

Importance de la biodiversité sauvage et domestique pour la santé globale

Michèle Tixier-Boichard
UMR GABI
Jouy-en-Josas

Les différentes dimensions de la biodiversité

- ✓ Diversité génétique intra-spécifique
- ✓ Diversité phylogénétique : à l'échelle des espèces
- ✓ Diversité liée aux modes d'assemblage des espèces en communautés
- ✓ Diversité des écosystèmes, gérés ou non-gérés

Le lien entre biodiversité et santé

- ✓ à l'échelle d'une population / d'un agroécosystème
- ✓ à l'échelle des communautés d'espèces

L'influence de l'homme sur les écosystèmes et les populations

- ✓ par les modifications d'habitat
- ✓ par les réglementations sanitaires

Vers un cadre conceptuel rassemblant écologie des communautés et génétique



Santé végétale : Le défi de la durabilité de la résistance aux maladies

Etude de la durabilité de l'agrosystème traditionnel
du riz des terrasses du Yuanyang en Chine.

Culture de variétés de riz ayant différents
systèmes immunitaires

Echange de variétés dans les villages

Liao et al, 2016. eLife. doi:10.7554/eLife.19377



Santé végétale : Le défi de la durabilité de la résistance aux maladies

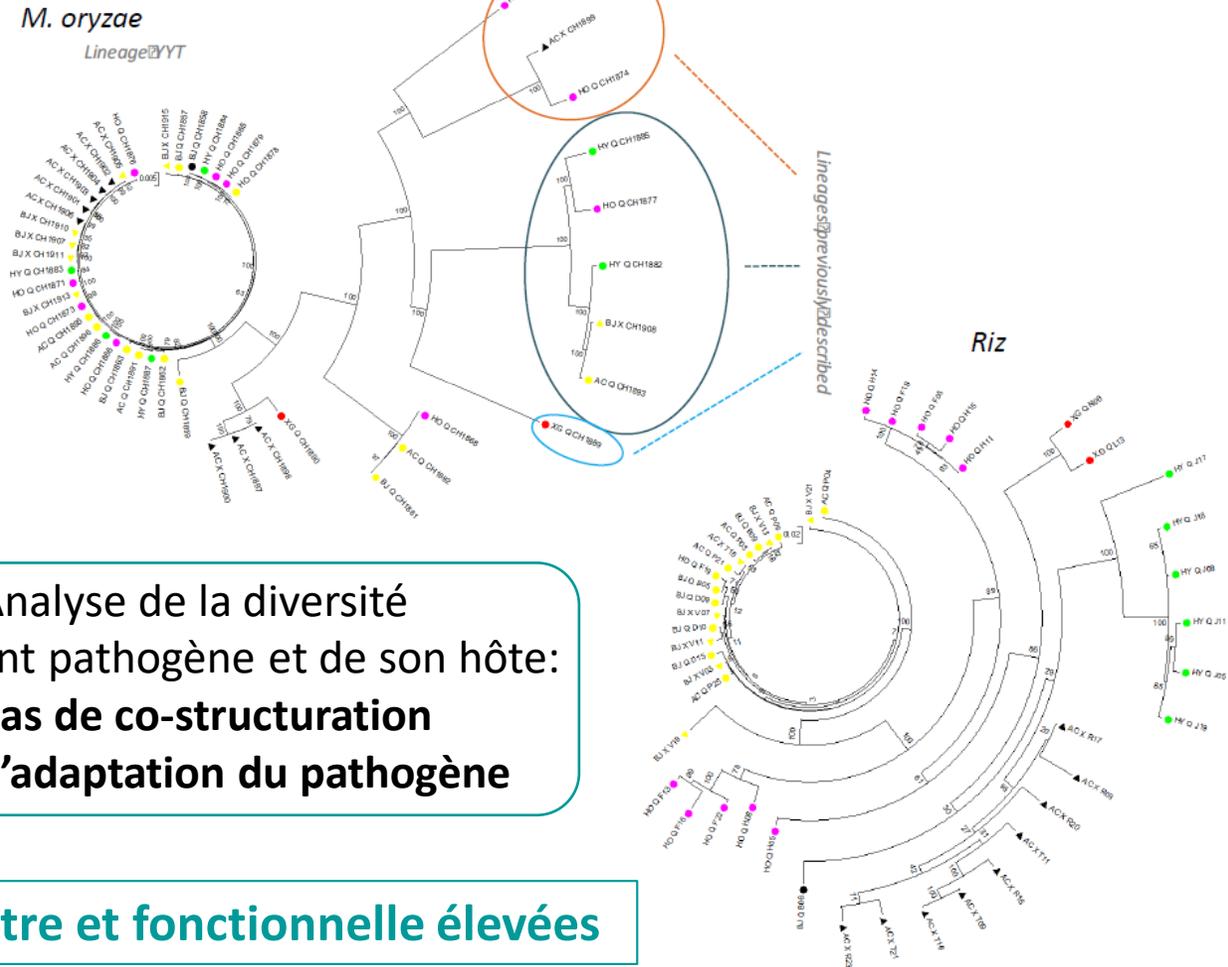
Etude de la durabilité de l'agrosystème traditionnel
du riz des terrasses du Yuanyang en Chine.

