des élevages***

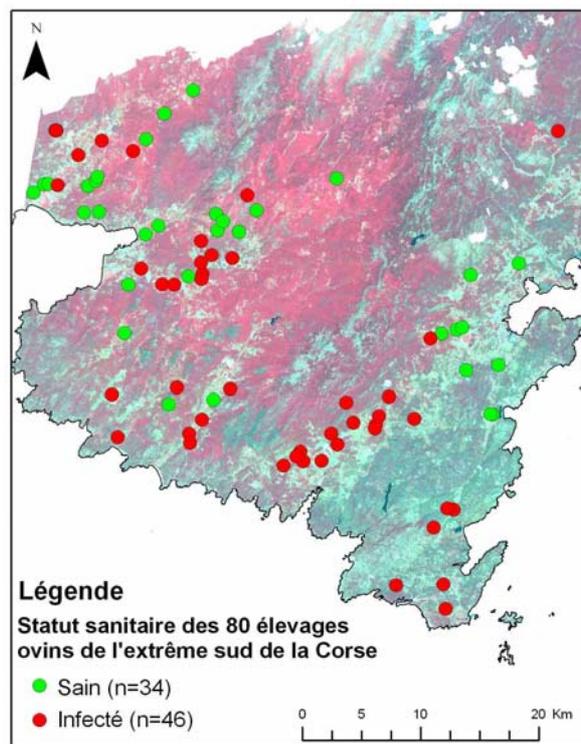
Lors d'une précédente étude sur la FCO en Corse (Plazanet, 2002), un agent (G. Bousquet) des services vétérinaires de Corse du Sud, avait pointé sur des cartes topographiques de l'IGN au 1:25 000 les bergeries des troupeaux ovins, bovins et caprins de Corse du Sud qui étaient sous sa responsabilité. Un troupeau est ici défini comme un groupe d'animaux gardés ensemble et rattachés à un élevage identifié par un numéro d'élevage. Ces données au format papier ont été saisies et géoréférencées sous ArcGis<sup>®</sup>, en positionnant les troupeaux à l'aide du scan 25<sup>®46</sup>. Au total, 404 troupeaux ovins, bovins et caprins ont pu être géoréférencés et projetés dans le système Lambert 4 cartographique. Toutefois, un même éleveur peut avoir plusieurs élevages constitués de troupeaux différents, et un même site peut regrouper plusieurs troupeaux rattachés à des élevages différents, appartenant au même éleveur ou à un ensemble d'éleveurs. Les troupeaux peuvent inclure une seule espèce

---

<sup>46</sup> Produit de l'IGN correspondant à la version informatique des cartes papier au 1:25 000<sup>e</sup>.

(troupeau « monospécifique ») ou des espèces différentes (troupeau « mixte »). La notion d'élevage a donc été redéfinie : elle rassemble ici tous les animaux élevés ensemble sur un même site et ainsi *a priori* soumis au même risque en terme d'exposition aux *Culicoides*. Les troupeaux appartenant à des élevages ayant des numéros d'élevages différents mais élevés ensemble sur un même site ont donc été regroupés. Pour chaque site d'élevage, si au moins un des troupeaux était infecté, l'élevage a été considéré infecté. La base de données initiale a donc été remodelée afin d'éliminer les doublons, puis recoupée et vérifiée. Finalement, 80 élevages ovins (dont 34 sains et 46 infectés par la FCO) situés dans la principale zone d'étude (extrême sud de la Corse) ont été retenus (figure 34).

Figure 34 : Localisation et statut sanitaire vis-à-vis de la FCO des 80 élevages ovins de l'extrême sud de la Corse.



Données SPOT/Programme ISIS, © CNES (2001), distribution Spot Image S.A.

Outre le statut sanitaire, quatre caractéristiques propres aux élevages ont été recueillies : i) leur longitude, ii) leur latitude, iii) leur distance à la mer et iv) leur type (mixte ou monospécifique). Les coordonnées géographiques sont exprimées en mètres. La distance des élevages à la mer varie de 740 m à 17 560 m. Parmi ces 80 élevages, 7 sont monospécifiques et 73 comportent des ovins en association avec des bovins ou des caprins (élevages mixtes).

Par contre les effectifs totaux des élevages n'ont pas pu être recueillis (données non disponibles rétrospectivement).

## **2. Modélisation statistique du risque de FCO**

Afin de caractériser les zones favorables à la FCO, et d'expliquer le statut infecté ou sain des élevages (variable expliquée) par les variables environnementales et les caractéristiques propres des élevages (variables explicatives), des modèles statistiques ont été établis pour les 3 échelles de voisinage (trois tailles de zones tampon autour des élevages). La construction de ces modèles s'est déroulée en cinq étapes. Tout d'abord, les méthodes (2.1) puis les résultats (2.2) des analyses statistiques monovariées et multivariées (régressions logistiques) (logiciel Systat<sup>®</sup>) sont présentées. Puis l'autocorrélation spatiale des résidus des modèles a été évaluée (logiciel R) (2.3). Enfin, les modèles ont été validés en interne (2.4) et en externe (2.5) en calculant l'aire sous la courbe ROC (Receiver operating characteristic) (logiciel Stata<sup>®</sup>).

### **2.1. Méthodes statistiques**

#### *2.1.1. Analyses statistiques monovariées*

Dans un premier temps, l'association entre les variables quantitatives et la variable expliquée (statut sanitaire de l'élevage) a été évaluée grâce au test non paramétrique de Mann et Whitney (test de rangs). Puis, les variables quantitatives ont été discrétisées en tertiles (discrétisation en trois classes de même effectif), ou en deux classes si la distribution de la variable ne le permettaient pas (par exemple si plus de la moitié des individus avaient la même valeur). Cette étape permet de tester et prendre en compte une relation non linéaire entre la variable expliquée et la variable explicative<sup>47</sup>. Compte tenu du nombre restreint d'élevages, les tertiles ont été préférés aux autres quantiles (quartiles par exemple)<sup>48</sup>. Les variables discrétisées en tertiles et les variables qualitatives ont été testées en utilisant le test du Chi-deux de Pearson ou le test de Fisher exact. Les corrélations des variables deux à deux ont été analysées en calculant les coefficients de corrélation de Pearson.

Les variables retenues pour l'analyse multivariée étaient celles pour lesquelles le test statistique en analyse monovariée présentait un degré de signification inférieur à 0,15. Ce

---

<sup>47</sup> La relation entre le risque et une variable explicative est non linéaire si par exemple le risque est associé à des valeurs faibles et fortes de la variable mais ne l'est pas à des valeurs moyennes.

<sup>48</sup> Un découpage en quartile permet de tenir compte d'une relation non linéaire mais les effectifs dans chaque classe sont plus petits que lors d'un découpage en tertiles. Un découpage selon la médiane (en 2 classes) ne permet pas de tenir compte d'une relation non linéaire.

seuil a été jugé suffisamment souple pour permettre de ne pas éliminer lors de l'analyse monovariée des variables qui auraient pu par la suite se révéler significatives en analyse multivariée. Ces tests ont été effectués pour les trois tailles de voisinage (zones tampons). Dès qu'une variable était significative pour une des tailles de voisinage, elle était retenue pour l'analyse multivariée (étape suivante) et ce pour les trois tailles de voisinage. Cela a ainsi permis de proposer un jeu similaire de variables pour l'analyse multivariée appliquée aux trois échelles de voisinage.

Lorsqu'une variable quantitative était significative à la fois en continu et sous forme discrétisée, la forme de la relation de la variable discrétisée était examinée. Si le risque (d'être infecté) était strictement croissant ou décroissant entre les trois tertiles, la variable était retenue sous forme continue dans un souci de parcimonie. En revanche, si, pour au moins une des tailles de voisinage, la relation n'était pas strictement monotone, la variable était retenue sous forme discrétisée.

### 2.1.2. Analyses statistiques multivariées

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 (Bouyer, 1991b). De plus, grâce à la discrétisation de certaines variables en tertiles, les relations non strictement croissante ou décroissante entre la variable expliquée et les variables explicatives pouvaient être prise en compte. L'équation d'une régression logistique prend la forme suivante (*équation 1*) :

$$\ln(P/(1-P)) = \alpha + \sum_{i=1}^n \beta_i X_i \Leftrightarrow P = 1 / (1 + e^{-\left(\alpha + \sum_{i=1}^n \beta_i X_i\right)})$$

avec :

P	: probabilité d'être infecté (ici que l'élevage soit positif)
α	: constante
β	: coefficient associé à la variable
X	: variable explicative

Une procédure pas à pas ascendante a été mise en œuvre pour sélectionner les variables : à chaque étape, la variable la plus significative a été incluse dans le modèle, tout en vérifiant que les variables déjà incluses restaient significatives (Bouyer, 1991a). À chaque étape, les effets éventuels des corrélations entre les variables ont été examinés.

Étant donné le nombre important de variables retenues lors des analyses monovariées, il n'a pas été possible de toutes les tester en une seule étape. Une étape intermédiaire a donc été instaurée : les variables ont été rassemblées en groupes thématiques et testées par groupe. Six groupes ont été définis : i) caractéristiques propres des élevages, ii) altimétrie, hydrographie et NDVI, iii) occupation du sol, iv) variables paysagères à l'échelle de la zone tampon, v) nombre d'entités à l'échelle classe et vi) LSI (landscape shape index) à l'échelle classe. Les variables ont été considérées significatives pour un seuil  $p \leq 0,1$  au sein de chacun des groupes. Les variables significatives par groupe ont ensuite été testées ensemble. Lors de ces analyses multivariées tous groupes confondus, les variables ont également été considérées significatives pour un seuil  $p \leq 0,1$ .

## ***2.2. Résultats des analyses statistiques***

### ***2.2.1. Résultats des analyses statistiques monovariées***

Les analyses statistiques monovariées ont permis de sélectionner 31 variables (sur 46 testées) statistiquement associées ( $p \leq 0,15$ ) à la présence de foyers de FCO (tableau 15). Les résultats des analyses monovariées détaillés pour chaque taille de voisinage sont présentés en annexe 7. Ces variables ont ensuite été testées en analyse statistique multivariée.

Tableau 15 : Liste des variables retenues lors des analyses monovariées (seuil 0,15).

Type	Variable	Nom abrégé	
<b>Caractéristiques des élevages</b>	Longitude	Longitude T_X	
	Latitude	Latitude (continue) Y	
	Mixité	Mixité MIXITE	
<b>Altimétrie, hydrographie et NDVI</b>	Altitude	Altitude moyenne T_ALT	
	Ensoleillement	Ensoleillement moyen (continue) SOLEIL	
	Pente	Pente moyenne T_PENTE	
	Réseau hydrographique	Longueur du réseau T_LHYDRO	
	NDVI	NDVI minimal	T_NDVImin
		NDVI moyen (continue)	NDVI moy NDVI maximal (continue) NDVI max
<b>Occupation du sol</b>	% Maquis, garrigue et forêt	T_MGF	
	% Prairie arborée	T_PAR	
	% Prairie ouverte	T_PRA	
	% Végétation arbustive rase	T_VAR	
	% Cultures	T_CULT	
<b>Variables paysagères - échelle zone tampon</b>	% Zone non végétalisée	T_ZNV	
	Patch density	T_PD	
	Landscape shape index	T_LSI	
	Mean Euclidian Nearest Neighbour distance	T_ENN_MN	
	Connectance Index	T_CONNECT	
	Patch Richness Density	T_PRD	
<b>Variables paysagères - échelle classe</b>	Simpson's Diversity Index	T_SIDI	
	<b>Number of patches (nombre d'entités, NP)</b>	NP maquis, garrigue et forêt (continue)	MGF_NP
		NP prairie ouverte (continue)	PRA_NP
		NP végétation arbustive rase	T_VAR_NP
		NP zone non végétalisée	T_ZNV_NP
	<b>Landscape Shape Index (indice de forme de paysage, LSI)</b>	LSI maquis, garrigue et forêt	T_MGF_LSI
		LSI prairie ouverte	T_PRA_LSI
LSI végétation arbustive rase (continue)		VAR_LSI	
	LSI zone non végétalisée (continue)	ZNV_LSI	
	LSI eau	T_EAU_LSI	

 variable continue  
 variable discrète  
 T\_ : tertile

### 2.2.2. Résultats des analyses statistiques multivariées

Les résultats détaillés de l'analyse multivariée au sein de chacun des six groupes (variables proposées et retenues pour chaque taille de voisinage et pour chaque groupe) sont

présentés en annexe 8. Les variables significatives par groupe (en gris foncé dans le tableau 16)<sup>49</sup> ont ensuite été testées ensemble.

Tableau 16 : Liste des variables retenues lors des analyses multivariées par groupe (seuil 0,1).

Variables retenues lors de l'analyse multivariée par groupes		Taille de voisinage		
		500 m	1 km	2 km
Latitude (continue)	Y	*		*
Mixité	MIXITE	*	*	*
Altitude moyenne	T_ALT	X		
Ensoleillement moyen (continue)	SOLEIL	X	*	*
NDVI moyen (continue)	NDVI_moy		X	X
% Prairie arborée	T_PAR		X	X
% Prairie ouverte	T_PRA		X	X
% Végétation arbustive rase	T_VAR	X	*	
Patch Density	T_PD	X		
Mean Euclidian Nearest Neighbour Distance	T_ENN_MN		X	X
Patch Richness Density	T_PRD	*	X	X
Nombre d'entités de prairie ouverte (continue)	PRA_NP			*
Nombre d'entités de zone non végétalisée	T_ZNV_NP		X	
Landscape Shape Index de maquis, garrigue et forêt	T_MGF_LSI	X	*	X
Landscape Shape Index de prairie ouverte	T_PRA_LSI		*	X
Landscape Shape Index de zone non végétalisée (continue)	ZNV_LSI		*	

	variable continue
	variable discrétisée (tertiles)
X	variable non significative par groupe pour la taille de voisinage considérée
	variable significative ( $p \leq 0,1$ ) lors de l'analyse par groupe
*	variable significative ( $p \leq 0,1$ ) lors de l'analyse par groupe puis tous groupes confondus

Les résultats des analyses tous groupes confondus sont présentés dans le tableau 17 où apparaissent les odds ratios<sup>50</sup> (OR) associés à chaque variable et leur intervalle de confiance à 90 % (puisque un seuil de 0,1 a été choisi). Les OR se calculent à partir des coefficients  $\beta$  de l'équation de régression logistique selon la formule suivante (équation 2) :  $OR_i = \exp(\beta_i)$ . Plus l'odds ratio est élevé, plus l'association entre la maladie et l'exposition est forte. Il faut néanmoins signaler que les OR ainsi calculés dépendent de l'unité de mesure de la variable.

<sup>49</sup> Par exemple, pour l'analyse avec une taille de voisinage de 2 km, les 9 variables sélectionnées par groupe sont : Y, MIXITE, T\_ALT, SOLEIL, T\_VAR, T\_PD, PRA\_NP, T\_ZNV\_NP et ZNV\_LSI. Onze variables sont sélectionnées à 500 m, et 10 à 1 km.

<sup>50</sup> Un odds ratio est un rapport de cotes (odds). Une cote est le rapport de la probabilité d'un événement sur son complément. L'odds ratio peut se définir comme suit :  $OR = \frac{p(1-p) \text{ chez les sujets exposés}}{p(1-p) \text{ chez les sujets non exposés}}$ . Lorsque l'odds ratio est égal à 1, cela traduit le fait qu'aucune association statistique entre le facteur et la variable expliquée n'a pu être mise en évidence.

Dans le cas d'une variable discrète, le seuil de significativité (p) s'interprète au niveau de la variable et non de la classe (une variable peut ainsi être significative à un seuil donné même si le p calculé pour un des tertiles ne l'est pas).

Tableau 17 : Modèles statistiques de présence de la FCO dans les élevages (seuil 0,1).

Variables*	Tailles de voisinage					
	500 m		1 km		2 km	
	OR (IC 90 %)	p	OR (IC 90 %)	p	OR (IC 90 %)	p
<b>Type d'élevage ovine</b>						
• Monospécifique	1		1		1	
• Mixte	<b>57,83</b> (3,97-842,76)	0,013	<b>133,29</b> (10,74-1653,83)	0,001	<b>37,16</b> (4,93-280,08)	0,003
<b>Latitude (km)</b>						
	0,88 (0,83-0,94)	0,000	-		<b>0,86</b> (0,81-0,92)	0,000
<b>Ensoleillement moyen</b>						
	-		<b>1E-4</b> (3E-8 - 0,56)	0,079	<b>2E-6</b> (4E-11 - 0,08)	0,042
<b>Patch Richness Density</b>						
• Valeurs faibles (T1)	1		-		-	
• Valeurs moyennes (T2)	<b>4,86</b> (1,54-15,33)	0,024	-		-	
• Valeurs élevées (T3)	<b>0,81</b> (0,21-3,09)	0,791	-		-	
<b>Végétation rase arbustive</b>						
• Absence	-		1		-	
• Présence	-		<b>5,2</b> (1,43-18,92)	0,036	-	
<b>LSI de zone non végétalisée</b>						
	-		<b>1,53</b> (1,05-2,22)	0,064	-	
<b>LSI de prairie ouverte</b>						
• Valeurs faibles (T1)	-		1		-	
• Valeurs moyennes (T2)	-		<b>0,13</b> (0,03-0,66)	0,038	-	
• Valeurs élevées (T3)	-		<b>1,31</b> (0,28-6,20)	0,777	-	
<b>LSI de maquis, garrigue et forêt</b>						
• Valeurs faibles (T1)	-		1		-	
• Valeurs moyennes (T2)	-		<b>12,18</b> (2,27-65,35)	0,014	-	
• Valeurs élevées (T3)	-		<b>10,07</b> (1,98-51,07)	0,019	-	
<b>Nombre d'entités de prairies ouvertes</b>						
	-		-		<b>1,24</b> (1,10-1,40)	0,003

Constante  $\alpha = 513.06$  pour le modèle avec un voisinage de 500 m,  $-3.37$  pour 1 km et  $612.86$  pour 2 km.  
T : tertiles ; OR: odds ratio ; IC 90 %: intervalle de confiance à 90 %.

Le tableau ci-dessus présente les OR des variables quantitatives pour une variation d'une unité. Pour certaines variables, la variation d'une unité n'est pas réaliste d'un point de vue biologique. Par exemple, pour l'ensoleillement moyen, qui varie entre 0 et 1, il est exceptionnel d'observer une variation de 1 entre deux sites. Une autre façon de présenter les résultats consiste à calculer les OR associés à une variation pour un intervalle différent, en choisissant une valeur réaliste d'un point de vue biologique. Pour une variable comme la latitude, une variation de 10 km est réaliste par exemple. Pour les variables pour lesquelles il est difficile de savoir quel intervalle est réaliste, il est possible de calculer la différence inter-tertile (intervalle entre le 3<sup>e</sup> et le 2<sup>e</sup> tertile). Le tableau 18 présente les OR des variables quantitatives calculés pour des intervalles différents de 1. La variable « LSI ZNV » n'est pas présentée car l'intervalle de variation inter-tertile est proche de 1.

Tableau 18 : Odds ratios associés à une variation dont l'étendue est différente de 1.

Variable quantitative (échelle de voisinage)	Intervalle de variation*	OR (IC 90 %)
Latitude (500 m)	10 km	0,29 (0,16 – 0,51)
Ensoleillement moyen (1 km)	0,03	0,76 (0,59 – 0,98)
Latitude (2 km)	10 km	0,23 (0,12 – 0,43)
Ensoleillement moyen (2 km)	0,03	0,67 (0,49 – 0,93)
Nombre d'entités de prairies ouvertes (2 km)	2 entités	1,54 (1,21-1,96)

\*nombre d'unités

Les trois modèles développés pour des tailles de voisinage de 500 m, 1 et 2 km incluent respectivement 3, 6 et 4 variables. Ils incluent tous au moins une variable paysagère. Trois variables sont communes à au moins deux modèles (le type d'élevage, la latitude et l'ensoleillement moyen) et six autres sont incluses dans un seul modèle.

La variable relative au type d'élevage est retenue dans les trois modèles. Les très fortes valeurs d'odds ratios qui lui sont associés et la largeur des intervalles de confiance reflètent le déséquilibre des effectifs concernant cette variable : 1 élevage sur 7 élevages monospécifiques (14 %) est infecté, alors que 45 élevages sur 73 élevages mixtes (62 %) le sont.

Les variables relatives à la latitude et à l'ensoleillement sont retenues dans deux modèles. Les élevages situés le plus au sud (avec une latitude plus petite) et avec un indicateur d'ensoleillement faible sont associés à un risque plus élevé.

Le modèle développé pour un voisinage de 1 km comprend 3 variables paysagères relatives à l'indice de forme de paysage (Landscape Shape index, LSI) pour les classes i) zone non végétalisée, ii) prairie ouverte et iii) maquis, garrigue et forêt. Le LSI traduit la longueur des bordures ou frontières des entités. L'indicateur LSI calculé pour ces classes semble donc être plus important que le pourcentage de la surface occupée par ces mêmes classes.

Les trois autres variables retenues sont relatives à la diversité des entités (Patch richness density, densité de richesse des entités), à la présence de zones arbustives rases et au nombre d'entités de prairies ouvertes (respectivement pour les zones tampons de 500 m, 1 km et 2 km).

Des bordures importantes et un nombre d'entités élevé pour la classe prairie ouverte sont tous deux associés à une augmentation du risque (modèles développés pour un voisinage de 1 et 2 km respectivement).

Aucune variable relative au NDVI ou appartenant aux familles d'indicateurs paysagers relatifs à l'isolement/proximité ou à la connectivité n'a été retenue par les modèles.

Ces résultats sont discutés dans la partie 3.2 de ce chapitre.

### ***2.3. Autocorrélation spatiale des résidus des modèles***

L'autocorrélation spatiale traduit la tendance que des points géographiquement proches présentent des caractéristiques similaires. Or les méthodes de régression logistique ne sont valables que si les deux hypothèses suivantes sont vérifiées : les résidus sont i) indépendamment et ii) identiquement distribués. Si les données sont spatialement autocorrélées et que les variables explicatives incluses dans le modèle ne tiennent pas compte de cette autocorrélation, les résidus seront autocorrélés. Dans ce cas, la mesure de l'association statistique entre les variables explicatives et la variable expliquée risque d'être surestimée.

Afin de tester si l'autocorrélation spatiale des résidus<sup>51</sup> des trois modèles, les variogrammes empiriques et leurs enveloppes issues de simulations de Monte Carlo ont été calculés (logiciel R (R Development Core Team, 2005), extensions geoR et geoRglm (Ribeiro Jr., 2003)). Les variogrammes et leurs enveloppes (valeurs minimales et maximales issues de

---

<sup>51</sup> Un résidu est la différence entre ce qui est observé et ce qui est prédit par le modèle.

99 simulations) à plusieurs échelles et pour les trois modèles sont présentés en annexe 9. Au vu des graphiques, nous avons considéré que les résidus des modèles établis pour les voisinages de 1 et 2 km ne présentaient pas d'autocorrélation spatiale, les résidus de celui établi pour le voisinage de 500 m présentent une légère autocorrélation spatiale (sur une portée d'environ 4 km). Il conviendrait de mieux explorer et tenir compte de cette autocorrélation si ce modèle devait être utilisé à des fins prédictives.

#### 2.4. Validation interne et externe des modèles

Les modèles ont été validés en interne (sur les 80 élevages de l'extrême sud de la Corse ayant servi à construire les modèles) et en externe (sur les élevages ovins de la région d'Ajaccio). Pour évaluer le pouvoir discriminant des modèles, l'aire sous la courbe (AUC : area under curve) ROC (Receiver operating characteristic) a été calculée (logiciel Stata®). Cette approche repose sur les notions de sensibilité et de spécificité (tableau 19) : la sensibilité est la probabilité qu'une prédiction soit positive lorsque l'élevage est réellement infecté, la spécificité étant la probabilité qu'elle soit négative lorsque l'élevage est sain.

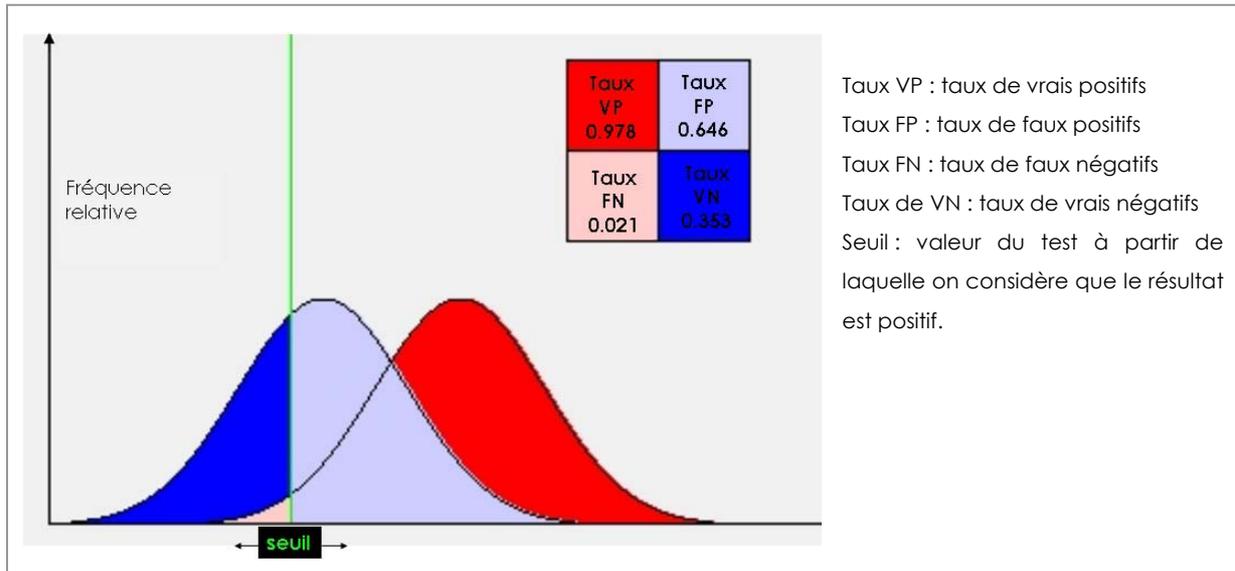
Tableau 19 : Sensibilité et spécificité.

	Infecté	Sain	Total
Prédiction +	VP (vrais positifs)	FP (faux positifs)	Valeur prédictive positive $VPP = VP / (VP+FP)$
Prédiction -	FN (faux négatifs)	VN (vrais négatifs)	Valeur prédictive négative $VPN = VN / (VN+FN)$
	Sensibilité : $Se = VP / (VP+FN)$	Spécificité : $Sp = VN / (VN+FP)$	

En faisant varier le seuil à partir duquel on considère que le résultat du test est positif, on fait varier la sensibilité et la spécificité (figure 35). Cela peut servir à déterminer le seuil correspondant au meilleur compromis entre sensibilité et spécificité, ou, inversement, à connaître les valeurs de sensibilité et spécificité associées à un seuil déjà fixé.

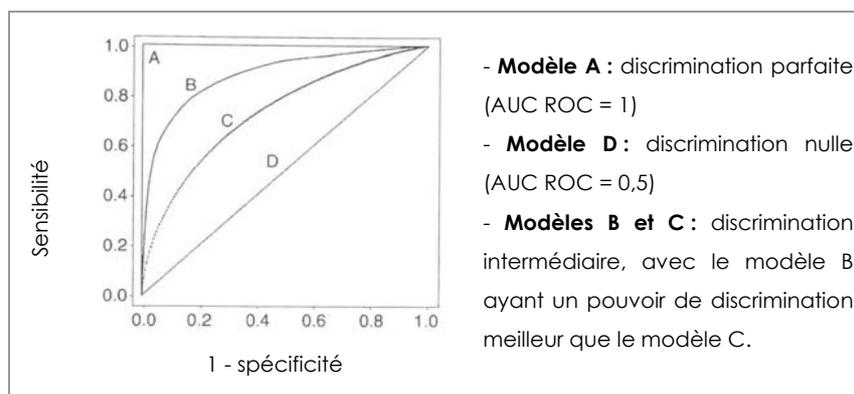
Figure 35 : Variation de la sensibilité et spécificité en fonction du seuil du test.

Source : figure reprise de <http://www.anaesthetist.com/mnm/stats/roc/Findex.htm>



La courbe ROC permet d'évaluer la sensibilité en fonction de (1 – spécificité) de chaque prédiction faite par le modèle (figure 36) en faisant varier le seuil retenu. Plus le modèle aura un pouvoir de discrimination élevé, plus l'aire sous la courbe ROC sera proche de 1. Inversement, un modèle ayant une aire sous la courbe ROC proche de 0,5 a un pouvoir de discrimination nul. La discrimination est peu satisfaisante lorsque l'aire sous la courbe ROC est comprise entre 0,6 et 0,7 ; satisfaisante entre 0,7 et 0,8 ; bonne entre 0,8 et 0,9 et excellente au-delà de 0,9. Les aires sous les courbes ROC des différents modèles ont été comparées à l'aide du logiciel Stata® selon la méthode statistique proposée par DeLong *et al.* (DeLong *et al.*, 1988).

Figure 36 : Courbes ROC. Source : Park *et al.*, 2004, *Korean J. Radiol.*, 5 (1), 11-18.



### 2.4.1. Validation interne

La validation interne (sur les 80 élevages) montre que la capacité de discrimination des modèles est bonne ( $0,8 \leq \text{AUC ROC} < 0,9$  pour 500 m et 2 km) ou excellente ( $0,9 \leq \text{AUC ROC}$  pour 1 km) (tableau 20). Les différences de capacité de discrimination entre les trois modèles ne sont pas significatives.

Les valeurs de sensibilité et de spécificité ont été calculées pour un seuil de 0,5 : c'est-à-dire que les élevages dont la probabilité d'être infecté était prédite supérieure ou égale à 0,5 ont été considérés comme infectés, et ceux dont la probabilité était prédite inférieure à 0,5 ont été considérés comme indemnes. Le modèle établi pour un voisinage de 1 km présente le meilleur compromis entre sensibilité (Se) et spécificité (Sp) :  $\text{Se} = \text{Sp} = 85\%$ . Les sensibilités des deux autres modèles sont légèrement meilleures mais leurs spécificités sont peu satisfaisantes (62 et 68 %).

Tableau 20 : Validation interne des 3 modèles.

Validation interne (n = 80)	Taille de voisinage		
	500 m	1 km	2 km
Aire sous la courbe ROC	0,85	0,90	0,88
(Intervalle de confiance à 95 %)	(0,77-0,93)	(0,83-0,97)	(0,81-0,96)
Sensibilité (seuil : 0,5) (%)	87	85	87
Spécificité (seuil : 0,5) (%)	62	85	68

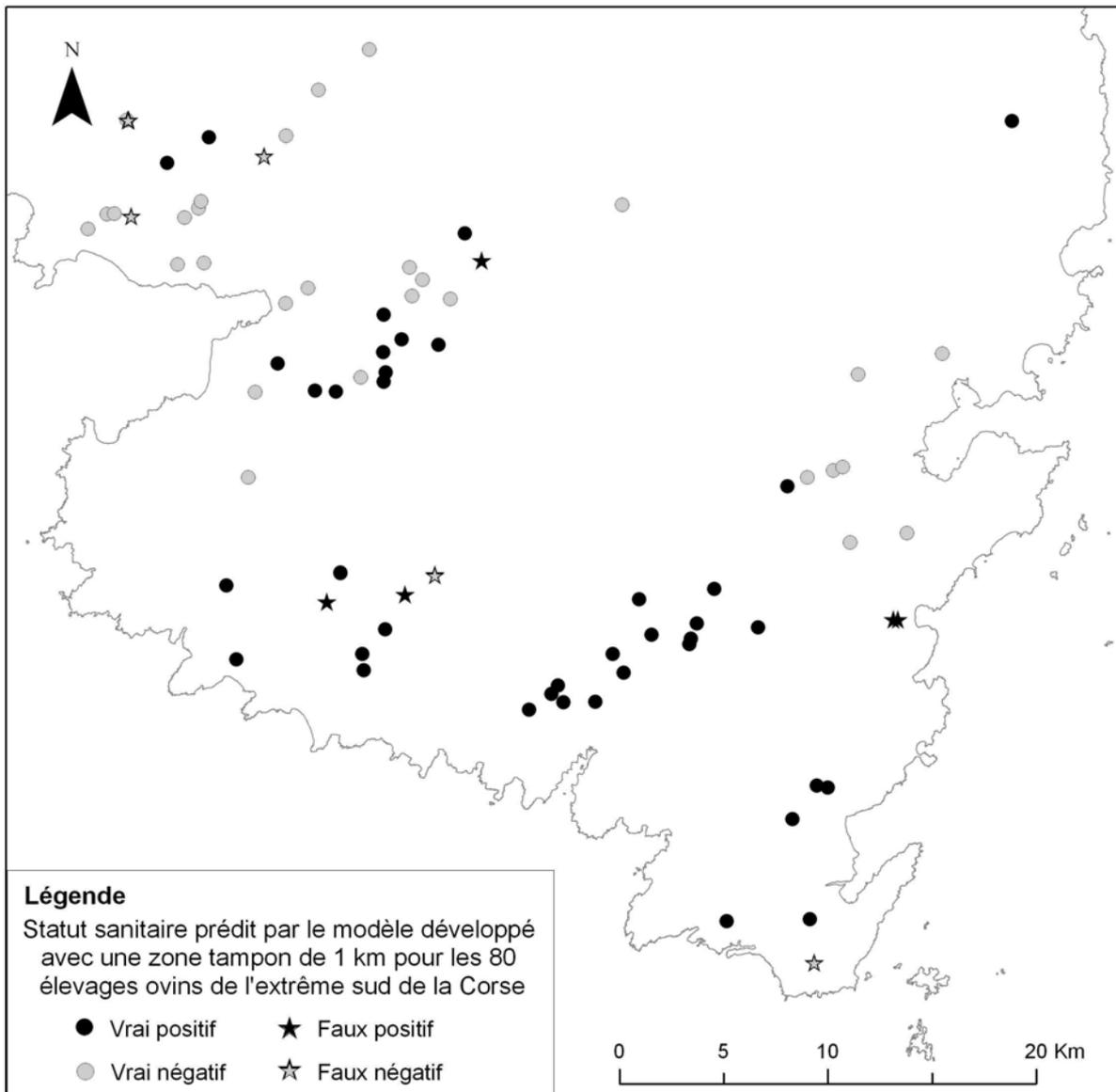
Afin d'établir si le modèle à 1 km présentait les meilleurs résultats du fait de la pertinence des variables incluses ou de l'échelle de voisinage, les trois séries de variables ont été appliquées aux trois échelles de voisinage. Les résultats montrent que le modèle à 1 km combine à la fois les variables les plus pertinentes et l'échelle de voisinage la plus adaptée, même si ces différences ne sont pas statistiquement significatives (*cf.* analyse présentée dans la section valorisations, (article 2)).

La figure 37 présente la répartition des élevages correctement prédits (vrais positifs et vrais négatifs) et ceux pour lesquelles la prédiction est erronée (faux positifs<sup>52</sup> et faux négatifs<sup>53</sup>) en prenant le modèle établi pour un voisinage de 1 km.

<sup>52</sup> Faux positifs : prédits positifs alors que l'élevage est indemne.

<sup>53</sup> Faux négatifs : prédits négatifs alors que l'élevage est infecté.

Figure 37 : Statut prédit et réel des élevages de l'extrême sud de la Corse.



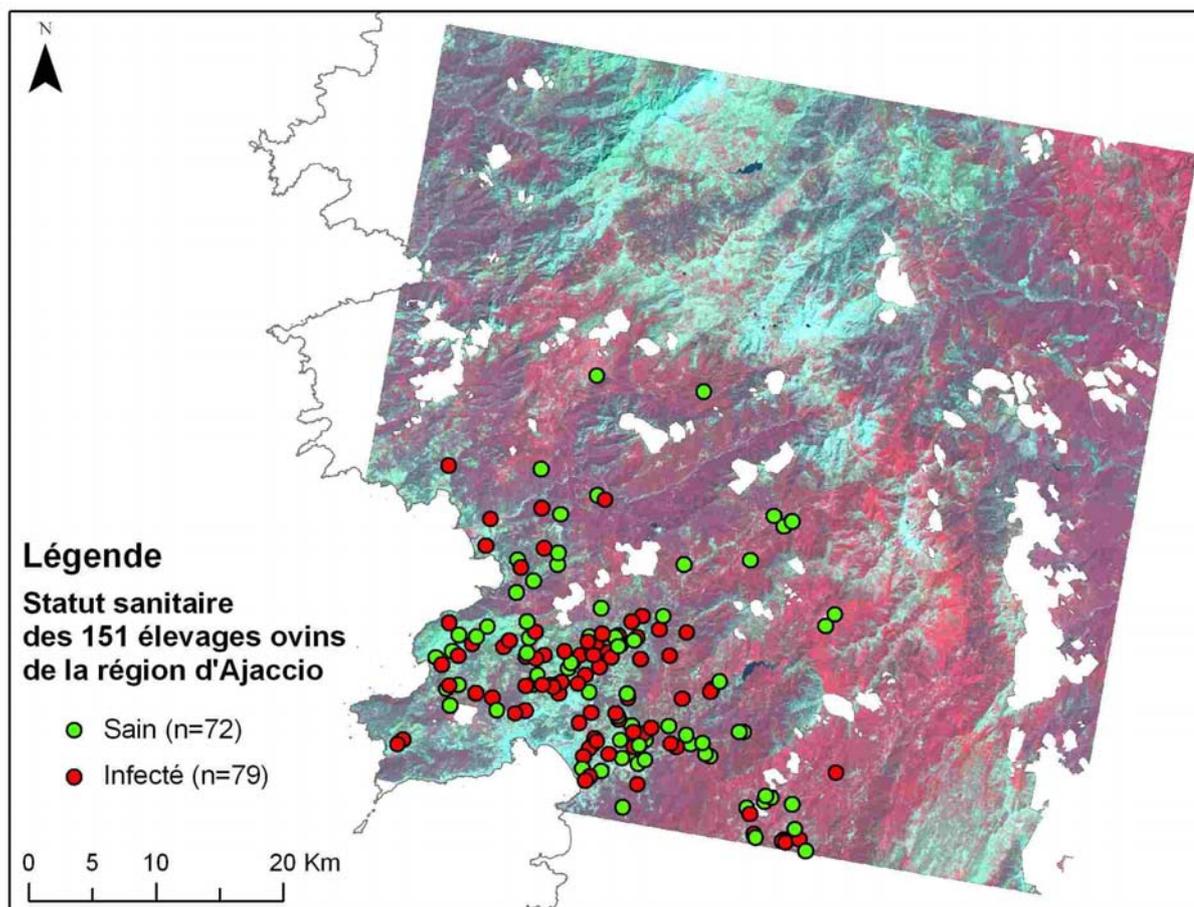
Tous les élevages prédits positifs sont représentés en noir, ceux prédits négatifs en gris ; dans les deux cas, un rond signifie une bonne prédiction, une étoile une prédiction erronée.

#### 2.4.2. Validation externe dans la région d'Ajaccio

##### 2.4.2.1. Données épidémiologiques pour la zone d'Ajaccio

Pour valider les modèles en externe, les variables environnementales retenues dans les modèles ont été extraites au voisinage d'élevages ovins situés dans la région d'Ajaccio. Le statut officiel des élevages est présenté dans la figure 38.

Figure 38 : Répartition des élevages de la région d'Ajaccio.



Données SPOT/Programme ISIS, © CNES (2002), distribution Spot Image S.A.

Lorsque au moins 25 % de la zone tampon autour des élevages étaient situés en dehors de la zone d'étude d'Ajaccio, les élevages étaient éliminés. Ainsi le nombre d'élevages de la région d'Ajaccio retenus pour la validation externe varie selon la taille de la zone tampon : 151 élevages pour un voisinage de 500 m, 134 pour 1 km et 130 pour de 2 km.

#### 2.4.2.2. Résultats de la validation externe dans la région d'Ajaccio

Les prédictions issues de l'application des modèles à ces données ont ensuite été comparées avec le statut officiel des élevages (tableau 21).

Tableau 21 : Validation externe des 3 modèles dans la région d'Ajaccio.

Validation externe (région d'Ajaccio)	Taille de voisinage		
	500 m	1 km	2 km
Nombre d'élevages	151	134	130
Aire sous la courbe ROC (Intervalle de confiance à 95 %)	0,73 (0,65-0,81)	0,81 (0,74-0,88)	0,77 (0,69-0,85)
Sensibilité (seuil : 0,5) (%)	0	47	3
Spécificité (seuil : 0,5) (%)	100	92	100

La capacité de discrimination (AUC ROC) est satisfaisante pour les modèles établis avec des voisinages de 500 m et de 2 km, et bonne pour celui établi avec un voisinage de 1 km. Comme précédemment, ces différences ne sont pas significatives.

En termes de sensibilité et spécificité, calculées avec un seuil de 0,5, aucun des modèles n'est acceptable.

Ces deux résultats montrent un pouvoir discriminant (AUC ROC) satisfaisant mais une incapacité à prédire le statut des élevages de façon absolue : la probabilité de risque prédite ne permet pas de discriminer les élevages infectés et indemnes en se basant sur un seuil de 0,5. En effet, avec ce seuil, aucun élevage n'est prédit infecté pour le modèle à 500 m, et 2 élevages seulement le sont pour celui à 2 km. La variable latitude, associée au risque dans ces deux modèles (contrairement au modèle à 1 km), pourrait expliquer ces mauvaises prédictions. En effet, la latitude présente des valeurs plus faibles pour la zone d'Ajaccio puisque cette dernière est située au nord de la principale zone d'étude. Cette hypothèse est testée dans la partie 2.5.2.

Comme ces modèles ont un pouvoir discriminant satisfaisant, on peut les appliquer dans de nouvelles zones à des fins de prédictions, non pas quantitatives, mais qualitatives : ils peuvent en effet servir à identifier les « x % » d'élevages les plus à risque dans une zone donnée.

Si un seuil de 0,5 ne permet pas de prédire le statut des élevages dans une nouvelle zone, on peut déterminer, grâce aux analyses ROC, le seuil optimal (correspondant au meilleur compromis entre sensibilité et spécificité) dans une zone comme Ajaccio, où l'on connaît le statut de certains élevages. Dans cette zone, le risque pourra alors être apprécié de façon quantitative en de nouveaux points de la région (par exemple pour un élevage nouvellement

installé). Dans une nouvelle zone géographique (où le statut des élevages n'est pas connu), cela ne peut pas être appliqué car le seuil optimal pour la zone ne peut pas être déterminé.

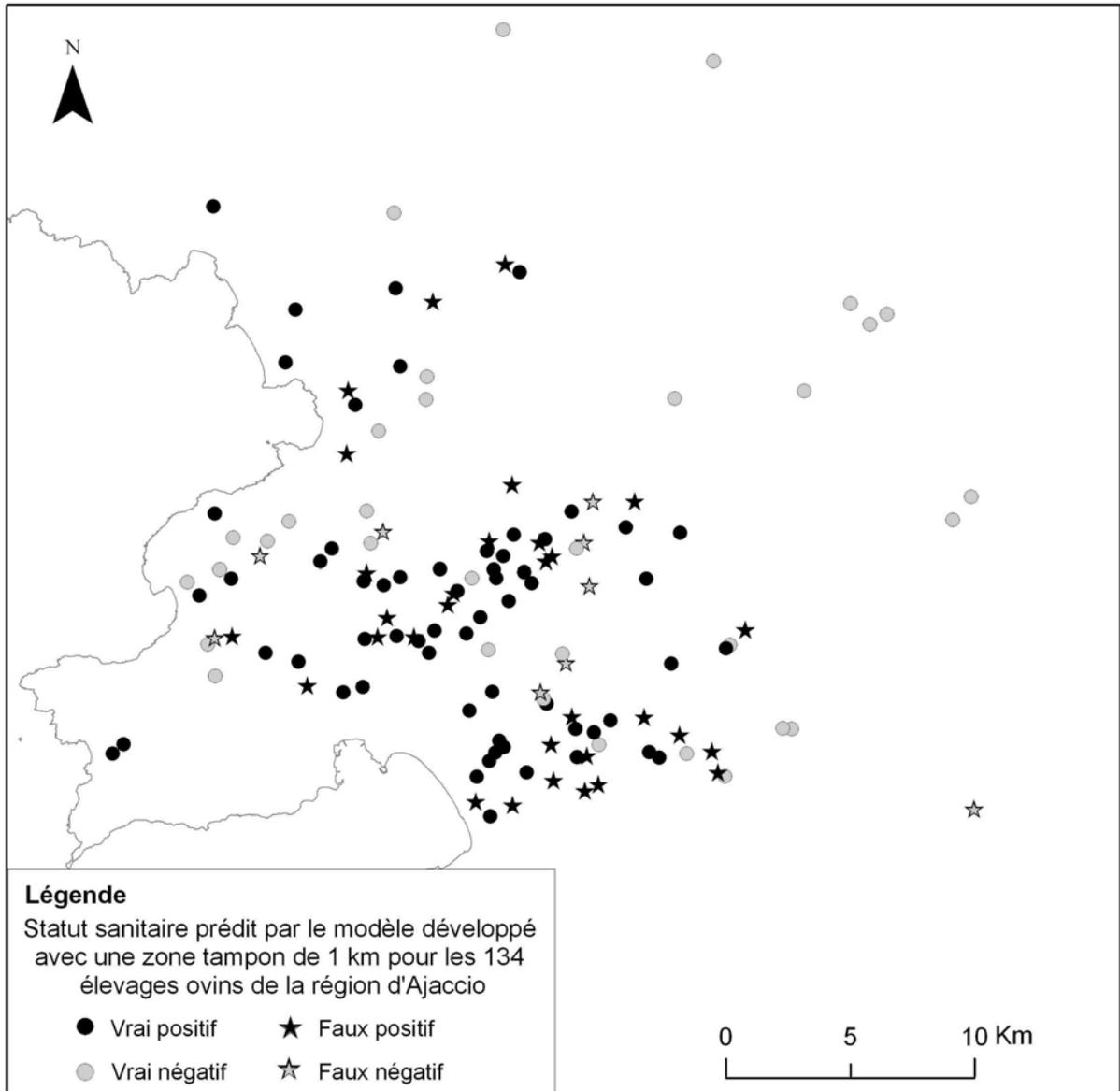
Le seuil optimal se définit en fonction des situations épidémiologiques. S'il est plus important de ne pas « passer à côté » d'élevages à risque (réduire le nombre de faux négatifs), il faut choisir un seuil permettant d'obtenir une sensibilité élevée. Au contraire, s'il est plus important de limiter les coûts de la surveillance en réduisant le nombre de faux positifs, le seuil choisi devra favoriser la spécificité. Un autre critère pour choisir le seuil peut être le nombre d'individus bien classés (sans prendre en compte les valeurs de sensibilité et de spécificité). Enfin il est aussi possible de combiner différents critères (par exemple : la meilleure sensibilité possible sans que la spécificité soit inférieure à x). À titre illustratif, un seuil optimal pour chaque modèle a été choisi pour la région d'Ajaccio en imposant au moins 70 % d'individus bien classés et en favorisant la sensibilité. Les résultats (seuils, sensibilités et spécificités associées) sont présentés dans le tableau 22. Le modèle établi pour un voisinage de 1 km présente la meilleure sensibilité (87 %) lorsque ces critères de choix du seuil sont appliqués.

Tableau 22 : Seuil optimal issu de l'analyse ROC pour la région d'Ajaccio.

Validation externe (région d'Ajaccio)	Taille de voisinage		
	500 m	1 km	2 km
Nombre d'élevages	151	134	130
Seuil	0,0018	0,045	0,00031
Pourcentage d'individus bien classés	70	70	70
Sensibilité (%)	51	87	79
Spécificité (%)	92	52	60

En utilisant un seuil de 0,045, la répartition des élevages d'Ajaccio correctement prédits (vrais positifs et vrais négatifs) par le modèle développé pour un voisinage de 1 km et ceux pour lesquelles la prédiction est erronée (faux positifs et faux négatifs) sont présentés dans la figure 39.

Figure 39 : Statut prédit et réel des élevages de la région d'Ajaccio.



Les élevages prédits positifs sont représentés en noir, ceux prédits négatifs en gris ; dans les deux cas, un rond signifie une bonne prédiction, une étoile une prédiction erronée.

### 2.5. Analyses complémentaires

Trois analyses complémentaires ont été réalisées pour répondre à certaines questions soulevées par les résultats. La première analyse visait à tester l'influence du découpage en groupes lors de la première phase de l'analyse multivariée. Les résultats de cette analyse, présentés à la fin de l'annexe 9, montrent que la modification de ce découpage n'a que très peu d'effets sur les modèles finaux. La deuxième analyse visait à tester la pertinence de l'inclusion de variables paysagères dans les modèles (partie 2.5.1). Enfin, la dernière analyse

visait à tester l'effet de l'inclusion ou non des coordonnées géographiques dans les modèles (partie 2.5.2).

### 2.5.1. Comparaison des modèles avec et sans variables paysagères

Comme il s'agit de la première étude à haute résolution spatiale sur les indicateurs paysagers influençant la survenue de foyer de FCO, il était important d'évaluer leur pertinence. Afin de tester l'apport de l'inclusion de variables paysagères dans les modèles, de nouveaux modèles sans variable paysagère ont donc été construits aux trois échelles de voisinage, en utilisant la même méthode. Pour comparer les modèles avec et sans variables paysagères, le critère d'Akaike corrigé (cAIC), mesurant la qualité de l'ajustement (proximité des prédictions avec la réalité) tout en prenant en compte sa parcimonie, a été choisi car les modèles ne présentaient pas le même nombre de variables. Les modèles incluant les variables paysagères présentent un meilleur critère d'Akaike (ayant une valeur plus petite) aux trois échelles de voisinage (tableau 23) (pour le détail de l'analyse, se référer à l'article publié dans *Veterinaria Italiana*, présentés dans la section valorisations (article 2).

Tableau 23 : Comparaison des modèles avec et sans variables paysagères.

Types de variables	Taille de voisinage					
	500 m		1 km		2 km	
	Sans variables paysagères	Avec variables paysagères	Sans variables paysagères	Avec variables paysagères	Sans variables paysagères	Avec variables paysagères
Caract. des élevages	Mixité	Mixité	Mixité	Mixité	Mixité	Mixité
	Latitude	Latitude	Latitude		Latitude	Latitude
Altimétrie			Ensoleillement moyen	Ensoleillement moyen	Ensoleillement moyen	Ensoleillement moyen
					Altitude	
Occupation du sol	Pourcentage de prairie arborée		Présence végétation arbustive rase	Présence végétation arbustive rase		
	Pourcentage de prairie ouverte					
Paysage		Patch Richness Density		LSI de zone non végétalisée		Nb. d'entités de prairie ouverte
				LSI de prairie ouverte		
				LSI de maquis, garrigue et forêt		
cAIC	90.4	89.5	89.8	85.1	90.6	82.9

\*Caract. : caractéristiques ; Nb. : Nombre ; cAIC : critère d'Akaike corrigé (plus cAIC est petit, meilleur est le modèle)

### 2.5.2. Comparaison des modèles avec et sans les coordonnées géographiques

Pour tester l'effet de l'inclusion ou non des coordonnées géographiques, des modèles ont été construits selon la même méthode (à partir des 80 élevages de l'extrême sud de la Corse), sans inclure les coordonnées géographiques (sans la variable latitude) pour les modèles basés sur les voisinages de 500 m et de 2 km (tableau 24) et, par souci de comparaison, en forçant la variable latitude dans le modèle basé sur le voisinage de 1 km (initialement ce modèle n'incluait pas la variable latitude) (tableau 25).

Tableau 24 : Comparaison des modèles avec et sans (en éliminant) la variable latitude, établis avec les voisinage de 500 m et 2 km.

Voisinage de 500 m		Voisinage de 2 km	
Avec la latitude *	Sans la latitude	Avec la latitude *	Sans la latitude
Latitude	Pourcentage de prairie arborée (Tert.)	Latitude	Patch density (Tert.)
Mixité	Mixité	Mixité	Mixité
Patch Richness Density (Tert.)	LSI de zone non végétalisée (Cont.)	Nombre d'entités de prairie ouverte (Cont.)	Nombre d'entités de prairie ouverte (Cont.)
	LSI de prairies ouvertes (Tert.)	Ensoleillement moyen (Cont.)	LSI de zone non végétalisée (Cont.)
			Nombre d'entités de zone non végétalisée (Tert.)

\* Modèles établis en première intention

(Tert.) : variable codée en tertiles ; (Cont.) : variable codée en continue

Cellules grisées : variables communes aux deux modèles

Tableau 25 : Modèles établi avec (en forçant) et sans la variable latitude établis pour le voisinage de 1 km.

Voisinage de 1 km	
Avec la latitude **	Sans la latitude *
Latitude	Présence végétation arbustive rase
Mixité	Mixité
LSI de zone non végétalisée (Cont.)	LSI de zone non végétalisée (Cont.)
LSI de prairie ouverte (Tert.)	LSI de prairie ouverte (Tert.)
Nombre d'entités de prairie ouverte (Cont.)	LSI de maquis, garrigue et forêt (Tert.)
	Ensoleillement moyen (continu)

\* Modèles établis en première intention

\*\* Modèle obtenu en forçant la variable latitude

(Tert.) : variable codée en tertiles ; (Cont.) : variable codée en continue

Cellules grisées : variables communes aux deux modèles

Pour le modèle établi avec un voisinage de 500 m, seule la variable « mixité » reste commune aux modèles avec et sans les coordonnées géographiques. Pour le modèle établi avec un voisinage de 2 km, les variables « mixité » et « nombre d'entités de prairies ouvertes » sont incluses dans les deux modèles. Enfin, pour celui établi avec un voisinage de

1 km, trois variables sont communes : la mixité, l'indice LSI des zones non végétalisées et l'indice LSI des prairies ouvertes. Le retrait de la variable « latitude » entraîne donc de fortes modifications des modèles.

Les résultats de validation interne et externe des modèles avec et sans les coordonnées géographiques sont présentés dans les tableaux 26 et 27. Cela permet de tester si les mauvais résultats de validation externe en terme de sensibilité et spécificité (au seuil 0,5) sont liés ou non à l'inclusion de la variable latitude dans les modèles.

Tableau 26 : Validation interne des 3 modèles avec et sans les coordonnées géographiques.

Validation interne (n=80)	Taille de voisinage					
	500 m		1 km		2 km	
	Avec Y*	Sans Y	Avec Y	Sans Y*	Avec Y*	Sans Y
AUC ROC	0,85	0,84	0,88	0,90	0,88	0,88
(IC 95 %)	(0,77-0,93)	(0,74-0,91)	(0,80-0,95)	(0,83-0,97)	(0,81-0,96)	(0,78-0,94)
Sensibilité (seuil : 0,5) (%)	87	89	78	85	87	89
Spécificité (seuil : 0,5) (%)	62	68	82	85	68	76

\* Modèles établis en première intention

Y : latitude ; AUC : aire sous la courbe ; IC 95 % : intervalle de confiance à 95 %

Les résultats de validation interne des modèles avec et sans les coordonnées géographiques sont globalement similaires. Les pouvoirs discriminants des modèles (AUC ROC) sont très légèrement inférieurs pour les modèles modifiés (avec la latitude pour les voisinages de 500 m et 2 km et sans la latitude pour 1 km), mais ces différences ne sont pas statistiquement significatives. Les valeurs de sensibilité et spécificité sont légèrement meilleures pour les modèles établis pour les voisinages de 500 m et 2 km, et moins bonnes pour celui établi pour un voisinage de 1 km, mais là aussi les différences ne sont pas significatives.

Tableau 27 : Validation externe des 3 modèles avec et sans les coordonnées géographiques dans la région d'Ajaccio.

Validation externe (région d'Ajaccio)	Taille de voisinage					
	500 m		1 km		2 km	
	Avec Y*	Sans Y	Avec Y	Sans Y*	Avec Y*	Sans Y
Nombre d'élevages	151	151	134	134	130	130
AUC ROC (IC 95 %)	0,73 (0,65-0,81)	0,72 (0,63-0,80)	0,79 (0,72-0,87)	0,81 (0,74-0,88)	0,77 (0,69-0,85)	0,79 (0,72-0,87)
Sensibilité (seuil : 0,5) (%)	0	32	17	47	3	47
Spécificité (seuil : 0,5) (%)	100	94	100	92	100	87

\* Modèles établis en première intention

Y : latitude ; AUC : aire sous la courbe ; IC 95 % : intervalle de confiance à 95 %

Les résultats de validation externe des modèles avec et sans les coordonnées géographiques sont également très proches en terme de pouvoir discriminant (aucune différence significative). Les valeurs de sensibilité et de spécificité pour les modèles sans la latitude sont meilleures que celles des modèles comportant la latitude, mais restent toutefois non satisfaisants. L'amélioration apportée lors de l'élimination de la variable latitude confirme l'hypothèse que l'inclusion de cette variable dans les modèles les rend difficilement exportables sur de nouveaux terrains. Cependant, éliminer cette variable ne permet pas d'obtenir des modèles utilisables à des fins de prédiction.

Ainsi, les modèles issus de l'approche maladie, qu'ils comportent ou non la variable latitude, présentent un pouvoir discriminant satisfaisant, mais ne peuvent être utilisés à des fins prédictives que de façon qualitative et non quantitative.

### 3. Discussion

Les données épidémiologiques sont discutées dans la partie 3.1<sup>54</sup>, les résultats dans la partie 3.2 et les analyses complémentaires dans la partie 3.3.

<sup>54</sup> La discussion sur les données environnementales étant commune aux approches maladie et vecteur, elle est détaillée dans la discussion générale présentée au chapitre 9.

### **3.1. Discussion sur les données épidémiologiques**

#### **3.1.1. Mesure de la maladie**

Comme exposé précédemment (chapitre 4, partie 3.1.), le recueil des données épidémiologique est souvent plus facile, surtout s'il s'agit d'une maladie à déclaration obligatoire comme la FCO, que le recueil de données entomologiques (du fait de l'abondance, la petite taille, la variété, la ressemblance et les incertitudes taxonomiques des espèces de *Culicoides*). En revanche, l'expression de la maladie implique, dans le cas de la FCO, la transmission du virus aux hôtes sensibles par les vecteurs. Si les hôtes sont vaccinés, ou si le virus n'a pas été introduit, la maladie sera absente même si l'environnement est favorable. Ainsi, en Corse il y a certainement des élevages qui, bien qu'étant présents dans un environnement potentiellement « à risque », sont restés indemnes du fait de la vaccination.

Le choix de la déclaration officielle de foyer comme mesure de l'état sanitaire des élevages se justifie par i) son accès facile (*cf.* paragraphe précédent), ii) sa fiabilité et iii) sa meilleure pertinence que les mesures sérologiques. Cette mesure peut être considérée comme fiable pour trois raisons : i) tout d'abord la méthode RT-PCR peut-être considérée comme le test de référence (Biteau-Coroller *et al.*, 2006), ii) ensuite les éleveurs sont très fortement encouragés à déclarer les suspicions cliniques, iii) enfin en choisissant de travailler uniquement sur les élevages ovins, on limite un peu (mais pas complètement) les cas de circulation virale asymptomatique. On peut ainsi estimer que la valeur prédictive positive (probabilité que la maladie soit présente si le test est positif, soit ici la probabilité que l'élevage soit infecté si le foyer est déclaré, *cf.* tableau 19) est très élevée. La valeur prédictive négative (probabilité que la maladie soit absente si le test est négatif, soit ici probabilité que l'élevage soit indemne en l'absence de foyer) est sans doute un peu moins élevée du fait de la présence de faux négatifs. En effet, il pourrait y avoir des élevages peu touchés par la maladie où les animaux malades ou infectés mais asymptomatiques n'ont pas été identifiés.

Enfin, le choix de cette mesure comme indicateur du statut sanitaire est plus intéressant qu'une analyse sérologique. Tout d'abord, chez les ovins, un indicateur basée sur des résultats sérologiques n'aurait été possible qu'en se limitant aux données de 2000 (d'où un nombre limité d'individus), puisque dès l'hiver 2000 – 2001, certains troupeaux ovins ont été vaccinés et que, actuellement, un animal vacciné ne peut pas être distingué d'un animal infecté par sérologie. D'autre part, chez les bovins, les données sérologiques n'étaient pas exploitables car elles n'étaient pas représentatives, l'échantillonnage basé sur le volontariat des éleveurs n'était pas représentatif. Or, on peut penser que la décision des éleveurs de tester leurs bovins a pu être influencée par la présence de cas cliniques chez les ovins (pour les éleveurs ayant à

la fois des bovins et des ovins) ou dans le voisinage. De plus, au sein même des troupeaux prélevés, tous les animaux n'ont pas été testés, et la proportion d'animaux testée est le plus souvent inconnue ou alors très variable. Or, plus on teste d'animaux, plus la probabilité de trouver des séropositifs est grande. Par ailleurs, comme on ne peut être certain du statut indemne d'un élevage que si tous les animaux ont été testés, il aurait été impossible de définir quels troupeaux bovins étaient indemnes.

Prendre en compte les foyers ovins survenus sur une période de quatre années (2000 - 2003) diminue le biais lié à la vaccination (le fait que certains élevages soient restés indemnes du fait de la vaccination) puisque durant cette période deux vagues de circulation virale de sérotypes différents (les sérotypes 2 et 4) ont frappé l'île, et que à chaque fois, conformément à la législation européenne, la vaccination n'a pas été mise en place avant l'arrivée du sérotype viral (les campagnes de vaccination ont eu lieu au cours des campagnes de prophylaxie hivernales suivant la saison de circulation virale). Néanmoins, il existe très probablement des élevages restés indemnes du fait de la vaccination. Mais ce biais de mesure existe également pour les autres indicateurs de l'état sanitaire des élevages, notamment les analyses sérologiques. Par ailleurs, travailler sur une période de quatre années, par rapport au fait de travailler uniquement sur les foyers liés au sérotype 2 (responsable de foyers en 2000 et 2001), permet d'augmenter les chances d'identifier des sites à risque éloignés du site d'introduction originel de la maladie (puisque en quatre ans, le vecteur a pu s'installer dans de nouveaux gîtes sur l'ensemble de l'île et que les sérotypes ont pu circuler et diffuser plus largement).

### *3.1.2. Échantillonnage et localisation des élevages*

Le recensement des troupeaux de Corse du Sud a été réalisé par un des agents des services vétérinaires de Corse du Sud en 2001. Il n'a pas pu être comparé à une liste officielle exhaustive car les archives des bases de données de la direction départementale des services vétérinaires (DDSV) ne sont pas disponibles et que les données sont consultables uniquement à l'échelle de la commune. La comparaison est aussi rendue difficile par le fait que ce sont les bergeries qui avaient été pointées, et non les élevages tels qu'ils sont identifiés par les services vétérinaires (identification avec un numéro d'élevage, *cf.* partie 1.3. de ce chapitre). Néanmoins, même si le recensement effectué n'est vraisemblablement pas exhaustif, le nombre de troupeaux ovins (203 sur les 404 troupeaux pointés) est du même ordre de grandeur que le chiffre d'exploitations ovines et caprines professionnelles de Corse du Sud (220) annoncé par le Ministère de l'Agriculture et de la Pêche pour l'année 2005 (MAP,

2006a). On peut aussi regretter que les changements (cessations, nouveaux éleveurs...) intervenus depuis 2001 n'aient pas été pris en compte. L'information obtenue reste néanmoins très précieuse et n'est pas répertoriée ailleurs (seule la distribution des élevages à l'échelle de la commune est connue par les DDSV). *A priori*, choisir les élevages sous la responsabilité d'un agent des services vétérinaires ne constitue pas en soi un biais important, puisque un grand nombre d'élevages ont été recensés, sans prendre en compte leur statut sanitaire (cette information étant issue d'une synthèse de données officielles de la DDSV réalisée en 2004).

Les élevages ont été localisés au niveau des bergeries. La localisation idéale des élevages infectés serait le lieu d'exposition pendant la période à risque. Cela impliquerait de disposer du parcellaire agricole afin connaître les pâturages précis occupés, ainsi que les modalités de conduite d'élevage, notamment si les animaux étaient rentrés la nuit à la bergerie ou non. Ces données ne sont pas disponibles et leur obtention représenterait une charge de travail très importante et raisonnablement envisageable que pour une zone limitée. Néanmoins, dans le cas de la FCO, ce biais de localisation potentiel est réduit par le fait que les ovins sont souvent rentrés le soir à la bergerie (notamment pour la traite), et qu'ils passent ainsi la soirée et la nuit, période d'activité des *Culicoides*, au voisinage des bergeries.

### 3.1.3. Données sur les caractéristiques des élevages

Plusieurs informations auraient pu utilement compléter cette étude : les effectifs des élevages, et leur pratique éventuelle de la transhumance.

Les effectifs des élevages n'ont pas pu être recueillis de façon rétrospective pour tous les troupeaux et n'ont donc pas été inclus dans l'analyse (trop de données manquantes). Ceci pourrait constituer un biais puisque le risque d'avoir au moins un animal malade augmente avec la taille du troupeau. Néanmoins, ce biais pourrait être moins important que supposé puisque pour 85 élevages de la région d'Ajaccio pour lesquels la taille des troupeaux était connue, aucun lien statistiquement significatif avec la survenue de foyer n'a été mis en évidence ( $p = 0,37$ ).

L'absence de données relatives à la pratique de la transhumance pourrait biaiser l'étude puisque des voisinages d'élevages indemnes pourraient être favorables à la FCO sans déclaration de foyers à cause de l'absence des animaux pendant la saison de transmission de la FCO. En effet, en transhumance, les animaux ont sans doute moins de chance d'être infectés car les conditions en altitude sont moins favorables aux *Culicoides* (qui ne seraient que rarement retrouvés au delà de 900 mètres d'altitude dans le bassin méditerranéen).

Intégrer cette information n'a pas été possible car il aurait fallu comparer les dates et les lieux de transhumance aux périodes de circulation virale afin de réellement savoir si les animaux avaient été exposés ou non ; et ces informations ne pouvaient pas être obtenues de façon fiable de façon rétrospective.

Ces informations sur la localisation précise des animaux (pâturages, conduite d'élevage et transhumance) seraient néanmoins intéressantes à recueillir lors d'études futures afin d'identifier précisément les zones où les animaux sont exposés au virus.

### **3.2. Discussion sur les résultats obtenus**

#### **3.2.1. Variété des variables sélectionnées**

Les modèles obtenus aux trois échelles de voisinage, bien que présentant des points communs tels que l'inclusion de la variable mixité, ne permettent pas de dégager une seule catégorie de variable associée au risque. En effet, des variables liées aux caractéristiques des élevages, à l'altimétrie, à l'occupation du sol et au paysage sont incluses dans les différents modèles. De même, il n'y a pas une seule classe de végétation qui ressorte aux trois échelles de voisinage (que ce soit en termes de pourcentage de surface d'occupation du sol, de nombre d'entités ou de longueurs des bordures).

La variété des modèles pourrait résulter de plusieurs phénomènes. Tout d'abord, la démarche menée ici est de type exploratoire et il n'y a pas dans la littérature d'hypothèse forte associant *C. imicola* avec un type de végétation ou de milieu bien précis. Ainsi, cette variété pourrait refléter la complexité et/ou une certaine plasticité de la bio-écologie de *C. imicola*. Sa large répartition mondiale (*cf.* chapitre 3 partie 3) et son installation pérenne dans des nouveaux écosystèmes méditerranéens soutiennent cette hypothèse. Pour autant, la répartition spatiale de vecteur est localement très hétérogène (observations de terrain personnelles, illustrées dans le chapitre suivant), attestant que ce vecteur ne s'établit pas dans tous types de milieux.

D'autre part, du fait de l'absence d'hypothèse *a priori* sur les milieux favorables au vecteur, i) un grand nombre de variables caractérisant l'environnement (46) ont été testées, ii) et la construction (méthode pas à pas ascendante) ainsi que le choix des modèles ont été basés sur des critères uniquement statistiques. Ces choix méthodologiques appliqués à un faible nombre d'élevages contribue sans doute aussi à la diversité des modèles obtenus.

Enfin, une plus grande homogénéité entre les modèles aurait pu être obtenue si un éventail plus large de milieux avait été testé. En effet, seuls les milieux au voisinage des élevages ont

été comparés. Or les élevages n'étaient pas présents dans tous types de milieux. Par exemple, aucun élevage n'était situé au delà de 800 mètres d'altitude, expliquant sans doute pourquoi cette variable, pourtant identifiée comme influant sur la répartition du vecteur (*cf.* chapitre 3, partie 3.5.1.1), n'a pas été identifiée par les modèles.

### 3.2.2. Importance des variables paysagères

Les résultats montrent que les indicateurs paysagers sont pertinents pour décrire l'environnement favorable à la survenue de FCO aux trois échelles de voisinage. Dans la plupart des études portant sur la caractérisation de conditions environnementales favorables à une maladie ou un vecteur, l'occupation du sol est pris en compte *via* le type majoritaire ou le pourcentage de surface occupée par chaque type, variables facilement extraites dans des SIG (*cf.* chapitre 1, partie 2.4). Malgré la disponibilité de logiciels gratuits et simples permettant d'extraire des indices plus divers et plus complets comme Fragstats, les indicateurs relatifs à la longueur des frontières, à la diversité du milieu ou à la connectivité sont encore rarement pris en compte. Ils ont pourtant montré leur utilité pour caractériser certains aspects de l'écologie de la transmission de pathogènes, notamment dans le cas de la maladie de Lyme (Estrada-Pena, 2002). Ces résultats montrent aussi que ce type d'approche peut être mis en œuvre même lorsque la bio-écologie du vecteur est mal connue.

### 3.2.3. Echelles de voisinage

Comme la distance de dispersion par vol actif de *C. imicola* n'est pas connue précisément, trois échelles de voisinage (trois tailles de zones tampons) ont été testées. Les résultats montrent que l'environnement influe sur la survenue de FCO aux trois échelles. Il serait intéressant de tester des voisinages plus grands (en prenant une taille de zone tampon supérieure à 2 km) afin de voir sur quelle distance l'environnement exerce une influence sur la survenue de FCO.

### 3.2.4. Variables sélectionnées dans le modèle à 1 km

Comme le modèle à 1 km présente la plus forte capacité de discrimination, la suite de la discussion porte sur les variables retenues dans ce modèle.

#### 3.2.4.1. Mixité

La mixité des élevages apparaît comme un facteur de risque pour les trois échelles de voisinage. Ce résultat va à l'encontre de l'hypothèse que les bovins, en attirant plus les

*Culicoides* que les ovins, pourraient avoir un rôle protecteur vis-à-vis de ces derniers (Du Toit, 1962 ; Luedke & Anakwenze, 1972). Les résultats obtenus ici sont néanmoins à interpréter avec précaution étant donné le déséquilibre des effectifs et la largeur des intervalles de confiance associés aux l'odds ratios qui en résulte. Ces résultats devront ainsi être confirmés afin de savoir si les bovins et caprins, réservoirs du virus de la FCO (Du Toit, 1962 ; Luedke & Anakwenze, 1972) ont un rôle plus important dans l'épidémiologie de la maladie en tant que réservoir ou en tant que hôte nourricier.

#### 3.2.4.2. Latitude et présence de zones arbustives rases

La latitude apparaît comme une des variables clefs dans les modèles à 500 m et à 2 km. Même si la variable latitude n'a pas été directement sélectionnée dans le modèle à 1 km, l'effet de cette variable pourrait être indirectement pris en compte au travers de la variable « présence de zone arbustive rase ». En effet, cette dernière est corrélée à la latitude (coefficient de corrélation = -0,6), ce type de végétation étant essentiellement distribué dans l'extrême sud de l'île.

L'effet de la latitude pourrait refléter un effet distance à un point source, la Sardaigne. En effet, les réseaux de surveillance italiens et français ont montré que les sérotypes 2 (en 2000) et 4 (en 2003) avaient circulé en Sardaigne quelques mois avant d'être détectés en Corse (cf. chapitre 2, partie 2.3.3.1) (Gerbier *et al.*, 2006). L'interdiction d'importer des ruminants en provenance de zones infectées par la FCO ayant été mise en place deux mois avant la survenue du premier foyer en Corse, le risque d'introduction d'animaux virémiques peut être considéré comme mineur (Gerbier *et al.*, 2007 (accepted)). Ainsi la chronologie des événements soutient l'hypothèse d'une invasion régulière de moucheron infectés depuis la Sardaigne vers la Corse. Cette hypothèse est plausible du point de vue de la bio-écologie de *C. imicola* puisque ce dernier peut être transporté par les vents sur de longues distances (Braverman & Chechik, 1996 ; Sellers *et al.*, 1978 ; Sellers *et al.*, 1979) et que seuls 12 km séparent les deux îles. De plus, l'analyse des vents a montré des conditions favorables permettant le transport de *Culicoides* étaient réunies au moment de l'introduction du sérotype 4 en Corse en 2003 (Gerbier *et al.*, 2007 (accepted)).

#### 3.2.4.3. Indicateur d'ensoleillement

Il peut paraître surprenant que l'indicateur d'ensoleillement moyen soit négativement associé au risque de survenue de FCO étant donné que *C. imicola* est un vecteur exotique dont la limite nord en Europe est associée à la température (Purse *et al.*, 2005). Comme cet

indicateur a été estimé pour un après midi d'été (*cf.* chapitre 5, partie 2.1.2.1), les conditions de température minimales requises pour *C. imicola* étaient vraisemblablement atteintes (la température moyenne en juin en Corse du Sud est de 19 °C). Une hypothèse expliquant cette association pourrait être que l'indicateur d'ensoleillement pourrait refléter les conditions d'humidité, qui, en été, pourraient constituer un facteur limitant.

#### 3.2.4.4. Importance de la longueur des frontières

Des longueurs importantes de frontières (LSI) pour les classes « maquis, garrigue et forêt », « prairie ouverte » et « zone non végétalisée » sont associées à un risque élevé de survenue de FCO. Ces résultats montrent que la fragmentation et l'imbrication des milieux sont des indicateurs plus pertinents que le pourcentage de surface occupée par un type d'occupation du sol pour discriminer les zones à risque de FCO.

Il est intéressant de remarquer que le pourcentage de surface et le LSI ne sont pas toujours corrélés positivement, et qu'ils peuvent même être corrélés négativement, comme c'est le cas pour la classe « maquis, garrigue et forêt ». Les frontières entre types d'occupation du sol peuvent influencer sur la transmission de la maladie de plusieurs façons comme par exemple en procurant des lieux de rencontre entre hôtes et vecteurs et/ou un milieu où les éléments indispensables de l'habitat des hôtes et/ou des vecteurs sont réunis. Une meilleure connaissance de la bio-écologie de *C. imicola* est nécessaire afin de savoir si les paysages comportant d'importantes frontières de ces trois types classes sont favorables i) car ils réunissent des lieux de présence des hôtes (prairies ouvertes et zones non végétalisées) en contact avec des gîtes de repos pour le vecteur (maquis, garrigue et forêt) ou ii) car la présence de larges surfaces compactes de maquis, garrigue, forêt (avec un LSI faible) agit comme une barrière pour le vecteur, diminuant le risque pour les élevages voisins. En attendant de mieux connaître la bio-écologie de ce vecteur, les indicateurs paysagers testés doivent être choisis pour leur simplicité et leur robustesse doit être évaluée dans différents milieux et confortée par des études entomologiques de terrain.

### **3.3. Discussion sur les analyses complémentaires**

La comparaison des modèles avec et sans variable paysagère confirme l'intérêt d'inclure de telles variables puisque ces modèles présentent alors un meilleur critère d'Akaike aux trois échelles de voisinage.

La comparaison des modèles avec et sans les coordonnées géographiques montre que les modèles ne comportant pas de coordonnées géographiques sont un peu plus facilement

exportables que ceux qui ont inclus la variable latitude. Cependant, qu'ils comportent ou non ce type de variable, ces modèles restent difficilement extrapolables (appliqués à la région d'Ajaccio, leur sensibilité reste inférieure à 50 %).

Au final, les modèles présentent un pouvoir discriminant satisfaisant, mais ne peuvent être utilisés à des fins prédictives sur une nouvelle zone géographique que de façon qualitative et non quantitative. Ils peuvent donc servir à classer des élevages entre eux afin d'identifier ceux qui sont les plus à risque et ceux qui sont les moins à risque, mais ils ne permettent pas de quantifier le risque associé à chaque élevage.

#### **4. Conclusion**

L'approche maladie développée ici montre l'importance des variables paysagères pour décrire l'environnement à risque de FCO à haute résolution spatiale, et ce pour les trois échelles de voisinage testées. L'indicateur relatif à la longueur de frontières (LSI) d'une classe donnée semble être plus important que le pourcentage d'occupation du sol occupé par la classe pour le modèle à 1 km. Parmi les paramètres qui ressortent de ces analyses, deux caractéristiques propres des élevages, la mixité et la latitude (pouvant refléter un effet source de la Sardaigne), semblent aussi importantes à prendre en compte.

Les modèles obtenus ont une capacité de discrimination élevée, confirmée à la fois en validation interne et externe, mais ne peuvent être utilisés à des fins prédictives sur de nouvelles zones géographiques uniquement de façon qualitative. Ils n'ont pour l'instant été testés qu'en Corse, où la maladie circule. Mais il paraît vraisemblable qu'ils nécessiteront des adaptations locales avant de pouvoir être appliqués à des contextes environnementaux et/ou écologiques différents.

La même méthode a été mise en œuvre à partir de données entomologiques afin de comparer les modèles et les prédictions obtenues (approche maladie *versus* approche vecteur).

### **Résumé**

Pour identifier les zones à risque de FCO (approche maladie), 80 élevages ovins de Corse du Sud ont été géoréférencés et leur statut sanitaire (présence de foyer de FCO au cours de la période 2000 – 2003) recueilli. Des modèles statistiques de type régression logistique ont été mis en œuvre à trois échelles de voisinage (500 m, 1 km et 2 km).

Les résultats montrent l'importance des variables paysagères pour décrire l'environnement à risque de FCO à haute résolution spatiale : de telles variables sont incluses dans les modèles pour les trois échelles de voisinage et les modèles avec variables paysagères présentent un meilleur compromis entre ajustement et parcimonie (meilleur critère d'Akaike corrigé) que les modèles ne comportant pas ces variables. Parmi ces variables paysagères, la longueur des frontières semble être particulièrement importante dans les modèles à 1 km. La mixité des élevages pourrait aussi être importante à considérer, les élevages mixtes étant plus à risque que les élevages monospécifiques, mais ces résultats devront être vérifiés dans des études complémentaires compte tenu des faibles effectifs d'élevages monospécifiques. Enfin, la latitude apparaît comme un paramètre qui pourrait refléter un effet source depuis la Sardaigne.

Le chapitre suivant présente les données et les résultats de la même approche appliquée à des données relatives au principal vecteur de FCO en Corse, *Culicoides imicola*.

## Chapitre 7

### Données entomologiques

*Deux campagnes de piégeage ont été menées en Corse du Sud en 2005 afin de recueillir les données entomologiques nécessaires pour comprendre et modéliser le risque de présence de *C. imicola*. Ce chapitre a pour objectif de décrire les données recueillies lors de ces campagnes. Dans un premier temps, la méthode de capture mise en œuvre est décrite (1). Les résultats de la principale campagne de piégeage, réalisée en juin, permettent de dresser la liste des genres de Ceratopogonidae et des espèces de Culicoides capturés, et d'étudier la répartition de *C. imicola* au sein et en dehors des élevages (2). Les piégeages réalisés au sein des élevages en juin ont servi à modéliser le risque de présence de *C. imicola*, approche présentée dans le chapitre suivant. Les résultats de la deuxième campagne de piégeage (3), réalisée en septembre, permettent de déterminer si certains sites négatifs en juin (sans *C. imicola*) le restaient au moment du pic d'abondance. La discussion de ces résultats clôture le chapitre (4).*

#### 1. Recueil des données entomologiques

##### 1.1. Objectifs

Une campagne de piégeage a été effectuée en juin 2005 en Corse du Sud afin de répondre à deux questions : i) *C. imicola* est-il présent à distance des élevages et ii) quelles sont les caractéristiques environnementales au voisinage des élevages qui pourraient être favorables à ce vecteur. La première question se posait dans la mesure où aucune étude ne quantifie l'abondance de *C. imicola* à distance des élevages<sup>55</sup>. La deuxième question constitue l'objet de l'approche vecteur développée dans le chapitre suivant. Pour répondre à ces deux questions, 99 pièges ont été posés en juin, à la fois au sein des élevages (n = 78) et en dehors

---

<sup>55</sup> Dans les études visant à capturer *C. imicola*, les pièges sont toujours posés à proximité immédiate des animaux (et à l'extérieur des bâtiments en raison du caractère exophile de cette espèce).

des élevages<sup>56</sup> (n = 21). La campagne a été organisée en juin afin d'identifier les sites les plus favorables à *C. imicola*, c'est-à-dire ceux où il était présent dès le début de la saison d'activité.

Suite à cette campagne, réalisée au début de la saison d'activité du vecteur, une deuxième campagne, plus limitée (17 pièges), a été organisée en septembre 2005, période où l'abondance de *C. imicola* est maximale. Elle avait pour objectif d'évaluer si les sites négatifs en juin (au sein et en dehors des élevages), c'est-à-dire où *C. imicola* était absent, restaient négatifs où s'ils étaient colonisés plus tard dans la saison. Elle permet de tester l'existence éventuelle d'un phénomène de « débordement », qui se traduirait par le fait que, lorsque les populations de *C. imicola* deviennent très importantes, des individus sont capables de s'installer dans de nouveaux sites, moins favorables<sup>57</sup>.

### **1.2. Unité entomologique**

L'unité entomologique est le piège. Les insectes capturés dans chaque piège ont été analysés en termes de présence (piège positif) ou d'absence (piège négatif) de *C. imicola*. Les pièges utilisés étaient des pièges aspirants à lumière noire<sup>58</sup>, fréquemment appelés « pièges de type OVI » car fabriqués par ARC-OVI (Agricultural research council - Ondestepoort veterinary institute) en Afrique du Sud. Ces pièges fonctionnent de nuit, ils sont mis en route quelques heures avant le crépuscule et relevés le lendemain matin. La lumière émise par les pièges attire les insectes, notamment les *Culicoides* ; ces derniers sont alors aspirés dans le piège grâce à un petit ventilateur et se noient dans un récipient contenant de l'eau et du savon (*cf.* fiche descriptive détaillée en annexe 10).

### **1.3. Choix des sites de piégeage**

La campagne principale (juin 2005) devait permettre de poser un grand nombre de pièges en un temps limité. En effet, les piégeages devaient être réalisés en un laps de temps court afin que les conditions météorologiques restent stables pour assurer la comparabilité des

---

<sup>56</sup> Par « en dehors de élevages » nous entendons à distance des animaux. Les pièges, qu'ils soient posés « au sein » ou « en dehors » des élevages, sont tous posés à l'extérieur des bâtiments.

<sup>57</sup> Ces sites pourraient être moins favorables du fait d'une dynamique de population plus lente ou de l'absence de gîte d'hivernation par exemple.

<sup>58</sup> La lumière noire, ou lumière de Wood, est issue de rayonnements électromagnétiques émis dans le proche ultraviolet et dans le violet.

piégeages. Il a donc été choisi d'effectuer une seule nuit de capture par site. Huit nuits de piégeage ont été effectuées par deux équipes<sup>59</sup> du 17 au 25 juin 2005.

Cent neuf élevages ont été tirés au sort parmi les élevages comportant des ovins à partir de la liste d'élevages géoréférencés précédemment<sup>60</sup> (89 dans l'extrême sud de la Corse, et 20 dans la région d'Ajaccio). Le nombre de sites ainsi sélectionnés était plus grand que le nombre maximal de piégeages possibles (20 pièges x 8 nuits = 80 sites) afin de prévoir des sites supplémentaires (de secours) si un éleveur était absent, avait arrêté son activité ou refusait que l'on pose un piège. Les contacts téléphoniques des éleveurs ont été obtenus auprès de la DDSV de Corse du Sud. Dans la mesure du possible, les éleveurs ont été prévenus de la campagne de piégeage, un rendez-vous était convenu pour la pose du piège et une fiche précisant les objectifs et modalités des piégeages (annexe 11) leur était distribuée.

Comme pour l'approche maladie, seuls les élevages comportant des ovins ont été pris en compte afin que la variabilité entre les sites provienne principalement de l'environnement et non du type d'élevage<sup>61</sup>.

L'idéal aurait été de tirer au sort l'ordre dans lequel les sites étaient piégés, mais cela n'était pas envisageable d'un point de vue logistique car il n'aurait pas été possible de poser chaque jour des pièges répartis sur toute la zone d'étude, compte tenu des temps de trajets entre sites. Chaque équipe était donc chargée de poser des pièges dans une zone géographique différente tous les jours (annexe 12). Des cartes détaillées permettant de localiser les bergeries ont été préparées pour chaque élevage.

Les sites hors élevages n'ont pas pu être échantillonnés avant la mission car ils devaient être accessibles en voiture. Ils ont été identifiés sur le terrain et, chaque nuit, en plus des pièges posés au sein des élevages, quelques pièges étaient posés en dehors des élevages, dans des milieux variés (bordure de rivière, maquis, pépinière...).

---

<sup>59</sup> Quatre personnes ont participé à la campagne : Bruno Mathieu (Entente interdépartementale pour la démoustication du littoral méditerranéen, EID - Méditerranée), Jean-Claude Delécolle (Laboratoire d'entomologie de l'Université Louis Pasteur de Strasbourg, ULP), Thierry Baldet (Cirad) et moi-même. Chaque équipe de deux personnes disposait d'un véhicule, de 10 pièges, de 10 batteries, d'un GPS et de petit matériel d'entomologie (alcool, tubes, pinces...).

<sup>60</sup> Initialement, un échantillonnage stratifié avait été envisagé. Il était basé sur une classification en 3 classes réalisée à partir des deux axes principaux de l'analyse en composante principale (ACP) de l'image de l'extrême sud de l'île. Comme des pièges ont aussi été posés dans la région d'Ajaccio, et qu'il n'était pas possible d'effectuer la même stratification sur cette zone (car l'ACP de l'image d'Ajaccio n'aurait pas permis de retrouver les mêmes classes que celles utilisées pour l'extrême sud de la Corse), il n'a donc pas été mis en œuvre. Par ailleurs, même en effectuant des corrections radiométriques et atmosphériques, il aurait sans doute été difficile de calibrer les deux images afin de les fusionner pour réaliser une ACP sur l'ensemble compte tenu de leurs différences de conditions d'acquisition (date, heure...).

<sup>61</sup> Choisir uniquement des élevages comportant des ovins limite la variabilité liée au type d'élevage sans toutefois l'éliminer, puisque d'autres espèces peuvent éventuellement être présentes. Par ailleurs, le nombre d'animaux sur place pourrait aussi influencer sur l'attractivité de l'élevage pour *C. imicola*.

#### 1.4. Méthode de piégeage

Les pièges étaient posés en fin d'après midi et relevés le lendemain matin. Chaque piège était posé à environ 1,5 mètre du sol, dans un endroit où il présentait une bonne visibilité, sans toutefois être trop exposé au vent. Dans les élevages, il devait être, dans la mesure du possible, à proximité immédiate du lieu où les animaux passaient la nuit.

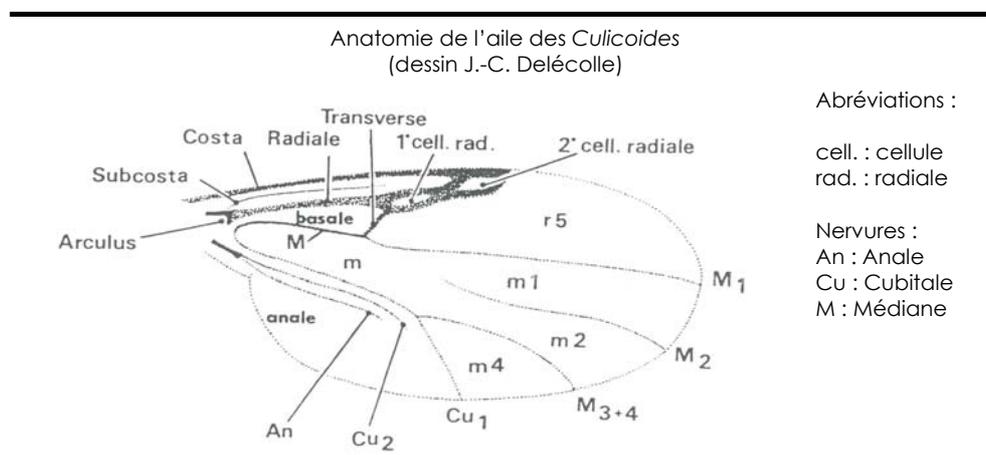
Des informations sur le lieu de pose (localisation, description du site, présence d'animaux sur place) et sur les modalités de pose et de relevé (heure, numéro de piège, conditions météorologiques générales) ont été notées sur des fiches de piégeage (annexe 13). Les coordonnées géographiques de chaque site de piégeage ont été relevées au GPS, et des photos ont été prises ainsi qu'une vidéo à 360° du site réalisée.

#### 1.5. Tri et identification des Culicoides

Sur le terrain, lors de la relève du piège, les insectes capturés ont été mis dans de l'alcool. Par précaution, après la campagne de piégeage, les pots d'insectes ont été conservés en chambre froide, le tri ayant nécessité plusieurs mois de travail.

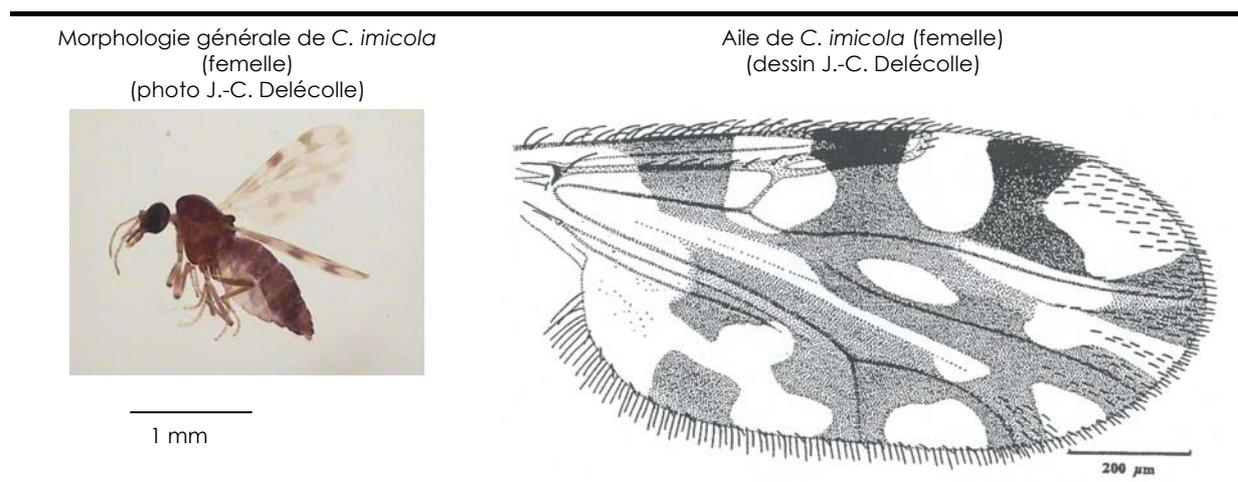
Les insectes ont été examinés sous loupe binoculaire pour procéder à leur identification. Les *Ceratopogonidae* ont été distingués des autres insectes en se fondant sur leur morphologie générale (notamment la taille inférieure à 5 mm et les pièces buccales plus petites que la tête) (Delécolle, 2004). Les *Culicoides* ont ensuite été distingués des autres *Ceratopogonidae* grâce à la forme générale du corps et à la disposition des nervures alaires (notamment la présence de deux cellules radiales ayant approximativement la même taille) (figure 40) (Delécolle, 1985).

Figure 40 : Anatomie de l'aile des *Culicoides*. Source : Delécolle J.-C., 1985, Thèse en Sciences, Université Louis Pasteur, 238 p.



*Culicoides imicola sensu stricto* est la seule espèce du Complexe Imicola (qui comprend au moins dix espèces jumelles) présente dans le bassin méditerranéen (Meiswinkel *et al.*, 2004). La dissection et l'observation au microscope des individus ne sont ainsi pas nécessaires pour l'identifier en routine. *Culicoides imicola* (figure 41) est reconnaissable grâce à la disposition et aux formes des taches alaires (notamment par la présence d'une tache sombre en forme de diabolo en r5, par la disposition caractéristique des taches claires en m1, notamment celle qui touche la nervure M1 et se prolonge jusqu'à l'extrémité de l'aile et par la présence d'une tache sombre bien isolée sur le bord postérieur de la cellule anale) (Delécolle & de La Rocque, 2002).

Figure 41 : Morphologie générale et aile de *C. imicola*. Sources i) morphologie générale : photo de J.-C. Delécolle ; ii) dessin de l'aile : Delécolle J.-C. & de La Rocque S., 2002, *Bull. Soc. Entomol. Fr.* **107** (4), 371-379.



Ces connaissances de diagnose avaient été acquises préalablement aux campagnes de piégeage, en effectuant une semaine de formation auprès d'un entomologiste spécialiste de ce groupe<sup>62</sup>. Les insectes triés en trois groupes (*Ceratopogonidae/Culicoides/C. imicola*) ont ensuite été envoyés à ce spécialiste pour confirmation du tri et diagnose des autres espèces<sup>63</sup> de *Culicoides* et des autres genres de *Ceratopogonidae*.

<sup>62</sup> Cette formation a été réalisée auprès de Jean-Claude Delécolle. Un transfert de ces techniques d'identification a été opéré auprès de Mireille Pic-Mazzei de Freitas, qui a pris en charge environ un tiers du tri.

