

ZONONOSES/ZOONOSES



Changements environnementaux et émergence de zoonoses

Environmental changes and the emergence of zoonoses

François MOUTOU

Communication présentée le 23 mai 2025, Hammamet, Tunisie

Paper presented on May 23, 2025, in Hammamet, Tunisia

1st Congress in Middle East North Africa region of Clinical Microbiology and Infectious Diseases

34th National Congress of Tunisian Society of infectious Disease

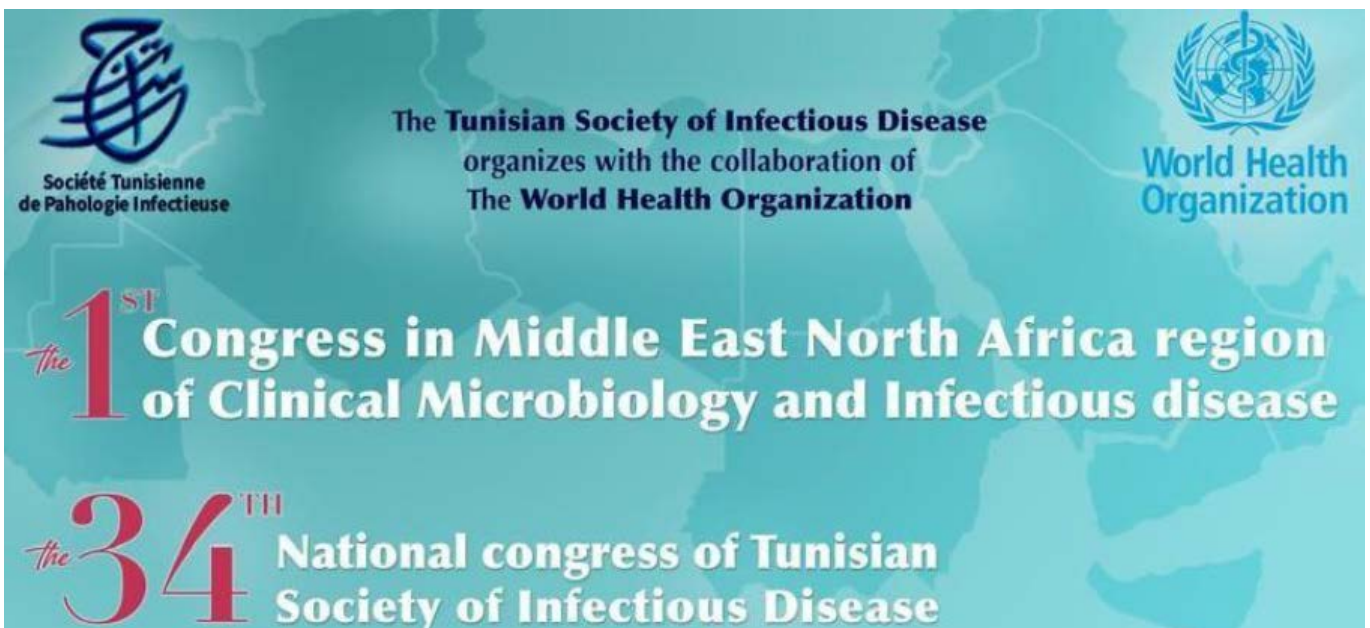
RÉSUMÉ L'évolution de certains paramètres planétaires (climat, écosystèmes), pressentie depuis quelques décennies et confirmée durant la seconde moitié du XX^e siècle, s'est nettement accélérée. La question des impacts possibles ou avérés de cette accélération est donc posée. Dans le domaine de la santé humaine, traitée ici, comme pour la santé animale et la qualité de l'environnement, des conséquences sont déjà notables. Le cas particulier des zoonoses, ces maladies infectieuses et parasitaires, transmissibles, dont les agents peuvent circuler entre humains et autres vertébrés, illustre assez bien ce à quoi ces changements peuvent conduire. Cette courte synthèse rappelle d'abord les enjeux et difficultés à surmonter pour pouvoir disposer de sources de données fiables et accessibles, puis présente quelques exemples. Une prise de conscience aux plus hauts niveaux est nécessaire pour espérer renverser la tendance.

Mots clés : Changements environnementaux, Santé humaine, Sources de données, Zoonoses

ABSTRACT Changes in certain global parameters, such as climate and ecosystems, which were anticipated for several decades and confirmed during the second half of the 20th century, have accelerated significantly. This raises the question of the possible or proven impacts of this acceleration. In the field of human health, as well as animal health and environmental quality, the consequences are already significant. The case of zoonoses, infectious and parasitic diseases that can be transmitted between humans and other vertebrates, illustrates where these changes may lead.

This brief overview first outlines the challenges and difficulties of ensuring access to reliable, accessible data sources and then presents a few examples. Awareness at the highest levels is necessary to reverse this trend.

Keywords: Environmental Changes, Human Health, Data Sources, Zoonoses



Si les activités humaines modifient les paysages et le fonctionnement des écosystèmes depuis des millénaires, l'accélération contemporaine de ces pressions environnementales est sans équivalent connu. Plusieurs facteurs peuvent l'expliquer, comme la révolution industrielle associée à l'explosion démographique depuis la fin du XVIII^e siècle et, surtout, le début du XIX^e siècle. Il s'en suit un changement rapide dans l'usage des sols, une industrialisation de l'agriculture ou encore un volume et une vitesse de déplacements et de transports de biens et de personnes à des niveaux encore jamais atteints [20]. En conséquence, on enregistre des chiffres importants pour diverses pollutions chimiques comme biologiques et une évolution climatique globale et complexe. L'impact anthropique sur les écosystèmes devient considérable (voir les rapports du Groupe d'experts intergouvernemental sur l'évolution du climat, GIEC¹, et ceux de la Plateforme intergouvernementale scientifique et politique sur la biodiversité et les services écosystémiques, IPBES²). Toutes les espèces vivantes sont confrontées à ces perturbations. Cela concerne de nombreux microorganismes, leurs réservoirs, leurs vecteurs, arthropodes ou mollusques par exemple. C'est ainsi que ces grands bouleversements planétaires ont des répercussions, certaines déjà apparentes, d'autres encore potentielles, dans le domaine de la santé publique, de l'élevage et de l'agriculture, du vivant en général.

Une catégorie particulière de maladies infectieuses transmissibles rassemble les zoonoses, celles dont l'agent responsable peut circuler entre les humains et les autres vertébrés, en fait surtout les mammifères et les oiseaux. On peut y associer les maladies d'origine animale, celles dont l'agent microbien s'est adapté aux humains. Dans ce cas, après son passage initial à *Homo sapiens*, et son « humanisation », l'agent n'a plus besoin du réservoir animal pour exister. Il circule seul dans les populations humaines [29]. C'est par exemple le cas du paramyxovirus de la rougeole humaine. Issu du virus responsable de la peste bovine (maladie animale éliminée de la planète en 2011) [16], le virus ne circule plus aujourd'hui que chez les humains. La recrudescence actuelle de la rougeole n'est donc pas liée à un quelconque réservoir animal mais strictement à des comportements humains [10].

Aborder ces questions est complexe, tant les facteurs sont nombreux, de natures très diverses et

Although human activities have altered landscapes and ecosystem function for millennia, the acceleration of these environmental pressures in the contemporary era is unprecedented. Several factors may explain this phenomenon, including the Industrial Revolution and the population explosion that began in the late 18th and early 19th centuries. These factors have led to rapid changes in land use, the industrialization of agriculture, and unprecedented levels of travel and transportation of goods and people in terms of both volume and speed [20]. Consequently, significant levels of chemical and biological pollution, as well as complex global climate change, have emerged. The impact of humans on ecosystems has become considerable (see the reports of the Intergovernmental Panel on Climate Change [IPCC¹] and the Intergovernmental Science-Policy Platform on Biodiversity and Ecosystem Services [IPBES²]). All living species face these disruptions. This includes numerous microorganisms, their reservoirs, and their vectors, such as arthropods and mollusks. Thus, these major global upheavals have repercussions—some already apparent and others potential—in public health, livestock farming, agriculture, and life in general.

One category of communicable infectious diseases includes zoonoses, which are diseases that can circulate between humans and other vertebrates, primarily mammals and birds. This category also includes diseases of animal origin, in which the microbial agent has adapted to humans. After its initial transmission to *Homo sapiens* and its “humanization,” the agent no longer requires an animal reservoir to survive. It circulates independently within human populations [29]. One example is the paramyxovirus that causes human measles. Derived from the virus responsible for rinderpest, an animal disease that was eradicated in 2011 [16], the measles virus now circulates exclusively among humans. Therefore, the current resurgence of measles is strictly linked to human behaviors, not to any animal reservoir [10].

