



**THÈSE DE DOCTORAT DE
SORBONNE UNIVERSITÉ**

spécialité : Épidémiologie

École doctorale «Pierre Louis» de santé publique
Épidémiologie et Sciences de l'Information Biomédicale

présentée par
M. Julien Riou

pour obtenir le grade de
Docteur de Sorbonne Université

**Analyse comparative et prédictabilité des épidémies
transmises par les moustiques du genre *Aedes***

soutenue le

devant le jury composé de :

M. Pierre-Yves Boëlle	Directeur de thèse
M. Prénom Nom	Rapporteur
M. Prénom Nom	Rapporteur
M. Prénom Nom	Examinateur
M. Prénom Nom	Examinateur

Laboratoire de rattachement

Sorbonne Université, INSERM
Institut Pierre Louis d'Épidémiologie et de Santé Publique
Directrice : Mme Dominique Costagliola

Équipe 1 – Surveillance et modélisation des maladies transmissibles
Responsable : M. Pierre-Yves Boëlle

Faculté de médecine Pierre et Marie Curie, site Saint-Antoine
27, rue de Chaligny
75571 Paris cedex 12
France

Remerciements

Lorem ipsum

Résumé de la thèse

Thesis summary

Lorem ipsum

Productions scientifiques

Publications

Posters

Table des matières

1 Les invasions mondiales des moustiques du genre <i>Aedes</i> et leurs conséquences	3
1.1 Origines, adaptations et invasions	3
1.1.1 Les moustiques du genre <i>Aedes</i> : éléments entomologiques	3
1.1.2 La domestication d' <i>Aedes aegypti</i>	7
1.1.3 L'invasion d' <i>Aedes albopictus</i>	11
1.2 Émergences et réémergences	14
1.2.1 Fièvre jaune	15
1.2.2 Dengue	15
1.2.3 Filariose lymphatique	16
1.2.4 Chikungunya	16
1.2.5 Zika	16
1.2.6 Le futur : Mayaro, Usutu, Ross River	16
1.3 Stratégies de lutte	16
2 Aspects méthodologiques	17
2.1 Les modèles de maladies vectorielles	18
2.1.1 Ross, Macdonald et le développement des modèles de transmission paludisme	18
2.1.2 Extension aux maladies transmises par les moustiques du genre <i>Aedes</i>	22
2.1.3 Modélisation implicite du vecteur	22
2.2 Discrétisation	24
2.2.1 Le modèle TSIR	24
2.2.2 Reconstruction mécaniste du temps de génération	25
2.2.3 Facteurs influençant le niveau de transmission	25
2.3 Approche multi-niveaux	25
2.3.1 Différences avec les approches classiques	25
2.4 Inférence Bayésienne et méthodes de type MCMC	25
2.4.1 Mieux prendre en compte l'incertitude	25
2.4.2 Efficacité computationnelle : Stan et l'algorithme NUTS	25
2.4.3 Mise en commun de plusieurs sources d'information	25
2.4.4 Intégrer l'information <i>a priori</i>	25
3 Analyse comparative des épidémies transmises par les moustiques du genre <i>Aedes</i>	27
3.1 Distinguer les facteurs influençant la transmissibilité	28
3.1.1 Vecteurs	28

3.1.2	Hôtes	28
3.1.3	Virus	28
3.2	Analyse comparative de la transmission du Chikungunya et du Zika aux Antilles et en Polynésie française entre 2013 et 2017	28
3.2.1	Résumé de l'article en français	28
3.2.2	Article : Riou, Poletto, Boëlle, A comparative analysis of Chikungunya and Zika transmission, <i>Epidemics</i> , 19 :43–52, 2017 . .	28
3.3	Commentaires et perspectives	30
4	Utiliser les ressemblances entre les maladies transmises par <i>Aedes</i> pour améliorer les outils de prédition épidémique	31
4.1	Guider les interventions de prévention et de contrôle en situation d'épidémie émergente	32
4.1.1	Approches classiques en prédition	32
4.1.2	Récents développements : les challenges	32
4.2	Améliorer les prédictions à la phase précoce d'une épidémie de Zika grâce aux données historiques sur la transmission du Chikungunya . . .	32
4.2.1	Résumé de l'article en français	32
4.2.2	Article : Riou, Poletto, Boëlle, Improving early epidemiological assessment of emerging <i>Aedes</i> -transmitted epidemics using historical data	32
4.3	Commentaires et perspectives	34
5	Conclusions	35

Table des figures

1.1	<i>Aedes aegypti</i> femelle (source : Wellcome collection)	4
1.2	Cycle de vie d' <i>Aedes aegypti</i> (source : d'après CDC)	5
1.3	Oeufs d' <i>Ochlerotatus japonicus</i> déposés au bord d'un récipient (source : Omar Fahmy, 2006).	6
1.4	Probabilité de présence d' <i>Ae. aegypti</i> dans le monde (source : Kraemer et al, 2015)	8
1.5	Scène du film <i>Yellow jack</i> (1938) racontant l'histoire de la découverte du rôle d' <i>Ae. aegypti</i> dans la transmission de la fièvre jaune (source : MGM)	9
1.6	Analyse du polymorphisme génétique (SNP) de spécimens contemporains d' <i>Ae. aegypti</i> selon deux méthodes («neighbor-joining» à gauche et «Bayesian population tree» à droite). La couleur correspond à l'origine des spécimens : en rouge l'Afrique de l'Est, en rose d'Afrique de l'Ouest, en bleu des Amériques, et bleu clair d'Asie-Pacifique (source : Brown et al, 2014)	10
1.7	Probabilité de présence d' <i>Ae. albopictus</i> dans le monde (source : Kraemer et al, 2015)	12
1.8	Exemple de site de développement larvaire naturel (A) ou artificiel (B) d' <i>Aedes albopictus</i> (source : Didier Fontenille, IRD)	13
1.9	Extension géographique des zones de circulation des sérotypes de DENV entre 1943 et 2013 (source : Messina et al, 2014)	16
2.1	Evolution du nombre de modèles de maladies vectorielles publiés entre 1970 et 2010 selon la maladie (source : Reiner et al, 2013)	22
2.2	Incidence mensuelle de dengue en Thaïlande entre janvier 1984 et mars 1985 (source : Pandey et al, 2013)	23

Liste des tableaux

2.1	Liste des notations mathématiques utilisées dans le chapitre.	19
2.2	Résultats des modèles vecteurs-hôtes (VH) et SIR dans Pandey et al, 2013.	24

Introduction

 Lorem ipsum

Chapitre 1

Les invasions mondiales des moustiques du genre *Aedes* et leurs conséquences

1.1 Origines, adaptations et invasions

1.1.1 Les moustiques du genre *Aedes* : éléments entomologiques

Aedes est un genre appartenant à l'ordre des *Diptera* (mouches), à la famille des *Culicidae* (moustiques) et à la sous-famille des *Culicinae* (par opposition aux *Anophelinae* ou anophèles). Le nom vient du grec ancien $\alpha\eta\delta\eta\varsigma$ (aedes), signifiant "déplaisant" ou "dégoûtant". Ce genre a été décrit brièvement pour la première fois par l'entomologiste allemand Johann Wilhelm Meigen en 1818 [1]. Par la suite, de nombreuses espèces très diverses lui ont été attribuées, ce qui a engendré une grande hétérogénéité à l'intérieur du genre. En 2000, John Reinert a proposé une reclassification basée sur les caractéristiques des organes sexuels masculins et féminins, déplaçant de nombreuses espèces du genre *Aedes* au genre *Ochlerotatus*, tous deux regroupés dans la tribu *Aedini* [2].

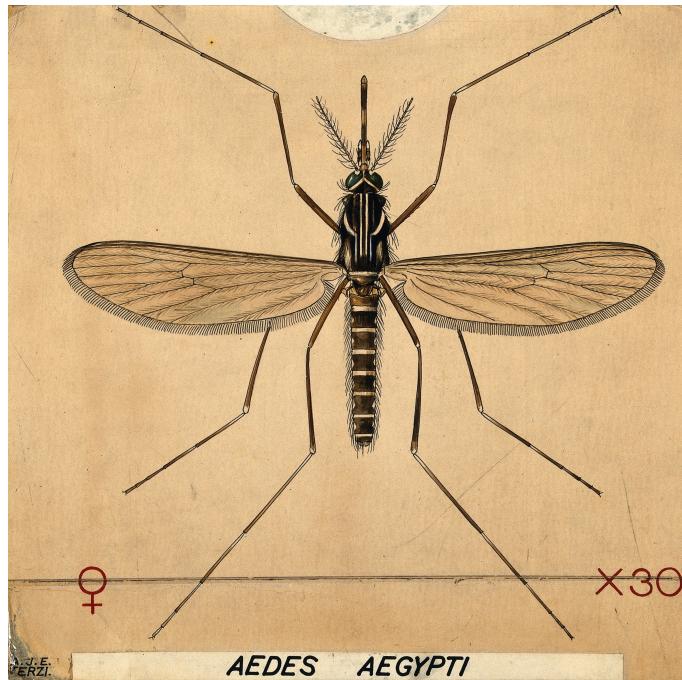


FIGURE 1.1 – *Aedes aegypti* femelle (source : Wellcome collection)

Selon cette classification, le genre *Aedes* regroupe 23 sous-genres et 263 espèces, en particulier *Ae. aegypti* et *Ae. albopictus*, vecteurs de nombreuses maladies humaines et animales. Plus récemment, d'autres classifications ont été proposées prenant en compte les résultats d'études phylogénétiques et qui, en particulier, amèneraient à considérer les espèces *Ae. aegypti* et *Ae. albopictus* comme faisant partie du genre *Stegomyia* (devenant ainsi respectivement *Stg. aegypti* et *Stg. albopictus*) [3]. Toutefois, cette nouvelle dénomination ne faisant pas consensus au sein des entomologistes [4] et n'étant pas d'usage courant en médecine, nous continuerons dans ce travail à utiliser les noms classiques *Ae. aegypti* et *Ae. albopictus*.

