

Quantifier les liens entre le climat et les maladies infectieuses et parasitaires

Les conséquences possibles du réchauffement climatique sont multiples et peuvent être indirectes. Ainsi, suite à ce réchauffement, un certain nombre de maladies infectieuses et parasitaires pourraient se transmettre plus facilement affectant l'homme ainsi que le monde végétal et animal. L'étude présentée ci-dessous, réalisée sur la distribution spatiale des 340 agents infectieux et parasitaires, permet de préciser les liens de ces maladies avec le climat.

Récemment, plusieurs études ont montré l'incidence possible de paramètres bio-climatologiques comme la température et la pluviométrie sur la distribution spatiale et la dynamique temporelle de maladies infectieuses et parasitaires tel le choléra, la malaria ou la dengue... L'épidémie d'hantavirus dans le sud-ouest des Etats-Unis en 1993 aurait comme cause une explosion des populations d'un petit rongeur, réservoir naturel du virus, à la suite d'une augmentation de la pluviométrie due à El Nino dans ces régions, et ayant causée une production de graminées plus abondantes pour les rongeurs granivores. Tous ces exemples s'adressent à des agents infectieux ou parasitaires particuliers, le plus généralement associés à un vecteur ou à un réservoir dont les populations interagissent directement avec les conditions environnementales. Cependant, la recherche actuelle manque d'une vision globale et quantifiée des liens qui existent réellement entre le climat et les agents étiologiques responsables de maladies.

Distribution spatiale des principaux agents vecteurs de maladie

Une étude récente (V. Guernier, M. Hochberg et J-F Guégan, «Ecology Drives the Worldwide Distribution of Human Diseases», <http://cepm.mpl.ird.fr/cepm/edbs/pub/PLoS2004.pdf>) apporte les premiers éléments d'une quantification globale de la distribution spatiale des principales espèces de micro-organismes, responsables de maladies dans les populations humaines, et des liens qu'ils entretiennent avec des facteurs bioclimatiques notamment. A l'aide d'une base de données sur près de 340 différents groupes d'agents infectieux et parasitaires concernant 224 nations et territoires autonomes (allant des virus aux bactéries en passant par les helminthes et les champignons, et de leur répartition actuelle sur Terre) les auteurs ont, dans un premier temps, modélisé leur distribution spatiale en se servant de simulations stochastiques Monte Carlo.

Une distribution spatiale qui n'est pas aléatoire

Par reconstruction de scénarios, ils ont montré que la dis-

Quantifying the relation between climate and infectious and parasitic diseases

Climate warming can have multiple, often indirect consequences. Thus, certain infectious and parasitic diseases may become more easily transmitted, affecting humans as well as the animal and vegetable world. The study presented here, concerning the spatial distribution of 340 infectious and parasitic agents, specifies the relation between disease and climate.

Several recent studies have shown the possible effect of bio-climatological parameters, such as temperature and precipitation, on the spatial distribution and time dynamics of infectious and parasitic diseases like malaria and dengue fever. The hantavirus epidemic that appeared in the south-west of the United States in 1993 appears to have been caused by an explosion in the population of the small rodents that carry the virus, as a result of an El Nino related rise in precipitation that increased the abundance of the grasses available to these granivorous animals. Such examples concern specific infectious or parasitic agents, generally associated with a vector or a reservoir whose populations interact directly with environmental conditions. However, current research has lacked an overall and quantitative view of the real relations between climate and the etiological agents responsible for disease.

Spatial distribution of the principal disease vectors

First elements of an overall quantification of the spatial distribution of the principal species of micro-organisms responsible for human diseases, as well as their relation with bio-climatic factors, have been provided by a recent study published in the journal PLoS Biology by V. Guernier, M. Hochberg and J-F. Guégan (Ecology drives the worldwide distribution of human diseases, <http://cepm.mpl.ird.fr/cepm/edbs/pub/PLoS2004.pdf>). This study used a data base listing 340 different groups of infectious and parasitic agents, ranging from bacteria to helminths and fungi. Concerning 224 countries and autonomous territories, it yields their present distribution over the Earth. In a first step, the authors modelled the spatial distributions using stochastic Monte Carlo simulations.