Given that the factors are numerous, highly diverse, and frequently intertwined, addressing these issues is complex. For this reason, this overview is not intended to be exhaustive. The subject is too broad. However, the aim is to draw attention to potential biases in identifying the factors at play. The data available and published in certain regions, which are often limited to a few disease entities, do not directly provide a well-structured

1. <https://www.ecologie.gouv.fr/actualites/publication-du-6e-rapport-synthese-du-giec>

2. <https://www.ipbes.net/global-assessment>

1. <https://www.ecologie.gouv.fr/actualites/publication-du-6e-rapport-synthese-du-giec>

2. <https://www.ipbes.net/global-assessment>

s'interpénétrant régulièrement. C'est pour cela que cette synthèse ne prétend pas être exhaustive. Le sujet est trop vaste. L'enjeu serait néanmoins d'alerter sur les biais possibles dans la recherche des facteurs à l'œuvre. En effet, les données accessibles et publiées dans certaines régions, le plus souvent limitées à quelques entités morbides, ne donnent pas directement une image mondiale bien hiérarchisée des enjeux globaux. Il faut également que les méthodologies de prospection soient transparentes et accessibles. Dans un deuxième temps, quelques exemples de zoonoses seront examinés, celles pour lesquelles il semble légitime de penser que les changements environnementaux en cours interviennent déjà ou interviendront prochainement.

Changements environnementaux, causes et conséquences

Quelles sources de données ?

La liste des changements environnementaux responsables de l'émergence potentielle de zoonoses, ou, pour celles déjà connues, de l'augmentation de leur incidence, est longue. Sans chercher l'exhaustivité, on peut citer la température dont l'augmentation moyenne mondiale est de presque 1°C du fait des émissions cumulées de gaz à effet de serre, CO₂ entre autres, et la déforestation avec son impact sur la pluviométrie. Comme peu d'actions semblent entreprises pour y remédier, les conséquences devraient encore se poursuivre [15]. L'analyse de cette liste est complexe car une cause primaire initiale peut conduire à une conséquence, elle-même source secondaire de risques d'émergence. Le choix des sources de données est évidemment important. C'est ainsi que le Rapport annuel publié par la revue *The Lancet*, édition de 2024 [22], permet une certaine hiérarchisation et organisation dans la présentation des facteurs. C'est important pour appréhender l'impact du changement climatique, certainement le changement environnemental majeur sur la santé. Ce rapport propose cinq chapitres. Le premier (risques pour la santé, expositions et impacts), lui-même découpé en plusieurs sous-entités, est le seul à citer les maladies infectieuses en pointant quatre d'entre elles, à savoir la dengue, la malaria, *Vibrio* (agent du choléra) et la maladie liée au virus West Nile. Deux sont des zoonoses. Les quatre autres chapitres concernent l'adaptation (planification et résilience), l'atténuation (et les

global picture of the overarching issues. Research methodologies must also be transparent and accessible. Next, we will examine a few examples of zoonoses for which it is reasonable to assume that ongoing environmental changes are already having an impact, or will in the near future.

Environmental changes: causes and consequences

What data sources?

The list of environmental changes that could lead to the emergence of new zoonoses, or increase the incidence of known ones, is long. Without claiming to be exhaustive, we can cite temperature, which has risen by an average of nearly 1°C globally due to cumulative greenhouse gas emissions (including CO₂), and deforestation, which impacts rainfall. Since few measures appear to be underway to address these issues, the consequences are likely to continue [15]. Analyzing this list is complex because an initial primary cause can lead to a consequence that itself becomes a secondary source of emerging risks. The choice of data sources is important. The Annual Report published by *The Lancet* in 2024 [22] provides a certain hierarchy and structure in presenting these factors. This hierarchy and structure are important for understanding the impact of climate change, undoubtedly the most significant environmental change affecting health. The report consists of five chapters. The first chapter, "Health Risks, Exposures, and Impacts," is divided into several subsections and is the only one to mention infectious diseases. It highlights four of them: dengue, malaria, *Vibrio* (the causative agent of cholera), and West Nile virus disease. Two of these are zoonoses. The other four chapters address adaptation planning and resilience, mitigation and co-benefits for health, the economy and finance, and public and political commitment to health in the face of climate change. Clearly, the emergence of diseases, including zoonoses, is just one of the many challenges associated with environmental changes impacting health.

co-bénéfiques pour la santé), l'économie (et les finances) et enfin l'engagement public et politique pour la santé face au changement climatique. Clairement, l'émergence de maladies, dont les zoonoses, ne représente qu'un seul des nombreux enjeux associés à l'impact des changements environnementaux sur la santé.

L'étape suivante consiste à analyser les sources de données directement liées aux maladies. Cela permet de vérifier, *a priori*, quels sont les sujets (agents pathogènes, hôtes, vecteurs) qui ont fait l'objet de recherches, dans quels pays et selon quels protocoles. La synthèse de Van de Vuurst et Escobar [28] énumère et hiérarchise les pays les plus pris en compte, les agents pathogènes les plus étudiés, les espèces vectrices et réservoirs les plus examinés, les pathologies les plus couvertes. Ceci illustre le fait que tous ne sont pas abordés ni traités de la même manière, ce qui peut déboucher sur un certain déséquilibre de traitement, voire un certain nombre de biais possibles en cas de comparaisons. Les cartes publiées dans l'article illustrent bien les zones encore très peu étudiées, les microorganismes et les vecteurs bien ou moins bien suivis et donc les inégalités d'informations et de traitements qui en résultent. Il reste des efforts à fournir pour assurer à de nombreuses populations humaines et à beaucoup d'écosystèmes, les mesures d'anticipation possibles et légitimes face aux risques auxquels ils pourraient être exposés. La mondialisation déplace aisément les lieux d'émergence des facteurs de changement vers des lieux d'apparition et d'exposition à leurs conséquences parfois bien éloignés de la source véritable.

Quels changements environnementaux ?

Selon les dernières projections du GIEC¹ et de l'IPBES², dans l'hypothèse d'un réchauffement planétaire de 2°C, pas moins de 18 % des insectes, 16 % des plantes et 8 % des vertébrés devraient perdre plus de la moitié de leur aire d'extension géographique et 5 % des espèces seraient estimées en voie d'extinction. Les effets directs sur la santé humaine par simple immobilité physique à cause de la chaleur excessive seraient déjà élevés³.

Dans la liste des autres facteurs majeurs, l'évolution de la démographie humaine apparaît assez vite, à la fois en chiffres absolus (plus de huit milliards d'humains sur Terre aujourd'hui), en rapidité de croissance (à peine deux siècles pour passer de un à huit milliards pour une

The next step is to analyze data sources directly related to diseases. This allows us to verify *a priori* which topics (pathogens, hosts, and vectors) have been studied, in which countries, and according to which protocols. Van de Vuurst and Escobar's review [28] lists and ranks the countries most frequently studied, the most commonly investigated pathogens, the most examined vector and reservoir species, and the most extensively covered diseases. This illustrates that these are not all addressed or treated in the same way, which can lead to imbalances in coverage and potential biases when making comparisons. The maps published in the article clearly illustrate the understudied areas, well- or poorly-monitored microorganisms and vectors, and the resulting inequalities in information and treatment. Further efforts are needed to ensure that numerous human populations and ecosystems have access to legitimate preventive measures to address potential risks. Globalization easily shifts the locations where drivers of change emerge to places where their consequences manifest and where people are exposed to them. These locations are sometimes far removed from the actual source.

What environmental changes?

According to the latest projections from the IPCC¹ and IPBES², assuming a 2°C increase in global temperature, at least 18% of insects, 16% of plants, and 8% of vertebrates are expected to lose more than half of their geographic range. Additionally, 5% of species are estimated to be at risk of extinction. The direct effects on human health due to physical immobility caused by excessive heat are already significant³.

Among the other major factors, changes in human demographics are quite striking, including the absolute number of people on Earth (more than 8 billion today), the growth rate (it took barely two centuries to go from 1 to 8 billion for a species that appeared about 300,000 years ago), and the distribution (some megacities have more than 20 million inhabitants who often live in critical conditions) [21]. Changes in land use, such as deforestation, poorly regulated urbanization, industrialization, soil sealing, intensive agriculture, and water management, can lead to various forms of pollution that may harm the immune systems of exposed individuals⁴.