Morphologie et cycle de vie

Les *Aedes* adultes se distinguent des autres moustiques par leur abdomen long et étroit et par différents motifs noir et blanc sur le thorax, l'abdomen et les pattes (Fig. 1.1). Comme les autres mouches, les *Aedes* possèdent un cycle de vie passant par quatre stades de développement : œuf, larve, pupe et adulte (Fig. 1.2) [5]. Contrairement à d'autres espèces de moustiques, les femelles adultes déposent leurs œufs non pas directement dans l'eau mais sur un support susceptible d'être inondé, à proximité du

bord d'une réserve d'eau naturelle ou artificielle, comme les rivages de marais, les arbres creux, les pots de fleurs, les récipients en plastique, ou encore les pneus usagers (Fig. 1.3). Les œufs sont typiquement noirs, gluants, et mesurent environ 0.5 mm. Ils peuvent survivre plusieurs mois dans un environnement froid ou sec (et résistent donc à la dessication). La submersion des œufs à l'occasion de précipitations ou d'un remplissage artificiel déclenche ensuite l'éclosion. Les larves vivent dans l'eau, juste sous la surface car elles doivent respirer à l'air libre par de courtes trompes, et se nourrissent de micro-organismes. Dans des conditions adaptées de qualité de l'eau, de température, de présence de nourriture et d'absence de prédateurs, elles se développent en passant par quatre stades appelés *instars* jusqu'à leur transformation en pupes. Au stade pupal, le moustique ne se nourrit pas et achève seulement sa transformation en adulte. Ce processus de développement peut être complété en quelques jours à quelques mois suivant l'espèce et les conditions environnementales, en particulier la température.

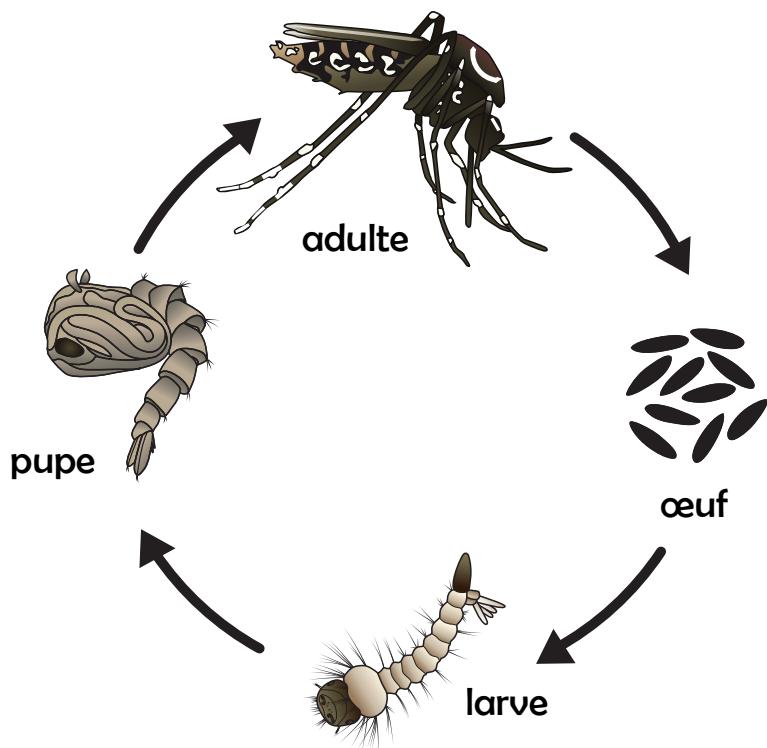


FIGURE 1.2 – Cycle de vie d'*Aedes aegypti* (source : d'après CDC)

Hématophagie

Dans les premiers jours suivant leur émergence, les moustiques adultes s'accouplent, puis les femelles prennent leur premier repas de sang. La recherche d'un hôte par l'adulte femelle se déroule préférentiellement durant la journée, et s'appuie sur de nombreux sens dont la vision, l'audition, l'odorat et le toucher. Les comportements, les cibles préférentielles humaines ou animales, ainsi que le degré de spécialisation dans la piqûre d'un hôte en particulier varient selon les espèces et les environnements [6]. Lors de la piqûre, la salive du moustique est injectée dans l'hôte afin de fluidifier le sang. C'est à cette étape qu'un pathogène peut être transmis si il est présent en quantité suffisante dans la salive. Ainsi, la compétence vectorielle, c'est à dire la capacité à transmettre un virus, dépend largement de la capacité de ce virus à se reproduire dans les glandes salivaires du moustique, et donc de l'adaptation du virus à une espèce particulière. Ces repas de sang sont seulement nécessaire pour la maturation des œufs, et le reste du temps les moustiques se nourrissent de nectars et de fruits. Les femelles entrent ainsi dès leur émergence dans un *cycle gonotrophique* qui fait se succéder (1) recherche et piqûre d'un ou plusieurs hôtes par la femelle à jeun, (2) digestion du sang et maturation des œufs, et (3) recherche d'un lieu de ponte et oviposition. Là encore, la durée des différentes étapes de ce cycle varie selon l'espèce et la température.



FIGURE 1.3 – Oeufs d'*Ochlerotatus japonicus* déposés au bord d'un récipient (source : Omar Fahmy, 2006).

Compétence vectorielle

Certaines espèces d'*Aedes* sont des vecteurs de maladies humaines très importantes comme la dengue, la fièvre jaune, le chikungunya et le Zika, mais aussi de très nombreuses autres maladies moins fréquentes incluant la fièvre du Nil occidental, la fièvre de la vallée du Rift, l'encéphalite équine de l'Est, la filariose lymphatique, ou encore les fièvres dites Mayaro, Usutu et Ross River. Pour une large part de ces maladies, particulièrement les plus importantes, *Ae. aegypti* est le vecteur principal dans les zones où il est présent, c'est à dire la plupart des zones tropicales et subtropicales. D'autres espèces d'*Aedes* sont parfois aussi capables d'agir comme vecteur de certaines de ces maladies, seules ou en complément d'*Ae. aegypti*, comme *Ae. albopictus*, originaire d'Asie et présent dans les zones plus tempérées d'Europe et d'Amérique du Nord, mais aussi d'autres espèces comme *Ae. polynesiensis* en Polynésie française et *Ae. scutellaris* en Asie du Sud-Est.

1.1.2 La domestication d'*Aedes aegypti*

De nos jours, *Ae. aegypti* est présent dans la plupart des zones tropicales et subtropicales du monde : en Afrique Subsaharienne, du nord de l'Argentine à la moitié sud des États-Unis, en Océanie, en Asie du Sud-Est et dans le sous-continent Indien (Fig. 1.4) [7]. Il s'agit en grande majorité d'une espèce dite *domestique*, particulièrement active en milieu urbain. Dans ce contexte, la domestication désigne l'adaptation d'un moustique sauvage à la vie à proximité des humains dans une relation commensale : piqûre préférentielle des humains par rapport aux animaux, survie et reproduction dans les installations humaines, avec une oviposition pouvant avoir lieu dans des récipients artificiels comme les pots de plantes, réservoirs d'eau, fosses septiques, pneus usagers ou autres déchets pouvant recueillir l'eau de pluie [5]. Cette adaptation procure des avantages majeurs à l'espèce, lui permettant d'avoir accès à un nombre d'hôtes important et de ne plus dépendre de la pluie pour sa reproduction.