<sup>63</sup> À titre illustratif, des photographies des ailes des espèces présentes en Angleterre sont disponibles sur le site de l'*Institute of Animal Health* (Pirbright, Angleterre) : [http://www.iah.bbsrc.ac.uk/bluetongue/culicoides/index\\_species.html](http://www.iah.bbsrc.ac.uk/bluetongue/culicoides/index_species.html)

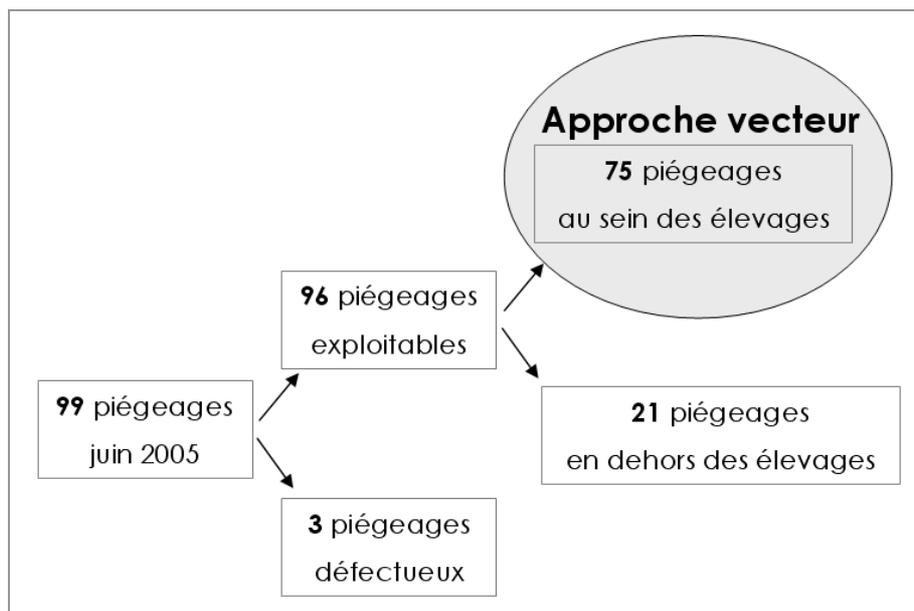
## 2. Résultats de la principale campagne de piégeage (juin 2005)

Les résultats concernant la campagne de juin sont présentés en trois étapes : i) déroulement de la campagne (2.1), ii) résultats descriptifs généraux (parties 2.2 à 2.4), iii) comparaison des piégeages réalisés au sein et en dehors des élevages (2.5).

### 2.1. Déroulement de la campagne

Sur les 99 pièges posés en juin, 3 pièges n'ont pas fonctionné à cause de problèmes techniques. Sur les 96 pièges ayant fonctionné, 75 ont été posés dans un élevage ovin et 21 en dehors d'un élevage. Les 75 pièges posés au sein d'un élevage ont servi à mettre en œuvre l'approche vecteur (*cf.* chapitre suivant). Le diagramme résume les piégeages effectués au cours de cette campagne (figure 42).

Figure 42 : Principale campagne de piégeage (juin 2005).



Comme l'attestent les données fournies par Météo France, les conditions de température, de pluviométrie et de vent étaient clémentes durant toute la période de piégeage (annexe 14). Toutes les nuits de piégeage ont ainsi pu être retenues.

## 2.2. Résultats généraux

Les résultats pour l'ensemble des 96 pièges posés en juin 2005 sont présentés dans le tableau 28. Au total, 67 704 *Ceratopogonidae* ont été capturés en juin. Plus de 97 % de l'ensemble des *Ceratopogonidae* ont été capturés dans les pièges posés au sein des élevages (soit dans 78 % des pièges). Ainsi, un piège posé au sein d'un élevage a permis de capturer 12,6 fois plus de *Ceratopogonidae* (tous genres confondus) qu'un piège posé hors élevage. Les *Culicoides* (toutes espèces confondues) ont représenté l'essentiel (96,4 %) des *Ceratopogonidae* capturés et *C. imicola* à lui seul 17,8 % des *Culicoides* capturés. Pour *C. imicola*, seuls 14 individus (sur 11 638) ont été capturés dans des pièges situés hors élevage, soit une capture 232,5 fois plus importante pour un piège posé au sein d'un élevage<sup>64</sup>.

Tableau 28 : Résultats des captures effectuées lors de la campagne de juin 2005.

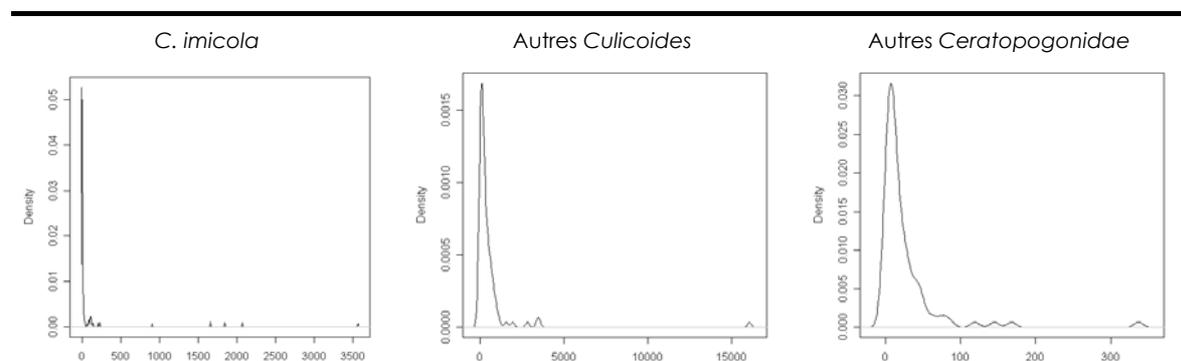
Catégorie	Nombre total d'individus capturés (moyenne par piège)			Rapport du nombre d'individus capturés par piège dans et hors élevage
	Pièges au sein des élevages (n = 75 pièges)	Pièges en dehors des élevages (n = 21 pièges)	Total (n = 96 pièges)	
<i>Culicoides imicola</i>	11 624 (155)	14 (0,7)	11 638 (121)	232,5
Autres <i>Culicoides</i>	52 324 (698)	1 329 (63)	53 653 (559)	11,0
Autres <i>Ceratopogonidae</i>	2 284 (30)	129 (6)	2 413 (25)	5,0
Total	66 232 (883)	1 472 (70)	67 704 (705)	12,6

La catégorie « Autres *Culicoides* » comprend tous les *Culicoides* sauf *C. imicola* ; la catégorie « Autres *Ceratopogonidae* » comprend tous les *Ceratopogonidae* sauf les *Culicoides*.

La distribution des effectifs de *C. imicola* est très fortement dissymétrique à gauche, celles des autres *Culicoides* et des autres *Ceratopogonidae* sont plus aplaties (se référer à l'échelle de l'axe des ordonnées) et fortement dissymétriques à gauche (figure 43).

<sup>64</sup> Pour rappel, les chiffres présentés traduisent les effectifs attirés et capturés par le piège lumineux type OVI, et non les effectifs présents en un site donné (qui demeurent inconnus).

Figure 43 : Distribution des effectifs de *C. imicola*, des autres *Culicoides* et des autres *Ceratopogonidae*.



Le nombre de pièges en fonction des effectifs capturés est présenté dans le tableau 29. Seuls 5 pièges n'ont pas comporté de *Ceratopogonidae* autres que les *Culicoides* et 2 pièges aucun *Culicoides* autres que *C. imicola*, alors que 40 pièges (sur 96) n'ont comporté aucun *C. imicola*. Quarante des 96 pièges ne comportent aucun *C. imicola*, alors que seuls 2 et 5 pièges ne comportent aucun autre *Culicoides* ou aucun autre *Ceratopogonidae* respectivement. Plus de la moitié des pièges comportent entre 100 et 999 autres *Culicoides* ou entre 10 à 99 autres *Ceratopogonidae*.

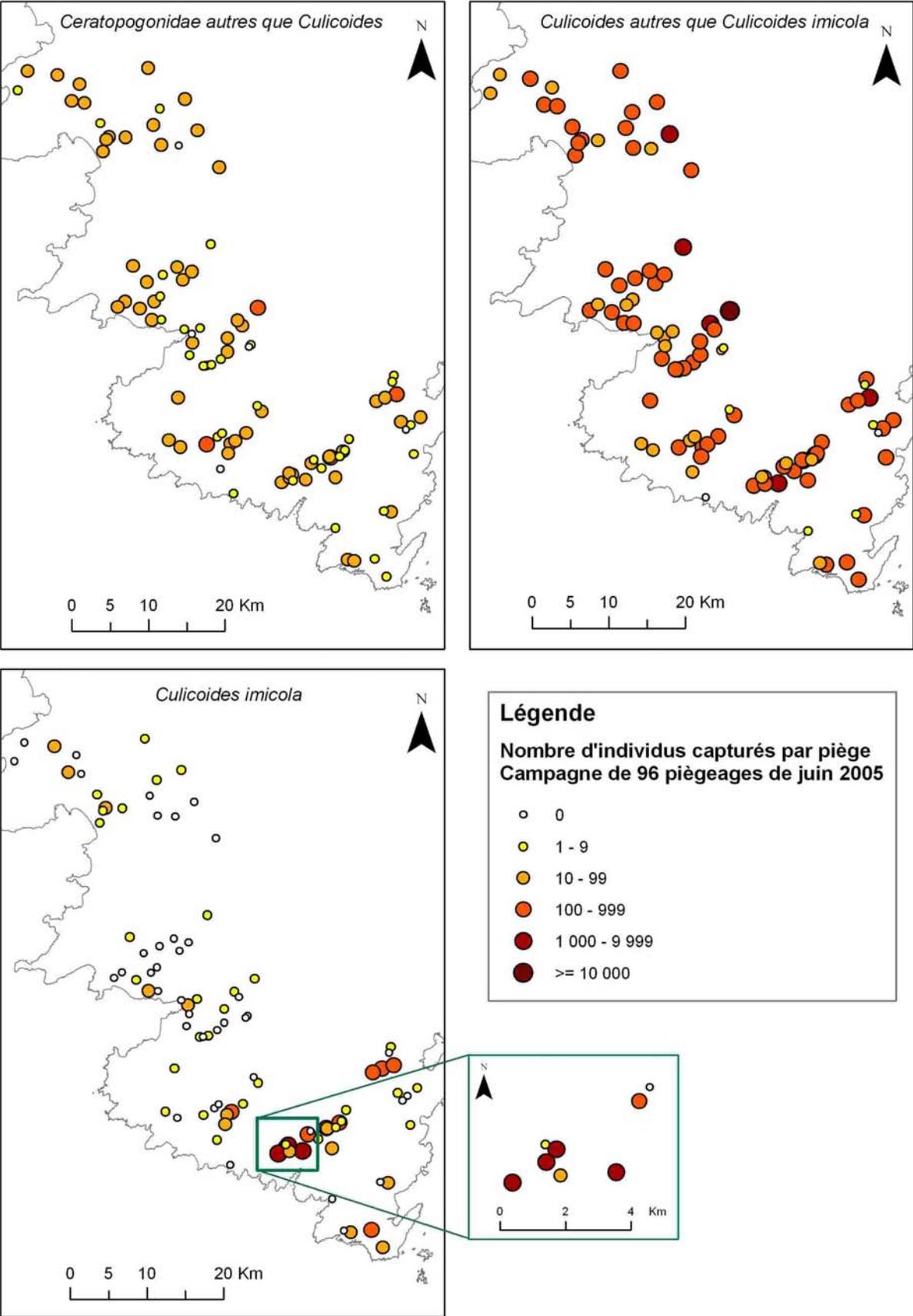
Tableau 29 : Nombre de pièges en fonction des effectifs capturés.

Nombre d'individus par piège	Nombre de pièges		
	<i>C. imicola</i>	Autres <i>Culicoides</i>	Autres <i>Ceratopogonidae</i>
0	40	2	5
1 à 9	31	7	33
10 à 99	13	21	54
100 à 999	8	58	4
1000 et plus	4	8	0
total	96	96	96

La densité de piégeage pour les *Ceratopogonidae* autres que les *Culicoides*, pour les *Culicoides* autres que *C. imicola* et pour *C. imicola* est présentée figure 44. Les densités de *Ceratopogonidae* autres que les *Culicoides* et les *Culicoides* autres que *C. imicola* semblent plutôt bien réparties, alors que celle de *C. imicola* semble présenter un gradient sud-nord, avec davantage de pièges négatifs au nord et des densités plus fortes au sud. Les 4 sites comprenant

plus de 1 000 *C. imicola* sont tous situés dans un rayon de 2 km (dans cette zone, les deux pièges où 0 et moins de 10 *C. imicola* ont été capturés sont des pièges posés hors élevage) (cf. zoom sur la figure 44). Cette zone correspond à la région de Figari. Une autre zone, située au sud-ouest de Porto-Vecchio (et au nord-est de la région de Figari), comporte 3 sites proches où plus de 100 *C. imicola* ont été capturés (entre 113 et 228 individus).

Figure 44 : Nombre d'individus capturés pour les *Ceratopogonidae* autres que les *Culicoides*, pour les *Culicoides* autres que *C. imicola* et pour *C. imicola* dans les 96 pièges (juin 2005).



### 2.3. Genres de *Ceratopogonidae* capturés lors de la campagne principale

Quatorze genres de *Ceratopogonidae* ont été capturés (tableau 30). Les *Culicoides* sont de très loin le genre majoritaire (96 % des captures). Le deuxième genre le plus fréquent est *Forcipomyia* (2,6 % des captures). Les douze autres genres représentent moins de 1 % des captures. La moitié des genres (*Stilobezzia*, *Allohelea*, *Palpomyia*, *Ceratopogon*, *Kolenohelea*, *Leptoconops* et *Monohalea*) étaient présents dans moins de 10 pièges sur les 96 posés. Parmi les 5 genres pour lesquels au moins 100 individus ont été capturés, les femelles représentent entre 72 et 96 % des captures.

Tableau 30 : Genres de *Ceratopogonidae* capturés lors de la campagne de juin 2005.

Genres de <i>Ceratopogonidae</i> (Corse, Juin 2005)	Effectifs piégés			Maximum / piège	Nombre de pièges positifs	Nombre moyen par piège positif
	Total	% des captures	% de femelles			
<i>Culicoides</i>	65 291	96,44	96,0	16 040	94	695
<i>Forcipomyia</i>	1 789	2,64	77,9	321	83	22
<i>Bezzia</i>	220	0,32	77,3	99	26	8
<i>Dasyhelea</i>	140	0,21	85,0	11	45	3
<i>Atrichopogon</i>	140	0,21	72,1	15	47	3
<i>Alluaudomyia</i>	51	0,08	19,6	16	18	3
<i>Brachypogon</i>	30	0,04	60,0	7	18	2
<i>Stilobezzia</i>	15	0,02	6,7	9	5	3
<i>Allohelea</i>	11	0,02	63,6	5	7	2
<i>Palpomyia</i>	6	0,01	33,3	2	5	1
<i>Ceratopogon</i>	5	0,01	100	1	5	1
<i>Kolenohelea</i>	3	<0,01	100	1	3	1
<i>Leptoconops</i>	2	<0,01	100	2	1	2
<i>Monohalea</i>	1	<0,01	0	1	1	1

### 2.4. Liste et répartition des espèces de *Culicoides* capturées lors de la campagne principale

Au cours de la campagne de juin, 42 espèces et 5 complexes d'espèces de *Culicoides* ont été identifiés. Parmi le Complexe *Obsoletus*, au moins deux espèces sont représentées : *C. (Avaritia) obsoletus* (Meigen, 1818) et *C. (Avaritia) scoticus* Downes & Kettle, 1952. De même, dans le Complexe *Cataneii*, au moins deux espèces sont représentées : *C. cataneii* Clastrier, 1957 et *C. gejjelensis* Dzhafarov, 1964. Ainsi, cette campagne a permis de capturer au moins 49 espèces différentes de *Culicoides*. Seuls 31 individus (0,05 %) du genre *Culicoides* n'ont pu être identifiés (spécimens abîmés). La liste et les effectifs (classés par ordre décroissant) des espèces ou complexes d'espèces capturés en juin 2005 sont présentés

dans le tableau 31. Dans la suite du document, sauf indication contraire, il sera fait référence aux 5 complexes d'espèces par le nom de l'espèce *sensu lato*.

La précédente liste faisait état de 58 espèces de *Culicoides* recensées en Corse (Delécolle *et al.*, 2005). Une espèce est ici citée pour la première fois en Corse : *C. (Avaritia) montanus* Shakirzjanova, 1962. Cela porte ainsi à 59 le nombre d'espèces de *Culicoides* signalées en Corse<sup>65</sup>.

Les deux espèces dominantes (plus de 10 000 individus capturés) étaient *C. newsteadi* (15 538 individus, soit 23,8 % des *Culicoides* piégés) et *C. imicola* (11 638 individus, soit 17,8 % des *Culicoides* piégés). *Culicoides newsteadi* était aussi l'espèce la plus largement répartie puisqu'elle a été capturée dans 85 des 96 pièges posés. Seules 9 espèces (*C. newsteadi*, *C. imicola*, *C. lupicaris*, *C. pulicaris*, *C. obsoletus*, *C. furcillatus*, *C. subfagineus*, *C. circumscriptus* et *C. punctatus*) présentaient des effectifs représentant plus de 2 % du total des *Culicoides* piégés. Beaucoup d'espèces étaient faiblement représentées puisque 40 espèces représentaient moins de 2 % chacune des *Culicoides* piégés et seulement 25 espèces étaient représentées par plus de 100 individus capturés. Parmi ces 25 espèces, le pourcentage de femelles variait de 70,8 à 100 %. Les nombres maximaux d'individus par piège ont été obtenus pour *C. lupicaris* (5 012 individus), *C. furcillatus* (3 944) et *C. imicola* (3 565). Quinze espèces ont été capturées dans moins de 10 pièges. Le nombre moyen d'individus capturés par piège positif (piège où cette espèce est présente) variait de 1 à 208, avec un nombre supérieur à 10 individus pour seulement 17 espèces.

D'après le tri effectué sur les mâles (et si les proportions de chaque espèce estimées chez les mâles sont identiques à celles chez les femelles), le Complexe *Obsoletus* était composé d'environ 40 % de *C. obsoletus sensu stricto* et de 60 % de *C. scoticus*. Selon ces mêmes hypothèses, le Complexe *Cataneii* était constitué d'environ 50 % de *C. cataneii sensu stricto* et de 50 % de *C. gejgelensis*. À noter enfin que les individus *C. (Culicoides) deltus* Edwards, 1939 présentaient une morphologie atypique (Jean-Claude Delécolle, communication personnelle).

La plus importante capture de *Culicoides*, toutes espèces confondues, s'est élevée 16 044 individus et a été effectuée sur un site situé à l'intérieur des terres (*cf.* figure 44). Sur ce site, plus de 20 espèces différentes de *Culicoides* étaient présentes, parmi lesquelles 4 comprenaient plus de 1 000 individus : *C. pulicaris* (n = 2 716), *C. lupicaris* (n = 5 012),

---

<sup>65</sup> À ces 59 espèces s'ajoute une espèce nouvellement citée, capturée en septembre 2005, et deux espèces capturées en 2006 (Jean-Claude Delécolle, communication personnelle), portant à 62 le nombre d'espèces de *Culicoides* présentes en Corse, *cf.* annexe 15.

*C. obsoletus* (n = 2 024) et *C. furcillatus* (n = 3 944). En revanche, seuls 4 *C. imicola* y ont été capturés ainsi que 168 autres *Ceratopogonidae*.

Tableau 31 : Liste des espèces de *Culicoides* capturées lors de la campagne de juin 2005.

**En gras** : principal vecteur de FCO en Corse ; **en grisé** : Complexe d'espèces représenté par l'espèce citée ;  
\*Individus atypiques; \*\*Première citation en Corse

Espèces de <i>Culicoides</i> capturées (Corse, Juin 2005)	Effectifs piégés			Nb. max. / piège	Nb de pièges positifs	Nb. moy. / piège positif
	Total	% des captures	% de femelles			
<i>C. (Culicoides) newsteadi</i> Austen, 1921	15 538	23,8	99,4	2 379	85	183
<b><i>C. (Avaritia) imicola</i> Kieffer, 1913</b>	11 638	17,8	92,9	3 565	56	208
<i>C. (Culicoides) lupicaris</i> Downes & Kettle, 1952	7 811	12	98,8	5 012	62	126
<i>C. (Culicoides) pulicaris</i> (Linné, 1758)	5 893	9	98,3	2 716	71	83
<i>C. (Avaritia) obsoletus</i> (Meigen, 1818)	5 873	9	91	2 024	78	75
<i>C. furcillatus</i> Callot, Kremer & Paradis, 1962	5 539	8,5	99,4	3 944	39	142
<i>C. (Culicoides) subfagineus</i> Delécolle & Ortega, 1998	1 837	2,8	99,8	604	60	31
<i>C. (Beltranmyia) circumscriptus</i> Kieffer, 1918	1 615	2,5	94,4	124	81	20
<i>C. (Culicoides) punctatus</i> (Meigen, 1804)	1 290	2	96	448	66	20
<i>C. (Silvaticulicoides) picturatus</i> Kremer & Déduit, 1961	1 267	1,9	97,2	292	53	24
<i>C. festivipennis</i> Kieffer, 1914	1 158	1,8	82,9	106	75	15
<i>C. cataneii</i> Clastrier, 1957	971	1,5	90,2	156	82	12
<i>C. odiatus</i> Austen, 1921	777	1,2	70,8	95	57	14
<i>C. (Silvaticulicoides) subfasciipennis</i> Kieffer, 1919	777	1,2	98,2	492	38	20
<i>C. kibunensis</i> Tokunaga, 1937	616	0,9	85,6	109	68	9
<i>C. kurensis</i> Dzhafarov, 1960	492	0,8	93,3	102	40	12
<i>C. griseidorsum</i> Kieffer, 1918	416	0,6	93,3	118	22	19
<i>C. tbilisicus</i> Dzhafarov, 1964	403	0,6	97,5	300	25	16
<i>C. maritimus</i> Kieffer, 1924	155	0,2	94,8	59	25	6
<i>C. alazanicus</i> Dzhafarov, 1961	137	0,2	97,8	54	27	5
<i>C. jumeri</i> Callot & Kremer, 1969	137	0,2	89,8	18	26	5
<i>C. (Culicoides) flavipulicaris</i> Dzhafarov, 1964	120	0,2	100	58	21	6
<i>C. (Synhelea) corsicus</i> Kremer, Leberre & Beaucournu-S., 1971	117	0,2	99,1	52	25	5
<i>C. begueti</i> Clastrier, 1957	100	0,2	99	43	20	5
<i>C. (Silvaticulicoides) achrayi</i> Kettle & Lawson, 1955	99	0,2	93,9	63	15	7
<i>C. (Silvaticulicoides) pallidicornis</i> Kieffer, 1919	79	0,1	97,5	24	21	4
<i>C. (Synhelea) semimaculatus</i> Clastrier, 1958	77	0,1	100	17	22	4
<i>C. (Culicoides) deltus</i> Edwards, 1939*	62	0,1	100	20	16	4
<i>C. (Wirthomyia) cameroni</i> Campbell & Pelham Cl., 1960	51	0,1	86,3	15	15	3
<i>C. indistinctus</i> Khalaf, 1961	50	0,1	82	9	18	3
<i>C. longipennis</i> Khalaf, 1957	49	0,1	100	6	28	2
<i>C. sp.</i>	31	<0,1	90,3	20	9	3
<i>C. (Monoculicoides) parroti</i> Kieffer, 1922	21	<0,1	76,2	5	13	2
<i>C. malevillei</i> Kremer & Coluzzi, 1971	20	<0,1	90	6	11	2
<i>C. submaritimus</i> Dzhafarov, 1962	15	<0,1	80	10	5	3
<i>C. poperinghensis</i> Goetghebuer, 1953	14	<0,1	100	4	6	2
<i>C. derisor</i> Callot & Kremer, 1965	10	<0,1	0	3	7	1
<i>C. (Monoculicoides) puncticollis</i> (Becker, 1903)	7	<0,1	57,1	2	5	1
<i>C. (Silvaticulicoides) fasciipennis</i> (Staeger, 1839)	7	<0,1	100	2	6	1
<i>C. dudingtoni</i> Kettle & Lawson, 1955	5	<0,1	100	3	3	2
<i>C. (Avaritia) montanus</i> Shakirzjanova, 1962**	4	<0,1	100	2	3	1
<i>C. santonicus</i> Callot, Kremer, Rault & Bach, 1968	3	<0,1	100	1	3	1
<i>C. haranti</i> Rioux, Descous & Pech, 1959	3	<0,1	100	1	3	1
<i>C. truncorum</i> Edwards, 1939	2	<0,1	50	1	2	1
<i>C. brunnicans</i> Edwards, 1939	2	<0,1	100	1	2	1
<i>C. (Wirthomyia) minutissimus</i> (Zetterstedt, 1855)	1	<0,1	0	1	1	1
<i>C. (Avaritia) dewulfi</i> Goetghebuer, 1936	1	<0,1	100	1	1	1
<i>C. riebi</i> Delécolle, Mathieu & Baldet, 2005	1	<0,1	100	1	1	1

Les six espèces de *Culicoides* représentant plus de 5 % des captures sont *C. newsteadi*, *C. imicola*, *C. lupicaris*, *C. pulicaris*, *C. obsoletus* et *C. furcillatus*. Les distributions des effectifs de ces espèces sont toutes dissymétriques à gauche (figure 45) ; elles sont détaillées dans le tableau 32.

Figure 45 : Distribution des effectifs des 6 espèces de *Culicoides*.

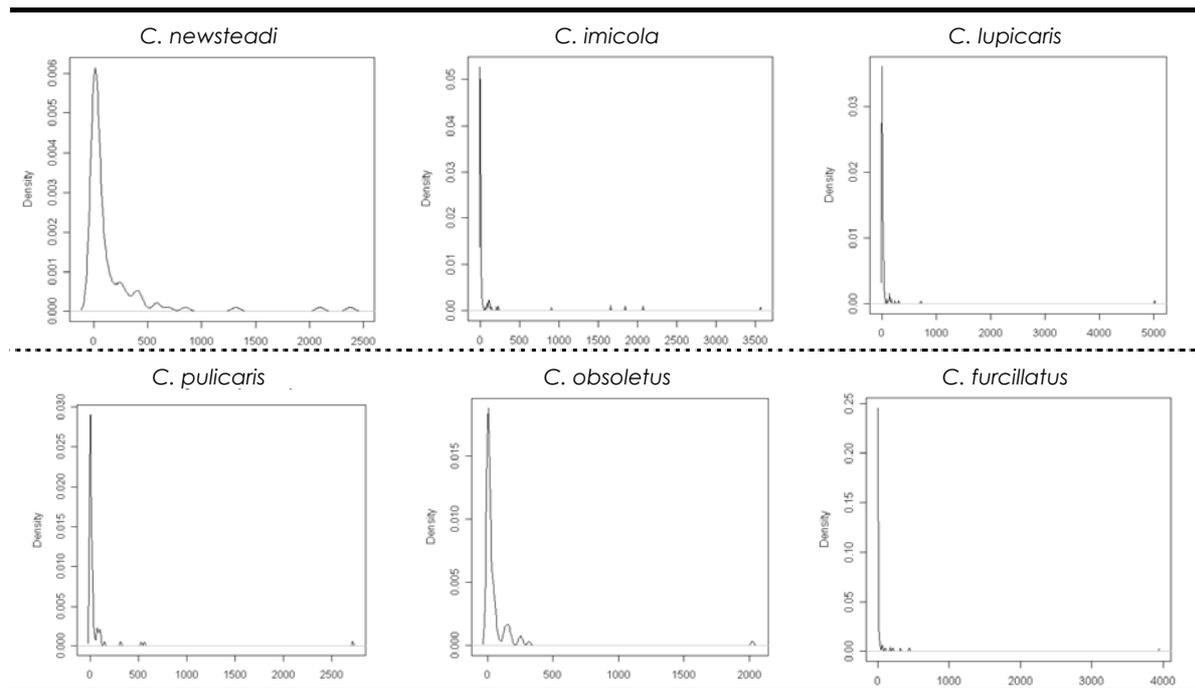


Tableau 32 : Nombre de pièges en fonction des effectifs capturés pour les 6 espèces de *Culicoides* (96 pièges posés en juin 2005).

Nombre d'individus/piège	<i>C. newsteadi</i>	<i>C. imicola</i>	<i>C. lupicaris</i>	<i>C. pulicaris</i>	<i>C. obsoletus</i>	<i>C. furcillatus</i>
0	13	40	34	25	18	57
1 à 9	22	31	26	26	30	23
10 à 99	31	13	27	36	33	10
100 à 999	27	8	8	8	14	5
1000 et plus	3	4	1	1	1	1
total	96	96	96	96	96	96

Étant donné i) la variété des espèces de *Culicoides* capturées et ii) le nombre de sites de piégeages, seules sont présentées les cartes des six espèces de *Culicoides* représentant plus de 5 % des captures. De plus, comme les différences d'effectifs moyen capturés par piège au sein

et en dehors des élevages sont très importantes (facteur multiplicatif de 12,3 pour *C. obsoletus* à 232,5 pour *C. imicola*) (tableau 33), les résultats des captures effectuées dans les 75 pièges posés au sein des élevages (figure 46) et dans les 21 pièges posés en dehors des élevages (figure 47) pour les 6 espèces de *Culicoides* sont présentés sur des figures différentes.

Tableau 33 : Nombre d'individus capturés au sein et en dehors des élevages pour les 6 espèces de *Culicoides* représentant plus de 5 % des captures de juin 2005.

		Espèces					
		<i>C. newsteadi</i>	<i>C. imicola</i>	<i>C. lupicaris</i>	<i>C. pulicaris</i>	<i>C. obsoletus</i>	<i>C. furcillatus</i>
Piège au sein des élevages (n = 75)	Nb. capturés (%)	15 452 (99,4)	11 624 (99,9)	7 750 (99,2)	5 873 (99,7)	5 742 (97,8)	5 494 (99,2)
	Moy/piège	206,0	155,0	103,3	78,3	76,6	73,3
	Nb. de sites positifs (%)	73 (97,3)	53 (70,7)	56 (74,7)	68 (90,6)	69 (92)	37 (49,3)
Piège en dehors des élevages (n = 21)	Nb. capturés (%)	86 (0,6)	14 (0,1)	61 (0,8)	20 (0,3)	131 (2,2)	45 (0,8)
	Moy/piège	4,1	0,7	2,9	1,0	6,2	2,1
	Nb. de sites positifs (%)	12 (57)	3 (14)	6 (29)	3/21 (14)	9/21 (43)	2/21 (10)
Rapport du nombre d'individus capturés dans et hors élevage*		50,3	232,5	35,6	82,2	12,3	34,2
total		15 538	11 638	7 811	5 893	5 873	5 539

Abréviations : Nb. : nombre ; Moy/piège : nombre d'individu moyen par piège (positif et négatif). \*Le rapport du nombre d'individu capturé dans et hors élevage est pondéré par le nombre de pièges : pour *C. furcillatus*  $(15452/75)/(86/21) = 50,3$ .

Figure 46 : Nombre d'individus capturés pour les 6 espèces de *Culicoides* dans les 75 pièges posés au sein des élevages en juin 2005.

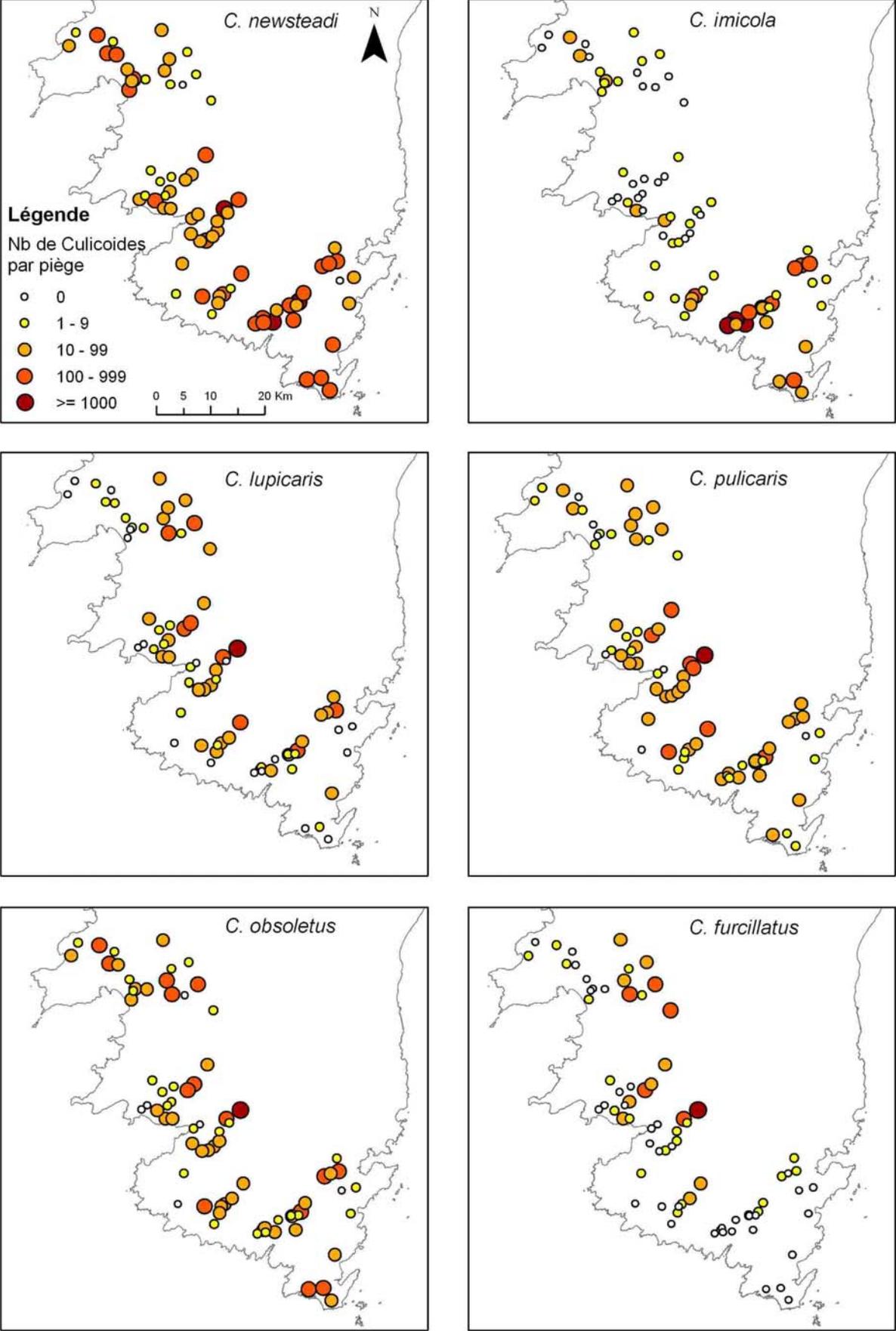
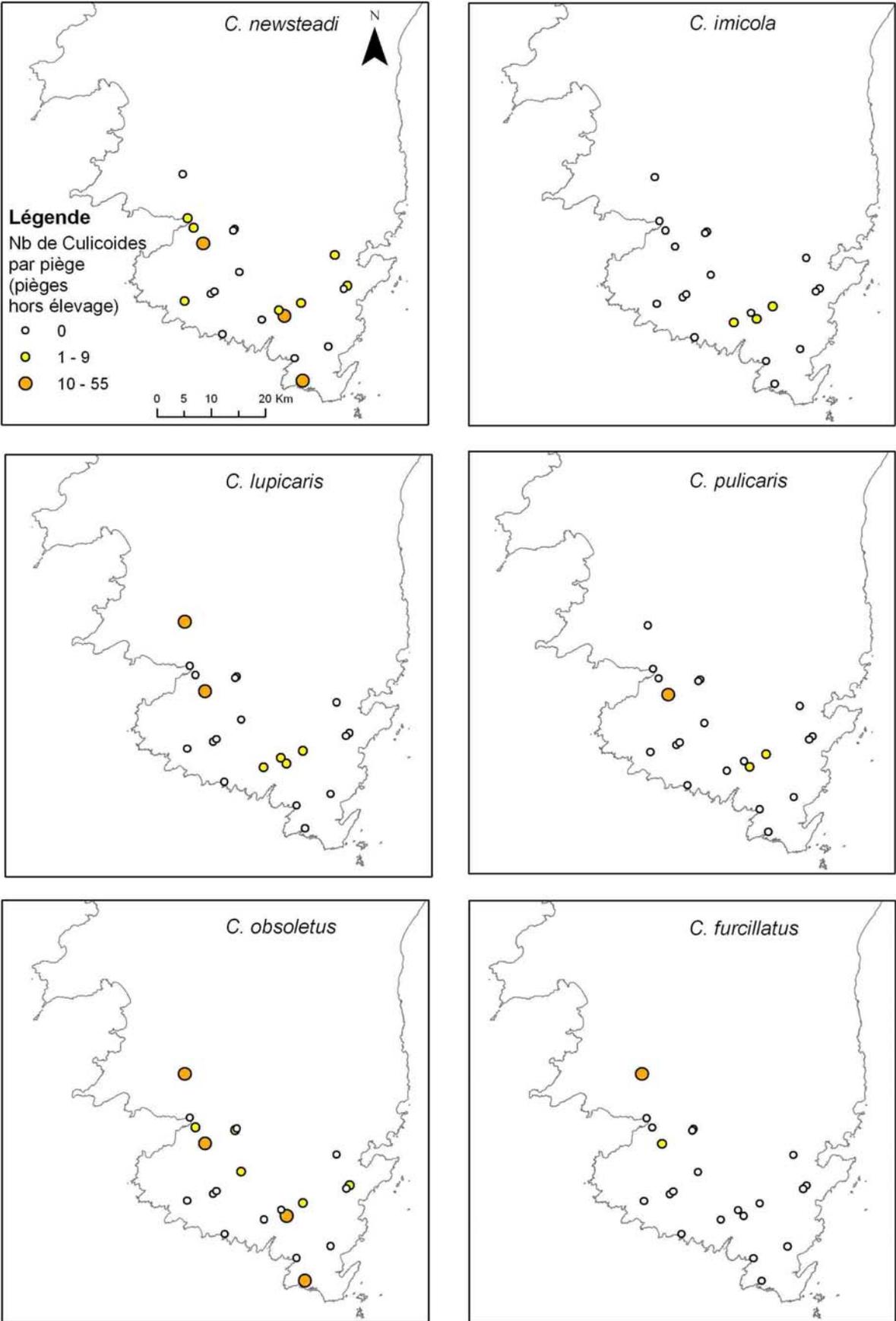


Figure 47 : Nombre d'individus capturés pour les 6 espèces de *Culicoides* dans les 21 pièges posés en dehors des élevages en juin 2005.



Dans les piégeages réalisés au sein des élevages, les densités de *C. newsteadi* sont élevées et semblent réparties de façon assez homogène. Pour *C. imicola*, comme indiqué précédemment, les sites où les densités sont les plus importantes sont situés au sud (régions de Figari, Porto-Vecchio et Bonifacio). La répartition de *C. imicola* contraste avec celle de *C. furcillatus*, pour qui les zones à forte densité sont situées plutôt au nord et à l'intérieur des terres. Les distributions de *C. pulicaris* et *C. lupicaris* sont fortement corrélées (coefficient de corrélation des rangs de Spearman<sup>66</sup> = 0,811, tableau 34) ; elles le sont aussi avec celles de *C. obsoletus* et de *C. furcillatus*, mais dans une moindre mesure. Les densités maximales de *C. obsoletus*, *C. lupicaris*, *C. pulicaris* et *C. furcillatus* ont été obtenues sur le même site, lequel est très différent des sites de densités maximales de *C. newsteadi* et *C. imicola* (ouverts et irrigués pour *C. imicola* et *C. newsteadi* ; semi-fermé et boisé pour les 4 autres) (figure 48).

Tableau 34 : Coefficient de corrélation des rangs de Spearman des densités capturées entre les 6 espèces de *Culicoides* (75 pièges au sein des élevages).

	<i>C. imicola</i>	<i>C. newsteadi</i>	<i>C. pulicaris</i>	<i>C. lupicaris</i>	<i>C. obsoletus</i>	<i>C. furcillatus</i>
<i>C. imicola</i>	1					
<i>C. newsteadi</i>	0,662	1				
<i>C. pulicaris</i>	0,138	0,450	1			
<i>C. lupicaris</i>	0,009	0,207	0,811	1		
<i>C. obsoletus</i>	0,278	0,578	0,606	0,611	1	
<i>C. furcillatus</i>	-0,269	0,001	0,638	0,694	0,348	1

Cellules grisées : corrélation significative (test de Student) au seuil  $p = 0,05$  (pour les associations significatives, tous les  $p$  sont  $\leq 0,02$ ).

<sup>66</sup> Comme les distributions des densités n'étaient pas normales, les coefficients de corrélation ont été calculés en utilisant un test non paramétrique appliqué sur les rangs (corrélation de Spearman).

Figure 48 : Description des sites au sein des élevages où ont été obtenues les densités maximales pour chacune des 6 espèces de *Culicoides*.

Espèce(s) capturée(s) en forte densité	Photos du site	Captures pour les 6 espèces	Descriptif du site
<i>C. imicola</i>		399 <i>C. newsteadi</i> , 3 565 <i>C. imicola</i> , 6 <i>C. pulicaris</i> , 1 <i>C. lupicaris</i> , 17 <i>C. obsoletus</i> , et 0 <i>C. furcillatus</i>	Dans le champ jouxtant la bergerie : sol nu, très sec, milieu ouvert. Présence de zones arrosées juste à côté. Ces zones restent humides durablement. Présence d'abreuvoirs débordants dans un champ voisin. Présence d'ovins, de caprins et de volailles.
<i>C. newsteadi</i>		2 379 <i>C. newsteadi</i> , 2 074 <i>C. imicola</i> , 11 <i>C. pulicaris</i> , 12 <i>C. lupicaris</i> , 62 <i>C. obsoletus</i> , et 0 <i>C. furcillatus</i>	Dans le champ derrière la bergerie, présence de sol nu, de fumier et de traces de ruissellement d'eau. Grand tas de fumier et pédiluve à proximité immédiate de la bergerie. Zone alentour : prairies maintenues en herbe (arrosage) et vignes.
<i>C. obsoletus</i> , <i>C. lupicaris</i> , <i>C. pulicaris</i> , et <i>C. furcillatus</i>		400 <i>C. newsteadi</i> , 4 <i>C. imicola</i> , 2 716 <i>C. pulicaris</i> , 5 012 <i>C. lupicaris</i> , 2 024 <i>C. obsoletus</i> , et 3 944 <i>C. furcillatus</i>	Bergerie ombragée en bordure d'une chênaie verte, non loin de maisons, sur le versant d'une petite vallée. Milieu semi-fermé au niveau de la bergerie. Dans la vallée, présence de prairies pâturées séparées par des haies.

Bien que les 6 espèces soient toutes hématophages, les effectifs sont beaucoup moins importants dans les pièges posés hors des élevages.

## 2.5. Répartition de *C. imicola* dans et en dehors des élevages

### 2.5.1. Comparaison du statut des pièges (positif/négatif) en fonction de leur lieu de pose (au sein et en dehors des élevages)

Seuls trois pièges hors élevage ont capturés des individus de l'espèce *C. imicola* (pièges positifs). Ils sont situés dans la région de Figari, zone où les densités de *C. imicola* au sein des élevages étaient maximales.

La répartition des pièges positifs/négatifs pour *C. imicola* (tableau 35) est très différente selon que le lieu de pose est situé au sein ou en dehors d'un élevage ( $\chi^2 = 21,5$  pour 1 d.d.l.,  $p < 10^{-5}$ ). La différence en terme de densité de capture de *C. imicola* est également significative (test de Mann et Whitney,  $p < 10^{-7}$ ). Il y avait donc significativement plus de chance de capturer un *C. imicola* en posant un piège au sein d'un élevage qu'en dehors.

Tableau 35 : Tableau de contingence du statut des pièges en fonction de leur lieu de pose.

<i>C. imicola</i>	Nombre de pièges positifs (présence de <i>C. imicola</i> )	Nombre de pièges négatifs (absence de <i>C. imicola</i> )	Total
Nombre de pièges posés au sein des élevages	53	22	75
Nombre de pièges posés en dehors des élevages	3	18	21
Total	56	40	96

Comme 14 *C. imicola* ont été capturés dans 3 pièges hors élevages, deux analyses s'imposaient : i) vérifier que les pièges hors élevage étaient bien éloignés d'autres élevages (non vus sur le terrain) (partie 2.5.2) et ii) analyser l'effet de la distance aux élevages voisins sur la présence de *C. imicola* (partie 2.5.3).

### 2.5.2. Proximité des sites dits « hors élevage » aux élevages

Les sites de pose des 21 pièges dits « hors élevages » ont été choisis directement sur le terrain en évitant la proximité immédiate d'animaux domestiques. Pour autant, des élevages étaient parfois situés non loin de ces sites<sup>67</sup>. La proximité de ces sites avec d'éventuels animaux ou élevages a été évaluée i) *a priori* sur le terrain puis ii) *a posteriori* grâce au SIG.

Sur le terrain, les sites hors élevage et accessibles en voiture ont été difficiles à trouver. Ainsi, 4 sites (sur 21) ont été choisis malgré la présence d'animaux non loin mais non visibles du site ou malgré la présence passée d'animaux<sup>68</sup>. Enfin, dans 2 autres sites hors élevage, quelques animaux (des bovins ou des ovins), non visibles du piège, ont été observés à moins

<sup>67</sup> Ces élevages n'avaient pas été vus sur le terrain.

<sup>68</sup> Pour 2 sites, des animaux étaient présents non loin : i) sur un site des traces d'animaux avaient été repérées sans qu'aucun animal ne soit vu sur le terrain, et ii) sur l'autre site un élevage était présent non loin, mais situé sur un autre versant, aucun animal n'étant visible sur le versant drainé par le piège. Pour 2 autres sites, des animaux avaient été présents par le passé : i) l'un était une ancienne pâture de brebis sans animaux depuis 8 mois ii) l'autre un site avec un abri pour chèvres

d'1 kilomètre au moment de la relève du piège. Ces 6 sites ont toutefois été conservés dans cette analyse car aucun animal n'était dans le « champ de vision » du piège.

Grâce au SIG, la présence d'élevages dans le voisinage des sites hors élevage a été analysée en prenant en compte à la fois les élevages où des piégeages avaient été effectués en juin 2005 (75 sites) et les autres élevages (quelle que soit l'espèce élevée) géoréférencés (n = 404) (figure 49 et tableau 36).

Figure 49 : Localisation des piégeages dits « hors élevage ».

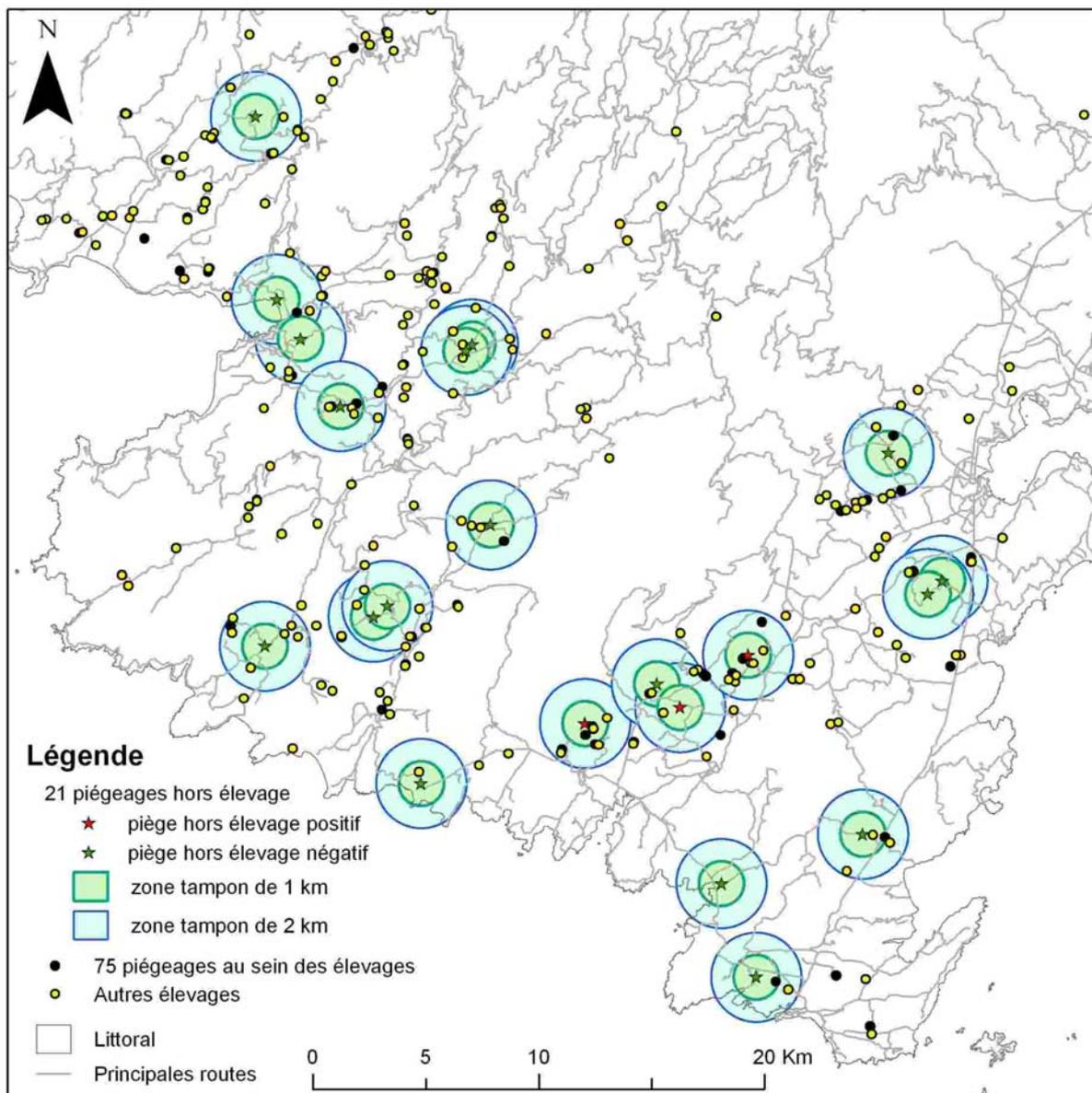


Tableau 36 : Proximité entre les pièges hors élevage et les élevages voisins.

Proximité du piège hors élevage aux élevages voisins	Nb de pièges hors élevage positifs/ Nb total de pièges hors élevage
Aucun élevage dans un rayon de 2 km	0/1
Aucun élevage dans un rayon de 1 km	0/7
Présence d'au moins un élevage dans un rayon de 1 km	3/13
<b>Total</b>	<b>3/21</b>

Hors élevage : lieu de pose hors élevage ; Nb : nombre

La figure 49 et le tableau 36 montrent qu'en réalité de nombreux pièges dits hors élevage étaient situés à moins de 2 km, voire à moins de 1 km d'un élevage. On constate aussi que les 3 pièges hors élevage positifs étaient situés à moins de 1 km d'un élevage. Deux de ces 3 sites correspondent aux sites pour lesquels des animaux avaient été vus non loin du piège au moment de la relève du piège. Une photo et un bref descriptif du lieu de pose sont présentés figure 50.

Figure 50 : Description des 3 sites<sup>69</sup> hors élevage où *C. imicola* a été capturé.

	Site HE positif n° 1 (le plus à l'ouest sur la carte)	Site HE positif n° 2 (au centre sur la carte)	Site HE positif n° 3 (le plus à l'est sur la carte)
Photos du site			
Nombre de <i>C. imicola</i> capturés	4 <i>C. imicola</i>	9 <i>C. imicola</i>	1 <i>C. imicola</i>
Distance au plus proche élevage*	360 m	772 m	292 m
Description du milieu	Milieu ouvert, garrigue avec bruyère, ciste et quelques chênes lièges. Quelques bovins vus non loin au moment de la relève du piège.	Champ ouvert fauché pour les foins (sol nu apparent) entouré pour partie par une haie d'arbres. Piège posé en bordure de champ. Présence de bruyère. Rivière à 300 m.	Milieu fermé arboré. Un talus arboré limite la visibilité. Piège posé à proximité d'un ruisseau. Quelques brebis vues non loin au moment de la relève du piège.

\* Référence : tous élevages géoréférencés ; HE : hors élevage

<sup>69</sup> Ces trois sites sont représentés sur la carte précédente par une étoile rouge (piège hors élevage positif).

Comme, seul un piège hors élevage était situé à plus de 2 km d'un élevage, cette étude ne permet pas de savoir si *C. imicola* peut être présent dans des sites véritablement éloignés des élevages. Néanmoins, elle montre que i) cette espèce peut être capturée, en faible nombre, en posant un piège en dehors du lieu d'élevage (sans vue directe sur les animaux) tout en restant à proximité d'un élevage, ii) il y a de très grandes différences à la fois en nombre de pièges positifs et en nombre de *C. imicola* capturés dans des sites de piégeage situés au sein des élevages par rapport à ceux situés en dehors des élevages. La présence de *C. imicola* semble donc inféodée aux élevages, sans que l'on sache si la présence d'un élevage procure uniquement une ressource alimentaire (présence d'animaux) ou si elle détermine en plus la présence de gîtes larvaires.

### 2.5.3. Effet sur la présence de *C. imicola* de la distance aux élevages du site de piégeage

La distance entre les sites de piégeage dits « hors élevage » et l'élevage le plus proche a été mesurée afin de tester si le statut (positif/négatif) des pièges hors élevage était lié à cette distance. L'effet de la variable distance sur la présence de *C. imicola* a été testé en prenant la variable distance sous forme quantitative et sous forme discrétisée (en 2 classes : inférieure ou supérieure à 1 km). Aucun test n'est significatif au seuil de 0,05<sup>70</sup>. Seule la variable distance sous forme quantitative est significative au seuil de 0,1. Cela pourrait être dû aux faibles effectifs (21 pièges HE dont seulement 3 positifs).

## 3. Résultats de la campagne de piégeage de septembre 2005

L'objectif de cette campagne était d'évaluer si les sites négatifs en juin restaient négatifs en septembre, au moment du pic de densité de *C. imicola*. L'analyse des 12 pièges posés par ailleurs en Corse dans le cadre de la surveillance entomologique continue a confirmé (*a posteriori*) que le pic d'abondance de *C. imicola* avait bien eu lieu en septembre pour l'année 2005 (Direction générale de l'alimentation, 2006).

Tous les pièges négatifs dont le tri était terminé en septembre ont été retenus. Au total, 17 pièges ont été posés dans des sites négatifs en juin, dont 5 au sein d'élevages et 12 hors élevage, et 1 321 *Ceratopogonidae* (*Culicoides* inclus) ont été capturés. Les résultats généraux des captures et la répartition des pièges positifs pour *C. imicola* sont présentés dans

---

<sup>70</sup>Pour la variable distance sous forme quantitative : test de Mann et Whitney,  $p = 0,07$ . Pour la variable distance discrétisée en 2 classes : test de Fisher,  $p = 0,26$ .

les tableaux 37 et 38. Pour 2 pièges posés au sein d'élevages, la lumière ne fonctionnait plus le matin au moment de la relève, mais comme ils semblaient contenir autant d'insectes que les autres, ils ont été conservés.

Alors qu'aucun *C. imicola* n'avait été capturé en juin sur ces 17 sites, en septembre, 140 individus ont été capturés, dont 97 dans les 5 pièges au sein des élevages et 43 dans les 12 pièges hors élevage.

Tableau 37 : Résultats des captures effectuées lors de la campagne de septembre 2005.

Catégorie	Nombre total d'individus capturés (moyenne par piège)			Rapport du nombre d'individus capturés par piège dans et hors élevage
	Total des 5 pièges au sein des élevages	Total des 12 pièges en dehors des élevages	Total des 17 pièges	
<i>Culicoides imicola</i>	97 (19)	43 (4)	140 (8)	5,4
Autres <i>Culicoides</i>	559 (112)	335 (28)	894 (53)	4
Autres <i>Ceratopogonidae</i>	43 (9)	224 (20)	287 (17)	0,4
Total	699 (140)	622 (52)	1321 (78)	2,7

La catégorie « Autres *Culicoides* » comprend tous les *Culicoides* sauf *C. imicola* ; la catégorie « Autres *Ceratopogonidae* » comprend tous les *Ceratopogonidae* sauf les *Culicoides*.

Tableau 38 : Effectifs piégés pour *C. imicola*, les autres *Culicoides* et les autres *Ceratopogonidae*.

Catégorie	Effectifs piégés			Nb. de pièges positifs	Nb. moy. /piège positif
	total	% des captures	Nb. max. /piège		
<i>Culicoides imicola</i>	140	11	89	9	16
Autres <i>Culicoides</i>	894	68	236	15	60
Autres <i>Ceratopogonidae</i>	287	22	69	17	17

Nb. : nombre ; max. : maximal ; moy. : moyen

Parmi les pièges posés au sein des élevages, 3 sur 5 sont devenus positifs en septembre (avec 3, 5 et 89 *C. imicola* capturés) ; parmi ceux posés hors élevage, ce rapport est de 6 sur 12 (avec un seul individu capturé dans 4 pièges, 4 et 35 individus dans les deux autres) (tableau 39)<sup>71</sup>. Certains sites, même au sein des élevages, sont donc restés négatifs (n'ont pas capturé de *C. imicola*) au moment du pic d'abondance de la population. Ces sites sont décrits dans la figure 51.

<sup>71</sup> Les différences ne sont pas significatives : test de Fisher :  $p = 1$ .

Tableau 39 : Effectifs de *C. imicola* piégés dans et en dehors des élevages en septembre.

Catégorie de piège	Nb. de pièges positifs	Nb. d'individus par piège positif		
		minimal	moyen	maximal
Pièges au sein des élevages	3/5	3	32,3	89
Pièges hors des élevages	6/12	1	7,2	35

Nb. : nombre

Figure 51 : Description des 2 sites, au sein des élevages, négatifs en septembre.

Site au sein des élevages	Site négatif n° 1	Site négatif n° 2
Photos du site (juin et septembre)		
Description du milieu	Milieu très ouvert. Prairie sèche et rase (avec sol nu). Animaux présents dans un grand terrain et pouvant accéder d'eux mêmes à la bergerie. Pas de garantie qu'ils soient restés à proximité du piège pendant la nuit. La lumière du piège ne fonctionnait pas le matin au moment de la relève (néanmoins présence d'insectes dans le pot)	Prairie ouverte. Par endroits présence d'herbes hautes sèches, à d'autres endroits herbe rase encore verte. Milieu particulièrement propre et soigné.

## 4. Éléments de discussion

### 4.1. Discussion sur le recueil des données entomologiques

La campagne principale a été organisée en juin, c'est-à-dire au début de la saison d'activité du vecteur, afin d'identifier les sites les plus favorables à *C. imicola*. Elle permettait aussi de tester l'existence d'un phénomène de débordement en Septembre (cf. partie 1.1). Le choix du mois de juin rend l'approche plus spécifique et moins sensible : on espère ainsi ne caractériser que les sites les plus favorables (on diminue les sites faux positifs), au détriment des sites moyennement favorables, dont une partie est considérée comme négatifs (il y a des faux négatifs).

Les pièges aspirants à lumière noire sont les pièges les plus fréquemment utilisés pour capturer des *Culicoides*. La lumière noire est trois fois plus efficace que la lumière blanche pour capturer *C. imicola* (Venter & Hermanides, 2006). L'efficacité du piège OVI en fait un piège de choix pour augmenter la sensibilité (probabilité de capturer le vecteur) d'un système

de surveillance dans les zones où la densité de vecteurs est faible (Goffredo & Meiswinkel, 2004). Néanmoins, il a été montré que les pièges aspirants à lumière noire et dégageant du CO<sub>2</sub> étaient encore plus efficaces pour attirer *Culicoides variipennis* (Anderson & Linhares, 1989). À notre connaissance, ils n'ont pas été testés sur *C. imicola*. Les pièges utilisant des diodes électroluminescentes (DEL) émettant dans différentes longueurs d'ondes ont été testés en Australie ; les différences sont significatives selon les espèces ; certaines, dont *C. brevitarsis*, sont plus attirées par les DEL émettant dans le vert, d'autres par celles émettant dans l'ultraviolet (lumière noire) (Bishop *et al.*, 2006). Là encore, à notre connaissance, ces pièges n'ont pas été testés sur *C. imicola*.

Quelle que soit la méthode de piégeage mise en œuvre, les individus capturés ne représentent qu'une part, non connue, de la population présente. Ainsi, les sites dits négatifs sont des sites pour lesquels aucun *C. imicola* n'est capturé compte tenu de la sensibilité du piège et non des sites où aucun individu n'est présent. La lumière des pièges ne semble pas être le seul facteur permettant d'expliquer son attractivité pour les *Culicoides* ; l'attraction créée par les hôtes, par exemple, intervient également (Meiswinkel *et al.*, 2000). Pour réduire ces potentiels biais d'échantillonnage i) les mêmes pièges ont été utilisés sur tous les sites, ii) les piégeages ont eu lieu sur une courte période de temps afin que les conditions de piégeages restent similaires, iii) les pièges ont été disposés de la même façon dans tous les sites, notamment au sein des élevages, où ils étaient posés à proximité des ovins.

De manière générale, pour estimer l'abondance de *C. imicola*, il est préférable de poser les pièges plusieurs nuits successives et de conserver la nuit où le maximum d'individus a été capturé (Baylis *et al.*, 2004). Il n'a été possible de poser les pièges qu'une seule nuit par site, pour des raisons logistiques, et surtout à cause du temps nécessaire pour trier et identifier les insectes capturés. Comme les piégeages ont été ensuite classés en positifs/négatifs, et non étudiés en terme d'abondance, les variations quotidiennes d'abondance ont un effet moindre. Néanmoins, dans les zones où les populations étaient limitées, piéger une seule nuit a pu diminuer la sensibilité de la méthode.

## **4.2. Discussion sur les résultats des captures**

### **4.2.1. Répartition et abondance des espèces**

La distribution des effectifs et la répartition des pièges positifs montrent le caractère commun et largement réparti des *Ceratopogonidae* autres que *Culicoides* (91/96 pièges sont positifs) et surtout des *Culicoides* autres que *C. imicola* (94/96 pièges positifs). Au contraire,

la distribution de *C. imicola* est hétérogène. Le critère le plus important qui détermine cette hétérogénéité semble être le positionnement ou non au sein d'un élevage puisque la probabilité de capture d'au moins un individu *C. imicola* est beaucoup plus élevée au sein d'un élevage qu'en dehors (respectivement 0,71 *versus* 0,14) et que les pièges au sein des élevages ont permis de capturer 232,5 fois plus de *C. imicola* que ceux en dehors.

Cependant, même parmi les pièges posés au sein des élevages, la distribution de cette espèce montre une hétérogénéité importante. Cette hétérogénéité pourrait être due i) à une introduction récente de *C. imicola* en Corse (les populations n'auraient pas eu le temps de coloniser tous les sites disponibles), ou bien ii) à un nombre réduit de sites favorables.

La date d'introduction de *C. imicola* n'est pas connue. Cet insecte est décrit pour la première fois en Corse en 2000 (Delécolle & de La Rocque, 2002) mais il aurait pu être présent avant. La question de la présence de *C. imicola* dans le sud de l'Europe préalablement à 1998 ou de sa propagation récente vers le nord est débattue (Meiswinkel *et al.*, 2007). Il semblerait qu'à certains endroits *C. imicola* ait été présent avant 1998, alors qu'ailleurs, comme dans le Var par exemple, son arrivée a été détectée et son installation suivie dans le temps. Pour la Corse, il est difficile de savoir si cette espèce est présente depuis longtemps ou si elle est arrivée peu avant l'année 2000, car la précédente étude portant sur les *Culicoides* de Corse date du début des années 1970. Les *Culicoides* avaient alors été obtenus soit par piège de jour soit par éclosion à partir de boues de gîtes larvaires rapportées au laboratoire (Kremer *et al.*, 1971). Aucun *C. imicola* n'avait été capturé ou obtenu au laboratoire.

La présence de *C. imicola* du nord au sud de l'île dès juin 2001 (CIRAD *et al.*, 2001) montre néanmoins une capacité de diffusion importante qui ne soutient pas l'hypothèse d'une introduction récente. D'autres auteurs décrivent également une distribution « mitée » (fragmentée, sous forme d'îlots) de *C. imicola* dans des zones où il est abondant (Conte *et al.*, 2007 ; Meiswinkel *et al.*, 2007 ; Walker, 1977), ce qui est en faveur de la seconde hypothèse (nombre réduit de sites favorables). Cette seconde hypothèse est aussi renforcée par le fait que parmi les sites au sein des élevages négatifs en juin, 2/5 demeurent négatifs en septembre. Cela confirme que la campagne de juin a effectivement permis de classer comme positifs uniquement les sites très favorables au vecteur.

Le genre *Culicoides* représente 96,4 % des *Ceratopogonidae* capturés. Dans le monde, un peu plus de 5 400 espèces de *Ceratopogonidae* sont décrites ; le genre *Culicoides*, avec 1 254 espèces, totalise environ 23 % des espèces de *Ceratopogonidae* (Delécolle, 2004). Ainsi, les espèces de *Culicoides* prédominent dans les piégeages du fait de leur abondance et non de leur variété. Cette prédominance peut s'interpréter de deux façons. Soit il s'agit d'une

prédominance vraie : le genre *Culicoides* est le principal genre de *Ceratopogonidae* en Corse ; soit, plus vraisemblablement, les pièges utilisés capturent principalement des *Culicoides*. Une proportion plus élevée de femelles est capturée chez les *Culicoides* (96 %) que chez les autres genres. Cela pourrait traduire le fait que le piège attire les femelles en recherche d'hôte et donc les espèces hématophages, soit en jouant le rôle d'hôte de substitution, soit en capturant les insectes en activité autour des animaux.

Six espèces de *Culicoides* représentent plus de 5 % des captures et l'étude de leurs distributions montre que *C. newsteadi*, *C. pulicaris* et *C. obsoletus* sont largement répartis alors que *C. imicola*, *C. lupicaris* et *C. furcillatus* semblent avoir des exigences écologiques plus strictes. Des différences de dynamique de population, entraînant des périodes de pics de densité différentes, pourraient aussi éventuellement expliquer une partie des différences observées. Ces espèces ayant été peu étudiées, en particulier *C. lupicaris* et *C. furcillatus*, leur dynamique saisonnière, notamment en Corse, reste méconnue. Malgré cette distribution hétérogène, *C. imicola* est la deuxième espèce de *Culicoides* la plus abondante. Cela montre que, dans les sites où il est présent, il peut atteindre des densités très importantes (jusqu'à 3 579 individus par piège et par nuit, ce nombre pouvant dépasser les 10 000 individus à des périodes plus favorables en Corse<sup>72</sup>). Ainsi, dans certains sites, les conditions écologiques très favorables au développement de cette espèce semblent être réunies.

La description des sites où les densités maximales de ces 6 espèces de *Culicoides* ont été capturées semble montrer que *C. imicola* est une espèce adaptée aux milieux ouverts, confirmant les observations réalisées en Calabre (Italie) (Conte *et al.*, 2007). Le site où cette espèce est la plus abondante comporte de la végétation sèche (herbes sèches et sol nu), mais étant néanmoins à proximité de sources d'humidité, ici un arrosage automatique et des abreuvoirs débordant dans les champs. L'ouverture du milieu ainsi que la pluviométrie semblent importantes pour décrire la répartition de *C. imicola* en Afrique : en effet, cette espèce prédomine dans les savanes ouvertes et arborées où la pluviométrie est moyenne (comprise entre 300 et 750 mm/an) et n'est pas répertoriée dans les forêts tropicales plus humides (Meiswinkel & Baylis, 1998). Il ne serait cependant pas retrouvé à proximité immédiate de la côte, où les sols sont sableux et où l'eau est très rapidement drainée (Meiswinkel & Baylis, 1998). Les précipitations annuelles moyennes rencontrées en Corse pour les zones où les piégeages ont eu lieu sont comprises entre 500 et 900 mm (Bruno *et al.*,

---

<sup>72</sup> Par exemple le 19/06/2003, 11 330 *C. imicola* ont été capturés en une nuit dans la région de Figari. Source : [http://blue-tongue.cirad.fr/resultats\\_entomologiques/DetailCampagne.php?Idx\\_Campagne=2APL5-22](http://blue-tongue.cirad.fr/resultats_entomologiques/DetailCampagne.php?Idx_Campagne=2APL5-22)

2001), au moins une partie de ces zones offre donc des conditions de pluviométrie acceptables pour *C. imicola*.

La description de ces sites montre aussi que les milieux favorables à *C. newsteadi* semblent être relativement similaires à ceux favorables à *C. imicola*, et qu'à l'inverse, *C. obsoletus*, *C. lupicaris*, *C. pulicaris* et *C. furcillatus* semblent prédominer dans des milieux fermés et ombragés. Pour *C. obsoletus*, cela pourrait s'expliquer par le fait que ses gîtes larvaires sont constitués de litières de feuilles mortes (Meiswinkel *et al.*, 2007). Des études plus abouties portant sur des sympatries (espèces occupant des aires géographiques chevauchantes) et allopatries (espèces occupant des aires non chevauchantes) chez les *Culicoides* doivent être mises en place pour préciser ces résultats préliminaires.

#### 4.2.2. Répartition des *Culicoides* et de *C. imicola* au sein et en dehors des élevages

Pour les 6 espèces de *Culicoides*, les effectifs capturés sont au moins 10 fois plus élevés lorsque les pièges sont posés au sein des élevages. Ces résultats posent la question de l'attractivité du piège en dehors des élevages. En effet, deux situations sont possibles : i) ces espèces, hématophages, sont inféodées aux élevages et ne se retrouvent pas en dehors des élevages ou ii) le piège n'attire pas ou peu les *Culicoides*, il ne capture que les insectes en activité dans son voisinage.

L'analyse détaillée des sites hors élevage montre qu'il n'y avait finalement qu'un seul piège hors élevage situé à plus de 2 km d'un élevage. Cette situation résulte pour partie du fait que les pièges hors élevage étaient posés les mêmes nuits que les pièges au sein des élevages. Comme l'objectif était de poser un maximum de pièges par nuit, aucun piège n'a été posé très loin des autres. Poser les pièges hors élevage au cours de nuits différentes risquait de biaiser la comparaison avec les pièges posés au sein des élevages si les conditions météorologiques changeaient. Trouver des sites hors élevage accessibles par la route s'est avéré difficile sur le terrain. Si une nouvelle étude devait être organisée, il serait préférable de rechercher à l'avance et en fonction de la localisation de tous les élevages géoréférencés, des sites hors élevage accessibles par la route pour chaque nuit.

Cette étude ne permet donc pas de savoir si *C. imicola* peut être présent dans des sites véritablement éloignés des élevages. Néanmoins, elle montre i) que cette espèce peut être capturée, en faible nombre, en posant un piège en dehors du lieu d'élevage (sans vue directe sur les animaux) tout en restant à proximité d'un élevage, et que ii) il y a de très grandes différences à la fois en nombre de pièges positifs et en densité de *C. imicola* capturés entre les

sites de piégeage situés au sein des élevages par rapport à ceux situés en dehors des élevages. Deux explications peuvent être envisagées.

La première explication pourrait être liée à une différence vraie, c'est-à-dire que la présence de *C. imicola* est inféodée aux élevages. Dans ce cas, les animaux peuvent conditionner la présence de *C. imicola*, en tant qu'hôtes nourriciers et/ou en rendant l'environnement favorable à *C. imicola* en permettant la présence de gîtes larvaires.

Si la disponibilité en hôte est déterminante, cela suggérerait que les préférences trophiques de *C. imicola* sont relativement strictes et tournées vers les ruminants domestiques. Si la présence de gîtes larvaires est déterminante, cela laisserait supposer que la présence d'animaux est nécessaire à la constitution des gîtes. La présence d'animaux pourrait permettre la constitution de gîtes par le biais de leurs déjections, comme c'est le cas pour plusieurs autres espèces de *Culicoides* vecteurs de FCO : *C. brevitarsis* et *C. wadai* en Asie du Sud-Est et en Australie, *C. bolitinos* en Afrique du Sud et *C. dewulfi* en Europe du Nord (Meiswinkel *et al.*, 2007). Cependant il paraît peu probable que, si tel était le cas, de tels gîtes n'aient pas été mis en évidence (*cf.* chapitre 3). Si *C. imicola* ne pond pas directement dans les déjections, la présence de déjections, éventuellement associée à d'autres éléments, pourrait néanmoins contribuer à la constitution de gîtes larvaires.

La capacité de vol limitée de *C. imicola* pourrait expliquer que les zones favorables sont déterminées par la concentration d'hôtes et par la présence de gîtes larvaires favorables (les élevages fournissant alors ces conditions). À titre d'illustration, la répartition des phlébotomes, diptères hématophages au rayon de vol limité, est déterminée par des gîtes de repos calmes, une proximité avec des hôtes et l'existence de gîtes de ponte propice. Ces conditions sont par exemple recueillies dans un terrier (Rodhain & Perez, 1985). Au contraire, la répartition d'autres diptères hématophages, ayant une capacité de vol supérieure, est conditionnée principalement par l'environnement : par la végétation des galeries forestières pour les glossines riveraines (de La Rocque *et al.*, 2001c), par les gîtes larvaires chez les moustiques ou les simulies (Rodhain & Perez, 1985), la disponibilité en hôtes n'étant *a priori* pas un facteur limitant, bien qu'elle puisse moduler la distribution des populations. Néanmoins, il existe aussi des *Ceratopogonidae*, dont des *Culidoides*, dont la répartition est clairement déterminée par l'habitat : par exemple, les larves de *C. impunctatus* sont associées aux sols acides des tourbières (Callot *et al.*, 1974), celles de *C. molestus*, en Australie, se développent dans le sable (Kettle, 1990).

La seconde explication pourrait être que la différence observée est liée à un biais d'échantillonnage : des populations de *C. imicola* sont présentes dans des formations loin des

élevages, mais le piège est peu attractif pour *C. imicola*. En effet, les pièges dans les élevages sont posés à proximité des animaux, qui pourraient être de véritables attracteurs. Le piège utilisé (aspirant à lumière noire) reste néanmoins le piège le plus sensible (permettant de capturer les effectifs les plus importants) pour la capture de *C. imicola*. Toutefois, d'autres pièges existants, notamment ceux à lumière noire et diffusant du CO<sub>2</sub> pourraient être testés sur *C. imicola* à la fois au sein et en dehors des élevages.

En résumé, cette différence de capture soulève de nombreuses questions, auxquelles certains protocoles entomologiques pourraient en partie répondre. Un maillage de 8 pièges autour d'une bergerie où des animaux étaient présents a été mis en œuvre en Corse. L'objectif initial était d'estimer les densités dans le voisinage de la bergerie, dans l'espoir d'orienter les recherches sur les gîtes larvaires. Cette étude préliminaire n'est pas présentée ici en détail car la présence de vent pendant la nuit de piégeage a vraisemblablement biaisé les résultats. L'étude doit donc être répétée dans de meilleures conditions météorologiques avant d'être analysée de façon plus précise. Néanmoins, en première analyse, on peut constater que le piège posé à proximité immédiate de la bergerie a capturé plus de 1 000 *C. imicola*, alors que les autres pièges (situés entre 70 et 1 000 mètres de la bergerie) n'en ont capturé en moyenne que 21 (au maximum 53) (annexe 16).

Cette étude montre que *C. imicola* prédomine à proximité immédiate de la bergerie. Malgré de nombreuses tentatives pour identifier des gîtes larvaires autour de cet élevage, seules 4 larves de *C. imicola* ont pu être récoltées, à quelques mètres de la bergerie (quelques années auparavant). De plus, le piège localisé à proximité immédiate de la bergerie a capturé proportionnellement plus de mâles (27 %, alors que la moyenne est de 12 % pour les 7 autres pièges) et de moins de femelles pares (le taux de parturité des femelles est de 0,5 au lieu de 0,9 en moyenne pour les autres pièges), ce qui conforte l'hypothèse que, pour cet élevage, le gîte larvaire est situé à proximité immédiate de la bergerie. Ainsi, l'étude ne permet pas de conclure si le nombre de *C. imicola* est très élevé à proximité immédiate de la bergerie parce que c'est le site le plus proche du gîte larvaire ou si c'est le seul effet du piège posé à côté des animaux<sup>73</sup>. Pour prolonger cette étude, un protocole expérimental fondé sur un carré latin (comparaison des captures sur un site où les animaux, habituellement présents, ont été enlevés *versus* ceux d'un site habituellement sans animaux et où l'on amène des animaux) pourrait être envisagé. Il permettrait de savoir si un dispositif piège/animaux est capable de capturer des *C. imicola* dans un environnement hors élevage.

---

<sup>73</sup> Dans ce cas ces pièges permettraient d'échantillonner les femelles cherchant à piquer les animaux, mais pas la population de *C. imicola* présente en un lieu donné.

#### *4.2.3. Piégeages réalisés en septembre*

Un phénomène de débordement semble exister puisque la moitié des pièges qui n'avaient pas capturé de *C. imicola* en juin, qu'ils soient posés au sein ou en dehors des élevages, en ont capturé en septembre. Bien que rares, certains sites, même au sein des élevages, restent toutefois négatifs au moment du pic de densité. La description de ces sites n'a pas permis de proposer une hypothèse permettant d'expliquer ce résultat.

## Résumé

En juin 2005, 96 pièges aspirants à lumière noire ont été posés au sein des élevages (n = 75) et en dehors des élevages (n = 21). Une seconde campagne, plus restreinte, a été effectuée en septembre dans 17 sites négatifs en juin.

Au cours de la campagne principale, 67 704 *Ceratopogonidae*, dont 96 % de *Culicoides*, ont été capturés. Parmi les 59 espèces de *Culicoides* capturés, 6 espèces représentent à elles seules au moins 5 % des captures : *C. newsteadi*, *C. imicola*, *C. lupicaris*, *C. pulicaris*, *C. obsoletus*, et *C. furcillatus*. Bien qu'étant la deuxième espèce de *Culicoides* la plus abondante, *C. imicola* n'est présent que dans 56 sites de piégeages sur 96. Il est essentiellement (99,9 %) capturé au sein des élevages : la probabilité de capture d'au moins un individu *C. imicola* est beaucoup plus élevée au sein d'un élevage qu'en dehors (respectivement 0,71 versus 0,14) et le nombre d'individus capturés est 232,5 fois plus important pour les pièges posés au sein des élevages que pour ceux en dehors.

La répartition de *C. imicola* pour les pièges posés au sein des élevages est hétérogène. Les effectifs semblent suivre un gradient de densité croissante nord-sud. Le site où le nombre de *C. imicola* le plus élevé a été obtenu est situé dans la région de Figari ; sur ce site, le milieu est ouvert et composé de végétation sèche ou de sol nu, mais des sources artificielles d'humidité sont présentes à proximité.

La comparaison des piégeages réalisés au sein et en dehors des élevages ne permet pas de savoir si *C. imicola* peut être présent dans des sites véritablement éloignés des élevages. Néanmoins, i) cette espèce peut être capturée, en faible nombre, en posant un piège en dehors du lieu d'élevage (sans vue directe sur les animaux) tout en restant à proximité d'un élevage et ii) il y a de très grandes différences, à la fois en nombre de pièges positifs ( $p < 10^{-5}$ ) et en densité de *C. imicola* capturés ( $p < 10^{-7}$ ), entre les sites de piégeage situés au sein des élevages et ceux situés en dehors des élevages. Deux hypothèses peuvent expliquer ces différences de densité : soit *C. imicola* est inféodé aux élevages, soit le piège est peu attractif pour *C. imicola* (il n'attirerait que les individus déjà présents sur place du fait de la présence d'animaux). *Culicoides imicola* pourrait être inféodé aux élevages notamment si les zones favorables sont déterminées par la concentration d'hôtes et par la présence de gîtes larvaires favorables. Cela pourrait être expliqué par la faible capacité de vol des *Culicoides*.

Le chapitre suivant présente « l'approche vecteur », effectuée à partir des 75 pièges

## Chapitre 8

### Approche vecteur

*Afin d'identifier les zones à risque de présence de *C. imicola*, les données entomologiques provenant des 75 piégeages effectués en juin 2005 en Corse du Sud (décrites dans le chapitre précédent) ont été mises en relation avec les données environnementales (décrites dans le chapitre 5). Dans un premier temps, les résultats des analyses statistiques mises en œuvre pour modéliser le lien entre vecteur et environnement et la validation des modèles obtenus en Corse et dans le Var sont présentés (1). Ces modèles sont ensuite discutés (2).*

#### 1. Modélisation statistique du risque de présence de *C. imicola*

Afin de caractériser les zones favorables à *C. imicola*, principal vecteur de FCO en Corse, les données entomologiques issues des piégeages effectués au sein des élevages en Corse du Sud (chapitre 7) ont été mises en relation avec les données environnementales (chapitre 5) au travers de modèles statistiques établis pour les trois échelles de voisinage en employant la même méthode que pour les données épidémiologiques (chapitre 6). L'objectif était d'expliquer le statut positif/négatif (présence/absence de *C. imicola*) par les variables environnementales et les caractéristiques propres aux élevages. L'approche vecteur a ainsi été construite de façon parallèle à l'approche maladie.

Pour des raisons d'homogénéité et de simplicité, seuls les 75 pièges posés au sein des élevages ont été pris en compte. En effet, l'absence d'animaux influençant fortement le statut positif/négatif des pièges, risquait de rendre délicate l'analyse du caractère favorable ou défavorable de l'environnement. Ces pièges sont localisés à la fois dans l'extrême sud de la Corse et dans la région d'Ajaccio. Ils ont été répartis en deux groupes par tirage aléatoire stratifié par nuit (afin d'assurer une répartition homogène dans le temps et dans l'espace des pièges des deux groupes) : i) un groupe d'apprentissage de 60 pièges a servi à construire les modèles et ii) un groupe de 15 pièges a été utilisé pour la validation externe des modèles.

Les deux groupes ont été comparés pour toutes les variables environnementales (aux trois échelles de voisinage : 500 m, 1 km et 2 km), les caractéristiques d'élevage et pour la

présence de *C. imicola* en analyse monovariée afin de vérifier qu'ils n'étaient pas significativement différents<sup>74</sup>.

Comme précédemment, les analyses statistiques monovariées (1.1) et multivariées (1.2) ont été effectuées (en utilisant le logiciel Systat®) et l'autocorrélation spatiale des résidus des modèles évaluée (avec le logiciel R) (1.3). Puis, les modèles ont été validés en interne et en externe en Corse (sur les 15 pièges de validation) en calculant l'aire sous la courbe ROC (1.4). Des analyses complémentaires (1.5) ont été menées afin d'établir des modèles sans coordonnées géographiques. La valeur prédictive de ces derniers a été testée sur des piégeages effectués dans le Var en 2006 (1.6).

## ***1.1. Analyses statistiques monovariées***

### ***1.1.1. Méthode***

Les variables qualitatives et quantitatives (continues et recodées en tertiles) ont été testées de manière similaire à l'approche maladie (chapitre 6, partie 2.1.1), et les mêmes seuils de significativité ont été choisis ( $p = 0,15$  en analyse monovariée,  $p = 0,1$  pour les analyses multivariées).

Toutefois, parmi les variables explicatives, deux différences concernant les caractéristiques propres des élevages sont à signaler.

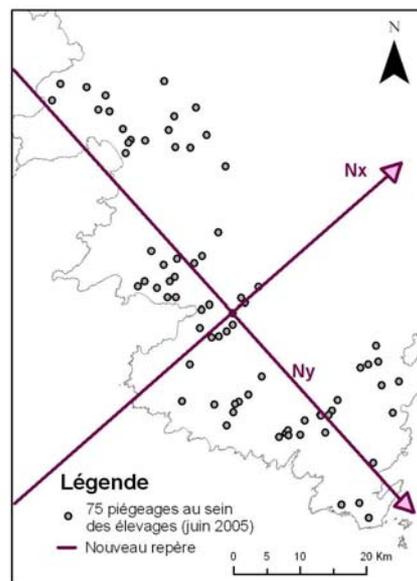
Tout d'abord, des informations complémentaires ont été recueillies sur le terrain : les espèces animales présentes (ovins, bovins, caprins, équins, porcs et volailles), leur nombre (estimé sur le terrain) et le type de race ovine (race élevée pour le lait ou pour la viande). Compte tenu de la diversité des espèces animales présentes, trois nouvelles variables ont été créées pour caractériser les élevages : « mixte/non », « ayant une autre espèce attractive/non » et « mixte avec une espèce potentiellement réservoir/non ». Les élevages étaient considérés comme « mixte » si une autre espèce animale était élevée sur place en plus des ovins ; ils étaient considérés comme ayant « une autre espèce attractive » si, en plus des ovins, étaient élevés sur place des caprins, des bovins et/ou des équins; ils étaient considérés comme « mixte avec une espèce potentiellement réservoir » si, en plus des ovins, étaient élevés sur place des caprins et/ou des bovins.

---

<sup>74</sup> Les deux groupes ne diffèrent que pour quelques variables. À 500 m, ils diffèrent pour la longueur de réseau hydrographique ( $p < 0,05$ ) et le pourcentage de prairies ( $p < 0,1$ ). À 1 km, ils diffèrent pour la longueur de réseau hydrographique et l'indicateur d'ensoleillement ( $p < 0,15$ ). À 2 km, ils diffèrent pour NDVI moyen, NDVI minimum, et LSI Eau ( $p < 0,05$ ), pour l'altitude ( $p < 0,1$ ) et pour la présence de bovins, la longueur du réseau hydrographique et le LSI ( $p < 0,15$ ).

Ensuite, comme les piégeages étaient distribués selon un axe nord-ouest/sud-est, leurs coordonnées géographiques présentaient une forte corrélation (coefficient de corrélation de Pearson =  $-0,79$ ,  $p < 10^{-4}$ ), ce qui rendait les modèles instables. Etant donné l'importance de la variable latitude dans l'approche maladie et l'hypothèse relative à un effet source en Sardaigne, un nouveau repère a été établi. Dans l'ancien repère (projection en Lambert IV cartographique), le centre de gravité et la pente de la droite de régression de X sur Y ont été calculés. Un nouvel axe ( $Ny$ ) a été défini avec comme orientation cette pente et comme origine le centre de gravité. Le second axe ( $Nx$ ), perpendiculaire au premier et avec la même origine, a ensuite été établi (figure 52). Les nouvelles coordonnées ( $NX$ ,  $NY$ ) des sites de piégeage dans ce nouveau repère ont été intégrées comme variables dans l'analyse statistique.

Figure 52 : Nouveau repère.



### 1.1.2. Résultats

Les analyses statistiques monovariées ont permis de sélectionner 27 variables (sur 53 variables initiales) significativement ( $p < 0,15$ ) associées à la présence de *C. imicola* (tableau 40). Les résultats détaillés des analyses monovariées pour chaque taille de voisinage (avec les sens de variation et les seuils de significativité) sont présentés en annexe 17.

Tableau 40 : Liste des variables retenues lors des analyses monovariées (seuil 0,15).

Type	Variable		Nom abrégé
<b>Caractéristiques des élevages</b>	Axe des pièges	NY (continu)	NY
	Axe perpendiculaire	NX (continu)	NX
	Présence de bovins	Présence de bovins	D_BOVINS
	Altitude	Altitude moyenne	T_ALT
	Ensoleillement	Ensoleillement moyen	T_SOLEIL
<b>Altimétrie, hydrographie et NDVI</b>	Pente	Pente moyenne (continu)	PENTE_moy
	Réseau hydrographique	Longueur du réseau	T_LHYDRO
		NDVI minimal	T_NDVI_min
	NDVI	NDVI moyen (continu)	NDVI_moy
		NDVI maximal	T_NDVI_max
<b>Occupation du sol</b>	Pourcentage de surface occupée par chaque classe	% Maquis, garrigue et forêt	T_MGF
		% Prairie arborée	T_PAR
		% Végétation arbustive rase	T_VAR
		% Zone non végétalisée	T_ZNV
		% Eau (continu)	P_EAU
<b>Variables paysagères - échelle zone tampon</b>		Patch density	T_PD
		Landscape shape index	T_LSI
		Patch Richness Density (continu)	PRD
		Simpson's Diversity Index (continu)	SIDI
<b>Variables paysagères - échelle classe</b>	<b>Nombre d'entités (number of patches, NP)</b>	NP maquis, garrigue, et forêt	T_MGF_NP
		NP prairie arborée	T_PAR_NP
		NP végétation arbustive rase	T_VAR_NP
		NP zone non végétalisée	T_ZNV_NP
	<b>Landscape Shape Index (LSI)</b>	LSI maquis garrigue forêt	T_MGF_LSI
		LSI prairie arborée (continu)	PAR_LSI
	LSI végétation arbustive rase	T_VAR_LSI	
	LSI zone non végétalisée (continu)	ZNV_LSI	

variable continue  
 variable discrète  
 T\_ : tertile

## 1.2. Analyses statistiques multivariées

De même que, pour l'approche maladie, l'analyse multivariée a nécessité, dans une première phase, de regrouper les variables en 6 groupes thématiques et de rechercher les variables significatives par groupe, avant de tester ensemble toutes les variables significatives par groupe. Les résultats détaillés (variables proposées et retenues pour chaque taille de voisinage et pour chaque groupe) sont présentés en annexe 18. Les variables significatives par groupe (en gris foncé dans le tableau 41) ont ensuite été testées ensemble.

Tableau 41 : Liste des variables retenues lors des analyses multivariées par groupe (seuil 0,1).

Variables retenues lors de l'analyse multivariée par groupes		Taille de voisinage		
		500 m	1 km	2 km
Axe des pièges (continu)	NY	*	*	*
Présence de bovins	D_BOVINS			X
NDVI minimal	NDVI_min	X	X	
NDVI moyen (continu)	NDVI_moy			
% de Maquis, garrigue et forêt	T_MGF	X	X	
% Végétation arbustive rase	D/T_VAR	X	*	X
% Zone non végétalisée	T_ZNV			X
Patch Richness Density (continu)	PRD	*	X	X
Simpson's Diversity Index (continu)	SIDI	X		*
Nombre d'entités de maquis, garrigue et forêt	T_MGF_NP	X		X
Nombre d'entités de végétation arbustive rase	T_VAR_NP		X	
Nombre d'entités de zones non végétalisée	T_ZNV_NP			
Landscape Shape Index de maquis, garrigue et forêt	T_MGF_LSI	X		
Landscape Shape Index de végétation arbustive rase	T_VAR_LSI			X
Landscape Shape Index de zones non végétalisée (continu)	ZNV_LSI		*	

	variable continue
	variable discrétisée (tertiles)
X	variable non significative par groupe pour la taille de voisinage considérée
	variable significative ( $p \leq 0,1$ ) lors de l'analyse par groupe
*	variable significative ( $p \leq 0,1$ ) lors de l'analyse par groupe puis tous groupes confondus
	variable non proposée à l'échelle de voisinage considérée (car le pourcentage de végétation arbustive rase étant codé en 2 classes à 500 mètres, les variables VAR_NP et VAR_LSI sont redondantes (en effet, elles reprennent la discrétisation en présence/absence de D_VAR)

Les odds ratios et leur intervalle de confiance à 90 % associés à chaque variable significative ( $p \leq 0,1$ ) des analyses multivariées tous groupes confondus sont présentés dans le tableau 42.

Tableau 42 : Modèles statistiques de présence de *C. imicola* dans les élevages (seuil 0,1).

Variable • classe	Taille de voisinage					
	500 m		1 km		2 km	
	OR (IC 90 %)	p	OR (IC 90 %)	p	OR (IC 90 %)	p
<b>Axe des pièges NY</b> (en m)	<b>1,00009</b> (1,00004 – 1,0001)	0,002	<b>1,0001</b> (1,00003 – 1,0002)	0,025	<b>1,00006</b> (1,00003 – 1,0001)	0,004
<b>Patch Richness Density</b>	<b>4,1806</b> (1,798-9,719)	0,005	-	-	-	-
<b>Végétation arbustive rase</b> (en %)						
• Valeurs faibles (T1)	-	-	<b>1</b>	-	-	-
• Valeurs moyennes (T2)	-	-	<b>107,921</b> (3,806 – 3060,463)	0,021	-	-
• Valeurs élevées (T3)	-	-	<b>20,824</b> (1,205 – 359,875)	0,080	-	-
<b>LSI de zone non végétalisée</b>	-	-	<b>1,677</b> (1,095 – 2,567)	0,046	-	-
<b>Simpson's Diversity Index</b> (%)	-	-	-	-	<b>1,122</b> (1,052 – 1,195)	0,003

Constante  $\alpha = -5,3263$  pour le modèle avec un voisinage de 500 m,  $-1,6370$  pour 1 km et  $-6,2657$  pour 2 km.  
T : tertiles ; OR: odds ratio ; IC 90 % : intervalle de confiance à 90 %.

Le tableau 43 présente les OR des variables quantitatives calculés pour des étendues différentes de 1. La variable « Patch Richness Density » n'est pas présentée car l'intervalle de variation inter-tertile est proche de 1.

Tableau 43 : Odds ratios associés à une variation dont l'étendue est différente de 1.

Variable quantitative (échelle de voisinage)	Intervalle de variation*	OR (IC 90 %)
NY (500 m)	10 km	1,0009 (1,0004 – 1,001)
NY (1 km)	10 km	1,001 (1,0003 – 1,002)
LSI de zone non végétalisée (1 km)	2	2,81 (1,20 – 6,59)
NY (2 km)	10 km	1,0006 (1,0002 – 1,001)
Simpson's Diversity Index (2 km)	5	1,78 (1,29-2,44)

\*nombre d'unités

Les trois modèles développés pour les différentes tailles de zones tampons autour des pièges incluent respectivement 2, 3 et 2 variables. Ils intègrent tous la variable NY (qui représente les coordonnées des sites de piégeage selon l'axe Ny, l'axe des pièges) ainsi qu'une variable paysagère.

Aux trois échelles de voisinage, plus les pièges sont proches de la Sardaigne sur l'axe Ny, plus la probabilité de présence de *C. imicola* est élevée ( $p < 0,05$  pour un voisinage de 1 km, et  $p < 0,01$  pour les voisinages de 500 m et 2 km).

La variable densité de richesse des entités (PRD, Patch Richness Density) est sélectionnée dans le modèle à 500 m, comme lors de l'approche maladie. À 2 km, l'indice de diversité de Simpson (SIDI) est également associé positivement à la probabilité de présence de *C. imicola*. Pour ces deux indices (PRD et SIDI) relatifs à la diversité des entités, plus l'environnement présente une diversité importante, plus la probabilité de capturer au moins un *C. imicola* est élevée.