3. [https://www.thelancet.com/journals/langlo/article/PIIS2214-109X\(25\)00518-2/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/langlo/article/PIIS2214-109X(25)00518-2/fulltext)

4. GEO-7 <https://www.unep.org/news-and-stories/press-release/un-report-investing-planetary-health-would-deliver-higher-gdp-fewer>

3. [https://www.thelancet.com/journals/langlo/article/PIIS2214-109X\(25\)00518-2/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/langlo/article/PIIS2214-109X(25)00518-2/fulltext)

espèce apparue il y a environ 300 000 ans) et en répartition (certaines mégapoles dépassent 20 millions d'habitants, dans des conditions souvent critiques) [21]. Le changement d'usage des sols (déforestation, urbanisation mal encadrée, industrialisation, imperméabilisation des surfaces, agriculture intensive, gestion de l'eau), peut conduire à de nombreuses pollutions, possiblement néfastes pour les systèmes immunitaires des individus exposés⁴.

L'accroissement et la vitesse du transport (humains, autres vivants, biens) augmentent la probabilité de circulation des agents et vecteurs, connus ou moins connus, de nombreuses maladies. Le premier voyage transatlantique de Christophe Colomb avait duré plus de deux mois, dont encore 35 jours après l'escale aux Canaries⁵. Aujourd'hui un vol régulier Paris - New York prend 6 heures, moins que la durée d'incubation de pratiquement toutes les maladies infectieuses connues.

À côté de la démographie humaine, on peut citer l'évolution de celle des autres mammifères (espèces domestiques et sauvages) et des oiseaux (domestiques et sauvages) du début du néolithique à aujourd'hui. Dans ce cas l'estimation se fonde sur la biomasse, sujet exploré ces dernières années [1,7,23,25]. C'est ainsi que l'on peut supposer qu'il y a 10 000 ans, la biomasse des mammifères sauvages terrestres représentait 99 % du total et les humains le 1 % restant. Il n'y avait alors pas de mammifères domestiques, en négligeant les premiers chiens. Aujourd'hui, les estimations évaluent la masse des mammifères domestiques, surtout des ruminants, entre 60 et 67 % du total. Les humains représenteraient 32 à 36 % de l'ensemble et le reste (1 à 4 %) correspondrait aux mammifères sauvages terrestres (environ 6 500 espèces). Chez les oiseaux, il n'y avait pas non plus de formes domestiques il y a 10 000 ans. Aujourd'hui, le rapport serait d'environ 30 % pour les sauvages (10 000 espèces) et 70 % pour les domestiques. Le grand nombre d'animaux domestiques, représentés par un petit nombre d'espèces (une vingtaine d'espèces significatives chez les mammifères comme chez les oiseaux), pourrait représenter un risque particulier. D'autant plus qu'ils sont régulièrement élevés en grands effectifs, de races ou de lignées génétiques assez homogènes, sous forme de lots du même âge, dans des élevages eux-mêmes géographiquement

The growth and speed of transportation (of people, living beings, and goods) increase the likelihood of spreading known and lesser-known disease agents and vectors. Christopher Columbus's first transatlantic voyage took more than two months, including 35 days after stopping in the Canary Islands⁵. Today, a scheduled flight from Paris to New York takes six hours—less than the incubation period for virtually all known infectious diseases.

In addition to human demographics, we can examine demographic trends of other mammals and birds, both domestic and wild, from the early Neolithic period to the present. In this case, the estimate is based on biomass, a topic that has been explored in recent years [1,7,23,25]. Thus, we can assume that, 10,000 years ago, wild terrestrial mammals accounted for 99% of the total biomass, while humans accounted for the remaining 1%. At that time, there were no domesticated mammals apart from the earliest dogs. Today, estimates place the mass of domestic mammals, primarily ruminants, at 60 to 67 percent of the total. Humans are estimated to account for 32 to 36 percent of the total, and the remaining one to four percent consists of wild terrestrial mammals (approximately 6,500 species). Similarly, there were no domesticated bird species 10,000 years ago. Today, the ratio is estimated to be 30% wild species (approximately 10,000 species) and 70% domesticated species. The large number of domesticated animals, represented by a small number of species (about twenty significant species among mammals and birds), could pose a particular risk. This is especially true since they are regularly raised in large, homogeneous herds, of the same genetic lineage, in groups of the same age, on farms that are geographically concentrated and often located in close proximity to humans. This situation creates many scenarios in which wild and domestic animals come into close contact. Wild forms of certain domestic species still exist, which facilitates the spread of zoonotic agents between wild reservoirs and human populations via domestic herds and between domestic herds and wild populations. The interactions between declining wildlife and expanding domesticated animals present a significant challenge.

5. <https://www.assistancescolaire.com/eleve/5e/histoire/reviser-une-notion/5hdm03>

4. GEO-7 <https://www.unep.org/news-and-stories/press-release/un-report-investing-planetary-health-would-deliver-higher-gdp-fewer>

5. <https://www.assistancescolaire.com/eleve/5e/histoire/reviser-une-notion/5hdm03>

concentrés et régulièrement proches des humains. Cette situation crée également toute une série de situations où faunes sauvage et domestique se côtoient, sachant que les formes sauvages de certaines espèces domestiques existent toujours, ce qui peut faciliter la circulation d'agents zoonotiques, dans les deux sens, entre réservoir sauvage et populations humaines via les troupeaux domestiques mais aussi entre troupeaux domestiques et populations sauvages. Ces relations entre la faune sauvage, pourtant en régression, et la faune domestique, plutôt en expansion, représentent un important défi.

Animaux sauvages - animaux domestiques

Dans de nombreuses régions de la planète, les troupeaux d'herbivores domestiques et sauvages se côtoient sur les mêmes pâturages. Cela pose la question du partage de l'espace, à la fois en termes d'accès à la ressource alimentaire et de risque de transmission de maladies.

Depuis 2011, un cas assez emblématique de la complexité d'approche et de gestion de certaines situations existe dans les Alpes françaises, plus précisément dans le massif du Bargy, en Haute-Savoie [9]. Deux cas de brucellose humaine à *Brucella melitensis* sont diagnostiqués fin 2011, sans pouvoir alors être expliqués. Pour rappel, le pays est officiellement indemne de brucellose depuis la fin du XX^e siècle. Il n'existe pas de réservoir sauvage connu. Puis un cas bovin est identifié dans la même vallée début 2012, avant que des cas ne soient suspectés puis confirmés à l'automne 2012 chez des ongulés sauvages, essentiellement des bouquetins (*Capra ibex*), espèce protégée, donc non chassée. Des ruminants domestiques, moutons ou chèvres, ont pu contaminer les bouquetins dans les années 1980-1990, avant l'élimination, locale et nationale, de la bactérie. Une dizaine d'années plus tard, la bactérie revient dans un troupeau bovin puis passe à deux humains *via* des fromages au lait cru. Cet épisode associe plusieurs facteurs. La présence trop régulière de chèvres domestiques au contact des bouquetins interroge sur la gestion des troupeaux en estive. Le réchauffement climatique favorise le maintien en haute montagne d'animaux domestiques, pourtant peu ou mal adaptés à ces milieux. La bactérie a circulé dans la faune sauvage pendant environ une décennie avant sa transmission vers les bovins mais les contacts bouquetins - bovins ne semblent pas connus. Il pourrait exister un facteur non identifié reliant les deux espèces. La

Wild animals - Domestic animals

In many regions of the world, herds of domestic and wild herbivores share the same pastures. This raises issues regarding resource sharing, including access to food and the risk of disease transmission.

Since 2011, the French Alps have been home to an emblematic case of the complexity of addressing and managing such situations, specifically in the Bargy Massif in Haute-Savoie [9]. In late 2011, two cases of human brucellosis caused by *Brucella melitensis* were diagnosed, though the cause could not be determined. It should be noted that the country has been officially brucellosis-free since the end of the 20th century. There is no known wild reservoir. Then, in early 2012, a case of brucellosis in cattle was identified in the same valley. Later, in fall 2012, suspected cases were confirmed among wild ungulates, primarily ibex (*Capra ibex*), a protected species that is not hunted. Domestic ruminants, such as sheep or goats, may have infected the ibex in the 1980s and 1990s, before the bacterium was eradicated at the local and national levels. About a decade later, the bacterium reappeared in a cattle herd and spread to two humans *via* raw-milk cheeses. This episode involved several factors. The frequent contact between domestic goats and ibex during the summer grazing season raises questions about herd management. Global warming is enabling domestic animals to remain in high-mountain areas despite their poor adaptation to these environments. The bacterium circulated among wildlife for about a decade before being transmitted to cattle. However, there appear to be no known contacts between ibex and cattle. There may be an unidentified factor linking the two species. The response to this outbreak, which involved culling several hundred ibex, created more problems than it solved. As of 2025, the "wild" outbreak persists, though there have been no new human cases since 2011.