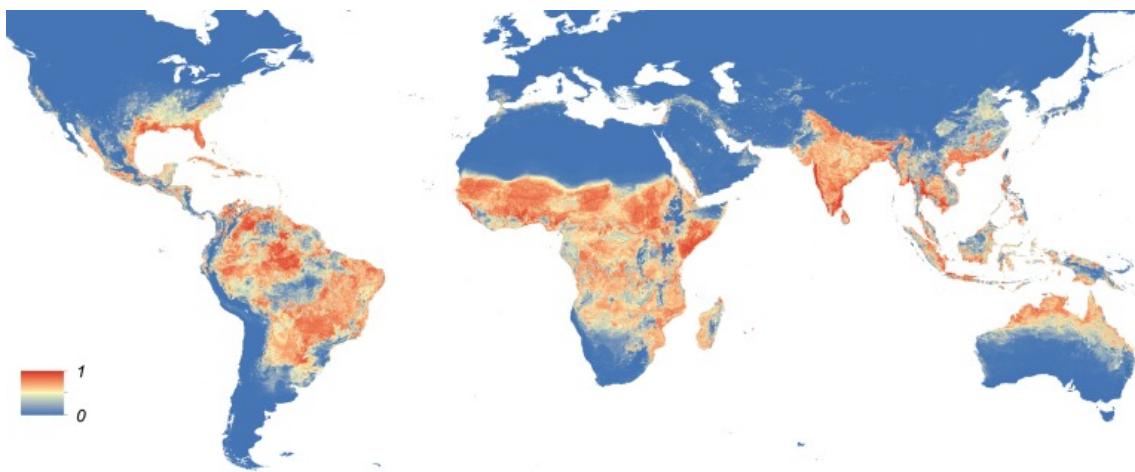


FIGURE 1.4 – Probabilité de présence d'*Ae. aegypti* dans le monde (source : Kraemer et al., 2015)

Premières descriptions et identification comme vecteur de maladies humaines

Ae. aegypti a été décrit pour la première fois en 1757 par les naturalistes suédois Fredric Hasselquist et Carl von Linné lors d'un voyage au Levant [8] (d'où le mot *Linnaeus* ou l'abréviation *L.* qui figure parfois après le nom de l'espèce). Il fut d'abord nommé *Culex aegypti*, *Culex* étant le nom générique donné aux moustiques avant la formalisation des classifications. Il a ensuite été identifié comme vecteur de la fièvre jaune à Cuba en 1900 par Walter Reed et James Carroll, médecins militaires américains, suite à une expérience consistant à faire piquer des volontaires humains (y compris eux-mêmes) par des moustiques ayant préalablement piqué des cas sévères de fièvre jaune (Fig. 1.5) [9]. De cette période est resté son nom commun en anglais de «yellow fever mosquito». Dans les années suivantes, le rôle d'*Ae. aegypti* dans la transmission de la dengue fut mise en évidence en Australie, là aussi grâce à des expériences d'inoculation de volontaires. Ces avancées, suivant de près la découverte du rôle des anophèles dans la transmission du paludisme par Ronald Ross en 1897, ont été le prélude à un vaste effort de recherche sur la physiologie des vecteurs de maladies, qui a donné le champ de l'entomologie médicale. Par la suite a été mise en évidence la compétence vectorielle d'*Ae. aegypti* pour d'autres arboviroses importantes pour la santé publique mondiale comme le virus Zika et le virus du Chikungunya.



FIGURE 1.5 – Scène du film *Yellow jack* (1938) racontant l'histoire de la découverte du rôle d'*Ae. aegypti* dans la transmission de la fièvre jaune (source : MGM)

Extension et domestication

L'ubiquité de distribution, le nombre de maladies transmises et donc l'ampleur de l'impact sur la santé publique mondiale d'*Ae. aegypti* peut paraître surprenant, mais cet état de fait peut être relié à la relation particulière qui existe entre ce moustique et l'espèce humaine. Il faut pour cela revenir à l'ancêtre commun aux *Ae. aegypti* aujourd'hui répartis sur toute la planète, qui vivait probablement dans les forêts d'Afrique à environ 6000 AEC (Fig. 1.6) [10]. Une forme ancestrale du moustique subsiste d'ailleurs toujours dans certaines forêts d'Afrique subsaharienne, parfois classée comme une sous-espèce nommée *Ae. aegypti formosus* (abrégé en *Aaf*, par opposition à la forme domestiquée nommée alors *Ae. aegypti aegypti*, ou *Aaa*) [11]. Il est intéressant de constater que *Aaf* présente un comportement radicalement différent de *Aaa* et adapté au milieu sylvestre : la femelle dépose ses œufs dans les souches et les trous des arbres et pique préférentiellement les hôtes non-humains. D'autre part, l'analyse du polymorphisme génétique suggère qu'*Ae. aegypti* a atteint les Amériques depuis la côte ouest de l'Afrique entre le XVI^{ème} et le XVII^{ème} siècle, probablement sur les bateaux

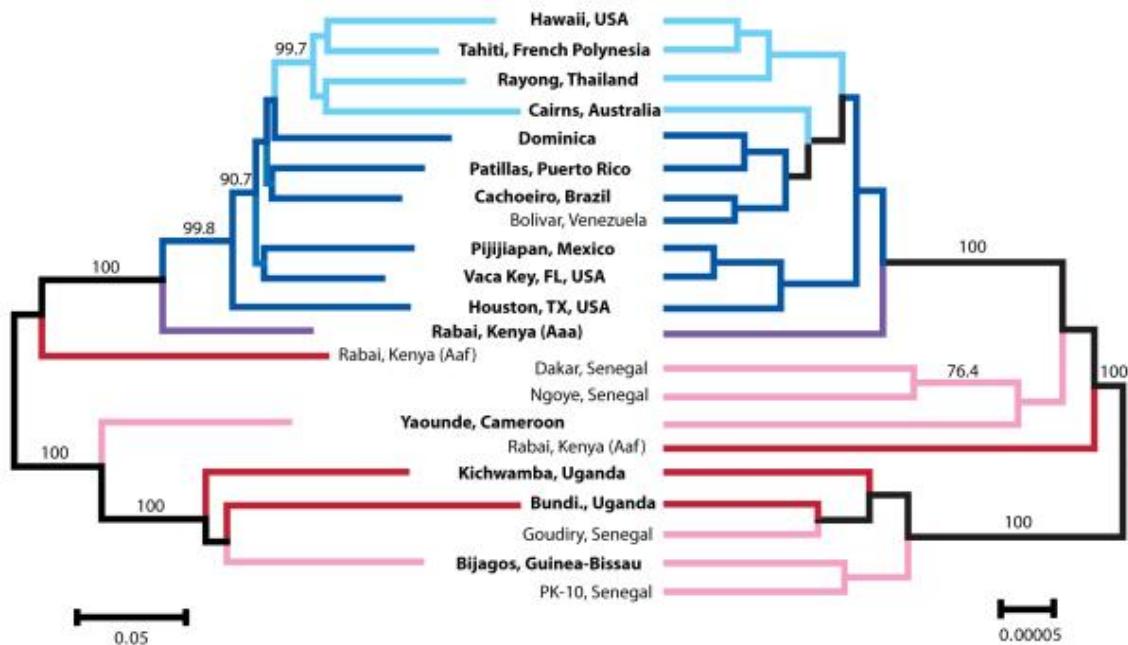


FIGURE 1.6 – Analyse du polymorphisme génétique (SNP) de spécimens contemporains d'*Ae. aegypti* selon deux méthodes («neighbor-joining» à gauche et «Bayesian population tree» à droite). La couleur correspond à l'origine des spécimens : en rouge l'Afrique de l'Est, en rose d'Afrique de l'Ouest, en bleu des Amériques, et bleu clair d'Asie-Pacifique (source : Brown et al, 2014)

des européens pratiquant le commerce triangulaire. Cette hypothèse est cohérente avec les données historiques qui datent la première épidémie de fièvre jaune dans le nouveau monde à 1648, dans la péninsule du Yucatan. L'extension s'est ensuite poursuivie vers l'ouest, des Amériques vers l'Océanie puis l'Asie, et non pas directement depuis l'Afrique vers l'Asie. Cela implique la domestication de *Aaa* s'est produite en Afrique avant le XVII^{ème} siècle, car la survie au long cours sur les bateaux humains n'aurait pas été possible sans cette adaptation. Walter Tabachnick fait l'hypothèse d'un lien avec l'avènement du néolithique en Afrique du Nord et l'assèchement progressif du Sahara entre 6000 et 4000 AEC, laissant comme seules sources d'eau les réserves artificielles [9]. A partir du milieu du XX^{ème} siècle, l'augmentation des populations humaines et l'urbanisation a favorisé l'extension et l'accroissement des populations de *Aaa*.

Une double adaptation

Les différences entre *Aaa* et *Aaf* ne s'arrêtent pas aux comportements, mais concernent aussi la compétence vectorielle. Ainsi, il a été démontré que la capacité à transmettre la fièvre jaune et la dengue est plus faible dans les populations *Aaf* que les populations *Aaa* [12]. A l'inverse, une autre étude indique que la compétence vectorielle de *Aaa* est plus faible pour une souche sylvatique «sauvage» de dengue que pour une souche causant des épidémies parmi les populations humaines [13]. Ce résultat suggère que ce phénomène de domestication d'*Ae. aegypti* a été accompagné par une augmentation de la capacité à transmettre certains virus humains. Cela pourrait s'expliquer par une pression de sélection favorisant l'adaptation d'un virus à ceux des moustiques qui ont une intense activité de piqûre d'hôtes humains, augmentant les chances de transmission inter-humaine [11]. On est donc en présence d'une double adaptation avec d'une part des moustiques adaptant leur comportement à la présence humaine et multipliant les contacts potentiellement infectieux, et d'autre part des virus qui s'adaptent pour être plus facilement transmis. Cela forme un ensemble particulièrement puissant, exerçant une intense pression en faveur de l'émergence ou de la réémergence de maladies épidémiques humaines, et avec pour effets les récentes épidémies mondiales de Chikungunya et de Zika.