Comme dans l'approche maladie, pour le modèle à 1 km, la présence de végétation arbustive rase est associée à un risque de présence du vecteur plus élevé. Ici la variable est codée en tertiles (et non en présence/absence comme dans l'approche maladie). Le premier tertile regroupe les sites de piégeage dans lesquels la végétation arbustive rase est absente. Le tertile associé au risque le plus fort (OR = 107,9) est celui comprenant des valeurs moyennes de pourcentage de sol occupé par ce type de végétation (entre 0,1 et 5,3 % de la surface de la zone tampon). Le dernier tertile (regroupant les sites comprenant entre 5,4 à 48,1 % de végétation arbustive rase) est également associé à un risque accru (OR = 20,8). L'impact de cette variable est donc globalement similaire à celui observé lors de l'approche maladie.

Enfin, dans le modèle à 1 km, l'indice de forme de paysage (LSI) des zones non végétalisées est également associé au risque de présence du vecteur. Cette variable était également retenue dans le modèle à 1 km de l'approche maladie. L'interprétation de cette variable est plus complexe en raison des différentes classes d'occupation du sol regroupées dans le terme « zone non végétalisée » : zone urbaines, sol nus, roches, sable... Ces différentes classes ont des réponses spectrales très similaires et sont donc difficilement séparables lors de la classification des images (Herold *et al.*, 2004). Autour des élevages, le type d'occupation du sol classé en « zone non végétalisée » le plus fréquent est le sol nu.

Comme dans l'approche maladie, aucune variable relative au NDVI, à l'hydrographie, ni à la proximité ou à la connectivité n'ont été sélectionnées par les modèles. À l'inverse de l'approche maladie, le type d'élevage (mixte ou non) n'est pas significativement associé au risque.

### 1.3. Autocorrélation spatiale

L'autocorrélation des résidus des trois modèles a été évaluée en calculant les variogrammes empiriques et en simulant leurs enveloppes. Les résidus des trois modèles ne présentent pas d'autocorrélation spatiale annexe 19.

### 1.4. Validation interne et externe en Corse

Les modèles ont été validés en interne sur les 60 pièges ayant servi à leur construction et en externe sur les 15 autres pièges, également posés au sein des élevages. Une seconde validation externe a été réalisée à partir des résultats de piégeages effectués dans la région du Var, où *C. imicola* est présent depuis 2004 ; elle sera présentée dans la partie 1.6.

#### 1.4.1. Validation interne

La validation interne des trois modèles (tableau 44) montre une bonne capacité de discrimination ( $0,8 \leq \text{AUC ROC} \leq 0,9$ ). Les différences des aires sous les courbes ROC entre les trois modèles ne sont pas significatives. En prenant un seuil de 0,5, les sensibilités des modèles sont bonnes (de 86 à 93 %) ; en revanche, leurs spécificités sont mauvaises (modèles à 1 et 2 km) ou moyennes (modèle à 500 m). Seul le modèle à 500 m semble présenter des qualités suffisantes pour servir à des fins de prédictions quantitatives, à condition que cela soit vérifié lors de la validation externe. Les modèles à 1 et 2 km ne semblent pouvoir, au mieux, servir qu'à des fins de prédictions qualitatives, selon les résultats de la validation externe. Pour le modèle établi à 1 km, le seuil correspondant au meilleur compromis entre sensibilité, spécificité et pourcentage de pièges bien classés est de 0,73 (Se = 84 %, Sp = 82 % et 83 % de pièges bien classés).

Tableau 44 : Validation interne des 3 modèles.

Validation interne (n = 80)	Taille de voisinage		
	500 m	1 km	2 km
Aire sous la courbe ROC	0,87	0,89	0,88
(Intervalle de confiance à 95 %)	(0,77-0,94)	(0,77-0,95)	(0,77-0,95)
Sensibilité (seuil : 0,5) (%)	86	93	91
Spécificité (seuil : 0,5) (%)	71	52	44

#### 1.4.2. Validation externe en Corse

Les prédictions issues des trois modèles ont été comparées aux résultats des 15 piégeages (tableau 45). La capacité de discrimination est bonne pour les modèles à 500 m et à 2 km ( $AUC\ ROC \geq 0,8$ ), mais médiocre pour le modèle à 1 km ( $0,6 \leq AUC\ ROC \leq 0,7$ ). Selon ce critère, seuls les modèles à 500 m et 2 km paraissent avoir une capacité de discrimination assez bonne pour servir à des fins de prédictions qualitatives. En réalité, les intervalles de confiance de l'aire sous la courbe ROC sont très larges ; cela est lié au faible nombre de pièges utilisés pour la validation externe. Ainsi, les différences entre les aires sous les courbes ROC des trois modèles ne sont pas significatives<sup>75</sup>. Une validation sur un jeu de données plus importantes aurait été préférable, mais avec 75 pièges posés au sein des élevages, il paraissait difficile de conserver plus de 15 pièges pour la validation.

Tableau 45 : Validation externe des 3 modèles de l'approche vecteur en Corse.

Validation externe (15 pièges)	Taille de voisinage		
	500 m	1 km	2 km
Aire sous la courbe ROC (Intervalle de confiance à 95 %)	0,82 (0,52-0,96)	0,66 (0,38-0,88)	0,84 (0,60-0,98)
Sensibilité (seuil : 0,5) (%)	80	90	90
Spécificité (seuil : 0,5) (%)	60	20	40

Avec un seuil de 0,5, les sensibilités des modèles sont bonnes ; en revanche, les spécificités sont mauvaises (pour le modèle à 500 m) à très mauvaises (pour ceux à 1 et 2 km). Les seuils permettant d'optimiser les valeurs de sensibilité et de spécificité sont présentés dans le tableau 46. Compte tenu du faible nombre de pièges de validation, de petites variations de seuil entraînent de grandes variations de sensibilité, de spécificité et de pourcentage de pièges bien classés. Pour le modèle à 500 m, le seuil de 0,58 correspond au seuil optimal. Pour le modèle à 1 km, aucun seuil ne permet d'obtenir au moins 70 % de pièges bien classés, et le seuil optimal ne permet pas d'obtenir des résultats satisfaisants en terme de spécificité. Pour le modèle à 2 km, le seuil optimal permet d'obtenir de bons résultats (80 % de pièges bien classés, de sensibilité et de spécificité).

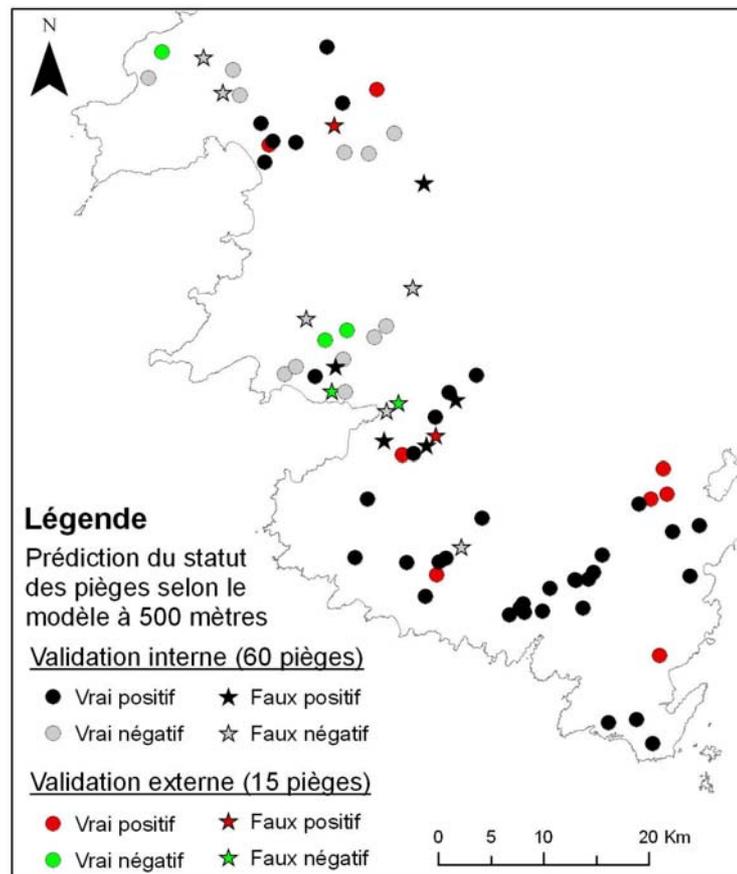
<sup>75</sup> Cela peut résulter de deux situations : soit il n'y a réellement pas de différences entre les aires sous la courbe ROC des modèles avec et sans NY, soit le faible nombre de pièges ne permet pas de mettre en évidence des différences.

Tableau 46 : Seuil optimal issu de l'analyse ROC pour les 15 pièges.

Validation externe (15 pièges)	Taille de voisinage		
	500 m	1 km	2 km
Seuil optimal	0,58	0,69	0,80
Pourcentage de pièges bien classés	73	67	80
Sensibilité (%)	80	80	80
Spécificité (%)	60	40	80

La figure 53 présente les résultats de la validation interne et externe en prenant le modèle établi pour un voisinage de 500 m (et un seuil à 0,5). Les pièges situés les plus au sud de l'île sont tous correctement prédits, contrairement à ceux situés autour de Propriano (Golfe de Valinco) et autour d'Ajaccio (Golfe d'Ajaccio).

Figure 53 : Statut prédit et réel des pièges (modèle à 500 m) en Corse.



### 1.5. Analyses complémentaires

Deux analyses complémentaires ont été réalisées sur le même modèle que celles effectuées pour l'approche maladie.

La première analyse visait à tester l'influence du découpage en groupes lors de la première phase de l'analyse multivariée. En appliquant un découpage en groupe basé sur les types de végétation (*cf.* annexe 8), les mêmes modèles ont été obtenus pour les trois échelles de voisinage (à 500 m : NY et PRD ; à 1 km : NY, T\_VAR et ZNV\_LSI ; à 2 km : NY et SIDI). La modification de ce découpage n'a donc pas d'effet sur les modèles finaux.

La deuxième analyse visait à construire des modèles sans coordonnées géographiques afin de tester l'effet de leur inclusion dans les modèles. Ainsi, la même méthode d'analyses statistiques multivariées a été appliquée en omettant NX et NY. Les résultats sont présentés dans le tableau 47. En utilisant la méthode statistique définie initialement, aucun modèle n'a convergé<sup>76</sup> en utilisant un voisinage de 1 km. Afin de favoriser la convergence de la méthode, le seuil d'entrée des variables dans le modèle lors de la procédure pas à pas ascendante a été abaissé à 0,05 (au lieu de 0,1) afin de réduire les effets éventuels liés aux corrélations entre variables. Un modèle à 3 variables a ainsi pu être obtenu.

Tableau 47 : Comparaison des modèles avec et sans les coordonnées géographiques.

Voisinage de 500 m		Voisinage de 1 km		Voisinage de 2 km	
Avec NY*	Sans NY	Avec NY*	Sans NY**	Avec NY*	Sans NY
NY (continu)	NDVI moyen (continu)	NY (continu)	Simpson's Diversity Index (continu)	NY (continu)	Nombre d'entités de végétation arbustive rase (tertiles)
Patch Richness Density (continu)	Patch Richness Density (continu)	% de végétation arbustive rase (tertiles)	Présence de bovins (2 classes)	Simpson's Diversity Index (continu)	Simpson's Diversity Index (continu)
	Présence de bovins (2 classes)	LSI de zone non végétalisée (continu)	% de zone non végétalisée (tertiles)		

\* Modèles établis en première intention. \*\*Modèle à 1 km établi en modifiant le seuil d'entrée des variables dans le modèle. Cellules grisées : variables communes aux deux modèles.

Pour les modèles à 500 m et à 2 km, les modifications des modèles ne sont pas majeures, dans le sens où la seconde variable incluse après NY dans les modèles initiaux (PRD à 500 m et SIDI à 2 km) est conservée dans les modèles sans NY. Les résultats de validation interne et

<sup>76</sup> La méthode repose sur une procédure d'optimisation pour définir le meilleur modèle en fonction de différents critères (précision, parcimonie). Dans certains cas, la procédure ne trouve pas une solution satisfaisant les critères d'arrêt, et continue de chercher indéfiniment : on dit qu'elle ne converge pas.

externe des modèles avec et sans NY sont présentés dans les tableaux 48 et 49. En validation interne, les modèles sans les coordonnées géographiques présentent une bonne capacité de discrimination, mais ont une très mauvaise spécificité.

Tableau 48 : Validation interne des modèles avec et sans NY.

Validation interne (n=80)	Taille de voisinage					
	500 m		1 km		2 km	
	Avec NY*	Sans NY	Avec NY*	Sans NY**	Avec NY*	Sans NY
AUC ROC (IC 95 %)	0,87 (0,77 - 0,94)	0,82 (0,71 - 0,93)	0,89 (0,77 - 0,95)	0,84 (0,73 - 0,95)	0,88 (0,77 - 0,95)	0,82 (0,71 - 0,94)
Sensibilité (seuil : 0,5) (%)	86	86	93	91	91	95
Spécificité (seuil : 0,5) (%)	71	41	52	47	44	50

\* Modèles établis en première intention. \*\* Modèle à 1 km établi en modifiant le seuil d'entrée des variables dans le modèle. AUC : aire sous la courbe ; IC 95 % : intervalle de confiance à 95 %

Tableau 49 : Validation externe (15 pièges) en Corse des modèles avec et sans NY.

Validation externe (n=15)	Taille de voisinage					
	500 m		1 km		2 km	
	Avec NY*	Sans NY	Avec NY*	Sans NY**	Avec NY*	Sans NY
AUC ROC (IC 95 %)	0,82 (0,52-0,96)	0,66 (0,37 - 0,95)	0,66 (0,38 - 0,88)	0,56 (0,22 - 0,90)	0,84 (0,60-0,98)	0,74 (0,47 - 1,00)
Sensibilité (seuil : 0,5) (%)	80	80	90	90	90	80
Spécificité (seuil : 0,5) (%)	60	20	20	0	40	0

\* Modèles établis en première intention. \*\* Modèle à 1 km établi en modifiant le seuil d'entrée des variables dans le modèle. AUC : aire sous la courbe ; IC 95 % : intervalle de confiance à 95 %

La validation externe en Corse semble montrer que les modèles sans NY ont une capacité de discrimination inférieure à ceux comprenant cette variable. Cependant, les intervalles de confiance de l'aire sous la courbe ROC sont très larges (compte tenu du faible nombre de pièges de validation), et ces différences ne sont pas significatives. Ainsi, on ne peut pas savoir si la variable NY est importante pour discriminer les pièges positifs et négatifs.

La largeur des intervalles de confiance est telle qu'il est difficile d'apprécier la qualité de ces modèles. Une deuxième procédure de validation a donc été mise en œuvre, en appliquant

les modèles dans une nouvelle zone géographique, le Var. Cela a aussi permis de tester leur caractère exportable en dehors de la Corse.

### **1.6. Exportation et validation des modèles dans le Var**

Afin de i) proposer une deuxième série de validations externes des modèles et ii) d'évaluer si ces modèles étaient pertinents en dehors de la Corse, des piégeages effectués dans la région du Var (où *C. imicola* est présent depuis 2004 (Biteau-Coroller, 2006 ; Mathieu *et al.*, 2007(soumis))) ont servi à tester ces modèles. Les trois modèles initiaux comprennent tous la variable NY, ce qui les rend difficilement transposables dans une autre zone géographique. Ce sont donc les modèles sans coordonnées géographiques qui ont été choisis pour être testés dans le Var. Les modèles à 500 m et à 1 km ont dû être modifiés car ils comportaient une variable relative aux caractéristiques des élevages (la présence ou non de bovins) qui n'était pas pertinente dans le Var (*cf.* partie 1.6.3).

#### *1.6.1. Les données entomologiques du Var*

Les données entomologiques proviennent d'une campagne de capture réalisée en septembre 2006<sup>77</sup>. Depuis la découverte des premiers spécimens de *C. imicola* dans le Var en 2004, l'extension de l'aire de répartition de cette espèce est évaluée chaque année en septembre, au moment où la densité de population est maximale<sup>78</sup>. Chaque année, les élevages inclus dans l'aire de répartition du vecteur de l'année précédente sont suivis, afin de voir si les populations ont émergé, se sont maintenues ou ont augmenté. De nouveaux sites de piégeage sont également choisis dans les élevages situés en périphérie de cette zone afin de suivre l'éventuelle progression de l'aire de répartition. Ainsi, d'année en année, le nombre de sites piégés a augmenté, au fur et à mesure de la diffusion du vecteur. En 2006, 40 pièges ont été posés, au sein d'élevages, dans les communes situées autour de Roquebrune-sur-Argens. Ces pièges ont été posés dans des élevages équins (n = 27), caprins (n = 6), ovins (n = 6) et dans une ferme pédagogique rassemblant de nombreuses espèces.

#### *1.6.2. Sélection des sites de piégeages*

L'ensemble des 40 sites de piégeage n'a pas été conservé pour évaluer les modèles car certains sites, en périphérie de l'aire d'extension, sont vraisemblablement négatifs non pas en

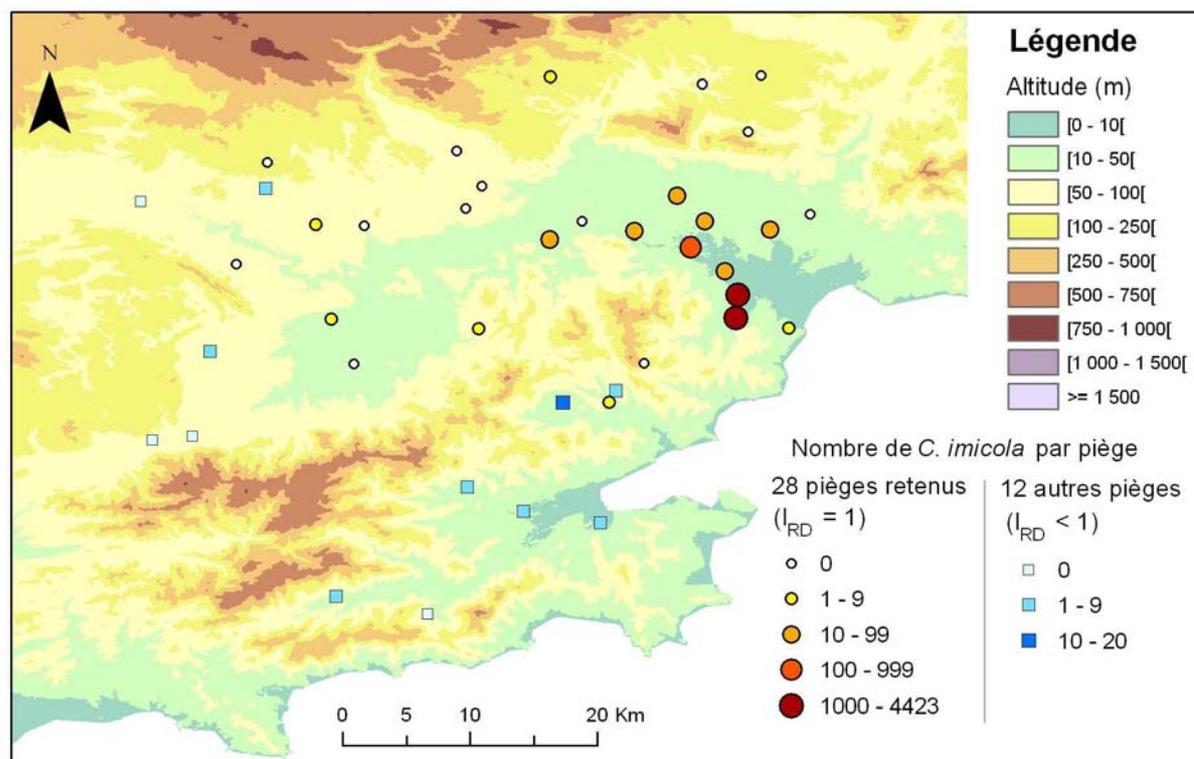
---

<sup>77</sup> Cette campagne a été réalisée du 26 au 29 septembre 2006 par Thierry Baldet (Cirad), Bruno Mathieu (EID Méditerranée), Yvon Perrin (EID Var) et Olivier Esnault (Cirad).

<sup>78</sup> Ces campagnes transversales sont réalisées en complément de la surveillance entomologique longitudinale mensuelle en place sur le littoral continental français.

raison d'un milieu défavorable, mais uniquement parce que la diffusion de l'insecte est en cours et qu'il n'a pas encore atteint ces zones. Le risque de diffusion de *C. imicola* a été évalué dans le Var en fonction de la topographie, du type de couvert végétal et de la distance aux sites où sa présence était prouvée {Tran, 2008 (accepté) #676} (article complet inséré dans la section valorisation, article 6). Un indice de risque de diffusion,  $I_{RD}$ , variant de 0 à 1, a été construit à partir d'un indice de risque d'introduction, d'un indice de risque de dispersion et de la distance d'introduction maximale du vecteur dans les bassins versants de la région d'étude. Cet indice ( $I_{RD}$ ) peut s'interpréter comme la probabilité que des populations de *C. imicola*, suite à leur introduction sur le littoral, se soient dispersées jusqu'au point considéré. Il a été calculé à partir des données de répartition de *C. imicola* en 2004 afin de prédire la situation en 2005, et les résultats ont montré qu'il y avait une bonne concordance entre l'indice prédit et les résultats de la campagne de piégeage effectuée en septembre 2005 {Tran, 2008 (accepté) #676}. Le modèle ainsi validé a été appliqué sur les données de la campagne de piégeage réalisée en 2006. L'indice  $I_{RD}$  calculé pour 2006 a servi à sélectionner les pièges à inclure dans l'étude présentée ici : seuls les 28 pièges pour lesquels la valeur de cet indice valait 1 (probabilité maximale) ont été conservés (figure 54). Ces 28 sites comprenaient 18 élevages équins (ou écuries), 4 élevages caprins, 5 élevages ovins et une ferme pédagogique.

Figure 54 : Campagne de 40 piégeages réalisée dans le Var en septembre 2006 : localisation des 28 pièges sélectionnés et nombre de *C. imicola* capturés par piège.



### 1.6.3. Les modèles

Les densités de bovins étant très faibles dans le Var (*cf.* chapitre 5, partie 1.1.3.2), les modèles sans les coordonnées géographiques établis à 500 m et à 1 km et comprenant la variable « présence de bovins » ont été modifiés<sup>79</sup>. Un nouveau modèle a été établi à 500 m, en réitérant la démarche de sélection des variables, sans inclure celles liées aux caractéristiques propres des élevages. Le nouveau modèle obtenu conserve les deux autres variables du modèle sans les coordonnées géographiques, à savoir le NDVI moyen et la densité de richesse des entités (PRD). Pour le modèle à 1 km, en utilisant la méthode statistique définie initialement, aucun modèle n'a convergé. Comme précédemment, le seuil d'entrée des variables dans le modèle lors de la procédure pas à pas ascendante a été abaissé à 0,05 (au lieu de 0,1) et un modèle à 1 variable a été obtenu. Les modèles aux trois échelles sont détaillés dans le tableau 50.

<sup>79</sup> En effet, à cause de la diversité des espèces présentes dans les sites de piégeages, il ne semblait pas pertinent de conserver cette variable.

Tableau 50 : Modèles sans les coordonnées géographiques ni les caractéristiques d'élevage.

Variables* • classes	Tailles de voisinage					
	500 m		1 km		2 km	
	OR (IC 90 %)	p	OR (IC 90 %)	p	OR (IC 90 %)	p
<b>NDVI moyen</b>	<b>0,001</b> (0,00002 – 0,059)	0,005	-	-	-	-
<b>Patch Richness Density</b>	<b>2,198</b> (1,211 – 3,987)	0,03	-	-	-	-
<b>Simpson's Diversity Index (%)</b>			<b>1,097</b> (1,035 – 1,164)	0,009	<b>1,108</b> (1,037 – 1,183)	0,01
<b>Nombre d'entités de végétation arbustive rase (tertiles)</b>						
• Valeurs faibles (T1)	-	-	-	-	<b>1</b>	-
• Valeurs moyennes (T2)	-	-	-	-	<b>7,746</b> (1,116 – 53,772)	0,08
• Valeurs élevées (T3)	-	-	-	-	<b>0,789</b> (0,206 – 3,016)	0,77

Constante  $\alpha = -2,813$  pour le modèle avec un voisinage de 500 m et  $-6,239$  pour celui à 2 km. T : tertiles ; OR : odds ratio ; IC 90 % : intervalle de confiance à 90 %.

Le tableau 51 présente les OR des variables quantitatives calculés pour des étendues différentes de 1. La variable « Patch Richness Density » n'est pas présentée car l'intervalle de variation inter-tertile est proche de 1. Dans un souci d'homogénéité, la même étendue a été choisie pour la variable « Simpson's Diversity Index » aux deux échelles de voisinage (1 et 2 km).

Tableau 51 : Odds ratios associés à une variation dont l'étendue est différente de 1.

Variable quantitative (échelle de voisinage)	Intervalle de variation*	OR (IC 90 %)
NDVI moyen (500 m)	0,15	0,31 (0,16 – 0,60)
Simpson's Diversity Index (1 km)	5	1,59 (1,19 – 2,13)
Simpson's Diversity Index (2 km)	5	1,67 (1,20-2,31)

\*nombre d'unités

Dans les trois modèles, plus la diversité est grande (PRD ou SIDI), plus la probabilité de présence de *C. imicola* est élevée. Dans le modèle à 500 m, plus la moyenne du NDVI est

forte, moins les pièges sont à risque. Dans le modèle à 2 km, un nombre moyen d'entités (entre 4 et 10) de végétation rase arbustive est associé à un risque élevé.

#### 1.6.4. Application dans le Var

Les modèles ont été appliqués dans le Var, et les résultats évalués en calculant l'aire sous la courbe ROC, la sensibilité et la spécificité (tableau 52). La capacité de discrimination du modèle à 500 m est bonne, celles des modèles à 1 et 2 km sont satisfaisantes. Ces modèles semblent donc pouvoir être appliqués au moins de façon qualitative sur des zones géographiques situées en dehors de la Corse.

Tableau 52 : Application des 2 modèles de l'approche vecteur dans le Var.

Validation externe (28 pièges)	Taille de voisinage		
	500 m	1 km	2 km
Aire sous la courbe ROC (Intervalle de confiance à 95 %)	0,82 (0,66 - 0,98)	0,74 (0,55 - 0,93)	0,74 (0,54 - 0,93)
Sensibilité (seuil : 0,5) (%)	100	100	93
Spécificité (seuil : 0,5) (%)	31	31	31

Les modèles à 500 m et à 1 km présentent de meilleurs résultats de validation externe dans le Var (AUC ROC = 0,82 et 0,74 respectivement) qu'en Corse (AUC ROC = 0,66 et 0,54 respectivement). Notons que pour le modèle à 500 m cela n'est pas lié à présence ou non de la variable « présence de bovins » puisque si on applique le modèle à deux variables (PRD et NDVI moyen) en Corse, sa capacité de discrimination reste médiocre (AUC ROC = 0,68).

En prenant un seuil de 0,5 les sensibilités des modèles sont très bonnes, mais leurs spécificités sont très mauvaises. Ces modèles ne peuvent donc pas être utilisés à des fins de prédictions quantitatives dans d'autres départements.

Dans un contexte où l'installation du vecteur est en cours, les faux positifs semblent moins pénalisants pour un modèle que les faux négatifs, ce qui revient à privilégier la sensibilité à la spécificité. En effet, malgré l'effort mis en œuvre pour sélectionner les pièges où le vecteur avait une forte probabilité d'avoir diffusé, certains pièges « faux positifs » pourraient être situés dans des environnements favorables, sans que le vecteur n'ait eu le temps de s'y installer. La campagne de piégeage prévue en septembre 2007 permettra de confirmer ou d'infirmer le statut de ces pièges « faux positifs ».

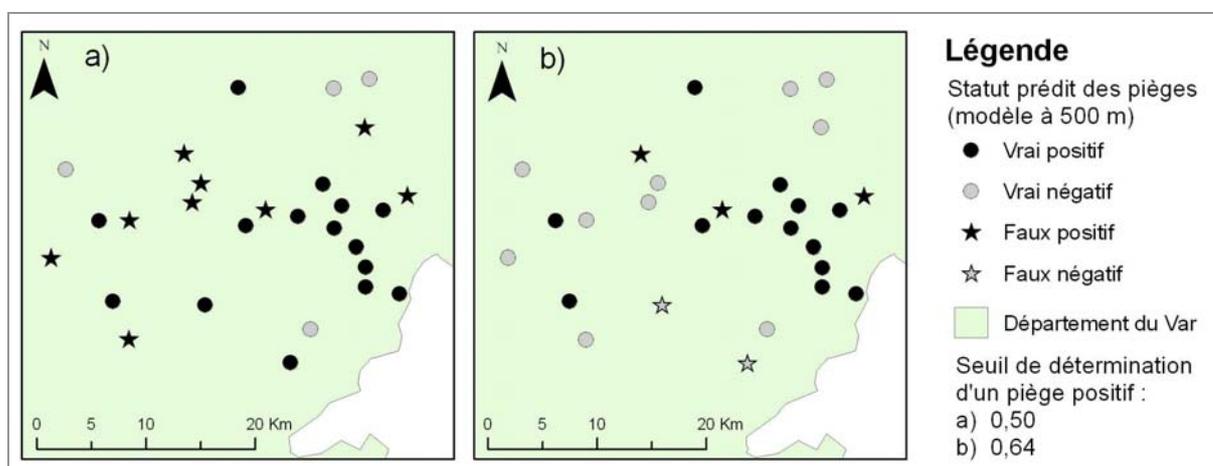
Les seuils optimaux de sensibilité et spécificité sont présentés dans le tableau 53. Le modèle à 500 m présente de bons résultats ; il peut donc être appliqué à des fins de prédictions quantitatives dans le Var, mais seulement à des fins qualitatives en dehors du Var (où les seuils optimaux seraient à définir).

Tableau 53 : Seuils optimaux issus de l'analyse ROC pour le Var.

Validation externe (15 pièges)	Taille de voisinage		
	500 m	1 km	2 km
Seuil optimal	0,64	0,71	0,66
Pourcentage de pièges bien classés	82	71	71
Sensibilité (%)	87	93	87
Spécificité (%)	77	46	54

La figure 55 présente le statut des 28 pièges prédit par le modèle à 500 m, en utilisant le seuil de 0,5 (a) et de 0,64 (b).

Figure 55 : Statuts des 28 pièges prédits par le modèle à 500 m.



## 2. Discussion

### 2.1. Discussion sur le choix des données entomologiques

Les données entomologiques utilisées pour construire les modèles ont été discutées dans le chapitre précédent. Seuls les sites de piégeages situés au sein des élevages ont été retenus

pour construire les modèles, car les sites hors élevages auraient pu être négatifs à cause de l'absence d'animaux et non à cause d'un environnement défavorable dans leur voisinage. Cela limite les zones d'application des modèles, qui, en toute rigueur, devraient être restreintes à ces environnements d'élevage. Par exemple, l'altitude moyenne des élevages variant de 11 à 578 mètres, les modèles ne doivent pas être utilisés dans des zones situées en dehors de cet intervalle.

## **2.2. Discussion sur les résultats**

### *2.2.1. Variables associées au risque de présence de *C. imicola**

Les modèles obtenus sont simples, parcimonieux et assez homogènes puisqu'ils ont tous la variable NY en commun et que les modèles à 500 m et à 2 km incluent tous deux une variable relative à la diversité du milieu.

La présence de la variable NY dans les trois modèles confirme l'importance de la latitude (puisque NY est très fortement corrélée à la latitude Y, coefficient de corrélation de Pearson = -0,97). Le changement de repère a permis d'éliminer l'instabilité des modèles liée à la forte corrélation entre X et Y (corrélation X-Y = -0,79 ; corrélation NX-NY = 0,00) sans pour autant masquer l'effet de la latitude.

L'effet de la latitude peut s'expliquer soit par un environnement plus favorable au sud, soit par un effet source depuis la Sardaigne (hypothèse déjà envisagée dans l'approche maladie pour l'introduction du virus, chapitre 6). Dans le premier cas, des facteurs environnementaux autres que ceux testés permettraient un meilleur développement des populations de *C. imicola*. Parmi les autres facteurs environnementaux qui pourraient avoir un effet sur *C. imicola*, on peut penser aux conditions météorologiques de température et/ou d'humidité. Cependant les pluviométries et températures moyennes en Corse (annexe 1) semblent fortement influencées par l'altitude ou la distance à la mer, et non par la latitude. Or ces variables ne sont pas apparues comme significativement associées à la présence de *C. imicola*. L'inclusion de paramètres météorologiques pourrait néanmoins faire l'objet d'une nouvelle étude, afin de comparer et tester leur complémentarité avec l'approche paysagère développée ici.

Les populations de *C. imicola* de Corse ont vraisemblablement été introduites depuis la Sardaigne. Des études phylogénétiques permettraient de confirmer cette hypothèse. La probabilité d'introduction depuis la Sardaigne doit diminuer avec l'augmentation de la latitude, ce qui pourrait expliquer que les sites positifs soient plus nombreux au sud qu'au nord. En effet, il est possible que la probabilité qu'une population puisse permettre la colonisation à

distance d'un nouveau site par transport passif augmente avec la taille et la distribution des populations sources. La plus grande répartition de *C. imicola* dans le sud de l'île pourrait ainsi s'expliquer par une diffusion par vol actif de plus longue date dans le sud, et à partir de sites plus nombreux à cause de la proximité avec la Sardaigne.

Il paraît néanmoins étonnant que cet effet demeure aussi important en 2005, car la capacité de diffusion du vecteur et son établissement sur l'île devraient à terme tendre à réduire ce gradient. La persistance de ce gradient pourrait s'expliquer par une capacité de diffusion sur terre (par vol actif et par transport passif) moins importante que celle au-dessus de la mer (par transport passif). Des populations auraient ainsi pu s'établir dans certains sites dans le nord de la zone d'étude, mais elles auraient ensuite moins diffusé de proche en proche à partir de ces sites.

Avec le temps et la dispersion active, l'effet de la latitude devrait s'atténuer. Dans le cas contraire, un facteur associé à la latitude devra être recherché, notamment en incluant des paramètres météorologiques dans de nouveaux modèles de distribution.

Chacun des modèles à 500 m et à 2 km inclue une variable relative à la diversité du milieu, respectivement la densité de richesse des entités (PRD) et l'indice de diversité de Simpson (SIDI)<sup>80</sup>. Alors que le PRD représente le nombre de types d'entités différents par unité de surface, le SIDI tient compte non seulement de la diversité mais aussi de l'équité en terme de surface occupée par chaque classe<sup>81</sup>. L'augmentation du risque avec l'augmentation de la diversité avait également été observée lors de l'approche maladie (modèle à 500 m). Les milieux favorables à *C. imicola* pourraient être des milieux complexes, ce qui pourrait traduire des exigences différentes pour la présence de gîtes larvaires, de gîtes de repos et d'hôtes.

Outre la variable NY, le modèle à 1 km comporte, comme facteurs associés au risque de présence du vecteur, le pourcentage de végétation arbustive rase (variable codée en tertiles) et l'indice de forme de paysage (reflétant la longueur des frontières) des zones non végétalisées (LSI\_ZNV). Le modèle à 1 km de l'approche maladie comportait également ces deux variables.

La végétation arbustive rase constitue un milieu ouvert qui pourrait être favorable à *C. imicola* en fournissant un gîte de repos par exemple, ou bien elle pourrait être un indicateur d'une autre variable, à laquelle elle serait fortement corrélée.

La classe « zone non végétalisée » (ZNV) regroupe plusieurs types d'occupation du sol (cf. partie 1.2), rendant l'interprétation de cette variable délicate. Néanmoins, autour des

---

<sup>80</sup> Chacun des trois modèles sans coordonnées géographiques inclue également une variable liée à la diversité.

<sup>81</sup> Ainsi, le SIDI représente la probabilité que 2 pixels choisis au hasard appartiennent à une classe différente.

élevages, il s'agit fréquemment de sol nu. Si on admet l'hypothèse que le sol nu est responsable de l'effet observé, cela traduirait un milieu ouvert et sec en été, subissant une forte pression agricole, fortement imbriqué avec d'autres types de milieu. Ces importantes surfaces de contact avec d'autres types de végétation pourraient répondre aux exigences variées du vecteur. Ces résultats conforteraient ceux obtenus lors de l'approche maladie.

En revanche, l'approche vecteur n'a pas confirmé l'importance de la mixité des élevages sur la présence/absence de *C. imicola* et sur son abondance (résultats non présentés). Plusieurs variables ont été testées afin de mieux caractériser un éventuel effet : présence d'espèces pouvant avoir un rôle de réservoir du virus de la FCO, présence d'espèces reconnues pour attirer *C. imicola*, présence de toute autre espèce. Les effectifs estimés ont aussi été inclus dans l'étude. Dans les modèles à 500 m et à 1 km sans les coordonnées géographiques, la variable « présence de bovins » est significative, mais le risque de présence d'au moins un *C. imicola* diminue lorsque les bovins sont présents<sup>82</sup> (corrélation inverse de celle observée lors de l'approche maladie). Des études spécifiques sur les préférences trophiques et sur l'effet de la taille des troupeaux sur l'abondance de *C. imicola* semblent nécessaires pour mieux comprendre la bio-écologie de cette espèce. L'attractivité des pièges avec et sans animaux et selon les espèces hôtes présentes doit aussi être mieux évaluée.

Comme observé dans l'approche maladie, aucun indicateur paysager relatif à l'isolement/proximité ou à la connectivité n'est significatif. En revanche, le NDVI est pour la première fois associé au risque dans le modèle à 500 m sans les coordonnées géographiques et sans les caractéristiques d'élevage. La moyenne du NDVI apparaît alors comme un facteur protecteur. Dans ce modèle, il est associé à une seconde variable, le PRD. Cela soutient l'hypothèse que les milieux à risque comprennent des milieux ouverts et secs<sup>83</sup> entourés d'autres types de végétation.

### 2.2.2. Qualité des modèles obtenus

Les résidus des modèles obtenus n'ont pas présenté d'autocorrélation spatiale. Les modèles ont été validés en interne et en externe sur un jeu de 15 piégeages corses. Contrairement à l'approche maladie, les pièges réservés à la validation ne provenaient pas de la région d'Ajaccio, mais avaient été tirés au sort parmi les 75 pièges de la campagne principale.

---

<sup>82</sup> Pour le modèle à 500 m, la variable présence de bovins a un OR = 0,23 ; IC 95 % : 0,06 - 0,85 ; dans le modèle à 1 km, OR = 0,08 ; IC 95 % : 0,01 - 0,60.

<sup>83</sup> Les sources d'humidité observées dans les élevages sont des sources ponctuelles, elles ne sont pas ou sont difficilement visibles sur les images.

Presque tous les modèles obtenus présentent une bonne capacité de discrimination, une bonne sensibilité mais une faible voire mauvaise spécificité. Pour une application en Corse, seul le modèle à 500 m peut être utilisé à des fins de prédictions quantitatives. Les deux autres modèles ne peuvent être utilisés qu'à des fins de prédictions qualitatives.

Pour une application en dehors de la Corse, il était nécessaire d'établir des modèles sans coordonnées géographiques. Les trois modèles obtenus incluent une variable relative à la diversité du milieu (PRD ou SIDI). Ceux à 500 m et à 1 km présentent des résultats médiocres de validation externe sur les 15 pièges corses (AUC ROC < 0,7). Néanmoins, appliqués dans le Var, ils présentent de meilleures capacités à discriminer les pièges positifs (AUC ROC = 0,84 et 0,74 respectivement).

La validation effectuée dans le Var, grâce à une méthode de sélection originale des pièges selon un indice de risque de diffusion de *C. imicola*, montre que le modèle à 500 m (et dans une moindre mesure ceux à 1 et 2 km) peut être utilisé à des fins de prédictions qualitatives dans de nouvelles zones géographiques. En outre, ce modèle à 500 m, après optimisation du seuil déterminant le classement des pièges en positif/négatif, peut servir à prédire quantitativement le risque de présence de *C. imicola* dans ce département.

La double validation externe, à la fois en Corse et dans le Var, est un des points forts de la démarche. Néanmoins, à cause i) des problèmes de convergence du modèle à 1 km sans coordonnées géographiques (en utilisant la méthode définie initialement) et ii) des mauvais résultats de validation externe en Corse du modèle à 500 m, alors même qu'il s'avère être le meilleur modèle dans le Var, le choix d'une validation externe en Corse impliquant de ne pas conserver l'ensemble des 75 pièges pour établir les modèles peut se discuter. Cette validation sur seulement 15 pièges paraît difficile à interpréter vu la largeur des intervalles de confiance. De même, 60 pièges paraissaient être un minimum pour établir des modèles stables. Il faut cependant garder à l'esprit que le tri de 75 pièges ayant nécessité plusieurs mois de travail, et que la validation externe sur 15 pièges i) a permis de mener une démarche parallèle à celle établie pour l'approche maladie et ii) a aussi permis d'obtenir une première évaluation externe de la qualité des modèles dans l'éventualité où ils n'auraient pas pu être exportés dans le Var<sup>84</sup>.

---

<sup>84</sup>Bien que la FCO ne soit pas présente dans le Var, les prédictions issues des modèles sur la maladie (présence/absence de maladie) ont été comparées avec les sites de présence/absence du vecteur (Barragué, 2006). Les résultats ont montré que les modèles fondés sur la maladie ne permettaient pas de discriminer les zones de présence et d'absence du vecteur dans le Var (Barragué, 2006). Cela pourrait traduire le caractère difficilement exportable des modèles maladie en dehors de la Corse et/ou le passage délicat de prédictions sur le statut sanitaire des élevages (infecté/sain) à la présence/absence du vecteur.

Les modèles à 500 m avec et sans NY peuvent servir à des fins de prédictions quantitatives en Corse et dans le Var respectivement (après optimisation du seuil pour l'application dans le Var). Cette échelle semble donc pertinente pour étudier la présence de *C. imicola*. Cependant, comme dans l'approche maladie, l'environnement exerce une influence sur la présence du vecteur aux trois échelles, et les modèles établis aux autres échelles apportent également des informations.

Les modèles établis ici tentent uniquement d'expliquer la présence/absence de *C. imicola*. Ces modèles sont la première étape de la modélisation du risque de transmission de la FCO. En effet, l'environnement, au sens large, influe sur la présence du vecteur, mais également sur son abondance, la fréquence de ses repas de sang, sa survie, la période d'incubation extrinsèque du virus, voire sa compétence vectorielle. L'évaluation de l'effet de l'environnement sur l'ensemble de ces paramètres définissant la capacité vectorielle est nécessaire avant d'avoir un premier indicateur de risque de transmission. L'étude de la capacité vectorielle dans deux élevages ovins du Var où *C. imicola* est présent montre qu'un facteur 10 peut exister entre deux sites voisins (environ 5 km d'écart) (Biteau-Coroller, 2006).

Enfin, bien que *C. imicola* soit considéré comme responsable de plus de 90 % de la transmission de FCO dans l'ouest du Bassin méditerranéen (Meiswinkel *et al.*, 2007), d'autres espèces sont impliquées en Europe, notamment *C. obsoletus* et *C. pulicaris* (Caracappa *et al.*, 2003 ; Savini *et al.*, 2005). Des démarches similaires pourraient être appliquées afin de mieux définir les zones qui leur sont favorables.

## **Résumé**

L'identification des zones à risque de présence de *C. imicola* (approche vecteur) a été réalisée à partir des 75 piégeages effectués au sein des élevages en Corse en juin 2005.

Les résultats confirment l'importance des variables paysagères pour décrire l'environnement à risque de FCO à haute résolution spatiale : de telles variables sont incluses dans les modèles pour les trois échelles de voisinage. La diversité du milieu semble particulièrement importante puisque elle est associée à un risque plus élevée dans les modèles établis à 500 m et à 2 km. Les modèles mettent aussi en évidence un effet latitude qui pourrait s'expliquer par une introduction plus ancienne et/ou plus fréquente des populations de *C. imicola* dans le sud de l'île depuis la Sardaigne.

Les résidus des modèles ne présentent pas d'autocorrélation spatiale. Les modèles obtenus ont une capacité de discrimination élevée, confirmée à la fois en validation interne et externe. Le modèle à 500 m (comprenant NY) peut être utilisé à des fins prédictives quantitatives en Corse. Celui à 500 m sans NY peut également être appliqué à des fins prédictives quantitatives, mais uniquement dans le Var et peut être utilisé à des fins prédictives qualitatives dans de nouvelles zones géographiques. De tels modèles pourraient être établis pour les vecteurs autres que *C. imicola*.

Le chapitre suivant compare les cartes d'aléa issues des deux approches. Puis sont présentés la discussion sur les données environnementales ainsi que le bilan et les perspectives des deux approches.

## Chapitre 9

### Cartes d'aléa, discussion générale et perspectives

*La première partie de ce chapitre présente les cartes d'aléa issues des modèles de l'approche maladie et vecteur. Les méthodes employées (1.1) et les cartes obtenues (1.2) sont ensuite discutées (1.3). La seconde partie du chapitre élargit la discussion sur les données environnementales (2.1) et sur le bilan et les perspectives des deux approches (2.2).*

#### 1. Cartes d'aléa de présence de fièvre catarrhale ovine de *C. imicola*

##### 1.1. Méthodes

Au sens strict, le risque est la probabilité de la survenue d'un danger, combinée à l'importance de ses conséquences indésirables (Toma *et al.*, 2001). Ici, seule sera étudiée la probabilité de survenue d'un danger (la présence de FCO ou de *C. imicola*), aussi appelée « aléa ». Pour produire des cartes d'aléa, les équations statistiques liant la variable expliquée (présence de foyers ou du vecteur) et les variables explicatives ont été inversées (*cf.* équation 1, chapitre 6). Plusieurs cartes ont été produites afin de comparer les résultats aux différentes échelles et entre les deux approches, et ainsi voir si les différences entre modèles se traduisaient par des différences en terme d'aléa. Ces cartes ont été produites pour l'extrême sud de la Corse pour les deux modèles les plus discriminants de l'approche maladie (à 1 et 2 km) et pour les trois modèles de l'approche vecteur. Une carte d'aléa a aussi été produite pour le Var pour le modèle vecteur à 500 m (sans coordonnée géographique ni caractéristique d'élevage).

##### 1.1.1. Calcul des variables explicatives en tout point de l'espace

Les variables explicatives environnementales ont été calculées pour l'ensemble des zones considérées en utilisant différentes méthodes. Calculer la valeur d'une variable pour chaque pixel de l'image a engendré d'importantes contraintes techniques et de stockage des données, puisque, pour l'image de la Corse du Sud par exemple, cela implique des calculs pour plus de

47 millions de pixels. De plus, selon la nature des variables à estimer, différentes méthodes et différents logiciels ont dû être utilisés.

La variable NY a été calculée pour tout point de l'image à partir des équations de changement de repère<sup>85</sup>.

Pour les variables « NDVI moyen » et « ensoleillement moyen », un filtre rond de la taille des zones tampons permettant le calcul des moyennes a été créé sous Erdas<sup>®</sup> et appliqué à l'image afin d'obtenir, en tout point de l'espace, la moyenne de la variable dans le rayon spécifié<sup>86</sup>. Pour les variables relatives à la présence et au pourcentage de végétation arbustive rase dans un rayon d'un kilomètre, la classification a été recodée en 2 classes, « végétation arbustive rase » et « autres classes », et un filtre de moyenne a là encore été appliqué. L'image de la moyenne a ensuite été recodée en présence/absence ou en pourcentage de végétation arbustive rase dans un rayon de 1 km.

La variable « mixité des élevages »<sup>87</sup>, qui intervient dans les modèles maladie, ne peut pas être déterminée en tout point de l'espace. Un modèle sans cette variable a été testé mais ses résultats de validation externe sur la région d'Ajaccio sont médiocres ; il n'a donc pas été utilisé<sup>88</sup>. Deux cartes d'aléa ont été produites : une pour les élevages mixtes et l'autre pour les élevages monospécifiques.

Pour les variables paysagères, il n'a pas été possible de calculer leur valeur en tout point de l'espace, en raison du temps et de la puissance de calcul que cela aurait impliqué. Pour ces variables, un semis régulier de points avec un espacement d'un kilomètre ou de 500 mètres a été créé<sup>89</sup>. De petites images correspondant à la taille des zones tampons (500 m ou 1 km) ont été extraites de l'image initiale en utilisant un script (annexe 6) sous le logiciel ENVI<sup>®</sup>. Par exemple, pour calculer le risque de présence du vecteur (modèle à 500 m) à partir de l'image du Var, 14 277 petites images ont été extraites de l'image SPOT initiale. Les valeurs des indicateurs paysagers ont ensuite été calculées pour chaque petite image (logiciel Fragstats<sup>®</sup>). Ces valeurs étaient ainsi disponibles pour tous les points du semis. Les valeurs des variables au niveau des points du semis ont ensuite été estimées par krigéage (méthode d'interpolation

---

<sup>85</sup> ArcInfo<sup>®</sup>, en utilisant l'outil *Map Algebra*.

<sup>86</sup> Le temps de calcul nécessaire à cette opération est d'environ 5 heures par image pour un rayon de 500 m avec un ordinateur de 2,8 GHz.

<sup>87</sup> Pour rappel, un élevage ovin mixte est un élevage qui comporte au moins une autre espèce animale que les ovins.

<sup>88</sup> Ce modèle comprenait les variables suivantes : présence de végétation arbustive rase, ensoleillement moyen, LSI prairies ouvertes et LSI de maquis, garrigue et forêt. Les résultats de validation interne sont corrects (AUC ROC = 0,83, Se = 87 %, Sp = 68 %), mais pas ceux de validation externe (AUC ROC = 0,66, Se = 94 %, Sp = 18 %).

<sup>89</sup> ArcInfo<sup>®</sup>, en utilisant l'outil *Fishnet*. Le semis régulier à 1 km a servi à réaliser le krigéage les variables paysagères des modèles à 1 et 2 km, celui à 500 m a servi aux modèles à 500 m.

géostatistique fondée sur la prise en compte des valeurs de la variable au niveau de points voisins et de la distance à ces points) afin d'obtenir une estimation en tout point de l'espace (Arnaud & Emery, 2000).

Pour paramétrer le krigeage, il faut quantifier, pour différents couples de points, la relation entre distance et écart de valeur des variables<sup>90</sup>. Il est alors possible de déduire la valeur d'une variable en tout point de l'espace en fonction de la distance aux points de référence où la variable a été mesurée. Pour établir la relation entre distance et écart de valeur pour les variables paysagères, trois zones tests de 2,5 km de côté ont été définies (figure 56)<sup>91</sup>. Deux zones étaient situées à proximité d'élevages, et la troisième était située dans un milieu plus fermé, présentant une dominance de maquis. Dans chaque zone, un semis aléatoire de 1 000 points a été créé<sup>92</sup>. Les variables paysagères ont été extraites pour chacun de ces points comme précédemment (extraction des petites images puis calcul des variables pour chaque image). La distance entre chaque paire de points et l'écart de valeurs de la variable a permis de construire un variogramme, représentant la semivariance (demi moyenne des carrés des différences) de la variable en fonction de la distance entre paires de points. Pour toutes les variables paysagères, les variogrammes ont été construits pour chaque zone test ainsi que pour l'ensemble des trois zones tests. Les paramètres nécessaires au krigeage des variables du semis régulier ont été obtenus en modélisant ce variogramme (annexe 20).

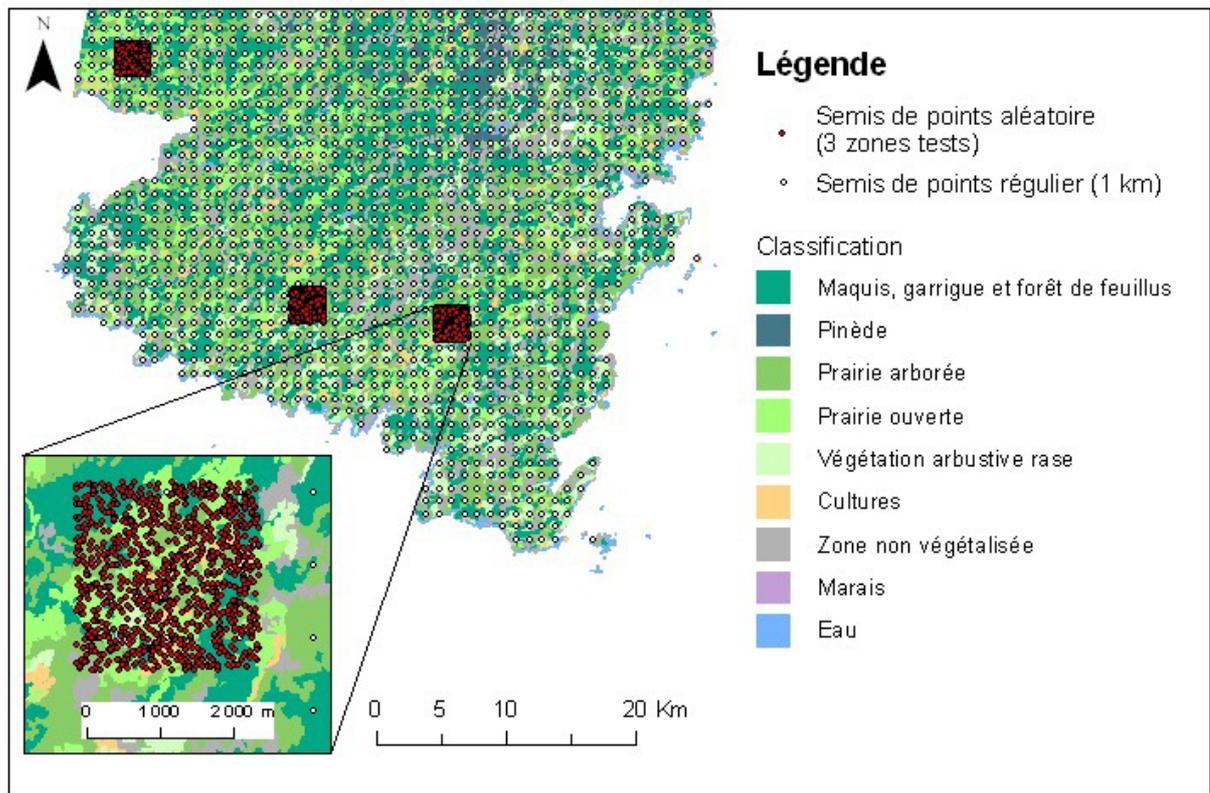
---

<sup>90</sup> Ce paramétrage doit être effectué pour chaque variable.

<sup>91</sup> Le calcul de cette relation sur l'ensemble de l'image aurait été trop long.

<sup>92</sup> ArcInfo®, en utilisant l'outil *Random Point*.

Figure 56 : Trois zones tests utilisées pour établir les variogrammes des variables paysagères.



Données SPOT/Programme ISIS, © CNES (2001), distribution Spot Image S.A.

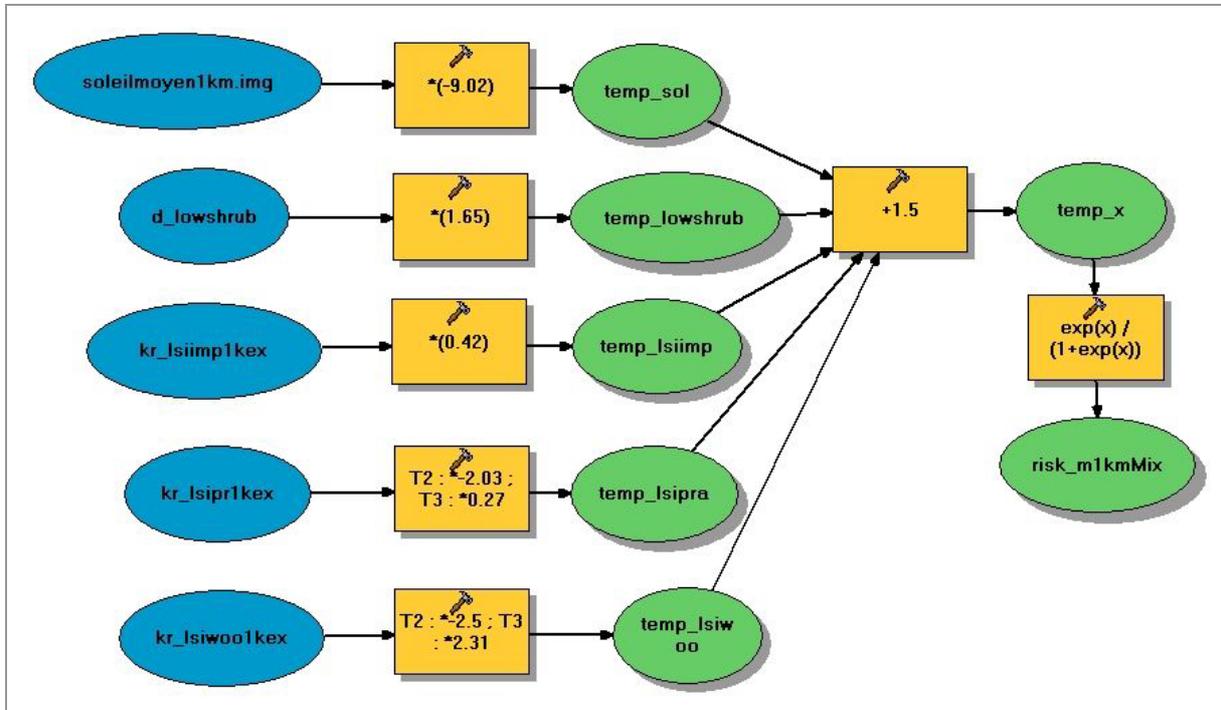
### 1.1.2. Calcul des cartes d'aléa

Le calcul des cartes d'aléa a été effectué en utilisant des modèles conçus sous le logiciel ArcGis®; la figure 57 illustre une partie du modèle utilisé pour le calcul de la carte d'aléa du modèle maladie à 1 km pour les élevages mixtes. Cet outil permet de réduire considérablement le risque d'erreur lors de la production des cartes. Les modèles n'étant applicables que pour des zones similaires à celles où ils ont été produits, les zones pour lesquelles les valeurs des variables du modèle étaient en dehors des intervalles de valeurs échantillonnées ont été masquées<sup>93</sup>. De même, les régions où l'altitude était supérieure à 800 m ont été masquées sur les cartes d'aléa car aucun élevage n'était présent et aucun piège n'avait été posé au-delà de cette altitude. Il convient d'interpréter avec précaution les extrémités de ces cartes en raison des « effets de bords » (liés notamment aux erreurs sur le calcul de la moyenne des variables dans leur voisinage). Afin d'éviter ces effets autour des

<sup>93</sup> Par exemple, pour le modèle maladie à 1 km, les intervalles de variation des variables du modèle (l'ensoleillement moyen, le pourcentage de végétation arbustive rase, les LSI des zones non végétalisées, de la prairie ouverte et du maquis, garrigue et forêt) au voisinage des 80 élevages ont été définis et toutes les zones ayant des valeurs situées en dehors de ces intervalles ont été masquées.

nuages présents au nord de l'image de Corse du Sud, les cartes n'ont été calculées que pour la zone située au sud des nuages.

Figure 57 : Modèle de calcul de la carte d'aléa pour le modèle maladie à 1 km pour les élevages mixtes (sous ArcInfo).



Les couches d'information géographiques sont représentées par des ovales bleus (information initiale) et verts (couche issue d'un calcul). Les calculs ou opérations sont symbolisés par des carrés jaunes. Les couches initiales sont l'ensoleillement moyen dans un voisinage de 1 km (soleilmoyen1km), la présence/absence de végétation arbustive rase dans un voisinage de 1 km (d\_lowshrub), les couches estimées par krigeage pour les LSI des zones non végétalisées (impervious surface), de la prairie ouverte et du maquis, garrigue et forêt (woodlands) (kr\_lsiimp1kex, kr\_lsipr1kex, kr\_lsiwoo1kex). Les couches « temp\_ » représentent les étapes intermédiaires de calcul.

## 1.2. Cartes d'aléa

### 1.2.1. Cartes d'aléa des modèles maladie

Les cartes d'aléa du modèle maladie à 1 km pour les élevages mixtes et monospécifiques (figures 58 et 59) présentent des niveaux d'aléa très différents, qui reflètent l'important odds ratio associé à la variable « mixité ». Compte tenu du faible nombre d'élevages monospécifiques, il convient d'interpréter cette carte avec précaution.

Figure 58 : Carte d'aléa issue du modèle maladie à 1 km pour les élevages mixtes.

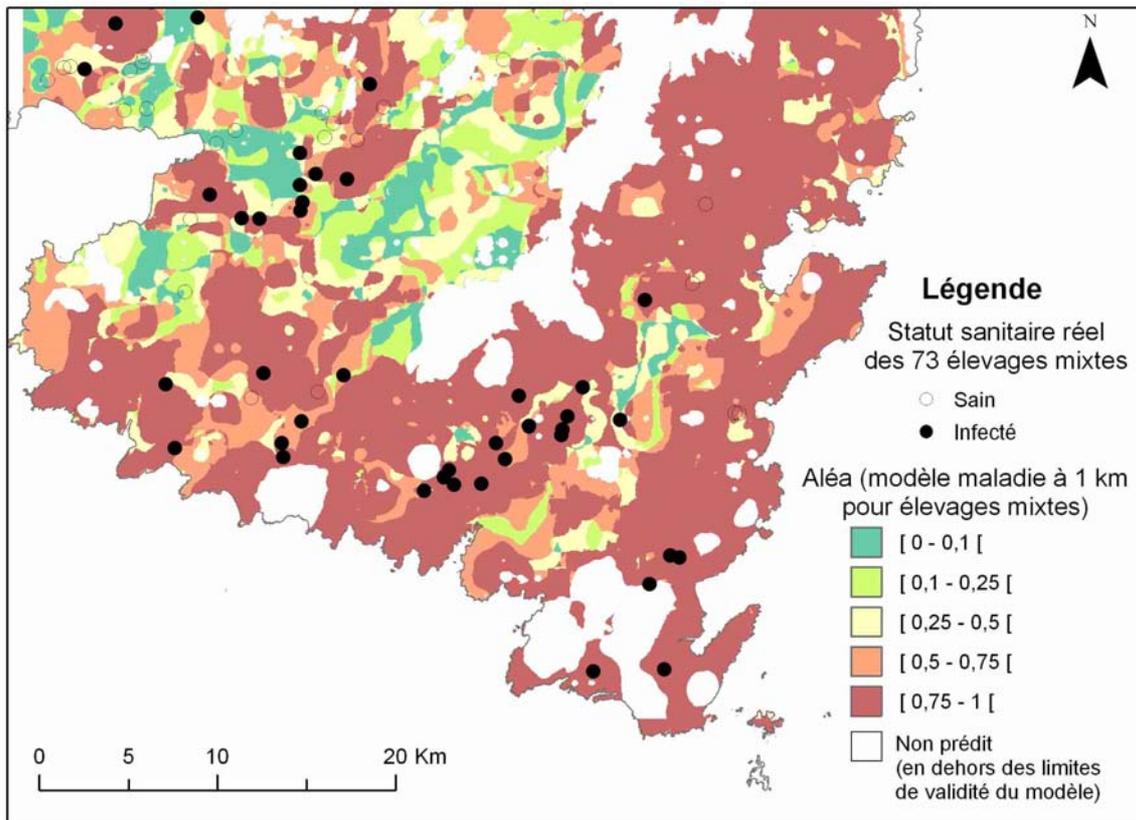
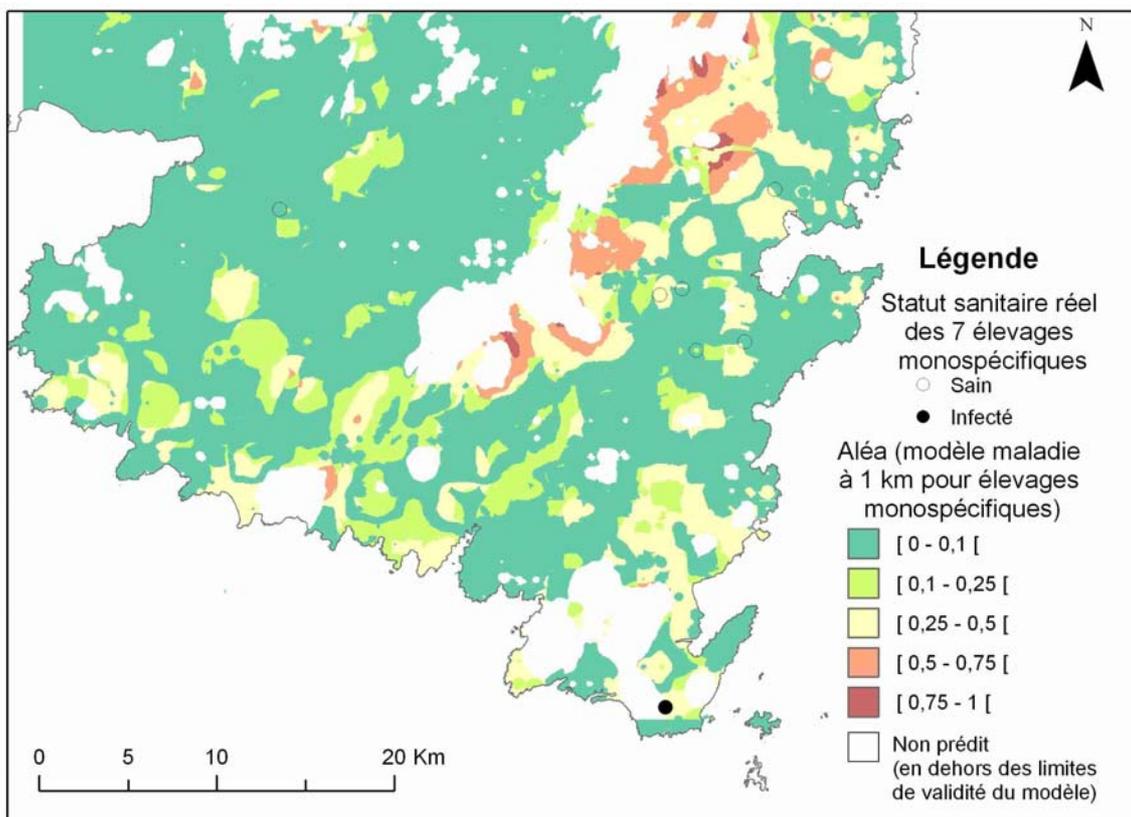


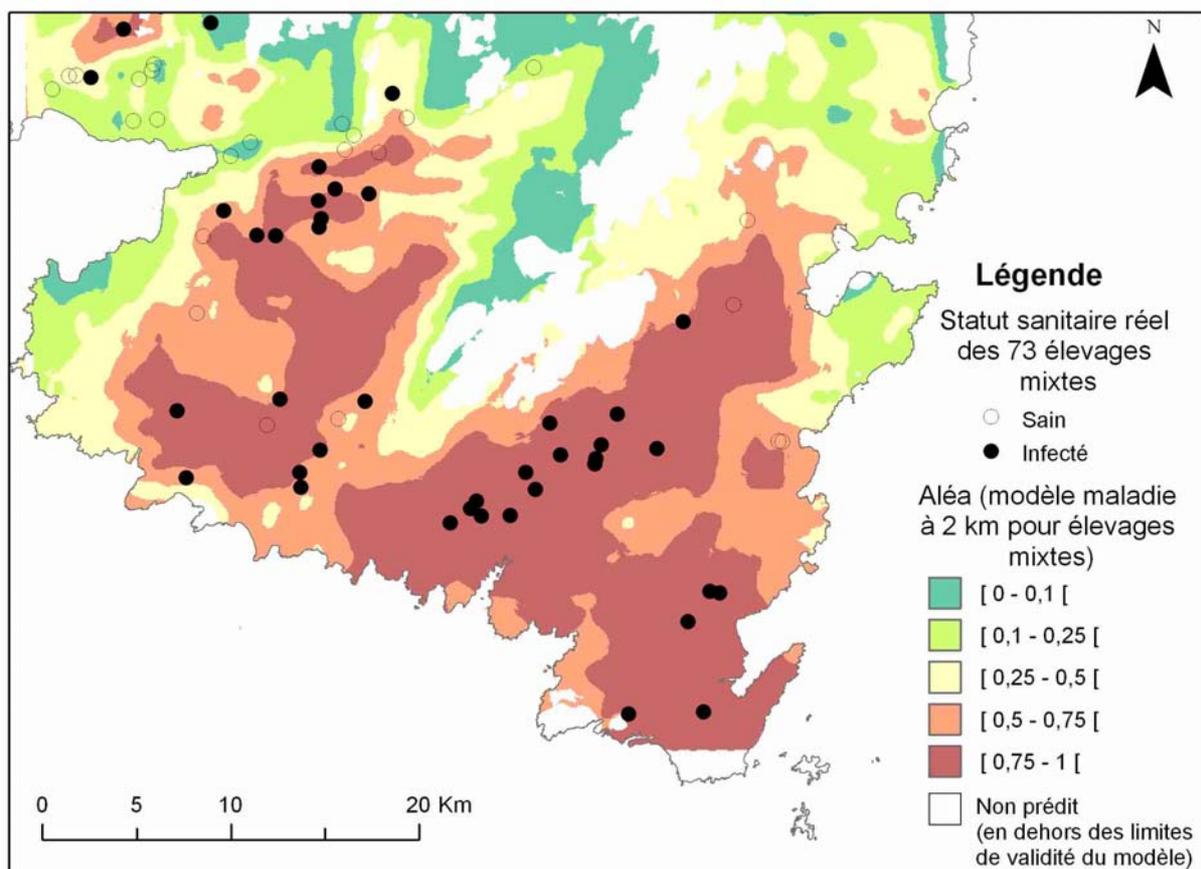
Figure 59 : Carte d'aléa issue du modèle maladie à 1 km pour les élevages monospécifiques.



La carte obtenue pour les élevages mixtes est très complexe car certaines zones adjacentes ont un niveau d'aléa très différent. Cette hétérogénéité pourrait être liée au nombre important de variables discrètes<sup>94</sup> présentes dans le modèle (3 variables codées en tertiles et 1 variable codée en présence/absence) ou pourrait refléter une hétérogénéité observée sur le terrain.

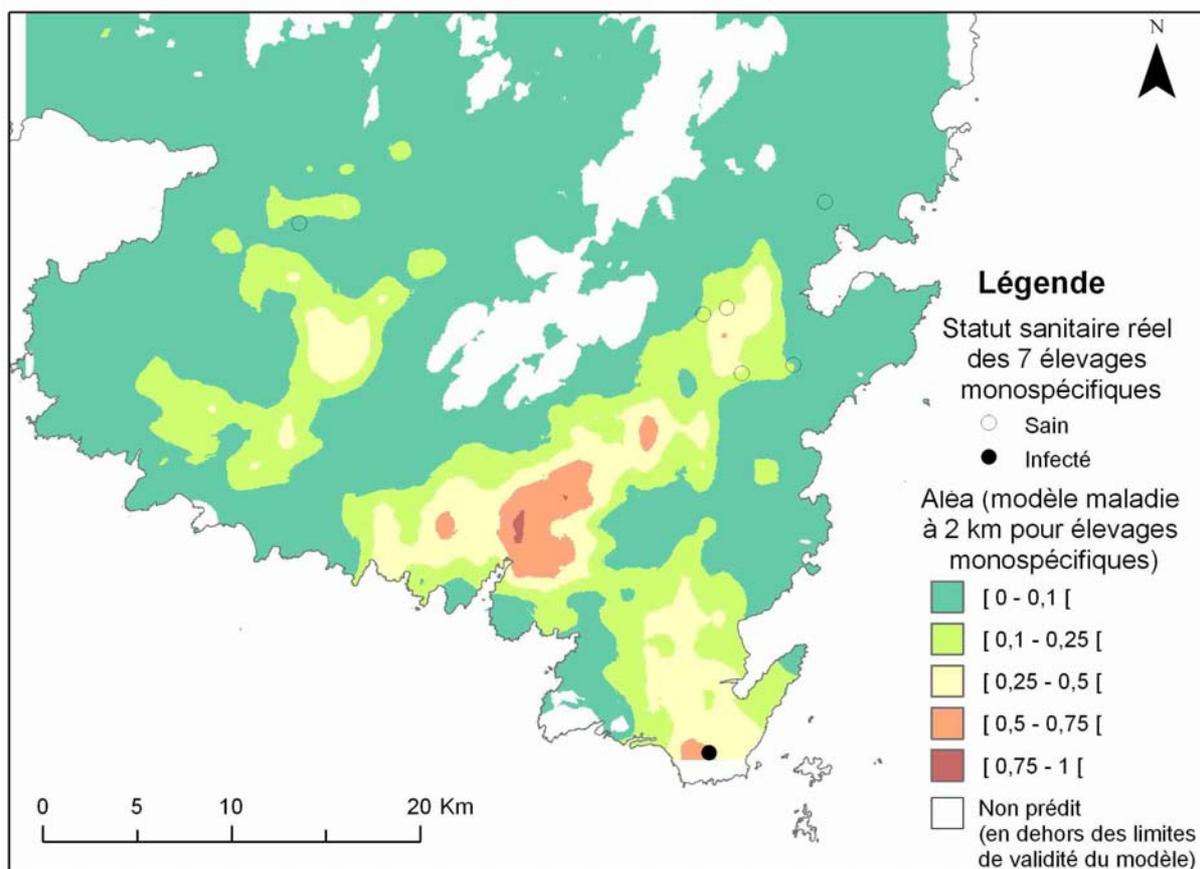
Les cartes des modèles à 2 km (figures 60 et 61) sont moins complexes, et présentent une structure en tache d'huile. Cette structure très différente de celle observée pour le modèle à 1 km pourrait s'expliquer par l'absence de variables discrètes dans le modèle à 2 km (à part la mixité) ou par le fait que la moyenne des variables a été calculée sur un rayon plus important. Pour les zones d'altitude, l'aléa prédit est faible, à l'inverse des prédictions établies à 1 km. En revanche, l'aléa est plus élevé au sud de l'île, comme observé à l'échelle de voisinage de 1 km.

Figure 60 : Carte d'aléa issue du modèle maladie à 2 km pour les élevages mixtes.



<sup>94</sup> Les variables discrétisées entraînent de brusques changements de niveau de risque dès que les seuils des classes sont franchis.

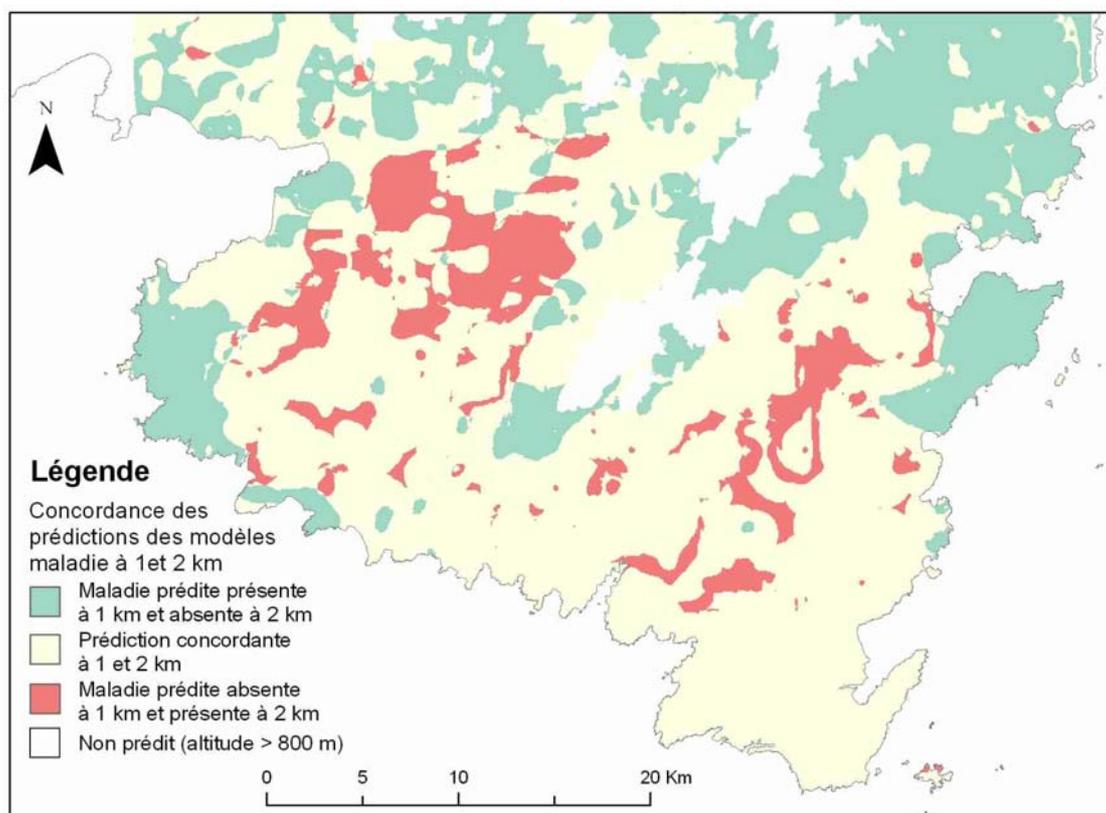
Figure 61 : Carte d'aléa issue du modèle maladie à 2 km pour les élevages monospécifiques.



Les cartes pour les élevages mixtes aux deux échelles ont été recodées en deux catégories (aléa inférieur ou supérieur à 0,5) afin d'évaluer le pourcentage de surface pour laquelle le même statut est prédit par les deux modèles (figure 62). Le pourcentage d'accord observé entre les prédictions des modèles aux deux échelles est de 62 %. La maladie est prédite comme présente pour le modèle à 1 km et comme absente pour celui à 2 km pour 28 % de la surface, et la situation inverse se produit pour 10 % de la surface. Les différences en terme d'aléa prédit sont importantes, bien que les deux modèles soient discriminants. Le modèle à 1 km prédit un aléa supérieur à 0,5 pour 73 % de la surface, celui à 2 km pour 55 % (pour les élevages mixtes)<sup>95</sup>.

<sup>95</sup>Ces pourcentages sont calculés pour la zone représentée ici, c'est-à-dire l'extrême sud de l'île.

Figure 62 : Comparaison des carte d'aléa issues des modèles maladie à 1 et 2 km pour les élevages mixtes.



### 1.2.2. Cartes d'aléa des modèles vecteur aux trois échelles

Les cartes d'aléa des modèles vecteur (figures 63, 64 et 65) présentent des surfaces d'aléa très important ( $> 0,75$ ) plus grandes que celles issues des modèles maladie, ainsi qu'un gradient sud-nord plus marqué.

Figure 63 : Carte d'aléa issue du modèle vecteur à 500 m.

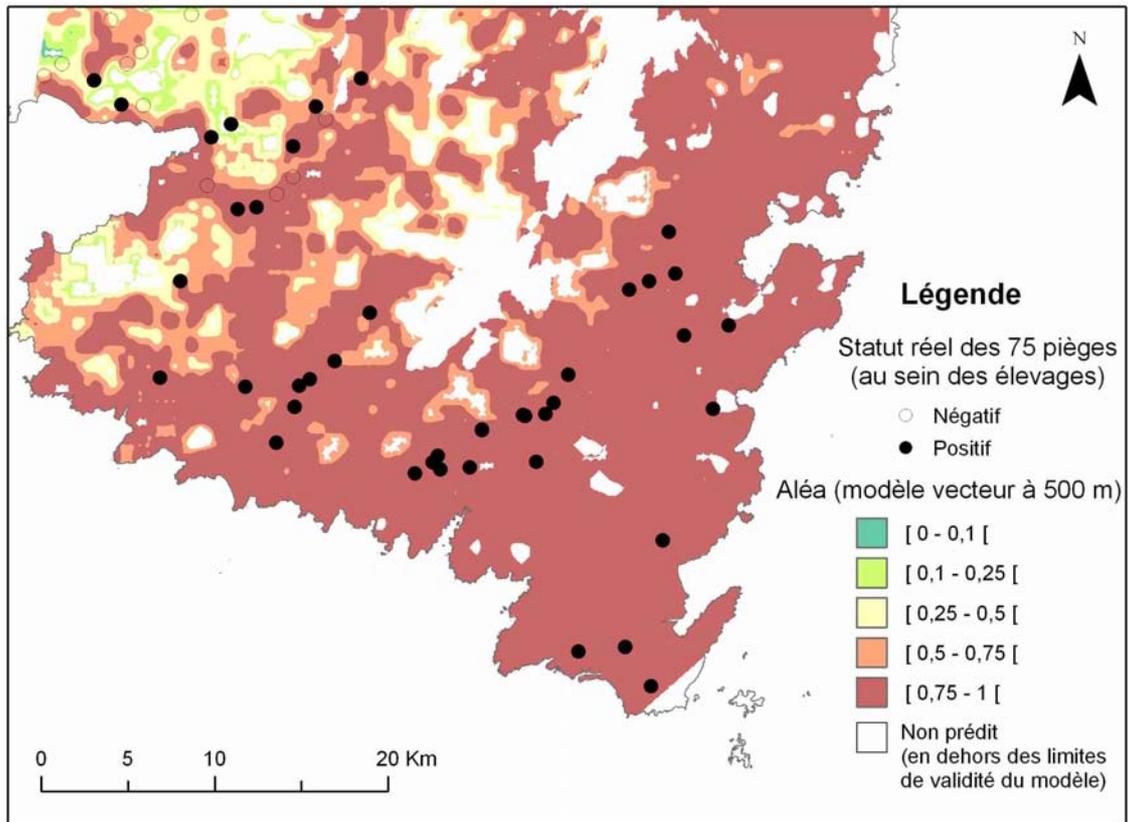


Figure 64 : Carte d'aléa issue du modèle vecteur à 1 km.

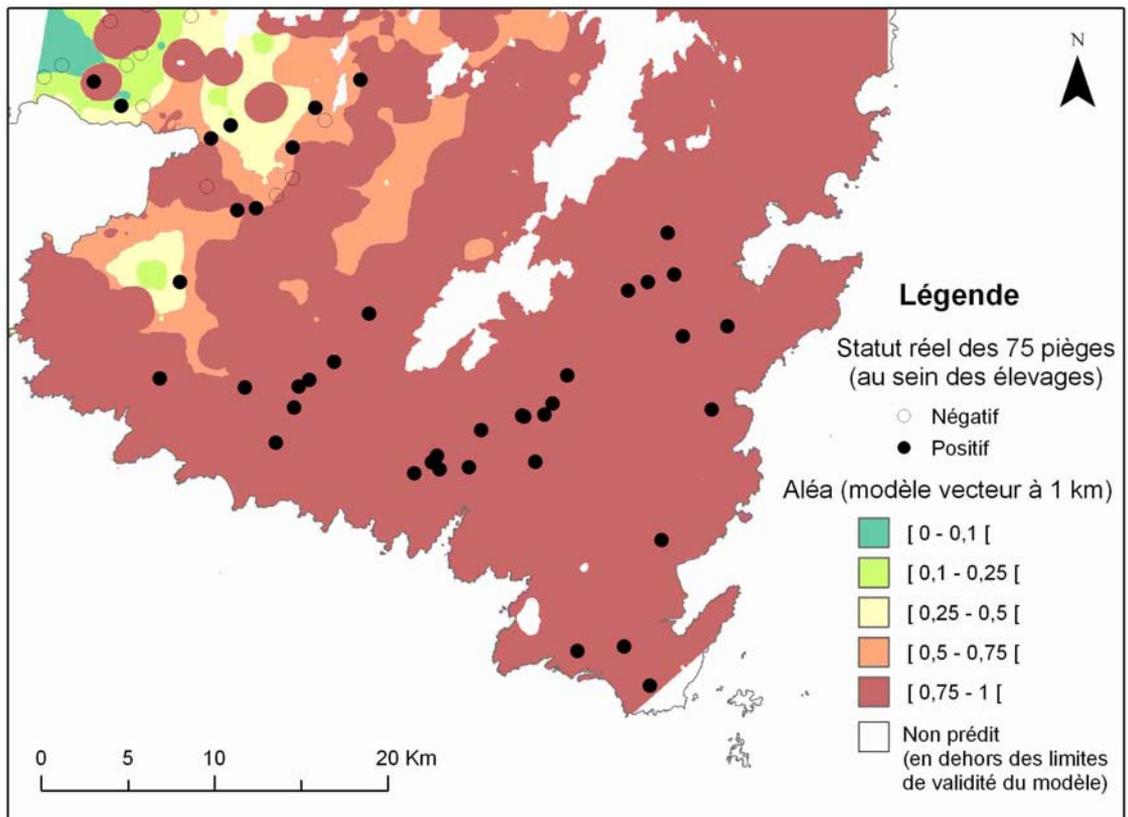
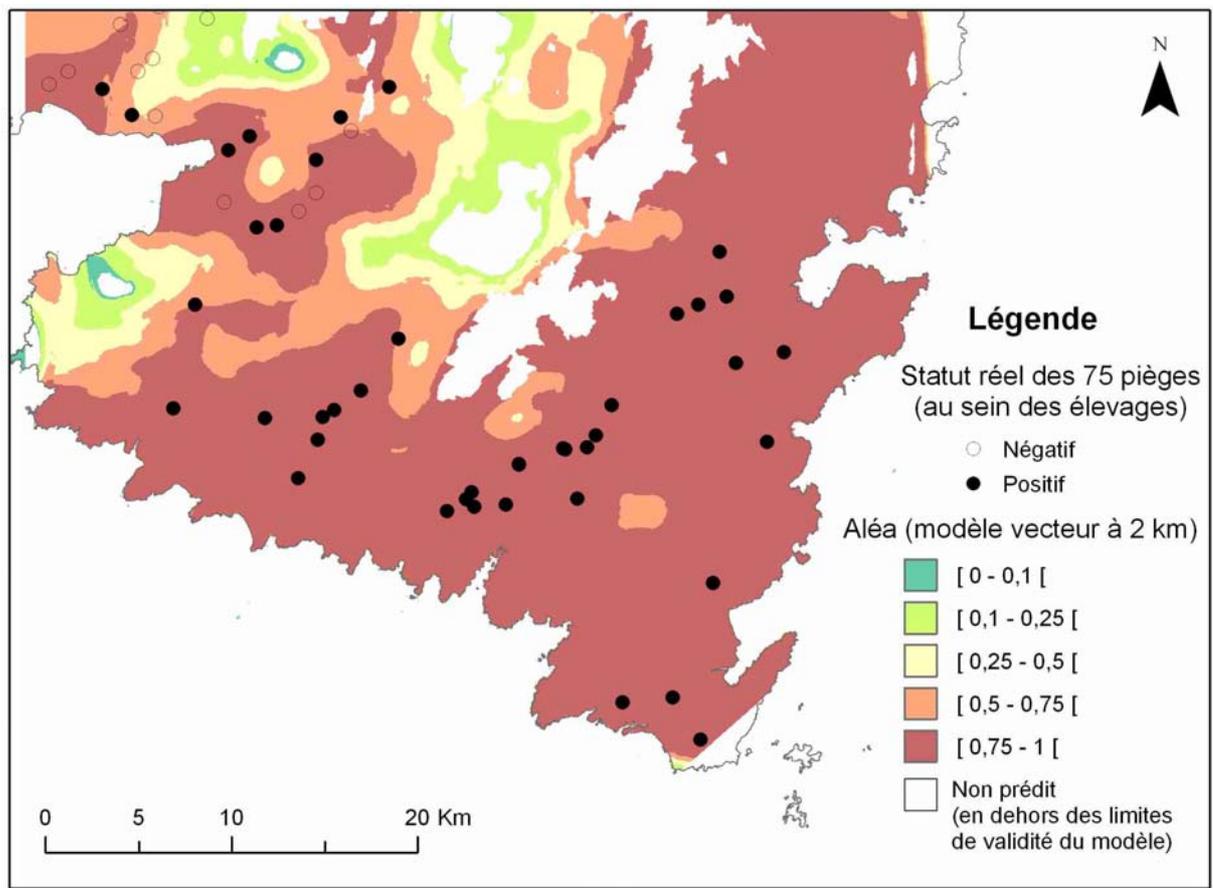
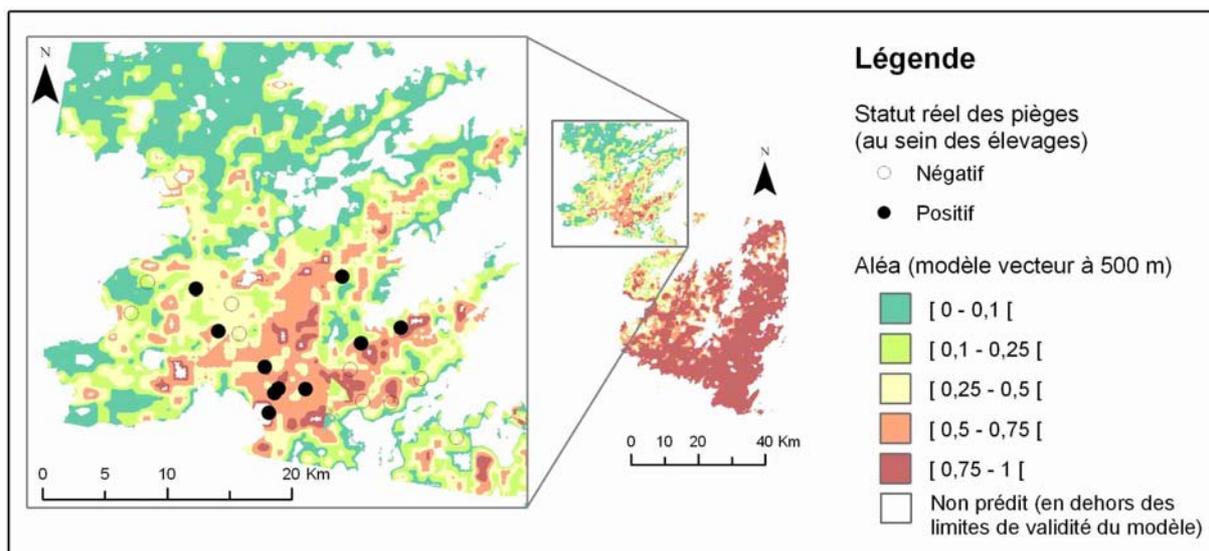


Figure 65 : Carte d'aléa issue du modèle vecteur à 2 km.



Le pourcentage de surface ayant un aléa supérieur à 0,5 est de 85 % pour le modèle à 500 m, de 94 % pour celui à 1 km et 83 % pour celui à 2 km dans l'extrême sud de la Corse. Dans la zone d'Ajaccio, le niveau d'aléa est plus faible (figure 66).

Figure 66 : Carte d'aléa de la zone d'Ajaccio issue du modèle vecteur à 500 m.



Le pourcentage d'accord observé entre les prédictions des modèles vecteur aux trois échelles est élevé : il est de 88 et 85 % entre le modèle à 500 m et ceux à 1 et 2 km respectivement (figures 67 et 68).

Figure 67 : Comparaison des cartes d'aléa issues des modèles vecteur à 500 m et 1 km.