On a different scale entirely, the global rabies situation poses a significant public health challenge. The WHO estimates that rabies causes between 50,000 and 60,000 human deaths per year. A dedicated program aims to eradicate the disease by 2030⁶. Widespread across the globe, rabies can be transmitted by many wild and domestic mammals. Virus reservoirs vary by region, continent, and environment. However, available data show that most human cases result from bites by domestic dogs, often strays. The

6. <https://rabiesalliance.org/>

gestion de cet épisode avec l'abattage de plusieurs centaines de bouquetins a posé plus de problèmes qu'elle n'en a résolus. En 2025, le foyer « sauvage » existe toujours mais il n'y a pas eu de nouveau cas humain depuis ceux de 2011.

À une tout autre échelle, la situation de la rage dans le monde représente un grand enjeu de santé publique. L'OMS estime entre 50 000 et 60 000 le nombre de morts humaines par an. Un programme dédié annonce son éradication pour 2030⁶. Maladie largement répartie sur la planète, la rage peut être transmise par un grand nombre de mammifères sauvages et domestiques. Les réservoirs de virus varient selon les régions, les continents et les environnements. Pourtant, les données disponibles montrent que l'essentiel, si ce n'est la quasi-totalité des cas humains, sont consécutifs à des morsures de chiens domestiques, souvent errants. La population mondiale de chiens domestiques est estimée à 700 millions d'individus par l'Organisation mondiale de la santé animale (OMSA), dont malheureusement une grande partie ne serait pas sous le contrôle de propriétaires⁷. Or le changement climatique, souvent orienté vers un réchauffement, associé à la mauvaise gestion des déchets organiques (élevages, abattoirs, équarrissages, restes de nourriture) favorise la croissance des populations canines hors du contrôle des humains. La réponse est pourtant connue. Elle consisterait à les contrôler (reproduction en particulier) et à les vacciner. Dans les faits, les services de santé des pays les plus touchés ne s'occupent que des humains. Leurs services vétérinaires priorisent les animaux d'élevage et de rente, pas ceux de compagnie. La mauvaise gestion humaine de la croissance de ces populations canines, malgré les nuisances qu'elles entraînent, conduisent à une dégradation de la santé globale. Au-delà des humains, les chiens contaminent de nombreuses autres espèces de mammifères, certaines menacées [8,27].

Le dernier exemple associant de près faune domestique, faune sauvage et humains concerne la grippe aviaire [19]. Depuis le début du XXI^e siècle, quelques influenza virus A font parler d'eux, en particulier H5N1, même s'il n'est pas le seul. Les premières émergences en Europe dans les années 2005-2006 étaient limitées par rapport à ce qui est apparu une quinzaine d'années plus tard. Le virus circule bien avec des oiseaux migrateurs sauvages entre zones de reproduction, souvent loin

World Organization for Animal Health (WOAH) estimates the global population of domestic dogs at 700 million, a large proportion of which are unfortunately not under the control of owners⁷. Climate change, often characterized by warming, combined with poor management of organic waste from livestock farms, slaughterhouses, rendering plants, and food scraps, promotes the growth of uncontrollable canine populations. The solution is well known. It involves controlling their numbers, particularly through birth control, and vaccinating them. In reality, health services in the most affected countries focus solely on humans. Their veterinary services prioritize livestock and farm animals over companion animals. Human mismanagement of these growing canine populations—despite the nuisances they cause—leads to a deterioration in overall health. Beyond humans, dogs infect many other mammalian species, some of which are endangered [8,27].

The most recent example of the close link between domestic animals, wildlife, and humans involves avian influenza [19]. Since the beginning of the 21st century, several influenza A viruses have garnered attention, particularly H5N1, though it is not the only one. The initial outbreaks in Europe in 2005–2006 were limited compared to the outbreaks that emerged about fifteen years later. The virus spreads readily via wild migratory birds between their breeding grounds, which are often far from human settlements, and their wintering grounds, which are often closer to agricultural regions. However, not all transmission routes to poultry farms are known. In fact, long-distance migrants rarely come into contact with industrial poultry farms. One or more local intermediate hosts must exist, but their identities and nature are unknown. It has also become apparent that large, densely populated poultry farms concentrated within the same production region can transmit the virus to one another through the air simply due to their proximity. While the arrival of a viral strain may be associated with wild birds, the development of local epizootics appears to be more closely linked to the farms themselves and their practices. Some viruses found in wild species are never found on farms. Although the migration routes of wild birds change over time, poultry farming practices, such as moving and grouping flocks during the rearing period, can contribute to the spread of viruses. Once again, several different factors—both human and environmental—come into play. The current response,

6. <https://rabiesalliance.org/>

7. <https://www.woah.org/fr/article/stepping-up-dog-population-management-to-achieve-rabies-elimination/>

7. <https://www.woah.org/fr/article/stepping-up-dog-population-management-to-achieve-rabies-elimination/>

des zones habitées par les humains et les zones d'hivernage, souvent plus proches de régions agricoles. Pour autant, les voies de contamination des élevages ne sont pas toutes connues. En effet, les grands migrateurs sont rarement vus au contact des élevages industriels. Un ou des relais locaux doivent exister mais leur nature et leurs identités ne sont pas encore connues. Il est également apparu que de grands élevages densément peuplés et en grande concentration dans un même bassin de production de volailles pouvaient se contaminer les uns les autres par voie aérienne, simplement par proximité. L'arrivée d'une souche virale peut être associée à des oiseaux sauvages, mais le développement d'épizooties locales semble plus lié aux élevages eux-mêmes et à leurs pratiques. Certains virus qui circulent dans les espèces sauvages ne sont jamais retrouvés en élevages. Même si les voies de migration des oiseaux sauvages évoluent dans le temps, les méthodes d'élevage en milieu avicole (déplacements et regroupements des lots durant la croissance) peuvent aussi contribuer à diffuser les virus. Là encore, plusieurs facteurs assez différents, humains et environnementaux, interviennent. La réponse actuelle qui consiste à vacciner certains oiseaux d'élevage ne prend peut-être pas tous les éléments du problème en compte, par exemple la concentration et la densité des élevages. La découverte du passage d'une lignée du virus H5N1 dans les grands élevages laitiers des USA au printemps 2024 ouvre une possible nouvelle étape de cette épizootie. Ce virus adapté aux bovins circule par le lait et, plusieurs cas humains ont déjà été diagnostiqués. À ce jour, les cas humains ne transmettent pas le virus. La question du risque d'émergence d'une souche mieux adaptée à la transmission interhumaine est néanmoins posée à un moment où les USA semblent moins suivre leur situation sanitaire nationale, humaine et animale. Comme bien montré par Peacock *et al.* [19], depuis les années 1990 le nombre de passages annuels de virus influenza, en particulier certaines souches de H5N1, vers des mammifères ne fait que croître. Ceci augmente d'autant le risque d'une adaptation aux humains d'une de ces souches.

Climat et déforestation Virus Hendra

Le virus Hendra est un paramyxovirus du même genre que le virus Nipah, infectant chevaux et humains, responsable chez les chevaux d'une pneumonie potentiellement mortelle. Découvert dans les années 1990 en Australie, il a récemment

which involves vaccinating certain farmed birds, may not address all aspects of the problem, such as the concentration and density of poultry farms. In the spring of 2024, the discovery of a strain of the H5N1 virus circulating in large dairy farms in the U.S. marks a potential new phase in this epizootic. This strain of the virus has adapted to cattle and is transmitted through milk; several human cases have already been diagnosed. To date, human-to-human transmission of the virus has not occurred. Nevertheless, the question of a strain emerging that is better adapted to human-to-human transmission is being raised at a time when the U.S. appears to be paying less attention to its public and animal health situations. As Peacock *et al.* [19] have clearly demonstrated, the number of annual transmissions of influenza viruses, particularly certain strains of H5N1, to mammals has steadily increased since the 1990s. This further increases the risk that one of these strains will adapt to humans.