1.1.3 L'invasion d'*Aedes albopictus*

Ae. albopictus, communément appelé «moustique tigre», est une des espèces les plus invasives de l'histoire mondiale. Originaire d'Asie du Sud-Est, il est aujourd'hui présent dans de nombreuses zones tempérées et subtropicales du monde (Fig. 1.7). Une des différences majeures avec *Ae. aegypti* est qu'il est capable de s'adapter à des températures plus froides. Si sa morphologie est très proche de celle d'*Ae. aegypti*, *Ae. albopictus* se différencie par une teinte générale plus sombre et une unique bande blanche dorsale longitudinale. L'extension d'*Ae. albopictus* et ses potentielles répercussions sur la santé publique ont été longtemps minimisées, de nombreux spécialistes considérant qu'il avait une faible capacité de transmission de maladies humaines [14].

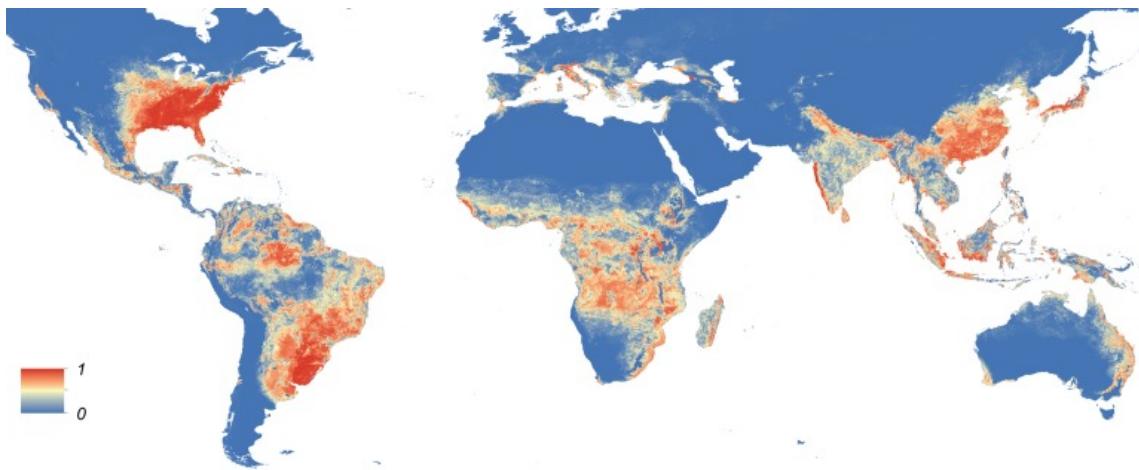


FIGURE 1.7 – Probabilité de présence d'*Ae. albopictus* dans le monde (source : Kraemer et al., 2015)

Il a été démontré par la suite qu'*Ae. albopictus* est en fait capable de transmettre 26 virus humains, et joue un rôle important dans la transmission de la dengue et du chikungunya.

Écologie et avantages compétitifs

L'espèce a été décrite pour la première fois en 1894 par Frederick Arthur Askew Skuse dans le golfe du Bengale sous le nom de *Culex albopictus* avant d'être classée dans le genre *Aedes* (là encore, son nom est parfois suivi du nom de son découvreur, *Skuse*) [15]. De façon générale, *Ae. albopictus* est remarquable par sa plasticité. Il est ainsi capable de se reproduire et de survivre à des températures bien plus basses qu'*Ae. aegypti*, jusqu'à 10°C au Japon et à la Réunion, et jusqu'à -5°C aux États-Unis [14]. En dessous de ces limites, les œufs sont capables d'entrer en hibernation pour des périodes prolongées. Originellement sylvestre, *Ae. albopictus* s'est progressivement adapté aux modifications de l'environnement induites par les humains, mais, contrairement à la forme domestiquée d'*Ae. aegypti*, n'a pas développé de dépendance à la vie à proximité des humains. Son oviposition se fait préférentiellement dans des lieux naturels, mais il est aussi capable comme *Ae. aegypti* d'utiliser des récipients artificiels (Fig. 1.8). *Ae. albopictus* a aussi un comportement opportuniste vis à vis des hôtes et peut piquer aussi bien les humains, les autres mammifères, les oiseaux ou même certains reptiles



FIGURE 1.8 – Exemple de site de développement larvaire naturel (A) ou artificiel (B) d'*Aedes albopictus* (source : Didier Fontenille, IRD)

et amphibiens, même s'il semble avoir une préférence pour les humains. Il peut être retrouvé aussi bien dans les zones péri-urbaines que rurales ou forestières, mais n'est abondant que dans certaines centres urbains très boisés comme Singapour, Tokyo ou Rome [14]. Dans les zones où *Ae. albopictus* et *Ae. aegypti* cohabitent, on observe une compétition entre les deux espèces, qui tourne d'ailleurs généralement à l'avantage de ce dernier. En effet, *Ae. albopictus* présente en effet des caractéristiques qui lui donnent un avantage compétitif sur d'autres espèces concurrentes sous certaines conditions. Les mécanismes en jeu sont principalement la compétition pour les ressources nécessaires au développement larvaire, mais d'autres ont été suggérés comme l'apport de parasites (), les interférences chimiques (les déjections des larves d'*Ae. albopictus* limiteraient le développement ultérieur des larves d'*Ae. aegypti*), et les interférences d'accouplement (les mâles *Ae. albopictus* recherchant plus agressivement l'accouplement avec des femelles *Ae. aegypti* que l'inverse, causant une baisse de la fécondité) [16]. L'installation d'*Ae. albopictus* a ainsi été associée au déclin des populations d'*Ae. aegypti* en Amérique du Nord et au Brésil [14].

L'extension fulgurante d'*Ae. albopictus*

Les avantages compétitifs d'*Ae. albopictus* permettent d'expliquer sa prééminence sur les espèces locales lorsqu'il est introduit dans un nouveau milieu présentant des conditions favorables. De fait, de multiples introductions ont eu lieu dans le monde

entier à partir des années 1960 avec la multiplication des échanges commerciaux. En particulier, la dispersion d'œufs ou de larves par le commerce international de pneus usagers semble avoir joué un rôle prépondérant [17]. Originaire d'Asie, *Ae. albopictus* a ainsi été introduit et est devenu prédominant dans de très nombreuses zones du monde en quelques dizaines d'années seulement. Il est aujourd'hui établit sur le continent Américain des États-Unis à l'Argentine, dans de nombreuses îles d'Océanie (mais pas en Polynésie française, où *Ae. aegypti* et *Ae. polynensis* dominent), en Afrique australe et centrale, en Europe méditerranéenne (dans les Balkans, en Italie, en Espagne, dans le sud de la France) et poursuit sa progression vers l'Europe centrale (Nord de la France, Suisse, Allemagne, Pays-Bas) (Fig. 1.7) [7] Cette extension fulgurante peut être mise en parallèle avec celle, plus ancienne et plus lente d'*Ae. aegypti*, suivant les navigateurs des XVI^{ème} et XVII^{ème} siècles.

1.2 Émergences et réémergences

La population humaine ainsi que les échanges internationaux ont connu une croissance sans précédent au cours du XX^{ème} siècle. Alors que l'urbanisation est associée à l'augmentation des populations d'*Ae. aegypti*, l'augmentation des échanges a favorisé l'extension des zones d'activité d'*Ae. albopictus*. Ces phénomènes ont entraîné une multiplication des contacts entre vecteurs et populations humaines, qui s'est traduite par la résurgence d'épidémies de maladies anciennes comme la dengue et la fièvre jaune, mais aussi par la dissémination de virus initialement circonscrits à des zones géographiques limitées, comme les virus du chikungunya ou du Zika. Dans cette partie, nous passerons en revue l'épidémiologie des principales maladies transmises par les moustiques du genre *Aedes*.

1.2.1 Fièvre jaune

1.2.2 Dengue

Le virus de la dengue (généralement abrégé en DENV) est un virus à ARN appartenant au genre *Flavivirus* et qui comprend cinq sérotypes différents (le dernier, DENV-5, ayant été découvert en 2013). Il semble que ces sérotypes aient émergé il y a environ mille ans, mais n'aient établi de transmission endémique chez l'humain que depuis quelques centaines d'années [18]. Les premières épidémies de maladies cliniquement semblables à la dengue ont été décrites vers la fin du XVIII^{ème} siècle en Asie et aux Amériques. A la fin du XIX^{ème} siècle, la dengue était présente dans de nombreuses zones tropicales et subtropicales, et le virus a pu être isolé pour la première fois au Japon en 1943 (DENV-1) et à Hawaï en 1945 (DENV-2). Par la suite, la maladie est devenue endémique dans les pays d'Asie du sud et du sud-est et d'Amérique centrale du sud (Fig. 1.9), avec une augmentation importante du nombre global de cas rapportés à partir des années 1990 pour atteindre 60 millions d'infections symptomatiques et 10 000 décès par an en 2013 [19, 20].