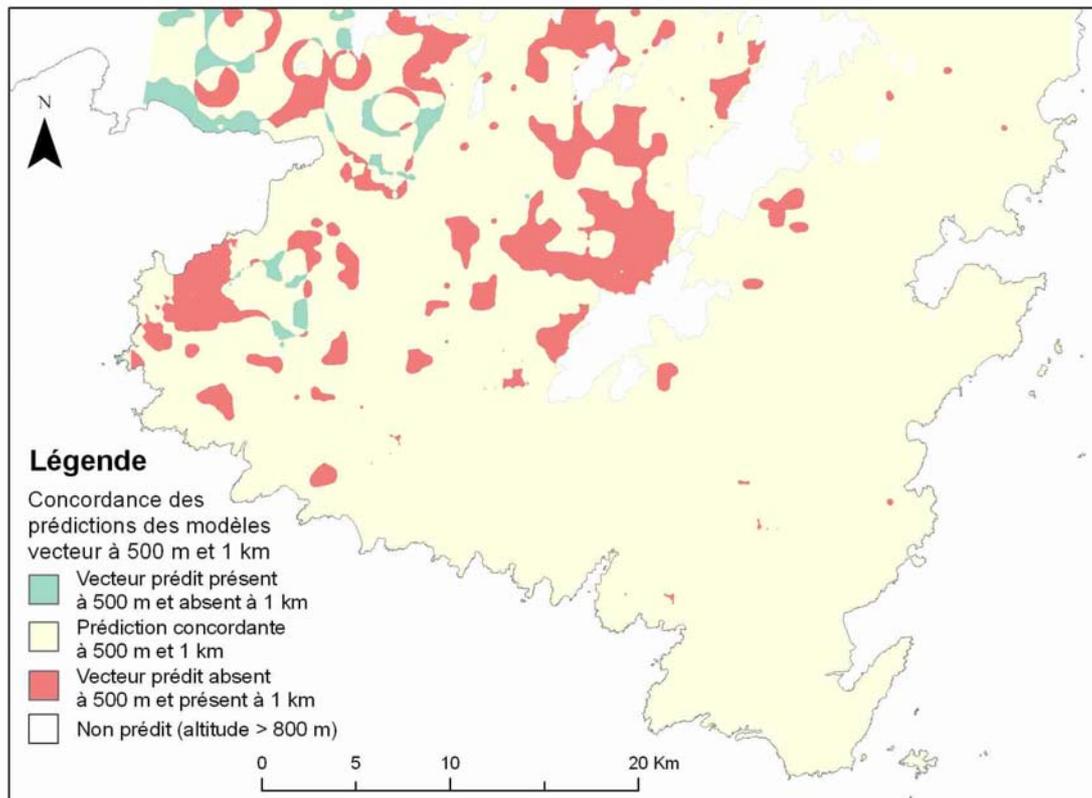
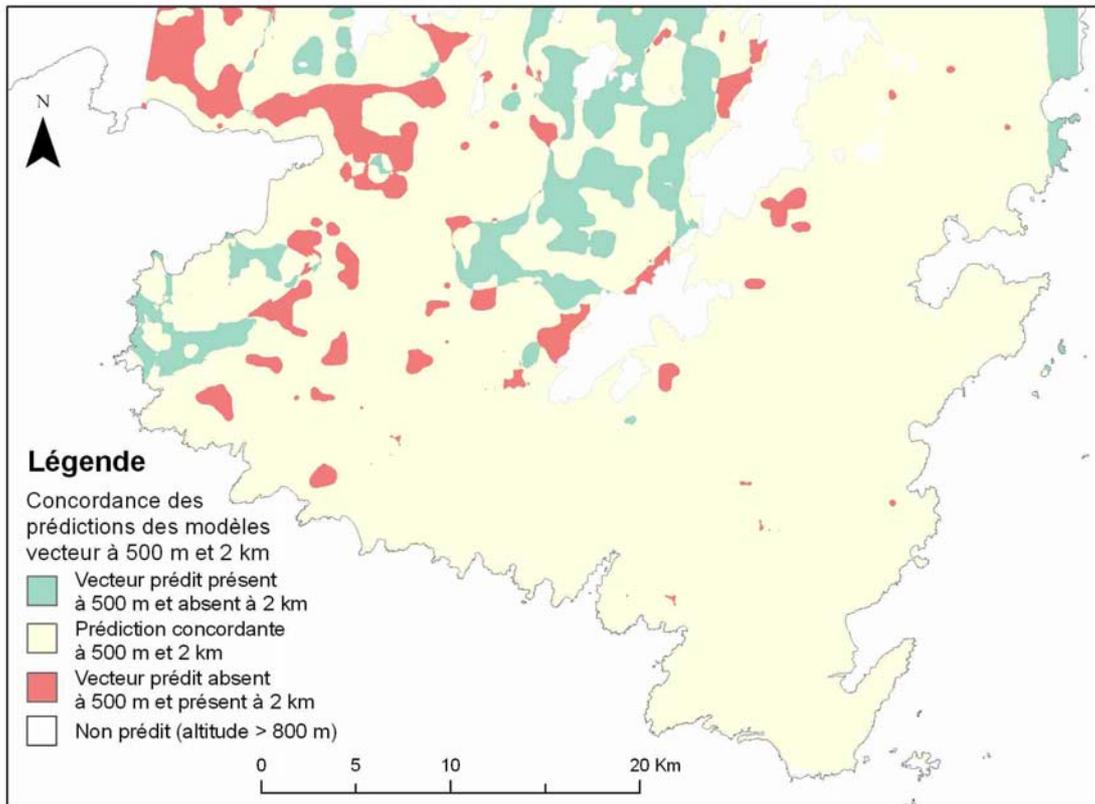


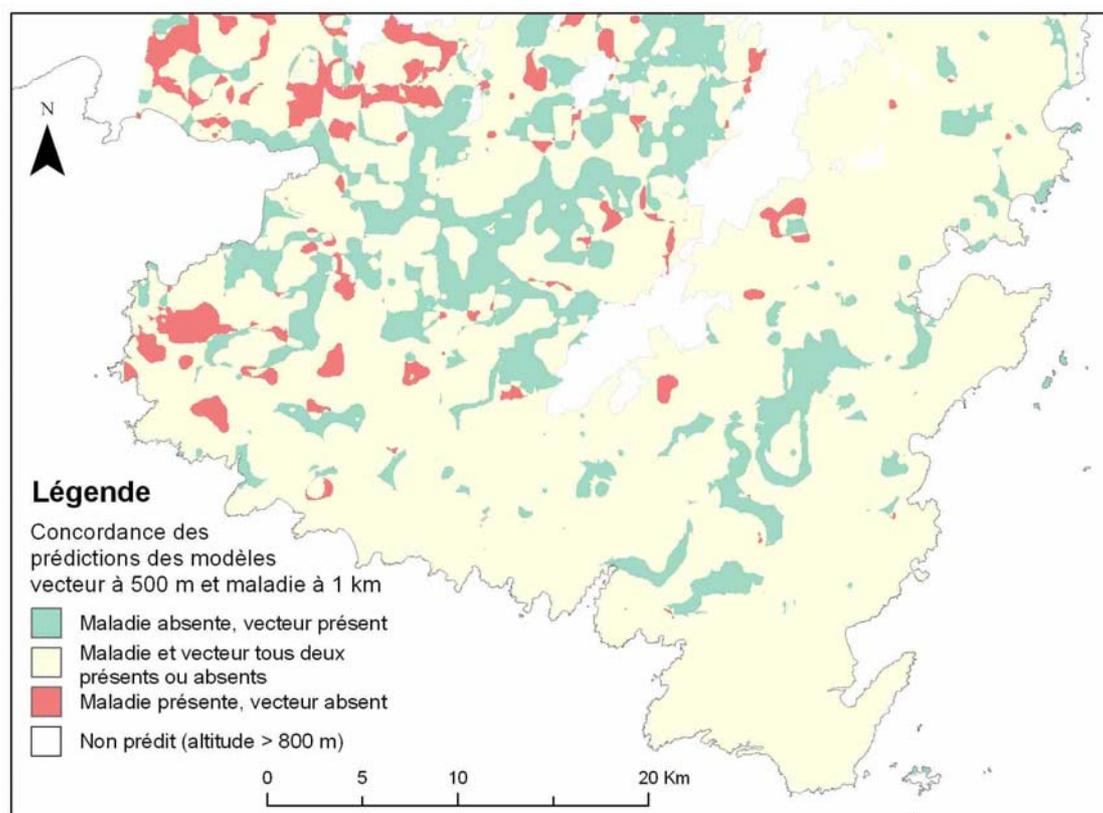
Figure 68 : Comparaison des cartes d'aléa issues des modèles vecteur à 500 m et 2 km.



### 1.2.3. Comparaison des cartes d'aléa des modèles maladie et vecteur

Les prédictions des modèles maladie à 1 km et vecteur à 500 m (les meilleurs modèles de chaque approche) ont été comparées (figure 69). La maladie est prédite comme présente et le vecteur comme absent pour 5 % de la surface. Cette situation contradictoire ne peut se produire sur le terrain que i) si un animal infecté est introduit dans une zone sans vecteur (l'élevage sera alors déclaré comme infecté, mais il n'y aura pas de transmission sur place) ou ii) si le vecteur n'est pas présent en juin (et correctement prédit absent) mais présent plus tard dans la saison. Le vecteur est prédit comme présent et la maladie comme absente pour des surfaces plus importantes (17 %). Cette situation n'est pas contradictoire, la présence du vecteur n'étant pas suffisante pour que la maladie soit transmise. Enfin, les zones où la maladie et le vecteur sont tous deux prédits comme présents ou absents représentent 79 % de la surface.

Figure 69 : Comparaison des cartes d'aléa issues du modèle maladie à 500 m et du modèle vecteur à 1 km.



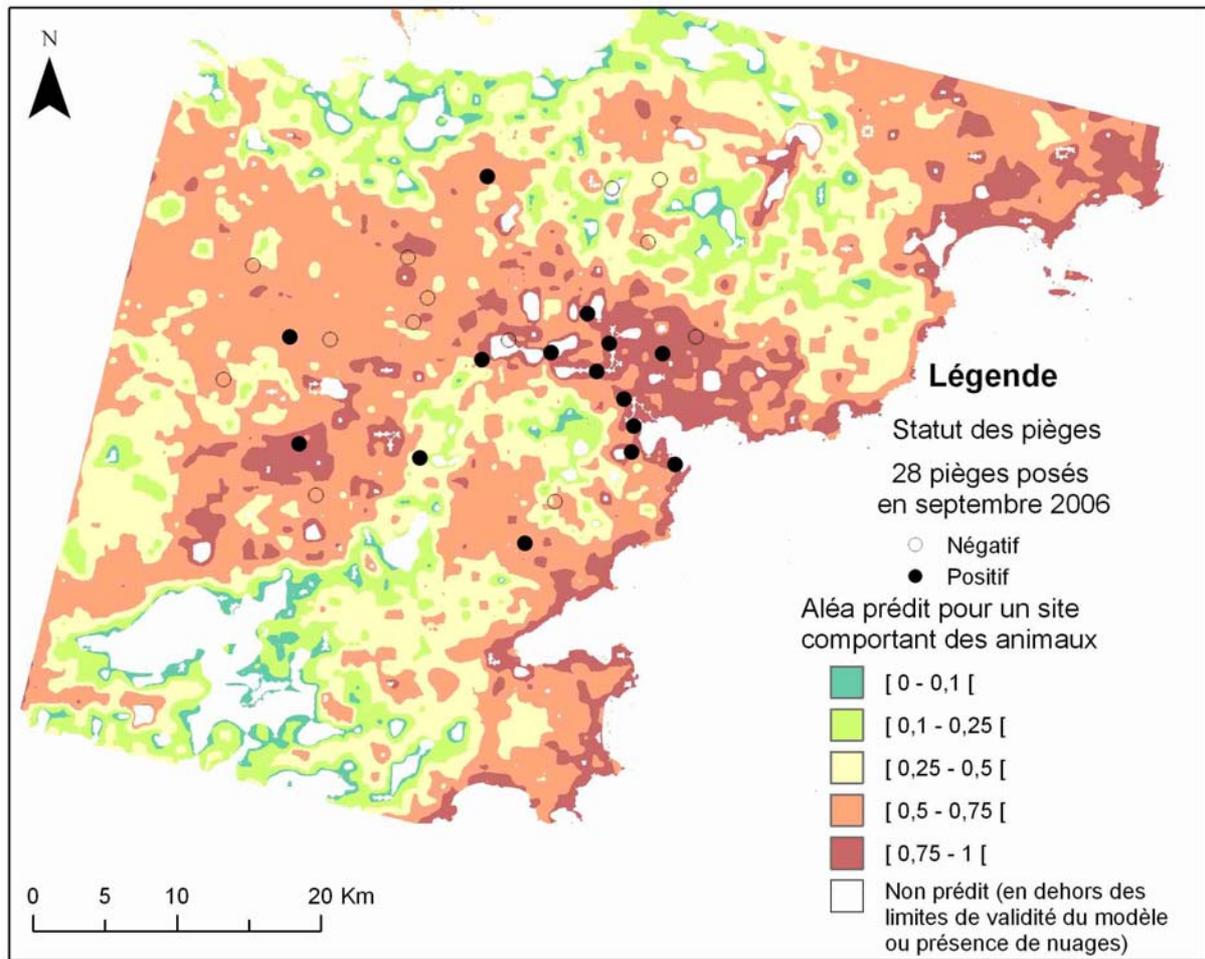
#### 1.2.4. Carte d'aléa de présence de *C. imicola* dans le Var

Le modèle vecteur à 500 m sans coordonnée géographique et sans caractéristique d'élevage<sup>96</sup> a été inversé afin de produire une carte d'aléa dans le Var (figure 70). Bien que ce modèle ne comporte pas de variable relative à l'altitude, il reflète néanmoins la topographie de la zone. Les deux variables du modèle (PRD et NDVI moyen) sont liées à l'altitude puisque les valeurs de NDVI augmentent avec l'altitude et celles de PRD sont plus élevées dans les vallées<sup>97</sup>.

<sup>96</sup> Ce modèle comporte deux variables : le PRD et le NDVI moyen.

<sup>97</sup> Le risque de présence de *C. imicola* est associé négativement au NDVI moyen et positivement au PRD.

Figure 70 : Carte d'aléa issue du modèle vecteur à 500 m appliqué dans le Var.



$I_{RD}$  : indice de risque de diffusion

La plupart des pièges positifs sont situés dans des zones où l'aléa est fort. On peut cependant remarquer, dans le sud de la zone, trois pièges positifs non retenus pour l'évaluation du modèle ( $I_{RD} < 1$ ), situés dans les zones où l'aléa est compris entre 0,25 et 0,5. Le modèle pourrait sous-estimer l'étendue des zones potentielles d'installation de *C. imicola* (la sensibilité du modèle serait plus faible que celle initialement évaluée). Dans la situation actuelle, le modèle reste néanmoins plus sensible que spécifique<sup>98</sup>. Le suivi de l'extension de *C. imicola* dans le Var pour la fin de l'année 2007 et pour les années suivantes permettra de mieux évaluer le modèle, et notamment de suivre l'évolution des pièges négatifs situés dans des zones où le niveau d'aléa prédit est élevé, et de l'affiner si nécessaire.

<sup>98</sup> Il y a plus de pièges faux positifs que de faux négatifs.

### **1.3. Discussion des cartes d'aléa**

#### *1.3.1. Discussion sur la méthode de production des cartes d'aléa*

##### 1.3.1.1. Limites liées au krigeage des variables paysagères

La méthode mise en œuvre pour calculer l'aléa comporte certaines imprécisions liées au krigeage des variables paysagères. L'idéal aurait été de calculer ces variables en tout point de l'espace mais ce calcul aurait impliqué d'extraire autant de petites images qu'il y a de pixels dans l'image, c'est-à-dire entre 45 et 62 millions. Bien que techniquement possible, cette opération nécessite une puissance de calcul supérieure à celle des ordinateurs classiques et n'est envisageable qu'avec des supercalculateurs.

Des différences peuvent être constatées entre les cartes d'aléa de ce chapitre et les cartes de validation interne présentant le statut prédit des élevages ou des pièges (chapitres 6 et 8). Par exemple, deux élevages sains proches de la baie de Porto-Vecchio (côte est de l'île) sont situés dans une zone de fort aléa sur la carte issue du modèle maladie à 1 km pour élevages mixtes, alors que ces élevages ne figurent pas comme élevages « faux négatifs » d'après la figure 37 du chapitre 6. Cette contradiction vient des différences, bien que faibles (et éventuellement accentuées par la discrétisation des variables), entre les valeurs des variables paysagères estimées par krigeage et celles calculées spécifiquement pour l'élevage.

Les écarts entre valeurs estimées par krigeage et valeurs calculées pourraient provenir de l'estimation des variogrammes à partir des zones tests et non de l'image entière. Le krigeage étant réalisé à partir de semis réguliers de 1 km ou de 500 m, la relation entre distance et écart des valeurs devait être établie pour une distance comprise entre 10 m et environ 1,5 km (ce qui revient à prendre les 8 plus proches voisins pour estimer la valeur avec le semis à 1 km). Créer un semis aléatoire sur l'ensemble de la zone d'étude n'était pas possible : un nombre insuffisant de couples de points distants de moins de 2 km aurait été obtenu ou alors cela aurait impliqué de réaliser un semis très dense entraînant des temps de calcul très longs. C'est pourquoi trois zones tests ont été choisies.

Les variogrammes ont été calculés pour chacune des zones tests afin de voir s'ils étaient semblables ou non. Pour certaines variables, comme les LSI des zones non végétalisées ou du maquis, les variogrammes des trois zones étaient semblables ; ainsi, le variogramme pour les 3 zones confondues a servi à paramétrer le krigeage. Pour d'autres variables, comme le LSI et le nombre d'entités de prairies ouvertes, le PRD et le SIDI, les variogrammes étaient semblables pour les deux zones tests situées à proximité des élevages, et celui de la zone plus boisée était différent des deux autres. Seules les deux zones proches des élevages ont été

considérées afin de mieux estimer ces variables à proximité des élevages. Des différences sont donc attendues entre la valeur estimée par krigeage et la valeur calculée pour les autres zones.

Un essai de krigeage sans paramétrer le krigeage sur les variogrammes des zones tests (en laissant les options par défaut du logiciel ArcGis®) a été effectué. Les différences entre les couches krigées par les deux méthodes (paramétrée et options par défaut) sont faibles. Cela pourrait s'expliquer par la densité des mailles du semis de points utilisé pour le krigeage des variables (1 km ou 500 m). Le paramétrage du krigeage n'aurait alors que peu d'influence. Ce paramétrage est par contre indispensable lorsque l'information à estimer par krigeage n'est connue que pour un nombre limité de points.

Au final, les différences entre les valeurs calculées pour les élevages ou les pièges et celles estimées par krigeage (pour ces points) sont néanmoins mineures, et ne modifient le statut prédit que pour un nombre très réduit d'élevages et de pièges. Cependant, pour affiner ces modèles ou pour modéliser la densité de vecteurs (plutôt que leur présence/absence), il serait préférable d'estimer plus finement ces variables paysagères.

#### 1.3.1.2. Limites d'application des modèles

Les zones où l'altitude est supérieure à 800 m ont été masquées sur les cartes d'aléa car les modèles ne peuvent pas être extrapolés sur des zones trop différentes de celles ayant servi à les produire. Rigoureusement, il conviendrait d'appliquer la même démarche pour toutes les variables environnementales testées, c'est-à-dire i) étudier les intervalles de variation de ces variables et ii) masquer les zones situées en dehors de ces intervalles<sup>99</sup>. De même, comme les cartes d'aléa sont issues de modèles construits à partir de données (épidémiologiques ou entomologiques) recueillies au sein d'élevages, les niveaux d'aléa ne peuvent être interprétés que pour des sites où des animaux seraient présents.

#### 1.3.2. Discussion des cartes d'aléa

Globalement, les cartes présentent toutes un niveau d'aléa relativement élevé (sauf celles pour les élevages monospécifiques), concordant avec les taux élevés d'infection des élevages et de présence du vecteur dans les pièges pour la partie sud de l'île. Un gradient sud-nord existe sur toutes les cartes, même pour le modèle maladie à 1 km, qui ne comporte pas de variable directement liée à la latitude. Les variables incluses dans les différents modèles et

---

<sup>99</sup> Par exemple, les zones couvertes par du maquis sur plus de 81 % de leur surface dans un rayon de 1 km devraient être masquées.

leur signification biologique ont déjà été discutées (chapitres 6 et 8). Ici, nous nous intéressons à leur influence sur l'aléa prédit.

Les modèles maladie à 1 km et à 2 km n'ont qu'une variable en commun (l'indicateur d'ensoleillement) et prédisent le même statut pour 61 % de la surface de la zone étudiée.

Le modèle maladie à 2 km semble plus cohérent, notamment pour les régions de l'extrême sud (région de Bonifacio) et de la plaine reliant Figari à Porto-Vecchio, où les élevages sont presque tous infectés, et pour la zone plus montagneuse, où *a priori* *C. imicola* n'est pas présent. L'aléa prédit par le modèle maladie à 1 km est au contraire très hétérogène. Cette hétérogénéité pourrait être un artéfact lié au nombre important de variables discrétisées, au fait que les variables sont lissées sur un rayon plus petit que celles du modèle à 2 km ou bien pourrait correspondre à une hétérogénéité observée sur le terrain. Néanmoins, la structure en tache d'huile de la carte d'aléa prédit par le modèle à 2 km (ne comportant pas de variable discrète mis à part la mixité) soutient plutôt une des deux ou les deux premières hypothèses. D'après les résultats de validation, les modèles à 1 et 2 km reproduisent correctement les données observées, mais les cartes d'aléa issues du modèle à 1 km pour le sud de l'île semblent moins cohérentes que celles issues du modèle à 2 km.

Les modèles vecteur aux trois échelles sont plus simples et similaires que les modèles maladie. Aucun modèle ne prédit l'absence de *C. imicola* dans la zone montagneuse en Corse, à cause sans doute de l'absence de piège en altitude (et le fait que les autres variables ne se substituent pas à l'altitude). En revanche, l'application du modèle à 500 m dans le Var avec les variables NDVI moyen et PRD reflète bien la topographie du milieu. En effet, dans cette zone, le NDVI moyen est plus élevé dans les zones de moyenne altitude (comme en Corse) et le PRD est très lié aux vallées, composées de nombreuses petites parcelles différentes. Les résultats de validation ainsi que le caractère « réaliste » évalué à dire d'experts, laissent penser que ce modèle, conçu pour la Corse, pourrait s'appliquer ailleurs sur le littoral continental français, notamment pour cibler les sites de surveillance entomologique. L'évolution de la dispersion du vecteur dans le Var permettra de confirmer ou d'infirmer les prédictions faites, et d'améliorer le modèle si nécessaire.

La comparaison des modèles maladie à 1 km et vecteur à 500 m montre une cohérence des modèles puisqu'il paraît logique que les modèles prédisent la présence de la maladie sur une plus petite zone (entre 55 % et 73 % de la surface) que celle du vecteur (entre 85 % et 94 %) et puisque les surfaces où la maladie est prédite présente alors que le vecteur est prédit absent sont faibles (5 %). Le vecteur et la maladie sont prédits tous deux présents ou absents pour 79 % de la surface.

## 2. Discussion générale et perspectives

### 2.1. Discussion des données environnementales

#### 2.1.1. Types de données environnementales

Les deux approches ont utilisé le même jeu de données environnementales. Différentes facettes de l'environnement ont été prises en compte : végétation, occupation du sol, paysage, altimétrie et hydrographie. L'intégration de variables paysagères a révélé ici toute son importance puisque, pour les deux approches et pour les trois tailles de voisinage testées, les variables paysagères apparaissent comme des variables explicatives significatives. Les deux hypothèses sur lesquelles ce travail se fondait sont ainsi confirmées : i) les milieux favorables à *C. imicola* et à la FCO peuvent être caractérisés par des facteurs autres que climatiques et ii) ces autres facteurs environnementaux peuvent être extraits d'images à haute résolution spatiale.

Ces résultats confirment que la gamme d'images et de produits issus de télédétection pouvant apporter des informations environnementales utiles en épidémiologie est large puisque à basse résolution spatiale, des indicateurs climatiques pertinents peuvent être extraits (*cf.* modèles climatiques détaillés dans le chapitre 4) et à haute résolution spatiale, des indicateurs paysagers permettent de discriminer les zones favorables à la maladie et au vecteur. Les approches à haute résolution spatiale seront vraisemblablement amenées à se développer avec l'apparition de nouveaux capteurs. Etant donné leur probable complémentarité, les approches combinant les deux types d'informations semblent également intéressantes à mettre en œuvre.

Enfin, ces résultats montrent que la démarche paysagère semble pertinente même dans une situation où les connaissances sur la bio-écologie de l'espèce étudiée sont limitées car elle permet d'identifier des variables statistiquement liées à la présence de la maladie et du vecteur et de construire des modèles discriminants. Cette situation est néanmoins plus complexe à gérer que celles où les espèces impliquées sont clairement associées à certains types de végétation et à une échelle donnée, et nécessite ainsi de tester une grande diversité de variables et plusieurs échelles de voisinage. Des variables paysagères faciles à interpréter doivent néanmoins être choisies sous peine de ne pas pouvoir expliquer les liens statistiques mis en évidence. La qualité de la classification est apparaît comme déterminante, puisque elle conditionne l'exactitude des variables paysagères extraites par la suite. Bien que la classification de l'image de l'extrême sud de la Corse ne soit pas aussi précise que celles de la

région d'Ajaccio et du Var, elle reste tout de même satisfaisante (précision totale supérieure à 75 %). De meilleurs résultats auraient peut-être pu être obtenus, notamment pour la classe zone arbustive rase, en utilisant une image acquise par le satellite SPOT 5, la qualité intrinsèque de ces images semblant meilleure que celles acquises par le satellite SPOT 4 (cf. chapitre 5, partie 3.3.2.5). Le choix de la typologie (définition des classes) est également déterminant, une typologie ne prenant pas en compte les classes pertinentes pour le vecteur ne permettra pas de discriminer les zones favorables et défavorables.

Parmi les variables testées, celles relatives à l'altimétrie et à l'hydrographie ne sont pas retenues dans les modèles. D'après la littérature, ces variables, notamment l'altimétrie, ont cependant une influence sur la distribution du vecteur. Le fait qu'elles ne soient pas retenues provient sans doute du fait que tous les élevages et pièges étaient situés dans des zones où ni l'altitude ni l'hydrographie n'était limitante.

La nature des sols, composante potentiellement importante, n'a pas été prise en compte. En Italie, cette composante pédologique semble pertinente pour expliquer la distribution de *C. imicola* et *C. obsoletus* (Conte *et al.*, 2004 ; Conte *et al.*, 2005 ; Conte *et al.*, 2007), les sols calcaires pouvant être défavorables pour *C. imicola*, et les sols argileux et ayant une texture fine pouvant lui être favorables. Bien que la Corse présente une géologie diversifiée, peu de régions ont un sol calcaire (Gauthier, 2002) à part les falaises de Bonifacio, au sud, et les falaises de St Florent au nord-ouest. Afin d'obtenir des informations sur la composition en argile et la texture des sols, ainsi que sur d'autres caractéristiques du sol pouvant éventuellement être discriminantes pour *C. imicola*, comme par exemple le pH, le Bureau des recherches géologiques et minières (BRGM) pourrait être sollicité.

Une autre composante de l'environnement au sens large n'a pas été incluse : la composante climatique et/ou météorologique. De nombreuses études ont porté sur l'influence des variables climatiques sur la distribution du vecteur. Ici, l'objectif était de voir si d'autres composantes environnementales que les facteurs météorologiques pouvaient contribuer à décrire les milieux favorables au vecteur et à la maladie à une échelle locale. De plus, ce travail posait l'hypothèse que d'autres éléments tels que l'altitude ou la végétation constituaient des indicateurs des conditions climatiques.

L'intégration de telles variables aurait été intéressantes mais posaient plusieurs défis. Tout d'abord, la relation entre climat et *C. imicola* n'a été étudiée qu'à basse résolution spatiale. Pour étudier cette relation à plus haute résolution spatiale, il faudrait soit disposer d'informations recueillies à partir de stations de terrain, soit à partir d'images satellitaires à moyenne résolution spatiale. Or le nombre de stations en Corse demeure limité

(cf. annexe 14). De plus, ce type de données pose le problème de leur interpolation. Travailler à partir d'images à moyenne résolution implique d'identifier les modalités des variables pertinentes à cette échelle. Or cela n'était pas envisageable ici compte tenu du temps imparti. De plus, l'influence des facteurs météorologiques ou climatiques est plus intéressante à étudier lorsqu'on dispose d'une série temporelle de données entomologiques. Au contraire, l'étude des autres facteurs environnementaux nécessite de disposer d'un échantillonnage spatial important effectué sur un laps de temps court. Il paraissait ainsi difficile de mener les deux études de front. Néanmoins, ces deux types d'information environnementale sont vraisemblablement complémentaires et leur étude conjointe constituerait un travail novateur.

Pour combiner les deux approches, l'idéal serait de disposer de données issues d'un échantillonnage spatial répété dans le temps. Cela impose de disposer de moyens humains plus importants pour trier les insectes piégés ou d'outils moléculaires permettant d'estimer le nombre de *C. imicola* dans un piège. De tels outils ont récemment été mis au point : une PCR qualitative, sensible et spécifique, pour détecter la présence de *C. imicola* dans un lot d'insectes piégés a été développée (Cêtre-Sossah *et al.*, 2004) et une PCR semi-quantitative pour estimer le nombre de *C. imicola* dans un piège devrait bientôt être disponible (Cêtre-Sossah *et al.*, 2008(accepté)). Ces outils devraient permettre d'envisager des études de plus grande ampleur sur le terrain.

L'étude des facteurs environnementaux et climatiques pourrait être effectuée à travers des approches dites de modélisation par enveloppes environnementales et/ou modélisation de niches écologiques. Ces approches sont fondées sur la description des zones de présence d'une espèce (animale ou végétale), et infèrent leur distribution potentielle aux autres zones présentant les mêmes caractéristiques (Peterson, 2001 ; Peterson & Vieglais, 2001). Une telle approche a récemment été appliquée aux *Culicoides* et a permis de montrer qu'au sud de l'Europe, environ 40 % des foyers de FCO étaient situés en dehors de l'enveloppe climatique favorable à *C. imicola*, soutenant l'implication d'autres vecteurs dans la transmission (Purse *et al.*, 2007(accepted)). Il serait aussi possible de développer des automates cellulaires\* afin de modéliser les variations intra-annuelles de répartition et/ou d'abondance du vecteur (tenant compte à la fois des conditions météorologiques et des autres facteurs environnementaux tels que l'occupation du sol et le paysage). Un tel modèle permettrait aussi de modéliser la dispersion du vecteur dans le Var.

### 2.1.2. Échelles d'étude

Trois échelles de voisinage ont été testées. L'environnement semble exercer une influence sur la présence du vecteur et de la maladie aux trois échelles puisque des modèles discriminants ont été obtenus pour les différentes tailles de voisinage. Des tailles de voisinage plus grandes pourraient être testées afin de voir sur quelle distance l'environnement exerce son effet. Mais prendre une taille de voisinage plus grande augmenterait le recouvrement des zones tampons entre les élevages ou les pièges, ce qui risquerait d'affaiblir la capacité de discrimination et la stabilité des modèles. L'échantillonnage en place ici n'est pas adapté à un tel objectif, et la distance sur laquelle l'environnement a une influence peut différer selon les variables.

Les résultats ne permettent pas d'identifier une échelle qui serait plus pertinente que les autres ; en particulier, ils ne donnent pas d'indications sur la localisation des gîtes larvaires, sauf qu'ils ne semblent pas situés strictement dans un rayon de 500 m ou de 1 km. Comme les modèles établis aux trois échelles sont discriminants, un modèle combinant des variables d'échelles différentes pourrait être testé, l'idéal étant d'identifier pour chaque variable la distance la plus pertinente. Les modèles ainsi obtenus pourraient être plus discriminants, mais seraient aussi vraisemblablement plus complexes à interpréter.

### 2.2. Bilan et perspectives des deux approches

Les différences et similitudes entre les variables incluses dans les modèles maladie et vecteur ont été évoquées dans le chapitre précédent. Des modèles discriminants ont été obtenus pour les deux approches. Les cartes d'aléa ont montré que le vecteur et la maladie sont tous deux prédits présents ou absents pour 79 % de la surface. Les deux approches semblent pertinentes à mettre en œuvre, le choix dépendant des objectifs et des moyens dont on dispose.

L'approche maladie est plus facile et plus rapide à mettre en œuvre, notamment parce que la déclaration de la maladie est obligatoire, mais est limitée aux zones et périodes où les animaux ne sont pas vaccinés et où le virus circule.

L'approche vecteur proposée ici ne permet d'étudier que la présence/absence de *C. imicola*. Elle ne représente ainsi que la première étape de modélisation du risque de transmission de la maladie. L'étape suivante serait d'établir des modèles quantitatifs, sur la densité de *C. imicola*. Les effectifs capturés par piège étant très variables (0 à 3 565 individus), ce type de modèle permettrait d'affiner les cartes d'aléa et surtout

constituerait la première étape vers la modélisation de la capacité vectorielle, permettant véritablement d'obtenir des informations sur le risque de transmission.

L'approche vecteur présente néanmoins plusieurs points forts. Tout d'abord, les modèles obtenus ici sont plus simples et semblent plus robustes que ceux issus de l'approche maladie. Ensuite, cette approche peut être mise en place même si la bio-écologie de l'espèce est mal connue. Enfin, son principal inconvénient étant la lourdeur du travail de diagnose des insectes, elle devrait largement profiter du développement d'une PCR semi-quantitative, voire quantitative permettant d'envisager des études de plus grande ampleur.

Cependant, les outils moléculaires ne remplaceront jamais complètement la diagnose car seule cette dernière permet d'actualiser la liste des espèces présentes et d'obtenir la richesse et la finesse des informations nécessaires à une meilleure compréhension de la bio-écologie des espèces de *Culicoides*. Dans ce travail de thèse, seule une petite partie des données ont été analysées en détail. Une approche similaire pourrait être menée pour les autres espèces de *Culicoides*, notamment *C. pulicaris* et *C. obsoletus*, impliquées dans la transmission de la FCO et présentes dans un nombre suffisamment important de pièges. Pour de nombreuses espèces, de telles études n'ont encore jamais été effectuées. Les interactions entre espèces mériteraient elles aussi d'être étudiées.

## **Résumé**

La première partie de ce chapitre présente et discute les méthodes et les cartes d'aléa obtenues pour les modèles des approches maladie et vecteur pour la zone situées au sud de l'île ainsi que pour le modèle vecteur appliqué au Var.

Les cartes issues des modèles maladie sont très différentes selon qu'elles sont établies pour des élevages mixtes ou monospécifiques. La carte du modèle maladie à 1 km présente une forte hétérogénéité alors que celle du modèle à 2 km présente une structure en tache d'huile et semble plus cohérente, notamment pour la région de Bonifacio, la plaine reliant Figari et Porto-Vecchio et les zones de montagne. Les modèles maladie à 1 et 2 km présentent des différences en terme d'aléa prédit pour 38 % de la surface de la zone. Les cartes issues des modèles vecteur sont plus simples et présentent un pourcentage d'accord observé élevé (supérieur à 85 %), ce qui pourrait indiquer que ces modèles sont plus robustes. Le vecteur et la maladie sont prédits tous deux présents ou absents pour 79 % de la surface. La carte du Var semble assez réaliste, confirmant que ce modèle peut être appliqué sur le littoral continental français, ce qui pourrait notamment permettre de cibler les sites de surveillance entomologique.

La seconde partie de ce chapitre propose une discussion générale sur les données environnementales et le bilan et les perspectives des deux approches.

Parmi les différentes facettes de l'environnement prises en compte, les variables paysagères tiennent une place importante dans les deux approches et pour les trois tailles de voisinage. L'inclusion de données pédologiques pourrait compléter cette description de l'environnement. La composante climatique et/ou météorologique pourrait aussi être intégrée et s'avérer complémentaire.

Les approches maladie et vecteur semblent toutes deux pertinentes à mettre en œuvre. L'approche maladie reste plus facile et plus rapide à mettre en place mais est limitée aux zones et périodes où les animaux ne sont pas vaccinés et où le virus circule. L'approche vecteur, bien que ne constituant que la première étape permettant d'évaluer le risque de transmission de la FCO, présente plusieurs points forts tels que la simplicité et la robustesse des modèles obtenus ici. Elle devrait en outre bénéficier du récent développement d'outils moléculaires permettant d'envisager des études de plus grande ampleur. Enfin, cette approche a permis le recueil d'une importante quantité d'information sur les *Culicoides*, dont seule une petite partie a été analysée. La même démarche pourrait donc être appliquée aux autres espèces de *Culicoides*, notamment *C. pulicaris* et *C. obsoletus*, espèces impliquées dans la transmission de la FCO.

## Conclusion de la deuxième partie

*Dans cette partie, les trois zones d'études (extrême sud de la Corse, région d'Ajaccio et Var) ont été présentées. Différents indicateurs (altimétriques, hydrographiques, d'occupation du sol et paysagers) en lien avec la bio-écologie du vecteur, ont été extraits en prenant trois échelles de voisinage autour de l'élevage ou du piège (500 m, 1 km et 2 km).*

*Les deux approches (maladie et vecteur) mettent en relief le rôle des variables paysagères et un effet latitude. La présence du vecteur ou de la maladie n'est pas associée à un type de végétation particulier, au contraire, elle est associée à un ensemble de milieux possédant d'importantes longueurs de frontières (approche maladie) ou à une diversité de milieux (approche vecteur). Le rôle du type d'élevage (mixte ou monospécifique) mis en évidence lors de l'approche maladie n'est pas confirmé dans l'approche vecteur. Les modèles issus des deux approches, possèdent une capacité de discrimination élevée, confirmée en validation interne et externe, mais la plupart de ces modèles ne peuvent être utilisés qu'à des fins de prédictions qualitatives. Seul le modèle vecteur à 500 m comprenant la variable NY peut être utilisé à des fins prédictives quantitatives en Corse et celui à 500 m sans cette variable dans le Var.*

*Les cartes d'aléa issues des modèles vecteur sont plus simples et plus concordantes que celles issues des modèles maladie. De telles cartes pourraient être utilisées pour cibler la surveillance, notamment sur le littoral continental français.*

*Des propositions ont été faites afin de compléter la caractérisation de l'environnement (variables pédologiques et météorologiques et/ou climatologiques). Les deux approches semblent pertinentes à mettre en œuvre. L'approche vecteur a permis de recueillir une quantité très importante d'information sur les Culicoides en Corse. La démarche, réalisée pour *C. imicola*, pourrait être appliquée sur les autres espèces de Culicoides potentiellement impliquées dans la transmission de la FCO.*

## Conclusion générale

La fièvre catarrhale ovine et *C. imicola*, son vecteur exotique, semblent durablement installés dans le bassin méditerranéen. Dans ce travail de thèse, un nombre important de variables, relatives à différents aspects de l'environnement (altimétrie, hydrographie, végétation, occupation du sol, paysage), ont été étudiées afin d'identifier celles permettant de caractériser, à une échelle locale, les zones favorables à la maladie et à son vecteur. Les modèles établis à trois échelles de voisinage (500 m, 1 km et 2 km) ont été validés en interne et en externe, et ce pour les deux approches (maladie et vecteur). Les résultats ont confirmé que les milieux favorables au vecteur et à la maladie pouvaient être caractérisés par des facteurs environnementaux autres que climatiques. Ils ont également montré que l'environnement influait sur la présence de la maladie et du vecteur pour les trois échelles de voisinage testées. Ils ont mis en évidence pour la première fois l'importance des indicateurs paysagers pour expliquer la répartition de la FCO et de *C. imicola*. Les différents modèles établis ont montré que le vecteur et la maladie n'étaient pas associés à un type de végétation donné, mais, au contraire, que les milieux favorables étaient fragmentés, regroupant plusieurs éléments imbriqués ou du moins rassemblés dans le voisinage. En effet, les élevages infectés étaient plus fréquemment situés dans des milieux où les longueurs de frontières de différentes classes étaient importantes, et les vecteurs étaient présents dans des milieux où la diversité des types d'occupation du sol était élevée. Les deux approches ont aussi permis d'identifier une autre variable d'importance : la latitude, reflet de la distance à la Sardaigne ; les probabilités de présence de la maladie et du vecteur étant plus élevées pour les élevages les plus proches de l'île italienne.

La plupart des modèles ont présenté une capacité de discrimination élevée rendant possible leur utilisation à des fins de prédictions en Corse et sur d'autres territoires. Les deux approches, maladie et vecteur, semblent pertinentes ; le choix entre l'une ou l'autre étant dépendant des objectifs et des moyens disponibles. Les approches fondées sur le vecteur devraient bénéficier du développement récent d'outils moléculaires permettant de quantifier l'abondance du vecteur dans un piège.

Des cartes d'aléa issues des deux approches ont été produites. Celles issues des modèles « vecteur » sont plus simples et présentent un pourcentage d'accord observé plus élevé (pour

les différentes échelles de voisinages) que celles issues des modèles « maladie ». En appliquant la même méthode, des cartes d'aléa pourraient être produites pour le reste du littoral continental français. L'application des modèles en zone infectée ainsi qu'en zone indemne permet de cibler les actions de surveillance, de contrôle et/ou de lutte. Elle permet aussi d'aider à cibler des études entomologiques.

Les perspectives de ce travail sont multiples. On peut distinguer celles qui consistent à améliorer et compléter le travail de thèse, celles, nombreuses, qui consistent à appliquer une démarche similaire fondée sur la caractérisation de l'environnement à d'autres contextes épidémiologiques et enfin, trois exemples de perspectives consistant à développer de nouvelles approches géomatiques en vue de les appliquer en épidémiologie sont mentionnées.

Tout d'abord, il est possible de perfectionner l'approche présentée ici. D'autres variables environnementales, relatives au sol et au climat par exemple peuvent être incluses. La même approche pourrait être appliquée aux autres espèces de *Culicoides* capturées, notamment à *C. obsoletus* et *C. pulicaris*, toutes deux impliquées dans la transmission de la FCO. Des modèles d'abondance des vecteurs pourraient également être développés. Un modèle d'abondance, intégrant des facteurs climatiques, pourrait être établi pour étudier la dynamique saisonnière des populations. Couplé à un modèle de diffusion, il pourrait permettre de modéliser la dispersion du vecteur au cours du temps, par exemple au travers d'un automate cellulaire. Les modèles d'abondance constituent aussi une des étapes nécessaires à l'élaboration de modèles de capacité vectorielle<sup>100</sup>, permettant d'évaluer le risque de transmission du virus. Une étude réalisée dans le Var a montré qu'il pouvait exister de fortes différences de capacité vectorielle entre sites voisins (Biteau-Coroller, 2006), ce qui soutient la nécessité de ne pas cartographier uniquement la présence ou l'abondance, mais bien la capacité vectorielle. Une étude préliminaire a permis d'établir une carte de capacité vectorielle dans le Var en utilisant la carte des paysages favorables au vecteur, elle doit être affinée en intégrant une analyse plus solide de l'abondance du vecteur, notamment en étudiant sa dynamique temporelle.

Une démarche similaire fondée sur la caractérisation de l'environnement pourrait être appliquée à d'autres contextes épidémiologiques. Les outils géomatiques peuvent être utiles pour caractériser l'environnement pour de nombreuses maladies, à la double condition que la

---

<sup>100</sup> Ces modèles intègrent outre l'abondance des vecteurs, la densité des hôtes, le taux de piqûres par unité de temps, le taux de survie journalier des vecteurs, la durée du cycle d'incubation extrinsèque et la compétence vectorielle.

maladie soit liée à des facteurs environnementaux et que ces derniers puissent être étudiés par télédétection (Beck *et al.*, 1994 ; Tran, 2004). Ces maladies peuvent être liées à des environnements très différents (milieu terrestre, urbain ou rural, milieu aquatique...), conditionnant le type d'image (caractéristiques spectrales, résolution spatiale et temporelle) à utiliser ainsi que les types d'indicateurs auxquels il conviendra de faire appel (voire d'inventer).

Parmi les maladies infectieuses humaines et animales liées à l'environnement, on peut citer notamment toutes les maladies dont l'agent pathogène passe un long moment à l'extérieur de l'hôte : i) les maladies vectorielles (les exemples sont nombreux et ont souvent déjà fait l'objet de telles approches : paludisme, dengue, fièvre de la Vallée du Rift, fièvre *West Nile*, leishmaniose, peste, maladie de Chagas, trypanosomose...), ii) les maladies dont le cycle inclut des hôtes intermédiaires (des mollusques dans le cas des schistosomoses ou des réservoirs pouvant être liés à la faune sauvage comme la trichinellose, la rage ou la leptospirose), iii) les maladies liées à l'eau (comme le choléra), iv) les maladies à spores (le charbon ou anthrax). Cette liste n'est pas exhaustive, on pourrait y ajouter par exemple certaines maladies à transmission directe (comme les méningites à méningocoques), certaines parasitoses impliquant un passage dans le milieu extérieur (ankylostomose), ainsi que certaines maladies pour lequel le cycle est encore mal défini comme l'ulcère de Buruli. Les outils géomatiques peuvent aussi améliorer la compréhension de la répartition des maladies humaines, infectieuses ou non, au travers de l'analyse qualitative de l'environnement urbain, notamment la salubrité de l'habitat humain, permettant d'identifier des populations vulnérables (pauvreté, densité de population...) (Guernier, 2006 ; Tran *et al.*, 2002). Enfin, les outils géomatiques sont aussi bien sûr utilisés en épidémiologie végétale (sur des maladies comme le jaunissement mortel du cocotier ou l'anthracnose des baies de caféier) où à la fois le type de végétation et son état de santé peuvent être étudiés à partir des images satellitaires. Pour toutes ces maladies, la démarche générale de caractérisation du milieu et de comparaison des sites où la maladie (ou du vecteur, de l'hôte, du réservoir) est présente avec ceux où elle est absente peut être menée.

Enfin, l'évolution rapide des outils géomatiques (nouveaux capteurs, nouveaux moyens de traitements informatiques de l'information) offre sans cesse de nouvelles applications pour l'épidémiologie. De nombreux domaines restent à explorer, comme par exemple l'utilisation d'images radar pour étudier le transport passif par les vents de vecteurs ou d'agents pathogènes. Des études plus spécifiques portant sur les trajectoires des hôtes (humains et animaux) ou la diffusion de pathogènes par l'eau ou le vent mériteraient d'être approfondies.

Enfin, une recherche méthodologique sur les nouveaux types d'informations et d'indicateurs que la télédétection pourrait apporter à l'épidémiologie paraît indispensable. De telles études ne peuvent s'inscrire que dans un contexte d'interdisciplinarité.

## Références

- Abu Elzein E.M.** (1985) Bluetongue in camels: a serological survey of the one-humped camel (*Camelus dromedarius*) in the Sudan. *Rev Elev Med Vet Pays Trop* **38** (4): 438-42.
- Alba A., Casal J. & Domingo M.** (2004) Possible introduction of bluetongue into the Balearic Islands, Spain, in 2000, via air streams. *Vet Rec* **155** (15): 460-1.
- Alexander K.A., MacLachlan N.J., Kat P.W., House C., O'Brien S.J., Lerche N.W., Sawyer M., Frank L.G., Holekamp K., Smale L., McNutt J. W., Laurenson M. K., Mills M. G. L. Osburn, B. I.** (1994) Evidence of natural bluetongue virus infection among African carnivores. *Am J Trop Med Hyg* **51** (5): 568-76.
- Allan B.F., Keesing F. & Ostfeld R.S.** (2003) Effect of forest fragmentation on Lyme disease risk. *Conserv Biol* **17** (1): 267-72.
- Anderson J.R. & Linhares A.X.** (1989) Comparison of several different trapping methods for *Culicoides variipennis* (Diptera: Ceratopogonidae). *J Am Mosq Control Assoc* **5** (3): 325-34.
- Anyamba A., Linthicum K.J. & Tucker C.J.** (2001) Climate-disease connections: Rift Valley Fever in Kenya. *Cad Saude Publica* **17 Suppl**: 133-40.
- Arnaud M. & Emery X.** (2000) Estimation et interpolation spatiale. Méthodes déterministes et méthodes géostatistiques. Paris, France, Hermes Science. 221 p.
- Baldet T., Delécolle J.-C., Mathieu B., De La Rocque S. & Roger F.** (2004) Entomological surveillance of bluetongue in France in 2002. *Vet Ital* **40** (3): 226-31.
- Baldet T., Mathieu B., Delécolle J.-C., Gerbier G. & Roger F.** (2005) Emergence de la fièvre catarrhale ovine dans le Bassin méditerranéen et surveillance entomologique en France. *Revue Elev Méd vét Pays trop* **58** (3): 125-32.
- 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. Rennes, France, Cirad - Université de Rennes 2. 47 p.
- Baudoux S., Hartig A.-J., Hendrikx P., Gregory M., Gourreau J.-M. & Roger F.** (2003) Vademecum: La fièvre catarrhale ovine (bluetongue).  
[http://bluetongue.cirad.fr/resources/publications/ouvrages/la\\_bluetongue/vademecum\\_fievre\\_catarrhale\\_ovine\\_bluetongue](http://bluetongue.cirad.fr/resources/publications/ouvrages/la_bluetongue/vademecum_fievre_catarrhale_ovine_bluetongue)
- Bavia M.E., Malone J.B., Hale L., Dantas A., Marroni L. & Reis R.** (2001) Use of thermal and vegetation index data from earth observing satellites to evaluate the risk of schistosomiasis in Bahia, Brazil. *Acta Trop* **79** (1): 79-85.
- Baylis M., el Hasnaoui H., Bouayoune H., Touti J. & Mellor P.S.** (1997) The spatial and seasonal distribution of African horse sickness and its potential *Culicoides* vectors in Morocco. *Med Vet Entomol* **11** (3): 203-12.

- Baylis M., Bouayoune H., Touti J. & El Hasnaoui H.** (1998) 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* **12** (3): 255-66.
- Baylis M. & Rawlings P.** (1998) Modelling the distribution and abundance of *Culicoides imicola* in Morocco and Iberia using climatic data and satellite imagery. *Arch Virol Suppl* **14**: 137-53.
- Baylis M., Meiswinkel R. & Venter G.J.** (1999) 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* **70** (2): 80-9.
- Baylis M., Mellor P.S., Wittmann E.J. & Rogers D.J.** (2001) Prediction of areas around the Mediterranean at risk of bluetongue by modelling the distributions of its vector using satellite imaging. *Vet. Rec.* **149**: 639-43 (+ erratum *Vet Rec* 2002, **150** (13) 404).
- Baylis M., O'Connell L. & Purse B.V.** (2004) Modelling the distribution of bluetongue vectors. *Vet Ital* **40** (3): 176-81.
- Baylis M. & Githeko A.K.** (2006) The effects of climate change on infectious diseases of animals. State of Science Review for Foresight Project Detection and Identification of Infectious Diseases, Office of Science and Innovation, Department of Trade and Industry, UK: 35 p.
- Beck L.R., Rodriguez M.H., Dister S.W., Rodriguez A.D., Rejmankova E., Ulloa A., Meza R.A., Roberts D.R., Paris J.F., Spanner M.A., Washino R.K., Hacker C. & Legters L.J.** (1994) Remote Sensing as a landscape epidemiologic tool to identify villages at high risk for malaria transmission. *Am J Trop Med Hyg* **51** (3): 271-80.
- Beck L.R., Lobitz B.M. & Wood B.L.** (2000) Remote sensing and human health: new sensors and new opportunities. *Emerg Infect Dis* **6** (3): 217-27.
- Beckenbach A.T. & Borkent A.** (2003) Molecular analysis of the biting midges (Diptera: Ceratopogonidae), based on mitochondrial cytochrome oxidase subunit 2. *Mol Phylogenet Evol* **27** (1): 21-35.
- Benz U.C., Hofmann P., Willhauck G., Lingenfelder I. & Heynen M.** (2004) Multi-resolution, object-oriented fuzzy analysis of remote sensing data for GIS-ready information. *Isprs J Photogramm* **58** (3-4): 239-58.
- Bhat M.N., Manickam R. & Aruni W.** (1998) Detection of bluetongue antibody and antigen in Indian elephants, spotted deer and blackbucks. *Indian J Anim Sci* **68** (2): 135.
- Bishop A.L., Kirkland P.D., McKenzie H.J., Spohr L.J., Barchia I.M. & Muller M.J.** (1995a) Distribution and Seasonal Movements of *Culicoides brevitarsis* Kieffer (Diptera, Ceratopogonidae) at the Southern Limits of its Distribution in New South Wales and their Correlation with Arboviruses Affecting Livestock. *J Aust Entomol Soc* **34**: 289-98.
- Bishop A.L., McKenzie H.J., Barchia I.M. & Harris A.M.** (1995b) The effects of habitat on the distribution of *Culicoides brevitarsis* Kieffer (Diptera: Ceratopogonidae) during its resting phase. *Australian J Zool* **43** (5): 531-9.
- Bishop A.L., Barchia I.M. & Spohr L.J.** (2000) Models for the dispersal in Australia of the arbovirus vector, *Culicoides brevitarsis* Kieffer (Diptera : Ceratopogonidae). *Prev Vet Med* **47** (4): 243-54.

- Bishop A.L., Spohr L.J. & Barchia I.M.** (2004a) Effects of altitude, distance and waves of movement on the dispersal in Australia of the arbovirus vector, *Culicoides brevitarsis* Kieffer (Diptera: Ceratopogonidae). *Prev Vet Med* **65** (3-4): 135-45.
- Bishop A.L., Spohr L.J. & Barchia I.M.** (2004b) Factors affecting the spread of *Culicoides brevitarsis* at the southern limit of distribution in eastern Australia. *Vet Ital* **40** (3): 316-9.
- Bishop A.L., Bellis G.A., McKenzie H.J., Spohr L.J., Worrall R.J., Harris A.M. & Melville L.** (2006) Light trapping of biting midges *Culicoides* spp. (Diptera : Ceratopogonidae) with green light-emitting diodes. *Aust J Entomol* **45**: 202-5.
- Biteau-Coroller F.** (2006) Surveillance et évaluation du risque de transmission des maladies vectorielles émergentes : apport de la capacité vectorielle. Exemple de la fièvre catarrhale du mouton. Epidémiologie, Montpellier, Université de Montpellier II : 238 p.
- Biteau-Coroller F., Gerbier G., Stark K.D., Grillet C., Albina E., Zientara S. & Roger F.** (2006) Performance evaluation of a competitive ELISA test used for Bluetongue antibody detection in France, a recently infected area. *Vet Microbiol* **118** (1-2): 57-66.
- Blackwell A., Young M.R. & Mordue W.** (1994) The microhabitat of *Culicoides impunctatus* (Diptera Ceratopogonidae) larvae in Scotland. *Bull Entomol Res* **84**: 295-301.
- Boone J.D., McGwire K.C., Otteson E.W., DeBaca R.S., Kuhn E.A., Villard P., Brussard P.F. & St Jeor S.C.** (2000) Remote sensing and geographic information systems: charting Sin Nombre virus infections in deer mice. *Emerg Infect Dis* **6** (3): 248-58.
- Bouyer J.** (1991a) La régression logistique en épidémiologie. Partie II. *Rev Epidémiol et Santé Publ* **39**: 183-96.
- Bouyer J.** (1991b) La régression logistique en épidémiologie. Partie I. *Rev Epidémiol et Santé Publ* **39**: 79-87.
- Bouyer J., Hémon D., Cordier S., Derriennic F., Stücker I., Stengel B. & Clavel J.** (1995) Epidémiologie. Principes et méthodes quantitatives. Paris, Editions INSERM. 498 p.
- Bouyer J., Guerrini L., Desquesnes M., de la Rocque S. & Cuisance D.** (2006) Mapping African Animal Trypanosomosis risk from the sky. *Vet Res* **37** (5): 633-45.
- Bowen R.A., Howard T.H., Elsdon R.P. & Seidel G.E.** (1985a) Bluetongue virus and embryo transfer in cattle. *Prog Clin Biol Res* **178**: 85-9.
- Bowen R.A., Howard T.H. & Pickett B.W.** (1985b) Seminal shedding of bluetongue virus in experimentally infected bulls. *Prog Clin Biol Res* **178**: 91-6.
- Braverman Y., Boreham P.F. & Galun R.** (1971) The origin of blood meals of female *Culicoides pallidipennis* trapped in a sheepfold in Israel. *J Med Entomol* **8** (4): 379-81.
- Braverman Y., Galun R. & Ziv M.** (1974) Breeding sites of some *Culicoides* species (Diptera, Ceratopogonidae) in Israel. *Mosq News* **34** (3): 303-8.
- Braverman Y., Boreham P.F. & Galun R.** (1977) The origin of blood meals of biting midges (Diptera: Ceratopogonidae) and mosquitoes (Diptera: Culicidae) trapped in turkey runs in Israel. *Rhod J agric Res* **15**: 101-4.
- Braverman Y.** (1978) Characteristics of *Culicoides* (Diptera, Ceratopogonidae) breeding places near Salisbury, Rhodesia. *Ecological Entomology* **3**: 163-70.
- Braverman Y. & Chechik F.** (1996) Air streams and the introduction of animal diseases borne on *Culicoides* (Diptera, Ceratopogonidae) into Israel. *Rev Sci Tech* **15** (3): 1037-52.

- Brenner R.J., Wargo M.J., Stains G.S. & Mulla M.S.** (1984) The dispersal of *Culicoides mohave* (Diptera: Ceratopogonidae) in the desert of southern California. *Mosq News* **44** (3): 343-50.
- Brooker S., Hay S.I., Issae W., Hall A., Kihamia C.M., Lwambo N.J., Wint W., Rogers D.J. & Bundy D.A.** (2001) Predicting the distribution of urinary schistosomiasis in Tanzania using satellite sensor data. *Trop Med Int Health* **6** (12): 998-1007.
- Brooker S., Leslie T., Kolaczinski K., Mohsen E., Mehboob N., Saleheen S., Khudonazarov J., Freeman T., Clements A., Rowland M. & Kolaczinski J.** (2006) Spatial epidemiology of *Plasmodium vivax*, Afghanistan. *Emerg Infect Dis* **12** (10): 1600-2.
- Brunet R.** (2004) La Corse, région d'Europe. *M@ppemonde* **76** (4): 1-16.
- Bruno C., Dupré G., Giorgetti G., Giorgetti J.P. & Alesandri J.** (2001) Chi tempu face? Météorologie, climat et microclimats de la Corse. Ajaccio, France. 130 p.
- Burel F. & Baudry J.** (1999) Ecologie du paysage. Concepts, méthodes et applications. Paris. 359 p.
- Calistri P., Goffredo M., Caporale V. & Meiswinkel R.** (2003) The Distribution of *Culicoides imicola* in Italy: Application and Evaluation of Current Mediterranean Models Based on Climate. *J Vet Med B Infect Dis Vet Public Health* **50** (3): 132-8.
- Callot J., Kremer M., Rioux J.A. & Descous S.** (1967) *Culicoides* des Pyrénées Orientales, description de *C. caucoliberensis* n. sp. *Bull Soc Zool Fr* **92** (4): 827-32.
- Callot J., Kremer M. & Mollet B.** (1974) De quelques biotopes larvaires de *Culicoides* Cératopogonidés étudiés en Alsace, dans les Vosges et en Lorraine. *Annales de Parasitologie* **49** (5): 639-40.
- Capela R., Purse B.V., Pena I., Wittman E.J., Margarita Y., Capela M., Romao L., Mellor P.S. & Baylis M.** (2003) Spatial distribution of *Culicoides* species in Portugal in relation to the transmission of African horse sickness and bluetongue viruses. *Med Vet Entomol* **17** (2): 165-77.
- Caracappa S., Torina A., Guercio A., Vitale F., Calabro A., Purpari G., Ferrantelli V., Vitale M. & Mellor P.S.** (2003) Identification of a novel bluetongue virus vector species of *Culicoides* in Sicily. *Vet Rec* **153** (3): 71-4.
- Cesari M.-P.** (2001) Le Brocciu, un fromage en AOC. *Pastum* (61-62): 29-33.
- Cêtre-Sossah C., Baldet T., Delecolle J.C., Mathieu B., Perrin A., Grillet C. & Albina E.** (2004) Molecular detection of *Culicoides spp.* and *Culicoides imicola*, the principal vector of bluetongue (BT) and African horse sickness (AHS) in Africa and Europe. *Vet Res* **35** (3): 325-37.
- Cêtre-Sossah C., Mathieu B., Setier-Rio M.-L., Grillet C., Baldet T., Delécolle J.-C. & Albina E.** (2008(accepté)) Development and evaluation of a real-time quantitative PCR assay for *Culicoides imicola*, one of the main vectors of Bluetongue (BT) and African Horse Sickness (AHS) in Africa and Europe. *Res Vet Sci*.
- Chevalier V., de la Rocque S., Baldet T., Vial L. & Roger F.** (2004) Epidemiological processes involved in the emergence of vector-borne diseases: West Nile fever, Rift Valley fever, Japanese encephalitis and Crimean-Congo haemorrhagic fever. *Rev Sci Tech* **23** (2): 535-55.
- Cihlar J., Stlaurent L. & Dyer J.A.** (1991) Relation between the Normalized Difference Vegetation Index and Ecological Variables. *Remote sens environ* **35** (2-3): 279-98.

**CIRAD, EID Méditerranée, ULP (Université Louis Pasteur), AFSSA (Agence française de sécurité sanitaire des aliments) & MAP (2001) *Bulletin - Surveillance de la fièvre catarrhale du mouton* (2 - juillet 2001): 2.**

**Connan R.M. & Lloyd S. (1988) Seasonal allergic dermatitis in sheep. *Vet Rec* 123 (13): 335-7.**

**Conseil Exécutif de Corse (2006) Rapport du Président du Conseil Exécutif de Corse. Plan de relance filières ovines et caprines, Collectivité Territoriale de Corse.**  
[www.corse.fr/documents/Assemblee/rapports/Plan%20de%20relance%20Filières%20Caprine%20et%20Ovine.pdf](http://www.corse.fr/documents/Assemblee/rapports/Plan%20de%20relance%20Filières%20Caprine%20et%20Ovine.pdf).

**Constantin de Magny G., Cazelles B. & Guegan J.F. (2007a) Cholera threat to humans in Ghana is influenced by both global and regional climatic variability. *Ecohealth* 3 (4): 223-31.**

**Constantin de Magny G., Guegan J.F., Petit M. & Cazelles B. (2007b) Regional-scale climate-variability synchrony of cholera epidemics in West Africa. *BMC Infect Dis* 7: 20.**

**Constible J.M., Chamberlain M.J. & Leopold B.D. (2006) Relationships between landscape pattern and space use of three mammalian carnivores in central Mississippi. *Am Midl Nat* 155 (2): 352-62.**

**Conte A., Giovannini A., Savini L., Goffredo M., Calistri P. & Meiswinkel R. (2003) The effect of climate on the presence of *Culicoides imicola* in Italy. *J Vet Med B Infect Dis Vet Public Health* 50 (3): 139-47.**

**Conte A., Ippoliti C., Calistri P., Pelini S., Savini L., Salini R., Goffredo M. & Meiswinkel R. (2004) Towards the identification of potential infectious sites for bluetongue in Italy: a spatial analysis approach based on the distribution of *Culicoides imicola*. *Vet Ital* 40 (3): 311-5.**

**Conte A., Giovannini A., Goffredo M., Ippoliti C. & Meiswinkel R. (2005). Ecological factors influencing the distribution of *Culicoides imicola* and two species of the Obsoletus Complex in Italy. Society for Veterinary Epidemiology and Preventive Medicine, Nairn, Scotland, 30 March - 1 April 2005**

**Conte A., Ippoliti C., Savini L., Goffredo M. & Meiswinkel R. (2007) Novel environmental factors influencing the distribution and abundance of *Culicoides imicola* and the Obsoletus Complex in Italy. *Vet Ital* 43 (3): 571-80.**

**Craig P.S., Giraudoux P., Shi D., Bartholomot B., Barnish G., Delattre P., Quere J.P., Harraga S., Bao G., Wang Y., Lu F., Ito A. & Vuitton D.A. (2000) An epidemiological and ecological study of human alveolar echinococcosis transmission in south Gansu, China. *Acta Trop* 77 (2): 167-77.**

**Curran P.J., Atkinson P.M., Foody G.M. & Milton E.J. (2000) Linking remote sensing, land cover and disease. *Adv Parasitol* 47: 37-80.**

**de La Rocque S., Augusseau X., Guillobez S., Michel V., De Wispelaere G., Bauer B. & Cuisance D. (2001a) The changing distribution of two riverine tsetse flies over 15 years in an increasingly cultivated area of Burkina Faso. *Bull Entomol Res* 91 (3): 157-66.**

**de La Rocque S., Michel J.F. & Cuisance D. (2001b) Les différentes potentialités d'un système d'information géographique pour les études en épidémiologie : l'exemple des trypanosomoses animales en zone soudanienne. *Med Trop* 61: 365-71.**

- de La Rocque S., Michel J.F., Cuisance D., De Wispelaere G., Solano P., Augusseau X., Arnaud M. & Guillobez S.** (2001c) Le risque trypanosomien. Du satellite au microsattellite. Une approche globale pour une décision locale. Montpellier, France, Cirad. 151 p.
- de La Rocque S., Michel V., Plazanet D. & Pin R.** (2004) Remote sensing and epidemiology: examples of applications for two vector-borne diseases. *Comp Immunol Microbiol Infect Dis* **27** (5): 331-41.
- De Liberato C., Purse B.V., Goffredo M., Scholl F. & Scaramozzino P.** (2003) Geographical and seasonal distribution of the bluetongue virus vector, *Culicoides imicola*, in central Italy. *Med Vet Entomol* **17** (4): 388-94.
- De Liberato C., Scavia G., Lorenzetti R., Scaramozzino P., Amaddeo D., Cardeti G., Scicluna M., Ferrari G. & Autorino G.L.** (2005) Identification of *Culicoides obsoletus* (Diptera: Ceratopogonidae) as a vector of bluetongue virus in central Italy. *Vet Rec* **156** (10): 301-4.
- Defra (Department for Environment, Food and Rural Affairs)** - United Kingdom (2007) Bluetongue (BTV-1) in Spain.  
<http://www.defra.gov.uk/animalh/diseases/monitoring/pdf/bt-spain260707.pdf>
- Delécolle J.-C.** (1985) Nouvelle contribution à l'étude systématique et iconographique des espèces du genre *Culicoides* (Diptera : Ceratopogonidae) du Nord-Est de la France. Strasbourg, France, Université Louis Pasteur: 238 p.
- Delécolle J.-C. & de La Rocque S.** (2002) 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* **107** (4): 371-9.
- Delécolle J.-C. & Schaffner F.** (2003) Vecteurs des arboviroses. In Principales maladies infectieuses et parasitaires du bétail. Lefèvre P.-C., Blancou J. and Chermette R. Eds. Cachan and Paris (France), Editions Médicales Internationales and Editions Tec & Doc. **1**: 123-8.
- Delécolle J.-C.** (2004) Travaux pratiques d'entomologie. Les *Ceratopogonidae* (Diptera, Nematocera). Strasbourg, France, Musée Zoologique, Université Louis Pasteur de Strasbourg : 32 p.
- Delécolle J.-C., Mathieu B. & Baldet T.** (2005) Nouvelle contribution à l'étude des *Culicoides* de Corse. II. Mise à jour de la liste des espèces, description de *C. riebi* n. sp. et redescription de *C. paradisionensis* Boorman, 1988 (Diptera, Ceratopogonidae). *Bull Soc entomol Fr* **110** (1): 69-76.
- DeLong E.R., DeLong D.M. & Clarke-Pearson D.L.** (1988) Comparing the areas under two or more correlated receiver operating characteristic curves: a nonparametric approach. *Biometrics* **44** (3): 837-45.
- Delrio G., Deliperi S., Foxi C., Pantaleoni R.A. & Piras S.** (2002). Osservazioni in Sardegna sulla dinamica di popolazione di *Culicoides imicola* Kieffer vettore della Bluetongue. XIX Congresso nazionale italiano di Entomologia, Catania, Italia
- Diekmann O. & Heesterbeek J.A.P.** (2000) Mathematical epidemiology of infectious diseases. Model building, analysis and interpretation. Chichester, UK, J. Wiley & Son. 303 p.
- Direction générale de l'alimentation** (2006) Programme d'éradication et de surveillance de la fièvre catarrhale du mouton. Programme année 2005. Rapport final. France, Ministère de l'Agriculture et de la Pêche: 27 p.

- Direction générale de l'alimentation** (2007) Programme d'éradication et de surveillance de la fièvre catarrhale du mouton en France. Année 2007. France, Ministère de l'Agriculture et de la Pêche: 16 p.
- Du Toit R.M.** (1944) The transmission of Blue-tongue and Horse-sickness by *Culicoides*. *Onderstepoort J Vet Sci Anim Indust* **19**: 7-16.
- Du Toit R.M.** (1962) The role played by bovines in the transmission of bluetongue in sheep. *J. S. Afr. vet. med. Ass.* **33** (4): 483-90.
- Ducheyne E., De Deken R., Bécu S., Codina B., Nomikou K., Mangana-Vougiaki O., Georgiev G., Purse B.V. & Hendrickx G.** (2007(soumis)) Quantifying the dispersal of *Culicoides* species in Greece and Bulgaria by wind. *Prev Vet Med*.
- Dupias G., Gaussen H., Izard M. & Rey P.** (1965) Carte de la végétation de la France : Carte de Corse. n° 80 et 81. Toulouse, France, Centre national de la recherche scientifique: 1/250 000<sup>e</sup>.
- ECDC (European Center of Disease Control)** (2007) Outbreak of chikungunya fever in North-East Italy. <http://www.ecdc.eu.int/index.html>
- Edderai D., Le Fur C., Hendrikx P., Grillet C., Zientara S., Albina E. & Gregory M.** (2002) La vaccination contre la fièvre catarrhale ovine en Corse. *Epidemiol et santé anim* (40): 129-34.
- Eisen R.J., Eisen L. & Lane R.S.** (2006) Predicting density of *Ixodes pacificus* nymphs in dense woodlands in Mendocino County, California, based on geographic information systems and remote sensing versus field-derived data. *Am J Trop Med Hyg* **74** (4): 632-40.
- Enserink M.** (2006a) Emerging infectious diseases. During a hot summer, bluetongue virus invades northern Europe. *Science* **313** (5791): 1218-9.
- Enserink M.** (26 August 2006) Bluetongue outbreak has African roots. *ScienceNOW Daily News*.
- Erasmus B.J.** (1975) Bluetongue in sheep and goats. *Aust Vet J* **51** (4): 165-70.
- Erasmus B.J.** (1985). The history of Bluetongue. Bluetongue and related orbiviruses: proceedings of an International Symposium, Asilomar, California, USA, New York Alan R. Liss: 7-12.
- Estrada-Peña & 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. *Vet Parasitol* **81** (1): 73-82.
- Estrada-Pena A.** (2002) Understanding the relationships between landscape connectivity and abundance of *Ixodes ricinus* ticks. *Exp Appl Acarol* **28** (1-4): 239-48.
- FAO** (2005) Bluetongue. Animal health disease cards. <http://www.fao.org/ag/againfo/subjects/en/health/diseases-cards/bluetongue.html>
- FAO** (2006) EMPRES Fact sheet on bluetongue in Europe. <http://www.rlc.fao.org/prior/segalim/animal/pdf/BT06.pdf>
- Farrar T.J., Nicholson S.E. & Lare A.R.** (1994) The influence of soil type on the relationships between NDVI, rainfall, and soil-moisture in semiarid Botswana .2. NDVI response to soil-moisture. *Remote sens environ* **50** (2): 121-33.

- Fearer T.M. & Stauffer D.F.** (2003) Relationship of ruffed grouse (*Bonasa umbellus*) home range size to landscape characteristics. *Am Midl Nat* **150** (1): 104-14.
- Ferrari G., De Liberato C., Scavia G., Lorenzetti R., Zini M., Farina F., Magliano A., Cardeti G., Scholl F., Guidoni M., Scicluna M.T., Amaddeo D., Scaramozzino P. & Autorino G.L.** (2005) Active circulation of bluetongue vaccine virus serotype-2 among unvaccinated cattle in central Italy. *Prev Vet Med* **68** (2-4): 103-13.
- Foltête J.-C., Monteil C. & Deconchat M.** (2000) Habitat animal et image numérique : méthode de reconnaissance exploratoire appliquée à des occurrences d'espèces. *Photo-interprétation* **3-4**: 40-51.
- Foody G.M. & Mathur A.** (2004) Toward intelligent training of supervised image classifications: directing training data acquisition for SVM classification. *Remote sens environ* **93** (1-2): 107-17.
- Formenty P., Domenech J., Lauginie F., Ouattara M., Diawara S., Raath J.P., Grobler D., Leforban Y. & Angba A.** (1994) Etude épidémiologique sur la fièvre catarrhale du mouton chez les ovins, les bovins et différentes espèces d'animaux sauvages en Côte d'Ivoire. *Rev Sci Tech* **13** (3): 737-51.
- Foster N.M., Jones R.H. & Luedke A.J.** (1968) Transmission of attenuated and virulent bluetongue virus with *Culicoides variipennis* infected orally via sheep. *Am J Vet Res* **29**: 275-9.
- Froment A.** (1997) Une approche écoanthropologique de la santé publique. *Natures, Sciences et Sociétés* **5** (4): 5-11.
- Galangau J. & Loisel R.** (1989) Végétation du Var : les principales séries de végétation : carte schématique. Nice, France, Institut Méditerranéen des Geosciences et Centre de recherche et de développement pédagogiques - Nice. 64 p.
- Gamisans J.** (1999) La végétation de la Corse. Aix-en-Provence, France, Edisud. 391 p.
- Garrett-Jones C.** (1964a) The Human Blood Index of Malaria Vectors in Relation to Epidemiological Assessment. *Bull World Health Organ* **30**: 241-61.
- Gauthier A.** (2002) La Corse. Une île-montagne au coeur de la Méditerranée. Paris, Delachaux et Niestlé. 320 p.
- Georgiev G.** (2004) Epizootiological control of bluetongue disease in Bulgaria in 2002. *Vet Ital* **40** (3): 212-6.
- Gerbier G., Zientara S., Albina E., Grillet C., Gregory M. & Baldet T.** (2004) Fièvre catarrhale ovine : évolution et répartition des sérotypes dans le bassin méditerranéen et en France. *Bulletin épidémiologique* (15): 3-5.
- Gerbier G., Parodi J., Biteau-Coroller F., Baldet T., Mathieu B., Zientara S., Cetre-Sossah C. & Roger F.** (2006) Surveillance de la fièvre catarrhale ovine (bluetongue) en France et dans l'ouest Méditerranéen : bilan et perspectives. *Epidemiol et santé anim* (49): 37-44.
- Gerbier G., Biteau-Coroller F., Grillet C., Parodi J., Zientara S., Baldet T., Guis H. & Roger F.** (2007 (accepted)) A description of the outbreak of Bluetongue (BTV 4) in Corsica in 2003: lessons for surveillance. *Vet Rec*.
- Gibbs E.P. & Greiner E.C.** (1994) The epidemiology of bluetongue. *Comp Immunol Microbiol Infect Dis* **17** (3-4): 207-20.

- Gibbs E.P.J. & Greiner E.C.** (1988) Bluetongue and epizootic hemorrhagic disease. *In* Arbovirus: Epidemiology and Ecology. Compagny F.B. Eds. Elkinsparc, USA, Monath, T. P. **2**: 39-70.
- Girard M.C. & Girard C.** (1999) Traitement des données de télédétection. Paris, Dunod. 529 p.
- Gloster J., Mellor P.S., Manning A.J., Webster H.N. & Hort M.C.** (2007) Assessing the risk of windborne spread of bluetongue in the 2006 outbreak of disease in northern Europe. *Vet Rec* **160** (2): 54-6.
- Goetz S.J., Prince S.D. & Small J.** (2000) Advances in satellite remote sensing of environmental variables for epidemiological applications. *Adv Parasitol* **47**: 289-307.
- Goffredo M., Conte A. & Meiswinkel R.** (2004) Distribution and abundance of *Culicoides imicola*, Obsoletus Complex and Pulicaris Complex (Diptera: Ceratopogonidae) in Italy. *Vet Ital* **40** (3): 270-3.
- Goffredo M. & Meiswinkel R.** (2004) Entomological surveillance of bluetongue in Italy: methods of capture, catch analysis and identification of *Culicoides* biting midges. *Vet Ital* **40** (3): 260-5.
- Gorman B.M.** (1990) The bluetongue viruses. *Curr Top Microbiol Immunol* **162**: 1-19.
- Graham A.J., Atkinson P.M. & Danson F.M.** (2004a) Spatial analysis for epidemiology. *Acta Trop* **91** (3): 219-25.
- Graham A.J., Danson F.M., Giraudoux P. & Craig P.S.** (2004b) Ecological epidemiology: landscape metrics and human alveolar echinococcosis. *Acta Trop* **91** (3): 267-78.
- Gregory M., Zientara S. & Hendrickx G.** (2002) La fièvre catarrhale du mouton en Corse en 2000 et 2001. *Bulletin épidémiologique* (4): 1-3.
- Gregory M., Hendrickx G., Roger F., Baldet T., Biteau-Coroller F., Albina E. & Zientara S.** (2003) Surveillance de la fièvre catarrhale ovine en France : bilan 2002. *Bulletin épidémiologique* (10): 1-3.
- Gubler D.J.** (1998) Resurgent vector-borne diseases as a global health problem. *Emerg Infect Dis* **4** (3): 442-50.
- Gubler D.J., Reiter P., Ebi K.L., Yap W., Nasci R. & Patz J.A.** (2001) Climate variability and change in the United States: potential impacts on vector- and rodent-borne diseases. *Environ Health Perspect* **109 Suppl 2**: 223-33.
- Gubler D.J.** (2002) The global emergence/resurgence of arboviral diseases as public health problems. *Arch Med Res* **33** (4): 330-42.
- Guernier V.** (2006) Combiner analyse spatiale et épidémiologie pour l'aide à la décision dans la lutte contre la tuberculose en Guyane française. Environnement et Santé, Orléans, France, Université d'Orléans: 237 p.
- Guerra M., Walker E., Jones C., Paskewitz S., Cortinas M.R., Stancil A., Beck L., Bobo M. & Kitron U.** (2002) Predicting the risk of Lyme disease: habitat suitability for *Ixodes scapularis* in the north central United States. *Emerg Infect Dis* **8** (3): 289-97.

- Guis H.** (2004a) Caractérisation par télédétection des paysages favorables aux *Culicoides* vecteurs de la fièvre catarrhale ovine dans le bassin méditerranéen : cas de la Corse. Montpellier - Paris, France, CIRAD - ENGREF, ENSAM, ENSG, INA-PG: 52 p.  
[http://silat.teledetection.fr/index.php?option=com\\_facileforms&Itemid=34&ff\\_name=liste\\_projets&ff\\_page=2&ff\\_param\\_id=138](http://silat.teledetection.fr/index.php?option=com_facileforms&Itemid=34&ff_name=liste_projets&ff_page=2&ff_param_id=138)
- Guis H.** (2004b) Rapport de Mission en Corse du Sud du 13 au 21 août 2004. Montpellier, France, Cirad: 3 p.
- Guis H.** (2005) Compte rendu de mission : Relevés de végétation et études entomologiques en Corse (2 - 16 septembre 2005). Montpellier, France, Cirad: 7 p.
- Guisan A. & Zimmermann N.E.** (2000) Predictive habitat distribution models in ecology. *Ecol Model* **135** (2-3): 147-86.
- Gulinck H., Dufourmont H., Coppin P. & Hermy M.** (2000) Landscape research, landscape policy and Earth observation. *Int J Remote Sens* **21** (13-14): 2541-54.
- Haines A. & Parry M.** (1993) Climate change and human health. *J R Soc Med* **86** (12): 707-11.
- Hakre S., Masuoka P., Vanzie E. & Roberts D.R.** (2004) Spatial correlations of mapped malaria rates with environmental factors in Belize, Central America. *Int J Health Geogr* **3** (1): 6.
- Harvell C.D., Mitchell C.E., Ward J.R., Altizer S., Dobson A.P., Ostfeld R.S. & Samuel M.D.** (2002) Ecology - Climate warming and disease risks for terrestrial and marine biota. *Science* **296** (5576): 2158-62.
- Hay S.I., Snow R.W. & Rogers D.J.** (1998a) From predicting mosquito habitat to malaria seasons using remotely sensed data: practice, problems and perspectives. *Parasitol Today* **14** (8): 306-12.
- Hay S.I., Snow R.W. & Rogers D.J.** (1998b) Predicting malaria seasons in Kenya using multitemporal meteorological satellite sensor data. *Trans R Soc Trop Med Hyg* **92** (1): 12-20.
- Hay S.I.** (2000) An overview of remote sensing and geodesy for epidemiology and public health application. *Adv Parasitol* **47**: 1-35.
- Hay S.I., Cox J., Rogers D.J., Randolph S.E., Stern D.I., Shanks G.D., Myers M.F. & Snow R.W.** (2002a) Climate change and the resurgence of malaria in the East African highlands. *Nature* **415** (6874): 905-9.
- Hay S.I., Rogers D.J., Randolph S.E., Stern D.I., Cox J., Shanks G.D. & Snow R.W.** (2002b) Hot topic or hot air? Climate change and malaria resurgence in East African highlands. *Trends Parasitol* **18** (12): 530-4.
- Hazler K.R., Amacher A.J., Lancia R.A. & Gerwin J.A.** (2006) Factors influencing acadian flycatcher nesting success in an intensively managed forest landscape. *J Wildlife Manage* **70** (2): 532-8.
- Hellberg W., Wilson A.D., Mellor P., Doherr M.G., Torsteinsdottir S., Zurbriggen A., Jungi T. & Marti E.** (2006) Equine insect bite hypersensitivity: immunoblot analysis of IgE and IgG subclass responses to *Culicoides nubeculosus* salivary gland extract. *Vet Immunol Immunopathol* **113** (1-2): 99-112.
- Hendrickx G., Napala A., Dao B., Batawui D., De Decken R., Vermeilen A. & Slingenbergh J.H.W.** (1999) A systematic approach to area-wide tsetse distribution and abundance maps. *Bull Entomol Res* **89**: 231-44.

- Herold M., Roberts D.A., Gardner M.E. & Dennison P.E.** (2004) Spectrometry for urban area remote sensing - Development and analysis of a spectral library from 350 to 2400 nm. *Remote sens environ* **91** (3-4): 304-19.
- Holbrook F.R.** (1994) Survival, fecundity, and egg fertility of *Culicoides variipennis* (Diptera: Ceratopogonidae) fed on calves inoculated with ivermectin. *J Am Mosq Control Assoc* **10** (1): 7-9.
- Holbrook F.R. & Mullens B.A.** (1994) Effects of ivermectin on survival, fecundity, and egg fertility in *Culicoides variipennis* (Diptera: Ceratopogonidae). *J Am Mosq Control Assoc* **10** (1): 70-3.
- Horne J.S. & Garton E.O.** (2006) Selecting the best home range model: an information-theoretic approach. *Ecology* **87** (5): 1146-52.
- Hosmer D.W. & Lemeshow S.L.** (2000) Applied Logistic Regression. New-York, USA, Wiley-Interscience. 373 p.
- Hunt G.J., Tabachnick W.J. & McKinnon C.N.** (1989) Environmental factors affecting mortality of adult *Culicoides variipennis* (Diptera: Ceratopogonidae) in the laboratory. *J Am Mosq Control Assoc* **5** (3): 387-91.
- Hutcheon D.** (1902) Malarial catarrhal fever of sheep. *Vet Rec* (14): 629-33.
- INSEE** (2006a) Environnement : Espaces naturels - Risque - Pollution. *Tableau de l'économie corse* (2005): 30-5.  
[http://www.insee.fr/fr/insee\\_regions/corse/rfc/analyse.asp?theme=1](http://www.insee.fr/fr/insee_regions/corse/rfc/analyse.asp?theme=1)
- INSEE** (2006b) Terres agricoles. *Tableau de l'économie corse* (2005): 142-3.  
[http://www.insee.fr/fr/insee\\_regions/corse/rfc/analyse.asp?theme=10](http://www.insee.fr/fr/insee_regions/corse/rfc/analyse.asp?theme=10)
- INSEE** (2006c) Productions animales. Agriculture - Pêche. *Tableau de l'économie corse* (2005): 148-9. [http://www.insee.fr/fr/insee\\_regions/corse/rfc/analyse.asp?theme=10](http://www.insee.fr/fr/insee_regions/corse/rfc/analyse.asp?theme=10)
- Jackson L.E., Hilborn E.D. & Thomas J.C.** (2006) Towards landscape design guidelines for reducing Lyme disease risk. *Int J Epidemiol* **35** (2): 315-22.
- Jackson R.D. & Huete A.R.** (1991) Interpreting vegetation indices. *Prev Vet Med* **11**: 185-200.
- Jacob B.G., Shililu J., Muturi E.J., Mwangangi J.M., Muriu S.M., Funes J., Githure J., Regens J.L. & Novak R.J.** (2006) Spatially targeting *Culex quinquefasciatus* aquatic habitats on modified land cover for implementing an Integrated Vector Management (IVM) program in three villages within the Mwea Rice Scheme, Kenya. *Int J Health Geogr* **5**: 18.
- Jacquin A., Chéret V., Denux J.-P., Gay M., Mitchley J. & Xofis P.** (2005) Habitat suitability modelling of Capercaillie (*Tetrao urogallus*) using earth observation data. *J Nat Conserv* **13**: 161-9.
- Jarvis A., Rubiano J., Nelson A., Farrow A. & Mulligan M.** (2004) Practical use of SRTM data in the tropics – Comparisons with digital elevation models generated from cartographic data. *Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT); Working Document n° 198*: 35 p.
- Jennings D.M. & Mellor P.S.** (1988) The vector potential of British *Culicoides* species for bluetongue virus. *Vet Microbiol* **17** (1): 1-10.
- Keating J., Macintyre K., Mbogo C.M., Githure J.I. & Beier J.C.** (2004) Characterization of potential larval habitats for *Anopheles* mosquitoes in relation to urban land-use in Malindi, Kenya. *Int J Health Geogr* **3** (1): 9.

- Kettle D.S.** (1951) The spatial distribution of *Culicoides impunctatus* Goet. under woodland and moorland conditions and its flight range through woodland. *Bull ent Res* **42**: 239-91.
- Kettle D.S.** (1977) Biology and bionomics of bloodsucking ceratopogonids. *Annu Rev Entomol* **22**: 33-51.
- Kettle D.S.** (1990) Ceratopogonidae (Biting Midges). In Medical and Veterinary Entomology. Kettle D.S. Eds. Oxon, U.K., CAB International: 137-58.
- King R.J., Campbell-Lendrum D.H. & Davies C.R.** (2004) Predicting geographic variation in cutaneous leishmaniasis, Colombia. *Emerg Infect Dis* **10** (4): 598-607.
- Kirkland P.D.** (2004) Bluetongue viruses, vectors and surveillance in Australia - the current situation and unique features. *Vet Ital* **40** (3): 47-50.
- Kitron U., Otieno L.H., Hungerford L.L., Odulaja A., Brigham W.U., Okello O.O., Joselyn M., MohamedAhmed M.M. & Cook E.** (1996) Spatial analysis of the distribution of tsetse flies in the Lambwe Valley, Kenya, using Landsat TM satellite imagery and GIS. *J Anim Ecol* **65** (3): 371-80.
- Kitron U.** (1998) Landscape ecology and epidemiology of vector-borne diseases: tools for spatial analysis. *J Med Entomol* **35** (4): 435-45.
- Kline D.L.** (1991) The use of aerial photographic techniques to locate *Culicoides* larval habitats in Florida salt marsh. *Prev Vet Med* **11** (3-4): 359-60.
- Koumbati M., Mangana O., Nomikou K., Mellor P.S. & Papadopoulos O.** (1999) Duration of bluetongue viraemia and serological responses in experimentally infected European breeds of sheep and goats. *Vet Microbiol* **64** (4): 277-85.
- Kovats R.S., Campbell-Lendrum D.H., McMichael A.J., Woodward A. & Cox J.S.** (2001) Early effects of climate change: do they include changes in vector-borne disease? *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci* **356** (1411): 1057-68.
- Kremer M., Leberre G. & Beaucornu-Saguez F.** (1971) Notes sur les *Culicoides* (Dipt. Ceratopogonidae) de Corse. Description de *C. corsicus* n. sp. *Annales de Parasitologie* **46** (5): 653-60.
- Laffly D.** (2005) Approche numérique du paysage : formalisation, enjeux et pratiques de recherche. Du Spitsberg à Madagascar entre changement climatique global et maladie à transmission vectorielle. Volume 3. Besançon, France, Université de Franche-Comté: 423 p.
- Leblond A., Sandoz A., Lefebvre G., Zeller H. & Bicout D.J.** (2007) Remote sensing based identification of environmental risk factors associated with West Nile disease in horses in Camargue, France. *Prev Vet Med* **79** (1): 20-31.
- Lefèvre P.-C.** (2003) Fièvre catarrhale du mouton. In Principales maladies infectieuses et parasitaires du bétail. Lefèvre P.-C., Blancou J. and Chermette R. Eds. Cachan and Paris (France), Editions Médicales Internationales and Editions Tec & Doc. **1**: 667-86.
- Lillie T.H., Marquard W.C. & Jones R.H.** (1981) The flight range of *Culicoides variipennis* (Diptera: Ceratopogonidae). *Can Entomol* **133**: 419-26.
- Lillie T.H., Kline D.L. & Hall D.W.** (1985) The dispersal of *Culicoides mississippiensis* (Diptera: Ceratopogonidae) in a salt marsh near Yankeetown, Florida. *J Am Mosq Control Assoc* **1** (4): 463-7.
- Lillie T.H. & Kline D.L.** (1986) Occurrence of *Culicoides mississippiensis* on different types of vegetation. *Florida Entomologist* **69** (4): 672-7.

- Linard C., Lamarque P., Heyman P., Ducoffre G., Luyasu V., Tersago K., Vanwambeke S.O. & Lambin E.F.** (2007) Determinants of the geographic distribution of Puumala virus and Lyme borreliosis infections in Belgium. *Int J Health Geogr* **6**: 15.
- Linley J.R., Hoch A.L. & Pinheiro F.P.** (1983) Biting midges (Diptera: Ceratopogonidae) and human health. *J Med Entomol* **20** (4): 347-64.
- Linley J.R.** (1985) Biting midges (Diptera: Ceratopogonidae) as vectors of nonviral animal pathogens. *J Med Entomol* **22** (6): 589-99.
- Linthicum K.J., Bailey C.L., Davies F.G. & Tucker C.J.** (1987) Detection of Rift Valley fever viral activity in Kenya by satellite remote sensing imagery. *Science* **235** (4796): 1656-9.
- Linthicum K.J., Anyamba A., Tucker C.J., Kelley P.W., Myers M.F. & Peters C.J.** (1999) Climate and satellite indicators to forecast Rift Valley fever epidemics in Kenya. *Science* **285** (5426): 397-400.
- Luedke A.J. & Anakwenze E.I.** (1972) Bluetongue virus in goats. *Am J Vet Res* **33** (9): 1739-45.
- Luedke A.J.** (1985) Effect of bluetongue virus on reproduction in sheep and cattle. *Prog Clin Biol Res* **178**: 71-8.
- Luoto M., Kuussaari M. & Toivonen T.** (2002) Modelling butterfly distribution based on remote sensing data. *J Biogeogr* **29** (8): 1027-37.
- Maan S., Samuel A.R., Maan N.S., Attoui H., Rao S. & Mertens P.P.C.** (2004) Molecular epidemiology of bluetongue viruses from disease outbreaks in the Mediterranean Basin. *Vet Ital* **40** (3): 489-96.
- Macdonald G.** (1952) The analysis of equilibrium in malaria. *Trop Dis Bull* **49** (9): 813-29.
- MacLachlan N.J., Osburn B.I., Stott J.L. & Ghalib H.W.** (1985) Orbivirus infection of the bovine fetus. *Prog Clin Biol Res* **178**: 79-84.
- MacLachlan N.J., Barratt-Boyes S.M., Brewer A.W. & Stott J.L.** (1992) Bluetongue virus infection of cattle. In *Bluetongue, African Horse Sickness and Related Orbiviruses*. Walton T.E. and Osburn B.I. Eds. Boca Raton, Florida, USA, CRC Press, Inc. **1**: 725-35.
- Magness D.R., Wilkins R.N. & Hejl S.J.** (2006) Quantitative relationships among golden-cheeked warbler occurrence and landscape size, composition, and structure. *Wildlife Soc B* **34** (2): 473-9.
- Manel S., Williams H.C. & Ormerod S.J.** (2001) Evaluating presence-absence models in ecology: the need to account for prevalence. *J Appl Ecol* **38** (5): 921-31.
- MAP** (2005) Mémento agricole 2005. Resultats 2004 Var, Agreste. La statistique agricole.
- MAP** (2006a) Mémento agricole Corse du Sud, Agreste Corse du Sud. La statistique agricole. [http://agreste.agriculture.gouv.fr/region\\_5/corse\\_145/index.html](http://agreste.agriculture.gouv.fr/region_5/corse_145/index.html)
- MAP** (2006b) Mémento agricole Corse. Campagne 2005, Agreste Corse. La statistique agricole. [http://agreste.agriculture.gouv.fr/region\\_5/corse\\_145/index.html](http://agreste.agriculture.gouv.fr/region_5/corse_145/index.html)
- MAP** (2006c) Mémento agricole Haute Corse, Agreste Corse du Sud. La statistique agricole. [http://agreste.agriculture.gouv.fr/region\\_5/corse\\_145/index.html](http://agreste.agriculture.gouv.fr/region_5/corse_145/index.html)
- MAP** (2006d) Mémento agricole et rural Provence-Alpes-Côte d'Azur, Agreste PACA. [http://agreste.agriculture.gouv.fr/region\\_5/corse\\_145/index.html](http://agreste.agriculture.gouv.fr/region_5/corse_145/index.html)

- Martens P. & Hall L.** (2000) Malaria on the move: human population movement and malaria transmission. *Emerg Infect Dis* **6** (2): 103-9.
- Martens W.J.M., Jetten T.H., Rotmans J. & Niessen L.W.** (1995) Climate change and vector-borne diseases. A global modelling perspective. *Global Environmental Change* **5** (3): 195-209.
- Mathieu B., Biteau-Coroller F., Delécolle J.-C., Gerbier G. & Baldet T.** (2007(soumis)) First settlement of *Culicoides imicola*, the main bluetongue vector in mainland France. *Rev Elev Med Vet Pays Trop.*
- Mavalankar D., Shastri P. & Raman P.** (2007) Chikungunya epidemic in India: a major public-health disaster. *Lancet Infect Dis* **7** (5): 306-7.
- McGarigal K., Cushman S.A., Neel M.C. & Ene E.** (2002a) FRAGSTATS: Spatial Pattern Analysis Program for Categorical Maps University of Massachusetts, Amherst, USA <http://www.umass.edu/landeco/research/fragstats/fragstats.html>
- McGarigal K., Cushman S.A., Neel M.C. & Ene E.** (2002b) Fragstats metrics. <http://www.umass.edu/landeco/research/fragstats/documents/Metrics/Metrics%20TOC.htm>
- McKenzie J.S., Morris R.S., Pfeiffer D.U. & Dymond J.R.** (2002) Application of Remote Sensing to Enhance the Control of Wildlife-Associated *Mycobacterium bovis* Infection. *Photogramm Eng Remote Sensing* **68** (2): 153-9.
- McMichael A.J.** (2001) Human culture, ecological change, and infectious disease: Are we experiencing history's fourth great transition? *Ecosyst Health* **7** (2): 107-15.
- McMichael A.J.** (2004) Environmental and social influences on emerging infectious diseases: past, present and future. *Phil Trans R Soc Lond B* **359**: 1049-58.
- Meiswinkel R.** (1989) Afrotropical *Culicoides*: a redescription of *C. (Avaritia) imicola* Kieffer, 1913 (Diptera: Ceratopogonidae) with description of the closely allied *C. (A.) bolitinos* sp. nov. reared from the dung of the African buffalo, blue wildebeest and cattle in South Africa. *Onderstepoort J Vet Res* **56** (1): 23-39.
- Meiswinkel R., Nevill E.M. & Venter G.J.** (1994) Vectors: *Culicoides* spp. In Infectious diseases of livestock with special reference to South Africa. Coetzer J.A.W., Thomson G.R. and Tustin R.C. Eds. Cape Town, South Africa, Oxford Universit Press. **1**: 68-89.
- Meiswinkel R.** (1997) Discovery of a *Culicoides imicola*-free zone in South Africa: preliminary notes and potential significance. *Onderstepoort J Vet Res* **64** (1): 81-6.
- Meiswinkel R. & Baylis M.** (1998) Morphological confirmation of the separate species status of *Culicoides (Avaritia) nudipalpis* Delfinado, 1961 and *C. (A.) imicola* Kieffer, 1913 (Diptera: Ceratopogonidae). *Onderstepoort J Vet Res* **65** (1): 9-16.
- Meiswinkel R., Baylis M. & Labuschagne K.** (2000) Stabling and the protection of horses from *Culicoides bolitinos* (Diptera: Ceratopogonidae), a recently identified vector of African horse sickness. *Bull Entomol Res* **90** (6): 509-15.
- Meiswinkel R., Gomulski L.M., Delécolle J.-C., Goffredo M. & Gasperi G.** (2004) The taxonomy of *Culicoides* vector complexes - unfinished business. *Vet Ital* **40** (3): 151-9.