Climate and deforestation Hendra Virus

The Hendra virus, a paramyxovirus belonging to the same genus as the Nipah virus, infects horses and humans, causing potentially fatal pneumonia in horses. First discovered in Australia in the 1990s, the virus was recently the subject of a 25-year study aimed at understanding its ecology and epidemiology and the factors explaining its sporadic emergence. While the number of human cases has remained low, the case fatality rate justifies expanding our knowledge of the associated risks. A study by Eby *et al.* [4] links the emergence of the virus to climatic and environmental factors that are increasingly correlated with human-induced parameters. These factors include deforestation following the arrival of Europeans on Australia's east coast, ongoing forest fragmentation, and flowering patterns of local tree species, particularly those that bloom in winter, which are influenced by Southern Oscillation (ENSO, El Niño) variations. Based on these factors, Becker *et al.*'s study [2] proposes criteria for predicting years at risk for the virus's emergence. The natural reservoir of the Hendra virus is the gray-headed flying fox (*Pteropus poliocephalus*), a large, fruit-eating Australian bat. Declines in natural forests and shortages of food resources (e.g., flowers and fruits) during certain winters and years force the bats to travel greater distances, including into orchards planted by fruit growers. This brings them closer to populated

fait l'objet d'une étude sur 25 ans pour essayer de comprendre son écologie, son épidémiologie et les facteurs expliquant son émergence irrégulière. Le nombre de cas humains est resté faible à ce jour mais le taux de létalité justifie d'accroître les connaissances sur les risques associés. L'étude d'Eby *et al.* [4] associe cette émergence à des facteurs climatiques et à des facteurs environnementaux, de plus en plus corrélés à des paramètres humains. Se combinent la déforestation qui a suivi l'arrivée des Européens sur la côte est de l'Australie, la fragmentation régulière des massifs forestiers encore présents, ainsi que le rythme de floraison des essences locales, en particulier celles à floraison hivernale, dépendantes des variations apportées par l'oscillation australe (ENSO, El Niño). À partir de ces mêmes éléments, l'étude de Becker *et al.* [2] propose des critères permettant d'anticiper les années à risque d'émergence du virus. Le réservoir naturel du virus Hendra est la roussette à tête grise (*Pteropus poliocephalus*), grande chauve-souris frugivore australienne. La régression des forêts naturelles et les déficits de ressources alimentaires (fleurs, fruits) certains hivers, certaines années, la contraignent à de plus grands déplacements, y compris jusque dans les vergers plantés par les arboriculteurs, ce qui les rapproche des zones habitées. Le système immunitaire des chauves-souris maîtrise moins bien la multiplication virale en cas de stress physiologique à la suite d'une recherche accrue de nourriture. Les animaux peuvent alors excréter plus facilement le paramyxovirus. Le passage vers les humains se fait *via* la contamination de chevaux, exposés dans leurs paddocks, quand ceux-ci sont plantés d'arbres fruitiers qui attirent les roussettes. Les chevaux se contaminent probablement en consommant des débris végétaux perdus par les roussettes, comme des morceaux de fruits contaminés par leur salive, ou du fourrage souillé par leurs déjections. Curieusement, alors que l'Australie est habitée par les humains depuis plusieurs dizaines de millénaires, les communautés aborigènes actuelles ne semblent pas connaître le virus, y compris celles chez lesquelles la chasse et la consommation des roussettes étaient possibles et pratiquées [14]. Dans ce cas de figure, l'existence du virus semble bien antérieure à l'arrivée des Européens, mais des modifications environnementales récentes, depuis seulement deux siècles, expliqueraient cette émergence. Cela combine la dégradation de l'habitat du réservoir, une action indirecte sur le climat *via* El Niño, la plantation de vergers proches des zones habitées et l'introduction d'un mammifère placentaire

areas. Their immune systems are less effective at controlling viral replication when they are under physiological stress from increased searching for food. The animals can then more easily shed the paramyxovirus. Humans become infected through contact with horses that are exposed in their paddocks when these are planted with fruit trees that attract flying foxes. Horses likely become infected by consuming plant debris left behind by flying foxes, such as pieces of fruit contaminated by their saliva or fodder soiled by their droppings. Interestingly, despite tens of thousands of years of human habitation in Australia, present-day Aboriginal communities do not appear to be familiar with the virus, including those among whom hunting and consuming flying foxes was possible and practiced [14]. The virus appears to have existed well before the arrival of Europeans; however, recent environmental changes over the past two centuries may explain its emergence. These changes include the degradation of the reservoir's habitat, indirect climate impacts *via* El Niño, the planting of orchards near inhabited areas, and the introduction of a domestic placental mammal, the horse, capable of transmitting the virus from the wild animal reservoir to humans. Currently, the risk of human exposure to the virus is higher in agricultural areas than in the least disturbed forests [4].

Severe Acute Respiratory Syndrome (SARS-1 and SARS-2)

The lessons to be learned from the two SARS pandemics (SARS-1 in 2002–2003 and SARS-2, or SARS-CoV-2, since late 2019) have not all been documented yet [18]. The history and associated epidemiological data are certainly complex. However, the outbreaks originated in China in both cases, and international investigations and research had not materialized by the end of 2025. Both viruses are coronaviruses likely carried by bats. However, neither of the two viruses has yet been identified in bats, and the question of how they were transmitted to humans remains unresolved. In 2002–2003, a small Asian carnivore of the viverrid family, the masked palm civet (*Paguma larvata*), which had recently been raised in captivity in southern China, may have served as the link between bats and humans. For SARS-2, or COVID-19, there is still no answer to this question. The tradition of “wet markets,” where numerous animals of various species are kept in close quarters under poor sanitary conditions, was highlighted during that time. At the time, Chinese authorities announced that these

domestique, le cheval, capable de transférer le virus depuis le réservoir animal sauvage jusqu'aux humains. Aujourd'hui, le risque pour un humain de rencontrer le virus est plus élevé en zone agricole que dans les forêts les moins perturbées [4].

Syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS-1 et SRAS-2)

Les leçons que l'on pourrait tirer de la compréhension des deux pandémies de SRAS (SRAS-1 en 2002-2003 et SRAS-2 ou Covid-19 depuis fin 2019) ne sont pas encore toutes écrites [18]. D'une part, l'histoire et les données épidémiologiques associées sont certainement complexes, mais de l'autre – et dans les deux cas –, le terrain des émergences se situe en Chine et les enquêtes et recherches internationales qui auraient pu avoir lieu ne se sont pas encore concrétisées fin 2025. Les deux virus en cause sont des coronavirus, probablement portés par des chiroptères. Pourtant à ce jour, les deux virus responsables n'ont pas été identifiés chez une chauve-souris et la question du passage aux humains reste toujours ouverte. En 2002-2003, un petit carnivore asiatique de la famille des viverridés, la civette palmiste masquée (*Paguma larvata*), récemment élevée en captivité dans le sud de la Chine, a peut-être joué le rôle de lien entre les chauves-souris et les humains. Pour la Covid-19 il n'y a pas encore de réponse à la question. La tradition des marchés « humides » (*wet markets*) où de nombreux animaux de diverses espèces se côtoient dans de mauvaises conditions d'hygiène a été pointée en 2002-2003. Les autorités chinoises avaient alors annoncé la fin de ces pratiques hautement à risque. Il est pourtant difficile de les exclure en 2019 lors du démarrage de la Covid-19, mais aucune image n'a circulé fin 2019, début 2020, illustrant par exemple la réalité du marché de Wuhan incriminé, avant le début de l'émergence de la Covid-19. Seul le marché vide et nettoyé a été montré, *a posteriori*.

Dans les deux cas, les virus sont bien d'origine animale mais après leur adaptation aux humains, ils ont été capables d'entraîner deux pandémies qui se sont développées sans nécessiter le moindre retour vers le réservoir animal. Les hypothèses cherchant à expliquer l'origine de la pandémie de Covid-19 combinent : travail dans des mines du sud de la Chine où gîtaient des chauves-souris rhinolophes (*Rhinolophus* spp.), des élevages d'animaux à fourrure comme des chiens viverrins (*Nyctereutes procyonides*), une fuite/accident de laboratoire, le tout dans un environnement humain, social, environnemental et économique, en forte transformation.

high-risk practices would end. Yet, in 2019, when the first cases of the disease emerged, these practices could well have been still in place. Notably, no images circulated in late 2019 or early 2020 illustrating the reality of the implicated Wuhan market before the onset of the outbreak. Only images of the empty, cleaned-up market were shown.

In both cases, the viruses are of animal origin. However, after adapting to humans, they triggered two pandemics that spread without returning to the animal reservoir. Hypotheses explaining the origin of the SARS-CoV-2 pandemic combine work in southern Chinese mines where horseshoe bats (*Rhinolophus* spp.) roosted, fur farms housing animals such as raccoon dogs (*Nyctereutes procyonides*), and a laboratory leak or accident. These hypotheses are to be considered within the human, social, environmental, and economic context, which is undergoing rapid transformation in the country.

In the case of the SARS-CoV-2 virus, humans infected a wide range of domestic mammals (e.g., dogs and cats), farmed fur-animals (minks), pets (e.g., hamsters), and even wild animals (e.g., white-tailed deer in the U.S.) [17].