L'infection par DENV est asymptomatique dans 75 à 90% des cas, mais peut aussi se traduire par une fièvre indifférenciée et spontanément résolutive en 3 à 7 jours, parfois accompagnée de myalgies, d'arthralgies et d'éruptions cutanées. Dans de rares cas, l'infection peut causer une fièvre hémorragique avec syndrome de choc [21]. L'infection par un sérototype donné confère une immunité temporaire contre tous les sérotypes, et une immunité à vie contre ce sérototype seulement. Cette caractéristique fait que les dynamiques de transmission et de dissémination dans les populations sont très complexes. Les tests

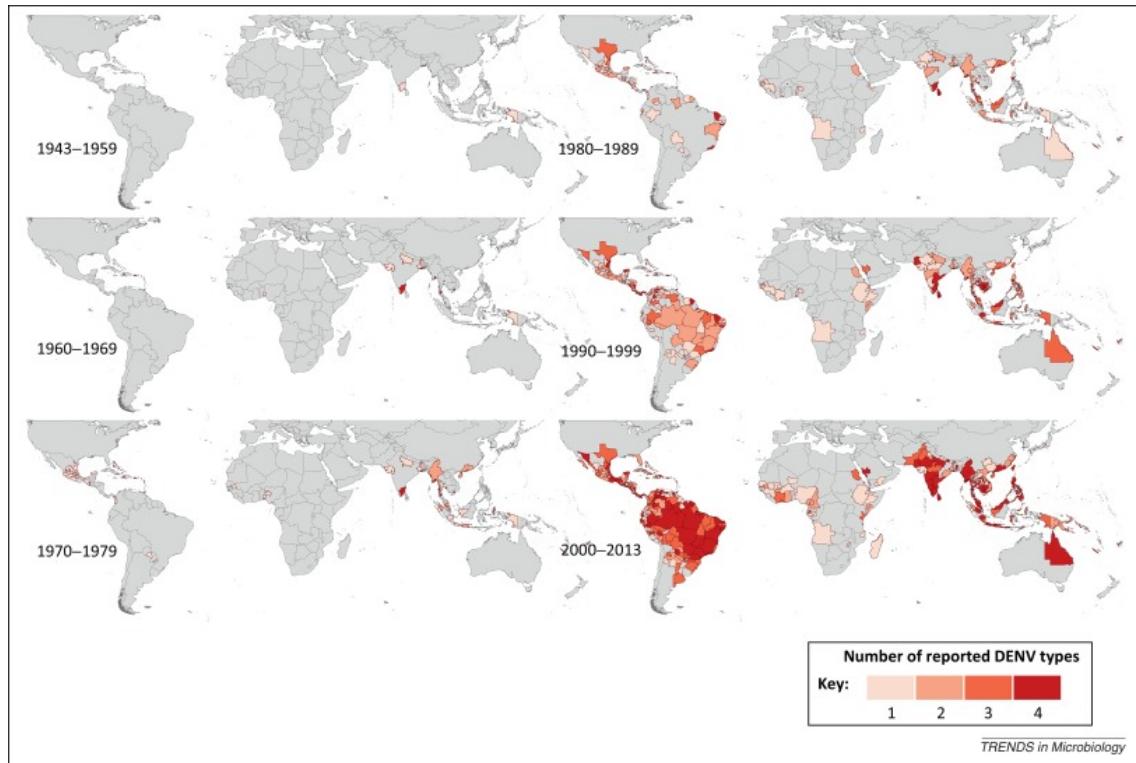


FIGURE 1.9 – Extension géographique des zones de circulation des sérotypes de DENV entre 1943 et 2013 (source : Messina et al, 2014)

1.2.3 Filariose lymphatique

1.2.4 Chikungunya

1.2.5 Zika

1.2.6 Le futur : Mayaro, Usutu, Ross River

1.3 Stratégies de lutte

Chapitre 2

Aspects méthodologiques

L'existence de fortes concentrations de moustiques du genre *Aedes* à proximité de centres de population humaine dans les zones tropicales et tempérées exerce une pression de sélection favorisant l'émergence de maladies humaines transmises par ces vecteurs. Nous avons passé en revue au chapitre 1 les origines de cette situation et les conséquences déjà observées. Malgré de récents développements dans les stratégies de lutte antivectorielle, il est probable que de nouvelles émergences vont se produire, avec des conséquences imprévisibles sur la santé des populations. Au delà de l'étude individuelle des épidémies passées, qui reste un sujet majeur, l'observation plus générale des dynamiques épidémiques caractéristiques des maladies transmises par les moustiques du genre *Aedes* pourrait permettre de mieux anticiper et contrôler les émergences futures. Notre approche s'articule donc autour de la modélisation conjointe de plusieurs épidémies partageant le même mode de transmission. Nous nous sommes concentrés sur les épidémies successives de Chikungunya et de Zika qui ont touché les territoires de la Polynésie française et des Antilles françaises entre 2013 et 2016. Cette approche nous a conduit à emprunter des concepts venant de plusieurs champs de l'épidémiologie et des biostatistiques, que nous passerons en revue dans ce chapitre.

2.1 Les modèles de maladies vectorielles

Les modèles de maladies vectorielles trouvent leur origine dans les travaux de Ronald Ross sur le paludisme, qui développa une approche mathématique incluant le cycle complet de transmission d'un pathogène entre populations d'hôtes et populations de vecteurs, et les relations entre ces entités. Cette approche, étendue et formalisée par George Macdonald, est toujours très influente aujourd'hui, et constitue l'aboutissement d'une théorie plus générale des dynamiques épidémiques et du contrôle des maladies transmises par les moustiques qui se développe à partir de la fin du XIX^{ème} siècle.

2.1.1 Ross, Macdonald et le développement des modèles de transmission paludisme

Suivant la révolution microbiologique du XIX^{ème} siècle, Patrick Manson isole en 1877 le pathogène responsable de la filariose lymphatique dans des moustiques ayant piqué des malades en Chine, mettant en lumière le rôle possible d'invertébrés en tant que vecteurs de maladies humaines. A sa suite, Charles Laveran découvre le parasite du paludisme en Algérie, puis Ronald Ross démontre formellement la transmission du paludisme par les anophèles en Inde. Dès 1908, Ross conçoit un premier modèle mathématique de transmission du paludisme [24, 23]. Ce modèle initial sera par la suite réexprimé par Alfred James Lotka sous la forme de la suite récurrente reliant le nombre d'humains infectés au temps $t + 1$, noté I_{t+1} , au nombre d'infectés au temps t selon

$$I_{t+1} = \hat{V} \frac{I_t}{N} (N - I_t) - r I_t \quad (2.1)$$

où \hat{V} est une mesure similaire à la capacité vectorielle (voir Table 2.1 pour la signification des autres symboles). Ce premier modèle a été par la suite reformulé en temps continu sous la forme d'un système d'équation différentielles décrivant les dynamiques épidémiques dans les populations humaines et vectorielles, équivalent à une forme

TABLE 2.1 – Liste des notations mathématiques utilisées dans le chapitre.

Notation	Signification
N	Nombre total d'hôtes (taille de la population)
S	Nombre d'hôtes susceptibles
E	Nombre d'hôtes exposés
I	Nombre d'hôtes infectieux
R	Nombre d'hôtes résistants
M	Nombre total de vecteurs
X	Nombre de vecteurs susceptibles
Y	Nombre de vecteurs exposés
Z	Nombre de vecteurs infectieux
m	Rapport du nombre de vecteurs sur le nombre d'hôtes, $m = M/N$
a	Nombre de piqûres par moustique par unité de temps
b	Probabilité de transmission de vecteur à hôte par piqûre
c	Probabilité de transmission d'hôte à vecteur par piqûre
u	Durée d'incubation chez l'hôte (période d'incubation intrinsèque)
v	Durée d'incubation chez le vecteur (période d'incubation extrinsèque)
f	Taux de décès parmi les hôtes par unité de temps
g	Taux de décès parmi les vecteurs par unité de temps
r	Taux de guérison parmi les hôtes par unité de temps
O	Nombre d'hôtes infectés rapportés par le système de surveillance
ρ	Probabilité qu'un hôte infecté soit rapporté par le système de surveillance

simple de modèle compartimental [25, 26] :

$$\begin{aligned} \frac{dI}{dt} &= mab\frac{Z_{t-u}}{M}(N - I_{t-u}) - rI & (2.2) \\ \frac{dZ}{dt} &= ac\frac{I_{t-v}}{N}(M - Z_{t-v}) - gZ \end{aligned}$$

Sa principale conclusion était qu'il existait un lien causal entre le rapport du nombre de moustiques sur le nombre d'humains m et la prévalence du paludisme. Ainsi, Ross suggère qu'il n'est pas nécessaire de tuer tous les moustiques pour contrôler la maladie, mais qu'il existe une valeur minimale de m nommée m' en dessous de laquelle la transmission soutenue du paludisme n'est plus possible :

$$m' > \frac{gr}{a^2 b c e^{-gv}} \quad (2.3)$$

où l'on retrouve la probabilité qu'un moustique infecté survive assez longtemps pour devenir infectieux e^{-gv} .