A non-random spatial distribution

By reconstructing scenarios, they showed that the present spatial distribution for etiological agents in human populations is not random. It is characterized by two principal features:

- *the species richness for microbes and parasites is much higher in the zones between the tropics than in the temperate zones;*
- *the richer communities of microbes and parasites present at low latitudes include statistically those present at higher*

tribution spatiale actuelle des agents étiologiques dans les populations humaines n'est pas aléatoire. Deux points la caractérisent :

- les richesses spécifiques en microbes et en parasites sont nettement plus élevées dans les zones inter-tropicales lorsqu'on les compare aux zones tempérées ;
- les communautés microbiennes et parasitaires plus riches sous les basses latitudes englobent statistiquement celles présentes à des latitudes plus élevées, ce que les auteurs nomment un «nested species subset pattern» à l'image des poupées gigognes russes qui s'emboîtent les unes dans les autres.

Autrement dit, les compositions d'espèces microbiennes et parasitaires, responsables de maladies dans les populations humaines, forment des sous-ensembles des communautés riches rencontrées dans les zones inter-tropicales au fur et à mesure que l'on s'éloigne de l'équateur (voir Figure 1).

Les régions équatoriales : réservoir d'agent infectieux ?

Cette organisation spatiale dite en anglais «nested species subset pattern» est bien connue chez les écologistes ; elle implique que le mouvement de dispersion des agents infectieux et parasitaires entre les populations humaines se fait globalement de régions dites «sources», ici les zones équatoriales, vers des régions nommées « puits», plus tempérées. Ce modèle global de dispersion d'agents infectieux et parasitaires ne contredit pas le fait que plusieurs virus ou bactéries ont pu être transportés des régions occidentales vers les zones tropicales, notamment lors des colonisations ; il montre cependant que cette possibilité est réduite dans un schéma global de diffusion des zones tropicales vers les zones de hautes latitudes. La comparaison entre les deux hémisphères ne montre pas de différences très marquées.

Les auteurs expliquent que les diversités biologiques en animaux, plus grandes dans les zones inter-tropicales, sont génératrices de nouvelles maladies dans les populations humaines par transferts des micro-organismes des uns aux autres, 75% des agents étiologiques chez l'homme actuellement ayant une origine zoonotique connue.

L'écart saisonnier de pluviosité : un facteur bio-climatique clé

Recherchant les facteurs responsables de ces distributions spa-

latitudes, a property that the authors call a «nested species subset pattern», in the image of the nested Russian dolls. In other words, as one goes away from the equator, the composition of the microbe and parasitic species responsible for human diseases forms subsets of the rich communities found in the tropical zones (Figure 1).

The equatorial regions as reservoirs of infectious agents

The spatial organisation termed «nested species subset pattern» is well known to ecologists: it implies that the dispersion of infectious and parasitic agents between human populations is from regions called «sources», in this case the equatorial zones, to destination regions, the more temperate zones. This general model for the dispersion of infectious and parasitic agents is not in contradiction with the fact that several viruses or bacteria were transported from the West to tropical regions during colonization; this is, however, a minor factor in an overall scheme of diffusion from tropical zones to high latitudes.

And a comparison between the Southern and Northern Hemispheres shows no marked differences between them.

The authors propose that biological diversity in animal populations, being greater in the tropics, generates new diseases in human populations by transfer of micro-organisms from animal to human, with 75% of human etiological agents known to be of animal-related origin.

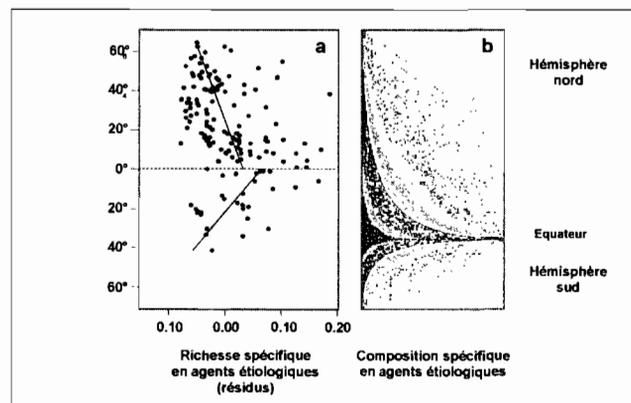


Figure 1 : voir pages couleur - see colour pages

Seasonal precipitation range as a key bio-climatic factor

Searching for factors that could be responsible for these spatial distributions of microbes and parasites in human populations, V. Guernier, M. Hochberg and J-F Guégan show that bio-climatic factors, and especially the difference in precipitation between the wettest month and the driest month, account statistically for the observations made. Indeed, a great number of micro-organisms and parasites pathogenic for human populations either depend directly on environmental conditions to achieve their life cycle or are related indirectly to vectors or reservoirs whose biological cycles depend preponderantly on climate, especially on the intra-annual variation of precipitation.