Zoonoses transmitted by rodents

For certain existing zoonotic diseases, the risk is more direct and better understood, and predictions are based on more tangible evidence. This is the case for bacterial and viral diseases whose causative agents are carried by various species of rodents, whether wild or commensal. There are several possible epidemiological patterns with these species (more than 2,500 are known to date). For example, changes in rainfall patterns between the dry and rainy seasons in West Africa could lead to an increase in Lassa fever (*Mammarenavirus*, *Arenaviridae*) incidence in Nigeria⁸. Local authorities anticipate this. The responsible rodents are multi-mammary rats (*Mastomys* spp.), which are commensal. A recent study suggests that the current invasion of certain West African regions by black rats (*Rattus rattus*)—an introduced Asian species that competes with multimammate rats ecologically but is a poor reservoir for the virus—may reduce the human risk of Lassa fever [5].

Hantaviruses carried by European red voles (*Clethrionomys* spp.) could take advantage of the current expansion of forested areas and increased outdoor activity. Rodents that readily enter

8. ProMED, 29 décembre 2024

Dans le cas du virus SRAS-CoV-2, ce sont les humains qui ont contaminé toute une série de mammifères domestiques (chiens, chats, visons d'élevage), de compagnie (hamsters) ou même sauvages (cerf de Virginie aux USA) [17].

Zoonoses transmises par les rongeurs

Pour certaines maladies zoonotiques déjà existantes, le risque est plus direct et mieux connu et les prévisions reposent sur des éléments plus tangibles. C'est le cas des maladies bactériennes et virales dont les agents responsables sont portés par diverses espèces de rongeurs, champêtres ou volontiers commensaux. Plusieurs schémas épidémiologiques sont possibles avec ces espèces (plus de 2 500 connues à ce jour).

Les modifications du rythme des précipitations entre les saisons sèches et les saisons des pluies en Afrique de l'Ouest pourraient conduire à une augmentation de l'incidence de la maladie de Lassa (*Mammarenavirus*, arénaviridae) au Nigeria par exemple⁸. C'est ce que les autorités locales anticipent. Les rongeurs responsables sont des rats à mamelles multiples (*Mastomys* spp.), volontiers commensaux. Il est intéressant de noter une récente étude qui semble suggérer que l'envahissement actuel de certaines régions de l'Afrique de l'Ouest par le rat noir (*Rattus rattus*), introduit en Afrique, concurrent écologique asiatique des rats à mamelles multiples mais mauvais réservoir du virus, aurait un effet bénéfique sur le risque humain de fièvre de Lassa [5].

Les Hantavirus des campagnols roussâtres (*Clethrionomys* spp.) européens pourraient bénéficier de l'extension actuelle des surfaces boisées et des activités de plein air. Dans le cas des rongeurs volontiers amphibies, ce sont les leptospiroses et les amibes (*Giardia* spp.) qui pourraient profiter d'une plus grande proximité baigneurs / rongeurs autour des derniers plans d'eau accessibles en période de sécheresse. Plus que l'émergence de nouveaux risques c'est plutôt l'évolution des risques actuels qu'il faudrait savoir prévoir (lesquels) et anticiper (de quelles manières) [6]. Le communiqué du 15 juillet 2022 de l'Académie nationale de médecine⁹ dresse une liste des dangers potentiels.

8. ProMED, 29 décembre 2024

9. <https://www.academie-medecine.fr/entre-le-bien-etre-du-rat-degout-et-la-sante-publique-faut-il-choisir/>

water could spread leptospirosis and amoebas (*Giardia* spp.) as they come into greater proximity with swimmers around the last remaining bodies of water accessible during periods of drought. Rather than the emergence of new risks, we need to be able to predict and anticipate the evolution of current risks (which ones and in what ways) [6]. July 15, 2022 press release from the National Academy of Medicine lists potential dangers⁹.

Vector-borne zoonoses, insects, ticks

Vector-borne zoonoses are among the potential dangers. The scope of vector-borne diseases is vast. Until the end of the 20th century, these diseases primarily affected countries in the intertropical zone and its peripheries. The transition to the 21st century clearly signals that the area of influence of these disease-causing agents is expanding. The Mediterranean region and nearby countries with temperate climates are now affected.

One well-studied example is leishmaniasis along the shores of the Mediterranean [12] and in South America. Although the epidemiological data varies by country, the same categories of factors are present. Different species of sandfly vectors feed on different hosts. Although wild reservoirs still exist, the regular involvement of domestic dogs, which are always close to humans, illustrates the complex role of our species. In central Spain, *Leishmania infantum* leishmaniasis is spreading northward with the help of domestic dogs and populations of lagomorphs, such as the Iberian hare (*Lepus granatensis*) and the European rabbit (*Oryctolagus cuniculus*), which are sustained by hunting activities [3]. In southern France, the transformation of rural villages into residential areas surrounding major urban centers has benefited the vectors. Pet dogs are becoming increasingly prevalent [12]. In South America, a study focused on the "Amazonian deforestation arc" in the Brazilian state of Mato Grosso [13]. The list of potential vectors and reservoirs for local *Leishmania* species is long, but two important species stand out: the nine-banded armadillo (*Dasypus novemcinctus*) and the domestic dog. In this case, humans are indeed bringing the parasites and vectors into contact with themselves. The armadillo adapts to changes and survives in altered habitats, while the dog follows humans. These are well-known diseases, but their persistence and spread locally involve a combination of various factors, some of which

9. <https://www.academie-medecine.fr/entre-le-bien-etre-du-rat-degout-et-la-sante-publique-faut-il-choisir/>

Zoonoses vectorisées, insectes, tiques

Le champ des maladies vectorisées est immense et il est vrai que cela concernait surtout des pays de la zone intertropicale et de ses marges jusqu'à la fin du XX^e siècle. Le passage au XXI^e siècle annonce clairement que la zone d'influence de ces entités morbides s'agrandit. La région méditerranéenne et les pays de climat tempéré proches sont maintenant concernés.

Un exemple bien étudié est celui des leishmanioses, le long des rivages de la Méditerranée [12] et en Amérique du Sud. Selon les pays, le détail des données épidémiologiques diffère mais on retrouve les mêmes catégories d'acteurs. Différentes espèces de phlébotomes vecteurs vont se nourrir sur différents hôtes. Les réservoirs sauvages existent toujours mais l'intervention régulière du chien domestique, toujours proche des humains, illustre le rôle complexe de notre espèce. Au centre de l'Espagne, la leishmaniose à *Leishmania infantum* remonte vers le nord, aidée par les chiens domestiques et les populations de lagomorphes, lièvre ibérique (*Lepus granatensis*) et lapin de garenne (*Oryctolagus cuniculus*), soutenues et entretenues par les activités cynégétiques [3]. Dans le sud de la France, c'est l'évolution de villages anciennement ruraux en zones d'habitat résidentiel autour des grandes agglomérations qui a profité aux vecteurs. Les chiens domestiques de compagnie sont d'autant plus présents [12]. En Amérique du Sud une étude a ciblé l'« arc de déforestation amazonien » dans l'état du Mato Grosso brésilien [13]. La liste des vecteurs et des réservoirs potentiels vis à vis des leishmanies locales (*Leishmania* spp.) est longue mais deux espèces importantes émergent, le tatou à neuf bandes (*Dasyus novemcinctus*) et le chien domestique. Dans ce cas, ce sont bien les humains qui vont au-devant des parasites et des vecteurs. Le tatou supporte les changements et survit dans les habitats transformés tandis que le chien suit les humains. À nouveau, il s'agit de maladies déjà bien connues mais, localement, leur maintien et leur propagation combinent et cumulent divers facteurs dont certains parfaitement anthropiques. De plus, le défrichement d'espaces naturels encore non ou peu habités peut aboutir à de vraies émergences (agent pathogène encore inconnu) mais il ne s'agit pas toujours du schéma le plus fréquent. À côté du suivi de l'extension géographique de maladies vectorielles, il est important d'anticiper diverses émergences possibles en développant et renforçant des réseaux de surveillance des vecteurs eux-mêmes. L'entomologie médicale et

are entirely anthropogenic. Furthermore, clearing natural areas that are uninhabited or sparsely populated can lead to disease emergence involving a previously unknown pathogen, though this is not the most common scenario.

In addition to monitoring the geographic spread of vector-borne diseases, it is crucial to anticipate potential outbreaks by establishing and enhancing surveillance networks for the vectors themselves. Medical and veterinary entomology has been neglected—or even ignored—for too long and must be brought back to the forefront. The *Aedes albopictus* case is a prime example.