Les travaux de Ross furent vite reconnus, et ont largement contribué au développement de l'épidémiologique quantitative, notamment influençant directement William Kermack et Anderson Mackendrick qui publient en 1927 leur théorie mathématique des épidémies, qui mènera au modèle SIR [27]. Ces recherches furent repris dans les années 1950 par George Macdonald dans le contexte du lancement du programme d'éradication globale du paludisme par l'OMS. Macdonald améliora certains aspects du deuxième modèle de Ross, mais amena surtout des avancées conceptuelles majeures, faisant le lien entre plusieurs domaines scientifiques. Il emprunta notamment à Lotka la notion démographique de *taux de reproduction de base*, qu'il nomma d'abord Z_0 , et qui deviendra \mathcal{R}_0 [28]. \mathcal{R}_0 est une mesure du nombre attendu de cas humains secondaires infectés par un seul cas index dans une population entièrement susceptible, qui dans le contexte du modèle proposé par Macdonald vaut

$$\mathcal{R}_0 = \frac{ma^2bc}{gr} e^{-gv} \quad (2.4)$$

Une intervention visant à l'éradication du paludisme dans une région doit permettre un abaissement de ce paramètre en dessous de 1. Macdonald introduisit aussi des méthodes de mesure entomologique de la transmission qui mèneront au concept de *capacité vectorielle*, défini comme le nombre attendu de piqûres potentiellement infectieuses découlant de l'existence d'un seul cas humain infectieux en contact avec une population de vecteurs

$$V = \frac{ma^2}{g} e^{-gv} \quad (2.5)$$

Pendant de nombreuses années, le risque de paludisme dans une région donnée sera évalué suivant cette approche, par des mesures entomologiques réalisées sur le terrain comme le comptage de larves et de moustiques infectieux.

Les travaux de Macdonald n'ont pas abouti à une formulation fixe du modèle Ross-Macdonald mais plutôt un ensemble de modèles suivant un certain nombre d'hypothèses simplificatrices [23] :

- on considère un seul type de pathogène, un seul type d'hôte et un seul type de

- vecteur, dont les contacts sont pris en compte explicitement ;
- on considère une zone géographique donnée, sans émigration ni immigration ;
- la valeur des paramètres est constante au cours du temps, les durées ont une distribution exponentielle ;
- le cycle aquatique du vecteur n'est pas pris en compte explicitement ;
- la période d'incubation externe n'est pas prise en compte explicitement ;
- la distribution des piqûres parmi les hôtes est homogène ;
- les populations sont mélangées homogènement ;
- l'immunité acquise chez l'hôte n'est pas prise en compte ;
- la coinfection ou la superinfection des hôtes n'est pas prise en compte ;

Des adaptations ont été apportées par la suite, portant sur un ou plusieurs des points précédents, suivant l'évolution des besoins et des connaissances biologiques et entomologiques. Pourtant, la structure des modèles est restée très stable. Une revue systématiques a ainsi rapporté que plus de la moitié des modèles de maladies vectorielles publiés entre 1970 et 2010 ne déviaient pratiquement pas de l'approche proposée par Macdonald [29].

C'est dans l'utilisation qui est faite des approches de modélisation que l'évolution a été plus visible, en lien avec les avancées opérées dans le domaine de la modélisation des maladies transmises directement d'hôte à hôte, ainsi que par le développement des systèmes de surveillance épidémiologique. Initialement, les modèles étaient surtout utilisés comme des outils théoriques, avec pour objectif de mieux comprendre la transmission et de cibler les mesures de prévention et de contrôle, ou bien pour l'estimation qualitative d'un risque d'épidémie en se basant sur des mesures entomologiques. L'abondance et la relative fiabilité des données d'incidence humaine, contrastant avec la difficulté des mesures entomologiques, ont entraîné une modification des pratiques, ayant pour objectifs l'estimation directe des dynamiques épidémiques, en particulier par la mesure du taux de reproduction de base \mathcal{R}_0 , la quantification des facteurs influençant ces dynamiques, comme la température, et dans certains cas la prédiction de l'évolution future d'épidémies débutantes.

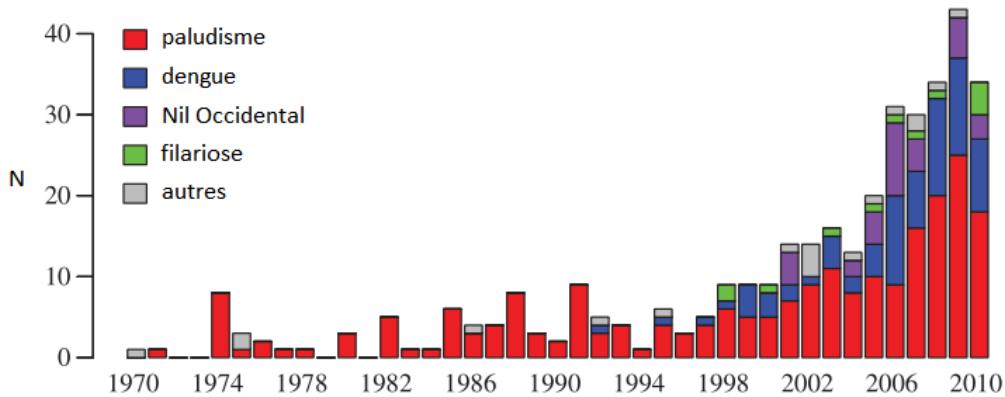


FIGURE 2.1 – Evolution du nombre de modèles de maladies vectorielles publiés entre 1970 et 2010 selon la maladie (source : Reiner et al, 2013)

2.1.2 Extension aux maladies transmises par les moustiques du genre *Aedes*

A partir des années 1990, les théories attachées aux modèles de Ross-Macdonald furent progressivement appliquées à d'autres maladies que le paludisme, en particulier la dengue (Fig. 2.1) [29].

2.1.3 Modélisation implicite du vecteur

Une autre classe de modèles de maladies vectorielles s'inspire directement des théories et modèles utilisées pour les pathogènes transmis directement. Ces modèles, construits autour des données d'incidence fournies par les systèmes de surveillance, se distinguent principalement par l'absence de modélisation explicite des populations de vecteurs, considérant alors seulement la transmission entre hôtes. Considérant

Nous terminerons cette présentation des modèles de maladies vectorielles par la présentation d'une comparaison d'un modèle de type Ross-Macdonald et d'un modèle de type SIR [30].

On retrouve donc trois compartiments humains, le nombre de susceptibles S , d'infectieux I et d'immunisés R , et deux compartiments de moustiques, le nombre de susceptibles X et le nombre d'infectieux Z (les notations ont été modifiées pour correspondre à la table 2.1). Le modèle VH est gouverné par le système d'équations

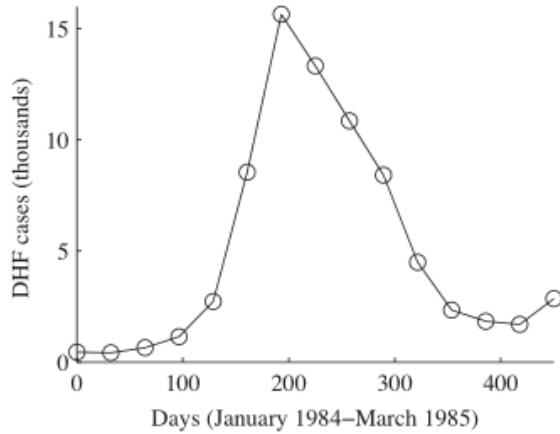


FIGURE 2.2 – Incidence mensuelle de dengue en Thaïlande entre janvier 1984 et mars 1985 (source : Pandey et al, 2013)

différentielles suivant :

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dt} &= fN - mab\frac{Z}{M}S - fS & (2.6) \\
 \frac{dI}{dt} &= mab\frac{Z}{M}S - rI - fI \\
 \frac{dR}{dt} &= rI - fR \\
 \frac{dX}{dt} &= gM - ac\frac{I}{N}X - gX \\
 \frac{dZ}{dt} &= ac\frac{I}{N}X - gZ
 \end{aligned}$$

Ce modèle fait l'hypothèse que les moustiques restent infectieux jusqu'à leur décès, et qu'il n'existe pas de mortalité additionnelle due à l'infection chez les hôtes comme chez les vecteurs. Les données de surveillance mensuelle du nombre de cas de dengue en Thaïlande de janvier 1984 à mars 1985 (Fig. 2.2) sont utilisées pour l'estimation des paramètres par inférence Bayésienne, en utilisant des méthodes de Monte Carlo par chaîne de Markov (MCMC, cf. §2.4). Pour ce faire, un compartiment est ajouté représentant le nombre cumulé de cas rapportés par le système de surveillance, grâce à l'introduction du paramètre ρ :

Les auteurs font l'hypothèse que le taux de décès est égal au taux de naissances dans les deux populations, et fixent la mortalité humaine à $f = 1/69$ (correspondant

à une durée de vie moyenne de 69 ans dans ce pays). Les paramètres estimés sont donc : le taux de mortalité chez les vecteurs g , deux paramètres composites mesurant la transmission des vecteurs vers les hôtes ($\beta_H = mab$) et des hôtes vers les vecteurs ($\beta_V = ac$) puisque les paramètres a, b, c et m n'apparaissent que multipliés entre eux et ne sont donc pas identifiables séparément, le taux de guérison des hôtes r , et la proportion des cas infectés rapportés par le système de surveillance ρ . De plus, on estime la proportion initiale d'humains résistants $R(0)/N$ et de moustiques infectieux $Z(0)/M$. On note que \mathcal{R}_0 n'est pas un paramètre, mais plutôt une fonction de paramètres retrouvée grâce à l'analyse du système par la méthode de la matrice de génération suivante :

$$\mathcal{R}_0 = \frac{ma^2bc}{g(f+r)} \quad (2.7)$$

Les résultats du modèle VH sont présentés dans la table 2.2, en comparaison avec les résultats issus d'une approche implicite (cf. §2.1.3).