- Meiswinkel R., Baldet T., De Deken R., Takken W., Delécolle J.-C. & Mellor P.** (2007) Epidemiological analysis of the 2006 bluetongue virus serotype 8 epidemic in north-western Europe. Appendix 9: Distribution and dynamics of vector species. European Food Safety Authority, BTV Epidemiology Working Group: 88 p.  
[http://www.efsa.europa.eu/EFSA/1178620925100/efsa\\_locale-1178620753812\\_Bluetongue.htm](http://www.efsa.europa.eu/EFSA/1178620925100/efsa_locale-1178620753812_Bluetongue.htm)
- Mellor P.S. & Pitzolis G.** (1979) Observations on breeding sites and light-trap collections of *Culicoides* during an outbreak of bluetongue in Cyprus. *Bull Entomol Res* **69** (2): 229-34.
- Mellor P.S., Jennings D.M., Wilkinson P.J. & Boorman J.P.** (1985) *Culicoides imicola*: a bluetongue virus vector in Spain and Portugal. *Vet Rec* **116** (22): 589-90.
- Mellor P.S. & Boorman J.** (1995) The transmission and geographical spread of African horse sickness and bluetongue viruses. *Ann Trop Med Parasitol* **89** (1): 1-15.
- Mellor P.S., Boorman J. & Baylis M.** (2000) *Culicoides* biting midges: their role as arbovirus vectors. *Annu Rev Entomol* **45**: 307-40.
- Mellor P.S.** (2001) Bluetongue virus. In The encyclopedia of arthropod-transmitted infections of man and domesticated animals. Service M.W. Eds. Wallingford, CABI Publishing, UK: 78-83.
- Mellor P.S. & Wittmann E.J.** (2002) Bluetongue Virus in the Mediterranean Basin 1998-2001. *Vet J* **164** (1): 20-37.
- Mellor P.S.** (2004a) Environmental influences on arbovirus infections and vectors. In SGM symposium 63: Microbe-vector interactions in vector-borne diseases. Gillespie S.H., Smith G.L. and Osbourn A. Eds., Cambridge University Press: 181-97.
- Mellor P.S.** (2004b) Infection of the vectors and bluetongue epidemiology in Europe. *Vet Ital* **40** (3): 176-81.
- Mellor P.S. & Hamblin C.** (2004) African horse sickness. *Vet Res* **35** (4): 445-66.
- Melville L.F.** (2004) Bluetongue surveillance methods in an endemic area: Australia. *Vet Ital* **40** (3): 184-7.
- Minakawa N., Munga S., Atieli F., Mushinzimana E., Zhou G., Githeko A.K. & Yan G.** (2005) Spatial distribution of anopheline larval habitats in Western Kenyan highlands: effects of land cover types and topography. *Am J Trop Med Hyg* **73** (1): 157-65.
- Mitchell C.J.** (1995) The role of *Aedes albopictus* as an arbovirus vector. *Parassitologia* **37** (2-3): 109-13.
- Molinier R., Archiloque A., Borel L., Devaux J.-P., Lavagne A. & Moutte P.** (1976) Carte de la végétation de la France : Carte de Marseille. n° 74. Toulouse, France, Centre national de la recherche scientifique.
- Monaco F., Camma C., Serini S. & Savini G.** (2006) Differentiation between field and vaccine strain of bluetongue virus serotype 16. *Vet Microbiol* **116** (1-3): 45-52.
- Moreau M.** (2004) Communication et analyse de la perception des risques relatifs à la fièvre catarrhale ovine. DESS Science du risque, Montpellier, France, Universités de Montpellier I, II et III et Ecole des mines d'Alès: 91 p.
- Morse S.S.** (1995) Factors in the emergence of infectious diseases. *Emerg Infect Dis* **1** (1): 7-15.

- Morse S.S.** (2004) Factors and determinants of disease emergence. *Rev Sci Tech* **23** (2): 443-51.
- Mörtberg U. & Karlström A.** (2005) Predicting forest grouse distribution taking account of spatial autocorrelation. *J Nat Cons* **13**: 147-59.
- Mulhern F.J.** (1985) Economic impact of bluetongue and related orbiviruses: Western Hemisphere. *Prog Clin Biol Res* **178** (Bluetongue and related orbiviruses): 21-5.
- Mullen G.** (2002) Biting midges (*Ceratopogonidae*). In Medical and veterinary entomology. Mullen G.R. and Durden L. Eds. San Diego, USA, Academic Press: 163-83.
- Mullens B.A., Tabachnick W.J., Holbrook F.R. & Thompson L.H.** (1995) Effects of temperature on virogenesis of bluetongue virus serotype 11 in *Culicoides variipennis sonorensis*. *Med Vet Entomol* **9** (1): 71-6.
- Mullens B.A., Gerry A.C., Lysyk T.J. & Schmidtman E.T.** (2004) Environmental effects on vector competence and virogenesis of bluetongue virus in *Culicoides*: interpreting laboratory data in a field context. *Vet Ital* **40** (3): 160-6.
- Munga S., Minakawa N., Zhou G., Mushinzimana E., Barrack O.O., Githeko A.K. & Yan G.** (2006) Association between land cover and habitat productivity of malaria vectors in Western kenyan highlands. *Am J Trop Med Hyg* **74** (1): 69-75.
- Murray J.D.** (2003) Geographic spread and control of epidemics. In Mathematical Biology: II: Spatial Models and Biomedical Applications. Antman S.S., Marsden J.E., Sirovich L. and Wiggins S. Eds. New York, Springer-Verlag: 661-721.
- Murray M.D.** (1987a) Akabane epizootics in New South Wales: evidence for long-distance dispersal of the biting midge *Culicoides brevitarsis*. *Aust Vet J* **64** (10): 305-8.
- Murray M.D.** (1987b) Local dispersal of the biting midge *Culicoides brevitarsis* Kieffer (Diptera: Ceratopogonidae) in south-eastern Australia. *Aust J Zool* **35**: 559-73.
- Murray M.D.** (1987c) Southern limits of distribution and abundance of the biting midge *Culicoides brevitarsis* Kieffer (Diptera: Ceratopogonidae) in south-eastern Australia: an application of the GROWEST Model. *Aust J Zool* **35**: 575-85.
- Murray M.D.** (1995) Influences of vector biology on transmission of arboviruses and outbreaks of disease: the *Culicoides brevitarsis* model. *Vet Microbiol* **46** (1-3): 91-9.
- Nevill E.M.** (1968) A significant new breeding site of *Culicoides pallidipennis* Carter, Ingram and Macfie (Diptera: Ceratopogonidae). *J S Afr Vet med Assoc* **39**: 61.
- Nevill E.M.** (1971) Cattle and *Culicoides* biting midges as possible overwintering hosts of bluetongue virus. *Onderstepoort J Vet Res* **38** (2): 65-71.
- Nevill E.M. & Anderson D.** (1972) Host preferences of *Culicoides* midges (Diptera: Ceratopogonidae) in South Africa as determined by precipitin tests and light trap catches. *Onderstepoort J Vet Res* **39** (3): 147-52.
- Ogden N.H., Barker I.K., Beauchamp G., Brazeau S., Charron D.F., Maarouf A., Morshed M.G., O'Callaghan C.J., Thompson R.A., Waltner-Toews D., Waltner-Toews M. & Lindsay L.R.** (2006) Investigation of ground level and remote-sensed data for habitat classification and prediction of survival of *Ixodes scapularis* in habitats of southeastern Canada. *J Med Entomol* **43** (2): 403-14.
- OIE** (2001) Situation zoosanitaire mondiale en 2001. [ftp://ftp.oie.int/SAM/2001/WAH\\_F.pdf](ftp://ftp.oie.int/SAM/2001/WAH_F.pdf)
- OIE** (2002) Situation zoosanitaire mondiale en 2002. [ftp://ftp.oie.int/SAM/2002/WAH\\_F.pdf](ftp://ftp.oie.int/SAM/2002/WAH_F.pdf)

- OIE** (2003) Situation zoosanitaire mondiale en 2003. [ftp://ftp.oie.int/SAM/2003/WAH\\_F.pdf](ftp://ftp.oie.int/SAM/2003/WAH_F.pdf)
- OIE** (2004a) Situation zoosanitaire mondiale en 2004. [ftp://ftp.oie.int/SAM/2004/WAH\\_F.pdf](ftp://ftp.oie.int/SAM/2004/WAH_F.pdf)
- OIE** (2004b) Manual of Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals. Chapter 2.1.9. Bluetongue. [http://www.oie.int/fr/normes/mmanual/A\\_00032.htm](http://www.oie.int/fr/normes/mmanual/A_00032.htm)
- OIE** (2006a) Maladies de la Liste de l'OIE. [http://www.oie.int/fr/maladies/fr\\_classification.htm?e1d7](http://www.oie.int/fr/maladies/fr_classification.htm?e1d7)
- OIE** (2006b) Bluetongue in northern Europe: an OIE reference laboratory makes a breakthrough in identifying the vector causing the disease. [http://www.oie.int/eng/press/en\\_061023.htm](http://www.oie.int/eng/press/en_061023.htm)
- OIE** (2006c) World Animal Health Information Database (WAHID) Interface. <http://www.oie.int/wahid-prod/public.php?page=home>
- OIE** (2006d) HANDISTATUS II Prototype. <http://www.oie.int/hs2/report.asp?lang=fr>
- OIE** (2007) World Animal Health Information Database (WAHID) Interface - Summary of Immediate notifications and Follow-ups - 2007 - Bluetongue. [http://www.oie.int/wahid-prod/public.php?page=disease\\_immediate\\_summary&disease\\_id=9](http://www.oie.int/wahid-prod/public.php?page=disease_immediate_summary&disease_id=9)
- Ostfeld R.S., Glass G.E. & Keesing F.** (2005) Spatial epidemiology: an emerging (or re-emerging) discipline. *Trends Ecol Evol* **20** (6): 328-36.
- Panagiotatos D.E.** (2004) Regional overview of bluetongue viruses, vectors, surveillance and unique features in Eastern Europe between 1998 and 2003. *Vet Ital* **40** (3): 61-72.
- Patz J.A., Epstein P.R., Burke T.A. & Balbus J.M.** (1996) Global climate change and emerging infectious diseases. *Jama* **275** (3): 217-23.
- Patz J.A., Campbell-Lendrum D., Holloway T. & Foley J.A.** (2005) Impact of regional climate change on human health. *Nature* **438** (7066): 310-7.
- Perez Correa M.** (2004) Développement d'une méthode de cartographie de l'occupation du sol le long des cours d'eau à partir de données de télédétection Montpellier - Paris, France, CEMAGREF - ENGREF, ENSAM, ENSG, INA-PG: 44 p.
- Petersen L.R. & Roehrig J.T.** (2001) West Nile virus: a reemerging global pathogen. *Emerg Infect Dis* **7** (4): 611-4.
- Peterson A.T.** (2001) Predicting species' geographic distributions based on ecological niche modeling. *Condor* **103** (3): 599-605.
- Peterson A.T. & Vieglais D.A.** (2001) Predicting species invasions using ecological niche modeling: New approaches from bioinformatics attack a pressing problem. *Bioscience* **51** (5): 363-71.
- Pili E., Ciucce S., Culurgioni J., Figus V., Pinna G. & Marchi A.** (2006) Distribution and abundance of bluetongue vectors in Sardinia: comparison of field data with prediction maps. *J Vet Med B Infect Dis Vet Public Health* **53** (7): 312-6.
- Plazanet D.** (2002) Application de a télédétection à l'épidémiologie de la fièvre catarrhale du mouton. Toulouse, CIRAD et Université Paul Sabatier (Toulouse III): 55 p.
- Pleydell D.R., Raoul F., Tourneux F., Danson F.M., Graham A.J., Craig P.S. & Giraudoux P.** (2004) Modelling the spatial distribution of *Echinococcus multilocularis* infection in foxes. *Acta Trop* **91** (3): 253-65.

- Polydorou K.** (1985) Bluetongue in Cyprus. *Prog Clin Biol Res* **178**: 539-44.
- Potgieter A.C., Monaco F., Mangana O., Nomikou K., Yadin H. & Savini G.** (2005) VP2-segment sequence analysis of some isolates of bluetongue virus recovered in the Mediterranean basin during the 1998-2003 outbreak. *J Vet Med B Infect Dis Vet Public Health* **52** (9): 372-9.
- Purse B.V., Tatem A.J., Caracappa S., Rogers D.J., Mellor P.S., Baylis M. & Torina A.** (2004) Modelling the distributions of *Culicoides* bluetongue virus vectors in Sicily in relation to satellite-derived climate variables. *Med Vet Entomol* **18** (2): 90-101.
- Purse B.V., Mellor P.S., Rogers D.J., Samuel A.R., Mertens P.P. & Baylis M.** (2005) Climate change and the recent emergence of bluetongue in Europe. *Nat Rev Microbiol* **3** (2): 171-81.
- Purse B.V., Nedelchev N., Georgiev G., Veleva E., Boorman J., Denison E., Veronesi E., Carpenter S., Baylis M. & Mellor P.S.** (2006) Spatial and temporal distribution of bluetongue and its *Culicoides* vectors in Bulgaria. *Med Vet Entomol* **20** (3): 335-44.
- Purse B.V., McCormick B.J.J., Mellor P.S., Baylis M., Boorman J.P.T., BORRAS D., Burgu I., Capela R., Caracappa S., Collantes F., De Liberato C., Delgado J.A., Dension E., Georgiev G., El Harak M., De La Rocque S., Lhor Y., Lucientes J., Mangana O., Miranda M.A., Nedelchev N., Nomikou K., Ozkul A., Patakakis M., Pena I., Scaramozzino P., Torina A. & Rogers D.J.** (2007(accepted)) Incriminating bluetongue virus vectors with climate envelope models. *J Applied Ecology*.
- Quertier P., Aboucaya A., Beltra S. & Chideric M.** (2002) Guide du naturaliste dans le Var. Seyssinet-Pariset, France, Libris. 382 p.
- R Development Core Team** (2005) R: a language and environment for statistical computing. R Foundation for statistical computing, Vienna, Austria <http://www.R-project.org>
- Ramade F.** (2002) Dictionnaire encyclopédique de l'écologie et des sciences de l'environnement. Paris, France, Dunod. 1075 p.
- Randolph S.E.** (2000) Ticks and tick-borne disease systems in space and from space. *Adv Parasitol* **47**: 217-43.
- Rawlings P., Pro M.J., Pena I., Ortega M.D. & Capela R.** (1997) Spatial and seasonal distribution of *Culicoides imicola* in Iberia in relation to the transmission of African horse sickness virus. *Med Vet Entomol* **11** (1): 49-57.
- Reiter P.** (1998) Global-warming and vector-borne disease in temperate regions and at high altitude. *Lancet* **351** (9105): 839-40.
- Reiter P.** (2001) Climate change and mosquito-borne disease. *Environ Health Perspect* **109 Suppl 1**: 141-61.
- Reiter P., Fontenille D. & Paupy C.** (2006) *Aedes albopictus* as an epidemic vector of chikungunya virus: another emerging problem? *Lancet Infect Dis* **6** (8): 463-4.
- Ribeiro Jr. P.J.** (2003). geoR and geoRglm: Software for model-based geostatistics. Proceedings of the 3rd International workshop on Distributed Statistical Computing (DSC 2003), Vienna, Austria. <http://www.ci.tuwien.ac.at/> (onglet Conferences, DSC 2003, Proceedings)
- Richards S.L., Apperson C.S., Ghosh S.K., Cheshire H.M. & Zeichner B.C.** (2006) Spatial analysis of *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) oviposition in suburban neighborhoods of a Piedmont community in North Carolina. *J Med Entomol* **43** (5): 976-89.

- Rizzoli A., Merler S., Furlanello C. & Genchi C.** (2002) Geographical information systems and bootstrap aggregation (bagging) of tree-based classifiers for Lyme disease risk prediction in Trentino, Italian Alps. *J Med Entomol* **39** (3): 485-92.
- Robin M.** (2002) Télédétection. Des satellites aux SIG. Paris, France, Nathan Université. 318 p.
- Rodewald A.D. & Vitz A.C.** (2005) Edge- and area-sensitivity of shrubland birds. *J Wildlife Manage* **69** (2): 681-8.
- Rodhain F. & Perez C.** (1985) Précis d'entomologie médicale et vétérinaire. Paris, Maloine. 458 p.
- Rodhain F.** (2003) Emergences de maladies à transmission vectorielle. *Epidemiol et santé anim* (44): 33-49.
- Roger F., Tatem A.J., De La Rocque S., Hendriks P., Baylis M., Delécolle J.C. & Rogers D.J.** (2003) L'émergence de la bluetongue en Corse et dans le bassin Méditerranéen (1998-2002) : modélisations des zones à risque à partir de données satellitaires. *Epidemiol et santé anim* (43): 127-8.
- Roger F.L.** (2002) Emergence of Bluetongue Disease in the Mediterranean basin: Modelling Locations at Risk for Potential Vectors (*Culicoides* spp.) using Satellite Imagery. University of London: 68 p.
- Rogers D.J. & Randolph S.E.** (1991) Mortality rates and population density of tsetse flies correlated with satellite imagery. *Nature* **351** (6329): 739-41.
- Rogers D.J. & Randolph S.E.** (1993) Distribution of tsetse and ticks in Africa: past, present and future. *Parasitol Today* **9** (7): 266-71.
- Rogers D.J., Hay S.I. & Packer M.J.** (1996) Predicting the distribution of tsetse flies in West Africa using temporal Fourier processed meteorological satellite data. *Ann Trop Med Parasitol* **90** (3): 225-41.
- Rogers D.J. & Randolph S.E.** (2000) The global spread of malaria in a future, warmer world. *Science* **289** (5485): 1763-6 (+ erratum *Science* 2000, 289(5499):2284).
- Rogers D.J., Randolph S.E., Snow R.W. & Hay S.I.** (2002) Satellite imagery in the study and forecast of malaria. *Nature* **415** (6872): 710-5.
- Rogers D.J. & Randolph S.E.** (2003) Studying the global distribution of infectious diseases using GIS and RS. *Nat Rev Microbiol* **1** (3): 231-7.
- Rogers D.J.** (2006) Models for vectors and vector-borne diseases. *Adv Parasitol* **62**: 1-35.
- Rogers D.J. & Randolph S.E.** (2006) Climate change and vector-borne diseases. *Adv Parasitol* **62**: 345-81.
- Rogers D.S., Belk M.C., Gonzalez M.W. & Coleman B.L.** (2006) Patterns of habitat use by bats along a riparian corridor in northern Utah. *Southwest Nat* **51** (1): 52-8.
- Rushton S.P., Ormerod S.J. & Kerby G.** (2004) New paradigms for modelling species distributions? *J Appl Ecol* **41** (2): 193-200.
- Santolini J.** (2002) La fièvre catarrhale ovine en Corse : analyse de l'épizootie en 2001 en vue de l'organisation de l'épidémiosurveillance. Clermont-Ferrand, France, ENITA Clermont Ferrand & ENVL: 47 p.

- Sarto i Monteys V. & Saiz-Ardanaz M.** (2003) *Culicoides* midges in Catalonia (Spain), with special reference to likely bluetongue virus vectors. *Med Vet Entomol* **17** (3): 288-93.
- Sarto i Monteys V., Aranda C., Escosa R., Pagès N. & Ventura D.** (2004) Results of current surveillance of likely bluetongue virus vectors of the genus *Culicoides* in Catalonia, Spain. *Vet Ital* **40** (3): 130-2.
- Sarto i Monteys V., Ventura D., Pages N., Aranda C. & Escosa R.** (2005) Expansion of *Culicoides imicola*, the main bluetongue virus vector in Europe, into Catalonia, Spain. *Vet Rec* **156** (13): 415-7.
- Satcher D.** (1995) Emerging infections: getting ahead of the curve. *Emerg Infect Dis* **1** (1): 1-6.
- Savini G., Goffredo M., Monaco F., Di Gennaro A., de Santis P., Meiswinkel R. & Caporale V.** (2004) The isolation of bluetongue virus from field populations of the *Obsoletus* Complex in central Italy. *Vet Ital* **40** (3): 286-91.
- Savini G., Goffredo M., Monaco F., Di Gennaro A., Cafiero M.A., Baldi L., de Santis P., Meiswinkel R. & Caporale V.** (2005) Bluetongue virus isolations from midges belonging to the *Obsoletus* complex (*Culicoides*, Diptera: Ceratopogonidae) in Italy. *Vet Rec* **157** (5): 133-9.
- Scavia G., Autorino G.L., De Liberato C., Farina F., Ferrari G., Guidoni M., Magliano A., Miceli M., Scholl F., Scicluna M.T. & Scaramozzino P.** (2004) Association between the 2001-2003 bluetongue epidemic in Lazio and Tuscany (central Italy) and distribution and abundance of *Culicoides imicola* and *C. obsoletus* vectors. *Vet Ital* **40** (3): 274-7.
- Schadt S., Revilla E., Wiegand T., Knauer F., Kaczensky P., Breitenmoser U., Bufka L., Cerveny J., Koubek P., Huber T., Stanisa C. & Trepl L.** (2002) Assessing the suitability of central European landscapes for the reintroduction of Eurasian lynx. *J Appl Ecol* **39** (2): 189-203.
- Sellers R.F.** (1975) Bluetongue in Cyprus. *Aust Vet J* **51** (4): 198-203.
- Sellers R.F., Pedgley D.E. & Tucker M.R.** (1978) Possible windborne spread of bluetongue to Portugal, June-July 1956. *J Hyg (Lond)* **81** (2): 189-96.
- Sellers R.F., Gibbs E.P., Herniman K.A., Pedgley D.E. & Tucker M.R.** (1979) Possible origin of the bluetongue epidemic in Cyprus, August 1977. *J Hyg (Lond)* **83** (3): 547-55.
- Sellers R.F. & Pedgley D.E.** (1985) Possible windborne spread to Western Turkey of bluetongue virus in 1977 and of Akabane virus in 1979. *J Hyg (Lond)* **95** (1): 149-58.
- Sellers R.F. & Maarouf A.R.** (1989) Trajectory analysis and bluetongue virus serotype 2 in Florida 1982. *Can J Vet Res* **53** (1): 100-2.
- Sellers R.F. & Maarouf A.R.** (1991) Possible introduction of epizootic hemorrhagic disease of deer virus (serotype 2) and bluetongue virus (serotype 11) into British Columbia in 1987 and 1988 by infected *Culicoides* carried on the wind. *Can J Vet Res* **55** (4): 367-70.
- Sellers R.F.** (1992) Weather, *Culicoides*, and the distribution and spread of Bluetongue and African Horse Sickness viruses. In Bluetongue, African Horse Sickness and Related Orbiviruses. Walton T.E. and Osburn B.I. Eds. Boca Raton, Florida, USA, CRC Press, Inc. **1**: 284-90.
- Sellers R.F. & Mellor P.S.** (1993) Temperature and the persistence of viruses in *Culicoides* spp. during adverse conditions. *Rev sci tech Off Int Epiz* **12** (3): 733-55.

- Singer R.S., MacLachlan N.J. & Carpenter T.E.** (2001) Maximal predicted duration of viremia in bluetongue virus-infected cattle. *J Vet Diagn Invest* **13** (1): 43-9.
- Sithiprasasna R., Lee W.J., Ugsang D.M. & 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.
- SPOT Image** (2005) Niveaux de prétraitement et précision de localisation.: 4 p. [http://www.spotimage.fr/automne\\_modules\\_files/standard/public/p153\\_0916b39e58c710b3bb5788fdcc025f80niveaux\\_precision\\_F.pdf](http://www.spotimage.fr/automne_modules_files/standard/public/p153_0916b39e58c710b3bb5788fdcc025f80niveaux_precision_F.pdf)
- Standfast H.A., Muller M.J. & Wilson D.D.** (1985) Mortality of *Culicoides brevitarsis* fed on cattle treated with ivermectin. *Prog Clin Biol Res* **178**: 611-6.
- Stephens P.A., Buskirk S.W., Hayward G.D. & Del Rio C.M.** (2005) Information theory and hypothesis testing: a call for pluralism. *J Appl Ecol* **42** (1): 4-12.
- Stockwell D. & Peters D.** (1999) The GARP modelling system: problems and solutions to automated spatial prediction. *Int J Geographical Information Science* **13** (2): 143-58.
- Tabachnick W.J.** (1996) *Culicoides variipennis* and bluetongue-virus epidemiology in the United States. *Annu Rev Entomol* **41**: 23-43.
- Tabachnick W.J.** (2004) *Culicoides* and the global epidemiology of bluetongue virus infection. *Vet Ital* **40** (3): 145-50.
- Takamatsu H., Mellor P.S., Mertens P.P., Kirkham P.A., Burroughs J.N. & Parkhouse R.M.** (2003) A possible overwintering mechanism for bluetongue virus in the absence of the insect vector. *J Gen Virol* **84** (Pt 1): 227-35.
- Takamatsu H.H., Mellor P.S. & Mertens P.P.C.** (2004) A potential overwintering mechanisms for bluetongue virus - recent findings. *Vet Ital* **40** (3): 456-61.
- Tamba M., Dottori M., Bonilauri P., Massi P., Cordioli P. & Fallacara C.** (2006). Unpredicted circulation of a vaccine strain of bluetongue virus serotype 2 in cattle in northern Italy. Proceedings of the 11th Symposium of the International Society for Veterinary Epidemiology and Economics (ISVEE), Cairns, Australia  
<http://www.sciquest.org.nz/default.asp?pageid=69&pub=10&vol=11>
- Tatem A.J., Baylis M., Mellor P.S., Purse B.V., Capela R., Pena I. & Rogers D.J.** (2003) Prediction of bluetongue vector distribution in Europe and north Africa using satellite imagery. *Vet Microbiol* **97** (1-2): 13-29.
- Teissier du Cros M.** (2003) Synthèse de l'étude FCO menée par la Chambre d'Agriculture de Haute Corse. Juin 2002 - Juin 2003. Chambre d'Agriculture de Haute Corse, Fonds national d'aménagement et de développement du territoire: 39 p.
- Thiry E., Saegerman C., Guyot H., Kirten P., Losson B., Rollin F., Bodmer M., Czaplicki G., Toussaint J.F., De Clercq K., Dochy J.M., Dufey J., Gillemans J.L. & Messeman K.** (2006) Bluetongue in northern Europe. *Vet Rec* **159** (10): 327.
- Toma B., Dufour B., Sanaa M., Bénet J.-J., Shaw A., Moutou F. & Louzã A.** (2001) *Epidémiologie appliquée à la lutte collective contre les maladies animales transmissibles majeures*. Paris, AEEMA. 696 p.
- Toma B. & Thiry E.** (2003) Qu'est-ce qu'une maladie émergente? *Epidémiol et santé anim* **44**: 1-11.

- Torina A., Caracappa S., Mellor P.S., Baylis M. & Purse B.V.** (2004) Spatial distribution of bluetongue virus and its *Culicoides* vectors in Sicily. *Med Vet Entomol* **18** (2): 81-9.
- Tran A., Gardon J., Weber S. & Polidori L.** (2002) Mapping disease incidence in suburban areas using remotely sensed data. *Am J Epidemiol* **156** (7): 662-8.
- Tran A.** (2004) Télédétection et épidémiologie : Modélisation de la dynamique de populations d'insectes et application au contrôle des maladies à transmission vectorielle. Strasbourg, Université Louis Pasteur (Strasbourg I) : 199 p.
- Tran A., Biteau-Coroller F., Guis H. & Roger F.** (2005) Modélisation des maladies vectorielles. *Epidémiol et santé anim* (47): 35-51.
- Tran A., Guis H., Biteau-Coroller F., Barragué B., Mathieu B., Setier-Rio M.-L., Gerbier G., Roger F. & Baldet T.** (2008, accepté) 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*.
- Tucker C.J.** (1979) Red and Photographic Infrared Linear Combinations for Monitoring Vegetation. *Remote Sens Environ* **8**: 127-50.
- Tucker C.J., Vanpraet C., Boerwinkel E. & Gaston A.** (1983) Satellite remote sensing of total dry matter production in the Senegalese Sahel. *Remote Sens Environ* **13**: 461-74.
- Turner M.G.** (1989) Landscape ecology: the effect of pattern on process. *Annu Rev Ecol Evol S* **20**: 171-97.
- Turner M.G.** (2005) Landscape ecology: What is the state of the science? *Annu Rev Ecol Evol S* **36**: 319-44.
- van Rijn P.A. & Thiry E.** (2006). The recent outbreak of Bluetongue in northern Europe. 7th International Congress of Veterinary Virology (European Society for Veterinary Virology), Lisbon, Portugal
- Venter G.J. & Hermanides K.G.** (2006) Comparison of black and white light for collecting *Culicoides imicola* and other livestock-associated *Culicoides* species in South Africa. *Vet Parasitol* **142** (3-4): 383-5.
- Walker A.R.** (1977) Seasonal fluctuations of *Culicoides* species (Diptera: Ceratopogonidae) in Kenya. *Bull ent Res* **67**: 217-33.
- Walton T.E.** (2004) The history of bluetongue and a current global overview. *Vet Ital* **40** (3): 31-8.
- Ward M.P.** (1994) Climatic factors associated with the prevalence of bluetongue virus infection of cattle herds in Queensland, Australia. *Vet Rec* **134** (16): 407-10.
- Ward M.P. & Thurmond M.C.** (1995) Climatic Factors Associated with Risk of Seroconversion of Cattle to Bluetongue Viruses in Queensland. *Prev Vet Med* **24** (2): 129-36.
- Ward M.P.** (1996) Climatic factors associated with the infection of herds of cattle with bluetongue viruses. *Vet Res Commun* **20** (3): 273-83.
- Ward M.P. & Carpenter T.E.** (1996a) Simulation modeling of the effect of climatic factors on bluetongue virus infection in Australian cattle herds. I. model formulation, verification and validation. *Prev Vet Med* **27** (1-2): 1-12.

- Ward M.P. & Carpenter T.E.** (1996b) Simulation modeling of the effect of climatic factors on bluetongue virus infection in Australian cattle herds. II. Model experimentation. *Prev Vet Med* **27** (1-2): 13-22.
- White D.M., Wilson W.C., Blair C.D. & Beaty B.J.** (2005) Studies on overwintering of bluetongue viruses in insects. *J Gen Virol* **86** (Pt 2): 453-62.
- WHO** (1996) World Health Report 1996 : fighting disease, fostering development. Geneva, WHO: 143 p.
- Wilson A.D., Harwood L., Torsteinsdottir S. & Marti E.** (2006) Production of monoclonal antibodies specific for native equine IgE and their application to monitor total serum IgE responses in Icelandic and non-Icelandic horses with insect bite dermal hypersensitivity. *Vet Immunol Immunopathol* **112** (3-4): 156-70.
- Wittmann E.J., Mellor P.S. & Baylis M.** (2001) Using climate data to map the potential distribution of *Culicoides imicola* (Diptera: Ceratopogonidae) in Europe. *Rev Sci Tech* **20** (3): 731-40.
- Wood B.L., Beck L.R., Washino R.K., Hibbard K.A. & Salute J.S.** (1992) Estimating High Mosquito-Producing Rice Fields Using Spectral and Spatial Data. *Int J Remote Sens* **13** (15): 2813-26.
- Wright J.C., Getz R.R., Powe T.A., Nusbaum K.E., Stringfellow D.A., Mullen G.R. & Lauerma L.H.** (1993) Model-Based on Weather Variables to Predict Seroconversion to Bluetongue Virus in Alabama Cattle. *Prev Vet Med* **16** (4): 271-8.
- Yeruham I., Braverman Y. & Orgad U.** (1993) Field observations in Israel on hypersensitivity in cattle, sheep and donkeys caused by *Culicoides*. *Aust Vet J* **70** (9): 348-52.

# Glossaire

**ACP** : Une analyse en composantes principales est une technique mathématique permettant de réduire un système complexe de variables corrélées entre elles en un plus petit nombre de dimensions. Chaque nouvelle dimension est constituée d'un assemblage des variables initiales. Une dimension est représentée par un axe qui porte le pourcentage de variance expliquée par les variables constituant l'axe.

**Arbovirose** : maladie virale transmise par piqûre d'arthropode hématophage.

**Automate cellulaire** : Un automate cellulaire consiste en une matrice de cellules soumises à des règles de transitions définissant leur état à chaque génération. Chaque cellule peut prendre à un instant donné un état parmi un ensemble fini d'états. L'état d'une cellule à la génération  $n+1$  est fonction de son état à la génération  $n$ , de l'état d'un nombre défini de cellules de son voisinage, ainsi que des règles de transitions. À chaque génération, les règles de transitions sont appliquées simultanément à toutes les cellules de la matrice, produisant une nouvelle génération de cellules dépendant entièrement de la génération précédente.

**Capacité vectorielle** : La capacité vectorielle représente le nombre d'infections qu'un vecteur donné va occasionner par hôte et par jour dans une population non immune. La capacité vectorielle inclut la notion de compétence\* vectorielle et fait appel à d'autres paramètres tels que la densité d'hôtes et les préférences trophiques du vecteur par exemple. La définition mathématique de la capacité vectorielle est :

$$C = \frac{ma^2 Vp^n}{-\ln p}$$

avec  $m$  la densité de vecteurs pour un hôte,  $a$  le nombre moyen de repas pris par un vecteur sur un hôte par jour,  $V$  la compétence vectorielle,  $p$  la proportion de vecteurs survivant un jour entier et  $n$  le nombre de jours du cycle d'incubation extrinsèque\* (*cf.* période d'incubation extrinsèque).

**Compétence vectorielle :** aptitude d'un insecte à s'infecter, amplifier et transmettre un pathogène en conditions de laboratoire<sup>101</sup>. Elle implique que le virus une fois ingéré puisse passer les barrières intestinale et salivaire, afin d'accomplir son cycle, se multiplier et se concentrer dans les glandes salivaires pour être ensuite transmis lors d'un nouveau repas de sang. Cette aptitude est fortement dépendante de la température. En effet, une augmentation de la température pourra entraîner une augmentation de la compétence d'une espèce, voire rendre compétente une espèce habituellement non compétente.

**Diapause hivernale :** état où l'organisme diminue l'intensité de ses activités métaboliques déclenché par un signal extérieur (longueur des jours, températures...) Chez les insectes, cette phase se traduit par un arrêt du développement.

**Endémie :** voir *épizootie*

**Enzootie :** voir *épizootie*

**Epidémie :** voir *épizootie*

**Epizootie :** Se dit d'une maladie qui frappe simultanément un grand nombre d'animaux (équivalant à « épidémique » pour une maladie humaine)<sup>102</sup>. Se distingue d'une « enzootie », maladie animale sévissant à un taux relativement constant (équivalant à « endémique » pour une maladie humaine)<sup>103</sup>.

**Garrigue :** voir *maquis*

**Géomatique :** Discipline ayant pour objet la gestion des données à référence spatiale et qui fait appel aux sciences et aux technologies reliées à leur acquisition, leur stockage, leur traitement et leur diffusion. La géomatique fait appel principalement à des disciplines comme la topométrie, la cartographie, la géodésie, la photogrammétrie, la télédétection et l'informatique<sup>104</sup>.

---

<sup>101</sup> **Rodhain F. & Perez C.** (1985) Précis d'entomologie médicale et vétérinaire. Paris, Maloine. 458 p.

<sup>102</sup> **Garnier M., Delamare V., Delamare J. & Delamare T.** (1999) Dictionnaire des termes de médecine. Paris, Maloine. 973 p.

<sup>103</sup> **Toma B., Dufour B., Sanaa M., Béné J.-J., Shaw A., Moutou F. & Louzã A.** (2001) Epidémiologie appliquée à la lutte collective contre les maladies animales transmissibles majeures. Paris, AEEMA. 696 p.

<sup>104</sup> **Office québécois de la langue française** (2004) Grand dictionnaire terminologique, consultable en ligne sur : [http://w3.granddictionnaire.com/BTML/FRA/r\\_Motclef/index1024\\_1.asp](http://w3.granddictionnaire.com/BTML/FRA/r_Motclef/index1024_1.asp)

**Incidence** : nombre de cas ou de foyers nouveaux d'une maladie, dans une population déterminée, au cours d'une période donnée<sup>102</sup>.

**LST** : « Land surface temperature » : température de la surface terrestre.

**Maladie vectorielle** : voir *vecteur*

**Maquis (maquis, garrigue et pelouse)** : Le maquis est une formation végétale caractéristique de Corse, constituée d'arbustes et arbrisseaux xérophiles à feuillage persistant, en formation dense et difficilement pénétrable. Les espèces les plus fréquemment rencontrées sont l'arbousier et la bruyère en arbre, ainsi que le lentisque, le myrte, l'oléastre (olivier sauvage) et le ciste de Montpellier<sup>105</sup>. La dégradation du maquis par les feux et l'action de l'homme conduit à des formations plus basses par l'élimination de l'arbousier et de la bruyère en arbre, appelées garrigue. Le terme ultime de cette dégradation est la pelouse, formation végétale basse ne dépassant pas 60 centimètres.

**MIR** : « Middle infrared reflectance » : rayonnement dans l'infrarouge moyen.

**Morbidité** : proportion d'individus malades.

**Myosite** : inflammation du tissu musculaire<sup>102</sup>.

**NDVI** : « Normalized difference vegetation index » : indice de végétation à différence normalisée). Cet indice est défini comme le quotient  $(PIR - R)/(PIR + R)$  où R et PIR sont les réflectances mesurées dans le rouge et le proche infrarouge. Il reflète l'activité chlorophyllienne de la végétation.

**Pelouse** : voir *maquis*

**Période d'incubation extrinsèque** : Temps nécessaire aux étapes de développement du virus ingéré pour rendre le vecteur infectant lors du repas sanguin suivant (le virus passe la barrière intestinale de l'insecte, se multiplie puis gagne les glandes salivaires).

**Piège à émergence** : Piège posé sur un gîte larvaire potentiel et destiné à capturer les adultes émergeant du gîte. Ce type de piège ressemble à un tente rectangulaire ou conique de format

---

<sup>105</sup> Dupias G. (1963) Notice sommaire de la Carte de végétation de la France n° 80 et 81 : La Corse. Toulouse, Centre National de la Recherche Scientifique. 21 p.

variable (une dizaine de centimètre à 1 ou 2 mètres), avec un récipient au sommet pour récupérer les adultes issus des larves du gîte.

**Prévalence** : nombre total de cas ou de foyers d'une maladie, dans une population déterminée, au cours d'une période donnée ou à un instant donné<sup>103</sup>.

**Protection croisée** : un sérotype A ne présentant pas de protection croisée avec un sérotype B signifie qu'il induit la formation d'anticorps qui ne protègent pas contre le sérotype B.

**Ptyalisme** : sécrétion salivaire exagérée<sup>102</sup>.

**Sérotype** : catégorie dans laquelle on classe les virus et les bactéries selon leurs réactions en présence de sérums contenant des anticorps spécifiques<sup>102</sup>. Dans le cas de la FCO, il existe 24 sérotypes.

**Stomatite** : inflammation de la muqueuse buccale<sup>102</sup>.

**Système d'information géographique** : outil informatique permettant le recueil, le stockage, la mise à jour, la l'intégration, l'analyse spatiale, la visualisation et la restitution de données géoréférencées (localisées dans l'espace par leurs coordonnées géographiques). Il permet donc de manipuler et de traiter des données spatialisées de natures et de sources différentes.

**TAIR** : « Air temperature » : température de l'air.

**Transmission vectorielle** : voir *vecteur*

**Transmission verticale** : transmission trans-ovarienne de virus chez la femelle arthropode infectée permettant l'infection des œufs desquels pourront éclore des larves puis des adultes infectés.

**Vaccins atténué ou inactivé** : Un vaccin atténué est un vaccin dit vivant, c'est à dire que l'agent pathogène est vivant mais son pouvoir pathogène a été atténué (par de multiples passages sur cultures par exemple). Un vaccin inactivé (appelé aussi inerte ou tué) est un vaccin dont l'agent pathogène est tué (vaccin complet) ou bien constitué uniquement d'une fraction antigénique de l'agent pathogène (vaccin sous-unité).

**Vecteur** : arthropode (essentiellement insecte ou acarien) hématophage qui assure la transmission biologique active d'un agent infectieux (virus, bactérie ou parasite) entre vertébrés. Pour être défini comme vecteur, i) l'espèce doit présenter une biologie compatible avec le contact hôte/vecteur (préférences trophiques, présence pendant la période de circulation du pathogène), ii) l'agent pathogène doit avoir été isolé à partir d'individus capturés sur le terrain (ce qui traduit une exposition au pathogène en conditions naturelles) et iii) l'espèce doit être compétente\* pour l'agent pathogène en question.



## **Annexes**

## Annexe 1 : Températures et précipitations moyennes en Corse.

Figure 1 : Températures moyennes annuelles. Source : Météo France. Publication : Bruno C., *et al.* (2001) *Chì tempu face? Météorologie, climat et microclimats de la Corse.* Ajaccio, France. 130 p.

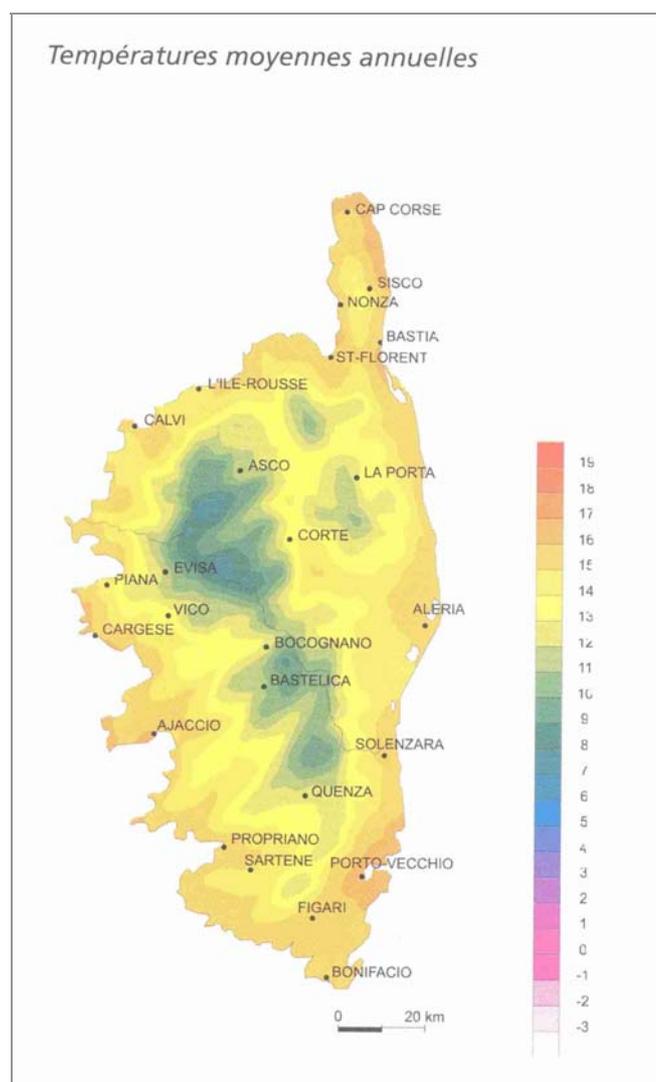
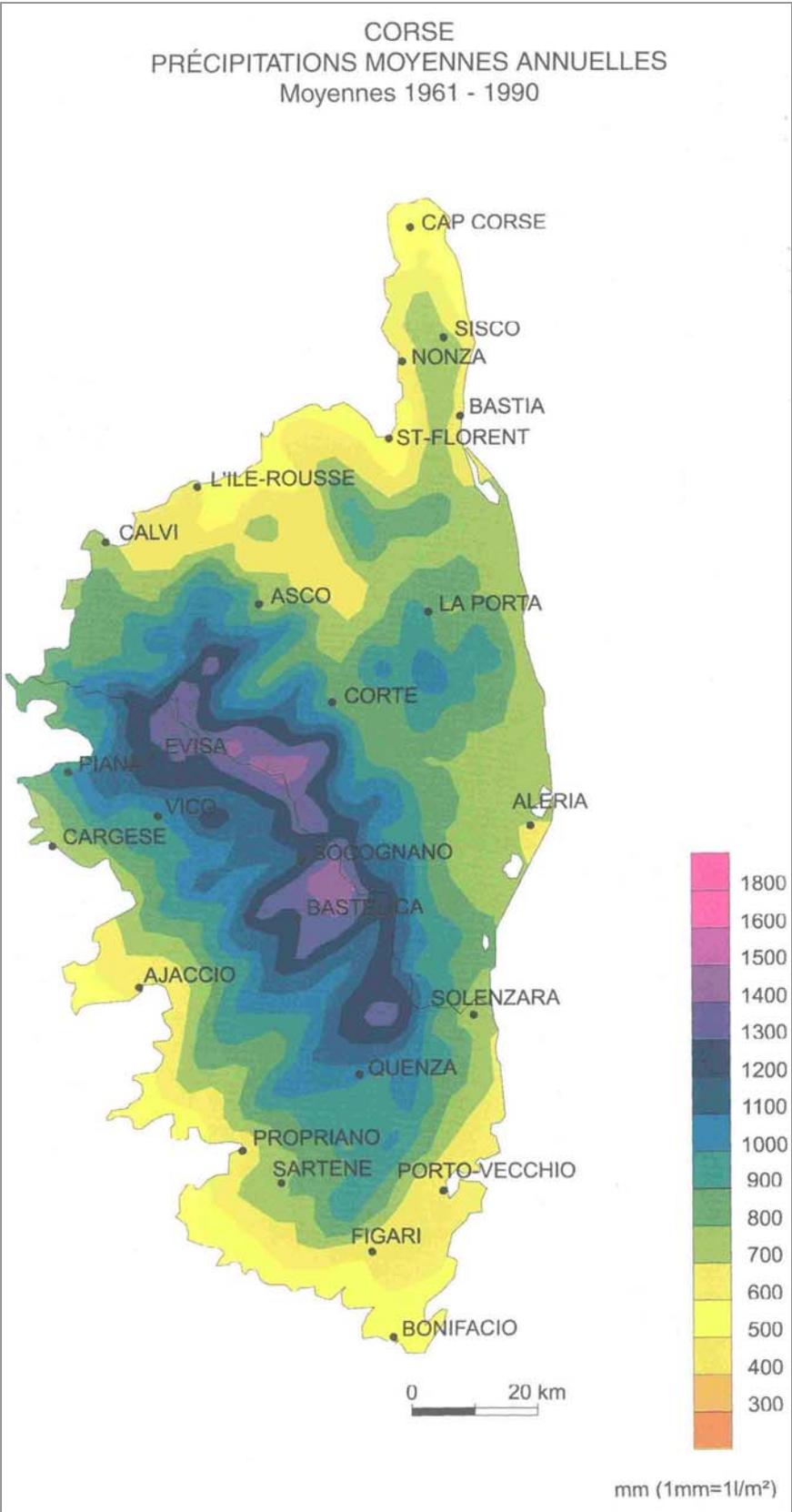


Figure 2 : Précipitations moyennes annuelles pour la période 1961-1990. Source : Météo France. Publication : Bruno C., et al. (2001) Chì tempu face? Météorologie, climat et microclimats de la Corse. Ajaccio, France. 130 p.



## Annexe 2 : Fiche de relevés de végétation – Corse du Sud.

Site n° : .....

Région : .....

Date : / / 2004

Heure : :

N° photo(s) terrain : .....



Points GPS			
Nb			
N°	X (m) (Long)	Y(m) (Lat)	erreur (m)

### Géomorphologie

thalweg	plaine	colline	versant	falaise	rive	vallée	crête

### Occupation du Sol :

<b>Non végétal</b>	Bâti - urbain	Sol nu	Sable	Route	Roche		
<b>Forêt</b>	Feuillus mélangés	Chêne	Châtaignier	Hêtre	Bouleau	Aune	
	Conifères mélangés	Pin	Sapin				
<b>Maquis</b>	lentisque	myrte					
<b>Garrigue</b>	lentisque	myrte					
<b>Pelouse</b>	lentisque	myrte					
<b>Culture</b>	Verger	Vignoble	Oliveraie	Céréales	Prairie améliorée		
<b>Aquatique</b>	Marais	Ripisylve	Rivière				

## Annexe 3 : Attributs retenus pour les classifications orientées objet des trois images (outil *feature space optimisation*, eCognition<sup>®</sup>).

### 1. Attributs utilisés pour la classification de l'image de l'extrême sud de la Corse

Comme il s'agit d'une image acquise par le satellite SPOT 4, les bandes sont organisées dans l'ordre suivant : bande 1 = Vert, bande 2 = Rouge, bande 3 = PIR, bande 4 = MIR. Au final, 41 attributs ont été retenus (tableau 1).

Tableau 1 : Attributs retenus pour réaliser la classification orientée objet de l'image de l'extrême sud de la Corse

N°	Nom de l'attribut	N°	Nom de l'attribut
1	GLCM* correlation (45°, band 1)	22	GLCM correlation (135°)
2	GLCM correlation (45°, band 4)	23	GLCM correlation (0°, band 4)
3	Relative border to brighter neighbours (band 3)	24	GLCM homogeneity (45°)
4	Area	25	GLCM homogeneity (135°)
5	Mean difference to brighter neighbours (band 2)	26	Maximum pixel value (band 3)
6	GLCM homogeneity (45°, band 3)	27	Relative border to brighter neighbours (band 4)
7	Maximum difference	28	Mean difference to neighbour (band 3)
8	Mean difference to brighter neighbours (band 3)	29	Minimum pixel value (band 2)
9	Minimum pixel value (band 1)	30	GLCM homogeneity (135°, band 1)
10	GLCM homogeneity (90°)	31	Maximum pixel value (band 2)
11	Mean difference to neighbours (band 2)	32	GLCM correlation (45°, band 2)
12	GLCM correlation (135°, band 1)	33	GLCM correlation (135°, band 3)
13	Maximum pixel value (band 1)	34	GLCM homogeneity (0°, band 3)
14	GLCM correlation (135°, band 2)	35	GLCM correlation (90°, band 1)
15	GLCM correlation (135°, band 4)	36	GLCM homogeneity (all directions, band 4)
16	Mean difference to darker neighbour (band 4)	37	GLCM correlation (all directions, band 4)
17	Mean difference to neighbours	38	Relative border to brighter neighbours (band 1)
18	GLCM homogeneity (135°, band 3)	39	Ratio (band 4)
19	GLCM correlation (45°, band 3)	40	GLCM homogeneity (all directions, band 3)
20	Mean difference to darker neighbours (band 3)	41	Mean difference to neighbours (band 1)
21	Mean difference to brighter neighbours (band 1)		

\*GLCM : Grey Level Co-occurrence Matrix (niveaux de gris de la matrice de co-occurrence). Les indices « GLCM homogeneity » et « GLCM correlation » sont des indices de texture définis par Haralick. Les définitions et explications des indices sont disponibles sur le site «The GLCM Tutorial Home Page» créée par Mryka Hall-Beyer : <http://www.fp.ucalgary.ca/mhallbey/tutorial.htm> (version 2.10, mise à jour en février 2007). Les noms anglais ont été conservés car leur traduction française est variable.

## **2. Attributs utilisés pour la classification de l'image de la région d'Ajaccio**

La meilleure classification est obtenue avec les moyennes des 4 bandes spectrales et la moyenne de l'indice suivant :  $(\text{Vert} - \text{Rouge}) / (\text{Vert} + \text{Rouge})$ .

## **3. Attributs utilisés pour la classification de l'image de Var**

La meilleure classification est obtenue avec les moyennes des 4 bandes spectrales et la moyenne du NDVI.

## Annexe 4 : Matrices de confusions et images des probabilités d'appartenance des classifications.

Les matrices de confusion (tableaux 1, 2 et 3) sont exprimées en nombre d'objets (et non en pixels). Les chiffres en gras sur la diagonale correspondent à la précision pour le réalisateur : ils reflètent pour chaque classe le pourcentage de parcelles de validation bien classées. La précision pour l'utilisateur reflète le pourcentage d'objets de chaque classe de la carte d'occupation du sol classés correctement (avant dernière colonne).

L'affectation d'un objet dans une classe est fonction de sa probabilité d'appartenance aux différentes classes. L'objet sera affecté dans la classe pour laquelle la probabilité d'appartenance est la plus élevée à condition qu'elle dépasse un seuil défini par l'utilisateur. Si les probabilités d'appartenance sont toutes plus faibles que ce seuil, l'objet n'est pas classé. Les images des probabilités d'appartenance sont présentées dans les figures 1, 2 et 3.

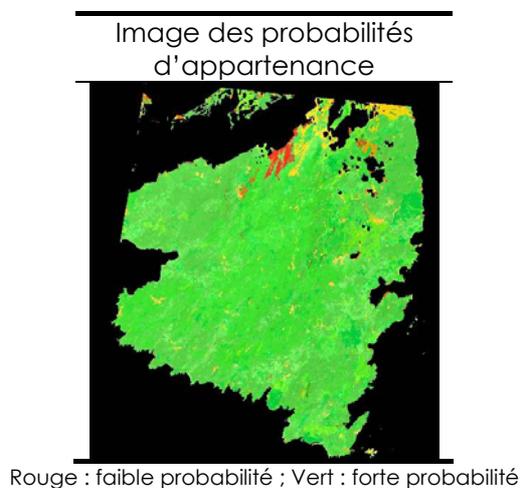
### 1. Evaluation de la classification de l'image de l'extrême sud de la Corse

Tableau 1 : Matrice de confusion de la classification de l'image de l'extrême sud de la Corse.

Classification (% d'objets)*	Parcelles de validation								Précision pour l'utilisateur	Total (nombre d'objets)
	Maquis, garrigue et forêt de feuillus	Pinède	Prairie arborée	Prairie ouverte	Zone arbustive rase	Cultures	Zone non végétalisée	Eau		
Maquis, garrigue et forêt de feuillus	<b>79</b>	20	0	6	0	0	1	0	87	31
Pinède	0	<b>80</b>	0	0	0	0	0	0	100	8
Prairie arborée	21	0	<b>70</b>	22	50	13	8	0	20	35
Prairie ouverte	0	0	10	<b>50</b>	0	13	8	0	39	23
Zone arbustive rase	0	0	10	0	<b>25</b>	0	1	0	40	5
Cultures	0	0	0	6	0	<b>63</b>	1	0	63	8
Zone non végétalisée	0	0	10	17	25	13	<b>77</b>	2	93	118
Eau	0	0	0	0	0	0	1	<b>90</b>	98	58
Non classé	0	0	0	0	0	0	1	8		7
Total (%)	100	100	100	100	100	100	100	100		
Nombre d'objets	34	10	10	18	8	8	142	63		293
Nombre de pixels	57220	13534	8982	16731	9774	5069	90885	9100		211295

**Précision totale : 76,8**

Figure 1 : Images des probabilités d'appartenance et de stabilité de la classification de l'image de l'extrême sud de la Corse.



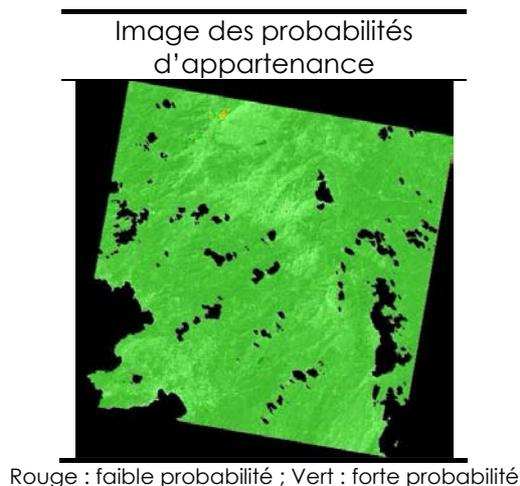
## 2. Evaluation de la classification de l'image de la région d'Ajaccio

Tableau 2 : Matrice de confusion de la classification de l'image d'Ajaccio.

Classification (% d'objets)*	Parcelles de validation								Précision pour l'utilisateur	Total (nombre d'objets)
	Maquis et forêt de feuillus	Pinède	Prairie arborée	Prairie ouverte	Zone arbustive rase	Cultures	Zone non végétalisée	Eau		
Maquis et forêt de feuillus	<b>100</b>	0	0	0	0	0	0	0	100	45
Pinède	0	<b>100</b>	0	0	0	0	0	0	100	18
Prairie arborée	0	0	<b>83</b>	11	0	0	0	0	71	7
Prairie ouverte	0	0	0	<b>44</b>	0	0	0	0	100	8
Zone arbustive rase	0	0	0	44	<b>100</b>	0	0	0	64	22
Cultures	0	0	17	0	0	<b>100</b>	0	0	80	5
Zone non végétalisée	0	0	0	0	0	0	<b>100</b>	0	100	15
Eau	0	0	0	0	0	0	0	<b>100</b>	100	21
Non classé	0	0	0	0	0	0	0	0	/	0
Total (%)	100	100	100	100	100	100	100	100		
Nombre d'objets	45	18	6	18	14	4	15	21	141	
Nombre de pixels	15090	2975	626	1752	1552	119	924	10507	33545	

Précision totale : **92,2**

Figure 2 : Images de probabilités d'appartenance de la classification de l'image d' Ajaccio.



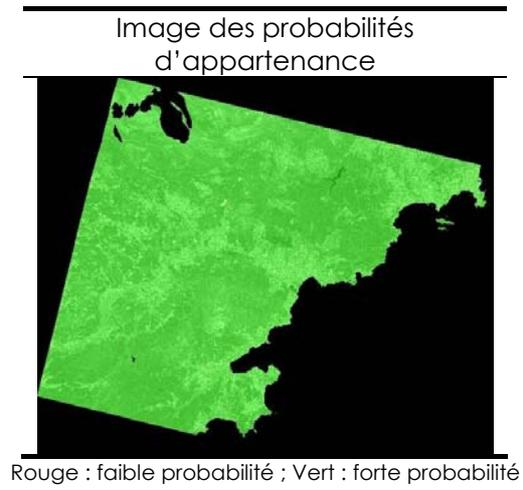
### 3. Evaluation de la classification de l'image du Var

Tableau 3 : Matrice de confusion de la classification de l'image du Var.

Matrice de confusion (% d'objets)*	Parcelles de validation								Précision pour l'utilisateur	Total (nombre d'objets)
	Maquis et forêt de feuillus	Pinède	Prairie	Zone arbustive rase	Cultures	Zone non végétalisée	Zone brûlée	Eau		
Maquis et forêt de feuillus	<b>100</b>	15	0	0	0	0	0	0	95	41
Pinède	0	<b>85</b>	0	0	0	0	0	0	100	11
Prairie	0	0	<b>89</b>	0,0	3	0	0	0	89	9
Pelouse	0	0	0	<b>100</b>	3	3	0	0	79	14
Cultures	0	0	0	0	<b>88</b>	1	0	0	97	31
Zone non végétalisée	0	0	11	0	6	<b>96</b>	0	0	96	80
Zone brûlée	0	0	0	0	0	0	<b>100</b>	0	100	37
Eau	0	0	0	0	0	0	0	<b>100</b>	100	28
Non classé	0	0	0	0	0	0	0	0	/	0
Total (%)	100	100	100	100	100	100	100	100		
Nombre d'objets	39	13	9	11	34	80	37	28		251
Nombre de pixels	3238	1676	557	411	1543	3991	1014	10827		23257

Précision totale : **96,0**

Figure 3 : Images de probabilités d'appartenance de la classification du Var.



---

## Annexe 5 : Définition mathématique des indicateurs paysagers.

---

Les définitions et formules des indicateurs sont extraites du guide utilisateur de Fragstats<sup>106&107</sup>, version 3.3., téléchargeable sur :  
<http://www.umass.edu/landeco/research/fragstats/documents/Metrics/Metrics%20TOC.htm>.

### 1. Indicateurs paysagers définis à l'échelle de la zone tampon

#### 1.1. Densité d'entités

---

<i>Patch Density</i>	
$PD = \frac{N}{A} (10,000)(100)$	N = total number of patches in the landscape. A = total landscape area (m <sup>2</sup> ).
Description	PD equals the number of patches in the landscape, divided by total landscape area (m <sup>2</sup> ), multiplied by 10,000 and 100 (to convert to 100 hectares). Note, PD does not include background patches or patches in the landscape border, if present. However, total landscape area (A) includes any internal background present.
Units	Number per 100 hectares
Range	PD > 0, constrained by cell size.
Comments	PD is ultimately constrained by the grain size of the raster image, because the maximum PD is attained when every cell is a separate patch. Patch density is a limited, but fundamental, aspect of landscape pattern. Patch density has the same basic utility as number of patches as an index, except that it expresses number of patches on a per unit area basis that facilitates comparisons among landscapes of varying size. Of course, if total landscape area is held constant, then patch density and number of patches convey the same information. Like number of patches, patch density often has limited interpretive value by itself because it conveys no information about the sizes and spatial distribution of patches. Note that the choice of the 4-neighbor or 8-neighbor rule for delineating patches will have an impact on this metric.

---

---

<sup>106</sup> Logiciel Fragstats : **McGarigal K., Cushman S.A., Neel M.C. & Ene E.** (2002a) FRAGSTATS: Spatial Pattern Analysis Program for Categorical Maps University of Massachusetts, Amherst, USA  
[www.umass.edu/landeco/research/fragstats/fragstats.html](http://www.umass.edu/landeco/research/fragstats/fragstats.html)

<sup>107</sup> Guide utilisateur : **McGarigal K., Cushman S.A., Neel M.C. & Ene E.** (2002b) Fragstats metrics.  
<http://www.umass.edu/landeco/research/fragstats/documents/Metrics/Metrics%20TOC.htm>

## 1.2. Indice de forme de paysage

Landscape Shape Index	
$LSI = \frac{E}{\min E}$	<p>E = total length of edge in landscape in terms of number of cell surfaces; includes all landscape boundary and background edge segments.</p> <p>min E = minimum total length of edge in landscape in terms of number of cell surfaces (see below).</p>
Description	<p>LSI equals the total length of edge in the landscape, given in number of cell surfaces, divided by the minimum total length of edge possible, also given in number of cell surfaces, which is achieved when the landscape consists of a single patch. If A is the landscape area, including all internal background (in terms of number of cells), and n is the side of the largest integer square smaller than A (denoted <math>\text{int}\sqrt{A}</math>) and <math>m = A - n^2</math>, then the minimum edge or perimeter of the landscape, min-E, will take one of the three forms (Milne 1991, Bogaert et al. 2000):</p> <p>min-E = 4n, when m = 0, or  min-E = 4n + 2, when <math>n^2 &lt; A \leq n(1+n)</math>, or  min-E = 4n + 4, when <math>A &gt; n(1+n)</math>.</p>
Units	None
Range	<p><math>LSI \geq 1</math>, without limit.</p> <p>LSI = 1 when the landscape consists of a single square (or almost square) patch; LSI increases without limit as landscape shape becomes more irregular and/or as the length of edge within the landscape increases.</p>
Comments	<p>Landscape shape index provides a standardized measure of total edge or edge density that adjusts for the size of the landscape. Because it is standardized, it has a direct interpretation, in contrast to total edge, for example, that is only meaningful relative to the size of the landscape. LSI can also be interpreted as a measure of patch aggregation or disaggregation, similar to the class-level interpretation. Specifically, as LSI increases, the patches become increasingly disaggregated.</p>

## 1.3. Distance euclidienne moyenne au plus proche voisin

(P20) Euclidean Nearest-Neighbor Distance	
$ENN = h_{ij}$	<p><math>h_{ij}</math> = distance (m) from patch ij to nearest neighboring patch of the same type (class), based on patch edge-to-edge distance, computed from cell center to cell center.</p>
Description	<p>ENN equals the distance (m) to the nearest neighboring patch of the same type, based on shortest edge-to-edge distance. Note that the edge-to-edge distances are from cell center to cell center.</p>
Units	Meters
Range	<p>ENN &gt; 0, without limit.</p> <p>ENN approaches 0 as the distance to the nearest neighbor decreases. The minimum ENN is constrained by the cell size, and is equal to twice the cell size when the 8-neighbor patch rule is used or the distance between diagonal neighbors when the 4-neighbor rule is used. The upper limit is constrained by the extent of the landscape. ENN is undefined and reported as "N/A" in the "basename".patch file if the patch has no neighbors (i.e., no other patches of the same class).</p>
Comments	<p><i>Euclidean nearest-neighbor distance</i> is perhaps the simplest measure of patch context and has been used extensively to quantify patch isolation. Here, nearest neighbor distance is defined using simple Euclidean geometry as the shortest straight-line distance between the focal patch and its nearest neighbor of the same class.</p>

**Mean (Euclidian Nearest Neighbour Distance)**

$$MN = \frac{\sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^n X_{ij}}{N}$$

MN (Mean) equals the sum, across all patches in the landscape, of the corresponding patch metric values, divided by the total number of patches. MN is given in the same units as the corresponding patch metric.

**1.4. Indice de connectivité**

<b>Connectance Index</b>	
$CONNECT = \left[ \frac{\sum_{i=1}^m \sum_{j \neq k}^n c_{ijk}}{\sum_{i=1}^m \left( \frac{n_i (n_i - 1)}{2} \right)} \right] (100)$	<p><math>c_{ijk}</math> = joining between patch j and k (0 = unjoined, 1 = joined) of the same patch type, based on a user-specified threshold distance.</p> <p><math>n_i</math> = number of patches in the landscape of each patch type (i).</p>
Description	CONNECT equals the number of functional joinings between all patches of the same patch type (sum of $c_{ijk}$ where $c_{ijk} = 0$ if patch j and k are not within the specified distance of each other and $c_{ijk} = 1$ if patch j and k are within the specified distance), divided by the total number of possible joinings between all patches of the same type, multiplied by 100 to convert to a percentage.
Units	Percent
Range	<p><math>0 \leq CONNECT \leq 100</math></p> <p>CONNECT = 0 when either the landscape consists of a single patch, or all classes consist of a single patch, or none of the patches in the landscape are "connected" (i.e., within the user-specified threshold distance of another patch of the same type). CONNECT = 100 when every patch in the landscape is "connected."</p>
Comments	Connectance is defined on the number of functional joinings between patches of the same type, where each pair of patches is either connected or not based on a user-specified distance criterion. Connectance is reported as a percentage of the maximum possible connectance given the number of patches. Note, connectance can be based on either Euclidean distance or functional distance, as described elsewhere (see Isolation/Proximity Metrics), although this is not implemented yet. Also, note that Euclidean distances are calculated from cell center to cell center. Thus, two patches that have 10 10-m cells between them have a computed distance of 110 m, not 100 m.

**1.5. Densité de richesse des entités**

<b>Patch Richness Density</b>	
$PRD = \frac{m}{A} (10,000)(100)$	<p><math>m</math> = number of patch types (classes) present in the landscape, excluding the landscape border if present.</p> <p><math>A</math> = total landscape area (<math>m^2</math>).</p>
Description	PR equals the number of different patch types present within the landscape boundary divided by total landscape area ( $m^2$ ), multiplied by 10,000 and 100 (to convert to 100 hectares). Note, total landscape area (A) includes any internal background present.
Units	Number per 100 hectares
Range	$PRD > 0$ , without limit
Comments	Patch richness density standardizes richness to a per area basis that facilitates comparison among landscapes. Note, this metric is redundant with both patch richness and relative patch richness.

## 1.6. Indice Simpson de diversité

L128) Simpson's Diversity Index	
$SIDI = 1 - \sum_{i=1}^m P_i^2$	$P_i =$ proportion of the landscape occupied by patch type (class) $i$ .
Description	SIDI equals 1 minus the sum, across all patch types, of the proportional abundance of each patch type squared. Note, $P_i$ is based on total landscape area (A) excluding any internal background present.
Units	None
Range	$0 \leq SIDI < 1$  SIDI = 0 when the landscape contains only 1 patch (i.e., no diversity). SIDI approaches 1 as the number of different patch types (i.e., patch richness, PR) increases and the proportional distribution of area among patch types becomes more equitable.
Comments	Simpson's diversity index is another popular diversity measure borrowed from community ecology. Simpson's index is less sensitive to the presence of rare types and has an interpretation that is much more intuitive than Shannon's index. Specifically, the value of Simpson's index represents the probability that any 2 pixels selected at random would be different patch types.

## 2. Indicateurs paysagers définis à l'échelle de la classe

### 2.1. Nombre d'entités de la classe X

Number of Patches of class X	
$NP = n_i$	$n_i =$ number of patches in the landscape of patch type (class) $i$ .
Description	NP equals the number of patches of the corresponding patch type (class).
Units	None
Range	$NP \geq 1$ , without limit.  NP = 1 when the landscape contains only 1 patch of the corresponding patch type; that is, when the class consists of a single patch.
Comments	Number of patches of a particular patch type is a simple measure of the extent of subdivision or fragmentation of the patch type. Although the number of patches in a class may be fundamentally important to a number of ecological processes, often it has limited interpretive value by itself because it conveys no information about area, distribution, or density of patches. Of course, if total landscape area and class area are held constant, then number of patches conveys the same information as patch density or mean patch size and may be a useful index to interpret. Number of patches is probably most valuable, however, as the basis for computing other, more interpretable, metrics. Note that the choice of the 4-neighbor or 8-neighbor rule for delineating patches will have an impact on this metric.

## 2.2. Indice de forme de paysage de la classe X

Landscape Shape Index of class X	
$LSI = \frac{e_i}{\min e_i}$	<p><math>e_i</math> = total length of edge (or perimeter) of class i in terms of number of cell surfaces; includes all landscape boundary and background edge segments involving class i.</p> <p><math>\min e_i</math> = minimum total length of edge (or perimeter) of class i in terms of number of cell surfaces (see below).</p>
Description	<p>LSI equals the total length of edge (or perimeter) involving the corresponding class, given in number of cell surfaces, divided by the minimum length of class edge (or perimeter) possible for a maximally aggregated class, also given in number of cell surfaces, which is achieved when the class is maximally clumped into a single, compact patch. If <math>a_i</math> is the area of class i (in terms of number of cells) [note, this is equivalent to the sum of patch areas across all patches of class i] and <math>n</math> is the side of the largest integer square smaller than <math>a_i</math> (denoted <math>n</math>) and <math>m = a_i - n^2</math>, then the minimum edge or perimeter of class i, <math>\min e_i</math>, will take one of the three forms (Milne 1991, Bogaert et al. 2000):</p> <p><math>\min e_i = 4n</math>, when <math>m = 0</math>, or  <math>\min e_i = 4n + 2</math>, when <math>n^2 &lt; a_i \leq n(1+n)</math>, or  <math>\min e_i = 4n + 4</math>, when <math>a_i &gt; n(1+n)</math>.</p>
Units	None
Range	<p><math>LSI \geq 1</math>, without limit.</p> <p>LSI = 1 when the landscape consists of a single square or maximally compact (i.e., almost square) patch of the corresponding type; LSI increases without limit as the patch type becomes more disaggregated (i.e., the length of edge within the landscape of the corresponding patch type increases).</p>
Comments	<p>Landscape shape index provides a simple measure of class aggregation or clumpiness and, as such, is very similar to the Aggregation index. The differences lie in whether aggregation is measured via class edge (or perimeter) surfaces (as in LSI) or via internal like adjacencies (as in AI). Since these surface counts are inversely related to each other (i.e., holding area constant, as the perimeter count increases, the internal adjacency count must decrease, and vice versa), these metrics largely measure the same thing. Note, previous versions of FRAGSTATS used a slightly different definition of LSI; hence, the results will differ from previous runs.</p>

## Annexe 6 : Script en IDL pour découper les images sous ENVI afin de créer une image de la taille de la zone tampon pour chaque élevage ou piège (A. Tran).

```
PRO create_buffer
```

```
; Auteur : A. Tran  
; annelise.tran@cirad.fr  
; 31.03.2006
```

```
; 1- Ouvre une image (format ENVI)  
; 2- Ouvre un fichier texte avec les coordonnées géographiques de points  
; 3- Crée autant de nouveaux fichiers images de la taille du buffer que de points  
; 4- Crée un fichier texte "batch" nécessaire à Fragstat pour lancer un calcul  
; sur un grand nombre de fichiers
```

```
.....  
; INITIALISATION  
.....
```

```
; Restore the ENVI core files  
ENVI, /RESTORE_BASE_SAVE_FILES
```

```
; Initialize ENVI and send all errors to an error file.  
ENVI_BATCH_INIT, LOG_FILE = 'C:\IDL\batch.log'
```

```
; Choose the buffer size (radius in pixel)  
buffer_size = 200
```

```
.....  
; 1- Ouvre une image (format ENVI)  
.....
```

```
; let the user choose the file  
in_name=ENVI_PICKFILE(title='Entrer le fichier image - format ENVI', $  
filter='*')
```

```
; open the ENVI file  
ENVI_OPEN_FILE, in_name, r_fid=fid
```

```
; get the infos  
envi_file_query, fid, ns=ns, nl=nl, nb=nb  
map_info = envi_get_map_info(fid=fid)  
; map coordinates  
;mc = [0.5,0.5, -26,38]  
;pixel size  
;ps = [0.00892857, 0.00892857]  
LAT_UL=map_info.mc[3]  
LON_UL=map_info.mc[2]
```

```
PIXEL_SIZE=map_info.ps[0]
```

```
.....
; 2- Ouvre un fichier texte avec les coordonnées géographiques de points + identifiant
;           ID;NOM;DISTRICT;LONGITUDE;LATITUDE
.....

; ouverture du fichier ASCII
;textfile_name='F:\These\donnees\Fragstats\ln\elevages\81elevagesOVshort.txt'
; let the user choose the file
textfile_name = ENVI_PICKFILE(title='Entrer le fichier texte', filter='*.txt')
coordinates = READ_ASCII( textfile_name, COUNT=nb_records, DATA_START=1 ,
DELIMITER=';' $
, HEADER=entete)

.....
; 3- Crée autant de nouveaux fichiers images de la taille du buffer que de points
; + un fichier batch pour faire tourner fragstats
.....

; definition des limites de la zone
lim=buffer_size
lim_x=ns-buffer_size
lim_y=nl-buffer_size

; ouverture en ecriture du fichier batch
OPENW, out_unit, 'F:\These\donnees\Fragstats\ln\elevages\Elevages_Batch2km.fbt',
/GET_LUN
; style
format=(A,"",I,"999",I,"",I,"IDF_8BIT")

FOR i=0,nb_records-1 DO BEGIN
    ; à remplir : dims = [-1, xmin, xmax, ymin, ymax]
    ID=STRING(coordinates.field1[0,i])
    xpixel=FLOOR((coordinates.field1[1,i]-LON_UL)/PIXEL_SIZE)
    ypixel=FLOOR((-coordinates.field1[2,i]+LAT_UL)/PIXEL_SIZE)
    IF (xpixel GT lim) AND (xpixel LT lim_x) AND $
        (ypixel GT lim) AND (ypixel LT lim_y) THEN BEGIN
        xmin=xpixel-buffer_size +1
        xmax=xpixel+buffer_size +1
        ymin=ypixel-buffer_size +1
        ymax=ypixel+buffer_size +1
        dims = [-1, xmin, xmax, ymin, ymax]
        pos = lindgen(nb)
        ; création automatique du fichier de sortie (d'après le nom du fichier
d'entrée)
        out_name=
STRING(in_name)+'_'+STRING(buffer_size*10)+'m_'+$
```

```

                STRING(FLOOR(coordinates.field1[0,i]))
                ;out_name='F:\These\donnees\Fragstats\ln\elevages\test'
                ; subset
                ;ENVI_DOIT, 'cf_doit', $
;fid=fid, pos=pos, dims=dims, $
;remove=0, out_name=out_name, $
;r_fid=r_fid
                ENVI_OUTPUT_TO_EXTERNAL_FORMAT, /ARCVIEW,
dims=dims, fid=fid, $
                out_name=out_name, pos=pos
                ; Close the output file
                ;ENVI_FILE_MNG, ID = r_fid, /REMOVE
                ; Ecriture dans le fichier batch
                ;PRINTF, out_unit, outname, PIXEL_SIZE
                PRINTF, out_unit, FORMAT = format, STRING(out_name),
PIXEL_SIZE, buffer_size*2+1,$
                buffer_size*2+1
                ENDIF
            ENDFOR

.....
; Close the files and deallocate the units:
.....

CLOSE, /ALL
ENVI_FILE_MNG, ID = fid, /REMOVE
; Remember to exit envi
;ENVI_BATCH_EXIT
END

```

## Annexe 7 : Résultats des analyses statistiques monovariées de l'approche maladie.

Les résultats des analyses statistiques monovariées réalisées pour l'approche maladie sont présentés dans les tableaux 1, 2, 3 et 4.

### Notes explicatives sur les tableaux 1, 2, 3 et 4 :

Sens de variation\*: Les foyers sont plus nombreux dans la [classe] ou le [tertile X] (variable discrète) /OU/ il y a plus de foyers quand la variable [augmente] ou [diminue] (variable continue). Par exemple : pour l'altitude moyenne discrétisée en tertiles, pour les 3 tailles de zones tampon, les foyers sont plus nombreux dans le 2<sup>e</sup> tertile.

T1, T2, T3 : tertiles 1, 2, et 3

cl. : classes

tert. : tertiles

Choix du codage final de la variable\*\* : pour l'analyse multivariée, la variable est conservée soit sous sa forme quantitative (continue), soit sous sa forme discrète. (cf. chapitre 6, partie 2.1)

\*\*\* : Le risque est strictement croissant ou décroissant entre les tertiles, ce qui rend possible la conservation de la variable sous forme quantitative continue (plutôt que sous forme discrète) (cf. chapitre 6, partie 2.1.)

Non incluse<sup>o</sup>: Deux variables (« Bassins versants » et « % marais ») n'ont pas été incluses alors qu'elles étaient significatives pour des raisons d'effectifs. La variable « Bassins versants », codée en 8 classes, présentait 2 classes avec seulement 2 élevages. De même, la variable « % marais » n'a pas été conservée car seuls 3 élevages sur 80 sont situés à proximité de marais.

	Variable non significative ( <b>seuil p=0,15</b> )
	Variable non retenue car redondante
	Variable non incluse

Les variables « non retenues car redondantes » sont des variables paysagères à l'échelle classe (relatives au marais, à la pinède et à l'eau). Elles sont codées en deux classes, ce qui revient à coder la variable en présence / absence de la classe considérée et qui les rend donc redondantes avec les variables de pourcentage d'occupation du sol.

Tableau 1 : Analyses statistiques monovariées de l'approche maladie – partie 1 : caractéristiques d'élevages et altimétriques

Catégorie de variable	Classes de variables	Variables	Codage de la variable	Taille de la zone tampon						Choix de codage final**
				500 m		1 km		2 km		
				p	sens de variation*	p	sens de variation*	p	sens de variation*	
Caractéristiques propres de l'élevage	Longitude	X	discret, tert.	0,086		T2, T3		discret		
			continu							
	Latitude	Y	discret, tert.	0,001		T1***		continu		
			continu	0,000	diminue					
	Distance Littoral	Distance Littoral	discret, tert.							
			continu							
Distance mer suivant cours hydrographiques	DMerHydro	discret, tert.								
		continu								
Mixité	Mixité	discret, 2 cl.	0,038		mixte		discret			
Altimétrie	Altitude	Altitude moyenne	discret, tert.	0,028	T2	0,002	T2	0,002	T2	discret
			continu							
	Ensoleillement	Ensoleillement moyen	discret, tert.							continu
			continu	0,124	diminue					
	Pente	Pente moyenne	discret, tert.	0,105	T2	0,057	T1, T2	0,096	T1, T2***	discret
			continu			0,102	diminue	0,096	diminue	
	Orientation	Orientation majoritaire	discret, 3 cl.							
Réseau hydrographique	Longueur du réseau	discret, tert.	0,115	T1, T3					discret	
		continu								
Bassins versants	Bassins versants	discret, 8cl.	0,000		/		non incluse <sup>o</sup>			

Tableau 2 : Analyses statistiques monovariées de l'approche maladie – partie 2 :  
caractéristiques de la végétation et de l'occupation du sol

Catégorie	Classes de variables	Variables	Codage de la variable	Taille de la zone tampon						Choix de codage final**
				500 m		1 km		2 km		
				p	sens de variation*	p	sens de variation*	p	sens de variation*	
Végétation et occupation du sol	NDVI	NDVI minimum	discret, tert.	0,049	T1, T2	0,049	T1, T2	0,137	T1, T2	discret
			continu	0,092	diminue	0,092	diminue			
		NDVI moyen	discret, tert.					0,096	T1, T2***	continu
			continu	0,026	diminue	0,026	diminue	0,036	diminue	
		NDVI maximal	discret, tert.	0,080	T1***	0,080	T1***			continu
			continu	0,039	diminue	0,039	diminue	0,039	diminue	
	Classes d'occupation du sol	% Maquis, garrigue et forêt	discret, tert.					0,028	T2	discret
			continu							
		% Pinède	discret, 2 cl.							
			continu							
		% Prairie arborée	discret, 2 cl.	0,003	T1, T3					discret
			continu							
		% Prairie ouverte	discret, tert.	0,044	T2					discret
			continu							
		% Végétation arbustive rase	discret, 2/3 cl.			0,000	présence	0,008	T2, T3***	discret
			continu			0,008	augmente	0,005	augmente	
		% Cultures	discret, 2/3 cl.			0,049	T1, T3			discret
			continu							
		% Zone non végétalisée	discret, tert.	0,096	T2, T3***			0,086	T2, T3	discret
			continu	0,122	augmente	0,125	augmente	0,078	augmente	
% Marais	discret, 2 cl.	0,073	absence			0,014	absence	non incluse°		
	continu	0,041	diminue			0,011	diminue			
% Eau	discret, 2/3 cl.									
	continu									

Tableau 3 : Analyses statistiques monovariées de l'approche maladie - partie 3 : variables paysagères à l'échelle de la zone tampon

Echelle	Variables	Nom	Codage de la variable	Taille de la zone tampon						choix codage final**
				500 m		1 km		2km		
				p	sens de variation*	p	sens de variation*	p	sens de variation*	
Zone tampon	Patch Density	PD	discret, tert.	0,054	T3***	0,048	T2, T3	0,001	T2, T3	discret
			continu	0,007	augmente	0,039	augmente	0,007	augmente	
	Landscape Shape Index	LSI	discret, tert.	0,093	T3	0,142	T3	0,029	T2, T3***	discret
			continu			0,083	augmente	0,022	augmente	
	Mean Euclidian Nearest Neighbour Distance	ENN_MN	discret, tert.	0,031	T1, T3					discret
			continu							
	Connectance Index	CONNECT	discret, tert.							discret
			continu					0,090	diminue	
	Patch Richness Density	PRD	discret, 2/3 cl.	0,018	T2, T3					discret
			continu			0,148	augmente			
	Simpson's Diversity Index	SIDI	discret, tert.	0,096	T2, T3***			0,044	T2	discret
			continu	0,109	augmente	0,041	augmente	0,129	augmente	

Tableau 4 : Analyses statistiques monovariées de l'approche maladie - partie 4 : variables paysagères à l'échelle de la classe

Echelle	Variables	Nom	Codage de la variable	Taille de la zone tampon						choix codage final**		
				500 m		1 km		2km				
				p	sens de variation*	p	sens de variation*	p	sens de variation*			
Classe	Nombre d'entités	maquis garrigue forêt	MGF_NP	discret, tert.					0,107	T2, T3***	continu	
				continu					0,036	augmente		
		pinède	PIN_NP	discret, 2 cl.								
				continu								
		prairie arborée	PAR_NP	discret, tert.								
				continu								
		prairie ouverte	PRA_NP	discret, tert.	0,084	T3***				0,056	T2, T3***	continu
				continu	0,063	augmente				0,025	augmente	
		végétation arbustive rase	VAR_NP	discret, tert.						0,125	T2, T3	discret
				continu						0,028	augmente	
		zones cultivées	ZC_NP	discret, 2/3 cl.								
				continu								
		zone non végétalisée	ZNV_NP	discret, tert.	0,047	T2, T3				0,064	T2	discret
				continu	0,053	augmente	0,014	augmente	0,096	augmente		
		marais	MAR_NP	discret, 2 cl.								
				continu								
		eau	EAU_NP	discret, 2 cl.								
				continu								
	Landscape Shape Index	maquis garrigue forêt	MGF_LSI	discret, tert.			0,096	T2, T3***			discret	
				continu			0,117	augmente				
		pinède	PIN_LSI	discret, 2 cl.								
				continu								
		prairie arborée	PAR_LSI	discret, tert.								
				continu								
		Prairie ouverte	PRA_LSI	discret, tert.	0,078	T2, T3***	0,031	T1, T3				discret
				continu	0,021	augmente						
		végétation arbustive rase	VAR_LSI	discret, 2/3 cl.						0,029	T2, T3***	continu
				continu						0,011	augmente	
zones cultivées		ZC_LSI	discret, 2/3 cl.									
			continu									
zone non végétalisée		ZNV_LSI	discret, tert.			0,029	T2, T3***	0,020	T2, T3***		continu	
			continu	0,041	augmente	0,008	augmente	0,004	augmente			
marais		MAR_LSI	discret, 2 cl.									
			continu									
eau		EAU_LSI	discret, 2/3 cl.						0,113	T2	discret	
			continu									

## Annexe 8 : Résultats des analyses statistiques multivariées de l'approche maladie.

Tableau 1 : Analyses statistiques multivariées de l'approche maladie

Variables retenues lors des analyses monovariées				Taille de la zone tampon			
				500 m	1 km	2 km	
<b>Groupe 1 : Caractéristiques des élevages</b>	Longitude	Longitude	T_X	X	X	X	
	Latitude	Latitude (continu)	Y				
	Mixité	Mixité	MIXITE				
<b>Groupe 2 : Altimétrie, hydrographie et NDVI</b>	Altitude	Altitude moyenne	T_ALT	X			
	Ensoleillement	Ensoleillement moyen (continu)	SOLEIL	X			
	Pente	Pente moyenne	T_PENTE	X	X	X	
	Réseau hydrographique	Longueur du réseau	T_LHYDRO	X	X	X	
	NDVI	NDVI minimum	T_NDVImin	X	X	X	
		NDVI moyen (continu)	NDVI moy		X	X	
		NDVI maximal (continu)	NDVI max	X	X	X	
<b>Groupe 3 : Occupation du sol</b>	Pourcentage de surface occupée par chaque classe	% Maquis, garrigue et forêt	T_MGF	X	X	X	
		% Prairie arborée	T_PAR		X	X	
		% Prairie ouverte	T_PRA		X	X	
		% Végétation arbustive rase	T_VAR	X			
		% Cultures	T_CULT	X	X	X	
		% Zone non végétalisée	T_ZNV	X	X	X	
<b>Groupe 4 : Variables paysagères - échelle zone tampon</b>	Patch density		T_PD	X			
	Landscape shape index		T_LSI	X	X	X	
	mean Euclidian Nearest Neighbour distance		T_ENN_MN		X	X	
	Connectance Index		T_CONNECT	X	X	X	
	Patch Richness Density		T_PRD		X	X	
	Simpson's Diversity Index		T_SIDI	X	X	X	
<b>Variables paysagères - échelle classe</b>	<b>Groupe 5 : Nombre d'entités (NP)</b>	NP maquis, garrigue et forêt (continu)	MGF_NP	X	X	X	
		NP prairie ouverte (continu)	PRA_NP				
		NP végétation arbustive rase	T_VAR_NP			X	
		NP zones non végétalisée	T_ZNV_NP		X		
	<b>Groupe 6 : Landscape Shape Index LSI</b>	LSI maquis, garrigue et forêt		T_MGF_LSI	X		X
		LSI prairie ouverte		T_PRA_LSI			X
		LSI végétation arbustive rase (continu)		VAR_LSI			X
		LSI zones non végétalisée (continu)		ZNV_LSI			
		LSI eau		T_EAU_LSI			X

	variable continue
	variable discrétisée (tertiles)
	variable non proposée pour cette taille de zone tampon
	variable significative (p=0,1) par groupe
X	Variable non significative par groupe

Les variables retenues lors des analyses monovariées sont testées pour chacun des 6 groupes. Les variables significatives au niveau de chaque groupe (en vert dans le tableau) sont ensuite testées ensemble (par exemple, pour une taille de zone tampon de 500 m, 11 variables sont testées). Les résultats des analyses tous groupes confondus sont détaillés dans le corps du texte (chapitre 6, partie 2.2.2. tableau 17). Les variables T\_VAR\_NP, VAR\_LSI, et T\_EAU\_LSI ne sont pas proposées pour les zones tampon de 500 m et 1 km car elles sont redondantes avec les variables des mêmes classes exprimées en pourcentage d'occupation du sol.

Une analyse de sensibilité a été effectuée afin de vérifier si le choix des groupes thématiques avait une influence sur les résultats. Douze groupes ont été créés en découpant les groupes 3 (occupation du sol), 5 (nombre d'entités) et 6 (indice de forme du paysage, LSI) par type d'occupation du sol. Par exemple le groupe « maquis, garrigue et forêt » regroupait les variables relatives au pourcentage de surface, au nombre d'entités et au LSI pour cette classe. Les résultats finaux (analyses tous groupes confondus) sont identiques à ceux obtenus avec le découpage en 6 groupes, sauf pour une taille de zone tampon de 2 km où une variable significative supplémentaire (T\_PRA\_LSI : tertiles de LSI de prairies ouverte) est incluse dans le modèle final.