The species is currently invading Europe dramatically, yet the expertise and tools needed to document and analyze this invasion must be present. In 2014, the species was present only along the Mediterranean coast of France. It has since spread to all 13 regions of mainland France. It is absent only from a few departments in the northwest and northeast¹⁰. The more than 750 locally acquired cases of chikungunya recorded in the summer of 2025 represent an all-time high for the country. France's overseas territories, which are not discussed here, are living situations that mainland France is now gradually coming to resemble.

Expertise is needed to monitor and identify not only mosquitoes, but also culicoides, sandflies, black flies, and reduviids. Mites must not be overlooked. Tick-borne diseases are also evolving [11]. The recent identification and likely establishment of the *Hyalomma marginatum* tick in southern France is a cause for concern. This tick is a known reservoir and vector of Crimean-Congo hemorrhagic fever [26]. Collaborative work among physicians, epidemiologists, veterinarians, entomologists, ecologists, climatologists, elected officials, and citizens is necessary.

10. <https://sante.gouv.fr>

vétérinaire, trop longtemps oubliée, voire ignorée, doit être remise en avant. Le cas d'*Aedes albopictus* en est très représentatif. L'envahissement contemporain de l'Europe est spectaculaire, encore faut-il les compétences et les outils pour le démontrer et l'analyser. L'espèce était seulement présente sur la bordure méditerranéenne française en 2014. Elle est maintenant identifiée dans les 13 régions de l'Hexagone. Elle manque seulement dans quelques départements du nord-ouest et du nord-est¹⁰. Les plus de 750 cas autochtones de chikungunya recensés durant l'été 2025 représentent un record absolu pour le pays. Les espaces ultramarins, non abordés ici, rencontrent des situations dont la France hexagonale finit par se rapprocher.

Il faut encore des compétences pour suivre et identifier les moustiques, mais aussi les culicoides, les phlébotomes, les simulies, voire les réduves pour les insectes. Il ne faut pas oublier les acariens. Les maladies transmises par les tiques évoluent également [11]. L'identification récente et sans doute l'installation de la tique *Hyalomma marginatum* dans le sud de la France, réservoir et vecteur connu de la fièvre hémorragique de Crimée Congo, ne peut qu'inquiéter [26]. Un travail collaboratif entre médecins, épidémiologistes, vétérinaires, entomologistes, écologues, climatologues, élus et citoyens est nécessaire.

Conclusion

Aborder la question des liens possibles entre changements environnementaux et émergences de zoonoses pose de nombreuses questions de méthodes. La liste des exemples ici proposés ambitionne essentiellement de montrer la diversité des cas de figure et l'intrication régulière de plusieurs facteurs explicatifs dont de nombreux paramètres anthropiques. Il existe d'autres manières d'aborder la question, comme celle, beaucoup plus structurée, proposée par Rupasinghe *et al.* [24]. Leur schéma final combine pas moins de 13 entités morbides à caractère zoonotique avec 8 modèles de transmission possibles, 5 vectoriels plus les voies alimentaire, aquatique et aérienne. Ceci permet de rappeler deux notions importantes mais distinctes que sont le danger et le risque. L'agent de la rage canine, celui de la peste bubonique, ou celui de la fièvre hémorragique à syndrome rénal, sont tous des dangers. Mais, le risque qui en découle, la probabilité d'être mordu par un chien enragé, piqué par une puce de rat

10. <https://sante.gouv.fr>

Conclusion

Addressing the issue of possible links between environmental changes and the emergence of zoonoses raises numerous methodological questions. The list of examples presented here primarily illustrates the diversity of scenarios and the frequent interplay of several explanatory factors, including numerous anthropogenic parameters. Other approaches exist, such as the structured method proposed by Rupasinghe *et al.* [24]. Their final model combines 13 zoonotic pathogens with eight possible transmission routes: five vector-borne routes, plus foodborne, waterborne, and airborne routes. This serves as a reminder of two important yet distinct concepts: hazard and risk. The agents of canine rabies, bubonic plague, and hemorrhagic fever with renal syndrome are all hazards. However, the resulting risk—the probability of being bitten by a rabid dog, a black rat flea carrying *Yersinia pestis*, or inhaling an aerosol containing the Puumala virus—often depends on behaviors that expose certain humans to these hazards. The path from hazard to illness can take many routes. Good information and

noir porteuse de *Yersina pestis*, ou d'inhaler un aérosol contenant le virus Puumala, dépend bien souvent de comportements conduisant certains humains à s'exposer à ces dangers. Le cheminement du danger au malade peut emprunter une multitude de voies. Une bonne information, une bonne prévention, permettent de contrôler et de maîtriser en amont les risques, sans nécessairement chercher systématiquement à éliminer le danger, c'est à dire souvent son réservoir, voire son écosystème. Enfin, une prise de conscience à tous les niveaux est nécessaire, depuis les individus jusqu'aux gouvernants.

Remerciements

Pour leur invitation, leur accueil et leur disponibilité, je souhaite remercier très sincèrement les organisateurs de ce beau colloque, riches de présentations de qualité et de rencontres appréciées. Je remercie également mes collègues de la SFMTSI pour leur soutien et leurs remarques constructives.

Financement

Aucun.

Déclaration de liens d'intérêt

Aucun lien d'intérêt n'a été déclaré.

Auteurs / Authors

François MOUTOU
Société francophone de médecine tropicale et santé internationale (ancienne SPE)
Institut Pasteur, 25 Rue du Dr Roux, 75015 Paris, France
francoismoutou@orange.fr

Références / References

1. Bar-on YM, Phillips R, Milo R. The biomass distribution on Earth. PNAS. 2018;115(25):6506-6511. doi: 10.1073/pnas.1711842115.
2. Becker DJ, Eby P, Madden W, Peel AJ, Plowright RK. Ecological conditions predict the intensity of Hendra virus excretion over space and time from bat reservoir hosts. Ecol Lett. 2023 Jan;26(1):23-36. doi: 10.1111/ele.14007.
3. Cabezon O, Martinez-Orellana P, Puig Ribas M, Jota Baptista C, Gassó D, Velarde R, Fernandez Aguilar X, Solano-Gallego L. Leishmania Infection in Wild Lagomorphs and Domestic Dogs in North-East Spain. Animals. 2024;14(7), 1080. doi: 10.3390/ani14071080.
4. Eby P, Peel AJ, Hoegh A, Madden W, Giles JR, Hudson PJ, Plowright RK. Pathogen spillover driven by rapid changes in bat ecology. Nature. 2023 Jan;613(7943):340-344. doi: 10.1038/s41586-022-05506-2.
5. Eskew EA, Bird BH, Ghersi BM, Bangura J, Basinski AJ, Amara E, Bah MA, Kanu MC, Kanu OT, Lavalie EG, Lungay V, Robert W, Vandi MA, Fichet-Calvet E, Nuismer SL. Reservoir displacement by an invasive rodent reduces Lassa virus zoonotic spillover risk. Nat Commun. 2024 Apr 27;15(1):3589. doi: 10.1038/s41467-024-47991-1.

effective prevention make it possible to control and manage risks without necessarily seeking to eliminate the danger, or often, its reservoir or ecosystem. Finally, awareness is needed at all levels, from individuals to government officials.

Acknowledgments

I would like to express my sincere gratitude to the organizers of this wonderful conference for their invitation, warm welcome, and availability. The event featured high-quality presentations and valuable interactions. I would also like to thank my colleagues at the SFMTSI for their support and constructive feedback.

Funding

None

Conflicts of interest

The author declares no conflicts of interest.

6. Friant S, Mistrick J, Luis AD, Harden C, Simons D, Fichet-Calvet E, Gibb R, Grube N, Henttonen H, Imirizian N, Moses L, Perry GH, Redding D, Stenseth NC, Vandegrift K, Bjornstad ON, Dobson A, Lloyd-Smith JO, Hudson PJ. Reducing the threats of rodent-borne zoonoses requires an understanding and leveraging of three key pillars: disease ecology, synanthropy, and rodentation. Lancet Planet Health. 2025 Sep;9(9):101300. doi: 10.1016/j.lanph.2025.101300.
7. Greenspoon L, Ramot N, Moran U, Roll U, Phillips R, Noor E, Milo R. The global biomass of mammals since 1850. Nat Commun. 2025 Oct 27;16(1):8338. doi: 10.1038/s41467-025-63888-z.
8. Hampson K, Coudeville L, Lembo T, Sambo M, Kieffer A, Attlan M, Barrat J, Blanton JD, Briggs DJ, Cleaveland S, Costa P, Freuling CM, Hiby E, Knopf L, Leanes F, Meslin FX, Metlin A, Miranda ME, Müller T, Nel LH, Recuenco S, Rupprecht CE, Schumacher C, Taylor L, Vigilato MA, Zinsstag J, Dushoff J; Global Alliance for Rabies Control Partners for Rabies Prevention. Estimating the global burden of endemic canine rabies. PLoS Negl Trop Dis. 2015 Apr 16;9(4):e0003709. doi: 10.1371/journal.pntd.0003709. Erratum in: PLoS Negl Trop Dis. 2015 May 11;9(5):e0003786. doi: 10.1371/journal.pntd.0003786.
9. Lambert S, Thébault A, Anselme-Martin S, Calenge C, Dunoyer C, Freddi L, Garin-Bastuji B, Guyonnaud B, Hars J, Marchand P, Payne A, Petit É, Ponsart C, Quéméré E, Toigo C, van de Wiele A, Rossi S, Gilot-Fromont E. La brucellose du bouquetin des Alpes - Un exemple de dix années de recherche et d'expertise. Med Sci (Paris). 2023 Oct;39(10):722-731. doi: 10.1051/medsci/2023132.