TABLE 2.2 – Résultats des modèles vecteurs-hôtes (VH) et SIR dans Pandey et al, 2013.

Paramètre	Unité	Distribution <i>a priori</i>	Distribution postérieure	
			Modèle VH	Modèle SIR
β_H	j^{-1}	$\mathcal{U}(0,1)$	0.05 (0.01 ; 0.22)	–
β_V	j^{-1}	$\mathcal{U}(0.1,2)$	0.49 (0.13 ; 1.68)	–
β	j^{-1}	$\mathcal{U}(0,10)$	0.49 (0.28 ; 0.94)	0.32 (0.19 ; 0.58)
r	j^{-1}	$\mathcal{U}(0.1,0.6)$	0.25 (0.15 ; 0.44)	0.27 (0.13 ; 0.53)
ρ	j^{-1}	$\mathcal{U}(0,0.1)$	0.002 (0.001 ; 0.009)	0.006 (0.002 ; 0.035)
g	j^{-1}	$\mathcal{U}(0.01,0.1)$	0.05 (0.04 ; 0.08)	–
$R(0)/N$	%	$\mathcal{U}(0,1)$	0.2 (0 ; 13)	0.2 (0 ; 14)
$Z(0)/M$	%	$\mathcal{U}(0,1)$	0.05 (0 ; 0.6)	–
\mathcal{R}_0	–	–	1.97 (1.36 ; 3.21)	1.20 (1.05 ; 1.52)

2.2 Discréétisation

2.2.1 Le modèle TSIR

On s'intéresse principalement aux dates d'incidence.

2.2.2 Reconstruction mécaniste du temps de génération**2.2.3 Facteurs influençant le niveau de transmission****2.3 Approche multi-niveaux****2.3.1 Différences avec les approches classiques**

Construire un modèle complet avec SIR et moustiques (Kucharski), choisir R_0 , EIP etc.

Simuler des épidémies depuis ce modèle.

Récupérer le temps de génération, essayer de récupérer les paramètres avec un TSIR.

2.4 Inférence Bayésienne et méthodes de type MCMC**2.4.1 Mieux prendre en compte l'incertitude****2.4.2 Efficacité computationnelle : Stan et l'algorithme NUTS****2.4.3 Mise en commun de plusieurs sources d'information****2.4.4 Intégrer l'information *a priori***

Chapitre 3

Analyse comparative des épidémies transmises par les moustiques du genre *Aedes*

3.1 Distinguer les facteurs influençant la transmissibilité

3.1.1 Vecteurs

3.1.2 Hôtes

3.1.3 Virus

3.2 Analyse comparative de la transmission du Chikungunya et du Zika aux Antilles et en Polynésie française entre 2013 et 2017

3.2.1 Résumé de l'article en français

3.2.2 Article : Riou, Poletto, Boëlle, A comparative analy-



A comparative analysis of Chikungunya and Zika transmission

Julien Riou*, Chiara Poletto, Pierre-Yves Boëlle

Sorbonne Universités, UPMC Univ Paris 06, INSERM, Institut Pierre Louis d'Epidémiologie et de Santé Publique (IPLESUP UMRS 1136), 75012 Paris, France



ARTICLE INFO

Article history:

Received 30 September 2016

Received in revised form

23 December 2016

Accepted 3 January 2017

Available online 18 January 2017

Keywords:

Zika virus

Chikungunya virus

Outbreak analysis

Multilevel analysis

Weather

ABSTRACT

The recent global dissemination of Chikungunya and Zika has fostered public health concern worldwide. To better understand the drivers of transmission of these two arboviral diseases, we propose a joint analysis of Chikungunya and Zika epidemics in the same territories, taking into account the common epidemiological features of the epidemics: transmitted by the same vector, in the same environments, and observed by the same surveillance systems. We analyse eighteen outbreaks in French Polynesia and the French West Indies using a hierarchical time-dependent SIR model accounting for the effect of virus, location and weather on transmission, and based on a disease specific serial interval. We show that Chikungunya and Zika have similar transmission potential in the same territories (transmissibility ratio between Zika and Chikungunya of 1.04 [95% credible interval: 0.97; 1.13]), but that detection and reporting rates were different (around 19% for Zika and 40% for Chikungunya). Temperature variations between 22 °C and 29 °C did not alter transmission, but increased precipitation showed a dual effect, first reducing transmission after a two-week delay, then increasing it around five weeks later. The present study provides valuable information for risk assessment and introduces a modelling framework for the comparative analysis of arboviral infections that can be extended to other viruses and territories.

© 2017 The Author(s). Published by Elsevier B.V. This is an open access article under the CC BY-NC-ND license (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>).

1. Introduction

Arboviral infections are increasingly becoming a global health problem (WHO, 2016). Dengue fever and yellow fever viruses have been re-emerging in many tropical areas since the 1980s (Gubler, 2004), but new epidemic waves have recently been caused by lesser known arboviruses: the Chikungunya virus (CHIKV) since 2005 (Renault et al., 2007), and the Zika virus (ZIKV) since 2007 (Duffy et al., 2009). Interestingly, the spread of ZIKV and CHIKV have shared many epidemiological characteristics. While discovered in the 1940–50s, the global spread of these viruses to previously unaffected areas has only begun in recent years, and large outbreaks have affected the immunologically naive populations of the Indian and Pacific oceans and of the Americas (Weaver and Lecuit, 2015; Musso et al., 2015; Zhang et al., 2016). Case identification and counting has been an issue for epidemiological surveillance since symptoms caused by ZIKV and CHIKV infection are most of the times mild and not specific. Finally, both diseases can be transmitted by the same mosquitoes of the *Aedes* genus (Richard et al., 2016; Li et al., 2012). The most common vector, *Ae. aegypti*, is well adapted to the human habitat (Brown et al., 2011), is resistant to many insecticides (Lima et al., 2011), and bites during the day so that

prevention by bed nets, for example, is ineffective (Christophers et al., 1960).

Obviously, transmission of the disease has been facilitated due to the joint occurrence of large susceptible human populations and competent vectors. However, other aspects are involved in the transmission of arboviruses, since vector abundance and behavior change with the environment. A joint analysis of CHIKV and ZIKV epidemics may provide a better understanding of the commonalities and differences among these two *Aedes*-transmitted diseases. Up to now, these diseases have been studied separately, with a special focus on the reproduction ratio of CHIKV (Boëlle et al., 2008; Poletti et al., 2011; Yakob and Clements, 2013; Robinson et al., 2014) or ZIKV (Kucharski et al., 2016; Champagne et al., 2016; Nishiura et al., 2010; Chowell et al., 2016). The uncertainty regarding several parameters, such as the under-reporting ratio and the rate of asymptomatic individuals, have made it difficult to assess the attack rates in naive populations, the relative transmissibility of the viruses, and whether meteorological conditions may alter these parameters.

Here, building on common aspects in location and vectorial transmission, we study in detail the main factors that impacted disease spread. With this objective, we propose a joint model of Chikungunya and Zika transmission based on the time-dependent susceptible-infectious-recovered (TSIR) framework (Perkins et al., 2015), using data from nine distinct territories in French Polynesia and the French West Indies, where both diseases circulated

* Corresponding author.

E-mail address: julien.riou@iplesp.upmc.fr (J. Riou).

3.3 Commentaires et perspectives

Chapitre 4

Utiliser les ressemblances entre les maladies transmises par *Aedes* pour améliorer les outils de prédition épidémique

4.1 Guider les interventions de prévention et de contrôle en situation d'épidémie émergente

4.1.1 Approches classiques en prédition

4.1.2 Récents développements : les challenges

4.2 Améliorer les prédictions à la phase précoce d'une épidémie de Zika grâce aux données historiques sur la transmission du Chikungunya

4.2.1 Résumé de l'article en français

4.2.2 Article : Riou, Poletto, Boëlle, Improving early epi-

Improving early epidemiological assessment of emerging *Aedes*-transmitted epidemics using historical data

Julien Riou^{1,2,*}, Chiara Poletto¹, Pierre-Yves Boëlle¹

1 Sorbonne Université, INSERM, Institut Pierre Louis d'épidémiologie et de Santé Publique, IPLESP UMR-S1136, F-75012 Paris, France

2 EHESP School of Public Health, Rennes, France

*julien.riou@iplesp.upmc.fr

Abstract

Model-based epidemiological assessment is useful to support decision-making at the beginning of an emerging *Aedes*-transmitted outbreak. However, early forecasts are generally unreliable as little information is available in the first few incidence data points. Here, we show how past *Aedes*-transmitted epidemics help improve these predictions. The approach was applied to the 2015–2017 Zika virus epidemics in three islands of the French West Indies, with historical data including other *Aedes*-transmitted diseases (Chikungunya and Zika) in the same and other locations. Hierarchical models were used to build informative *a priori* distributions on the reproduction ratio and the reporting rates. The accuracy and sharpness of forecasts improved substantially when these *a priori* distributions were used in models for prediction. For example, early forecasts of final epidemic size obtained without historical information were 3.3 times too high on average (range: 0.2 to 5.8) with respect to the eventual size, but were far closer (1.1 times the real value on average, range: 0.4 to 1.5) using information on past CHIKV epidemics in the same places. Likewise, the 97.5% upper bound for maximal incidence was 15.3 times (range: 2.0 to 63.1) the actual peak incidence, and became much sharper at 2.4 times (range: 1.3 to 3.9) the actual peak incidence with informative *a priori* distributions. Improvements were more limited for the date of peak incidence and the total duration of the epidemic. The framework can adapt to all forecasting models at the early stages of emerging *Aedes*-transmitted outbreaks.