Of the 340 etiological agents studied, some are contagious viruses or bacteria, that is their transmission operates from human to human, and there is no need to postulate a link to climate. Evident cases are the AIDS virus or the mycobacteria responsible for tuberculosis, for example. Other agents, like

tiales de microbes et parasites dans les populations humaines, V. Guernier, M. Hochberg et J.-F. Guégan montrent que les facteurs bio-climatiques, et en particulier les différences de pluviométrie entre le mois le plus humide et celui le plus sec, rendent statistiquement compte des observations faites. De nombreux micro-organismes et parasites pathogènes pour les populations humaines sont, en effet, soit directement dépendant des conditions environnementales pour accomplir leur cycle de vie, soit indirectement liés à des vecteurs ou à des réservoirs pour lesquels les conditions climatiques, et plus précisément la variabilité pluviométrique intra-annuelle, sont prépondérantes dans leur cycle biologique.

Sur les 340 agents étiologiques étudiés, certains sont des organismes viraux ou bactériens contagieux, c'est à dire que la transmission s'opère d'humain à humain, sans qu'on ait à invoquer un possible lien avec le climat. C'est évidemment le cas du virus du SIDA ou de la mycobactérie responsable de la tuberculose, par exemple. D'autres, comme les bactéries méningocoques responsables de la méningite en Afrique, ou encore le virus de la grippe, dépendent de l'évolution globale ou plus régionale du climat pour se disséminer dans les populations humaines, causant les effets morbides et mortelles que l'on connaît.

Perspectives

La distribution spatiale des 340 agents étiologiques étudiés par V. Guernier, M. Hochberg et J.-F. Guégan représente un point 0 qu'il était nécessaire de réaliser. Ces chercheurs envisagent de reproduire cette analyse dans le futur sur une base de données actualisée des 340 agents pathogènes car, si leurs hypothèses sont vérifiées, de nombreux microbes et parasites devraient migrer et contaminer les populations humaines dans les zones géographiques de hautes latitudes, des événements qui se sont produits dans les temps géologiques à la faveur de climats plus cléments.

Notre groupe s'intéresse aujourd'hui à la macroécologie des dynamiques temporelles de cas de choléra dans le Monde, une maladie dont la bactérie responsable est très liée aux événements climatiques globaux. Cette nouvelle recherche permettra une cartographie du risque infectieux sur la base d'analyses statistiques et mathématiques de séries temporelles sur 80 années.

the meningococcus bacteria responsible for meningitis in Africa or the influenza virus, depend on global or more regional variations of climate to propagate within human populations, producing their well-known morbidity.

Perspectives

The spatial distribution for the 340 etiological agents studied by V. Guernier, M. Hochburg and J.-F. Guégan represents a zero-point that had to be established. These researchers envisage a repetition of this analysis in the future, using updated data for the same 340 pathogens. If their hypotheses are verified, many of these microbes and parasites will migrate and contaminate human populations in geographic zones at high latitudes, such migrations having occurred in geological times during periods of warmer climate.

At present our group is interested in the macro-ecology of the time dynamics of cholera cases in the world, the bacterium responsible for this disease being closely related to global climatic events. This new research should give a map of the infection risk, from statistical and mathematical analyses of time series over 80 years.

Contact : Jean-François Guégan
Génétique & Evolution des Maladies Infectieuses
GEMI, UMR 2724 IRD-CNRS,
911 avenue Agropolis, BP 64501,
34394 Montpellier cedex 5 France

Quantifier les liens entre le climat et les maladies infectieuses et parasitaires
Quantifying the relation between climate and infectious and parasitic diseases