## Annexe 9 : Autocorrélation spatiale des résidus des modèles issus de l'approche maladie.

Tableau 1 : Variogrammes des résidus du modèle issu de l'approche maladie établis avec une zone tampon de 500 m

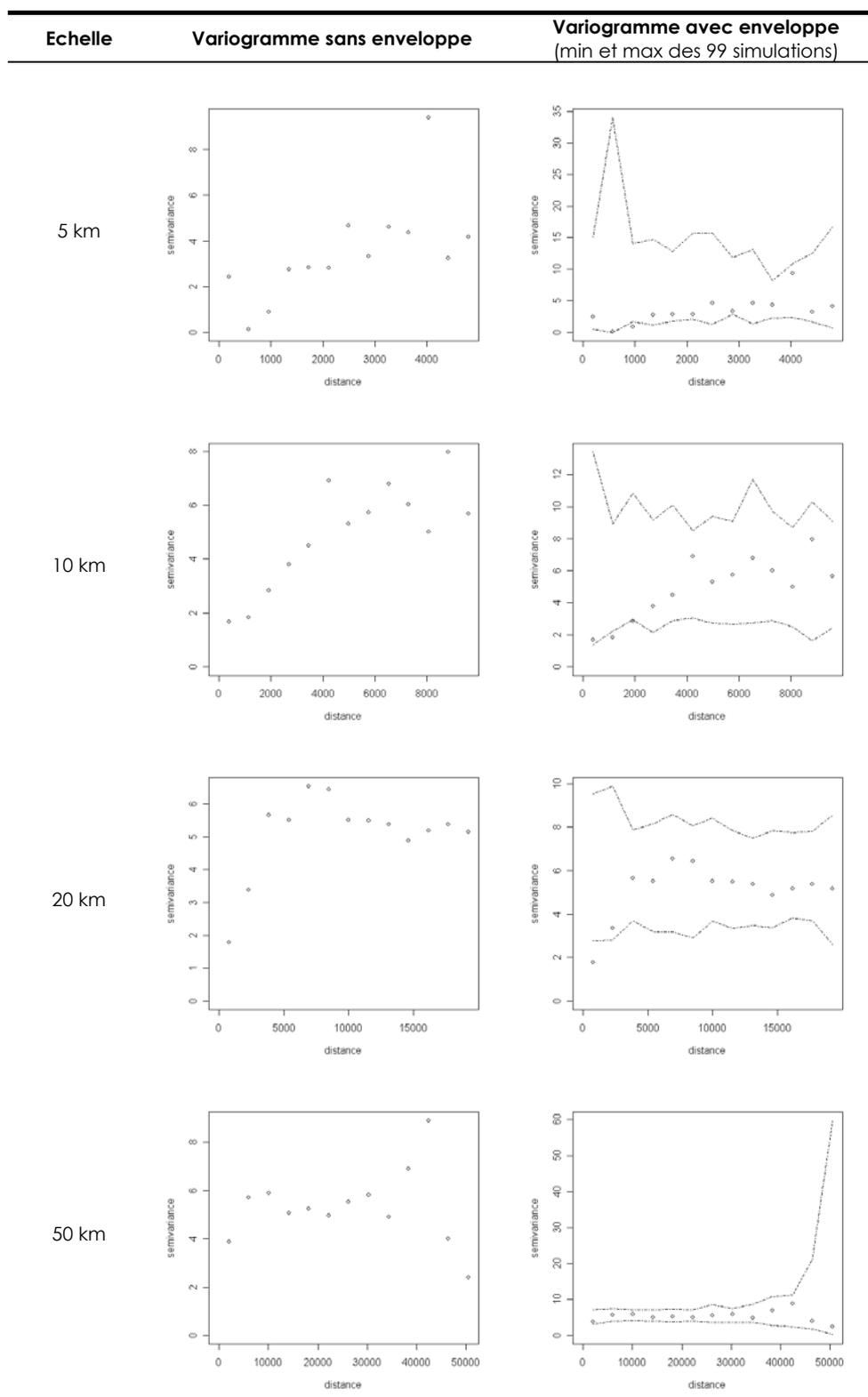


Tableau 2 : Variogrammes des résidus du modèle issus de l'approche maladie établis avec une zone tampon de 1 km

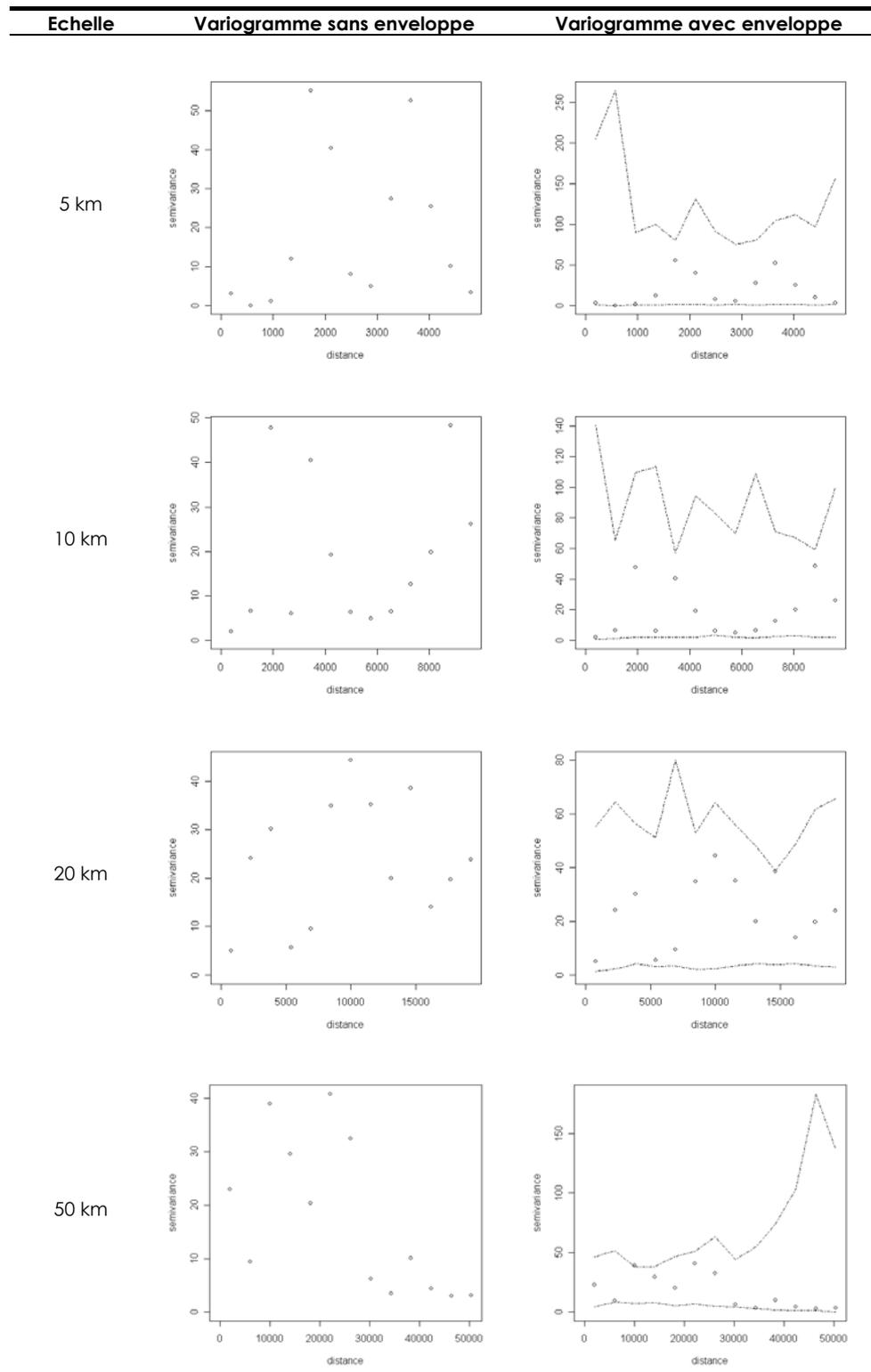
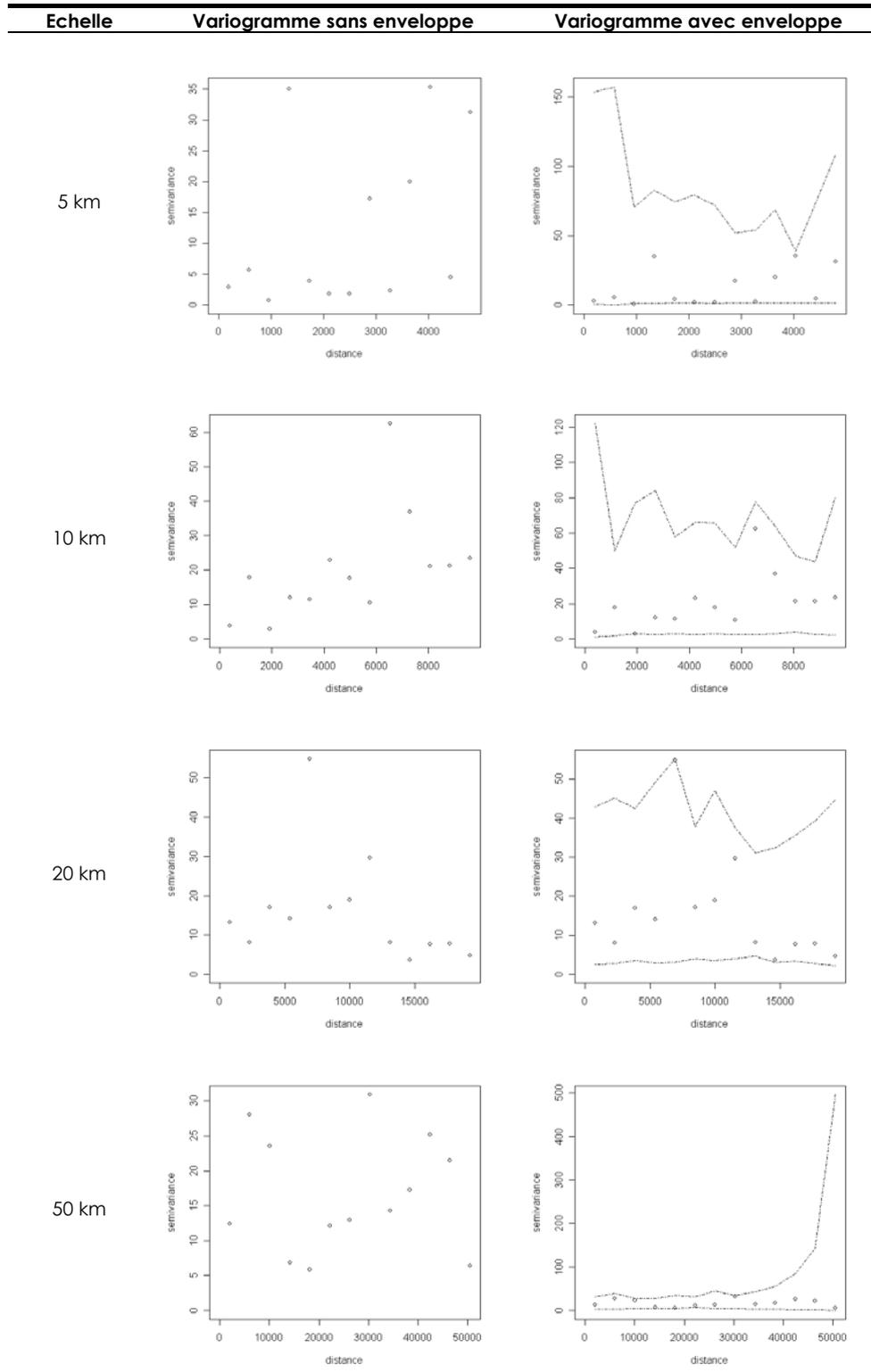


Tableau 3 : Variogrammes des résidus du modèle issus de l'approche maladie établis avec une zone tampon de 2 km

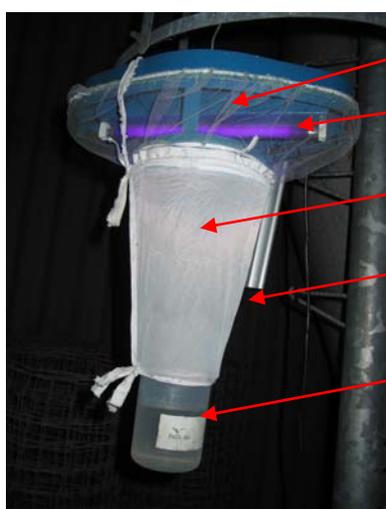


## Annexe 10 : Fiche descriptive du piège lumineux à insectes OVI.

### Usage :

Ce piège permet de capturer des insectes la nuit. Il fonctionne notamment pour les insectes du genre *Culicoides*.

### Photo du piège :



Tissu à larges mailles

Tube lumineux (néon)

Petit ventilateur (à l'intérieur du cône en tissu)

Cône en tissu de type moustiquaire

Pot en plastique

Dimensions : 20cm x 38cm x 15cm

Poids : <5kg

Photo Thierry Baldet

### Principe et éléments constituant le piège :

#### 1. Le tube lumineux

Cette partie est composée d'un tube néon fluorescent (lumière noire) de 8 Watts et 240 Volts. Il mesure 30 cm. Le tube est accroché sous un « chapeau » métallique bleu. La lumière noire permet d'attirer les insectes la nuit. Un tissu à larges mailles permet de ne piéger que les petits insectes (les gros insectes tels que les papillons sont bloqués par les mailles).

#### 2. Ventilateur

Cette partie est constituée d'un petit ventilateur (12cm x 12cm) qui tourne doucement grâce à un petit moteur électrique (220 Volts). Il permet d'aspirer doucement les insectes attirés par la lumière vers le pot en plastique.

### 3. Cône en tissu

Cette partie est constituée de tissu de type moustiquaire (à mailles très fines) qui empêche les insectes attirés de s'échapper du piège. Les insectes se trouvant dans le cône finissent par tomber au fond du pot de plastique, le ventilateur les empêchant de ressortir.

### 4. Pot en plastique

Cette partie est constituée d'un pot en plastique permettant de recueillir les insectes.

### **Méthode de piégeage :**

Les pièges sont mis en route en début de soirée. Le pot est alors rempli d'eau à laquelle est ajoutée quelques gouttes de savon afin que les insectes tombés dans le pot se noient (sans savon beaucoup d'insectes restent à la surface de l'eau et ne se noient pas). Le lendemain matin, les insectes piégés sont transvasés dans des pots remplis d'alcool (pour qu'ils se conservent).

### **Fonctionnement :**

Ce piège est construit pour fonctionner sur secteur (220 V) ou sur batterie (12 V).

### **Fabrication :**

Ce piège est conçu et fabriqué en Afrique du Sud. Il est commercialisé par le laboratoire ARC- Onderstepoort Veterinary Institute.

## Etude de l'environnement favorable aux moucheron vecteurs de la fièvre catarrhale ovine (bluetongue) en Corse

La fièvre catarrhale ovine (bluetongue) est une maladie virale des moutons transmise par un petit moucheron : *Culicoides imicola*. Ce moucheron, d'origine africaine, est arrivé en Corse en 2000, entraînant des foyers de fièvre catarrhale ovine (2000 et 2001 : sérotype 2, 2003 : sérotype 4, 2004 : sérotype 16).

La maladie se manifeste cliniquement chez les moutons : fièvre, oedèmes, salivation, jetage, anorexie, boiteries, avortements, et peut entraîner la mort 10 à 12 jours après le début des symptômes. Chez les autres ruminants (caprins et bovins), l'infection passe en général inaperçue (pas de symptômes cliniques).



2 mm

*Culicoides imicola*  
(photo B. Mathieu)

### OBJECTIFS DE L'ETUDE :

Cette étude vise à caractériser **les conditions environnementales propices au développement et à la multiplication du moucheron**. Il s'agit de rechercher et décrire les zones qui sont favorables au moucheron (zones à risque) et celles qui, au contraire, lui sont défavorables.

L'objectif plus général de ce travail de recherche est de mieux comprendre la biologie et l'écologie de *Culicoides imicola*. La Corse représente en effet un terrain d'étude particulièrement intéressant car le moucheron est présent du sud au nord de l'île **sans toutefois que la maladie n'atteigne tous les élevages**. Nous pensons donc qu'il existe des milieux qui sont plus ou moins favorables au moucheron, et cette étude devrait permettre de mieux les caractériser.

### METHODE DE L'ETUDE :

Cette étude est menée par le CIRAD-EMVT<sup>108</sup> en collaboration avec l'EID<sup>109</sup> et les Universités de Strasbourg (Louis Pasteur) et de Franche-Comté et avec accord de la Direction Départementale des Services Vétérinaires de Corse du Sud (DDSV-2A).

**Elle aura lieu en Corse du Sud du 16 au 25 juin 2005 et consiste à capturer des *Culicoides* dans une centaine d'élevages ovins présents dans des milieux variés.** Pour cela, des pièges lumineux UV sont utilisés. Ils sont posés à la tombée de la nuit à proximité des moutons, et relevés le lendemain matin.



Piège UV  
(Photo T. Baldet)

**Nous avons besoin de votre collaboration pour mener à bien ce travail.** En espérant que vous accepterez que nous posions un piège pour une nuit dans votre élevage,

L'équipe bluetongue,

Bruno Mathieu, Jean-Claude Delécolle, Thierry Baldet et Hélène Guis

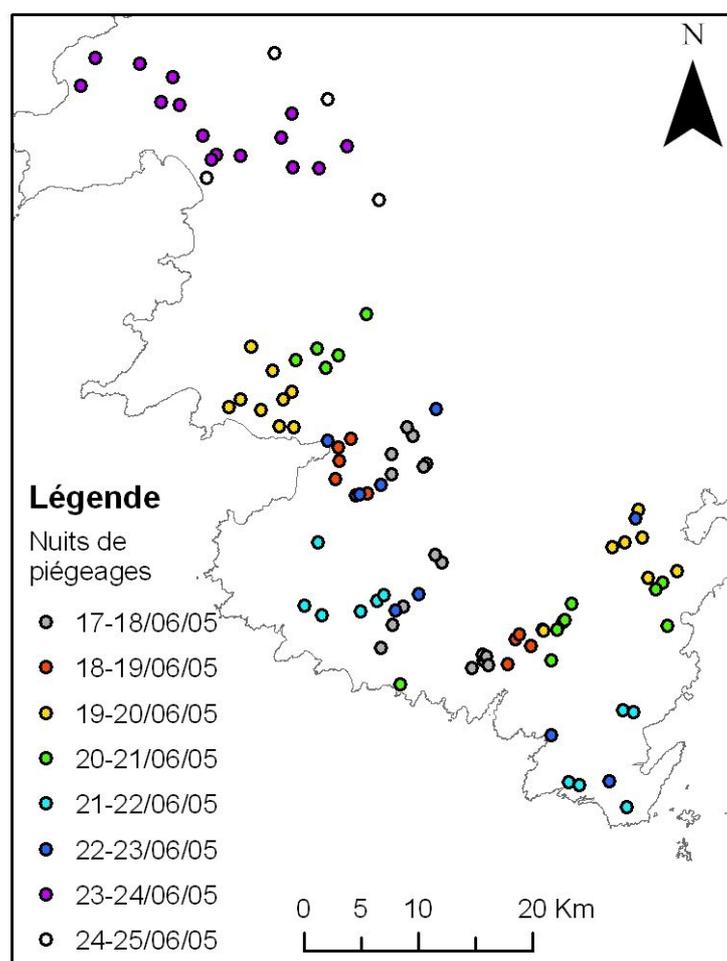
<sup>108</sup> Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement, département élevage et médecine vétérinaire, Montpellier

<sup>109</sup> EID : Entente Interdépartementale de Démoustication Méditerranée

## Annexe 12 : Répartition des 96 sites de piégeages selon les nuits (campagne principale, juin 2005).

Les 96 pièges ont été posés par les deux équipes dans une zone géographique différente chaque nuit (la figure 1 montre les deux groupes de pièges posés chaque nuit).

Figure 1 : Sites de piégeages en fonction des nuits (campagne de piégeage de juin 2005)



## Annexe 13 : Fiches de piégeages.

### Fiche piégeage élevage

Site n° : .....

ID élevage : .....

Equipe : **B / H / JC / T**

**Campagne principale / Ajaccio**

Points GPS			
N°	X (m) (Long)	Y(m) (Lat)	Z altitude (m)

N° photos : .....

N° vidéo : .....

Question préliminaire : Avez-vous traité les animaux avec un produit insecticide ? **Oui / Non**

Si oui : - avec quel produit :

- quand :

- durée de rémanence du produit :

(même question pour le traitement des fumiers)

#### Elevage

Nom	
Prénom	
ID élevage	
Commune	
Lieu-dit	
Type	extensif / intensif
Animaux sur place depuis	
abreuvement	
Gestion fumier	

#### Animaux

Espèces	OV	BV	CP	EQ	PC	autres
Nb (sur place)						
Race ovin						

Profil paysager

#### Pose du piège

N° piège	
Lieu de pose	pâturage / bergerie/
Date pose	/06/2005
Heure pose	
Météo - pluie	Oui / Non
Météo - vent	nul / faible/ moyen / fort
Rq :	

#### Relève du piège

Piège fonctionne	oui / non / doute
Date relève	/06/2005
Heure relève	
Météo : pluie	Oui / Non
Météo : vent	nul / faible/ moyen / fort
Rq :	

Remarques :

## Fiche piégeage HORS élevage – Campagne Principale

Site n° : .....

Equipe : **B / H / JC / T**

**Campagne principale**

Points GPS			
Nb			
N°	X (m) (Long)	Y(m) (Lat)	Z altitude (m)

N° photos : .....

N° vidéo : .....

### Description du site

	Site
Commune	
Lieu-dit	
Lieu (/route..)	
Rq :	

Profil paysager

Description du paysage : .....  
 .....  
 .....  
 .....  
 .....

### Pose du piège

N° piège	
Date pose	/06/2005
Heure pose	
Météo - pluie	Oui / Non
Météo – vent	nul / faible/ moyen / fort
Lieu de pose	
Rq :	

### Relève du piège

Piège fonctionne	oui / non / doute
Date relève	/06/2005
Heure relève	
Météo : pluie	Oui / Non
Météo : vent	nul / faible/ moyen / fort
Rq :	

Remarques :

## Annexe 14 : Analyse des conditions météorologiques pendant la campagne de piégeages de juin 2005.

### 1. Données météorologiques

Pendant la campagne de piégeage de juin 2005, aucun événement météorologique de nature à perturber fortement les piégeages (orage, vent fort, chute des températures...) n'a été constaté sur le terrain. Afin de vérifier si les conditions météorologiques étaient stables et compatibles avec l'activité du vecteur tout au long de la campagne de piégeage, trois types de variables ont été recueillies auprès de Météo France pour la période du 17 au 25 juin 2005 :

- la hauteur des précipitations quotidiennes (en mm, notée RR),
- les températures minimales, maximales et moyennes quotidiennes sous abri (en °C, notée Tn, Tx et Tm respectivement),
- la moyenne quotidienne des vitesses du vent à 10 m (en m/s, notée FFM).

Les données de pluviométrie ont pu être obtenues pour 7 stations de Corse du Sud, celles relatives à la température minimale et maximale pour 6 stations et celles relatives à la température moyenne et au vent pour 5 stations (tableau 1). Une quatrième variable, le cycle lunaire a également été pris en compte.

Tableau 1 : Liste des stations météorologiques de Corse du Sud

Stations météorologiques			
Nom du poste	Longitude (m)	Latitude (m)	Altitude (m)
Ajaccio	535 823	4178444	4
Cap Perfusato	571 946	4120734	109
Figari	564 226	4135160	22
Pila-Candale	545 377	4167850	408
La Chiappa*	584 979	4145939	62
Propriano Ville°	546 281	4152509	6
Sartène	552 862	4150234	60

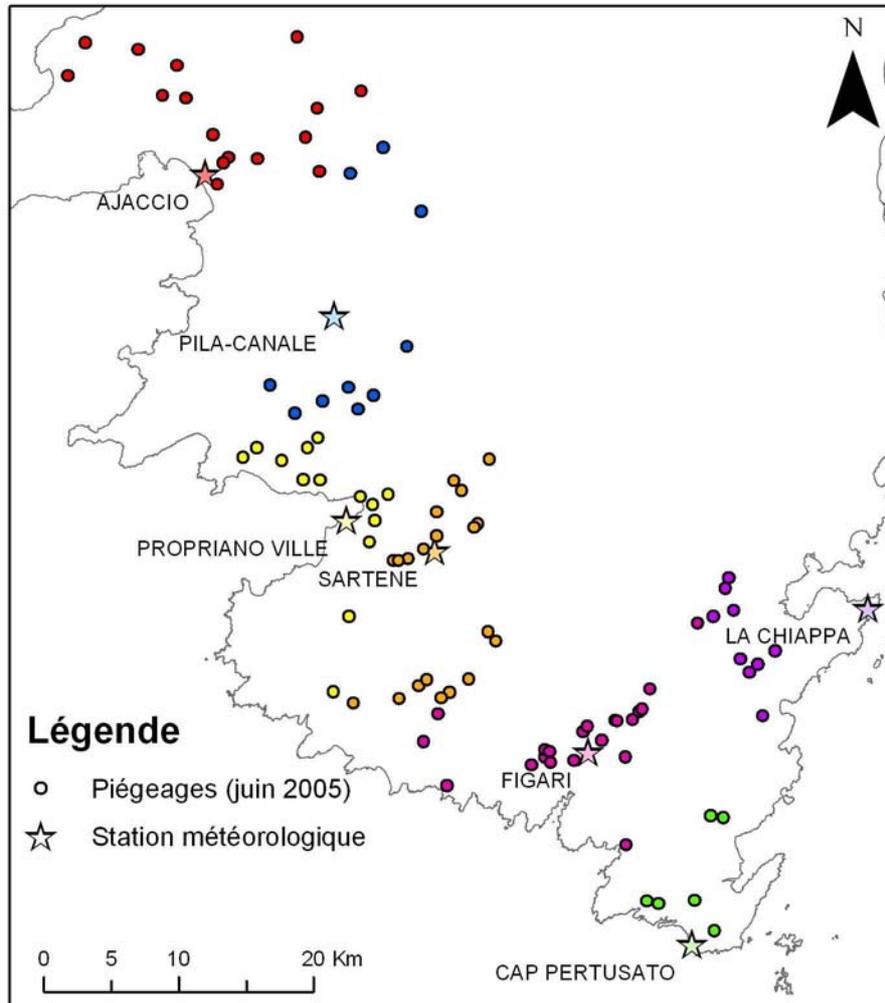
\*données sur la température moyenne et le vent et non disponibles ;

°données sur la température et le vent non disponibles

Chacun des 96 pièges, posés au sein et en dehors des élevages et ayant fonctionné correctement, a été associé à la station la plus proche (figure 1). La distance minimale entre un piège et une station était de 816 m, la distance maximale de 13 249 m pour les 7 stations

recueillant la précipitation (distance moyenne 6 660 m) et de 16 386 m pour les 5 stations recueillant le vent (distance moyenne de 7 426 m).

Figure 1 : Association entre les pièges et les stations météorologiques



## 2. Définition des couples date/station

Les données météorologiques étaient disponibles par jour, alors que les piégeages étaient réalisés la nuit, c'est-à-dire à cheval sur 2 jours. Ainsi, pour chaque piégeage, les données pertinentes correspondent à celles du jour de pose et du jour de relève du piège (le lendemain de la pose). Pour toutes les variables et pour chaque piégeage, ces deux données (j-1 et j+1) ont été conservées. Pour chaque station, seules les données correspondant aux jours précédant et suivant les nuits pendant lesquelles un piégeage avait été réalisé dans le voisinage ont été sélectionnées (les données correspondant aux nuits où aucun piégeage n'avait été effectué dans le voisinage d'une station ont donc été éliminées). Ainsi 36 couples date/station ont été

obtenus pour les données relatives à la pluviométrie (7 stations) (tableau 2), 30 pour celles relatives à la température minimale et maximale (6 stations) et 25 pour celles relatives au vent et à la température moyenne (5 stations). (NB : la nuit 17-18/06/05 correspond à la nuit du 17 au 18 juin 2005).

Tableau 2 : Nombre de sites de piégeage associés aux couples date/station pour la hauteur des précipitations quotidiennes (7 stations)

Nombre de sites associés aux dates/stations	Nuits								Nb. de sites par station
	17-18 /06/05	18-19 /06/05	19-20 /06/05	20-21 /06/05	21-22 /06/05	22-23 /06/05	23-24 /06/05	24-25 /06/05	
Ajaccio							13	3	16
Cap Pertusato					5	1			6
Figari	7	5	3	5		1			21
La Chiappa			5	3		1			9
Pila-Canale			2	5			2	1	10
Propriano ville		4	7		2	1			14
Sartène	9	1			4	6			20
Total nb. de sites par nuit	16	10	17	13	11	10	15	4	96

■ : couple date/station (n = 36)

### 3. Analyse descriptive des données

Les couples date/station n'ont pas été comparés de façon statistique entre eux. Initialement, il avait été prévu de comparer pour chaque variable météorologique l'effet de la station et de la nuit. En effet, si d'éventuelles différences statistiques étaient observées, elles auraient pu être liées aux différences dans l'implantation des stations (par exemple leur altitude varie de 4 à 408 mètres) ou bien à un effet nuit (ce dernier aurait pu biaiser les résultats des piégeages). Mais compte tenu des faibles effectifs, cette analyse n'a pas été effectuée (pour la température minimale par exemple, cela aurait impliqué d'analyser 30 valeurs associées aux couples date/station en fonction de 6 stations et de 8 nuits, soit moins de cinq individus par classe). De plus, la température ou le vent au niveau d'une station ne peuvent pas directement être interpolés au niveau des sites de piégeages, et donc ne reflètent pas les conditions locales au niveau du piège. Enfin, notre hypothèse de travail principale considère que les d'indicateurs globaux dérivés d'images satellitaires à haute résolution reflètent les conditions météorologiques locales qui peuvent influencer les densités de

*Culicoides*. L'objectif était donc uniquement de vérifier que les conditions météorologiques étaient globalement stables pendant toute la campagne de capture.

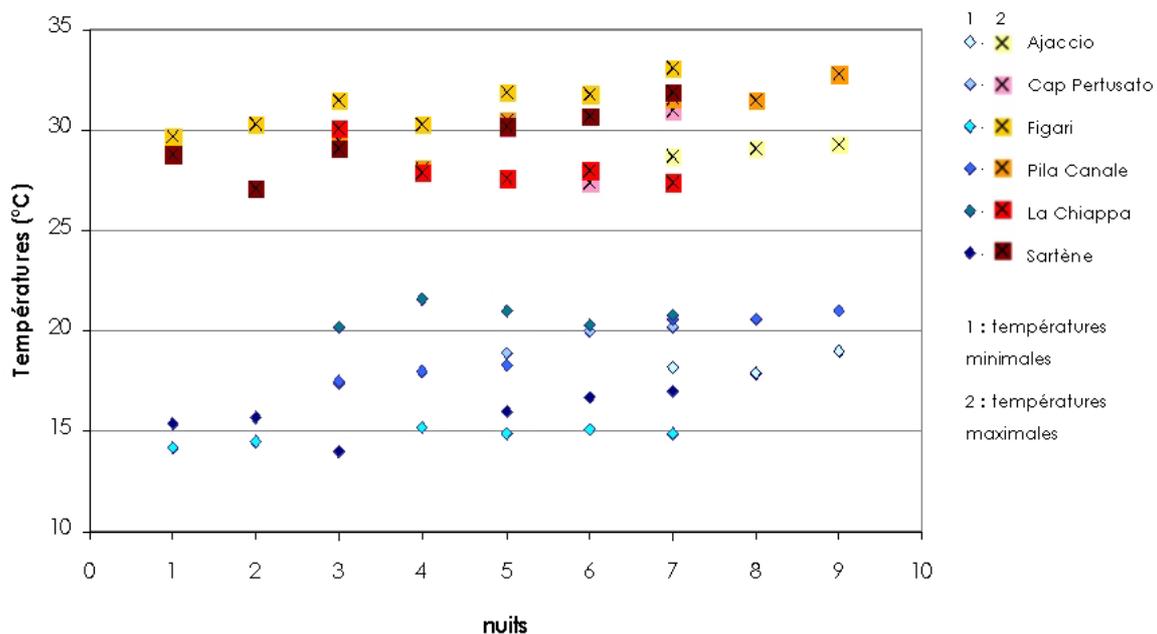
### 3.1. Pluviométrie

La période des piégeages a été marquée par une quasi absence de pluie : sur les 36 couples date/station, seuls 2 couples ont reçu 0,2 mm de pluie (Pila-Canale le 20/06/05 et Cap Pertusato le 21/06/05, soit au total 12 piégeages potentiellement concernés). Ces pluies, très faibles, n'ont vraisemblablement pas eu d'effets sur les captures.

### 3.2. Températures

Sur les 10 nuits de piégeage, la température minimale (très vraisemblablement mesurée la nuit) variait entre 14,0 et 21,6°C, la température maximale (très vraisemblablement mesurée de jour) entre 27,1 et 32,1°C (figure 2), et la température moyenne entre 22,2 et 27,0°C.

Figure 2 : Température minimales et maximales pour les couples date/station



D'après Sellers et Mellor<sup>110</sup> (1993), les températures compatibles avec l'activité de *C. imicola*, *C. variipennis* et *C. brevitarsis* seraient comprises entre 12,6 et 32 °C, avec un maximum d'activité entre 18 et 29 °C. Analysant des données de piégeage de *C. imicola* au

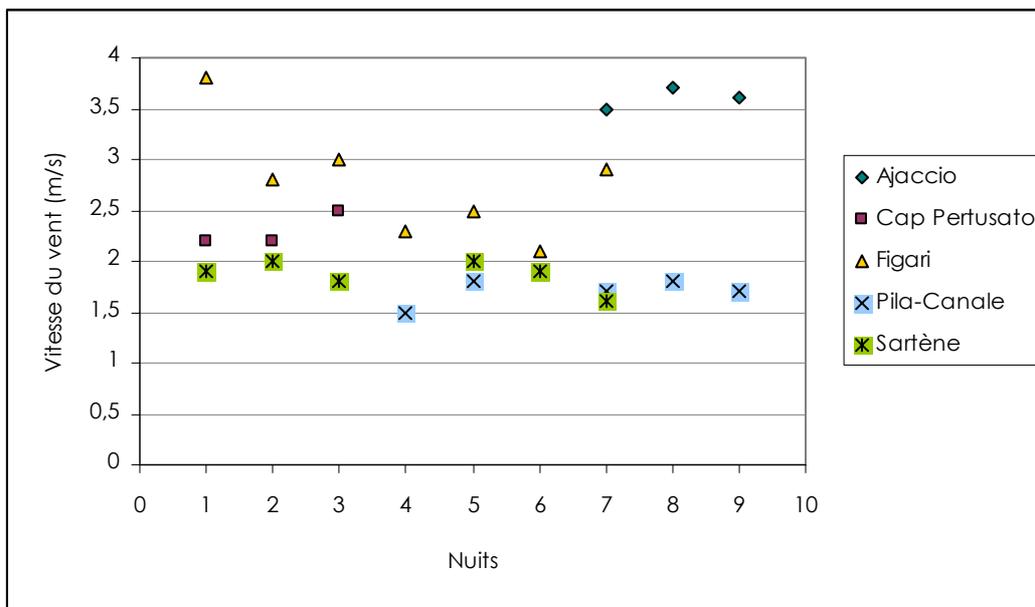
<sup>110</sup> Sellers, R. F. et Mellor, P. S. (1993). Temperature and the persistence of viruses in *Culicoides* spp. during adverse conditions. Rev Sci Tech 12 (3) 733-55.

Kenya, Walker<sup>111</sup> (1977) ne considère un piégeage comme valide que si, entre autres, la température pendant au moins la moitié de la capture était supérieure à 10 °C. Durant toute la période de capture, les conditions de température pendant la nuit ne semblent donc pas avoir été limitantes pour l'activité du vecteur. On note cependant que les deux premières nuits (17-18 et 18-19 juin) à Sartène et Figari semblent avoir été plus fraîches que les suivantes. Ceci ne semble pas avoir eu une influence négative sur les densités de *C. imicola* capturés puisque c'est à cette période et à Figari que les densités maximales (de *C. imicola*) ont été piégées.

### 3.3. Vitesse du vent

Les moyennes quotidiennes des vitesses du vent à 10 m variaient entre 1,5 et 3,8 m/s, et étaient supérieures à 3 m/s pour 5 couples date/station (Ajaccio et Figari) (figure 3).

Figure 3 : Vitesse du vent pour les couples date/station



L'effet du vent sur le piégeage n'est pas connu de façon assez précise pour déterminer un seuil au delà duquel l'activité est inhibée. Walker (1977) décrit au Kenya une suppression de l'activité de *C. imicola* pour un vent de vitesse supérieure à 3 m/s (vraisemblablement mesuré à hauteur d'homme, bien que cela ne soit pas spécifié) avec des pièges à suction (peut-être

<sup>111</sup> Walker A.R. (1977). Seasonal fluctuations of *Culicoides* species (Diptera: Ceratopogonidae) in Kenya. Bull ent Res **69** 217-233. Pour l'analyse d'une autre série de piégeages, Walker ne garde que ceux qui respectent les conditions suivantes :

- vitesse du vent < 2,5m/s
- température > 10 °C pour au moins ½ période de piégeage (avec une température mesurée toute les 30 minutes)
- pas de pluie mise à part de légères averses (« no rain other than a light shower »)
- moins d'une demi-lune visible.

plus sensibles au vent), sans tenir compte des autres facteurs météorologiques. Blackwell<sup>112</sup> (1997) montre que pour *C. impunctatus* en Écosse, le nombre de femelles capturées (femelles pares et total des femelles) et la vitesse du vent sont négativement corrélés (-0,162,  $p < 0.001$  et -0,143  $p = 0.001$  pour chaque catégorie de femelles respectivement), mais que ce lien n'est plus significatif lorsque l'on tient compte de la luminosité, de la température, de la pluviométrie et de l'humidité relative. Les corrélations partielles entre niveau de capture et ces facteurs sont alors significatives, selon les catégories de femelles, pour la luminosité, et/ou la température et/ou l'humidité relative. Pendant notre campagne, le vent a été mesuré à plusieurs kilomètres des piégeages, les données étaient disponibles sous forme de valeur moyenne quotidienne, et donc ces données ne reflètent pas nécessairement les conditions locales la nuit du piégeage. Il est intéressant de noter que *C. imicola* a quand même été capturé au cours de la campagne de piégeages avec des vents moyens supérieurs à 3m/s, aussi soit le vent avait faibli pendant la nuit, soit *C. imicola* est encore actif avec un vent de cette vitesse (mesuré à 10 m de hauteur), soit les conditions au niveau piège différaient des conditions mesurées aux stations. Compte tenu du manque de connaissances précises sur le sujet et des biais potentiels (temporel, spatial, de mesure), il a été décidé de n'éliminer aucune date/station sur ce critère.

### 3.4. Luminosité liée au cycle lunaire

Pendant la campagne de piégeage, le 22 juin correspondait au jour de pleine lune. La phase du cycle lunaire est considérée comme une variable pouvant avoir une influence sur la capture de certaines espèces d'insectes, en modifiant leur activité ou l'efficacité des pièges. Par exemple, l'efficacité d'un piège lumineux pourrait diminuer avec la luminosité de la pleine lune. Dans notre étude, l'attraction du piège utilisé, fonctionnant avec une lumière noire et non une lumière incandescence, pourrait être moins perturbée par la luminosité de la lune. Les études portant sur les *Culicoides* ne sont pas concordantes : la pleine lune augmenterait le nombre de *C. variipennis* capturés<sup>113</sup> et diminuerait celui de *C. brevitarsis*<sup>114</sup>.

---

<sup>112</sup> Blackwell A. (1997). Diel flight periodicity of the biting midge *Culicoides impunctatus* and the effects of meteorological conditions. *Med Vet Entomol* **11** 361-367.

<sup>113</sup> Linhares A.X. & Anderson J.R. (1990) The influence of temperature and moonlight on flight activity of *Culicoides variipennis* (Coquillett) (Diptera: Ceratopogonidae) in northern California. *Pan-Pacific Entomologist* **66** (3): 199-207.

<sup>114</sup> Bishop A.L., McKenzie H.J., Barchia I.M. & Spohr L.J. (2000) Moon phase and other factors affecting light-trap catches of *Culicoides brevitarsis* Kieffer (Diptera : Ceratopogonidae). *Aust J Entomol* **39**: 29-32.

#### **4. Conclusion**

Comme aucun événement météorologique majeur de nature à influencer fortement sur les densités de *C. imicola* capturées, toutes les nuits de piégeages ont été conservées pour les analyses.

---

## Annexe 15 : Liste actualisée des espèces de *Culicoides* capturés en Corse (fin 2006).

---

Le tableau 1 présente la liste actualisée des espèces (et complexes d'espèces) de *Culicoides* capturés avant 2007 en Corse. La précédente liste dénombrait 58 espèces de *Culicoides* présentes en Corse (Delécolle *et al.*, 2005). Deux espèces ont été citées pour la première fois suite aux campagnes de juin (*C. (Avaritia) montanus* Shakirzjanova, 1962) et de septembre (*C. paolae* Boorman, 1996) réalisées en 2005<sup>115</sup>. Depuis, deux nouvelles espèces, capturées en 2006, dans le cadre de la surveillance entomologique, complètent cette liste : *C. simulator* Edwards, 1939 et *C. dzhafarovi* Remm, 1967 (Jean-Claude Delécolle, communication personnelle). Ceci porte donc à **62** le nombre d'espèces de *Culicoides* signalées en Corse. Les 27 premières espèces présentent une affiliation sub-générique. À l'inverse, les 35 suivantes n'en présentent pas. Elles ont été classées en 10 groupes morphologiques (Jean-Claude Delécolle, communication personnelle).

---

<sup>115</sup> En plus de 17 pièges posés en septembre 2005 visant à déterminer si certains sites restaient négatifs pour *C. imicola* toute l'année, 5 pièges supplémentaires furent posés dans de nouveaux sites. Ainsi la liste présentée ici est issue de la synthèse des espèces recensées dans la littérature et complétée par les résultats des 118 piégeages effectués en juin et septembre 2005.

Tableau 1 : Liste des espèces de *Culicoides* capturées en Corse (2006)

Légende du tableau :

	Complexe d'espèces
	Première citation en Corse, espèce capturée en juin 2005
	Première citation en Corse, espèce capturée en septembre 2005
	Première citation en Corse, espèces capturées en 2006 (Jean-Claude Delécolle, communication personnelle)

Liste actualisée des espèces de <i>Culicoides</i> capturées en Corse (2006)	remarques
Espèces avec affiliation sub-générique	
<i>C. (Avaritia) chiopterus</i> (Meigen, 1830)	
<i>C. (Avaritia) dewulfi</i> Goetghebuer, 1936	
<i>C. (Avaritia) imicola</i> Kieffer, 1913*	Principal vecteur de FCO en Corse
<i>C. (Avaritia) montanus</i> Shakirzjanova, 1962	Première citation en Corse
<i>C. (Avaritia) obsoletus</i> (Meigen, 1818)	Appartient au Complexe Obsoletus
<i>C. (Avaritia) scoticus</i> Downes & Kettle, 1952	Appartient au Complexe Obsoletus
<i>C. (Beltranmyia) circumscriptus</i> Kieffer, 1918	
<i>C. (Culicoides) deltus</i> Edwards, 1939	Spécimens atypiques
<i>C. (Culicoides) fagineus</i> Edwards, 1939	
<i>C. (Culicoides) flavipulicaris</i> Dzhafarov, 1964	
<i>C. (Culicoides) lupicaris</i> Downes & Kettle, 1952	Appartient au Complexe Lupicaris
<i>C. (Culicoides) newsteadi</i> Austen, 1921	Appartient au Complexe Newsteadi
<i>C. (Culicoides) pulicaris</i> (Linné, 1758)	Appartient au Complexe Pulicaris
<i>C. (Culicoides) punctatus</i> (Meigen, 1804)	
<i>C. (Culicoides) subfagineus</i> Delécolle & Ortega, 1998	
<i>C. (Monoculicoides) parroti</i> Kieffer, 1922	
<i>C. (Monoculicoides) puncticollis</i> (Becker, 1903)	
<i>C. (Silvaticulicoides) achrayi</i> Kettle & Lawson, 1955	
<i>C. (Silvaticulicoides) fascipennis</i> (Staeger, 1839)	
<i>C. (Silvaticulicoides) pallidicornis</i> Kieffer, 1919	
<i>C. (Silvaticulicoides) picturatus</i> Kremer & Déduit, 1961	
<i>C. (Silvaticulicoides) subfasciipennis</i> Kieffer, 1919	
<i>C. (Synhelea) corsicus</i> Kremer, Leberre & Beaucournu-S., 1971	
<i>C. (Synhelea) semimaculatus</i> Clastrier, 1958	
<i>C. (Wirthomyia) cameroni</i> Campbell & Pelham Cl., 1960	
<i>C. (Wirthomyia) minutissimus</i> (Zetterstedt, 1855)	
<i>C. (Wirthomyia) riouxi</i> Callot & Kremer, 1961	
Espèces sans affiliation sub-générique, classées par groupes morphologiques	
Groupe 1	
<i>C. alazanicus</i> Dzhafarov; 1961	
<i>C. cataneii</i> Clastrier, 1957	Appartient au Complexe Cataneii
<i>C. duddingstoni</i> Kettle & Lawson, 1955	
<i>C. geigelensis</i> Dzhafarov; 1964	Appartient au Complexe Cataneii
<i>C. jumineri</i> Callot & Kremer, 1969	
<i>C. kibunensis</i> Tokunaga, 1937	

	<i>C. kurensis</i> Dzhafarov, 1960	
	<i>C. paradisionensis</i> Boorman, 1988	
	<i>C. riebi</i> Delécolle, Mathieu & Baldet, 2005	
	<i>C. simulator</i> Edwards, 1939	Première citation en Corse
	<i>C. vidourlensis</i> Callot, Kremer, Molet & Bach, 1968	
Groupe 2	<i>C. begueti</i> Clastrier, 1957	
	<i>C. haranti</i> Rioux, Descous & Pech, 1959	
Groupe 3	<i>C. brunnicans</i> Edwards, 1939	
	<i>C. santonicus</i> Callot, Kremer, Rault & Bach, 1968	
	<i>C. caucoliberensis</i> Callot, Kremer, Rioux & Descous, 1967	
	<i>C. griseidorsum</i> Kieffer, 1918	
Groupe 4	<i>C. maritimus</i> Kieffer, 1924	
	<i>C. pictipennis</i> (Staeger, 1839)	
	<i>C. poperinghensis</i> Goetghebuer, 1953	
	<i>C. submaritimus</i> Dzhafarov, 1962	
	<i>C. univittatus</i> Vimmer, 1932	
	<i>C. clastrieri</i> Callot, Kremer & Déduit, 1962	
Groupe 5	<i>C. festivipennis</i> Kieffer, 1914	
	<i>C. paolae</i> Boorman, 1996	Première citation en Corse
	<i>C. shaklawensis</i> Khalaf, 1957	
Groupe 6	<i>C. tbilisicus</i> Dzhafarov, 1964	ex <i>C. dendriticus</i> Boorman, 1976
	<i>C. furcillatus</i> Callot, Kremer & Paradis, 1962	
	<i>C. derisor</i> Callot & Kremer, 1965	
Groupe 7	<i>C. dzhafarovi</i> Remm, 1967	Première citation en Corse
	<i>C. malevillei</i> Kremer & Coluzzi, 1971	
Groupe 8	<i>C. indistinctus</i> Khalaf, 1961	
	<i>C. odiatus</i> Austen, 1921	
Groupe 9	<i>C. longipennis</i> Khalaf, 1957	
Groupe 10	<i>C. truncorum</i> Edwards, 1939	

## Annexe 16 : Maillage de pièges autour d'une bergerie.

Figure 1 : Vue générale des sites de piégeages autour d'une bergerie (septembre 2005).

Source : Google Earth™ 2007

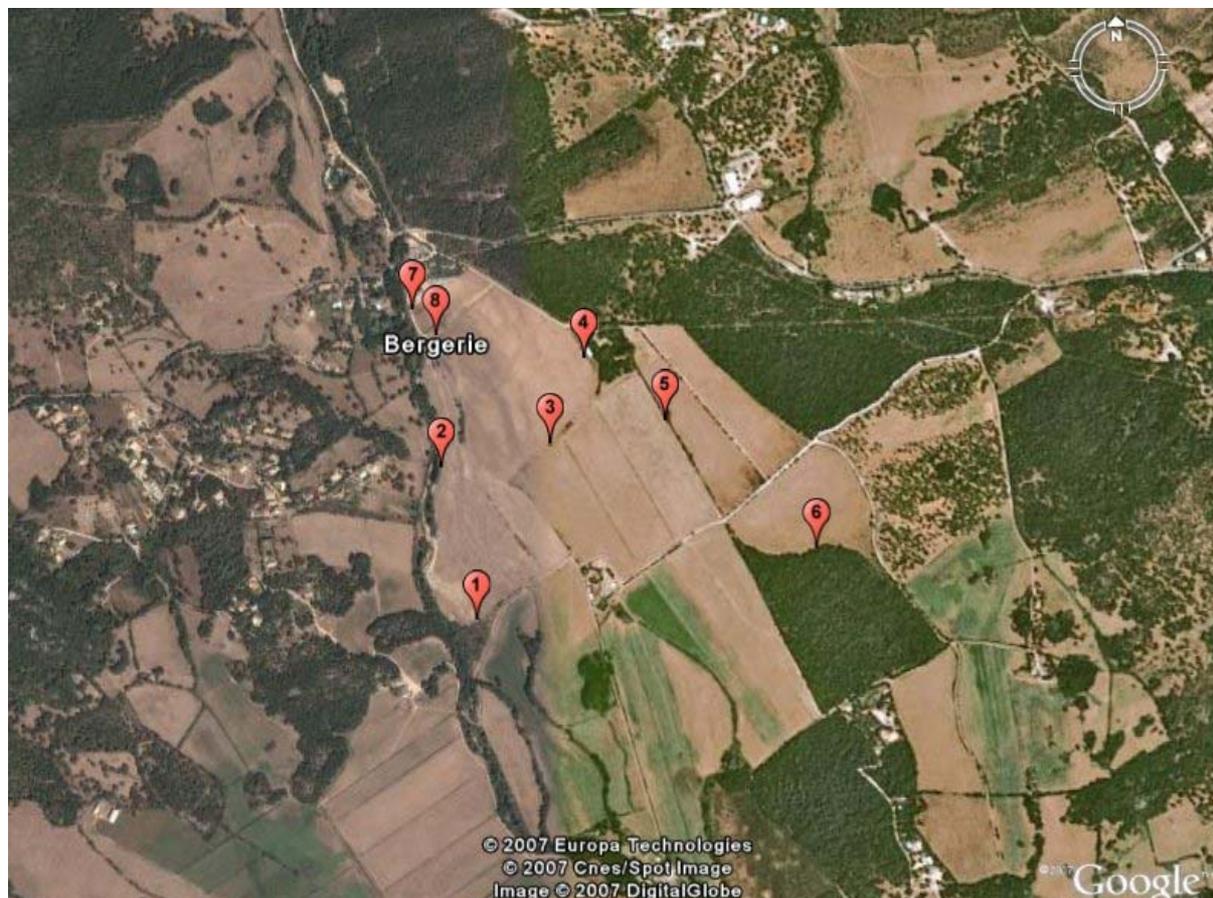
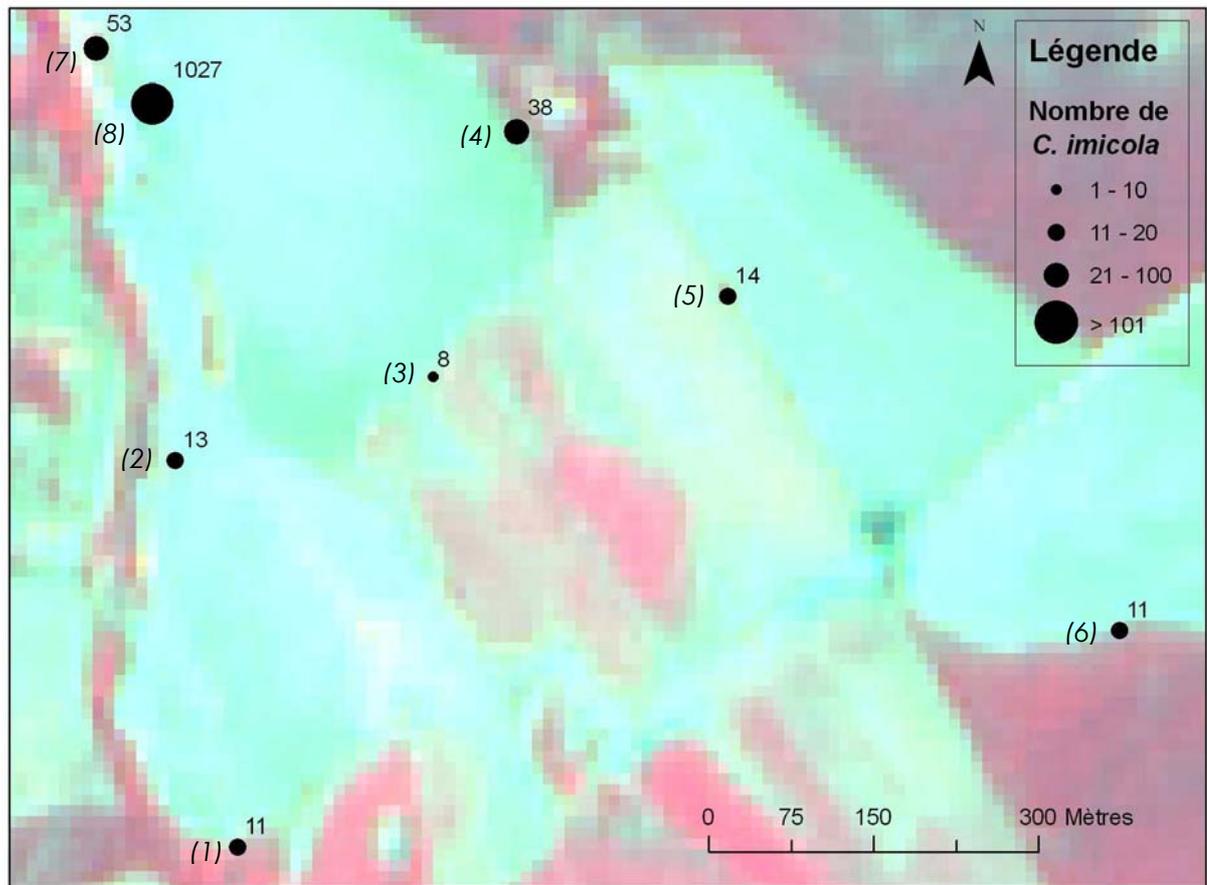


Tableau 1 : Descriptif des sites et nombre de *C. imicola* capturés autour d'une bergerie (septembre 2005)

Site	Descriptif du site	Total	Males	Femelles (pares ; nullipares)	Sexe ratio (F/M)	Parturité**
(1)	Bord de rivière, au fond, près du tas de laine et du charnier	11	1	10 (8 ; 2)	10,0	0,8
(2)	Bord de rivière, plus proche bergerie	13	2	11 (11 ; 0)	5,5	1,0
(3)*	Arbre isolé sur la première haie	8	1	7 (7 ; 0)	7,0	1,0
(4)	Haie d'oliviers	38	5	33 (32 ; 1)	6,6	1,0
(5)	Mimosa de la deuxième haie	14	1	13 (12 ; 1)	13,0	0,9
(6)	Arbousier du pré du fond	11	1	10 (10 ; 0)	10,0	1,0
(7)	Figuier derrière la bergerie	53	9	44 (38 ; 5)***	4,9	0,9
(8)	Bergerie	1027	281	746 (371 ; 375)	2,7	0,5

\*Site très exposé au vent ; \*\*Parturité = femelles pares/total femelles ; \*\*\* Dont une femelle sans abdomen

Figure 2 : Nombre de *C. imicola* capturés autour d'une bergerie (septembre 2005)



(Nom du site) Nombre de *C. imicola*. La végétation apparaît en rouge, les sols nus ou avec de l'herbe sèche éparses en bleu-vert clair. Données SPOT/Programme ISIS, © CNES (2001), distribution Spot Image S.A.

## Annexe 17 : Résultats des analyses statistiques monovariées de l'approche vecteur.

Les résultats des analyses statistiques monovariées réalisées pour l'approche vecteur sont présentés dans les tableaux 1, 2, 3 et 4.

### Notes explicatives sur les tableaux 1, 2, 3 et 4 :

Sens de variation\*: Il y a plus de pièges positifs (où *C. imicola* est présent) que la moyenne dans la [classe] ou le [tertile X] (variable discrète) /OU/ il y a plus de pièges positifs quand la variable [augmente] ou [diminue] (variable continue). Par exemple : pour la variable « présence de bovins » discrétisée en deux classes (présence/absence), il y a plus de pièges positifs lorsqu'il n'y a pas de bovins.

T1, T2, T3: tertiles 1, 2, et 3

cl.: classes

tert.: tertiles

Choix du codage final de la variable\*\* : pour l'analyse multivariée, la variable est conservée soit sous sa forme quantitative (continue), soit sous sa forme discrète.

\*\*\* : Le risque est strictement croissant ou décroissant entre les tertiles, ce qui rend possible la conservation de la variable sous forme quantitative continue (plutôt que sous forme discrète).

#### Non incluse°:

Parmi les caractéristiques d'élevages (tableau 1), deux variables (« Nombre d'ovins » et « Nombre de bovins ») n'ont pas été incluses alors qu'elles étaient significatives car certaines données étaient manquantes. La variable correspondant au nombre d'autres *Culicoides* que *C. imicola* (« *Culicoides* ») n'a pas été incluse car elle n'a pas un rôle de variable potentiellement explicative (elle a été testée uniquement pour savoir détecter une éventuelle association statistique).

Parmi les variables relatives à l'altimétrie, l'hydrographie et le pourcentage d'occupation du sol (tableau 2), les variables « orientation », « bassins versants », et « % de marais » n'ont pas été incluses car elles présentaient des classes avec des effectifs trop faibles (par exemple les effectifs variaient de 3 à 41 pour l'orientation, et de 1 à 15 pour les bassins versants).

	Variable non significative ( <b>seuil p=0,15</b> )
	Variable non retenue car redondante
	Variable non incluse

Les variables « non retenues car redondantes » sont des variables paysagères à l'échelle classe (relatives au marais et à la pinède). Elles sont codées en deux classes, ce qui revient à coder la variable en présence/absence de la classe considérée et qui les rend donc redondantes avec les variables de pourcentage d'occupation du sol.

Tableau 1 : Analyses statistiques monovariées de l'approche vecteur – partie 1 : caractéristiques des élevages où étaient posés les pièges

Classes de variables	Variables	Codage de la variable	p	sens de variation* :	Choix de codage final**
Axe des pièges	NY	discret, tert.	0,001	T3***	continu
		continu	0,001	augmente	
Axe perpendiculaire	NX	discret, tert.	0,001	T1***	continu
		continu	0,000	diminue	
Distance au littoral	DLittoral	discret, tert.			
		continu			
Distance à la mer en suivant les cours hydrographiques	DMerHydro	discret, tert.			
		continu			
Mixité°	Mixité	discret, 2 cl.			
Autre espèce attractive°	AutAttract	discret, 2 cl.			
Mixité avec espèce potentiellement réservoir°	MixRes	discret, 2 cl.			
Présence OV	D_Ovins	discret, 2 cl.			
Présence CP	D_Caprins	discret, 2 cl.			
Présence BV	D_Bovins	discret, 2 cl.	0,128	absence	discret
Présence EQ	D_Equin	discret, 2 cl.			
Présence VOL	D-Volailles	discret, 2 cl.			
Présence PC	D_Porcs	discret, 2 cl.			
Nombre OV <sup>oo</sup>	T_Nb_OV	discret, tert.			non incluse
	NB OV	continu	0,127	augmente	
Nombre CP <sup>oo</sup>	NB CP	continu			
Nombre BV <sup>oo</sup>	NB BV	continu	0,05	diminue	non incluse
Nombre EQ <sup>oo</sup>	NB EQ	continu			
Nombre VOL <sup>oo</sup>	NB VOL	continu			
Nombre PC <sup>oo</sup>	NB PC	continu			
Type race ovine <sup>ooo</sup>	TypeOV	discret, 2 cl.			
Culcoïdes#	Culicoïde	discret, tert.	0,169	T3***	non incluse
		continu	0,041	augmente	
Ceratopogonidae#	Cerato	discret, tert.			
		continu			

Lexique

OV : ovins; CP : caprins; BV : bovins; EQ : équins; VOL : volailles; PC : porcins

Mixité° Présence d'une autre espèce animale

AutAttir° Présence de CP, BV ou EQ en plus des ovins

MixRes° Présence de CP ou BV en plus des ovins

Nombre X<sup>oo</sup> L'effet nombre n'est testé que pour les élevages qui ont l'espèce x et pour lesquels on a estimé l'effectif

Type OV<sup>ooo</sup> 2 types de races : à lait (Corse, Sarde...) ou à viande (mérinos, pré-alpes, Ile De France...)

Culcoïdes# Autres Culcoïdes, *C. imicola* exclu

Ceratopogonidae# Autres Ceratopogonidae, tous Culcoïdes exclus

Tableau 2 : Analyses statistiques monovariées de l'approche vecteur – partie 2 : caractéristiques altimétriques, de la végétation et de l'occupation du sol

Catégorie	Classes de variables	Variables	Codage de la variable	Taille de la zone tampon						Choix de codage final**
				500 m		1 km		2 km		
				p	sens de variation*	p	sens de variation*	p	sens de variation*	
Altimétrie et hydrographie	Altitude	Altitude moyenne	discret, tert.	0,062	T2	0,082	T2	0,075	T1***	discret
			continu	0,072	diminue	0,050	diminue	0,006	diminue	
	Ensoleillement	Ensoleillement moyen	discret, tert.					0,045	T2	discret
			continu			0,106	diminue	0,032	diminue	
	Pente	Pente moyenne	discret, tert.	0,037	T1***	0,041	T1***	0,051	T1***	continu
			continu	0,009	diminue	0,022	diminue	0,007	diminue	
	Orientation	Orientation majoritaire	discret, 3 cl.	pb effectifs						non incluse
	Réseau hydrographique	Longueur du réseau	discret, tert.	0,084	T1					discret
			continu	0,064	diminue					
	Bassin versant	Bassin versant	discret, 9 cl.	pb effectifs						non incluse
Végétation et occupation du sol	NDVI	NDVI minimum	discret, tert.	0,100	T2	0,146	T2	0,056	T2	discret
			continu	0,197	diminue					
		NDVI moyen	discret, tert.	0,027	T1***	0,037	T1***	0,043	T1***	continu
			continu	0,003	diminue	0,007	diminue	0,006	diminue	
	NDVI maximal	discret, tert.	0,027	T1***	0,079	T2	0,042	T1***	discret	
		continu	0,009	diminue	0,014	diminue	0,002	diminue		
	Classes d'occupation du sol	% Maquis Garrigue Forêt	discret, tert.	0,076	T2	0,058	T2	0,008	T2	discret
			continu	0,158	diminue	0,110	diminue	0,026	diminue	
		% Pinède	discret, 2 cl.							
			continu							
		% Prairie arborée	discret, tert.			0,053	T3	0,121	T3***	discret
			continu			0,030	augmente	0,021	augmente	
		% Prairie ouverte	discret, tert.							
			continu							
		% Végétation arbustive rase	discret, tert.	0,082	T2	0,009	T2	0,079	T3***	discret
			continu			0,099	augmente	0,112	augmente	
		% Cultures	discret, tert.							
			continu							
		% Zone non végétalisée	discret, tert.	0,044	T3***	0,008	T2	0,051	T3***	discret
			continu	0,017	augmente	0,018	augmente	0,006	augmente	
% Marais		discret, 2 cl.							non incluse	
		continu	0,112	diminue						
% Eau	discret, 2/3 cl.			0,037	présence			continu		
	continu			0,093	augmente					

Tableau 3 : Analyses statistiques monovariées de l'approche vecteur – partie 3 : variables paysagères à l'échelle de la zone tampon

Echelle	Variables	Nom	Codage de la variable	Taille de la zone tampon						choix de codage final**
				500 m		1 km		2 km		
				p	sens de variation*	p	sens de variation*	p	sens de variation*	
Paysage	Patch density	PD	discret, tert.			0,175	T3***	0,043	T2	discret
			continu	0,152	augmente	0,046	augmente	0,047	augmente	
	Landscape shape index	LSI	discret, tert.					0,010	T2	discret
			continu			0,050	augmente	0,006	augmente	
	mean Euclidian Nearest Neighbour distance	ENN_MN	discret, tert.							
			continu							
	Connectance Index	CONNECT	discret, tert.							
			continu			0,176	diminue			
	Patch Richness density	PRD	discret, 2/3 cl.	0,057	T3***	0,142	D2***			continu
			continu	0,024	augmente	0,012	augmente			
	Simpson's Diversity Index	SIDI	discret, tert.	0,165	T3	0,128	T2=T3***	0,018	T3***	continu
			continu			0,023	augmente	0,002	augmente	

Tableau 4 : Analyses statistiques monovariées de l'approche vecteur – partie 4 : variables paysagères à l'échelle de la classe

Echelle	Variables	Nom	Codage de la variable	Taille de la zone tampon						choix de codage final**		
				500 m		1 km		2 km				
				p	sens de variation*	p	sens de variation*	p	sens de variation*			
Classe	Nombre d'entités	maquis garrigue forêt	MGF_NP	discret, tert.			0,005	T2	0,068	T3***	discret	
				continu			0,018	augmente	0,026	augmente		
		pinède	PIN_NP	discret, 2 cl.								
				continu								
		prairie arborée	PAR_NP	discret, tert.			0,175	T2	0,045	T2	discret	
				continu			0,052	augmente				
		prairie ouverte	PRA_NP	discret, tert.								
				continu			0,188	augmente				
		végétation arbustive rase	VAR_NP	discret, tert.	0,066	T2	0,023	T2	0,009	T2	discret	
			continu	0,190	augmente							
	zones cultivées	ZC_NP	discret, tert.			0,152	T2					
			continu									
	zones non végétalisées	ZNV_NP	discret, tert.	0,067	T2	0,031	T2	0,000	T2	discret		
			continu	0,046	augmente	0,030	augmente	0,002	augmente			
	marais	MAR_NP	discret, 2 cl.									
			continu									
	eau	EAU_NP	discret, tert.									
			continu									
Landscape shape index	maquis garrigue forêt	MGF_LSI	discret, tert.			0,127	T2	0,015	T3***	discret		
			continu			0,052	augmente	0,011	augmente			
	pinède	PIN_LSI	discret, 2 cl.									
			continu									
	prairie arborée	PAR_LSI	discret, tert.							continu		
			continu	0,081	augmente	0,129	augmente	0,195	augmente			
	prairie ouverte	PRA_LSI	discret, tert.									
			continu									
	végétation arbustive rase	VAR_LSI	discret, 2/3 cl.	0,018	T2	0,007	T2	0,031	T2	discret		
		continu			0,200	augmente						
zones cultivées	ZC_LSI	discret, tert.										
		continu										
zones non végétalisées	ZNV_LSI	discret, tert.	0,083	T3***	0,048	T3***	0,010	T3***	continu			
		continu	0,022	augmente	0,006	augmente	0,002	augmente				
marais	MAR_LSI	discret, 2 cl.										
		continu										
eau	EAU_LSI	discret, tert.										
		continu										

## Annexe 18 : Résultats des analyses statistiques multivariées de l'approche vecteur.

Tableau 1 : Analyses statistiques multivariées de l'approche vecteur

Variables retenues lors des analyses monovariées				Taille de la zone tampon		
				500 m	1 km	2 km
<b>Groupe 1 : Caractéristiques des élevages</b>	Axe pièges	NY (continu)	NY			
	Axe perpendiculaire	NX (continu)	NX	X	X	X
	Présence de bovins	Présence BV	D_BOVINS			X
<b>Groupe 2 : Altimétrie et hydrographie</b>	Altitude	Altitude moyenne	T_ALT	X	X	X
	Ensoleillement	Ensoleillement moyen	T_SOLEIL	X	X	X
	Pente	Pente moyenne (continu)	PENTE_moy	X	X	X
	Réseau hydrographique	Longueur du réseau	T_LHYDRO	X	X	X
	NDVI	NDVI minimum	T_NDVImin	X	X	
		NDVI moyen (continu)	NDVImoy			
NDVI maximal		T_NDVImax	X	X	X	
<b>Groupe 3 : Occupation du sol</b>	% des classes	% Maquis, garrigue et forêt	T_MGF	X	X	
		% Prairie arborée	T_PAR	X	X	X
		% Végétation arbustive rase	T_VAR	X		X
		% Zone non végétalisée	T_ZNV			X
		% Eau (continu)	EAU	X	X	X
<b>Groupe 4 : Variables paysagères - échelle zone tampon</b>	Patch density		T_PD	X	X	X
	Landscape shape index		T_LSI	X	X	X
	Patch Richness Density (continu)		PRD		X	X
	Simpson's Diversity Index (continu)		SIDI	X		
<b>Variables paysagères - échelle classe</b>	<b>Groupe 5 : Nombre d'entités (NP)</b>	NP maquis, garrigue et forêt	T_MGF_NP	X		X
		NP prairie arborée	T_PAR_NP	X	X	X
		NP végétation arbustive rase	T_VAR_NP		X	
		NP zones non végétalisée	T_ZNV_NP			continu
	<b>Groupe 6 : Landscape Shape Index</b>	LSI maquis, garrigue et forêt	T_MGF_LSI	X	X	
		LSI prairie arborée (continu)	PAR_LSI	X	X	X
		LSI végétation arbustive rase	T_VAR_LSI			X
		LSI zones non végétalisée (continu)	ZNV_LSI			

	variable continue
	variable discrétisée (tertiles)
	variable non proposée à l'échelle considérée
	variable significative (p=0,1) par groupe
X	variable non significative

---

Annexe 19 : Autocorrélation spatiale des résidus des modèles issus de  
l'approche vecteur.

---

Tableau 1 : Variogrammes des résidus du modèle issus de l'approche vecteur établis avec une zone tampon de 500 m

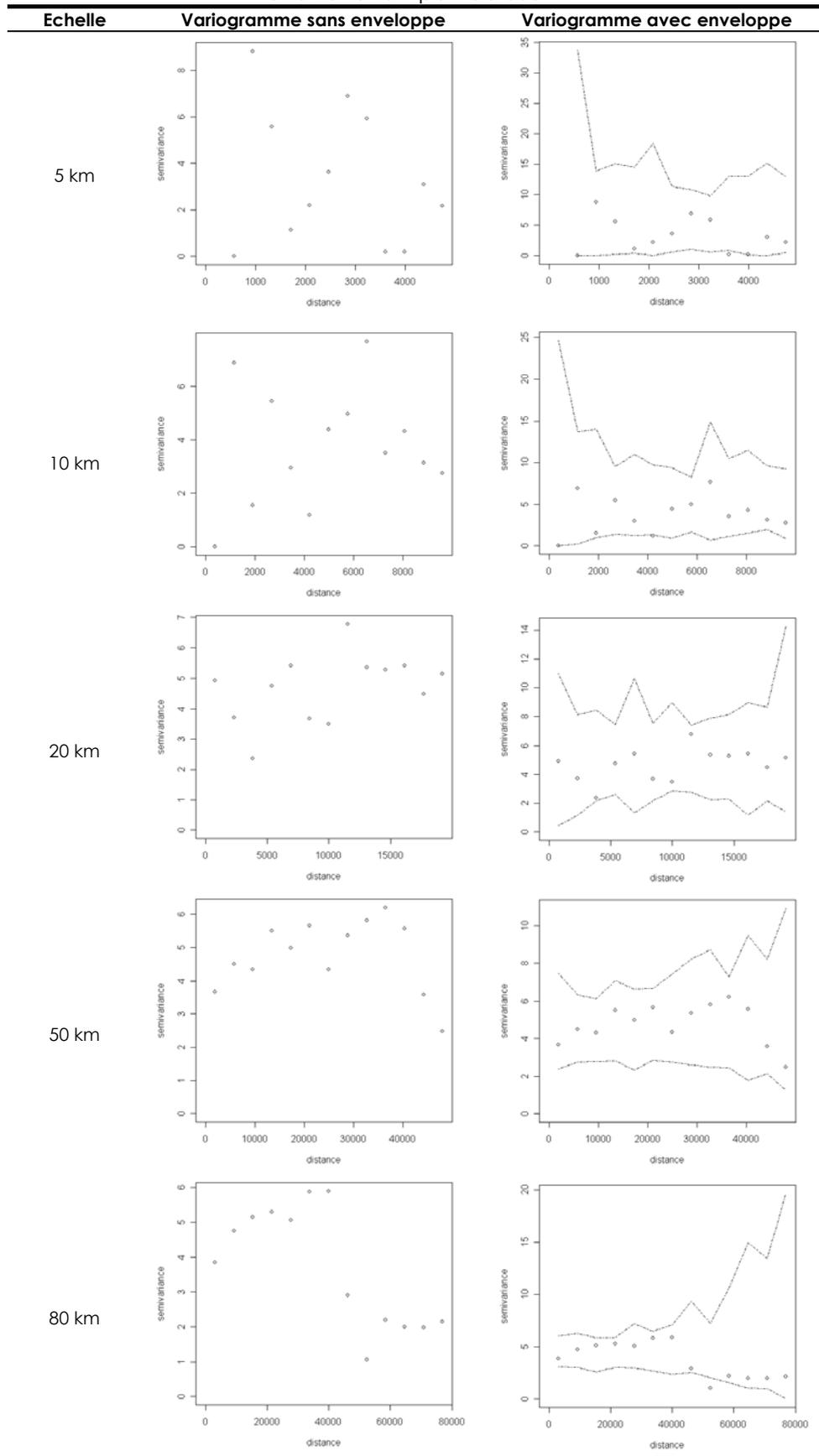


Tableau 2 : Variogrammes des résidus du modèle issus de l'approche vecteur établis avec une zone tampon de 1 km

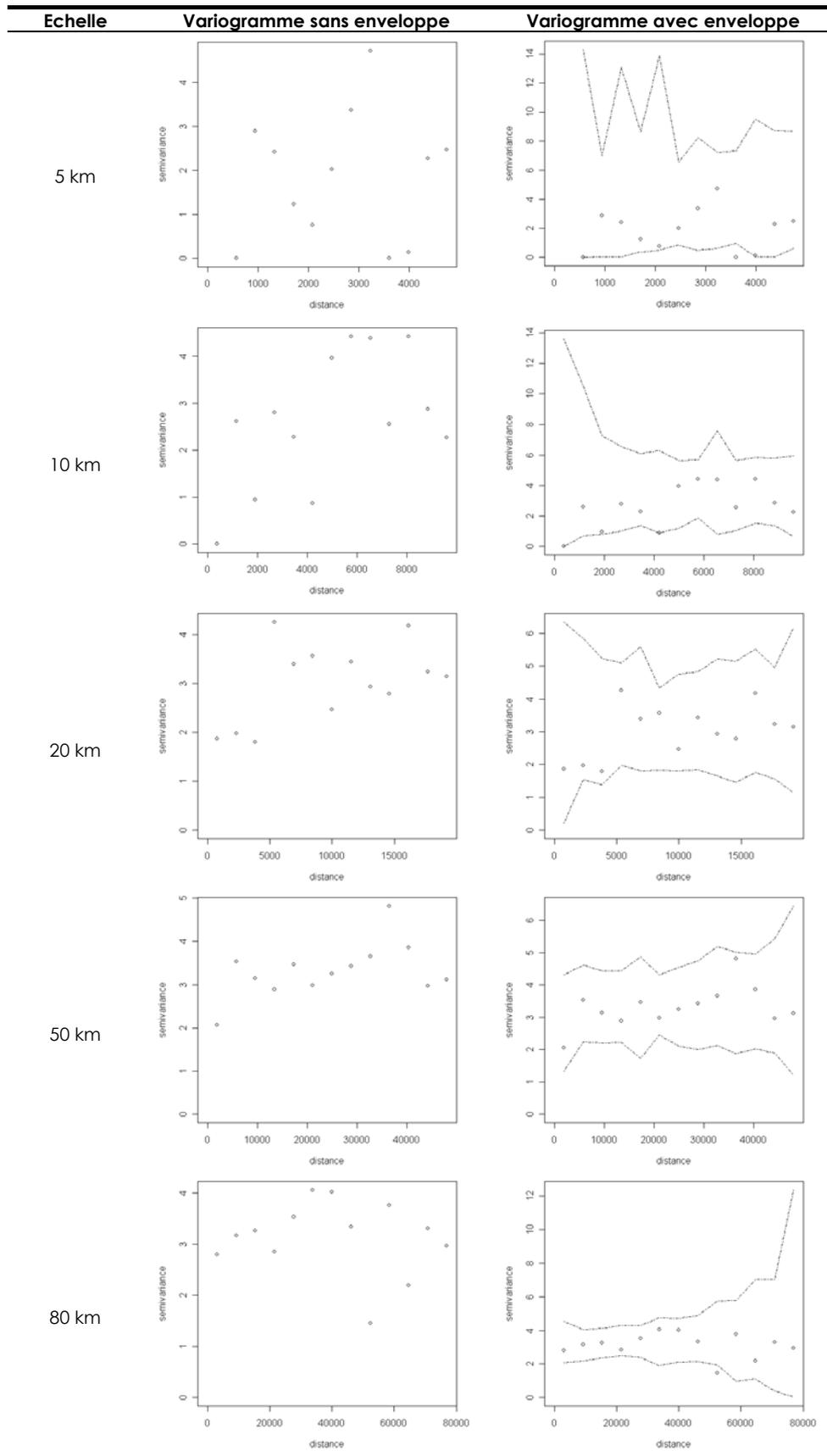
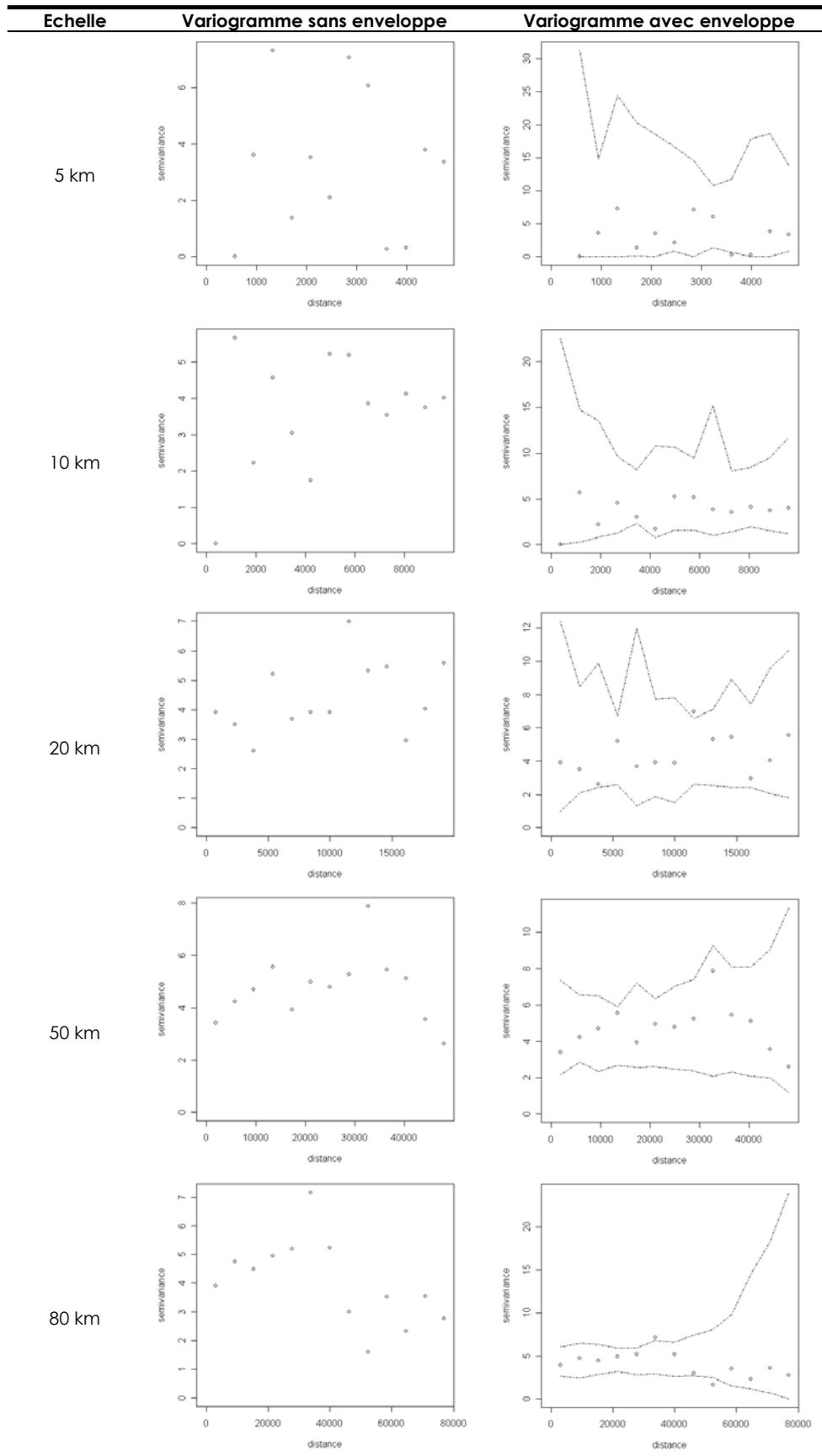


Tableau 3 : Variogrammes des résidus du modèle issus de l'approche vecteur établis avec une zone tampon de 2 km



## Annexe 20 : Krigeage des variables paysagères.

Trois zones tests de 2,5 km de côté ont été définies (cf. figure 56, chapitre 9) et numérotées de 1 à 3 d'est en ouest ; les zones n° 1 et 3 étant situées à proximité d'élevages, et la zone n° 2 étant située dans un milieu plus fermé, présentant une dominance de maquis. Six variables paysagères ont été krigées pour réaliser les cartes d'aléa présentées dans le chapitre 9 (tableau 1).

Tableau 1 : Variables paysagères estimées par krigeage.

Variable	Échelle	Approche	Données retenues pour la construction du variogramme ayant servi à paramétrer le krigeage
LSI de « zone non végétalisée »	1 km	Maladie et vecteur	Ensemble des trois zones tests
LSI de « maquis, garrigue, forêt »	1 km	Maladie	Ensemble des trois zones tests
LSI de « prairies ouvertes »	1 km	Maladie	Zones test n° 1 et 3
Nombre d'entités de « prairies ouvertes »	2 km	Maladie	Zones test n° 1 et 3
PRD (Richesse de densité d'entités)	500 m	Vecteur	Zones test n° 1 et 3
SIDI (Indice de diversité de Simpson)	2 km	Vecteur	Zones test n° 1 et 3

Pour ces 6 variables, les variogrammes ont été calculés pour chacune des trois zones tests ainsi que pour l'ensemble des trois zones tests. Pour les variables LSI de « zone non végétalisée » et pour LSI de « maquis, garrigue et forêt », les variogrammes de chacune des trois zones tests étaient similaires, ainsi le variogramme réalisé pour l'ensemble des trois zones tests a été utilisé pour paramétrer le krigeage de ces variables. Pour les quatre autres variables, le variogramme de la zone n° 2 (la zone plus boisée) différait des deux autres zones. Pour ces variables, seules les deux zones proches des élevages ont été considérées afin de mieux estimer ces variables à proximité des élevages. Un nouveau variogramme a été calculé pour ces deux zones uniquement. Les figures 1 et 2 illustrent les variogrammes obtenus pour les variables LSI de « zone non végétalisée » et LSI de « prairies ouvertes » et le variogramme finalement retenu pour le krigeage (celui pour les trois zones tests pour LSI de « zone non végétalisée » et celui pour les zones n° 1 et 3 pour LSI « prairies ouvertes »)

Figure 1 : Variogramme pour la variable LSI de « zone non végétalisée ».

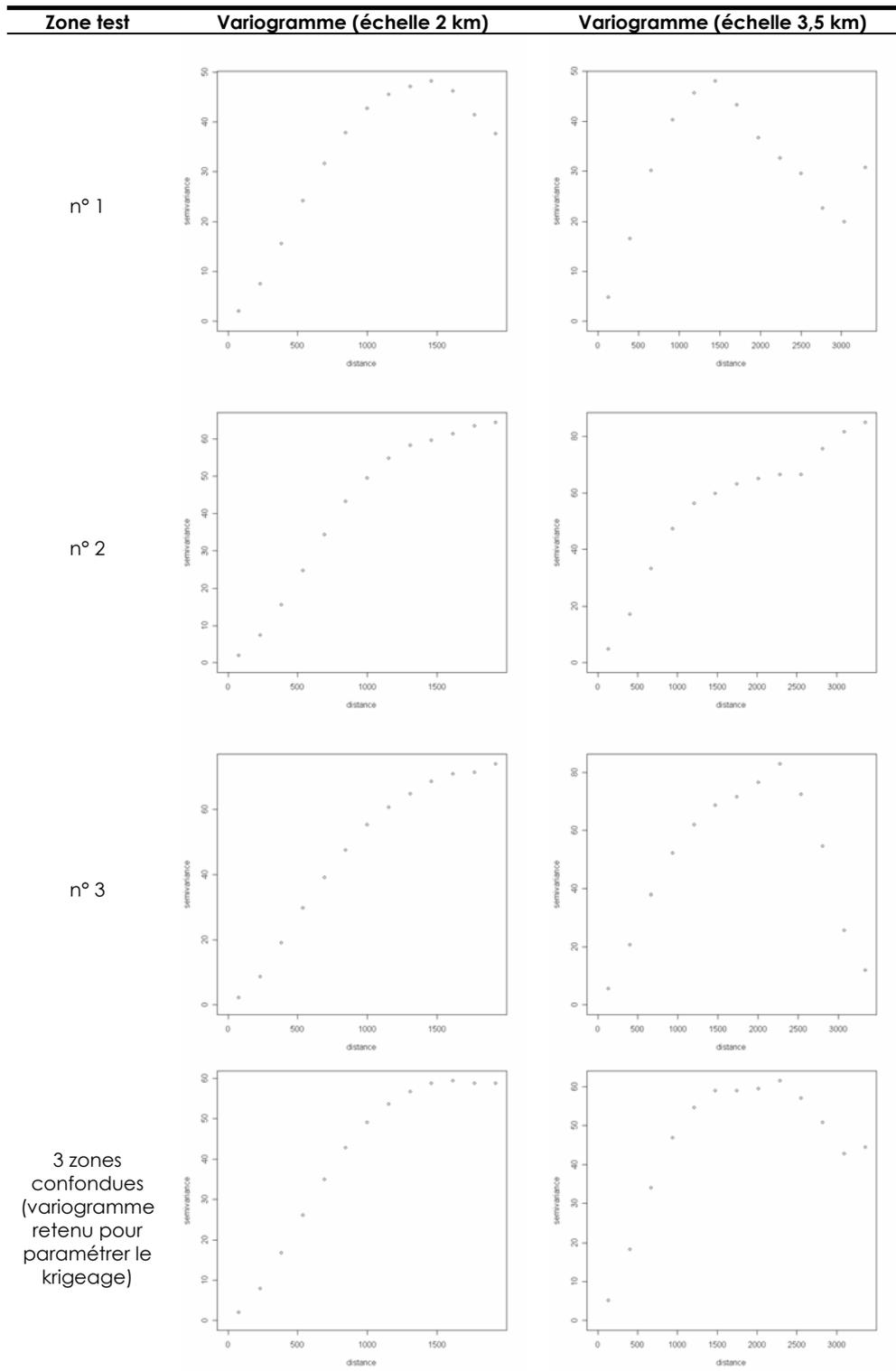
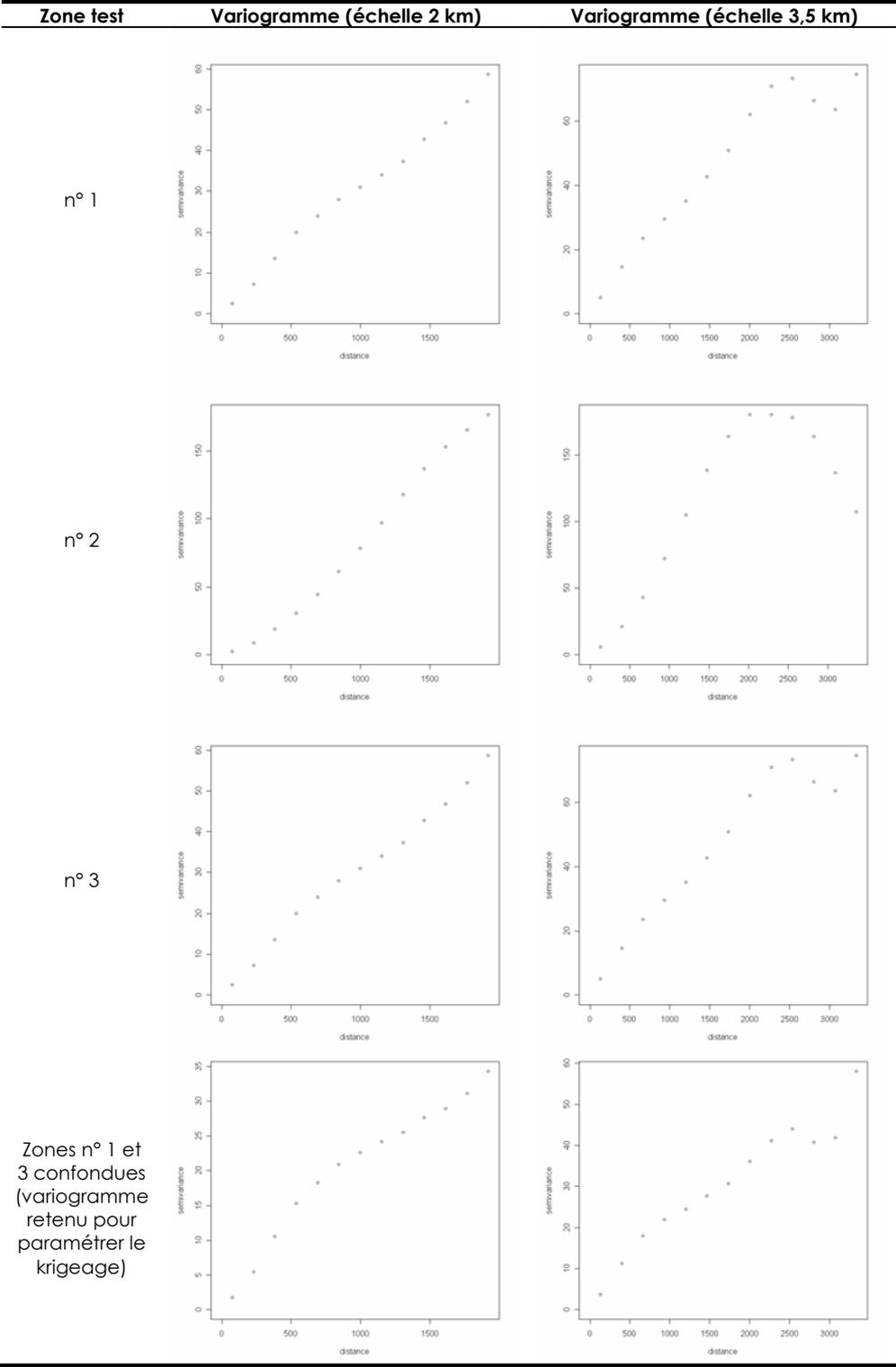


Figure 2 : Variogramme pour la variable LSI de « prairies ouvertes ».





## **Section Valorisation**

## Articles

**Article 1 :** 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 landscapes at risk for bluetongue. *Vet Res* **38** (5): 669-83.

**Article 2 :** Guis H., Tran A., Mauny F., Baldet T., Barragué B., Gerbier G., Viel J.F., Roger F. & de La Rocque S. (2007) Multiple fine-scale satellite-derived approaches: application to bluetongue modelling in Corsica (France). *Vet Ital* **43** (3): 699-707.

**Article 3 :** Tran A., Biteau-Coroller F., Guis H. & Roger F. (2005) Modélisation des maladies vectorielles. *Epidémiol et santé anim* (47): 35-51.

**Article 4 :** 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 GTV* (39): 83-88.

**Article 5 :** Gerbier G., Biteau-Coroller F., Grillet C., Parodi J., Zientara S., Baldet T., Guis H. & Roger F. (2007; accepté) A description of the outbreak of Bluetongue (BTV 4) in Corsica in 2003: lessons for surveillance. *Vet Rec*.

**Article 6 :** Tran A., Guis H., Biteau-Coroller F., Barragué B., Mathieu B., Setier-Rio M.-L., Gerbier G., Roger F. & Baldet T. (2007 ; accepté) 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*.

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

Hélène GUISSA<sup>a,b,c</sup>, Annelise TRAN<sup>b,c,\*</sup>, Stéphane de LA ROCQUE<sup>b</sup>, Thierry BALDET<sup>b</sup>, Guillaume GERBIER<sup>b</sup>, Bruno BARRAGUÉ<sup>b</sup>, Fabienne BITEAU-COROLLER<sup>b</sup>, François ROGER<sup>b</sup>, Jean-François VIEL<sup>a</sup>, Frédéric MAUNY<sup>a</sup>

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

<sup>b</sup> 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

<sup>c</sup> 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 Épidémiologies) because of its major consequences on animal health, economies and international trade<sup>1</sup>. Bluetongue virus (BTV) is transmitted by some species of biting

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

\* Corresponding author: [annelise.tran@cirad.fr](mailto:annelise.tran@cirad.fr)

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 study<sup>2</sup>. 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

<sup>2</sup> 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  $180^\circ$  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 (eCognition™ 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 freeware<sup>3</sup>, 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

<sup>3</sup>McGarigal 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](http://www.umass.edu/landeco/research/fragstats/fragstats.html) [consulted 16 October 2006].

**Table I.** Landscape metrics extracted from Fragstats.

Descriptor	Name ( <i>Metric level; 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 <sup>2</sup> ) of all patches of the corresponding patch type, divided by total landscape area (m <sup>2</sup> ) 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<sup>®</sup> 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 residuals<sup>4</sup>. This test consists in comparing the observed variogram with variogram “envelopes” computed by simulating permutations of the data values

<sup>4</sup>Ribeiro 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 freeware<sup>5</sup> (geoR and geoRglm packages).

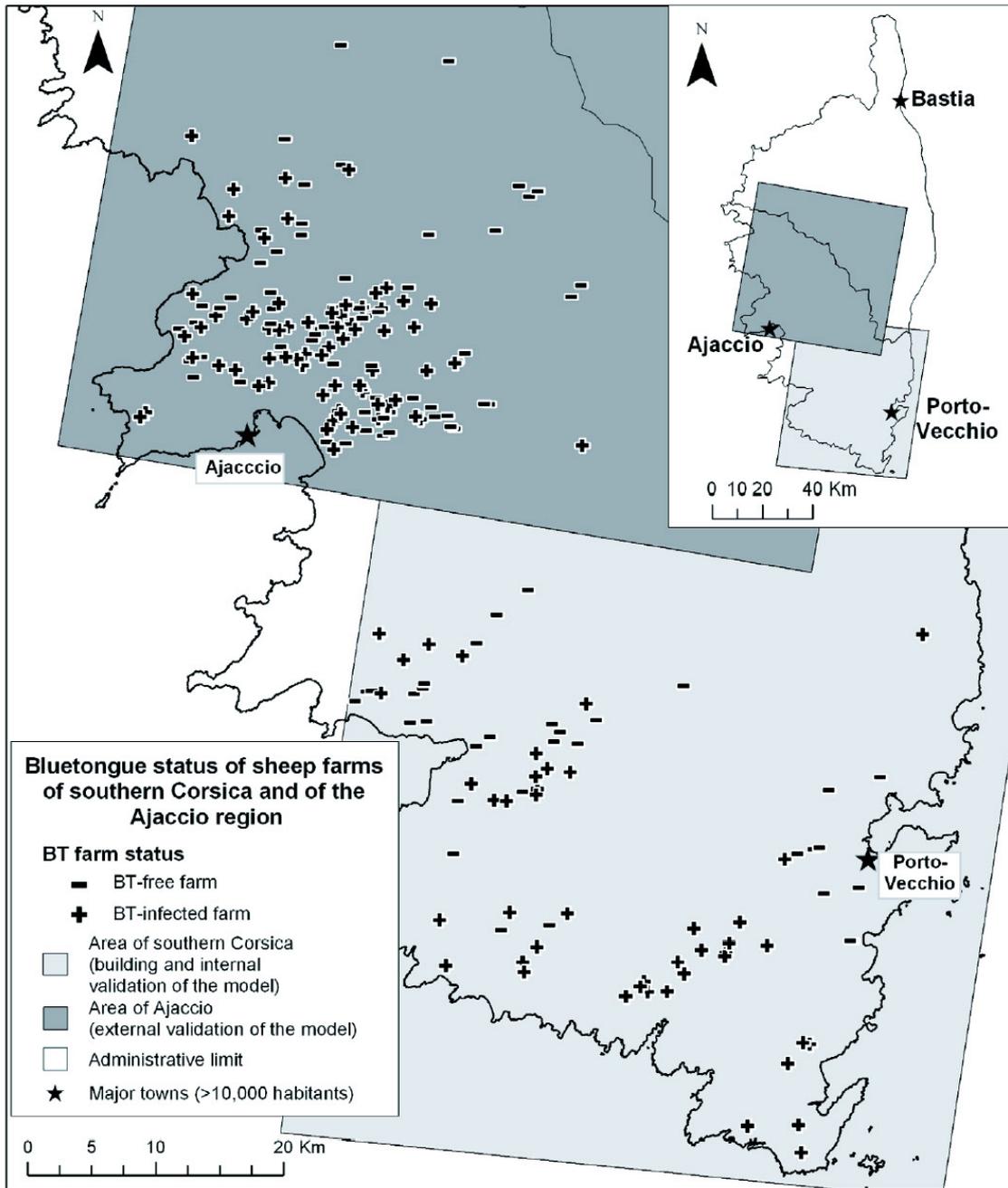
### 2.4. Internal accuracy assessment

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.