10. Lenharo M. Measles is raging worldwide: are you at risk? *Nature*. 2026 Feb;650(8102):530-532. doi: 10.1038/d41586-026-00367-5.
11. Levi T, Kilpatrick AM, Mangel M, Wilmers CC. Deer, predators, and the emergence of Lyme disease. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2012 Jul 3;109(27):10942-7. doi: 10.1073/pnas.1204536109.
12. Maia C, Conceição C, Pereira A, Rocha R, Ortuño M, Muñoz C, Jumakanova Z, Pérez-Cutillas P, Özbek Y, Töz S, Baneth G, Monge-Maillo B, Gasimov E, Van der Stede E, Torres G, Gossner CM, Berriatua E. The estimated distribution of autochthonous leishmaniasis by *Leishmania infantum* in Europe in 2005–2020. *PLoS Negl Trop Dis*. 2023;17(7): e0011497. doi: 10.1371/journal.pntd.0011497.
13. Massey AL, Ferreira da Silva DJ, Vieira CJDSP, Allen JM, Canale GR, Bernardo CSS, de Moraes Bronzoni RV, Peres CA, Levi T. Using iDNA to determine impacts of Amazonian deforestation on *Leishmania* hosts, vectors, and their interactions. *PLoS Negl Trop Dis*. 2025 Mar 27;19(3):e0012925. doi: 10.1371/journal.pntd.0012925.
14. Morvan A. Chauves-souris et perspectives totémiques en Australie. In: Chauves-souris. Rencontres aux frontières entre les espèces. CNRS Éditions, Paris; 2021:187-217 p.
15. Moutet L, Bernard P, Green R, Milner J, Haines A, Slama R, Temime L, Jean K. The public health co-benefits of strategies consistent with net-zero emissions: a systematic review. *Lancet Planet Health*. 2025 Feb;9(2):e145-e156. doi: 10.1016/S2542-5196(24)00330-9.
16. Moutou F. La deuxième éradication : la peste bovine. *Bull Soc Pathol Exot*. 2014;107:135-136. doi: 10.1007/s13149-014-0335-z.
17. Moutou F. Réceptivité et sensibilité des animaux au SARS-CoV-2. *Épidémiol et santé anim*. 2020-2021;77:109-11.
18. Munir K, Ashraf S, Munir I, Khalid H, Muneer MA, Mukhtar N, Amin S, Ashraf S, Imran MA, Chaudhry U, Zaheer MU, Arshad M, Munir R, Ahmad A, Zhao X. Zoonotic and reverse zoonotic events of SARS-CoV-2 and their impact on global health. *Emerg Microbes Infect*. 2020 Dec;9(1):2222-2235. doi: 10.1080/22221751.2020.1827984.
19. Peacock TP, Moncla L, Dudas G, VanInsberghe D, Sukhova K, Lloyd-Smith JO, Worobey M, Lowen AC, Nelson MI. The global H5N1 influenza panzootic in mammals. *Nature*. 2025 Jan;637(8045):304-313. doi: 10.1038/s41586-024-08054-z.
20. Reiter P. The standardised freight container: vector of vectors and vector-borne diseases. *Rev Sci Tech*. 2010 Apr;29(1):57-64. doi: 10.20506/rst.29.1.1960.
21. Roberts L. 9 billion? *Science*. 2011 Jul 29;333(6042):540-3. doi: 10.1126/science.333.6042.540.
22. Romanello M, Walawender M, Hsu SC, Moskeland A, Palmeiro-Silva Y, Scamman D, Ali Z, Ameli N, Angelova D, Aye-Karlsson S, Basart S, Beagley J, Beggs PJ, Blanco-Villafuerte L, Cai W, Callaghan M, Campbell-Lendrum D, Chambers JD, Chicmana-Zapata V, Chu L, Cross TJ, van Daalen KR, Dalin C, Dasandi N, Dasgupta S, Davies M, Dubrow R, Eckelman MJ, Ford JD, Freyberg C, Gasparyan O, Gordon-Strachan G, Grubb M, Gunther SH, Hamilton I, Hang Y, Hänninen R, Hartinger S, He K, Heidecke J, Hess JJ, Jamart L, Jankin S, Jatkar H, Jay O, Kelman I, Kennard H, Kiesewetter G, Kinney P, Kniveton D, Kouznetsov R, Lampard P, Lee JKW, Lemke B, Li B, Liu Y, Liu Z, Llabrés-Brustenga A, Lott M, Lowe R, Martinez-Urtaza J, Maslin M, McAllister L, McMichael C, Mi Z, Milner J, Minor K, Minx J, Mohajeri N, Momen NC, Moradi-Lakeh M, Morrissey K, Munzert S, Murray KA, Obradovich N, O'Hare MB, Oliveira C, Oreszczyn T, Otto M, Owfi F, Pearman OL, Pega F, Perishing AJ, Pinho-Gomes AC, Pomattam J, Rabbaniha M, Rickman J, Robinson E, Rocklöv J, Rojas-Rueda D, Salas RN, Semenza JC, Sherman JD, Shumake-Guillemot J, Singh P, Sjödin H, Slater J, Sofiev M, Sorensen C, Springmann M, Stalhandske Z, Stowell JD, Tabatabaei M, Taylor J, Tong D, Tonne C, Treskova M, Trinanés JA, Uppstu A, Wagner F, Warnecke L, Whitcombe H, Xian P, Zavaleta-Cortijo C, Zhang C, Zhang R, Zhang S, Zhang Y, Zhu Q, Gong P, Montgomery H, Costello A. The 2024 report of the Lancet Countdown on health and climate change: facing record-breaking threats from delayed action. *Lancet*. 2024 Nov 9;404(10465):1847-1896. doi: 10.1016/S0140-6736(24)01822-1.
23. Rosenberg Y, Wiedenhofer D, Virág D, Bar-Sella G, Greenspoon L, Herrnstadt B, Akenji L, Phillips R, Milo R. Human biomass movement exceeds the biomass movement of all land animals combined. *Nat Ecol Evol*. 2025 Dec;9(12):2259-2264. doi: 10.1038/s41559-025-02863-9.
24. Rupasinghe R, Chomel BB, Martínez-López B. Climate change and zoonoses: A review of the current status, knowledge gaps, and future trends. *Acta Trop*. 2022 Feb;226:106225. doi: 10.1016/j.actatropica.2021.106225.
25. Smil V. *Harvesting the Biosphere: What we have taken from Nature*. MIT Press. Cambridge MA, USA. 2012; 307 p. doi: 10.7551/mitpress/8990.001.0001.
26. Stachurski F, Vial L. Installation de la tique *Hyalomma marginatum*, vectrice du virus de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo, en France continentale. *Bull Épidémiologique Santé Animale et Alimentation*. 2018;84(8):37-41.
27. Stuchin M, Machalaba CM, Olival KJ, Artois M, Bengis RG, Caceres P, Diaz F, Erlacher-Vindel E, Forcella S, Leighton FA, Murata K, Popovic M, Tizzani P, Torres G, Karesh WB. Rabies as a threat to wildlife. *Rev Sci Tech*. 2018 Aug;37(2):341-357. doi: 10.20506/rst.37.2.2858.
28. Van de Vuurst P, Escobar LE. Climate change and infectious disease: a review of evidence and research trends. *Infect Dis Poverty*. 2023 May 16;12(1):51. doi: 10.1186/s40249-023-01102-2.
29. Wolfe ND, Dunavan CP, Diamond J. Origins of major human infectious diseases. *Nature*. 2007 May 17;447(7142):279-83. doi: 10.1038/nature05775.