Author summary

In December, 2015, *Aedes* mosquito-transmitted Zika outbreaks started in the French West Indies, about two years after Chikungunya epidemics, spread by the same mosquito, hit the same region. Building on the similarities between these epidemics – regarding the route of transmission, the surveillance system, the population and the location – we show that prior information available at the time could have improved the forecasting of relevant public health indicators (i.e. epidemic size, maximal incidence, peak date and epidemic duration) from a very early point. The method we describe, together with the compilation of past epidemics, improves epidemic forecasting.

Introduction

Model-based assessments must be done in real time for emerging outbreaks: this was the case in recent years for MERS-CoV in the Middle East [1–3], Ebola virus in West

4.3 Commentaires et perspectives

Chapitre 5

Conclusions

Lorem ipsum

Bibliographie

- [1] Johann Wilhelm Meigen. *Systematische Beschreibung der bekannten europäischen zweiflügeligen Insekten*, volume 1. Aachen, Allemagne, 1818.
- [2] John F. Reinert. New classification for the composite genus *Aedes* (Diptera : Culicidae : Aedini), elevation of subgenus *ochlerotatus* to generic rank, reclassification of the other subgenera, and notes on certain subgenera and species. *Journal of the American Mosquito Control Association-Mosquito News*, 16(3) :175–188, 2000.
- [3] John F. Reinert, Ralph E. Harbach, and Ian J. Kitching. Phylogeny and classification of Aedini (Diptera : Culicidae), based on morphological characters of all life stages. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 142(3) :289–368, 2004.
- [4] Andrew Polaszek. Two words colliding : resistance to changes in the scientific names of animals—*Aedes* vs *Stegomyia*. *Trends in parasitology*, 22(1) :8–9, 2006.
- [5] Sir Rickard Christophers. *Aedes aegypti (L.) the yellow fever mosquito : its life history, bionomics and structure*. Cambridge University Press, London, UK, 1960.
- [6] MF Bowen. The sensory physiology of host-seeking behavior in mosquitoes. *Annual review of entomology*, 36(1) :139–158, 1991.
- [7] Moritz UG Kraemer, Marianne E Sinka, Kirsten A Duda, Adrian QN Mylne, Freya M Shearer, Christopher M Barker, Chester G Moore, Roberta G Carvalho, Giovanini E Coelho, Wim Van Bortel, et al. The global distribution of the arbovirus vectors *aedes aegypti* and *ae. albopictus*. *elife*, 4, 2015.
- [8] Fredrik Hasselquist and Carl von Linné. *Iter Palæstinum, Eller, Resa til Heliga Landet, Förrättad Infrån år 1749 til 1752*. Holm, Suède, 1757.

- [9] Walter J Tabachnick. Evolutionary genetics and arthropod-borne disease : the yellow fever mosquito. *American Entomologist*, 37(1) :14–26, 1991.
- [10] Julia E Brown, Benjamin R Evans, Wei Zheng, Vanessa Obas, Laura Barrera-Martinez, Andrea Egizi, Hongyu Zhao, Adalgisa Caccone, and Jeffrey R Powell. Human impacts have shaped historical and recent evolution in aedes aegypti, the dengue and yellow fever mosquito. *Evolution*, 68(2) :514–525, 2014.
- [11] Jeffrey R. Powell and Walter J. Tabachnick. History of domestication and spread of aedes aegypti—a review. *Memorias do Instituto Oswaldo Cruz*, 108 :11–17, 2013.
- [12] William C Black, Kristine E Bennett, Norma Gorrochotegui-Escalante, Carolina V Barillas-Mury, Ildefonso Fernandez-Salas, Maria de Lourdes Munoz, Jose A Farfan-Ale, Ken E Olson, and Barry J Beaty. Flavivirus susceptibility in aedes aegypti. *Archives of medical research*, 33(4) :379–388, 2002.
- [13] Abelardo C Moncayo, Zoraida Fernandez, Diana Ortiz, Mawlouth Diallo, Amadou Sall, Sammie Hartman, C Todd Davis, Lark Coffey, Christian C Mathiot, Robert B Tesh, et al. Dengue emergence and adaptation to peridomestic mosquitoes. *Emerging infectious diseases*, 10(10) :1790, 2004.
- [14] Christophe Paupy, Hélène Delatte, Leila Bagny, Vincent Corbel, and Didier Fontenille. Aedes albopictus, an arbovirus vector : from the darkness to the light. *Microbes and Infection*, 11(14-15) :1177–1185, 2009.
- [15] Frederick A. Askew Skuse. The banded mosquito of bengal. *Indian Museum Notes*, 3(5) :20, 1894.
- [16] Steven A Juliano and L Philip Lounibos. Ecology of invasive mosquitoes : effects on resident species and on human health. *Ecology letters*, 8(5) :558–574, 2005.
- [17] Paul Reiter. Aedes albopictus and the world trade in used tires, 1988-1995 : the shape of things to come ? *Journal of the American Mosquito Control Association*, 14(1) :83–94, 1998.
- [18] Edward C Holmes and S Susanna Twiddy. The origin, emergence and evolutionary genetics of dengue virus. *Infection, genetics and evolution*, 3(1) :19–28, 2003.

- [19] Jane P Messina, Oliver J Brady, Thomas W Scott, Chenting Zou, David M Pigott, Kirsten A Duda, Samir Bhatt, Leah Katzelnick, Rosalind E Howes, Katherine E Battle, et al. Global spread of dengue virus types : mapping the 70 year history. *Trends in microbiology*, 22(3) :138–146, 2014.
- [20] Jeffrey D Stanaway, Donald S Shepard, Eduardo A Undurraga, Yara A Halasa, Luc E Coffeng, Oliver J Brady, Simon I Hay, Neeraj Bedi, Isabela M Bensenor, Carlos A Castañeda-Orjuela, et al. The global burden of dengue : an analysis from the global burden of disease study 2013. *The Lancet infectious diseases*, 16(6) :712–723, 2016.
- [21] Cameron P Simmons, Jeremy J Farrar, Nguyen van Vinh Chau, and Bridget Wills. Dengue. *New England Journal of Medicine*, 366(15) :1423–1432, 2012.
- [22] George Macdonald. *The epidemiology and control of malaria*. Oxford University Press, 1957.
- [23] David L Smith, Katherine E Battle, Simon I Hay, Christopher M Barker, Thomas W Scott, and F Ellis McKenzie. Ross, macdonald, and a theory for the dynamics and control of mosquito-transmitted pathogens. *PLoS pathogens*, 8(4) :e1002588, 2012.
- [24] Ronald Ross. *Report on the prevention of malaria in Mauritius*. New York : E. P. Dutton Company, 1908.
- [25] Ronald Ross. *The prevention of malaria*. John Murray ; London, 1911.
- [26] Alfred J Lotka. Contribution to the analysis of malaria epidemiology. i. general part. *American Journal of Hygiene*, 3(Supp), 1923.
- [27] William O Kermack and Anderson G McKendrick. Contributions to the mathematical theory of epidemics. *Philos Trans R Soc Lond*, 1927.
- [28] George Macdonald. The analysis of equilibrium in malaria. *Tropical diseases bulletin*, 49(9) :813, 1952.
- [29] Robert C. Reiner, T. Alex Perkins, Christopher M. Barker, Tianchan Niu, Luis Fernando Chaves, Alicia M. Ellis, Dylan B. George, Arnaud Le Menach,

Juliet R. C. Pulliam, Donal Bisanzio, Caroline Buckee, Christinah Chiyaka, Derek A. T. Cummings, Andres J. Garcia, Michelle L. Gatton, Peter W. Gething, David M. Hartley, Geoffrey Johnston, Eili Y. Klein, Edwin Michael, Steven W. Lindsay, Alun L. Lloyd, David M. Pigott, William K. Reisen, Nick Ruktanonchai, Brajendra K. Singh, Andrew J. Tatem, Uriel Kitron, Simon I. Hay, Thomas W. Scott, and David L. Smith. A systematic review of mathematical models of mosquito-borne pathogen transmission : 1970–2010. *Journal of The Royal Society Interface*, 10(81) :20120921, April 2013.

- [30] Abhishek Pandey, Anuj Mubayi, and Jan Medlock. Comparing vector–host and sir models for dengue transmission. *Mathematical biosciences*, 246(2) :252–259, 2013.