<sup>5</sup>R 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

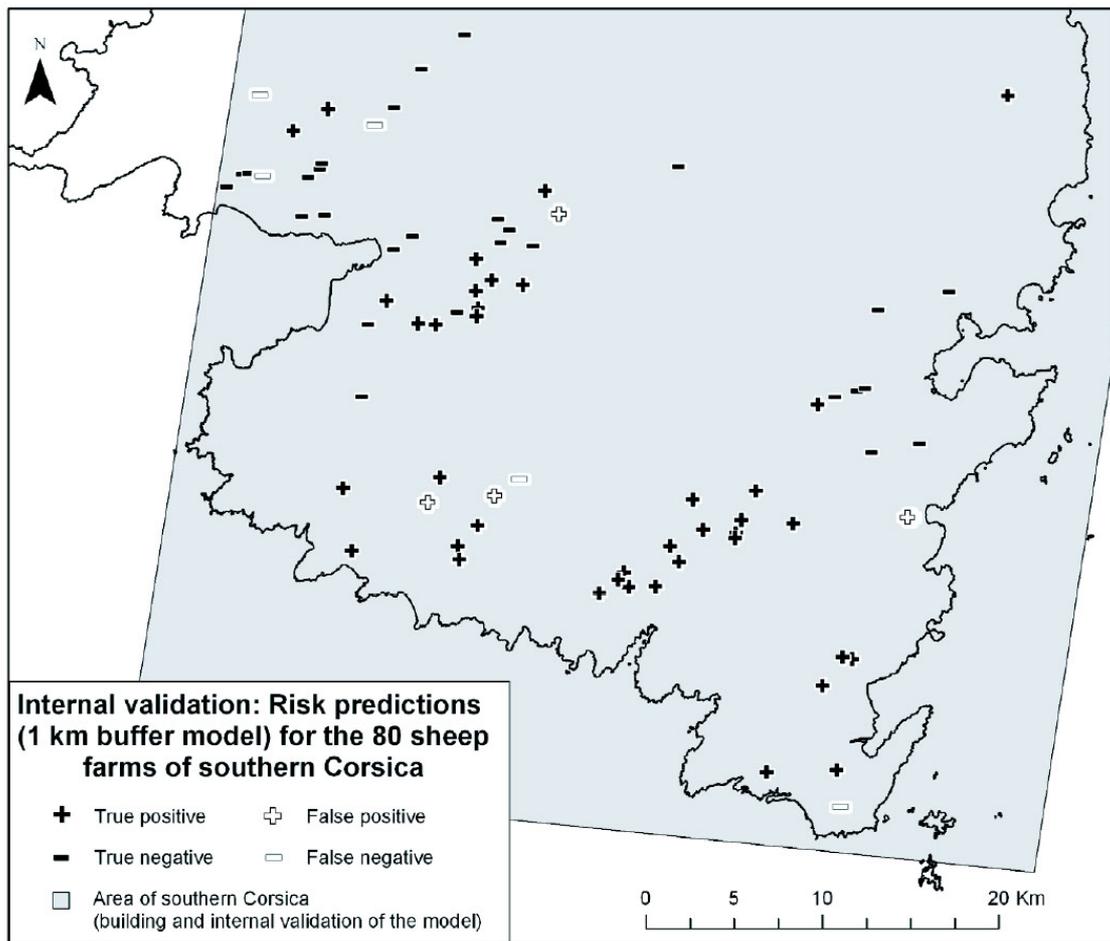
The results of the internal and external validation are presented in Table III. The three models have a good ( $0.80 < \text{AUC} < 0.9$ ) or a high ( $\text{AUC} > 0.9$ )

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 Sardinia<sup>6</sup> [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.

<sup>6</sup> 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 L., 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., Ippoliti 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., Czaplicki G., Toussaint J.F., De Clercq K., Dochy J.M., Dufey J., Gillemann J.L., Messemann 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.

## A multiple fine-scale satellite-derived landscape approach: example of bluetongue modelling in Corsica

Hélène Guis<sup>(1, 2, 3)</sup>, Annelise Tran<sup>(1, 3)</sup>, Frédéric Mauny<sup>(2)</sup>, Thierry Baldet<sup>(1)</sup>, Bruno Barragué<sup>(1, 3)</sup>, Guillaume Gerbier<sup>(1)</sup>, Jean-François Viel<sup>(2)</sup>, François Roger<sup>(1)</sup> & Stéphane de La Rocque<sup>(1)</sup>

### Summary

Landscape ecology is seldom used in epidemiology. The aim of this study is to assess the possible improvements that can be derived from the use of landscape approaches on several scales when exploring local differences in disease distribution, using bluetongue (BT) in Corsica as an example. The environment of BT-free and BT-infected sheep farms is described on a fine scale, using high resolution satellite images and a digital elevation model. Land-coverage is characterised by classifying the satellite image. Landscape metrics are calculated to quantify the number, diversity, length of edge and connectance of vegetation patches. The environment is described for three sizes of buffers around the farms. The models are tested with and without landscape metrics to see if such metrics improve the models. Internal and external validation of the models is performed and the relative impact of scale versus variables on the discriminatory ability of the models is explored. Results show that for all scales and irrespective of the number of parameters included, models with landscape metrics perform better than those without. The 1-km buffer model combines both the best scale of application and the best set of variables. It has a good discriminating ability and good sensitivity and specificity.

### Keywords

Bluetongue, Corsica, Epidemiology, Geographic information system, Landscape, Remote sensing.

### Un approccio ambientale derivato da una scala multipla dettagliata derivata da immagini satellitari: esempio di modellazione per la bluetongue in Corsica

#### Riassunto

L'ecologia ambientale viene talvolta utilizzata in epidemiologia. Scopo di questo lavoro è definire i possibili miglioramenti e che possono derivare dall'uso dell'approccio di studio basato sull'analisi ambientale su varia scala nel caso si vogliano indagare differenze a livello locale nella distribuzione di alcune patologie, come ad esempio il caso della bluetongue (BT) in Corsica. Mediante l'utilizzo di immagini da satellite ad alta risoluzione e modelli di altitudine digitali viene descritto su scala dettagliata l'ambiente di aziende BT-free e l'ambiente di aziende infette da BT. La copertura del suolo è caratterizzata dalla classificazione dell'immagine satellitare. Le metriche ambientali vengono calcolate per quantificare il numero, la diversità, la lunghezza

(1) French Agricultural Research Centre for International Development (CIRAD), Epidemiology and Ecology of Animal Diseases Unit, Baillarguet Campus, TA 30 B, 34398 Montpellier Cedex 5, France  
guis@teledetection.fr & annelise.tran@cirad.fr

(2) Department of Public Health, Biostatistics and Epidemiology Unit, Faculty of Medicine, St Jacques University Medical Centre, 2 place St Jacques, 25030 Besançon Cedex, France

(3) 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

*del margine e il livello di contiguità delle aree di vegetazione. L'ambiente è descritto con un buffer pari circa tre volte attorno all'azienda. I modelli sono testati con e senza le metriche ambientali per verificare se tali metriche migliorino i modelli stessi. Viene effettuata la validazione interna ed esterna dei modelli e viene esaminato il relativo impatto della scala confrontata con variabili sulla capacità discriminatoria del modello. I risultati dimostrano che per tutte le scale comprese, indipendentemente dal numero dei parametri inclusi, i modelli con le metriche ambientali incluse funzionano meglio di quelli senza le metriche ambientali incluse. Il modello con 1 km di buffer integra nel modo migliore sia la migliore scala di applicazione sia il miglior set di variabili. Tale modello possiede una buona capacità discriminante nonché buona sensibilità e specificità.*

#### **Parole chiave**

Ambiente, Bluetongue, Corsica, Epidemiologia, Sistema informativo geografico, Telerilevamento.

## **Introduction**

Landscape ecology focuses on the reciprocal interactions between spatial patterns and ecological processes (33). It covers a broad range of areas of inquiry, one of which relates to the quantification of the effects of landscape composition and structure of habitat. Such quantitative landscape approaches have been widely used to propose wildlife habitat conservation strategies (8, 29, 30), especially for bird communities (13, 17, 23, 27). Although an increasing number of epidemiological studies include land-use themes to identify and map environmental risk factors (6, 7, 10, 19), in most of cases the only variables tested are the presence or the percentage of surface of land-cover units. Metrics relative to other aspects of landscape composition (such as diversity) or to landscape structure (edge, shape, connectivity, etc.) are seldom used (1, 12, 15, 18, 22) although they can elucidate complex relationships between host, vector and reservoir ecologies. According to Ostfeld *et al.* (24), determining how often disease risk can be predicted from local conditions alone, and how often the landscape context modifies

or overrides the impact of local conditions are two major research challenges (24). We propose to test whether landscape ecology approaches can be useful in epidemiology in a context where little is known about the habitat and biology of the vector, taking bluetongue (BT) as a model. A previous study confirmed the potential of these landscape approaches for BT (11), but relevant landscape scales and related environmental features have yet to be identified.

BT is a vector-borne disease of ruminants transmitted by various species of *Culicoides* biting midges (Diptera: Ceratopogonidae). Since 1998, BT has spread in Europe, affecting both the Mediterranean Basin (Corsica, Italy, Portugal and Spain), Eastern Europe (Albania, Bosnia-Herzegovina, Bulgaria, Croatia, Greece, Kosovo, Republic of Macedonia, Serbia and Turkey) (14, 25) and, more recently, northern Europe (Belgium, continental France, Germany, the Netherlands and Luxembourg) (32). Recently, the first spatial process model developed on a fine scale and relying on geographic and climatic variables was used to identify potential infectious sites for BT in Italy (9). This model assigned equal weights to the eight variables, as follows: elevation, slope, aridity index, land use, animal density, soil type, temperature and normalized difference vegetation index (NDVI). In this study, we test a similar model developed for BT in Corsica, with a multiple fine-scale analysis, different remotely sensed environmental data sets and a statistical assignment of weights based on logistic regression modelling.

Environmental data obtained from a digital elevation model (DEM) and a high-resolution SPOT (*Satellite pour l'observation de la terre*) satellite image (10 × 10 m pixel) were used to characterise the neighbourhood of BT-free and BT-infected sheep farms in southern Corsica on three scales. The SPOT image was classified to obtain a land-cover map, from which the percentages of surface of land-cover units, as well as landscape metrics, were calculated. For all three scales, models developed with and without landscape metrics were compared to assess possible improvements derived from the use of landscape metrics. Validation of the

models was performed on the same data set and on a new set from the region of Ajaccio (Corsica) located 40 km north. Finally, the relative impact of scale versus variables on the discriminatory ability of the models was explored using this latter data set.

## Materials and methods

### Epidemiological data

The detailed method is presented elsewhere (16). Briefly, 80 sheep farms were integrated in a geographic information system (GIS) (ArcGIS® 8.3 software). The farms were classified as infected if a BT outbreak had been officially recorded between 2000 and 2003. The farms were classified into two groups according to their breeding systems (those with only sheep holdings and those where other livestock species were raised with sheep).

### Environmental data

The environment in the vicinity of the farms was characterised using three buffers sizes, namely: 0.5, 1 and 2 km referring to the flight range of *Culicoides variipennis* (21) (as the flight range of *C. imicola* remains unknown). From the DEM, four topographical variables were extracted, as follows: altitude, slope, aspect and sunshine. The length of rivers in the buffers was also calculated. A supervised object-oriented nearest neighbour classification was performed (eCognition® software) on the SPOT image. The land-cover map produced comprised nine classes, as follows:

- woodlands (composed of broadleaf forests and *maquis*, a local association of dense shrubs and trees)
- low shrublands (resulting from the disturbance of *maquis* by fire, human activities or significant exposure to wind or snow)
- coniferous forests
- open prairies
- prairies with tree cover
- cultivated land
- marshes
- impervious surfaces
- water.

The percentage of surfaces in the buffer zones occupied by each of the nine classes was calculated.

### Landscape data

The land-cover map was considered as a mosaic of vegetation patches which were characterised by calculating landscape metrics (Fragstats freeware). These metrics were selected to reflect different aspects of landscape ecology (area-density-edge, diversity, isolation-proximity and connectivity). The six following metrics were calculated for each buffer (regardless of the land-cover class):

- patch density
- landscape shape index (measuring the total length of edge divided by minimum length of edge possible for a maximally aggregated class)
- mean distance to neighbouring patches
- connectance index
- two diversity indexes: the patch richness density and Simpson's diversity index (full detailed information on these metrics is available on the Fragstats site at [www.umass.edu/landeco/research/fragstats/fragstats.html](http://www.umass.edu/landeco/research/fragstats/fragstats.html)).

Another two metrics were calculated for each of the nine land-cover classes: the number of patches and the landscape shape index (LSI) of each class.

### Analysis

As many variables were included in this study, a preliminary univariate screening analysis was performed using a 0.15 *p*-value. A stepwise logistic regression (Systat® software) was then performed to explain BT outbreak occurrence on the farms (dependent variable, *p*<0.1). Most landscape approaches only take into account the percentage of each land-cover class. To test whether the use of landscape metrics improved the accuracy of the models, models with and without landscape metrics were compared by calculating the corrected Akaike information criterion (cAIC). This criterion is used to compare non-nested models. It takes into account both goodness of fit and the complexity of the model (parsimony is favoured and over-parameterisation is penalised). Corrected AICs are used when the

ratio of  $n$  (number of observations) on  $K$  (number of parameters) is less than 40. The best model is the model with the smallest cAIC.

The three models with landscape metrics were validated internally and externally (i.e. on new environmental and epidemiological data sets). For external validation, environmental variables from a second SPOT image were extracted from buffer zones around sheep farms located in the Ajaccio region (situated 40 km north). The internal and external accuracy of the models were assessed by calculating the area under curve (AUC) of the receiver operating characteristics (ROC) curve (Stata® software). The ROC curve corresponds to the plot of sensitivity ( $y$ -axis) against (1-specificity) ( $x$ -axis). This accuracy metric measures the discriminatory ability of the models (28).

Finally, the relative impact of scale versus variables on the discriminatory ability of the models was explored by testing the three sets of variables on the three scales for the new data set from the Ajaccio region.

## Results

### Epidemiological data

The location and BT-status of the 80 sheep farms included in the study are shown in Figure 1. A total of 46 farms were considered as infected with BT and 34 as BT-free.

### Land-cover map of southern Corsica

The land-cover map is shown in Figure 2.

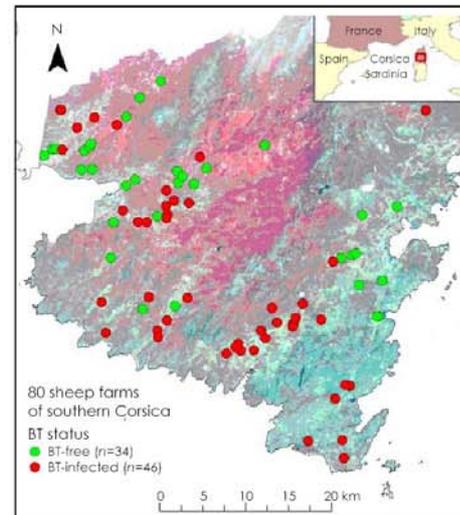
### Comparing models with and without landscape metrics

The models with and without landscape metrics and their evaluation (cAIC) are presented in Table I. For all three scales, the models with landscape metrics have the best cAIC, irrespective of the number of parameters.

### Validation of the three models with landscape metrics

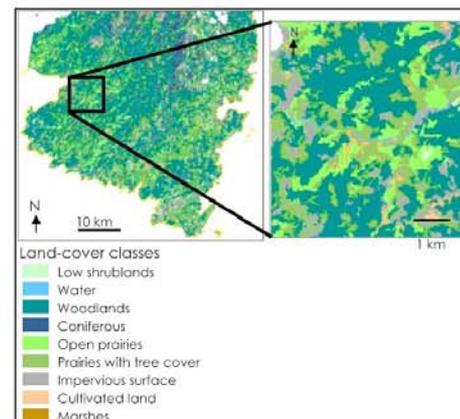
The internal validation of the three models with landscape metrics reveals that all three models have good to high accuracy of results.

As suggested by the overlap of the 95% confidence intervals, no statistically significant difference of accuracy was detected when testing the AUC of the ROC curves (in all cases  $p > 0.27$ ) (Table II).



Spot data/lis program, © CNES (2001), distribution Spot Image S.A.

Figure 1  
Location of bluetongue-free and bluetongue-infected sheep farms in southern Corsica



Spot data/lis program, © CNES (2001), distribution Spot Image S.A.

Figure 2  
Land-cover map of southern Corsica

Nevertheless, the 1-km buffer scale model may appear to be more valuable than the others since it combines good discriminatory abilities for both internal and external validations, as

Table I  
Variables included in the bluetongue models with and without landscape metrics for the three buffer areas

Models Type of Variables	0.5 km- buffers		1-km buffers		2-km buffers	
	Without landscape metrics	With landscape metrics	Without landscape metrics	With landscape metrics	Without landscape metrics	With landscape metrics
Farm attributes	Farm type	Farm type	Farm type	Farm type	Farm type	Farm type
Geography	Latitude	Latitude	Latitude		Latitude	Latitude
Topography			Sunshine	Sunshine	Sunshine Altitude	Sunshine
Land-cover classes	Prairies with tree cover (%) Open prairies (%)		Presence of low shrubland	Presence of low shrubland		
Landscape metrics		Patch richness density		LSI of impervious surfaces  LSI of open prairies LSI of woodlands		Number of patches of open prairies
cAIC	90.4	89.5	89.8	85.1	90.6	82.9

LSI landscape shape index  
cAIC corrected Akaike information criterion (the smaller the cAIC, the better the model)

Table II  
Internal and external validation of models with landscape metrics

Model evaluation		0.5-km buffers	1-km buffers	2-km buffers
Internal validation (southern Corsica, 80 farms)	AUC ROC curve	0.85	0.90	0.88
	95% CI	0.77-0.93	0.83-0.97	0.81-0.96
	Sensitivity (cut-off: 0.5)	87%	85%	87%
	Specificity (cut-off: 0.5)	62%	85%	68%
External validation (Ajaccio region)	Number of farms	151	134	130
	AUC ROC curve	0.73	0.81	0.77
	95% CI	0.65-0.81	0.74-0.88	0.69-0.85

AUC ROC curve area under curve of the receiver operating characteristics curve  
CI confidence interval

well as good sensitivity and specificity results (85%, cut-off point: 0.5).

### Testing the effects of the scale of application versus the set of variables

The results of the external evaluation (on the Ajaccio data set) of the three models with landscape metrics on the three scales are presented in Table III. Models A, B and C include three (farm type, latitude and patch richness density), six (farm type, sunshine, presence of low shrublands, LSI of impervious surfaces, LSI of open prairies and LSI of woodlands) and four (farm type, latitude,

sunshine and number of patches of open prairies) variables, respectively.

A comparison between columns shows the effect of the set of variables. Applied on the 0.5-km and 2-km buffers, model C (4-variable model) has the highest accuracy (it has the greatest ROC AUC). Applied to 1-km buffers, model B (6-variable model) has the highest accuracy. As there is no single best set of variables whatever the scale, the set of variables does not have a more important effect than the scale of application on the accuracy of the models.

**Table III**  
Effects of scales and variables on the discrimination ability of the models  
Models A, B, C include the variables of the 0.5-, 1- and 2-km buffer models with landscape metrics, respectively  
Variables of Model A: farm type, latitude, patch richness density  
Variables of Model B: farm type, sunshine, presence of low shrublands, landscape shape index (LSI) of impervious surfaces, LSI of open prairies, LSI of woodlands  
Variables of model C: farm type, latitude, sunshine and number of patches of open prairies

Scale of application on external data	AUC ROC curve		
	Model A	Model B	Model C
0.5-km buffers	0.734	0.746	0.773 (V)
1-m buffers	0.779 (S)	0.807 (S, V)	0.802 (S)
2-km buffers	0.767	0.757	0.769 (V)

AUC ROC curve area under curve of the receiver operating characteristics curve  
(V) best set of variables for the scale considered  
(S) best scale of application for the model considered

A comparison between lines shows the effect of the scale of application. For all three models tested (A, B and C), the most relevant scale of application is the 1-km buffer scale. The best scale of application is always the same whatever the set of variables, but the differences in accuracy of the models are not statistically significant. Therefore, the effect of the scale of application cannot be considered more important than the effect of the set of variables.

Although not significantly more accurate than the other models, the application of model B to the 1-km buffer scale combines both the best scale of application and the best set of variables.

Globally, the accuracy of the three models on the three scales are comparable (no significant differences) and can be considered as fair to good. As always, when differences are not statistically significant, the explanation might be that there are indeed no differences or that the data set is too small for differences to be detected.

## Discussion

The odds ratios and the biological significance (importance of latitude, open land-covers, fragmentation of the landscapes, etc.) of the

variables included in the model are not detailed here as they have been discussed elsewhere (16). We focused discussion on the methodological aspects of multiple fine-scale modelling and the potential improvements from the inclusion of landscape metrics.

### Fine-scale environmental variables

Previous studies have widely proved the potential of using low-resolution satellite imagery to model the distribution of BT vectors through the analysis of meteorological surrogates (2, 3, 4, 5, 26, 31). These studies rely on the fact that vectors are influenced by environmental factors, such as rainfall, temperature, humidity, etc. Meteorological surrogates cannot be obtained from high spatial resolution remote sensors but instead, these types of satellites may provide information on land cover and, in particular, vegetation. Vegetation type and distribution are also related to meteorological conditions and thereby influence vector populations as well as host populations. They can thus be used to model vector populations and the diseases they carry (6).

Only recently and for a few disease systems have landscape composition and structure been considered potentially important drivers of risk or incidence (24). This study shows that with a high-resolution image, new aspects of BT epidemiology can be explored. A wide range of variables were tested, and results show that landscape metrics can help to discriminate environments at risk of BT in Corsica, confirming that integrating landscape ecology with epidemiology may be valuable. As in all studies including numerous closely-related variables, great caution should be taken to identify and understand multi-collinearity effects.

### Multi-scale analysis

Multi-scale designs are generally recommended in landscape analysis to determine the sensitivity of land-cover metrics to the environmental processes under study (20). Moreover, this was essential as, in the case of BT, little is known about the flight dispersal capacity of *C. imicola*. Results show that for all three scales, the accuracy of the

models was good or high. Larger ranges of scales could be tested to determine if there is a threshold after which models become clearly less efficient, which would give an idea of the extent to which the environment may influence the presence of the vector. The 1-km model combines the best set of variables with the best scale of application and has good discriminating ability as well as sensitive and specific results. Nevertheless, the other scales should not be ruled out since accuracy results are not significantly different.

### Landscape metrics in epidemiology

For the three scales tested, and irrespective of the number of variables included, this study shows that in the case of BT, models that include landscape metrics provide a better fit than those that do not. These results are of major importance for entomological work, as the ecology of the vector has still only been described partially and further field work could be sampled based on landscape features. They also clearly support a wider use of landscape approaches to epidemiology. Indeed, landscape analysis approaches can be conducted whenever:

- landscape elements are critical to vector, host or reservoir population
- these elements can be detected at remote sensing scales (6).

The first condition is likely to be fulfilled for most, if not all, vector-borne diseases. The second condition is bound to become less restrictive as spectral, temporal and, in particular, spatial resolutions of satellite sensors evolve.

A similar approach based on vector distribution data instead of outbreak occurrence is being tested to assess the robustness of the results on variables and scales. This will also help determine whether vector-based models surpass disease-based models, vector presence being more closely linked to environmental conditions than

disease outbreak occurrence (which supposes the concomitant presence of the virus, vectors and susceptible animals).

## Conclusions

A multiple fine-scale satellite-derived approach was used to understand local distribution of disease outbreaks, taking the case of BT in southern Corsica. The usefulness of landscape metrics was shown, as whatever the scale considered, the inclusion of landscape metrics improved the models. Internal and external validation enabled the assessment of discriminating abilities of the models. Comparing the relative importance of scale versus variables showed that the model which offered the best validation results combined the best set of variables and the best scale of application. The methodology proposed here can be applied to wide range of diseases which are thought to be linked to environmental factors.

## Acknowledgments

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 the collection of data. The authors also thank V. Soti for her help during the field work.

## Grant support

The SPOT image was obtained with financial support of the ISIS (*Incitation à l'utilisation scientifique d'images SPOT*) programme of the *Centre national d'études spatiales* (CNES). This work was funded by an *ACI écologie quantitative* grant from the French Ministry of Research. Hélène Guis received a doctoral fellowship from the University of Franche-Comté and the Ministry of Research.

## References

1. Allan B.F., Keesing F. & Ostfeld R.S. 2003. Effect of forest fragmentation on Lyme disease risk. *Conserv Biol*, **17**, 267-272.
2. Baylis M., Bouayoune H., Toufi J. & El Hasnaoui H. 1998. 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*, **12**, 255-266.
3. Baylis M. & Rawlings P. 1998. Modelling the distribution and abundance of *Culicoides imicola* in Morocco and Iberia using climatic data and satellite imagery. *Arch Virol Suppl*, **14**, 137-153.
4. Baylis M., Meiswinkel R. & Venter G.J. 1999. 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*, **70**, 80-89.
5. Baylis M., Mellor P.S., Wittmann E.J. & Rogers D.J. 2001. Prediction of areas around the Mediterranean at risk of bluetongue by modelling the distributions of its vector using satellite imaging. *Vet Rec*, **149**, 639-643 +erratum *Vet Rec* 2002 **150** (13) 404.
6. Beck L.R., Rodríguez M.H., Dister S.W., Rodríguez A.D., Rejmankova E., Ulloa A., Meza R.A., Roberts D.R., Paris J.F., Spanner M.A., Washino R.K., Hacker C. & Legters L.J. 1994. Remote sensing as a landscape epidemiologic tool to identify villages at high risk for malaria transmission. *Am J Trop Med Hyg*, **51**, 271-280 ([www.ajtmh.org/cgi/content/abstract/51/3/271](http://www.ajtmh.org/cgi/content/abstract/51/3/271) accessed on 17 July 2007).
7. Bouyer J., Guerrini L., Desquesnes M., de la Rocque S. & Cuisance D. 2006. Mapping African animal trypanosomosis risk from the sky. *Vet Res*, **37**, 633-645.
8. Constible J.M., Chamberlain M.J. & Leopold B.D. 2006. Relationships between landscape pattern and space use of three mammalian carnivores in central Mississippi. *Am Midl Nat*, **155**, 352-362.
9. Conte A., Ippooliti C., Calistri P., Pelini S., Savini L., Salini R., Goffredo M. & Meiswinkel R. 2004. Towards the identification of potential infectious sites for bluetongue in Italy: a spatial analysis approach based on the distribution of *Culicoides imicola*. *Vet Ital*, **40**, 311-315.
10. De La Rocque S., Augusseau X., Guillobez S., Michel V., De Wispelaere G., Bauer B. & Cuisance D. 2001. The changing distribution of two riverine tsetse flies over 15 years in an increasingly cultivated area of Burkina Faso. *Bull Entomol Res*, **91**, 157-166.
11. De La Rocque S., Michel V., Plazenet D. & Pin R. 2004. Remote sensing and epidemiology: examples of applications for two vector-borne diseases. *Comp Immunol Microbiol Infect Dis*, **27**, 331-341.
12. Estrada-Peña A. 2002. Understanding the relationships between landscape connectivity and abundance of *Ixodes ricinus* ticks. *Exp Appl Acarol*, **28**, 239-248.
13. Fearer T.M. & Stauffer D.F. 2003. Relationship of ruffed grouse (*Bonasa umbellus*) home range size to landscape characteristics. *Am Midl Nat*, **150**, 104-114.
14. Gomez-Tejedor C. 2004. Brief overview of the bluetongue situation in Mediterranean Europe, 1998-2004. *Vet Ital*, **40**, 57-60.
15. Graham A.J., Danson F.M., Giraudoux P. & Craig P.S. 2004. Ecological epidemiology: landscape metrics and human alveolar echinococcosis. *Acta Trop*, **91**, 267-78.
16. 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-resolution imagery to characterize landscapes at risk for bluetongue. *Vet Res*, **38**, 669-683.
17. Hazler K.R., Amacher A.J., Lancia R.A. & Gerwin J.A. 2006. Factors influencing Acadian flycatcher nesting success in an intensively managed forest landscape. *J Wildl Manage*, **70**, 532-538.
18. Jackson L.E., Hilborn E.D. & Thomas J.C. 2006. Towards landscape design guidelines for reducing Lyme disease risk. *Int J Epidemiol*, **35**, 315-322.
19. King R.J., Campbell-Lendrum D.H. & Davies C.R. 2004. Predicting geographic variation in cutaneous leishmaniasis, Colombia. *Emerg Infect Dis*, **10**, 598-607.
20. Li H. & Wu J. 2004. Use and misuse of landscape indices. *Landsc Ecol*, **19**, 389-399.
21. Lillie T.H., Marquard W.C. & Jones R.H. 1981. The flight range of *Culicoides variipennis* (Diptera: Ceratopogonidae). *Can Entomol*, **133**, 419-426.
22. McKenzie J.S., Morris R.S., Pfeiffer D.U. & Dymond J.R. 2002. Application of remote sensing to enhance the control of wildlife-associated *Mycobacterium bovis* infection. *Photogramm Eng Remote Sens*, **68**, 153-159.

23. Magness D.R., Wilkins R.N. & Hejl S.J. 2006. Quantitative relationships among golden-cheeked warbler occurrence and landscape size, composition, and structure. *Wildl Soc Bull*, **34**, 473-479.
24. Ostfeld R.S., Glass G.E. & Keesing F. 2005. Spatial epidemiology: an emerging (or re-emerging) discipline. *Trends Ecol Evol*, **20**, 328-36.
25. Panagiotatos D.E. 2004. Regional overview of bluetongue viruses, vectors, surveillance and unique features in Eastern Europe between 1998 and 2003. *Vet Ital*, **40** (3), 61-72.
26. Purse B.V., Tatem A.J., Caracappa S., Rogers D.J., Mellor P.S., Baylis M. & Torina A. 2004. Modelling the distributions of *Culicoides* bluetongue virus vectors in Sicily in relation to satellite-derived climate variables. *Med Vet Entomol*, **18**, 90-101.
27. Rodewald A.D. & Vitz A.C. 2005. Edge- and area-sensitivity of shrubland birds. *J Wildl Manage*, **69**, 681-688.
28. Rogers D.J. 2006. Models for vectors and vector-borne diseases. *Adv Parasitol*, **62**, 1-35.
29. Rogers D.S., Belk M.C., Gonzalez M.W. & Coleman B.L. 2006. Patterns of habitat use by bats along a riparian corridor in northern Utah. *Southwest Nat*, **51**, 52-58.
30. Schadt S., Revilla E., Wiegand T., Knauer F., Kaczensky P., Breitenmoser U., Bufka L., Cerveny J., Koubek P., Huber T., Stanisa C. & Trepl L. 2002. Assessing the suitability of central European landscapes for the reintroduction of Eurasian lynx. *J Appl Ecol*, **39**, 189-203.
31. Tatem A.J., Baylis M., Mellor P.S., Purse B.V., Capela R., Pena I. & Rogers D.J. 2003. Prediction of bluetongue vector distribution in Europe and North Africa using satellite imagery. *Vet Microbiol*, **97**, 13-29.
32. Thiry E., Saegerman C., Guyot H., Kirten P., Losson B., Rollin F., Bodmer M., Czaplicki G., Toussaint J.F., De Clercq K., Dochy J.M., Dufey J., Gillemann J.L. & Messeman K. 2006. Bluetongue in northern Europe. *Vet Rec*, **159**, 327.
33. Turner M.G. 2005. Landscape ecology: What is the state of the science? *Ann Rev Ecol Evol Syst*, **36**, 319-344.

## MODELISATION DES MALADIES VECTORIELLES\*

**Annelise Tran<sup>1</sup>, Fabienne Biteau-Coroller<sup>2</sup>,  
Hélène Guis<sup>1,3</sup> et François Roger<sup>2</sup>**

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

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

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

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

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

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



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

<sup>1,2</sup> CIRAD, département Elevage et Médecine Vétérinaire, Unité Epidémiologie et Ecologie des Maladies Animales

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

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

<sup>3</sup> Equipe Santé et environnement rural Franche-Comté (EA 2276), Université de Franche-Comté  
CHU St Jacques, 2 place St Jacques 25030 Besançon France

## I - INTRODUCTION

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

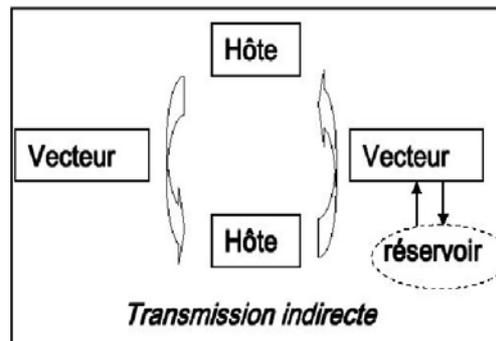
D'autre part, aujourd'hui, nombre de maladies émergentes<sup>3</sup> du fait notamment des changements écologiques tels le réchauffement climatique et la modification des écosystèmes, sont des maladies à transmission vectorielle. En effet, ces maladies

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

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

Figure 1

Schéma de la transmission d'une maladie vectorielle



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

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

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

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

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

Différents types de modèles ont ainsi été développés pour les maladies vectorielles, parmi lesquels les modèles géographiques, pouvant être utilisés pour décrire la distribution des vecteurs en fonction de conditions environnementales [Hay *et al.*, 1996] [Kitron, 1998] [Thomson *et al.*, 2000], et les modèles épidémiologiques liés au calcul de la capacité vectorielle<sup>4</sup> et du taux de reproduction de base<sup>5</sup> ( $R_0$ ) de la maladie [Garrett-Jones, 1964a] [Dye, 1992] [Lord *et al.*, 1996].

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

---

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

---

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

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

Les modèles peuvent généralement être classés en deux grandes catégories :

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

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

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

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

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

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

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

## 2. LES MODELES GEOGRAPHIQUES

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

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

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

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

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

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

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

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

### 3. LES MODELES EPIDEMIOLOGIQUES DE LA TRANSMISSION

#### 3.1. PRESENTATION GENERALE

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

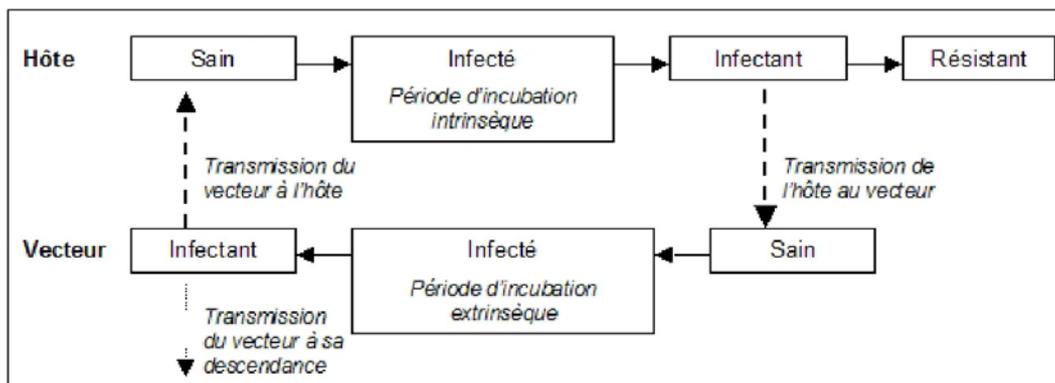
maladie et, en particulier, d'évaluer, à partir de conditions initiales données, le nombre de nouveaux cas attendus, ainsi que d'identifier parmi différents facteurs les déterminants de la transmission.

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

Figure 2

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

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



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

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

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

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

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

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

### 3.2. CALCUL DE LA CAPACITE VECTORIELLE

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

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

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

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

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

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

avec  $m$  le nombre de vecteurs par hôte ;

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

---

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

---

### 1. CONTEXTE

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

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

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

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

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

#### 1.3. MODELISATION DE LA FCO

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

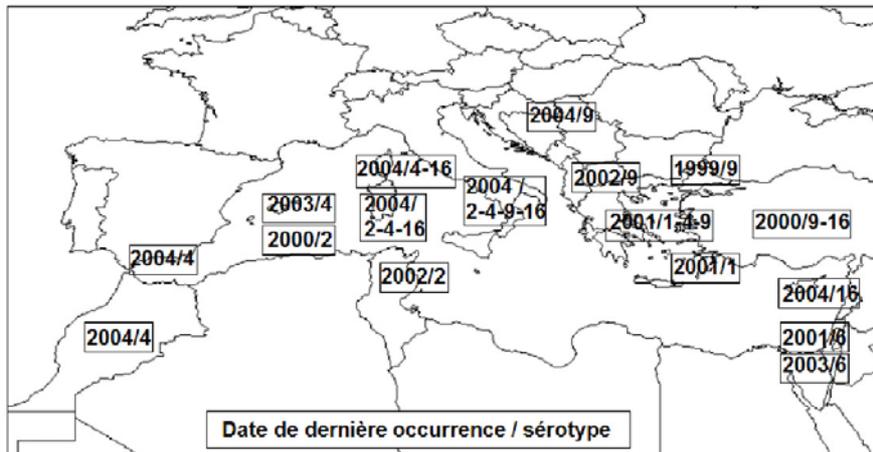
Les questions posées actuellement par cette maladie dans le bassin méditerranéen concernent principalement la dynamique du moucheron *C. imicola* : quelles sont les voies de diffusion de ce vecteur et quelles sont les conditions environnementales favorables à son installation ?

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

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

Figure 3

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

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

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

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

### 2.1. ECHELLE CONTINENTALE

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

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

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

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

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

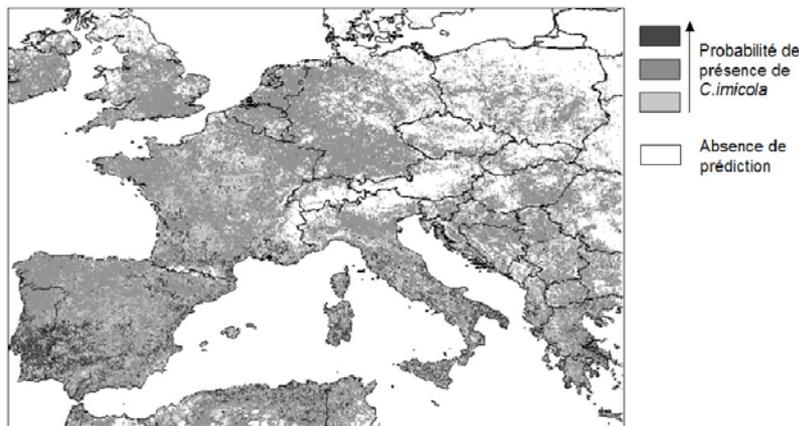
<sup>12</sup> La réflectance est le rapport de l'énergie réfléchie par un objet dans une longueur d'onde à l'énergie reçue du soleil par cet objet dans la même longueur d'onde.

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

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

Figure 4

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



## 2.2. ECHELLE LOCALE

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

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

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

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

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

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

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

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

### 2.3. LIMITES

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

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

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

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

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

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

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

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

Variables	Définition	Techniques de recueil des données utilisées
Ma	Nombre de moucheron femelles par hôte et par nuit	- Capture sur appâts - Piège lumineux
PR	Taux de parturité <sup>14</sup>	- Diagnose des femelles pares piégées
Pf	Index de préférence trophique (ici de <i>C. imicola</i> pour les ovins)	- Captures sur appâts, analyse des repas sang des individus gorgés - Dires d'expert
Gc	Durée du cycle gonotrophique	- Elevage du vecteur en laboratoire - Données publiées - Dires d'expert
A	Nombre de repas sanguins pris sur les ovins par vecteur et par jour	- Estimation indirecte : Pf/gc
P	Taux de survie journalier	- Estimation indirecte : $PR^{1/gc}$ - Infections expérimentales du vecteur
N	Durée du cycle extrinsèque du virus <sup>15</sup>	- Données publiées - Dires d'expert

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

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

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

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

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

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

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

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

### 3.2. ANALYSE DE SENSIBILITE

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

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

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

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

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

### 3.3. DEFINITION DES PROTOCOLES ET RESULTATS ATTENDUS

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

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

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

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

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

### 3.4. LIMITES

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

---

#### IV - DISCUSSION ET PERSPECTIVES

---

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

---

## V - CONCLUSION

---

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

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

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

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

---

**BIBLIOGRAPHIE**


---

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

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

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



### Remerciements

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

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

Par Guillaume Gerbier<sup>1</sup>, Fabienne Biteau-Coroller<sup>1</sup>, Hélène Guis<sup>1,2</sup>,  
 Annelise Tran<sup>1</sup>, Stephan Zientara<sup>3</sup> et Thierry Baldet<sup>1</sup>

<sup>1</sup> CIRAD, UR16 épidémiologie et écologie des maladies animales  
 Campus international de Baillarguet TA A-16 34398 Montpellier Cedex 5

<sup>2</sup> SERF-Université de Franche-Comté, DIM du CHU St Jacques, 2 place St Jacques 25030 Besançon

<sup>3</sup> UMR 1161 AFSSA/INRA/ENVA, 22 rue Pierre Curie, 94 703 Maisons-Alfort  
 gerbier@cirad.fr

## ... Fièvre catarrhale ovine : Le point sur l'épidémiologie en Europe fin 2006

Sept ans après l'émergence de la fièvre catarrhale ovine en Corse, la FCO est plus que jamais d'actualité en France et en Europe.

Retour d'expérience alors qu'un nouveau sérotype pourrait réémerger dans le Nord et qu'un autre menace la Corse.

### RÉSUMÉ

Depuis son apparition en 2000, quatre sérotypes de fièvre catarrhale ovine (FCO) ont été isolés en France : trois en Corse et un dans le Nord de la France. Huit ans après la première émergence, plusieurs leçons peuvent être dégagées. La répartition géographique des différentes souches apparues dans la zone euro-méditerranéenne permet de distinguer trois systèmes épidémiologiques indépendants. Au sein de ces systèmes, la capacité des insectes à transmettre la maladie est fonction de nombreux paramètres liés à l'hôte vertébré, à la souche virale et à l'insecte lui-même. Ces systèmes fonctionnant de façon différente, les approches de surveillance et de lutte contre la FCO doivent être adaptées.

La fièvre catarrhale ovine (FCO) ou « *bluetongue* » est une maladie animale vectorielle qui affecte les ruminants, transmise par des femelles de moucheron piqueurs du genre *Culicoides* sp. La FCO fait partie des maladies à déclarer à l'Office International des Epizooties. De ce fait, outre son impact clinique sur les animaux sensibles, elle induit des perturbations importantes dans le commerce des animaux et de leurs produits dans la mesure où les pays importateurs peuvent exiger que les animaux ou leurs produits proviennent de zones officiellement qualifiées d'indemne. Avant 1998, la FCO était considérée comme une maladie exotique pour l'Europe. Avec l'émergence de cette maladie dans le Sud puis dans le Nord du bassin méditerranéen, il semble maintenant acquis que cette maladie s'est installée dans le pourtour méditerranéen. En août 2006, la maladie est apparue au Nord de l'Europe avec la déclaration de cas de FCO en Belgique, puis aux Pays-Bas, dans l'Ouest de l'Allemagne, dans le Nord de la France puis enfin au Luxembourg. L'objectif de cet article est de faire le point sur les connaissances épidémiologiques disponibles à la fin de 2006.

### Historique de la maladie

La FCO est une maladie connue depuis relativement longtemps puisqu'elle a été identifiée pour la première fois en 1902 (6) en

Afrique du Sud. Vraisemblablement, l'infection était présente depuis des siècles mais elle n'a été révélée qu'à l'occasion de l'importation d'animaux sensibles (des mérinos dans ce cas) dans la colonie du Cap à la fin du 19<sup>e</sup> siècle. Depuis, on considère que la maladie est enzootique dans une grande partie de la zone inter-tropicale. La limite supérieure de distribution oscille entre 40° et 50° de latitude Nord et 20° et 30° de latitude Sud. Les exemples des Etats-Unis et de l'Australie sont intéressants dans la mesure où on peut observer dans ces pays à la marge de la zone enzootique des variations de la distribution de la FCO d'année en année.

Le premier foyer identifié en dehors d'Afrique l'a été en Europe, à Chypre, en 1943 (8). Avant 1998, on considérait que la maladie pouvait seulement faire des incursions périodiques en Europe. La FCO a ainsi été déclarée en Israël (1944), au Portugal, en Espagne (1956). En 1979, une vague épizootique a touché l'île de Lesbos. Cette souche du sérotype 4 provenait vraisemblablement d'Asie mineure dont Lesbos est très proche (10-20 km). Depuis 1998, l'Europe et le pourtour du bassin méditerranéen ont subi des incursions de multiples sérotypes de FCO : l'Est du bassin méditerranéen est touché en 1998, l'Ouest du bassin méditerranéen en 2000, et le Nord de l'Europe en 2006. Ces trois zones correspondent à trois systèmes épidémiologiques de transmission virale.

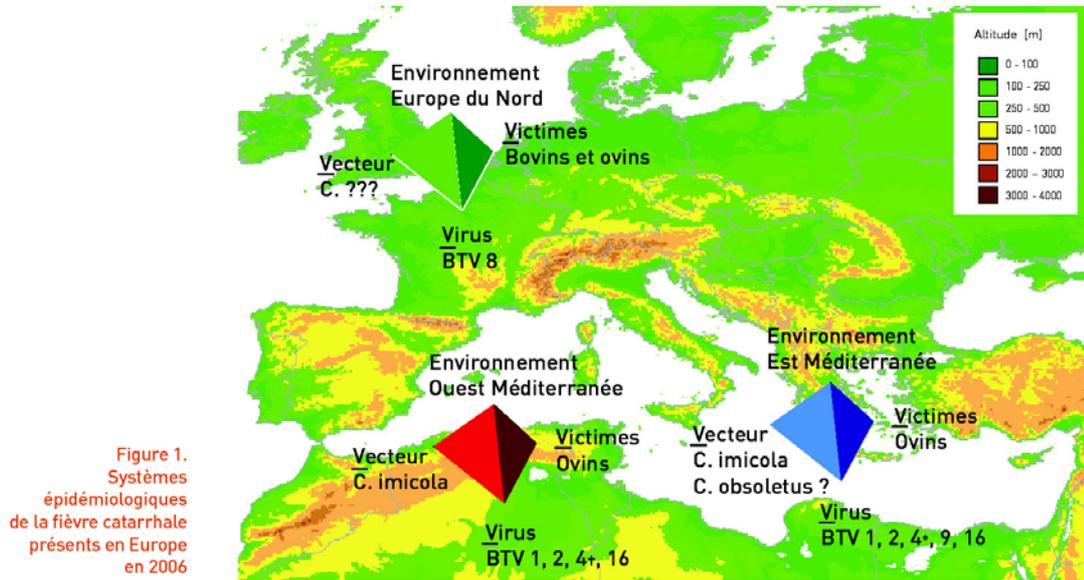


Figure 1. Systèmes épidémiologiques de la fièvre catarrhale présents en Europe en 2006

### Trois systèmes épidémiologiques différents en Europe

Au vu de la répartition spatiale des vecteurs avérés ou potentiels de la FCO et des différents sérotypes de FCO autour de la Méditerranée et en Europe, au moins trois systèmes épidémiologiques de transmission virale peuvent être distingués (Figure 1). Le système épidémiologique est vu ici comme un triptyque d'acteurs nécessaires (vecteurs/sérotypes/hôtes) pour que la circulation virale ait lieu.

#### Premier système : Est méditerranéen

Le premier système peut être identifié à partir de 1998 lorsque des foyers dus au sérotype 9 sont détectés dans les îles grecques de Rhodes, Kos, Samos et Leros. La même souche est ensuite dépistée en Bulgarie, Turquie, Grèce continentale, Serbie et Monténégro, Macédoine, Croatie et Italie. Par la suite, en 1999, 2000 et 2001, d'autres souches (sérotypes 1, 4 et 16) sont isolées. Enfin, en 2006, une souche du sérotype 15 est isolée en Israël. Ces souches ont une origine orientale (sérotypes 16, 9, 1 et 15) en provenance du Moyen-Orient ou de zones situées plus à l'est. Dans ce système épidémiologique, outre *C. imicola*, d'autres vecteurs sont suspectés (*C. obsoletus/scoticus* et *C. pulicaris*), là où *C. imicola* n'est pas présent, comme dans les Balkans par exemple.

#### Deuxième système : Ouest méditerranéen

Le deuxième système situé dans l'Ouest méditerranéen a pour principal vecteur *C. imicola*.

Les sérotypes 2, 4, 16 et 1 (dans l'ordre chronologique d'émergence) sont impliqués dans ce système. En 1999, alors que les dernières traces de FCO découvertes au Maghreb dataient de 1989 au Maroc, la FCO (sérotype 2) émergeait en Algérie puis en Tunisie. Par la suite, la maladie s'est propagée dans les îles de l'ouest de la Méditerranée (Sicile, Sardaigne, Corse, îles Baléares) ainsi qu'au sud de la péninsule italienne en 2000. En 2003, une autre souche (sérotype 4) s'est propagée en Sicile, Sardaigne, Corse et à Majorque. En 2004 cette fois, le sérotype 16 touchait la Sardaigne et la Corse alors que le sérotype 4 apparaissait au Maroc puis dans le Sud de l'Espagne et du Portugal. Enfin, en 2006, une nouvelle souche de sérotype 1 a été déclarée en Algérie puis au Maroc, en Tunisie et en Sardaigne (5).

#### Troisième système : Europe du Nord

En 2006, à la surprise générale, un troisième (et dernier dans l'ordre d'apparition) système épidémiologique émerge en Europe du Nord avec une souche de sérotype 8 d'origine subsaharienne occidentale et des insectes vecteurs à ce jour non complètement identifiés. Le sérotype 8 de la FCO est tout d'abord détecté aux Pays-Bas dans la région frontalière de Maastricht. L'infection a ensuite été découverte en Belgique, dans l'ouest de l'Allemagne puis en France et au Luxembourg (3). Une des particularités de ce système est que, contrairement aux deux autres, une part non négligeable de bovins exprime des signes cliniques lorsqu'ils sont infectés par ce sérotype 8. Trois espèces locales de *Culicoides* sont considérées comme des candidats vecteurs :

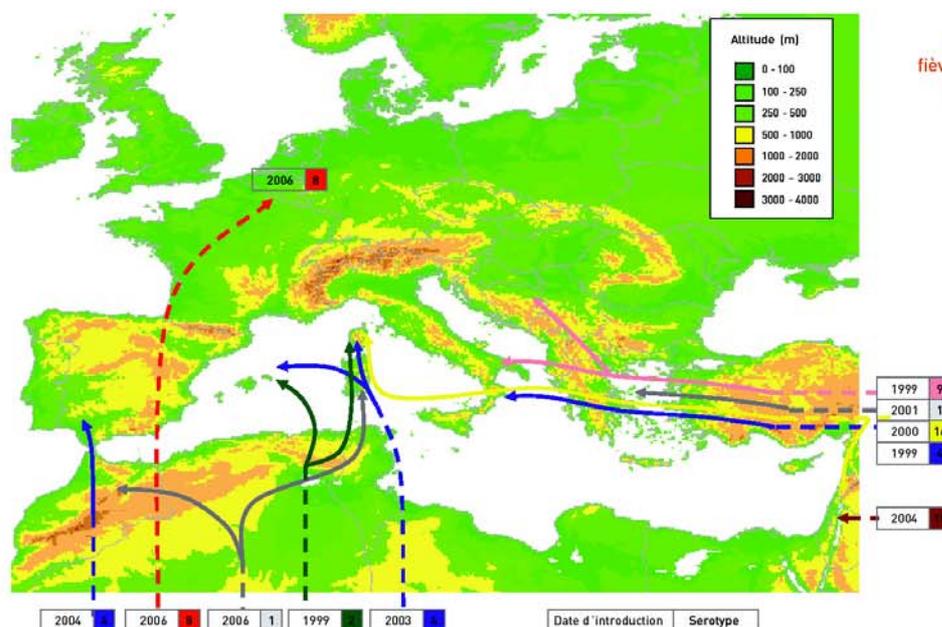


Figure 2.  
Introductions de la  
fièvre catarrhale ovine  
entre 1999 et 2006

*C. dewulfi*, *C. obsoletus/scoticus*.

Il reste à identifier :

1. les conditions dans lesquelles ces vecteurs potentiels pourraient transmettre ;
2. les risque de réoccurrence du sérotype 8 ;
3. le risque futur lié à d'autres sérotypes.

### Origines des souches virales circulant dans les 3 systèmes épidémiologiques

Les études phylogénétiques du virus (7) et le sérotypage des souches montrent que les sérotypes impliqués dans ces trois systèmes épidémiologiques sont indépendants et ont des origines différentes (Figure 2) et que les voies d'introduction des souches sont les mêmes au sein d'un même système. Ainsi, par l'analyse du segment 1 du génome viral, il a été démontré que les souches présentes dans le deuxième système épidémiologique (Ouest du bassin méditerranéen) avaient toutes une origine occidentale (Afrique ou Amérique). En outre, c'est l'origine subsaharienne du sérotype en cause dans le nord de l'Europe qui a permis de démontrer que cet épisode n'avait pas de rapport avec ce qui s'était déroulé en Méditerranée depuis 1998.

Les deux voies d'invasion de la FCO par l'Est et l'Ouest de la Méditerranée sont corroborées par des études de génétique des populations de *C. imicola*. En effet, les populations de *C. imicola* de l'Ouest méditerranéen ont pu être rapprochées avec celles présentes en Afrique du Nord et les populations de l'Est méditerranéen avec celles d'Asie.

### Stabilité des systèmes et implications en termes de lutte

L'évolution de ces systèmes épidémiologiques doit être analysée sur des échelles de temps longues et en les comparant à des exemples antérieurs. Il est finalement possible de proposer de classer les systèmes épidémiologiques de la FCO en deux catégories : les systèmes stables et les systèmes instables donc sporadiques. Dans un système stable, la maladie est enzootique et la circulation virale peut être complètement inapparente. La maladie ne s'exprime alors qu'à l'occasion de l'importation d'animaux susceptibles comme cela a été le cas en Afrique du Sud au 19<sup>e</sup> siècle. Dans ce pays, 17 des 24 sérotypes de la FCO sont présents. Néanmoins, pour protéger les races ovines les plus sensibles (races à laine), trois vaccins pentavalents sont utilisés. Ils permettent de limiter l'expression des signes cliniques mais l'éradication de la FCO est considérée comme virtuellement impossible. A l'inverse, l'Espagne et le Portugal infectés en 1957 et, plus récemment le cas des îles Baléares en 2003, sont des exemples de systèmes sporadiques. Dans ces deux épisodes, des conditions locales, par exemple des hivers relativement rigoureux au centre de la péninsule ibérique d'une part et l'insularité d'autre part, ont pu rendre le système instable et permettre l'éradication en utilisant la vaccination massive au moyen d'un vaccin vivant atténué. L'éradication de la maladie en milieu tempéré est donc possible. Elle reste cependant difficile comme le montre la situation actuelle en Sardaigne où quatre sérotypes continuent de circuler. Une

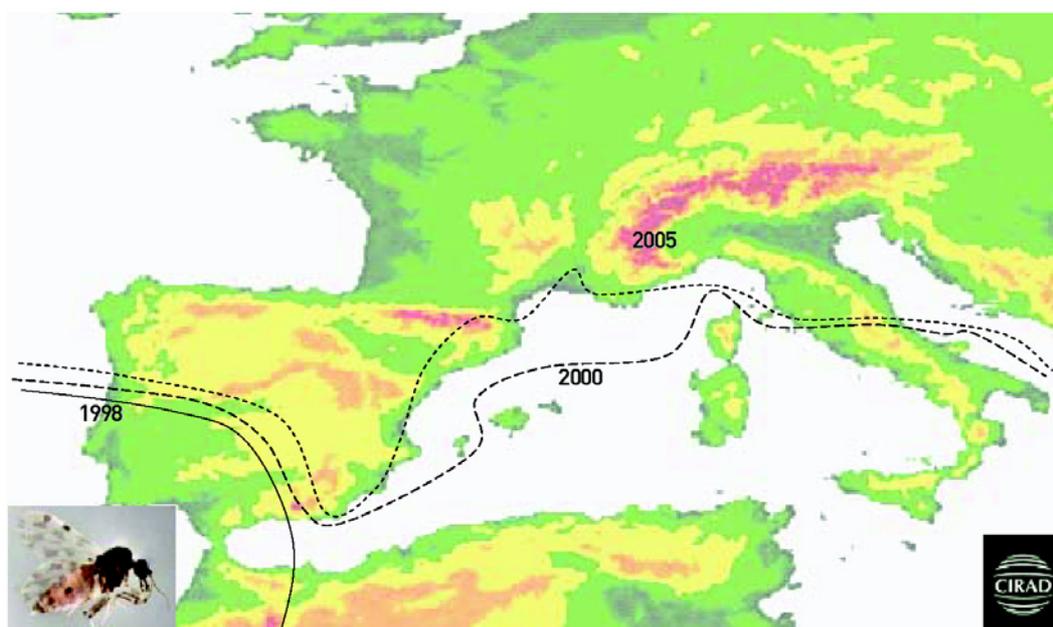


Figure 3. Evolution de la distribution de *Culicoides imicola* en Méditerranée entre 1999 et 2006

situation intermédiaire entre l'enzootie et l'éradication possible est celle de la vallée de l'Okanagan au Canada (2) où la maladie présente un profil sporadique. Dans cette zone septentrionale (49° de latitude Nord) frontalière avec les Etats-Unis, la maladie ne semble pas persister et occasionne des incursions irrégulières (1987, 1988, 1998). Ce dernier exemple pourrait être mis en parallèle avec la situation actuelle en Europe du Nord.

### Bilan de la situation épidémiologique en France fin 2006

En France, fin 2006, deux systèmes épidémiologiques distincts co-existent en Métropole et si la gestion de la FCO doit être vue sur certains aspects dans sa globalité, il est nécessaire d'adapter la surveillance à ces spécificités épidémiologiques voire aux contraintes et attentes des différents types d'élevage concernés en fonction des zones.

Au Sud, deux niveaux de risque ont été définis en fonction de la présence ou non du virus : on distingue ainsi la Corse de la zone du Var. En Corse, des foyers de FCO liés à différents sérotypes sont apparus entre 2000 et le premier semestre 2005. Bien qu'aucun foyer clinique n'ait été détecté depuis, la surveillance sérologique (mise en place sur des troupeaux sentinelles et sur les veaux de moins d'un an à l'abattoir) montre que certains sérotypes (4 et 16) circulent toujours à bas bruit. En outre, la FCO continue de circuler en Sardaigne (sérotypes 1, 2, 4 et 16). Les campagnes de vaccination sont donc maintenues. Les résultats de la surveillance entomologique ont montré une

reprise d'activité précoce des populations de vecteurs en 2007. Ce constat est sans doute à relier avec un hiver 2006-2007 qualifié de «doux» et montre qu'il est primordial de mieux identifier et comprendre les relations entre les facteurs climatiques et la dynamique de populations de vecteurs afin de mieux anticiper les risques. Dans le Var, le vecteur est présent depuis peu (2004) mais jusqu'à présent le virus n'a pas réussi à s'introduire. Une surveillance entomologique est en place sur le littoral méditerranéen français et la zone frontalière avec l'Espagne afin de détecter d'éventuelles introductions du vecteur principal et/ou l'expansion de la population présente dans le Var.

Dans le nord de la France, à la date du 31/12/2006, six cas de FCO (sérotypage 8) ont été détectés dans les départements des Ardennes et du Nord. Par comparaison avec les plus de 2000 foyers déclarés dans les trois autres pays touchés, la circulation de ce sérotypage en France a été très limitée. A l'occasion de tests sérologiques, d'autres cheptels ont été identifiés début 2007 comme ayant été le théâtre d'une circulation virale en 2006 sans que des signes cliniques n'aient été signalés. Une surveillance entomologique a été mise en place afin de suivre l'activité des vecteurs potentiels et de mieux comprendre cette nouvelle (et encore mystérieuse à bien des égards) épizootie.

### Modes de propagation

La propagation de la FCO d'une zone à l'autre suit schématiquement deux voies : via les mouvements d'animaux ou de produits (se-

mences et embryons) infectés ou via des insectes infectés. A partir d'un point d'introduction, on constate que la propagation se fait essentiellement de proche en proche. Sous conditions que la situation entomologique soit comparable, il est alors possible de considérer qu'une zone indemne proche d'une zone infectée est plus à risque.

La propagation par les animaux infectés est conditionnée par la durée de la virémie chez l'animal et l'existence de vecteurs compétents et capables dans la zone d'arrivée. La virémie chez l'hôte vertébré varie en fonction des espèces et du sérotype. Que la propagation se fasse par des animaux ou des insectes infectés, *in fine*, la transmission de l'infection s'effectue par la piqure de femelles moucheron infectantes, c'est-à-dire par des femelles qui se sont gorgées de sang sur des hôtes virémiques et ont survécu pendant la durée nécessaire pour que le virus soit présent dans les glandes salivaires (période d'incubation extrinsèque). Ensuite, ces femelles resteront infectantes tout le reste de leur vie (en général quatre semaines). Ainsi, une notion importante de l'épidémiologie de la FCO est le délai nécessaire pour que la transmission biologique ait lieu à partir d'un cas introduit. A cela s'ajoute le délai d'incubation propre à l'animal hôte et le délai nécessaire pour l'apparition des signes cliniques. Au final, si on additionne les temps biologiques nécessaires pour l'émergence d'un nouveau cas à partir d'un hôte virémique introduit et le temps nécessaire pour la déclaration d'un cas suspecté par l'éleveur, il peut s'écouler plus de deux semaines entre l'introduction d'un animal virémique et l'identification d'un cas par un réseau d'alerte basé strictement sur la détection clinique des cas. Ce temps est un peu moins long si un insecte infecté ou infectant est introduit.

En pratique, dans le cadre d'une propagation locale, il est très difficile de distinguer la part de la propagation liée au vol actif d'insectes infectants de celle liée aux mouvements d'animaux dans des zones d'activité de vecteurs infectés. Pour de plus longues distances de propagation, notamment au-dessus de la mer, de nombreux éléments laissent penser que la propagation s'effectue préférentiellement par le transport passif par le vent d'insectes infectés. La propagation de la FCO depuis la Sardaigne vers la Corse en est un exemple (4).

### Vecteur et environnement

A l'occasion des émergences de FCO en Méditerranée, de nombreuses enquêtes entomologiques ont été menées. Elles ont permis de compléter l'inventaire des espèces de Culicoides présents autour de la Méditerranée. Dans une majorité de cas, *C. imicola* a été identifié dans

les zones infectées. La plupart du temps il s'agit de la première identification de cette espèce d'origine subsaharienne dans ces zones (mais il est impossible de connaître la date exacte d'introduction de cet insecte). On peut observer que la zone de distribution de *C. imicola* correspond quasi parfaitement à la zone de répartition de la FCO dans l'Ouest Méditerranéen (Figure 3).

Jusqu'en 2006, on considérait en Europe de l'Ouest que la présence du vecteur *C. imicola* était une condition nécessaire et suffisante pour la transmission de la maladie (dans la mesure où le virus était introduit dans la zone). Ceci s'explique en partie par le fait que dans les zones où *C. imicola* est présent, les conditions (températures, pic d'abondance, etc.) sont également favorables à la transmission du virus par ces femelles moucheron. Plusieurs autres espèces autochtones avaient néanmoins été décrites comme des vecteurs potentiels ou mineurs (*C. obsoletus*, *C. pulicaris* notamment). Cette notion de vecteur « mineur » était expliquée par l'absence de foyers dans des zones où *C. imicola* est absent et ces insectes sont présents. Ce raisonnement « présence d'un vecteur = zone plus à risque » s'applique toujours au système épidémiologique Ouest Méditerranéen et particulièrement à la Catalogne espagnole et à la vallée française de l'Argens où *C. imicola* s'est récemment installé.

Depuis l'introduction et la diffusion du sérotype 8, il faut considérer que, dans cette zone, la présence d'un insecte vecteur avéré est toujours évidemment nécessaire mais que ceci n'est vraisemblablement pas suffisant. Il faut alors tenir compte d'autres facteurs extrinsèques (température, humidité) ou des facteurs entomologiques (abondance de l'insecte, préférence trophique, taux de survie). Ces facteurs sont inclus dans la notion de capacité vectorielle. Dans l'appellation « vecteur » donnée à un insecte, deux notions sont imbriquées : la « compétence vectorielle » de l'insecte et la « capacité vectorielle » (CV) de la population d'insecte. La compétence, mesurée en laboratoire, s'intéresse à l'aptitude de l'insecte à s'infecter, à amplifier et à transmettre le virus. Elle est mesurée par infection expérimentale: on fait gorgier l'insecte sur un repas de sang infecté avec une concentration suffisante. La compétence correspond à la proportion d'insectes chez lesquels le virus est retrouvé dans les glandes salivaires après une période d'incubation dite extrinsèque (de l'ordre de 7 à 10 j à 24 °C). De manière plus qualitative, il est possible d'observer si l'insecte transmet le virus lorsqu'il pique un hôte sain. La capacité vectorielle, quant à elle, mesure le potentiel de transmission *in*

*situ* du virus en incorporant des données sur la dynamique de la population d'insecte (abondance, préférence trophique, survie de l'insecte, etc.). Mathématiquement, la capacité mesure le nombre moyen d'inoculations probables transmises par hôte et par unité de temps.

La compétence est une notion liée à des facteurs génétiques. Pour une population d'insecte donnée, un sérotype donné et une température donnée, elle synthétise la relation virus-insecte. La capacité incorpore l'ensemble des paramètres entomologiques intervenant dans la transmission du virus dans une zone donnée. Affirmer qu'un insecte est compétent ne suffit pas, il faut que, dans la zone en question, la population d'insecte en soit capable. Ces deux notions sont ainsi très liées. Au final cependant, c'est la capacité vectorielle d'une population d'insecte qui définit son statut de vecteur (définition de l'OMS) ou non. On observe en effet pour certains sérotypes les situations suivantes (8) :

- *C. imicola* est peu compétent mais très capable car, notamment, son pic d'abondance des femelles paires (femelles âgées ayant déjà piqué au moins une fois) coïncide avec des conditions de

température et d'hygrométrie favorables à la transmission,

- *C. sonorensis* aux Etats-Unis est très compétent et très capable,

- *C. brevitarsis* en Australie est peu compétent mais sa dynamique de populations compense sa faible compétence et le rend très capable,

- *C. bolitinos* est plus compétent que *C. imicola* en Afrique du Sud mais apparaît moins capable *in fine* en conditions naturelles.

## Conclusion

La vision de la FCO en Europe a fortement évolué au cours de ces dix dernières années. De maladie exotique, la FCO est devenue une maladie émergente pour la Méditerranée puis pour l'Europe du Nord. Mi-2006 (c'est-à-dire avant l'apparition de la FCO en Europe du Nord), il était possible de considérer que la zone d'extension de la FCO vers le nord était stabilisée et que les principaux changements étaient liés à l'introduction de nouveaux sérotypes à l'intérieur de cette zone. Si la FCO semble maintenant s'être stabilisée en Méditerranée et constitue un cas d'émergence «réussie», il est difficile à l'heure actuelle de savoir si le système épidémiologique en Europe du Nord perdurera ou s'il est trop fortement lié aux conditions climatiques très particulières observées en 2006.

D'autres questions restent posées : quelles sont les origines exactes de tous ces sérotypes récemment introduits ? Quels autres sérotypes peuvent émerger ? Quels sont les insectes impliqués dans cette épizootie et quelles conditions expliquent cette capacité inattendue à transmettre ? Si les connaissances sur l'épidémiologie de la FCO dans le contexte européen ont progressé depuis les premiers cas identifiés dans le bassin méditerranéen, il reste de nombreux points d'interrogations à éclaircir qui nécessitent la mise en place d'une collaboration européenne forte non seulement pour la gestion des crises sanitaires mais aussi pour la recherche appliquée (dynamique des vecteurs, facteurs expliquant cette dynamique, liens avec les élevages etc.). Ainsi, si l'expérience acquise lors des différentes épizooties a permis d'améliorer à la fois les protocoles de surveillance et les méthodes de lutte contre cette maladie, d'importants travaux de recherche restent à conduire pour prédire par exemple les conditions favorables à l'émergence. Différentes options de surveillance et de lutte existent mais nécessiteraient d'être discutées de manière concertée et objective entre les différents partenaires concernés par la gestion de la FCO à l'échelle européenne.

## BIBLIOGRAPHIE

- 1 - BITEAU-COROLLER F. *Surveillance et évaluation du risque de transmission des maladies vectorielles émergentes : apport de la capacité vectorielle. Exemple de la fièvre catarrhale du mouton. Thèse Montpellier II: Montpellier. 2006:260pp.*
- 2 - CLAVIJOA, MUNROE F, ZHOU EM et coll. *Incursion of bluetongue virus into the Okanagan Valley, British Columbia. Can Vet J. 2000;41(4):312-314.*
- 3 - ELBERS A, MINTIENS K, STAUBACH C et coll. *Bluetongue virus serotype 8 epidemic in North-Western Europe in 2006: preliminary findings. In: Society for Veterinary Epidemiology and Preventive Medicine (SVEPM). 28-30 mars 2007. Helsinki.*
- 4 - GERBIER G, BITEAU-COROLLER F, GRILLET C et coll. *A description of the outbreak of Bluetongue (BTV 4) in Corsica in 2003: lessons for surveillance. Vet. Record, 2007:In Press.*
- 5 - GERBIER G, PARODI J, BITEAU-COROLLER F, BALDETT, MATHIEU B, ZIENTARA S, CETRE-SOSSAH C, ROGER F. *Surveillance de la Fièvre catarrhale ovine (Bluetongue) en France et dans l'Ouest méditerranéen: Bilan et perspectives. Épidémiologie et santé animale. 2006;49:37-44.*
- 6 - LEFEVRE P, BLANCOU J, CHERMETTE R. *Principales maladies infectieuses et parasitaires du bétail: Europe et régions chaudes. Tec & Doc, Editions Médicales Internationales ed., Paris. 1991;Vol.1:1747.*
- 7 - POTGIETER A, MONACO F, MANGANA O et coll. *VP2-segment sequence analysis of some isolates of bluetongue virus recovered in the Mediterranean basin during the 1998-2003 outbreak. J Vet Med B Infect Dis Vet Public Health. 2005;52(9):372-379.*
- 8 - VERWOERD DW, ERASMUS BJ. *Bluetongue. In: Infectious disease of livestock with special reference to southern Africa. Coetzer JAW, Thomson GR, Tustin RC (eds). Oxford University Press ed., Capetown (Afrique du Sud). 1994:443-459.*

## A description of the outbreak of Bluetongue (BTV4) in Corsica in 2003: lessons for surveillance

G. Gerbier, F. Biteau-Coroller, C. Grillet, J. Parodi, S. Zientara, T. Baldet, H. Guis, F. Roger

Since 1999, several serotypes of bluetongue virus (BTV) have been isolated in the Western part of the Mediterranean basin. Corsica, a French island in Mediterranean, has been exposed to three different virus serotypes since 2000: BTV2 in 2000, BTV4 in 2003 and BTV16 in 2004. While in 2000, BT surveillance systems had not yet been put in place, in 2003, active surveillance of BTV circulation and its vector *Culicoides*, aided by a raised level of awareness of the farmers and veterinarians allowed the study of the introduction of a new serotype, BTV4. Surveillance systems monitored and temporally analysed seroconversions of sentinel goats, clinical symptoms and meteorological parameters. BTV4 was shown to be present in the island since May 2003, but clinical symptoms started only in October 2003. Moreover, weather conditions and wind patterns were suitable for transportation of *Culicoides* from Sardinia Island in May. All these elements seem to point at: (i) an airborne propagation of BTV from southern infected area, (ii) the spread of BTV could have taken place silently for over a few months, and (iii) after few months since introduction, the first clinical signs appear. These considerations should be taken into account when designing an efficient surveillance system for this vector-borne disease.

In 1999, the serotype 2 of bluetongue virus (BTV) was isolated for the first time in the Western part of the Mediterranean sea. It caused numerous outbreaks first in Maghreb (1999 in Tunisia, 2000 in Algeria according to OIE reports) and later in Sardinia (OIE 2000c), Corsica (OIE 2000b) (Zientara and others 2002), Majorca and Minorca (OIE 2000a). Bluetongue emergence occurred within a short period but the evolution of BT infection in each of the European countries affected was quite different. In the Balearic Islands, after one round of massive winter vaccination, no other outbreak due to serotype 2 was observed (Gomez-Tejedor 2004). In Corsica, outbreaks occurred again in 2001. Following two winter campaigns of massive vaccination using the South African attenuated BTV2 vaccine, no other outbreak nor viral circulation were observed (Gerbier and others 2004). In Italy, seroconversions due to BTV 2 were still observed in 2005 (Anonymous 2005). In early 2003, with the absence of further progression of serotype 2 in the western part of the Mediterranean, the epidemiological situation can thus be considered as stable.

During the same period 1999-2003, the spatial distribution of the main BT vector in Africa, *Culicoides imicola* (Diptera: Ceratopogonidae), changed. Specimens were trapped for the first time in France in Corsica in 2000 (Delécolle and de La Rocque 2002). In 2003, it was shown that a population of *C. imicola* had settled up in Catalonia (Monteys and others 2005).

The emergence of BTV2 in Corsica in 2000 suggested that the vector and the virus were introduced from the island of Sardinia 12 kilometres south far from Corsica where it had been present for at least 3 months. In 2003, it seems that the 2000 scenario was replayed with another serotype. Serotype 4 was declared in Sardinia in August 2003 (740 outbreaks in 49 days (Giovannini and others 2004)) and later in October, outbreaks due to this BTV4 strain were identified in Corsica and in the Minorca Balearic island. BTV4 was isolated the next year in Morocco (OIE 2004a) and later in Spain (OIE 2004b). The aim of this paper is to describe the early evolution of BTV4 in Corsica in 2003 through serological, entomological and meteorological data. We also provide recommendations to implement early warning systems for BT surveillance.

### MATERIALS AND METHODS

#### Outbreaks in Corsica

Location of outbreaks (latitude and longitude) which occurred in 2003 was collected from official reports. Animal infection was officially confirmed by national reference laboratory (AFSSA) after virological evidence of the virus by RT-PCR. In April 2004, a retrospective epidemiological survey was performed in several premises. Date of first BT symptoms and location of the animals during the previous 30 days were collected.

#### Surveillance system

In 2003, a surveillance network was set up to monitor a possible virus circulation. It ensures an indirect evaluation of the efficiency of vaccination against serotype 2. It was based on two systems: target sampling of calves in abattoir and goat sentinel herds. A total of 618 less than one year old calves were sampled between the 15<sup>th</sup> of January 2003 and the 1<sup>st</sup> of October 2003. The four goat flocks of this surveillance network were located in Sartene, Quenza, Bonifacio and Sant'Andrea-d'Orcino (Fig 1). Blood samples were collected 3 times between May and July 2003 and screened with a competitive Elisa test (cELISA, VMRD®). The cELISA cut-off was fixed at 55% of inhibition with a doubtful area between 45 and 55% (Biteau-Coroller and others 2003). As the presence of BTV4 in Sardinia was declared after this sampling, some of the positive sera were re-tested retrospectively in November 2003, using a serotype-specific technique, the virus neutralisation test (VNT) to determine which serotype, BTV2 or BTV4, was in cause.

#### Meteorological data

Hourly data for wind direction and strength were obtained from MeteoFrance for 8 months each year (April to November 2000 and April to November 2003). Four sites were selected in the South-Western part of Corsica: the extreme South of the island (Bonifacio), a plain, a 400-meter-high hilly place and a 1000-meter-high place (Fig 1). To determine when wind was favourable for the transport of insects from Sardinia to Corsica two distances were

Veterinary Record (2007)  
to be published

G. Gerbier, DMV, PhD  
F. Biteau-Coroller, DMV, PhD,  
C. Grillet, PhD,  
T. Baldet, PhD,  
F. Roger, PhD,  
Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement (CIRAD)  
TA 30/E, Campus international de Baillarguet, F-34398 Montpellier Cedex 5, France  
J. Parodi, DMV,  
Direction départementale des services vétérinaires de Corse du Sud.  
Immeuble Le Pélican  
Résidence Parc d'Azur  
20090 Ajaccio, France  
S. Zientara DMV, PhD  
UMR 1161 de virologie INRA/AFSSA/ENVA,  
23 Av. Général De Gaulle,  
94704 Maisons-Alfort  
H. Guis, DMV, PhD student  
CIRAD and Equipe Santé et environnement rural  
Franche-Comté (EA 2276),  
CHU St. Jacques,  
2 place St. Jacques,  
25030 Besançon, France

The Veterinary Record, to be published



FIG 1: Locations of meteorological stations (\*) and goat sentinel herds (○)

considered: 50 and 100 km. One of the conditions for insects to be carried from Sardinia to Corsica in less than 50 km is that the wind has to come from a direction comprised between 130° and 210° (0° wind direction corresponds to a northern wind). In the event of insects being carried on 100 km, the range of wind directions to consider is enlarged to 130°-250° (Fig 1). According to previous studies (Braverman and Chechik 1996; Sellers and Pedgley 1985; Sellers and others 1978), only winds with a force of less than 10m/s were included in the study. The parameter estimated monthly was the sum of daily hours of favourable wind.

**Entomological data**

Since 2002, an entomological surveillance network has been implemented in Corsica. Twelve traps are located all over Corsica island (Baldet and others 2004). A classical New Jersey light trap slightly modified by Rieb (Rieb 1982) is used. One-night catches per site are performed every three weeks.

**RESULTS**

Between the 16<sup>th</sup> of October 2003 and the 3<sup>rd</sup> of December 2003, 17 BT outbreaks were officially declared in the South of Corsica. Serotype 4 virus was isolated on the 29<sup>th</sup> of October 2003 by Afssa and confirmed in all these flocks. A total of 128 sheep died and 224 showed clinical symptoms. Mortality varied from 0 to 37%. This serotype had previously been reported in Sardinia (25 August 2003) and in Minorca Island (27 October 2003). Following the confirmation of the introduction of this new serotype, an attenuated vaccine against BTV4 was included in the massive vaccination campaign for sheep performed during the winter 2003-2004 in Corsica. In comparison with the extension of BTV serotype 2 before the start of vaccination program, BTV 4 outbreaks were limited to the South-West of Corsica (Fig 2).

Retrospective investigations made in 7 communes (Pratavone, Iena, Pianottoli-Caldarellu, Figari, Sartene, Sollacaro and PortoVecchio) showed that clinical expression was quite different in intensity between flocks of the same commune. In 3 communes, the flocks presented a high morbidity or mortality whereas other flocks held 1 km away did not express any sign.

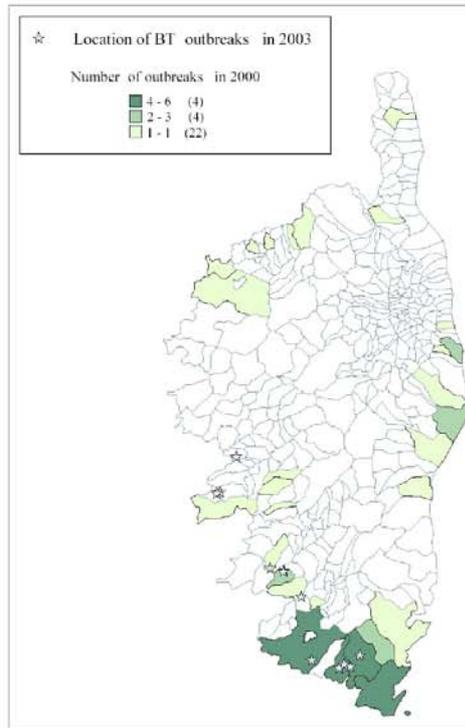


FIG 2: Locations of BTV4 outbreaks declared in 2003 (\*) in comparison with the location of BTV2 outbreaks found in 2000

Out of 618 calves tested by cELISA, 7 gave a doubtful result and 7 were found positive. Five were re-tested using VNT test. None was positive against the serotype 2 while three were positive against the serotype 4. These three BTV4 positive calves were slaughtered in July and August 2003. Two were negative probably because of the lower sensitivity of VNT compared to c-ELISA. In the four goat sentinel flocks, seroconversions against BTV4 measured by VNT were first observed in May 2003 and continued in July (Table 1) whereas outbreaks started only in October 2003.

Table 1 : Seroconversions in goat sentinel flocks in Corsica in 2003

Commune	No. animals	First detection of BTV4	
		Date	Seroconversion rate (%)
Quenza	96	17/07/03	32 %
Sartene	53	-	0 %
Bonifacio	150	16/05/03*	6 %
Sant'andrea	220	29/07/03	8 %

The analysis of wind coming from Sardinia between April and November 2003 showed that the conditions (estimated as a cumulative number of hours with a favourable wind) were more suitable for the airborne spread of the vectors in May or June than in September (Fig 3). This result can be compared with the entomological observations in Porto-Vecchio. At this surveillance point, the catches of *C. imicola* started in April 2003 and the peak of density was observed in June (Fig 4).

FIG 3: Monthly distribution of the number of favourable hours of wind coming from Sardinia

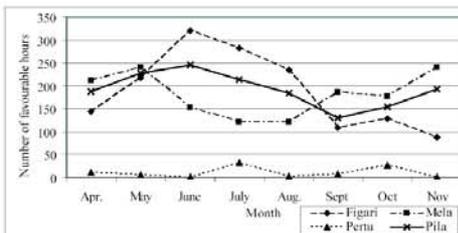
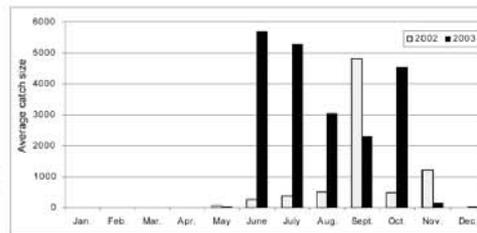


FIG 4: Average catches of *Culicoides imicola* in Porto Vecchio (Corsica) in 2002 and 2003

## DISCUSSION

If several articles describe the spatial distribution of the vector of BT (Calvete and others 2006; Goffredo and others 2003; Torina and others 2004) or map the favourable habitat for this vector (Baylis and others 2001; Tatem and others 2003; Wittmann and others 2001) very few articles describe the surveillance and control of BT except in often internal reports (Giovannini and others 2004). We believe that the lessons gained from one area can be useful for risk manager and decision makers from other parts of the world.

From a risk analysis point of view, the pathway which leads to an introduction of a new BTV serotype in Corsica during a given period is roughly the following: presence of vectors in Sardinia, circulation of the viral strain among animals and vectors, insect's passive transportation by wind from Sardinia into Corsica in an area where susceptible animals and vector population are present. The assessment of the risk of introduction via air stream is linked to the source of virus (emission), the way of transmission (exposure) and the consequences of this exposure. Since 2000, all the introductions in Corsica of BT susceptible animals from Sardinia are forbidden. So, assuming that the incoming shipments of BTV viraemic animals from Sardinia can be neglected, the risk at the source level is essentially linked to the percentage of infected and competent vectors and their dispersal ability. As these parameters cannot be easily estimated, the "amount" of virus circulating in the area illustrated by the number of BTV outbreaks and the vector abundance could be used as indicators of the risk. It seems difficult to specify which areas of Sardinia should be taken into account when studying the risk of introduction of the vector into Corsica (origin of the source). Indeed, in 2000, more outbreaks were identified in Sardinian province of the North-West of the island (Anonymous 2001) while more vectors were trapped in the North-East. Furthermore, published data concerning outbreaks and/or vector distribution in 2003 are available. According to Delrio (Delrio and others 2002), *C. imicola* adults have been trapped in Sassari as early as May, rendering the introduction of vectors into Corsica at that period possible. Whereas the presence of the virus cannot be estimated, some elements related to the exposure have been collected. Firstly, wind conditions were suitable for the transport of infected midges in May and June 2003. Secondly, first serological evidence of BTV4 circulation was found in Corsica in May. Thirdly, in May 2003 *C. imicola* was present in Corsica, allowing the circulation of the virus once it has been introduced in the island. Thus, all these elements support the conclusion that BTV 4 could have been introduced in Corsica as early as in May 2003. Since that period, other introductions could have occurred. There is then two

possibilities: *i.* the virus is introduced in early May, stayed silently in Corsica and caused clinical signs in Autumn, *ii.* after the introduction in May, the infection died out and the virus was introduced a second time in late summer.

The first suspicion of BT serotype 2 in Corsica in 2000 was declared in Figari (SW) on 23 October 2000. In autumn 2003, the distribution of serotype 4 outbreaks was quite similar. Assuming a BTV incubation period of 7 days in sheep (Verwoerd and Erasmus 1994), we could put forward that the new serotype could have been introduced in late summer followed rapidly by the occurrence of clinical signs. This rather simple scenario is ruled out by the *a posteriori* discovery of serological evidence of the BTV4 as early as May 2003. Therefore it seems that between the introduction of this new serotype and the emergence of clinical signs in October a silent phase of virus spread occurred at least since May 2003. By silent phase we mean that, whereas the virus has been detected, no clinical signs were reported in a fully susceptible population. Such a phase was already suspected to have existed prior to the 2000 BT epizootic but evidences were too scarce to confirm this hypothesis. In fact, some bovine adults sera collected at the end of September 2000 and retrospectively tested positive with the eELISA test seem to prove that the BTV2 virus was present before the first epizootic (October 2000, data not shown). But it remains unclear whether, after the introduction of BTV2, there was a silent phase of viral circulation or a phase of underreported clinical signs. At that time, the farmers and veterinarians' awareness about this disease was low so an underreporting of symptoms was possible. After the two BTV2 epizootics, it can be assumed that if any clinical signs had arisen in May 2003 they would have been declared, unless they were too mild to be associated to BT by farmers.

In a BT enzootic zone, the absence of clinical signs is mainly due to a high level of immunity. In this context, the disease can however be observed when BT naïve animals are introduced as it occurred in La Reunion island in 2003 (Bréard and others 2005). As in Corsica, vaccination is always implemented after the isolation of the circulating virus strain, for each introduction of a new serotype, the sheep were always naïve. According to Gibbs (Gibbs and Greiner 1994), this silent phase can be explained as following: "BT virus-infected midges population build up in spring and early summer with a primary cycle involving mainly cattle and, later, sheep are infected in a secondary cycle as a result of a spill-over". Several other factors could explain the fact that clinical symptoms can occur much later than the initial virus circulation: the host preferences of *C. imicola* which seems to be more attracted by cattle (Nevill 1978), a reduced/lesser vector capacity of *Culicoides imicola* in the early season of activity, sheep transhumance which implies that sheep are located in

mountain pastures where *C. imicola* is absent. Thus, vector abundance which peaked in June in 2003 does not seem to be sufficient to explain this late occurrence of clinical signs in sheep. According to Dungu (Dungu and others 2004), BTV serotypes can be classified according to their potential of transmission and their pathogenicity. Whereas the effect of BTV pathogenicity is mainly limited to sheep species, BTV transmission involves at least sheep, goats and cattle. Hence, there is probably a set of risk factors that influence the transmission and another one which influence the pathogenic effect of the infection.

## CONCLUSION

The existence of a silent phase in the spread of a newly introduced serotype of BT has major implications on the relevance of BT surveillance system based on the reporting of clinical symptoms since, by definition, they are unable to detect this silent spread. In the absence of active surveillance systems based on serological or virological tests, vaccination is delayed and can not limit the spread of a new serotype. It can indeed be assumed that in winter 2003, BTV4 was already largely distributed in Corsica when the vaccination started. The vaccination was thus really protective only in 2004. As the serotyping of positive calves and goats was only performed retrospectively in November 2003, the question of starting the vaccination sooner was not raised. Political and practical matters such as the fact that farmers are reluctant to vaccinate in late summer as ewes are pregnant should then have been taken into account. Nevertheless, the existence of an initial silent spread of BTV4 in Corsica in 2003 highlights and justifies in itself the importance of early warning systems for BT based on serological tests especially on unvaccinated susceptible animals as goats or cattle.

## References

- ANONYMOUS (2001) Analisi del rischio di diffusione della bluetongue in italia in relazione alle possibili strategie di lotta. [http://gis2.izs.it:7777/bluetongue/doe\\_tec/analisi%20del%20rischio/aprile\\_2001.html](http://gis2.izs.it:7777/bluetongue/doe_tec/analisi%20del%20rischio/aprile_2001.html). Accessed June 30, 2006
- ANONYMOUS (2005) Surveillance of bluetongue in Italy. [http://gis2.izs.it:7777/pls/izs\\_bt/gestmenu.bt\\_index](http://gis2.izs.it:7777/pls/izs_bt/gestmenu.bt_index). Accessed June 30, 2006
- BALDET, T., DELECOLLE, J. C., MATHIEU, B., DE LA ROCQUE, S. & ROGER, F. (2004) Entomological surveillance of bluetongue in France in 2002. *Veterinaria Italiana* 40 (3), 226-231
- BAYLIS, M., MELLOR, P. S., WITTMANN, E. J. & ROGERS, D. J. (2001) Prediction of areas around the Mediterranean at risk of bluetongue by modelling the distribution of its vector using satellite imaging. *Veterinary Record* 149, 639-643.
- BITEAU-COROLLER, F., HENDRIKX, P., GRILLET, C., ALBINA, E. & ROGER, F. (2003) Évaluation des tests sérologiques utilisés dans le cadre de la surveillance de la fièvre catarrhale du mouton en France. *Épidémiologie et santé animale* 44, 105-114
- BRAVERMAN, Y. & CHECHIK, F. (1996) Air streams and the introduction of animal diseases borne on *Culicoides* (Diptera, Ceratopogonidae) into Israel. *Revue scientifique et technique de l'OIE* 15, 1037-1052
- BRÉARD, E., SAILLEAU, C., HAMBLIN, C. & ZIENTARA, S. (2005) Bluetongue virus in the French Island of Reunion. *Veterinary Microbiology* 106, 157-165
- CALVETE, C., MIRANDA, M. A., ESTRADA, R., BORRAS, D., MONTEYS, V. S. L., COLLANTES, F., GARCIA-DE-FRANCISCO, J., MORENO, N. & LUCIENTES, J. (2006) Spatial distribution of *Culicoides imicola*, the main vector of bluetongue virus, in Spain. *Veterinary Record* 158, 130-1
- DELECOLLE, J.-C. & DE LA ROCQUE, S. (2002) 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). *Bulletin de la société entomologique de France* 107, 371-379
- DEL RIO, G., DELIPERI, S., FOXI, C., PANTALEONI, R. & PIRAS, S. (2002) Osservazioni in Sardegna sulla dinamica di popolazione di *Culicoides imicola* Kieffer vettore della Bluetongue. In XIX Congresso nazionale italiano di Entomologia. Catania, pp 1089-1094
- DUNGU, B., POTGIETER, C., VON TEICHMAN, B. & SMIT, T. (2004) Vaccination in the control of bluetongue in endemic regions: the South African experience. *Developments in Biological Standardization* (Basel), 119, 463-472
- GERBIER, G., ROGER, F., HENDRICKX, P., ZIENTARA, S., BITEAU-COROLLER, F., GRILLET, C., BALDET, T. & ALBINA, E. (2004) Blue-tongue control using vaccines: experience of the Mediterranean islands. *Veterinaria Italiana* 40 (3), 611-615
- GOMEZ-TEJEDOR, C. (2004) Brief overview of the bluetongue situation in Mediterranean Europe, 1998-2004. *Veterinaria Italiana*, 40 (3), 57-60
- GIBBS, E. P. & GREINER, E. C. (1994) The epidemiology of bluetongue. *Comparative Immunology Microbiology and Infectious Diseases* 17, 207-220
- GIOVANNINI, A., CALISTRÌ, P., CONTE, A., SAVINI, G., NANNINI, D., PATTA, C., SANTUCCI, U. & CAPORALE, V. (2004) Bluetongue virus surveillance in a newly infected area. *Veterinaria Italiana* 40, 188-197
- GOFFREDO, M., CONTE, A., COCCIOLITO, R. & MEISWINKEL, R. (2003) The distribution and abundance of *Culicoides imicola* in Italy. In *Veterinaria Italiana*, pp 22-32
- MONTEYS, V. S. L., VENTURA, D., PAGES, N., ARANDA, C. & ESCOSA, R. (2005) Expansion of *Culicoides imicola*, the main bluetongue virus vector in Europe, into Catalonia, Spain. *Veterinary Record* 156, 415-417
- NEVILL, E. M. (1978) The use of cattle to protect sheep from bluetongue infection. *Journal of the South African Veterinary Association* 49, 129-130.
- OIE (2000a) Bluetongue in Balearic islands (Spain). OIE disease information 13
- OIE (2000b) Bluetongue in Corsica (France). OIE disease information 13
- OIE (2000c) Bluetongue in Sardegna (Italy). OIE disease information 13
- OIE (2004a) Bluetongue in Morocco. OIE disease information 17
- OIE (2004b) Bluetongue in Spain. OIE disease information 17
- RIFEB, J. (1982) Contribution à la connaissance de l'écologie et de la biologie des Ceratopogonidés (Diptères Nématocères). Strasbourg, Université Louis Pasteur
- SELLERS, R. F. & PEDGLEY, D. E. (1985) Possible windborne spread to western Turkey of bluetongue virus in 1977 and of Akabane virus in 1979. *Journal of Hygiene (London)* 95, 149-158
- SELLERS, R. F., PEDGLEY, D. E. & TUCKER, M. R. (1978) Possible windborne spread of bluetongue to Portugal, June-July 1956. *Journal of Hygiene (London)* 81, 189-196.
- TATEM, A. J., BAYLIS, M., MELLOR, P. S., PURSE, B. V., CAPELA, R., PENA, I. & ROGERS, D. J. (2003) Prediction of bluetongue vector distribution in Europe and north Africa using satellite imagery. *Veterinary Microbiology* 97, 13-29
- TORINA, A., CARACAPPA, S., MELLOR, P. S., BAYLIS, M. & PURSE, B. V. (2004) Spatial distribution of bluetongue virus and its "*Culicoides*" vectors in Sicily. *Medical Veterinary Entomology* 18, 81-89
- VERWOERD, D. W. & ERASMUS, B. J. (1994) Bluetongue. In *Infectious disease of livestock with special reference to southern Africa*. Ed T. G. R. COETZER J.A.W., TUSTIN R.C. Capetown (Afrique du Sud), Oxford university press, pp 443-459
- WITTMANN, E. J., MELLOR, P. S. & BAYLIS, M. (2001) Using climate data to map the potential distribution of *Culicoides imicola* (Diptera: Ceratopogonidae) in Europe. *Revue scientifique et technique de l'OIE* 20, 731-740.
- ZIENTARA, S., SAILLEAU, C., DAUPHIN, G., ROQUIER, C., REMOND, E. M., LEBRETON, F., HAMMOUMI, S., DUBOIS, E., AGIER, C., MERLE, G. & BREARD, E. (2002) Identification of bluetongue virus serotype 2 (Corsican strain) by reverse-transcriptase PCR reaction analysis of segment 2 of the genome. *Veterinary Record* 150, 598-601

# APPLICATION DE LA TELEDETECTION A L'EVALUATION DU RISQUE D'EMERGENCE D'UNE MALADIE VECTORIELLE - INTRODUCTION ET DIFFUSION DANS LE SUD DE LA FRANCE DE *CULICOIDES IMICOLA*, VECTEUR DE LA FIEVRE CATARRHALE DU MOUTON

Annelise TRAN<sup>1,2</sup>, Hélène GUIIS<sup>1,2,3</sup>, Fabienne BITEAU-COROLLER<sup>1</sup>, Bruno BARRAGUE<sup>1,2</sup>, Bruno MATHIEU<sup>4</sup>, Marie-Laure SETIER-RIO<sup>4</sup>, Guillaume GERBIER<sup>1</sup>, François ROGER<sup>1</sup>, Thierry BALDET<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centre de coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement, Unité « Epidémiologie et Ecologie des Maladies Animales »,

Campus international de Baillarguet, 34 398 Montpellier Cedex 5, France.