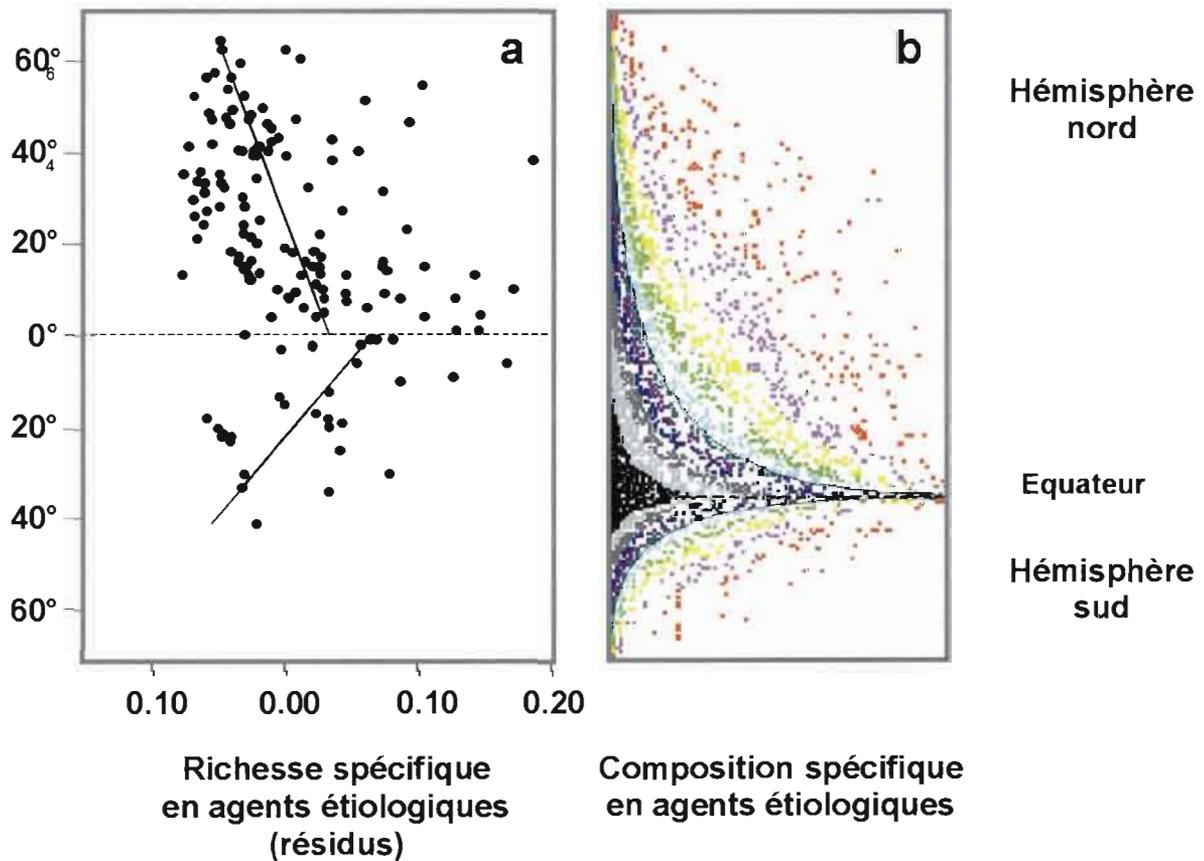


Figure 1 : (a) Relations statistiques obtenues entre la richesse spécifique (exprimée par le nombre d'espèces existantes en un endroit donné) en agents étiologiques, responsables de maladies dans les populations humaines, et la latitude. Des richesses spécifiques en agents pathogènes plus importantes sont rencontrées dans les populations humaines lorsqu'on se rapproche de l'équateur. Les richesses spécifiques sont ici exprimées par des estimations résiduelles faites à partir de modèles linéaires généralisés minimaux car il est tenu compte des co-variations exercées par d'autres facteurs explicatifs. - (b) Distribution spatiale actuelle des 340 principaux agents pathogènes de l'homme (bactéries, virus, champignons, protozoaires, helminthes,...). Les ensembles d'espèces pathogènes rencontrées dans les populations humaines vivant sous les basses latitudes sont des sous-ensembles des communautés pathogènes rencontrées dans les populations vivant à proximité de l'équateur. Les couleurs du noir au rouge clair correspondent aux probabilités d'apparition de l'événement (ici la présence d'un agent pathogène) : noir (97-100 %) ; vert foncé (50-60 %) ; jaune (20-30 %) ; rouge (0-10 %). Plus on monte en latitude, plus globalement les probabilités de présence d'un agent pathogène deviennent faibles (prépondérance des couleurs rouge et mauve), à l'exception des nombreuses espèces pathogènes ubiquistes et contagieuses, largement distribuées dans les populations humaines. © PloS Biology (2004).

(a) Statistical relation to latitude for the species richness of etiological agents responsible for human diseases (number of species present at a given place). Species richness in human populations is seen to increase towards the equator. The species richnesses are residuals estimates obtained from minimal generalised linear models after taking account of co-variations induced by other causative factors. (b) Present spatial distribution of 340 human pathogenic agents (bacteria, viruses, fungi, protozoa, helminths,...). The sets of pathogenic species found in human populations living at low latitude are subsets of the pathogenic communities found in human populations living near the equator. Colours from black to light red correspond to probability of occurrence of the event (here the presence of a pathogenic agent): black (97-100 %) ; green (50-60 %) ; yellow (20-30 %) ; red (0-10 %). The higher the latitude, the lower the overall probability of presence of pathogenic agents (excepting the numerous and ubiquitous contagious pathogenic species, widely distributed over human populations). © PloS Biology (2004).