Courriel : amelise.tran@cirad.fr, guis@teledetection.fr, fabienne.biteau@cirad.fr, b.barrague@gmail.com, guillaume.gerbiere@cirad.fr, francois.roger@cirad.fr, thierry.baldet@cirad.fr

<sup>2</sup>Centre de coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement,

Unité Mixte de Recherche « Territoires, Environnement, Téledétection et Information Spatiale »,

Maison de la Téledétection, 500 rue Jean-François Breton,

34 093 Montpellier Cedex 5, France.

<sup>3</sup>Département de Santé Publique, «Unité Biostatistiques et Epidémiologie, Faculté de Médecine,

CHU St. Jacques, 2 place St. Jacques, 25030 Besançon Cedex, France

<sup>4</sup>EID Méditerranée, 165 avenue Paul Rimbaud,

34 184 Montpellier Cedex 4, France.

Courriel : bmathieu@eid-med.org, mlsetierrio@eid-med.org

Cette étude a pour objet la définition d'un indicateur spatialisé de risque de diffusion du moucheron vecteur de la fièvre catarrhale du mouton (FCM), dans la région de Roquebrune-sur-Argens, département du Var (France). La FCM est une maladie virale affectant les ruminants, principalement les ovins. Son émergence dans l'ouest du bassin méditerranéen depuis 1998 peut être reliée à l'expansion de l'aire de répartition de son vecteur principal, le moucheron *Culicoides imicola*. L'installation réussie de populations de *C. imicola* dans le département du Var, confirmée en 2005, augmente considérablement le risque d'introduction du virus de la FCM dans cette région. Afin de contribuer à l'évaluation de ce risque, les outils géomatiques ont été utilisés ici pour cartographier les zones où *C. imicola* s'est potentiellement installé après son introduction sur la zone côtière. Considérant que la topographie et le type de couvert végétal sont les principaux facteurs influant sur la dispersion des *Culicoides* à partir d'un point d'introduction, un indice de risque de diffusion a été développé à partir de paramètres extraits d'un modèle numérique de terrain et de la classification d'une image satellitale à haute résolution spatiale, ainsi que sur des données de piégeages entomologiques effectués en 2004. Les valeurs de cet indice ont ensuite été comparées avec les données de piégeages entomologiques réalisés en 2005. Les résultats montrent une bonne concordance entre les valeurs de l'indice calculé et l'abondance de *C. imicola* observée en 2005. Les perspectives de cette étude, qui souligne l'intérêt d'intégrer les outils géomatiques dans les programmes de surveillance des maladies émergentes, sont discutées.

**Mots clés :** Téledétection, Système d'Information Géographique, Epidémiologie, Maladie émergente, Fièvre catarrhale du mouton, *Culicoides imicola*

## APPLICATION OF REMOTE SENSING TO THE ASSESSMENT OF EMERGENCE RISK OF A VECTOR-BORNE DISEASE - INTRODUCTION AND DIFFUSION IN SOUTHERN FRANCE OF *CULICOIDES IMICOLA*, BLUETONGUE VECTOR

The objective of this study was to define a spatial risk index for the diffusion of the vector of bluetongue disease (BT), in the region of Roquebrune-sur-Argens, Var département, France. BT is a viral disease affecting ruminants, mainly sheep; it is transmitted by the bites of certain species of 85 *Culicoides* biting midges (Diptera: Ceratopogonidae). The emergence of BT in the western Mediterranean Basin since 1998 is linked to the northward expansion of *Culicoides imicola*, the main BT virus vector in Europe. The recent installation of populations of *C. imicola* in the Var, which was confirmed in 2005, leads to reconsider the BT risk for this region. In order to assess the risk for BT emergence in this region, geomatic tools were used to map the areas of potential installation of *C. imicola*, following its introduction on the coast. Indeed, as there is some evidence that *Culicoides* species can be passively dispersed by the wind, up to several hundred kilometers, *C. imicola* populations may be transported from Corsica, where this species is present, to the French mainland coast. Relatively little is known on the ecology of *C. imicola*, but topography and land cover are considered as the main factors driving the dispersal of *Culicoides*. Thereby the calculation of the risk index for the diffusion of *C. imicola* was based on parameters derived from a Digital Elevation Model (DEM) and from a classification of a high spatial resolution SPOT-5 satellite image. Three main classes of land cover were defined according to their level of closure, given the assumption that *C. imicola* is more likely to spread in open landscapes (prairies, cultivated areas) than in closed landscapes (forests). The DEM from the Shuttle Radar Topographic Mission was used to delineate watersheds 105 and calculate a distance along a flow path weighted by land cover type. Finally, results of entomological trapping from October 2004 were used to define a risk of introduction and diffusion for each watershed within the study area. The values of the diffusion risk index were compared with entomological data from 2005 for validation (38 traps). Results highlight a good agreement between the risk index values and the observed abundance of *C. imicola*. This seems to confirm the validity of our hypotheses concerning the dispersal of *C. imicola* and the importance of topographic and land cover parameters. Moreover, the diffusion risk map presents in a synthetic way the spatial distribution of this species for which the installation process in this area is ongoing. Nevertheless, the diffusion risk index defined here is not sufficient to explain the distribution of this BT main vector. Further studies are needed to evaluate landscapes at risk and assess the vectorial capacity of *C. imicola* in the Var département. Perspectives of this study for BT risk assessment in southern France are discussed. More generally, this survey stresses the need to develop geographic approaches to study the spatial expansion of vector species and to integrate geomatic tools in the framework of surveillance and control programs for emerging diseases.

**Key words:** Remote sensing, Geographic Information System, epidemiology, emerging disease, bluetongue, *Culicoides imicola*

## 1. INTRODUCTION

Les maladies émergentes peuvent être définies comme des maladies dont le taux d'incidence (le nombre de nouveaux cas dans une population 130 donnée par unité de temps) a significativement augmenté par rapport à la situation épidémiologique habituelle, ou risque d'augmenter dans un avenir proche (Toma et Thiry, 2003; EID, 2007). Nombre de ces maladies sont des maladies à transmission vectorielle, c'est-à-dire transmises à un hôte vertébré (homme ou animal) par la piqûre d'un arthropode hématophage désigné sous le nom de vecteur. En effet, les vecteurs sont particulièrement sensibles aux changements écologiques, tels que le réchauffement climatique et la modification des écosystèmes due aux activités humaines, qui peuvent remodeler leur aire de répartition et favoriser la propagation des maladies qu'ils transmettent (Gubler et al., 2001; Rogers et Randolph, 2006). C'est le cas par exemple de l'émergence récente de la fièvre catarrhale du mouton (FCM) dans le bassin méditerranéen (Baldet et al., 2005; Purse et al., 2005).

La FCM (également désignée sous le nom de fièvre catarrhale ovine, ou « bluetongue » en anglais) est une maladie virale affectant les ruminants et notamment les ovins. Elle fait partie des maladies à notifier à l'Office International des Epizooties (Organisation Mondiale de la Santé Animale) (OIE, 2007), du fait de ses conséquences économiques majeures pour l'élevage, tant en termes de santé animale que de répercussions sur les échanges commerciaux.

La FCM est une maladie vectorielle, transmise par la piqûre de moucheron femelles de certaines espèces du Genre *Culicoides* (Diptera : Ceratopogonidae) ; l'aire de répartition et la dynamique saisonnière de la FCM sont donc étroitement liées à celles de ces moucheron vecteurs. Dans l'ouest du bassin méditerranéen, la propagation de la maladie depuis 1998 peut être reliée à l'expansion septentrionale du moucheron 155 *Culicoides imicola* Kieffer 1913. Plusieurs flambées épizootiques de FCM ont ainsi touché la Tunisie, l'Algérie, l'Italie (Sicile, Sardaigne et Péninsule), la Corse (France), le Maroc et l'Espagne (Gomez-Tejedor, 2004). *Culicoides imicola* est un vecteur tropical, d'origine sub-saharienne, dont la dispersion récente et rapide à travers le bassin méditerranéen s'expliquerait par sa capacité à

être transporté passivement par les vents sur de longues distances (Braverman et Chechik, 1996; Alba et al., 2004; Gerbier et al., 2006). Ce vecteur majeur de la FCM, présent de l'Afrique du Sud au Maghreb, du Proche orient à l'Inde et à l'Asie du Sud-Est et plus récemment dans une grande partie du pourtour méditerranéen, semble capable de s'adapter à des conditions écologiques très variées (Mellor et al., 2000). Pourtant sa bio-écologie demeure encore mal connue (Mellor et al., 2000; Groupe d'experts entomologistes, 3rd OIE BlueTongue International Symposium, 2003). Les gîtes larvaires sont probablement constitués par de la matière organique en décomposition sur substrat humide (excréments d'animaux) mais restent à caractériser (Meiswinkel et al., 2004). Le développement larvaire dure de une à plusieurs semaines selon les conditions du milieu. Seule la femelle adulte se nourrit de sang ; sa longévité est estimée à 10-20 jours avec un maximum de 50, conditionnée par les conditions abiotiques. Son activité est essentiellement nocturne et dépend étroitement de la température avec une plage d'activité comprise entre 18° et 38°C (Sellers et Mellor, 1993). La dispersion active varie de quelques centaines de mètres à quelques kilomètres (Mellor et al., 2000). La dispersion passive par les vents peut être très importante, jusqu'à 700 kilomètres selon certains auteurs (Sellers, 1980; Braverman et Chechik, 1996). Certains vents (allant jusqu'à 2000 m d'altitude, de vitesse comprise entre 10 et 40 km/h et 180 à des températures compatibles avec la survie des insectes) rendent donc possible la diffusion au dessus des mers de *C. imicola*, comme cela a été décrit en Catalogne, où des populations de *C. imicola*, provenant probablement des îles Baléares, se sont récemment installés (Sarto i Monteys et al., 2005), et en Corse (Gerbier et al., 2007). La diffusion continentale à l'intérieur des terres de ces populations se fait de manière plus progressive (Calvete et al., 2006).

En France, *C. imicola* a été détecté pour la première fois en Corse en 2000 (Delécolle et de la Rocque, 2002). Afin de surveiller son éventuelle introduction sur le littoral continental méditerranéen français, un système de surveillance entomologique y a été mis en place dès 2002 (Baldet et al., 2005; Site Internet Cirad, 2007). Il a permis de détecter l'introduction de *C. imicola* en 2004 à l'est du département du Var (Roquebrune-sur-Argens) en 2004 (Mathieu et al., 2004). Son installation a ensuite été confirmée en 2005 grâce à un suivi

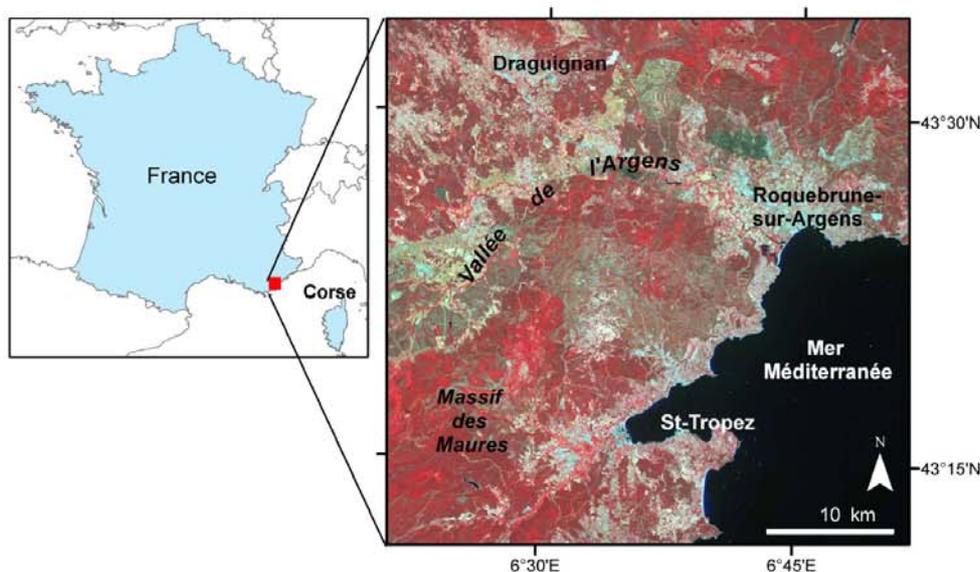


FIGURE 1: Localisation de la zone d'étude, région de Roquebrune-sur-Argens, Var, France. Fonds de carte : image HRG1 – SPOT5, 11 juillet 2005. Données SPOT / Programme ISIS, © CNES (2005), distribution Spotimage S.A. Location of the study area, Roquebrune-sur-Argens, Var, France. Image: HRG1-SPOT5 imagery, 11<sup>th</sup> July 2005. SPOT data / ISIS program, © CNES (2005), distributed by Spotimage S.A.

hebdomadaire (Biteau-Coroller, 2006). Des piégeages entomologiques réalisés dans la zone infestée de Roquebrune-sur-Argens avec un la maladie, mais la présence d'une population installée du vecteur *C. imicola* et la proximité géographique relative de la Corse a conduit à classer cette zone comme zone à haut risque d'introduction du virus de la FCM. Dans ce contexte, la mise au point d'outils visant à modéliser la diffusion des populations de *C. imicola* semble nécessaire pour d'une part contribuer à la compréhension de l'écologie de ce vecteur et d'autre part déterminer les zones et les périodes les plus à risque afin d'optimiser la surveillance et les stratégies de contrôle (prévention, vaccination). Plusieurs modèles géographiques ont été développés à partir de données météorologiques et satellitaires à basse résolution spatiale (taille de pixel de l'ordre du km<sup>2</sup>), permettant d'obtenir des cartes de probabilité de présence de *C. imicola* à une échelle continentale (Wittman et al., 2001; Roger, 2002; Tatem et al., 2003). Cependant, une des limites de ces modèles est qu'ils ne permettent pas d'expliquer des différences de distribution observées à une échelle locale, comme observé dans le Var (Tran et al., 2005). Plus récemment, une étude utilisant des données de télédétection à haute résolution spatiale (imagerie SPOT) a mis en évidence le rôle de facteurs écologiques sur le risque d'infection en Corse du Sud par une analyse statistique des

maillage spatial plus fin ont permis de suivre l'extension de ce vecteur entre 2004 et 2005. A ce jour, ce département est toujours indemne de relations entre le statut épidémiologique (infecté ou sain) d'élevages ovins et différents facteurs liés à la structure du paysage et aux caractéristiques des élevages (Guis et al., 2007). Cependant, les résultats de cette étude, basée sur des données épidémiologiques recueillies au cours des épizooties de FCM ayant sévi en Corse entre 2000 et 2003, ne peuvent être appliqués tels quels dans le Var, où le vecteur est présent en l'absence du virus.

L'objectif de la présente étude est donc de mettre au point un indice du risque de diffusion de *C. imicola* dans la région de Roquebrune-sur-Argens, Var, afin de contribuer à l'évaluation du risque d'émergence de la FCM dans cette région. Considérant que la diffusion des populations de *C. imicola* est liée à la topographie et au type de couvert végétal, cet indice a été défini à partir de paramètres dérivés d'un modèle numérique de terrain et de la classification d'une image satellitaire à haute résolution spatiale. Les données entomologiques d'octobre 2004 ont été utilisées pour paramétrer cet indicateur par bassin versant. L'évaluation de cet indice a ensuite été réalisée en comparant ses valeurs avec les résultats des piégeages entomologiques d'octobre 2005.

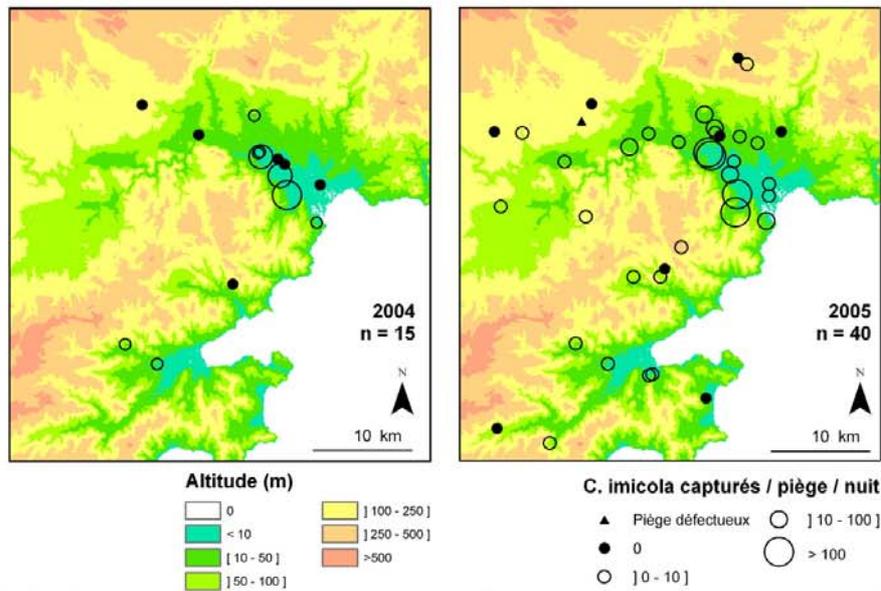


FIGURE 2 : Résultats des piégeages de *Culicoides imicola* réalisés dans la région de Roquebrune-sur-Argens, France, en octobre 2004 et 2005, et altitude (données Shuttle Radar Topography Mission, Source : International Centre for Tropical Agriculture). Results of *Culicoides imicola* trapping, Roquebrune-sur-Argens, France, October 2004 and 2005, and elevation (Shuttle Radar Topography Mission data, Source: International Centre for Tropical Agriculture).

## 2. DESCRIPTION DE LA ZONE D'ETUDE

La zone d'étude est située à l'est du département du Var, centrée sur la vallée de l'Argens, et couvre une superficie de 40 x 42 km (figure 1). Elle est bordée à l'est par la mer Méditerranée, au sud et au nord-est par les massifs des Maures et de l'Esterel. Elle est constituée de zones agricoles (viticulture essentiellement), de zone de végétation arbustive méditerranéenne, de zones forestières (pinède, forêt de feuillus) et de zones urbaines. L'altitude est comprise entre 0 et 670 mètres. La distance entre cette zone et la Corse est d'environ 180 km, ce qui rend possible l'introduction dans cette vallée de populations de moucheron *C. imicola*, portés par les vents.

## 3. MATERIEL ET METHODES

### 3.1. Données entomologiques

Des campagnes de captures ont été effectuées en 2004 et 2005 pour étudier la distribution spatiale de *C. imicola* dans la zone d'étude, dans le cadre de la surveillance entomologique mise en place en France par le ministère de l'Agriculture et de la Pêche. Les captures ont été réalisées en automne (fin septembre - octobre), période durant laquelle les pics d'abondance de *C. imicola* sont classiquement observés en région méditerranéenne (Mellor et al., 2000), ce qui a été vérifié à Roquebrune-sur-Argens en 2005 (Biteau-Coroller et al., 2006). La figure 2

présente la localisation des sites de capture pour les deux années de piégeage. Les sites ont été choisis parmi les élevages recensés dans la zone (ovins, bovins, caprins, équins). En effet, en région méditerranéenne, *C. imicola* est une espèce essentiellement inféodée aux élevages où elle trouve à la fois le « gîte » (gîtes larvaires riches en matières organiques) et le « couvert » (hôte pour assurer le repas de sang des femelles). Les élevages constituent ainsi les meilleurs sites d'échantillonnage pour *C. imicola*. Pour les deux années, les piégeages ont été réalisés pendant plusieurs nuits consécutives durant lesquelles les conditions météorologiques (absence de vent et de précipitation) ont été favorables, stables et comparables. Pour chaque site, une nuit de piégeage a été réalisée, à l'aide de pièges lumineux à ultraviolets OVI standard, développés pour échantillonner des *Culicoides* à activité nocturne ou crépusculaire. Les pièges étaient placés à l'extérieur, à 1m50 de hauteur, à proximité immédiate des bâtiments d'élevage. Ils étaient mis en place avant le coucher du soleil et relevés le lendemain matin. Un flacon rempli de 300 ml d'eau savonneuse était adapté sous le piège et ramené au laboratoire où tous les insectes piégés étaient alors 270 transvasés et conservés à 4°C, dans de l'alcool à 95°, jusqu'au tri. L'identification morphologique des différentes espèces de *Culicoides* piégés a été réalisée par examen à la loupe binoculaire des dessins alaires. Pour chaque espèce, le nombre total d'individus a été dénombré. Le tableau 1 résume les résultats des piégeages pour

*C. imicola* (considéré comme le principal vecteur de FCM dans cette zone).

**TABEAU 1** : Résumé des résultats des piégeages de *Culicoides imicola* réalisés en octobre 2004 et septembre - octobre 2005 dans la zone d'étude de Roquebrune-sur-Argens, France. *Summary of the results of Culicoides imicola trappings, in October 2004 and September-October 2005, in the study area of Roquebrune-sur-Argens, France.*

Année	Période de capture	Nombre de sites	Nombre de sites positifs à <i>C. imicola</i> [% total]	Moyenne de piégeages <sup>1</sup>
2004	18-28 octobre	15	9 [60,0]	15,9
2005	26 sept. - 6 oct.	40	30 [78,9]	122,00

<sup>1</sup> Exprimé en moucheron par piège et par nuit

La distribution et l'abondance (répartie selon quatre classes d'effectifs croissants - classe 1 : aucun spécimen ; classe 2 : entre 1 et 10 ; classe 3 : entre 10 et 100 ; classe 4 : plus de 100) de *C. imicola* en 2004 et 2005 sont présentées sur la figure 2.

### 3.2. Cartographie de l'occupation du sol

Considérant qu'en fonction du type d'occupation du sol, certains milieux sont plus ou moins favorables à la dispersion des *Culicoides*, une cartographie de l'occupation du sol dans la zone d'étude a été obtenue à partir d'une image satellitale SPOT-5 de 2005 (les caractéristiques de l'image sont données dans le tableau 2) correspondant à la période de l'étude entomologique.

**TABEAU 2** : Caractéristiques des données satellitales utilisées. *Characteristics of the satellite data used in the study.*

Données	Satellite (Capteur)	Taille de pixel (m)	Bandes spectrales (µm)	Source
Modèle Numérique de Terrain	Shuttle Radar Topography Mission	90	-	NASA / USGS. Distribution : International Centre for Tropical Agriculture. Données disponibles à partir de la base de données CGIAR-CSI SRTM 90m sur le site Internet <a href="http://srtm.csi.cgiar.org">http://srtm.csi.cgiar.org</a>
Image optique du 11 juillet 2005	SPOT-5 (HRG-1)	10	0,79 - 0,89 0,61 - 0,68 0,50 - 0,59 1,58 - 1,75	Centre National d'Etudes Spatiale, programme ISIS, distribution SpotImage S.A.

Une classification supervisée orientée objet des principaux types d'occupation du sol dans la zone d'étude a été effectuée avec le logiciel Definiens-imaging eCognitionTM (Munich, Allemagne). Les zones d'apprentissage nécessaires à ce type de classification ont été déterminées à partir de relevés de terrain effectués en juin 2006.

**TABEAU 3** : Liste des classes d'occupation du sol issues de la classification de l'image SPOT-5 et type de milieu associé. *Land cover classes derived from the SPOT-5 image and associated closure index.*

Occupation du sol	Type de milieu	Codage
Prairie	Ouvert	1
Cultures	Ouvert	1
Eau	Ouvert	1
Zone non végétalisée (milieux urbain et péri-urbain)	Semi-ouvert	2
Végétation arbustive rase	Semi-ouvert	2
Forêt de feuillus et maquis	Fermé	3
Pinède	Fermé	3

Des parcelles de validation, destinées à évaluer la qualité de la classification, ont également été

identifiées sur le terrain. Sept classes d'occupation du sol ont ainsi été cartographiées, puis regroupées en trois classes en fonction de leur caractère propice ou non à la dispersion de *C. imicola* (tableau 3). Pour cela nous avons fait l'hypothèse que cette dispersion était dépendante du degré d'ouverture du paysage (milieu ouvert, semi-ouvert, fermé), les milieux « fermés » tels que les forêts étant considérés comme peu propices à la dispersion de *C. imicola*, au contraire des milieux « ouverts », tels que les prairies.

### 3.3 Calculs d'indices topographiques

*Culicoides imicola* étant difficile à étudier, les conditions favorables à sa dispersion sont mal connues. Cependant, des études menées sur d'autres espèces de *Culicoides* ont montré l'effet de l'altitude et de la distance à la plaine côtière sur la dispersion de ces moucheron (Bishop et al., 2004). En particulier, dans des zones de

relief marqué, la distribution des *Culicoides* semble être déterminée par le découpage des vallées.

Pour notre zone d'étude, un Modèle Numérique de Terrain (MNT) a donc été utilisé d'une part pour délimiter les limites de bassins versants et d'autre part, pour calculer, en chaque point de la zone d'étude, la distance à la plaine côtière le long d'un chemin de flux. Ce MNT provient des données de la mission Shuttle Radar Topographic Mission (SRTM) (tableau 2). La délimitation des bassins versants ainsi que le calcul de la distance à la mer ont été effectués à l'aide des outils de modélisation hydrologique du logiciel de Système d'Information Géographique (SIG) ESRI ArcGisTM (Redlands, CA, USA).

L'affectation à un bassin versant de tout point de la zone d'étude, permet de grouper les localisations ayant un historique comparable concernant l'introduction de *C. imicola*.

L'indice de distance à la mer (noté D) correspond à la distance calculée le long d'un chemin de flux afin de prendre en compte l'influence de la topographie sur la progression des populations de *Culicoides*, pondérée par le type de milieu (ouvert, semi-ouvert, fermé) déterminé précédemment (§3.2).

Pour chaque bassin versant, un indicateur de risque de diffusion sera calculé intégrant notamment l'indice topographique D (§3.4).

### 3.4 Calcul d'un indicateur spatialisé du risque de diffusion de populations de *Culicoides imicola*

Afin de contribuer à évaluer le risque de présence du vecteur de la FCM dans la zone d'étude du Var, un indicateur spatialisé du risque de diffusion de *C. imicola* dans cette zone est proposé, à partir des hypothèses suivantes, établies d'après la littérature et de connaissances à dire d'expert sur les *Culicoides*.

1) Tout d'abord, le moucheron *C. imicola* peut être transporté de manière passive par les vents sur de longues distances au dessus de la mer et ainsi être introduit dans de nouvelles zones. Dans le cas de notre zone d'étude, la région la plus proche ayant des populations installées de *C. imicola* étant la Corse, les lieux d'introduction les plus probables sont donc les zones littorales.

2) D'autre part, l'altitude et le type d'ouverture des milieux conditionnent le potentiel de dispersion continentale des populations de *C. imicola* à partir des lieux d'introduction (voir §3.2 et §3.3). Dans la zone d'étude, la diffusion des populations de *C. imicola* s'effectue donc à partir des zones littorales, en remontant dans les

vallées, d'autant plus rapidement que les milieux traversés sont ouverts.

3) Enfin, le terme hydrologique de « bassin versant » correspond à une unité spatiale homogène au regard du risque d'introduction et de diffusion de *C. imicola*. Considérant uniquement les hypothèses 1 et 2, l'indice de distance D défini précédemment, est un indice inversement proportionnel au risque que des populations de *C. imicola* aient atteint un point donné à partir d'une introduction potentielle sur la zone côtière.

Afin d'affiner cet indice, nous avons défini pour chaque bassin versant (hypothèse 3) (i) un indice de risque d'introduction, (ii) un indice de risque de dispersion, et pour les bassins versants où des populations de *C. imicola* sont déjà présentes, (iii) une distance d'introduction.

L'indice de risque d'introduction,  $i_{int}$ , est défini pour chaque bassin comme la probabilité que de nouveaux individus de *C. imicola* soient introduits depuis la Corse. Cet indice dépend de l'orientation du bassin avec la direction Var-Corse qui est orientée Sud-Est. Trois types de bassins sont différenciés : les bassins où *C. imicola* était présent en 2004 ( $i_{int} = 1$ ), les bassins orientés Sud, Sud-Est ou Est ( $i_{int} = 0,25$ ) et enfin les autres bassins pour lesquels un nouveau risque d'introduction par les vents a été considéré comme très faible ( $i_{int} = 0,01$ ). Le risque de dispersion,  $i_{dis}$ , est défini pour chaque bassin comme la probabilité que des populations de *C. imicola* s'y dispersent depuis des bassins où elles ont été détectées en 2004. Trois classes de bassins sont différenciées : les bassins où *C. imicola* a été piégé en 2004 ( $i_{dis} = 1$ ), les bassins ayant une limite commune avec les bassins où *C. imicola* a été piégé en 2004 ( $i_{dis} = 0,5$ ), et les autres ( $i_{dis} = 0,1$ ).

Pour les bassins dans lesquels *C. imicola* était déjà présent en 2004, la distance d'introduction  $D_{int}$  est définie pour chaque bassin versant comme la valeur maximale de D sur l'ensemble des pièges positifs du bassin. Pour ceux dans lesquels *C. imicola* n'était pas présent en 2004, la valeur de  $D_{int}$  vaut 0. Finalement, l'indice de risque de diffusion de *C. imicola*, noté  $I_{RD}$ , est défini par :

$$I_{RD} = \frac{i_{int} \times i_{dis}}{\text{Max}(D - D_{int}, 0) + 1} \quad (1)$$

Cet indice varie entre 0 et 1 et peut être interprété en un point donné comme la probabilité que des populations de *C. imicola*, suite à leur introduction sur le littoral, confirmée par les piégeages de 2004, se soient dispersées jusqu'au point considéré.

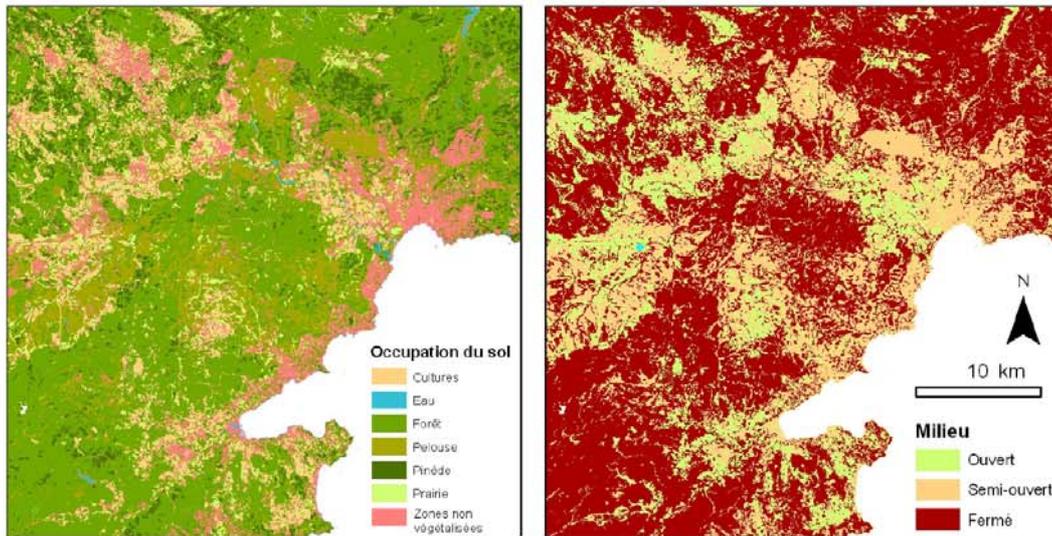


FIGURE 3 : Classification de l'image SPOT de la zone de Roquebrune-sur-Argens, Var. Classification of the SPOT image of the Roquebrune-sur-Argens area, Var.

### 3.5 Evaluation

Afin d'évaluer la pertinence de cet indice comme outil visant à mieux anticiper l'extension de *C. imicola* dans la région de Roquebrune-sur-Argens, les résultats des piégeages entomologiques de 2005 ont été comparés aux valeurs  $I_{RD}$  calculées en chacun des sites de piégeages qui n'ont pas servi à la définition de cet indice. Un test de corrélation des rangs de Spearman a été appliqué afin d'évaluer la relation entre le nombre de *C. imicola* capturés par piège et la valeur de l'indice  $I_{RD}$  calculé pour ce piège. En effet, il semble plus important d'avoir une estimation de l'ordre de grandeur de la population locale capturée que du nombre exact de *C. imicola* par piège (qui est sous l'influence d'autres paramètres tels que les conditions météorologiques au moment du piégeage). Enfin, pour les quatre classes de résultats de piégeages (classe 1 : aucun *C. imicola* ; classe 2 : entre 1 et 10 ; classe 3 : entre 10 et 100 ; classe 4 : plus de 100), la moyenne et l'écart type de l'indice  $I_{RD}$  ont été calculées.

### 4. RESULTATS

Les résultats de la classification de l'image SPOT-5 et de la classification en trois types de milieux (ouvert, semi-ouvert, fermé) sont présentés sur la figure 3. La qualité de la classification est très bonne, avec un taux de bonne classification de 95 % et un indice de Kappa de 0,95. La délimitation des bassins versants met en évidence neuf bassins versants dans la zone d'étude (figure 4).

Leurs caractéristiques respectives (orientation, résultats des piégeages de 2004,  $i_{int}$ ,  $i_{dis}$ ,  $D_{int}$ ) sont présentées dans le tableau 4. La cartographie de l'indice topographique  $D$  permet de visualiser un premier niveau de risque de diffusion des *C. imicola* à partir des zones côtières (figure 5), basé uniquement sur des données environnementales (topographie et occupation du sol). Cette première représentation ne prend en effet pas en compte les données entomologiques.

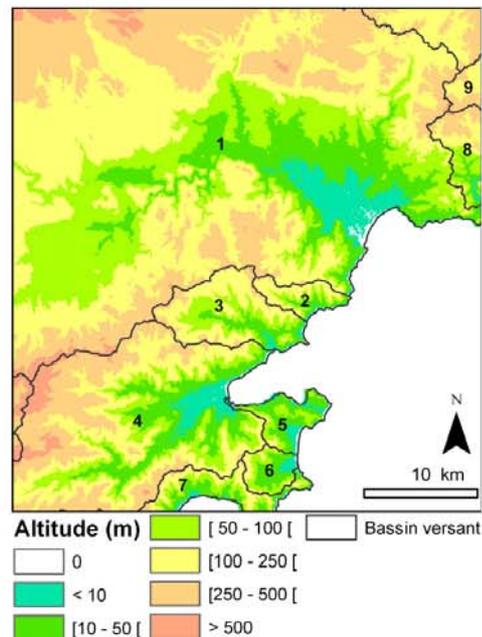


FIGURE 4 : Limites des bassins versants calculés à partir du Modèle Numérique de Terrain dans la région de Roquebrune-sur-Argens, Var. Watershed limits derived from Digital Elevation Model data, Roquebrune-sur-Argens region, Var.

**TABEAU 4 :** Caractéristiques des bassins versants de la zone d'étude. *Characteristics of the watersheds within the study area.*

N°	Orientation	<i>C. imicola</i> en 2004	<i>i_int</i> (indice de risque d'introduction)	<i>i_dis</i> (indice de risque de dispersion)	<i>D_int</i> (distance d'introduction, en mètres)
1	SE	PRESENT	1	1	31 200
2	SE	-	1	0,5	0
3	SE	-	1	0,5	0
4	E	PRESENT	0,25	1	22 770
5	E	-	0,25	0,5	0
6	E	-	0,25	0,1	0
7	S	-	0,25	0,1	0
8	S	-	0,25	0,5	0
9	E	-	0,25	0,1	0

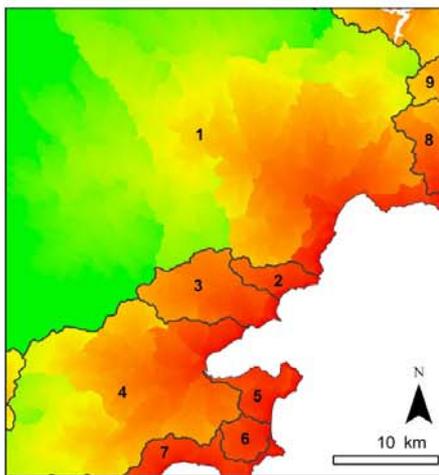
Les variations spatiales de l'indicateur de risque de diffusion de populations de *C. imicola* (avec prise en compte des résultats des piégeages de 2004) sont présentées dans la figure 6. Cette représentation met en évidence les deux zones où des populations de *C. imicola* étaient déjà installées en 2004 (bassins 1 et 4, en rouge) ; en dehors de ces zones, l'indice de risque décroît en même temps que la distance pondérée par le type de milieu augmente, à une vitesse variable en fonction des caractéristiques de chaque bassin. Le coefficient de corrélation de Spearman indique une corrélation positive entre le classement des pièges en fonction du nombre de *C. imicola* capturés et l'indice, *I<sub>RD</sub>*, de risque de diffusion calculé pour chaque site de piégeage (RS = 0,7 ; p<0,001). Le calcul de la valeur moyenne de l'indice *I<sub>RD</sub>* pour les quatre classes

d'abondance croissante de *C. imicola* montre effectivement une augmentation de l'indice en fonction du rang mais avec cependant des écarts types importants (tableau 5).

**TABEAU 5 :** Valeur moyenne de l'indice de risque de diffusion pour les quatre classes d'abondance. *Mean-value of the risk diffusion index according to the four abundance classes.*

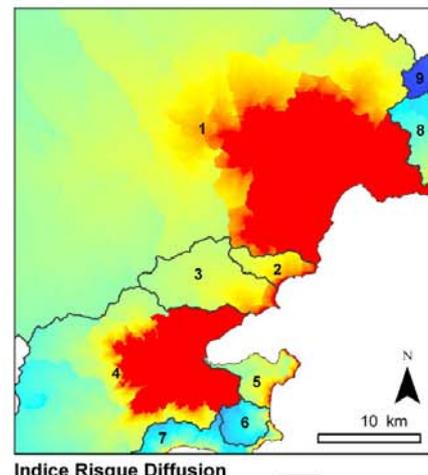
Classe	Nombre de <i>Culicoides imicola</i> /piège	Nombre de pièges	Valeur moyenne <i>I<sub>RD</sub></i> (IC95%*)
1	0	8	0,25 (0 - 0,57)
2	[0-10]	21	0,38 (0,18 - 0,58)
3	[10-100]	5	0,8 (0,41 - 1)
4	> 100	4	1

\* Intervalle de confiance à 95 %



**Indice D**  
Elevé  
Faible  
Bassin versant

**FIGURE 5 :** Distribution spatiale de l'indice de distance à la mer le long d'un chemin de flux pondérée par le type de milieu (indice D), région de Roquebrune-sur-Argens, Var. *Spatial distribution of the distance index along a flow path weighted by land cover type (D index), Roquebrune-sur-Argens region, Var.*



**Indice Risque Diffusion**  
1  
0  
Bassin versant

**FIGURE 6 :** Distribution spatiale de l'indicateur de risque de diffusion de *Culicoides imicola* dans la région de Roquebrune-sur-Argens, Var. *Spatial distribution of the diffusion risk index for Culicoides imicola in the Roquebrune-sur-Argens region, Var.*

## 5. DISCUSSION

De part le caractère nouveau et inattendu des maladies émergentes (nouvel agent pathogène, nouveau cycle de transmission ou nouveaux facteurs de risque), on manque souvent de recul et de connaissances sur les déterminants de leur transmission. Afin d'améliorer dispositif de surveillance et de contrôle d'une maladie vectorielle émergente comme la FCM dans le Var, les techniques de modélisation peuvent être utiles pour d'une part mieux comprendre les mécanismes d'introduction et de diffusion du vecteur et d'autre part, mettre au point des outils d'aide à la décision : prévision des zones et périodes à risque, simulations d'émergence selon différents scénarii. En particulier, l'utilisation des outils géomatiques permet la prise en compte de la dimension spatiale dans l'évaluation du risque en épidémiologie, grâce, par exemple, à la cartographie des zones favorables au développement des vecteurs, à différentes échelles spatiales (Anyamba et al., 2002 ; Bouyer et al., 2006; Eisen et al., 2006).

Dans cette étude, nous montrons que l'information dérivée de données de télédétection (altitude, occupation du sol) peut être exploitée pour produire des indices simples permettant d'identifier les zones où la présence du moucheron vecteur de la FCM est possible. L'analyse des relations entre les valeurs de l'indice de risque de diffusion et les données des piégeages entomologiques montre en effet une bonne corrélation. Ces résultats semblent confirmer la validité de nos hypothèses sur la dispersion de *C. imicola* (§3.4). La carte de risque de diffusion obtenue présente ainsi de manière synthétique (figure 6) le potentiel de diffusion de cette espèce dans la zone.

Cependant cette information est incomplète, elle correspond à la probabilité que des spécimens *C. imicola* aient pu atteindre un point donné à partir d'une introduction sur la côte mais ne correspond pas à la distribution réelle de *C. imicola* dans la zone. En effet, des sites très proches géographiquement pourront présenter des différences importantes de densités, du fait de l'importance des conditions environnementales locales et des pratiques d'élevage (densité et race animale, gestion des effluents, utilisation d'insecticide, etc.) sur la présence de ce moucheron. Par exemple, *C. imicola*, ayant besoin de substrats humides riches en matières organiques et de repas sanguins pris sur mammifères pour se reproduire, va préférentiellement s'installer à

proximité d'élevages ; des facteurs environnementaux liés à la structure du paysage (ensoleillement moyen, indice de fragmentation des milieux) semblent également susceptibles de déterminer sa présence (Guis et al., 2007). L'importance de ces conditions locales explique les fortes disparités des valeurs de notre indice dans les différentes classes d'abondance (tableau 5) : ainsi dans une zone à fort risque de diffusion ( $I_{RD}$  proche de 1), certains pièges présentent des densités de *C. imicola* faibles ou nulles, probablement du fait de l'existence de conditions locales défavorables à sa présence (pratiques d'élevage, type de sol, etc.).

Ainsi, la détermination des conditions favorables à l'installation de *C. imicola* s'avère nécessaire pour compléter ce travail et obtenir une carte plus précise de la distribution du vecteur de la FCM dans cette région. Le plus souvent, pour obtenir ce type de carte, on s'appuie sur l'analyse de corrélation entre les résultats des piégeages entomologiques et des paramètres environnementaux (Achee et al., 2006; Munga et al., 2006; Vanwambeke et al., 2007). Cette analyse n'a pas pu être réalisée ici, en raison des difficultés d'interprétation soulevées par une telle approche dans le cas d'un processus d'installation récent et en cours. En effet dans ce cas certains piégeages pourront être négatifs non pas parce qu'ils présentent des conditions défavorables à la présence du vecteur considéré, mais du fait que celui-ci ne s'est pas encore dispersé jusque là. La détermination de l'indicateur de risque de diffusion constitue donc un pré-requis nécessaire pour une telle analyse. Pour améliorer cet indice, une analyse de sensibilité doit être effectuée pour évaluer l'impact des variables  $i_{int}$ ,  $i_{dis}$  et  $D_{int}$  (dont l'ordre de grandeur a été déterminé d'après nos hypothèses sur la dispersion de *C. imicola* dans la zone étudiée) sur la valeur de l'indice  $I_{RD}$  et, dans une phase de calibration, ajuster les paramètres de ces variables de manière à ce qu'ils correspondent mieux aux données entomologiques. Par ailleurs, afin de tester son caractère générique, cet indice pourrait être appliqué sur d'autres zones géographiques présentant des caractéristiques semblables d'installation puis de diffusion de *C. imicola*, comme la Catalogne (Sarto i Monteys et al., 2005; Calvete et al., 2006).

Une autre perspective à ce travail serait la prise en compte de la dimension temporelle de l'installation des populations de *C. imicola* dans la zone de Roquebrune-sur-Argens, par exemple par l'exploitation d'un modèle spatiotemporel de diffusion (Raffy et Tran, 2005) appliqué non pas

de manière uniforme sur l'ensemble de la zone, mais par bassin versant. Un tel modèle dynamique permettrait d'évaluer la vitesse de diffusion de *C. imicola* et de pouvoir étudier sa progression par simulation. A terme, ces données sur la distribution spatio-temporelle des vecteurs de la FCM pourraient être assimilées dans un modèle de la capacité vectorielle de *C. imicola* (Biteau-Coroller et al., 2006), qui est un indicateur du risque de transmission d'une maladie classiquement utilisé pour les maladies vectorielles (Garrett-Jones, 1964).

En dehors de la zone du littoral est varois, dans les zones littorales où *C. imicola* n'est pas encore implanté, la méthode développée dans l'est du Var pour déterminer un indice topographique représentant le potentiel de diffusion de *C. imicola*, indice *D*, peut également être appliqué pour cartographier ce potentiel dans d'autres zones littorales. En effet les résultats sur le Var semblent confirmer les hypothèses sur l'influence de la topographie et de l'occupation du sol sur la dispersion de *C. imicola*. De telles cartes permettraient d'augmenter la surveillance entomologique dans les zones où le potentiel de diffusion est le plus fort. L'estimation de ce potentiel apporterait également de précieuses informations pour orienter la surveillance clinique et sérologique de la maladie.

## 6. CONCLUSION

Une nouvelle approche utilisant la télédétection et les SIG a été développée pour modéliser le risque de diffusion du vecteur de la FCM dans le département du Var. Peu de choses étant connues sur l'écologie de *C. imicola*, le calcul de l'indicateur développé ici repose sur des hypothèses simples sur le type de facteurs influant sur la dispersion de ce moucheron. Les résultats montrent une bonne concordance entre les valeurs de l'indice calculé et les résultats des piégeages entomologiques, confirmant l'importance de la prise en compte de la topographie et de l'occupation du sol pour la compréhension de la distribution spatiale de *C. imicola* dans cette région. De manière plus générale, cette étude souligne l'intérêt d'intégrer les outils géomatiques dans les programmes de surveillance et de contrôle des maladies émergentes.

## 7. REMERCIEMENTS

Ce papier est dédié à Ferdinand Bonn, en hommage à ses travaux dans le domaine de la

télédétection. Ferdinand dirigea mon stage de fin d'études d'ingénieur au Centre d'Applications et de Recherche en Télédétection, à Sherbrooke, en 1999. Sa curiosité et son ouverture d'esprit ont contribué à ce que j'envisage ensuite des applications de la télédétection dans des domaines très éloignés de la physique et du traitement du signal, comme l'épidémiologie. Pour sa générosité, sa gentillesse et l'attention qu'il portait au devenir de ses anciens étudiants... Merci.

De manière plus prosaïque, pour cette étude le recueil des données entomologiques a été diligenté et financé par la DGAL/Ministère français de l'Agriculture, conduit par le Cirad, avec la collaboration active de l'université Louis Pasteur de Strasbourg et l'EID-Méditerranée. Les auteurs remercient également le CNES (programme ISIS) pour son co-financement d'acquisition de l'image SPOT-5.

## Références

- Achee, N.L., Grieco, J.P., Masuoka, P., Andre, R.G., Roberts, D.R., Thomas, J., Briceno, I., King, R. and Rejmankova, E. (2006) Use of remote sensing and geographic information systems to predict locations of *Anopheles darlingi* positive breeding sites within the Sibun River in Belize, central America. *Journal of Medical Entomology*, vol. 43, n° 2, p. 382-392.
- Alba, A., Casal, J. and Domingo, M. (2004) Possible introduction of bluetongue into the Balearic Islands, Spain, in 2000, via air streams. *The Veterinary Record*, vol. 155, p. 460-461.
- Anyamba, A., Linthicum, K.J., Mahoney, R., Tucker, C.J. and Kelley, P.W. (2002) Mapping potential risk of Rift Valley Fever outbreaks in African savannas using vegetation index time series data. *Photogrammetric Engineering & Remote Sensing*, vol. 68, n° 2, p. 137-145.
- Baldet, T., Mathieu, B., Delécolle, J.C., Gerbier, G. and Roger, F. (2005) Emergence de la fièvre catarrhale du mouton dans le Bassin méditerranéen et surveillance entomologique en France. *Revue Elevage et Médecine vétérinaire*, vol. 58, n° 3, p. 125-132.
- Bishop, A.L., Spohr, L.J. and Barchia, I.M. (2004) Effects of altitude, distance and waves of movement on the dispersal in Australia of the arbovirus vector, *Culicoides brevitarsis* Kieffer (Diptera: Ceratopogonidae). *Preventive Veterinary Medicine*, vol. 65, n° 3-4, p. 135-145.
- Biteau-Coroller, F., Guis, H., Mathieu, B., Carpenter, S., Baldet, T. and Roger, F. (2006) Vectorial capacity of *Culicoides imicola* in a new colonised area in southern mainland France. *Proceedings of the 11th Symposium of the International Society for Veterinary Epidemiology and Economics*, Cairns, Australia: ISVEE, vol. 11, p. 269.
- Bouyer, J., Guerrini, L., Desquesnes, M., de la Rocque, S. and Cuisance, D. (2006) Mapping African Animal Trypanosomosis risk from the sky. *Veterinary Research*, vol. 37, n° 5, p. 633-645.
- Braverman, Y. and Chechik, F. (1996) Air streams and the introduction of animal diseases borne on *Culicoides*

- (Diptera, Ceratopogonidae) into Israel. *Revue Scientifique et Technique de l'Office International des Epizooties*, vol. 15, n° 3, p. 1037-52.
- Calvete, C., Miranda, M.A., Estrada, R., Borrás, D., Sarto i Monteys, V., Collantes, F., Garcia-de-Francisco, J.M., Moreno, N. and Lucientes, J. (2006) Spatial distribution of *Culicoides imicola*, the main vector of bluetongue virus, in Spain. *Vet Rec*, vol. 158, n° 4, p. 130-1.
- Site internet Cirad (2007) Surveillance de la Bluetongue en France. <http://bluetongue.cirad.fr/>.
- Delécolle, J.C. and de la Rocque, S. (2002) Contribution à l'étude des *Culicoides* de Corse. Liste des espèces recensées en 2000/2001 et redescription du principal vecteur de la fièvre catarrhale du mouton : *C. imicola* Kieffer, 1913 (Diptera : Ceratopogonidae). *Bulletin de la Société Entomologique Française*, vol. 107, n° p. 371-379.
- Site internet Emerging Infectious Diseases Journal (2007) About the Emerging Infectious Diseases journal: Background and goals. <http://www.cdc.gov/ncidod/EID/about/background.htm>.
- Eisen, L., Eisen, R.J. and Lane, R.S. (2006) Geographical distribution patterns and habitat suitability models for presence of host-seeking ixodid ticks in dense woodlands of Mendocino County, California. *Journal of Medical Entomology*, vol. 43, n° 2, p. 415-427.
- Garrett-Jones, C. (1964) Prognosis for interruption of malaria transmission through assessment of the mosquito's vectorial capacity. *Nature*, vol. 204, n° 4964, p. 1173-1175.
- Gerbier, G., Baldet, T., Cetre-Sossah, C., Biteau-Coroller, F., Zientara, S. and Roger, F. (2006) Emergence of bluetongue in France 2000-2004 : lessons for surveillance. *Proceedings of the 11th Symposium of the International Society for Veterinary Epidemiology and Economics*, Cairns, Australia: ISVEE, vol. 11, p. 135-137.
- Gerbier, G., Biteau-Coroller, F., Grillet, C., Parodi, J., Zientara, S., Baldet, T., Guis, H. and Roger, F. (2007) A description of the outbreak of Bluetongue (BTV 4) in Corsica in 2003: lessons for surveillance. *Veterinary Record* (à paraître)
- Gomez-Tejedor, C. (2004) Brief overview of the bluetongue situation in Mediterranean Europe, 1998-2004. *Veterinaria Italiana*, vol. 40, n° 3, p. 57-60.
- Gubler, D.J., Reiter, P., Ebi, K.L., Yap, W., Nasci, R. and Patz, J.A. (2001) Climate variability and change in the United States: Potential impacts on vector and rodent-borne diseases. *Environmental Health Perspectives*, vol. 109, n° p. 223-233.
- Guis, H., Tran, A., de la Rocque, S., Baldet, T., Gerbier, G., Barragué, B., Biteau-Coroller, F., Roger, F., Viel, J.-F. and Mauny, F. (2007) Use of high spatial resolution satellite imagery to characterize landscapes at risk for bluetongue in Corsica, France. *Veterinary Research* vol. 38, p. 669-683.
- Mathieu, B., Biteau-Coroller, F. and Baldet, T. (2004) Prospections entomologiques dans la région de Roquebrune sur Argens suite à la découverte de spécimens de *Culicoides imicola* vecteur de la fièvre catarrhale du mouton. *Centre de coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement, Rapport de mission*, Montpellier, 12 p.
- Mellor, P.S., Boorman, J. and Baylis, M. (2000) *Culicoides* biting midges: Their role as arbovirus vectors. *Annual Review of Entomology*, vol. 45, p. 307-340.
- Meiswinkel, R., Labuschagne, K., Baylis, M., and Mellor, P. S. (2004). Multiple vectors and their differing ecologies: observations on two bluetongue and African horse sickness vector *Culicoides* species in South Africa. *Veterinaria Italiana*, vol. 40, n°3, p. 296-302.
- Munga, S., Minakawa, N., Zhou, G.F., Mushinzimana, E., Barrack, O.O.J., Githeko, A.K. and Yan, G.Y. (2006) Association between land cover and habitat productivity of malaria vectors in western Kenyan highlands. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, vol. 74, n° 1, p. 69-75.
- Site internet Office International des Epizooties (2007) Maladies de la Liste de l'OIE. [http://www.oie.int/fr/maladies/fr\\_classification.htm?eId=7](http://www.oie.int/fr/maladies/fr_classification.htm?eId=7).
- Purse, B.V., Mellor, P.S., Rogers, D.J., Samuel, A.R., Mertens, P.P.C. and Baylis, M. (2005) Climate change and the recent emergence of bluetongue in Europe. *Nature Reviews Microbiology*, vol. 3, n° 2, p. 171-181.
- Raffy, M. and Tran, A. (2005) On the dynamics of flying insects populations controlled by large scale information. *Theoretical Population Biology*, vol. 68, n°2, p. 91-104.
- Roger, F. (2002) Emergence of Bluetongue Disease in the Mediterranean basin: Modelling Locations at Risk for Potential Vectors (*Culicoides* spp.) using Satellite Imagery. *Master of Science in Veterinary Epidemiology*, University of London, 84 p.
- Rogers, D.J. and Randolph, S.E. (2006) Climate change and vector-borne diseases. *Advances in parasitology*, vol. 62, n° p. 345-381.
- Sarto i Monteys, V., Ventura, D., Pagès, N., Aranda, C. and Escosa, R. (2005) Expansion of *Culicoides imicola*, the main bluetongue virus vector in Europe, into Catalonia, Spain. *The Veterinary Record*, vol. 156, n° p. 415-417.
- Sellers, R.F. (1980) Weather, host and vector-their interplay in the spread of insect-borne animal virus diseases. *J Hyg (Lond)*, vol. 85, n° 1, p. 65-102.
- Sellers, R.F. and Mellor, P.S. (1993) Temperature and the persistence of viruses in *Culicoides* spp. during adverse conditions. *Revue scientifique et technique de l'Office International des Epizooties*, vol. 12, n° 3, p. 733-55.
- Tatem, A.J., Baylis, M., Mellor, P.S., Purse, B.V., Capela, R., Pena, I. and Rogers, D.J. (2003) Prediction of bluetongue vector distribution in Europe and north Africa using satellite imagery. *Veterinary Microbiology*, vol. 97, n° 1-2, p. 13-29.
- Toma, B. and Thiry, E. (2003) Qu'est-ce qu'une maladie émergente ? *Epidémiologie et santé animale*, vol. 44, n° p. 1-11.
- Tran, A., Biteau-Coroller, F., Guis, H. and Roger, F. (2005) Modélisation des maladies vectorielles. *Epidémiologie et santé animale*, bulletin de l'Association pour l'Etude de l'Epidémiologie des Maladies Animales, vol. 47, n° p. 35-51.
- Vanwambeke, S.O., Somboon, P., Harbach, R.E., Isenstadt, M., Lambin, E.F., Walton, C. and Butlin, R.K. (2007) Landscape and land cover factors influence the presence of *Aedes* and *Anopheles* larvae. *Journal of Medical Entomology*, vol. 44, n° 1, p. 133-144.
- Wittman, E.J., Mellor, P.S. and Baylis, M. (2001) Using climate data to map the potential distribution of *Culicoides imicola* (Diptera : Ceratopogonidae) in Europe. *Revue Scientifique Et Technique De L'Office International Des Epizooties*, vol. 20, n° 3, p. 731-740.
- Working Group Vectors (2003) Conclusions of the Working Group 2 Vectors, 3rd OIE BlueTongue International Symposium. *Veterinaria Italiana*, vol. 40, n° 4, p. 715-717.

## Communications et posters

**Communication 1 :** Guis H., de La Rocque S., Tran A., Roger F., Gerbier G., Baldet T., Viel J.-F., Mauny F. Caractérisation par télédétection des paysages favorables à *Culicoides imicola* en Corse. Communication orale ; *XII<sup>ème</sup> Forum des Jeunes Chercheurs, Besançon, 8-9 juin 2006* (Prix de la communication orale pour le thème Sciences de l'environnement et géosciences).

**Communication 2 :** Guis H., Tran A., Mauny F., Roger F., Gerbier G., Baldet T., Viel, J.-F., de La Rocque S. Use of satellite imagery to predict the distribution of bluetongue in Corsica. Communication orale ; *XI<sup>th</sup> ISVEE (International Symposium on veterinary Epidemiology and Economics), Cairns, Australia, 6<sup>th</sup> - 11<sup>th</sup> August 2006*.

**Communication 3 :** Biteau-Coroller F., Guis H., Mathieu B., Carpenter S., Baldet T., Roger F. Vectorial capacity of *Culicoides imicola* in a new colonised area in southern mainland France. Communication orale ; *XI<sup>th</sup> ISVEE, Cairns, Australia, 6<sup>th</sup> - 11<sup>th</sup> August 2006*.

**Poster 1 :** Guis H., Tran A., de La Rocque S., Baldet T., Delecolle J.-C., Mathieu B., Roger F., Viel, J.-F., Mauny F. Towards the favourable landscapes for *Culicoides imicola*, the main bluetongue vector in Corsica. Poster ; *15<sup>th</sup> Euro SOVE (Society for Vector Ecology) Conference, Serres, Greece, 10<sup>th</sup> - 14<sup>th</sup> April 2006*.

**Poster 2 :** Guis H., Tran A., Barrague B., Baldet T., Gerbier G., de La Rocque S., Roger F., Viel, J.-F., Mauny F. A multiple fine-scale satellite-derived approach to model bluetongue in Corsica (France). Poster ; *First OIE International Conference on the Use of GIS in Veterinary Medicine, Silvi Marina, Italy, 8<sup>th</sup> -11<sup>th</sup> October 2006*.

## **Caractérisation par télédétection des paysages favorables à *Culicoides imicola*, vecteur de la fièvre catarrhale ovine en Corse**

Hélène Guis<sup>1,2</sup>, Stéphane de La Rocque<sup>2</sup>, Annelise Tran<sup>2</sup>, François Roger<sup>2</sup>, Guillaume Gerbier<sup>2</sup>, Thierry Baldet<sup>2</sup>, Jean-François Viel<sup>1</sup>, Frédéric Mauny<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Programme pluri-formation Milieux naturels - milieux anthropisés, Université de Franche-Comté, Besançon

<sup>2</sup> Epidémiologie et écologie des maladies animales, CIRAD département EMVT, Montpellier

Du fait des changements climatiques et des actions de l'homme, de nombreux écosystèmes acquièrent la capacité d'héberger de nouveaux pathogènes majeurs. Ainsi, depuis quelques années, la répartition des vecteurs (particulièrement sensibles à leur écosystème) et des maladies qu'ils transmettent se modifie. L'objectif de ce projet est d'étudier les conditions d'installation d'un vecteur dans un nouvel écosystème en prenant l'exemple de *Culicoides imicola*, le moucheron vecteur de la fièvre catarrhale ovine en Corse. Nous proposons ici d'utiliser la télédétection et l'analyse paysagère pour caractériser les paysages favorables à *C. imicola*.

Les paramètres environnementaux susceptibles d'influer sur la répartition du vecteur ont été obtenus à partir d'une image satellite SPOT (pixel de 10 m de résolution) et d'un modèle numérique de terrain. A partir de l'image, un indice de végétation (normalized difference vegetation index, NDVI) a été calculé et une classification supervisée de type orientée objet a été effectuée afin de produire une carte de végétation. Cette carte a permis de définir des indicateurs paysagers relatifs à l'agencement, la forme et la répartition des patchs (îlots) de végétation. Du modèle numérique de terrain ont été extraits la pente, l'altitude, l'ensoleillement et l'orientation.

Parallèlement, des données épidémiologiques concernant les caractéristiques des élevages ovins et leur statut vis-à-vis de la fièvre catarrhale ovine ont été recueillies et intégrées à un système d'information géographique.

Pour expliquer la survenue de foyers de fièvre catarrhale ovine, les voisinages des élevages sains et infectés ont été comparés à trois niveaux d'échelle. Les résultats font ressortir le rôle de la latitude, de certaines classes de végétation et du NDVI. Le choix des données et des méthodes mises en œuvre, ainsi que les résultats et les perspectives en termes de surveillance sanitaire sont discutés.

- ∞ - ∞ -

**Prix du Forum Jeunes Chercheurs 2006**  
**Communication orale pour le thème Sciences de l'environnement et géosciences**

## Use of satellite imagery to predict the distribution of bluetongue in Corsica

Guis, H.<sup>1,2</sup>, Tran, A.<sup>1</sup>, Mauny, F.<sup>2</sup>, Roger, F.<sup>1</sup>, Gerbier, G.<sup>1</sup>, Baldet, T.<sup>1</sup>, Viel, J.-F.<sup>2</sup>, de La Rocque, S.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>CIRAD, EMVT department, Montpellier, France, <sup>2</sup>University of Franche-Comte, Besançon, France

Due to climatic changes and human activities, many ecosystems are acquiring the capacity to shelter major pathogens. Because environmental parameters impact insects bionomics, vector and vector-borne disease distributions have significantly changed during the past years. Our aim is to study the conditions required for the establishment of a new vector in a new ecosystem, taking as example *Culicoides imicola*, one of the vectors of bluetongue, in Corsica.

The favorable environment for *C. imicola* is described using remote sensing and Geographical Information Systems (GIS). Parameters likely to influence vector distribution were extracted from a SPOT image (10 meters pixel) and from a digital elevation model (DEM). The normalized difference vegetation index was calculated and a supervised classification was carried out. Slope, altitude, sunshine, and orientation of study sites were extracted from the DEM.

In parallel, data concerning the disease (sheep farm descriptors and sanitary status) in southern Corsica were collected. The neighborhood of infected and disease-free farms was compared in order to build a logistic model explaining bluetongue occurrence. Results highlight the role of environmental variables such as latitude, and some particular types of vegetation. Data, methods, results, applications and limits of this approach are discussed.

## Vectorial Capacity Of *Culicoides imicola* In A New Colonised Area In Southern Mainland France

Biteau-Coroller Fabienne<sup>1</sup>, Guis Hélène<sup>1</sup>, Mathieu Bruno<sup>2</sup>, Carpenter Simon<sup>3</sup>, Baldet Thierry<sup>1</sup> and Roger François<sup>1</sup>

<sup>1</sup>CIRAD, Montpellier, France, <sup>2</sup>EID, Montpellier, France, <sup>3</sup>Institute of Animal Health, Pirbright, United Kingdom

### Abstract

Bluetongue (BT) disease occurred for the first time in Corsica, France in 2000. Once the presence and the establishment of *C. imicola* were confirmed in a small area of the southern mainland of France (Var département), the risk of a bluetongue outbreak in this area became higher. In the case of mosquito-borne diseases, the vectorial capacity is a widely and useful adopted estimate used to assess the susceptibility of an area to a particular disease. This integrated approach was applied in the Var context. In this zone, four trapping sites were monitored weekly from mid-April 2005 to mid-November 2005 with a UV light trap. The abundance and the parity of *C. imicola* were collected and analysed in regard with local meteorological data. Expert opinions and previous published results were used to estimate others parameters of the vectorial capacity. Uncertainty and variability were taken into account by using probabilistic distributions. The vector competence of this *C. imicola*'s population was tested through experimental infections under laboratory conditions. The benefits of such an approach are analysed with the purpose of finding few sensitive parameters which could be monitored in routine.

### Introduction

Since the emergence of the bluetongue (BT) in Corsica in 2000, the France is confronted by a particular epidemiologic situation. Thus, in Mediterranean area of France, we can distinguish three levels of BT risk: the infected zone (Corsica) where BTV virus and its main vector, *Culicoides imicola* are present, a limited area in Var where only *C. imicola* is known to be established since October 2004 and the zones bordering Italy and Spain where the vector is present. To adapt the surveillance system to areas where the virus is still not present, we test the use of the vectorial capacity as a comparative index [Dye, 1992] to assess the BTV risk transmission. Vectorial capacity gives the number of new infections produced by the vector population per day from one infective case introduced into a naïve host population [Garrett-Jones, 1964]. It synthesizes certain attributes of the vector population in its environment: density of females relative to its hosts, frequency of feeding, host preference, survival rate, the extrinsic incubation period of the virus. The final intended objective is to obtain an integrated approach that combines the different elements involved in the BT transmission, whether they are direct (*C. imicola*, BTV virus and sensitive hosts) or indirect (environmental factors).

#### Objective

The objective of the research was to use the vectorial capacity to compare the potential risk of BTV transmission in time or/and in space.

### Methods

The study took place in the Argens river valley in Roquebrune sur Argens (Var department), the only area in the mainland of France where *C. imicola* is established.

To monitor the vector abundance and its survival rate during its seasonal activity period, 4 trap sites were selected according to the presence of the target animals (only sheep and horses in this particular area) and their geographic situation. The *Culicoides* were trapped weekly with a classical New Jersey light trap slightly modified using UV-light as attractants (fluorescent tubes, type "Atlas" F4T5/BL, 4 Watts). *C. imicola*'s females were classified as either nulliparous or parous according to the presence of pigment deposited in the abdominal cuticle (Dyce, 1969).

The competence study of *C. imicola* was studied in the Institute of Animal Health (Pirbright) according to a published method [Carpenter *et al.* 2006; Venter *et al.*, 2005]. The French *C. imicola* were trapped in large number in Var and transported as soon as possible to Pirbright (UK) where they were orally infected with a BTV 9 (Kosovo) serotype.

The vectorial capacity was determined by the following formula:

$$VC = \frac{ma^2Vp^n}{-\log p}$$

where VC is the vectorial capacity, ma is the number of bites per host per day, a is the host preference divided by the length of time between bloodmeals, V is the vector competence (ability of the vector population for pathogen infection and transmission), p is the daily survival rate of the vector, and n is the extrinsic incubation period of the virus (that is the number of days between the infection of the vector and the time when that insect is capable of transmitting the virus to a host). The estimates for parameters were based either on collected data (ma, p, V, host preference) or on the literature (a, n) and defined by a probabilistic distribution (table I). The output is the result of 10 000 simulations using a Latin hypercube sampling (@risk software).

Symbol	Description	estimation
ma	Number of bites per host per day	= M × •
•	Corrector factor*	Pert(1; 1.6; 5)*
M	Mean number of caught <i>C. imicola</i> females	mean(x traps per month)
a	host biting rate per host per day	= h / •
h	Host preference	Pert distribution (0.8; 1; 1)**
•	Duration of the gonotrophic cycle (days)	• <sub>mois</sub> depending on Tm [Mullens <i>et al.</i> , 2004] Triangular(• <sub>mois</sub> - (• <sub>mois</sub> *0.1); • <sub>mois</sub> ; • <sub>mois</sub> + (• <sub>mois</sub> *0.1))
•	Parous rate	• <sub>mois</sub> = total parous females/ total females
p	Daily survival rate	$p = \bullet_{\text{mois}}^{1/\mu}$ Triangular(p <sub>mois</sub> - (p <sub>mois</sub> *0.1); p <sub>mois</sub> ; p <sub>mois</sub> + (p <sub>mois</sub> *0.1)) truncated at 0.98
n	Extrinsic incubation period (days)	n=0,0069*Tm - 0,0636 [Wittman <i>et al.</i> , 2002] Triangular(n <sub>mois</sub> - (n <sub>mois</sub> *0.1) ; n <sub>mois</sub> ; n <sub>mois</sub> + (n <sub>mois</sub> *0.1))

Table I: Model parameters and their estimates

\*: experimental determination in the field

\*\* in the case of isolated population

Tm: monthly mean temperature

## Results

In 30 night traps, a total of 6447 *C. imicola* were collected in a sheep barn in Var between the 1st of May and the 12th of November 2005.

month	may	june	july	august	september	october	november
<i>C. spp</i>	254	283	304	209	488	453	262
<i>C. imicola</i>	11	20	34	197	470	428	224
Females	11	20	23	191	467	427	224
parous	4	5	11	69	226	202	95
nulliparous	7	14	11	123	241	225	129
mini	1	5	1	29	64	94	7
maxi	19	29	48	366	979	743	441

Table II: Monthly mean number of *C. spp* and *C. imicola* caught during the 30 night traps in a sheep barn in Var from May to November 2005

A total of 72 *C. imicola* females were orally infected and kept at 27°C during the extrinsic incubation period. All virus isolations were negative. According to the sample size, the maximum number of positive given that all 72 negative samples is 4,1 % ( $\alpha = 0,05$ ).

The vectorial capacity estimates calculated monthly in a flock is presented in the table III.

	Fitted distribution	Mean	Std. Deviation
June 2005	Lognorm(0.26907; 0.29568)	0.26907	0.29568
August 2005	Lognorm(4.3367; 4.5047)	4.3367	4.5047
September 2005	Lognorm(34.216; 53.018)	34.216	53.018
October 2005	Lognorm(41.550; 18.553)	41.550	18.553

Table III: Monthly outputs of the vectorial capacity in a sheep barn during the 2005 vector activity period.

## Discussion

As the vectorial capacity (VC) synthesizes vector population dynamics, contacts between hosts and vectors and the relationship between virus and vector, this index permits to assess the BT risk in its entirety. However, the biology of this vector is not well-known, certain approximations are necessary for a first attempt. But, as the final objective is not to definite the absolute value of the VC, the comparison of the calculated outputs in time or in space could be fully valuable to determine the period of the year when the risk is higher or to target the surveillance in sites where vectorial capacity's estimates are significantly more important.

The competence of *C. imicola* for BT virus has to be further more investigated. Larger number of wild specimens should be collected to improve the precision of the estimate. However, in view of these results, this competence does not seem to be too different from other published estimates [Venter et al., 2005].

In our example, no BT seroconversion was detected in the monitored flocks. Nevertheless, the VC model shows that the risk is higher in September and October in this French area and that it is different from site to site. Further more analyses will be done to test the pertinence of some key indicators as abundance or host preference to monitor the evolution of this VC index which reflects the BT transmission risk. The aim is to have a geographic information system compiling animals and vector data and significant environmental parameters thanks to the vectorial capacity.

## References

- Carpenter S., Lunt H. L. Arav D., Venter G. J., and Mellor P. S. (2006). Oral susceptibility to bluetongue virus of *Culicoides* (Diptera: Ceratopogonidae) from the United Kingdom. *Journal of Medical Entomology* 43, 73-8.
- Dyce, A. L. (1969). The recognition of nulliparous and parous *Culicoides* (Diptera: Ceratopogonidae) without dissection. *Journal of the Australian Entomological Society* 8, 11-15.
- Dye, C. (1992). The Analysis of Parasite Transmission by Bloodsucking Insects. *Annual Review of Entomology* 37, 1-19.
- Garrett-Jones, C. (1964). The Human Blood Index of Malaria Vectors in Relation to Epidemiological Assessment. *Bulletin of the World Health Organization* 30, 241-61.
- Gerry, A. C., B. A. Mullens, N. J. Maclachlan, J. O. Mecham, and C. E. Dada (2001). Seasonal transmission of bluetongue virus by *Culicoides sonorensis* (Diptera: Ceratopogonidae) at a southern California dairy and evaluation of vectorial capacity as a predictor of bluetongue virus transmission. *Journal of Medical Entomology* 38, 197-209.
- Mullens, B. A., A. C. Gerry, T. J. Lysyk, and E. T. Schmidtman (2004). Environmental effects on vector competence and virogenesis of bluetongue virus in *Culicoides*: interpreting laboratory in a field context. *Veterinaria Italiana* 40, 160-166.
- Venter, G. J., J. T. Paweska, H. Lunt, P. S. Mellor, and S. Carpenter. 2005. An alternative method of blood-feeding *Culicoides imicola* and other haematophagous *Culicoides* species for vector competence studies. *Veterinary Parasitology* 131, 331-335.
- Wittmann, E. J., P. S. Mello, and M. Baylis (2002). Effect of temperature on the transmission of orbiviruses by the biting midge, *Culicoides sonorensis*. *Med Vet Entomol* 16: 147-56.

# Towards the favourable landscapes for *Culicoides imicola* the main bluetongue vector in Corsica (France)

Guis H<sup>1,2</sup>, Tran A<sup>1</sup>, de La Rocque S<sup>1</sup>, Baldet T<sup>1</sup>, Delécolle JC<sup>3</sup>, Mathieu B<sup>4</sup>, Roger F<sup>1</sup>, Viel JF<sup>2</sup>, Mauny F<sup>2</sup>

Contact : guis@teladetection.fr



<sup>1</sup> CIRAD, EMVT department, Unit of epidemiology and ecology of animal diseases (Maison de la télédétection, 500 rue J.-F. Breton - 34093 Montpellier Cedex 5, France)

<sup>2</sup> University of Franche-Comté, Unit of health and rural environment in Franche-Comté, Besançon, France

<sup>3</sup> University Louis Pasteur of Strasbourg, Entomology unit, Strasbourg, France

<sup>4</sup> EID-Méditerranée, Mosquito control agency, Montpellier, France



## Introduction

Due to climatic changes and human activities, ecosystems are acquiring the capacity to shelter major pathogens. Because environmental parameters such as climate, vegetation or land-use impact insect's bionomics, some vector-borne disease distributions have significantly changed during the past years. Bluetongue (BT), an arboviral disease of ruminants, constitutes a good illustration of these changes as its main vector, *Culicoides imicola* (Diptera: Ceratopogonidae), was recently introduced and has rapidly dispersed to a great number of Mediterranean countries, causing an unprecedented series of disease outbreaks. Much remains to be discovered concerning the ecology of *C. imicola*. As all insects, *C. imicola* is sensible to factors such as temperature, humidity, etc. The hypothesis underlying this study is that environmental characteristics such as vegetation types are indicators of these factors. By studying environmental characteristics extracted from a single high-resolution satellite image (10 m pixel) and from a digital elevation model (DEM), we aim to develop an ecologic approach to map areas at risk of vector and disease.

## Emergence of Bluetongue virus serotypes in the Mediterranean basin (1998-2005)



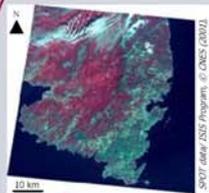
## → Aim

Our aim is to study environmental factors which influence bluetongue occurrence and vector distribution in Corsica, a French Mediterranean island where bluetongue occurred for the first time in 2000.

## Material and methods

To describe and understand the ecologic parameters which impact *C. imicola* bionomics, environmental variables were studied at a local level: the neighbourhood of sheep farms and of trapping sites in southern Corsica.

### Characterizing the environment



A SPOT 4 (Satellite Pour l'Observation de la Terre) high-resolution image (10 m pixel) is used to characterize the vegetation by two means:

1. Computation of a vegetation index, the Normalized difference vegetation index (NDVI) which represents the chlorophyllous activity of the vegetation
2. Classification of the image to produce a land-cover map



The study of the organization of vegetation patches enables to define and characterize landscape features (such as patch connectivity, density, diversity, aggregation...)



A digital elevation model (DEM) is used to define topographic variables:

- altitude,
- slope,
- orientation,
- and a sunshine index

### Characterizing the disease & vector

81 sheep farms of southern Corsica were localised and classified into two groups according to their sanitary status between 2000 and 2003:

- Infected farms (n=46)
- Disease-free farms (n=35)

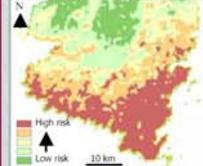


One-night traps were operated during June 2005 in 100 sites in southern Corsica, 80 000 Ceratopogonidae were captured, among which 17 000 *C. imicola*. Data on the vector will be modelled using three approaches:

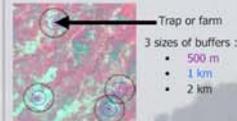
- Presence/absence of *C. imicola*
- Abundance of *C. imicola*
- other potential vectors of BT virus (such as *C. absoluteus* and *C. pulicaris*)



### Production of Risk prediction maps



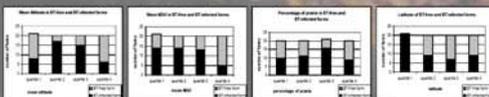
As little is known on the flight dispersal of *C. imicola*, the neighbourhood of farms and traps were studied at different scales: 3 sizes of buffer zones were tested (radius of 500 m, 1 km and 2 km).



By reversing the relationship established between the environment and the vector or the disease, risk maps can be produced.

## Preliminary results

Univariate analysis shows that several variables are linked to the disease occurrence: altitude, latitude, mean sunshine, mean NDVI and the percentage of some classes of vegetation such as prairies. Multivariate analysis and statistical modelling are currently being processed.



Example of variables significantly linked ( $p < 0.05$ ) to the sanitary (BT-infected or BT-free) status of farms in a neighbourhood of 500 m radius (univariate analysis).

## Perspectives

• Two statistical models will be built and compared: one based on disease occurrence and the other based on the vector. This should help deciding on whether data on vector (which are difficult to obtain) are indispensable or if data on the disease is sufficient to predict areas at risk.

• Testing several sizes of buffers around traps or farms should help characterizing the environment at a relevant scale, compensating partially for the lack of knowledge on dispersal and larval habitats of *C. imicola*.

• The landscape analysis will be completed by integrating factors on spatial patterns (connectivity, contiguity...) of vegetation patches.

• Finally, spatial autocorrelation will be taken into account in the logistic regression (using a newly available R package).

Predicting areas at risk provides useful information for supporting decision making by veterinary services: surveillance activities can be focused in the areas which are the most at risk and control measures can be adapted according to the level of the risk.

**Acknowledgements:** This work was funded by a grant ACI « écologie quantitative » from French Ministry of Research and conducted by CIRAD-EMVT and SERF-Université de Franche-Comté with the active collaboration of the Université Louis Pasteur de Strasbourg and EID-Méditerranée. H. Guis received a doctoral research fellowship from the University of Franche-Comté. We would like to thank the French veterinary services of southern Corsica (DDSV 2A) for their collaboration during the collect of data. The SPOT image was obtained with financial support of the ISIS (Iniciation à l'Utilisation Scientifique d'Images SPOT) program of the CNES (Centre National d'Etudes Spatiales).

# A multiple fine-scale satellite derived approach to model bluetongue in Corsica (France)

Guis H<sup>1,2,3</sup>, Tran A<sup>1,3</sup>, de La Rocque S<sup>1</sup>, Baldet T<sup>1</sup>, Barragud B<sup>1,3</sup>, Gerbier G<sup>1</sup>, Roger F<sup>1</sup>, Viel JF<sup>2</sup>, Mauny F<sup>2</sup>

<sup>1</sup> CIRAD, Unit of epidemiology and ecology of animal diseases, Montpellier, France  
<sup>2</sup> University of Franche-Comté, Unit of health and rural environment in Franche-Comté, Besançon, France  
<sup>3</sup> Territories, Environment, Remote Sensing and Spatial Information Joint Research Unit, Montpellier, France  
 Contact: guis@teleinformatique.fr

## I. Introduction

Since 1998, unprecedented outbreaks of Bluetongue (BT), a vector-borne disease of ruminants transmitted by *Culicoides* biting midges (Diptera: Ceratopogonidae) are ongoing in Europe, affecting both the Mediterranean Basin, Western Europe and more recently Northern Europe. To reveal local contrasts in distribution patterns of BT, fine scale analyses are necessary [1]. Recently, a fine-scale spatial process model relying on geographic and climatic variables (elevation, slope, aridity index, land use, animal density, type of soil, temperature and NDVI) was used to identify potential infectious sites

for BT in Italy [2]. We propose to develop a similar approach in Corsica, with a multiple fine-scale procedure, different remotely-sensed environmental data sets, and with a statistical assignment of weights based on logistic regression modelling. To understand local distribution of BT outbreaks in Southern Corsica, we describe the environment of BT-free and BT-infected sheep farms using a digital elevation model, a land cover map produced from a high resolution SPOT image and landscape metrics. The models obtained at 3 scales are compared and the possible improvements brought by the use of landscape metrics are assessed.

## II. Materials and methods

### II.1. Characterizing the disease

The study was restricted to 80 sheep farms located in Southern Corsica. Two types of breeding systems were recorded: one with only sheep holdings, the second with sheep and other livestock (mainly cattle and/or goats). BT infected farms were defined as farms in which at least one BT outbreak had occurred between 2000 and 2003. To describe the environment in the neighbourhood of farms, buffer zones were defined around each farm. As little is known on the flight dispersal of *Culicoides imicola*, the main vector in south-western Europe, 3 different sizes of buffers were tested: 0.5, 1 and 2 km of radius.

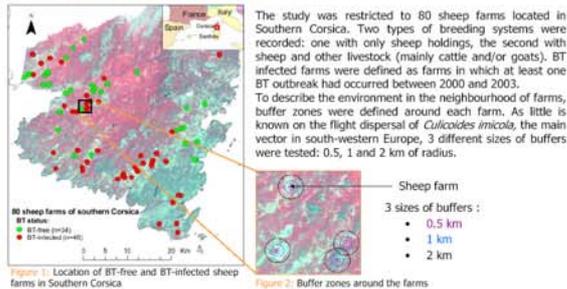


Figure 1: Location of BT-free and BT-infected sheep farms in Southern Corsica

Figure 2: Buffer zones around the farms

### II.2. Characterizing the environment

A digital elevation model (DEM) is used to define topographic variables: altitude, slope, aspect, and a sunshine index. Hydrographical data were used to quantify the length of the rivers flowing through the buffer zones.

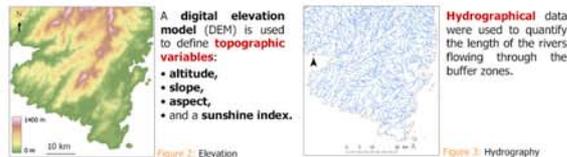


Figure 3: Elevation

Figure 4: Hydrography

A SPOT 4 (Satellite Pour l'Observation de la Terre) high-resolution image (10x10m pixel) is used to characterize the vegetation by three means:

1. Computation of the Normalized Difference Vegetation Index (NDVI) which represents the chlorophyllous activity of the vegetation
2. Object-oriented supervised classification of the image to produce a land-cover map
3. The land-cover map was considered as a mosaic of vegetation patches which were characterized by calculating landscape metrics (Fragstats freeware). These metrics were chosen to reflect different aspects of landscape ecology: area-density-edge, diversity, isolation-proximity and connectivity. The 6 following metrics were calculated for each buffer (regardless of the land-cover class):
  - patch density,
  - landscape shape index (measuring the total length of edge divided by minimum length of edge possible for a maximally aggregated class),
  - mean distance to neighbouring patches,
  - connectance index,
  - and two diversity indexes: patch richness density and Simpson's diversity index.

Another 2 metrics were calculated for each of the 9 land-cover classes:

- the number of patches
- and the landscape shape index (LSI).

### II.3. Statistical analysis

A stepwise logistic regression was carried out to explain BT outbreak occurrence ( $p < 0.1$ ). To test whether the use of landscape metrics improved the accuracy of the models, models with and without landscape metrics were compared by calculating the corrected Akaike Information Criterion. Internal and external validation of the models were carried out at the 3 scales by calculating the AUC (area under curve) of the ROC (Receiver Operating Characteristic) curve. External validation relied on new environmental and epidemiological data sets (Ajaccio region, situated 40 km north).

## III. Results

### III.1. Comparing models with/without landscape metrics

The models with and without landscape metrics and their evaluation (cAIC) are presented in the table below. For all 3 scales, the models with landscape metrics have the best cAIC, whatever the number of parameters.

Models	0.5 km buffer size model		1 km buffer size model		2 km buffer size model	
	Without landscape metrics	With landscape metrics	Without landscape metrics	With landscape metrics	Without landscape metrics	With landscape metrics
Type of Variables						
Farm attributes, Geography, Topography and Land-cover	Farm type Latitude Sunshine % Open prairies Patch Richness Density	Farm type Sunshine Latitude Patch Richness Density	Farm type Sunshine Latitude Presence of low shrublands LSI of impervious surfaces LSI of open prairies LSI of Woodlands	Farm type Sunshine Latitude Patch Richness Density	Farm type Sunshine Latitude No patches of open prairies	Farm type Sunshine Latitude Patch Richness Density
Landscape metrics	% Prairies with tree cover					
cAIC*	90.4	89.5	89.8	85.1	90.6	82.9

\*cAIC corrected Akaike Information Criterion (the smaller the cAIC, the better the model)  
 Table 1: Variables included in the BT models with and without landscape metrics for the 3 buffer sizes

→ The models with landscape metrics have the best cAIC, whatever the number of parameters.

### III.2. Comparing the 3 models with landscape metrics

Results of internal validation show that all three models have good to high accuracy. Internal and external validation show that the 1 km model is the most discriminating.

MODEL EVALUATION	0.5 km buffer	1 km buffer	2 km buffer
Internal Validation (n=80)			
AUC ROC curve (95% CI)	0.85 (0.77-0.83)	0.90 (0.83-0.87)	0.88 (0.82-0.88)
sensitivity (cut-off: 0.5)	87%	85%	87%
specificity (cut-off: 0.5)	62%	85%	68%
External Validation			
Number of farms	151	124	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

Table 2: Internal and external validation of models with landscape metrics

→ The most discriminating model is the 1 km buffer model with landscape metrics. It has the best compromise between sensitivity and specificity (Se=Sp=85%).

### III.3. Testing the effects of scales and variables in the models with landscape metrics

To test the effects of the scales and variables in the models with landscape metrics, the 3 models were evaluated externally at the 3 scales.

Scale of application on	AUC ROC curve model		
	model A	model B	model C
0.5 km buffers	0,734	0,755	0,773
1 km buffers	0,779	0,807	0,802
2 km buffers	0,767	0,757	0,765

models A, B, C include respectively the variables of the 0.5, 1 and 2 km buffer models with landscape metrics

Table 3: Effects of scales and variables

Comparing between columns: effect of VARIABLES:  
 The variables of model C give the best results when applied to 0.5 and 2 km buffers. Variables of model B give the best results when applied to 1 km buffer.

Comparing between lines: effect of SCALE:  
 For all 3 model tested (A, B and C), the best scale of application is the 1 km buffer scale.

→ The scale effect seems to be the most important, as whatever the models (i.e. whatever the variables), the best scale of application is the 1 km buffer scale.

## IV. Conclusions & perspectives

- Results highlight the importance of landscape metrics as their inclusion improved the BT models, at all 3 scales.
- The best model with landscape metrics was the 1 km buffer model.
- The effect of the scale seemed more important than the effect of the variables.
- The 1 km model combines both the best scale of application and the best set of variables

### Perspectives:

- A similar high-resolution approach is currently being carried out using entomological data (extensive *Culicoides* trapping campaign) from the same area. The aim is to compare disease and vector-based models, the scales which seem the most pertinent and the convergence of risk prediction maps.
- The models will also be tested outside Corsica, in a disease-free zone, the Var (French mainland), in order to know if they can help identifying future hotspots which could aid the surveillance and management of the disease.

**Acknowledgements:** The authors would like to thank the French veterinary services of Southern Corsica (DDSV 2A) for their collaboration during the collect of data.

**Grant Support:** The SPOT image was obtained with financial support of the ISIS (Initiative à l'Utilisation Scientifique d'Images SPOT) program of the CNRS (Centre National d'Etudes Spatiales). H. Guis received a doctoral research fellowship from the University of Franche-Comté and the Ministry of Research. This work was funded by a grant ACI « écologie quantitative » from French Ministry of Research.

References: 1. Pili E, Ciarro S, Culurgioni J, Figs 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 (7): 312-316  
 2. Conte A, Apolloni C, Callisti P, Pellini 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*. In *Bluetongue Third International Symposium*, 28-29 October 2003, Palermo, Italy. *Veterinari Italiana* 2004; 40 (7): 311-315



## **Géomatique et épidémiologie : caractérisation des paysages favorables à *Culicoides imicola*, vecteur de la fièvre catarrhale ovine en Corse**

Du fait de changements environnementaux multifactoriels (pression anthropique, climat...), la répartition des vecteurs et des maladies qu'ils transmettent se modifie. La fièvre catarrhale ovine (FCO), arbovirose des ruminants s'étant récemment propagée dans le bassin méditerranéen, constitue un modèle pertinent pour étudier les conditions d'installation d'un vecteur exotique dans un nouvel environnement. Nous proposons ici d'utiliser la télédétection et l'analyse paysagère pour caractériser l'environnement favorable à la FCO et à son principal vecteur, *Culicoides imicola*, à une échelle locale, en Corse.

Pour cela, l'environnement en lien avec les traits de vie du vecteur a été caractérisé au voisinage d'élevages sains ou infectés (approche maladie) et de sites de piégeages où le vecteur est présent ou absent (approche vecteur), en testant trois tailles de voisinage, à partir d'un modèle numérique de terrain, du réseau hydrographique et d'une image à haute résolution spatiale issue du satellite SPOT. La classification de l'image a permis de produire une carte d'occupation du sol à partir de laquelle des indicateurs paysagers reflétant la structure spatiale et la composition de la végétation ont été extraits. Les modèles liant environnement et présence/absence de la maladie ou du vecteur ont été validés en interne et en externe.

Les résultats ont confirmé que les milieux favorables au vecteur et à la maladie pouvaient être caractérisés par des facteurs environnementaux autres que climatiques et ont mis en évidence l'importance des indicateurs paysagers aux trois échelles de voisinage. Ils ont montré que les milieux favorables présentaient une diversité et une fragmentation importante. La latitude, pouvant refléter la proximité à la Sardaigne, est également identifiée comme étant une variable liée au risque de présence du vecteur et de la maladie.

La plupart des modèles ont présenté une capacité de discrimination élevée rendant possible leur utilisation à des fins de prédictions en Corse et sur d'autres territoires. Ils pourraient notamment servir à cibler les actions de surveillance sur le littoral continental français. Parmi les perspectives de travail, peuvent être envisagées l'application d'une démarche similaire sur les autres espèces de *Culicoides* impliqués dans la transmission de la FCO, l'intégration de paramètres climatiques, la recherche de nouveaux paramètres issus de données de télédétection et la conception de modèles dynamiques de capacité vectorielle.

**[géomatique, épidémiologie spatiale, écologie du paysage, fièvre catarrhale ovine, *Culicoides imicola*]**

### **Geomatics and epidemiology: characterising favourable landscapes for *Culicoides imicola*, bluetongue vector in Corsica**

Major environmental changes due to a great variety of causes (such as anthropic pressure or climate change) are shifting the capacity of ecosystems to harbour vectors and the diseases they transmit. Bluetongue (BT), an arboviral disease of ruminants which recently emerged in the Mediterranean Basin, is a pertinent model to study the conditions enabling an exotic vector to settle in a new environment. This work aims to use remote sensing and landscape analysis to characterise favourable environments for BT and its main vector, *Culicoides imicola*, at a local scale, in Corsica.

The environment related to the vector's biology was characterized within neighbourhoods surrounding BT-infected or BT-free farms (disease approach) and trapping sites where the vector was present or absent (vector approach), using three sizes of neighbourhoods. Environmental characteristics were extracted from a digital elevation model, a hydrographical data base and a SPOT high spatial resolution image. The image was classified to produce a land-cover map from which landscape metrics relative to the spatial structure and composition of the vegetation were extracted. The models of the disease and vector approaches were validated both internally and externally.

The results confirm that favourable environments for the vector and the disease can be characterised by non-climatic environmental factors and show the importance of landscape metrics for the three neighbourhood scales. They show that favourable landscapes present a high diversity and an important fragmentation. Latitude, which could reflect proximity to Sardinia, is also related to the presence of both the vector and the disease.

Most models have a good discriminating capacity, allowing their use as predictive tools in Corsica and elsewhere, in particular to help focus surveillance activities on French mainland coasts. This work opens up many perspectives among which developing similar approaches for other species of *Culicoides* implicated in BT transmission, integrating climatic factors, identifying new remote sensing parameters useful to epidemiology and building dynamic vectorial capacity models.

**[geomatics, spatial epidemiology, landscape ecology, bluetongue, *Culicoides imicola*]**