Culture de variétés de riz ayant différents
systèmes immunitaires

Echange de variétés dans les villages

➔ Paysage hétérogène, diversité génétique neutre et fonctionnelle élevées

Analyse de la diversité
de l'agent pathogène et de son hôte:
Pas de co-structuration
Pas d'adaptation du pathogène



Liao et al, 2016. eLife. doi:10.7554/eLife.19377



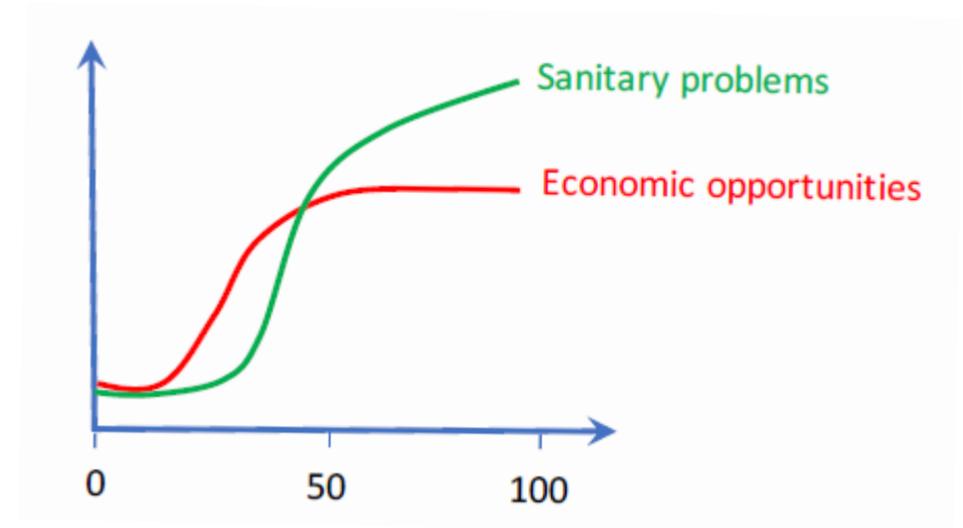
Santé végétale et durabilité

Etude de la durabilité de l'agrosystème traditionnel du riz des terrasses du Yuanyang en Chine.

Paysage hétérogène, diversité génétique neutre et fonctionnelle élevées



Introduction d'une variété améliorée
Mise en évidence d'une surface limite pour son utilisation





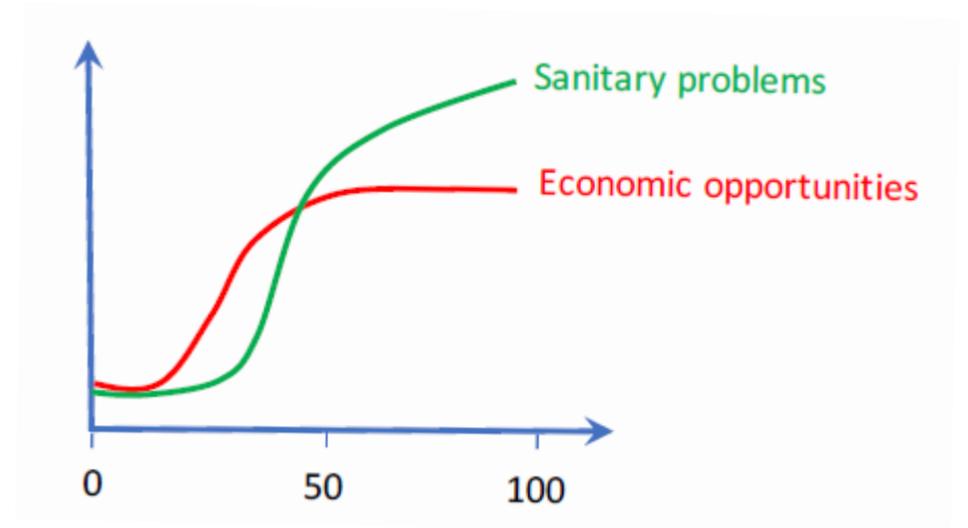
Santé végétale et durabilité

Etude de la durabilité de l'agrosystème traditionnel du riz des terrasses du Yuanyang en Chine.

Paysage hétérogène, diversité génétique neutre et fonctionnelle élevées



Introduction d'une variété améliorée
Mise en évidence d'une surface limite pour son utilisation



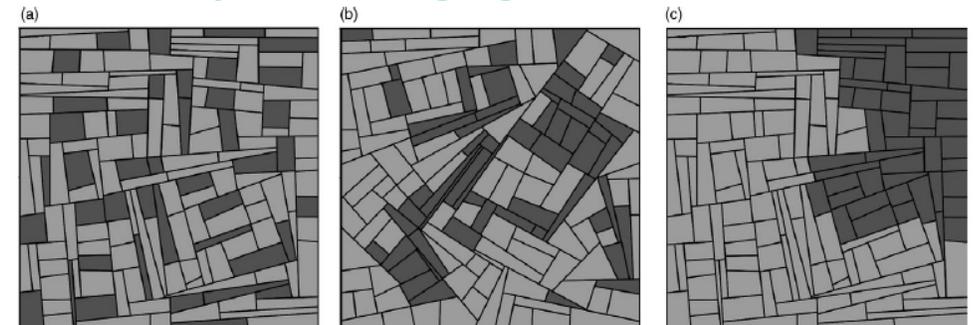
Modélisation du paysage agricole pour contrôler la durabilité:

Un paysage hétérogène est plus favorable au maintien de l'équilibre évolutif entre le pathogène et son hôte

Gérer la résistance diminue les traitements chimiques

Papaix et al., 2017. Evol. Applications. DOI: 10.1111/eva.12570

analyse d'une agrégation croissante



Santé animale

Races animales plus hétérogènes que les variétés végétales

Très peu de gènes majeurs de résistance, le concept 'contournement des résistances' est peu utilisé

Approche quantitative de la sélection sur la résistance aux maladies

Les stratégies vaccinales n'ont pas (encore) d'équivalent chez les plantes

La diversité génétique est-elle un paramètre à considérer en tant que tel ?

The Contribution of Genetic Diversity to the Spread of Infectious Diseases in Livestock Populations

A. J. Springbett,¹ K. MacKenzie,² J. A. Woolliams and S. C. Bishop

Roslin Institute (Edinburgh), Midlothian EH25 9PS, United Kingdom

Manuscript received May 2, 2003

Accepted for publication July 28, 2003

Description de la population:

n groupes d'animaux

1 groupe = 1 même génotype

+ ou - **résistant** ou **sensible**

pas de barrière entre groupes

effectif population constant

arrivée d'un animal infecté

population jamais exposée auparavant

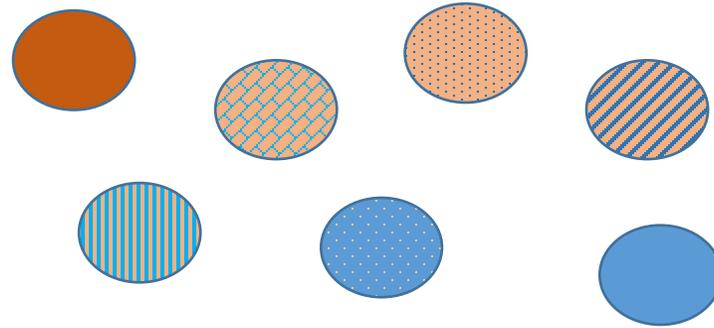
transmission par contact direct **paramètre β**

Nb de nouvelles infections/infecté/sensible/jour

taux basal de reproduction infection **R_0**

Nb d'infections secondaires à une infection initiale

taux de guérison **γ**



N

$$R_0 = \beta N / \gamma$$



Proportion de la population infectée **I**

$$I = 1 - \exp(-I R_0)$$

n=1 **n > 1 ?**

Variabilité de **R_0** \Rightarrow variabilité de **I**



Approximation ou **SIMULATIONS**

Parameter values used for stochastic simulation of epidemics

Parameter	Values or distribution
N	1000
R_0	Gamma: $(\alpha, \theta) = (2.5, 0.6)$ or $(20, 0.075)$
R	Lognormal: mean R_0 , CV 0.75 or 1.5
n	1, 2, 10, 100
m	0 or 0.08 or 0.16 deaths/infected animal/day
γ^{-1}	14 or 28 days

R_0 valeur de R pour un pathogène
Pour toutes les populations hôtes
1 moyenne 1,5
2 niveaux de variation 0,9 ou 0,11

Valeur de R pour une population
donnée, $f(\text{génotype})$
CV=0,75 // données réelles

Nb de génotypes

→ β m et γ sont indépendants du génotype

- *Après une infection, 3 états possibles: infection, guérison, mort
- *Fin épidémie: absence d'animaux sensibles OU mort/guérison du dernier malade
- *Epidémie mineure: < 10% animaux infectés; Epidémie majeure: > 10% animaux infectés

10000 simulations

TABLE 2

Summary statistics for the distribution of average observed reproductive ratio, R

Gamma distribution	No. of genotypes	$P(R \leq 1)$	Average	Maximum	Variance
(2.5, 0.6)	1	0.495	1.50	21.8	2.63
	2	0.436	1.50	14.1	1.68
	10	0.367	1.50	10.5	1.05
	100	0.346	1.50	7.64	0.90
(20.0, 0.075)	1	0.417	1.50	24.2	1.59
	2	0.323	1.50	12.8	0.83
	10	0.146	1.50	4.93	0.25
	100	0.067	1.50	3.34	0.13

R is sampled from a lognormal distribution with coefficient of variation 0.75 and mean R_0 , which in turn is sampled from a gamma distribution with parameters $(\alpha, \theta) = (2.6, 0.6)$ or $(20.0, 0.075)$.

Populations hétérogènes ont une plus grande probabilité d'avoir $R > 1$ et donc de connaître une épidémie MAIS: la valeur maximale de R est plus grande pour les populations homogènes, qui ont donc une plus grande probabilité de connaître des infections très sévères

TABLE 3

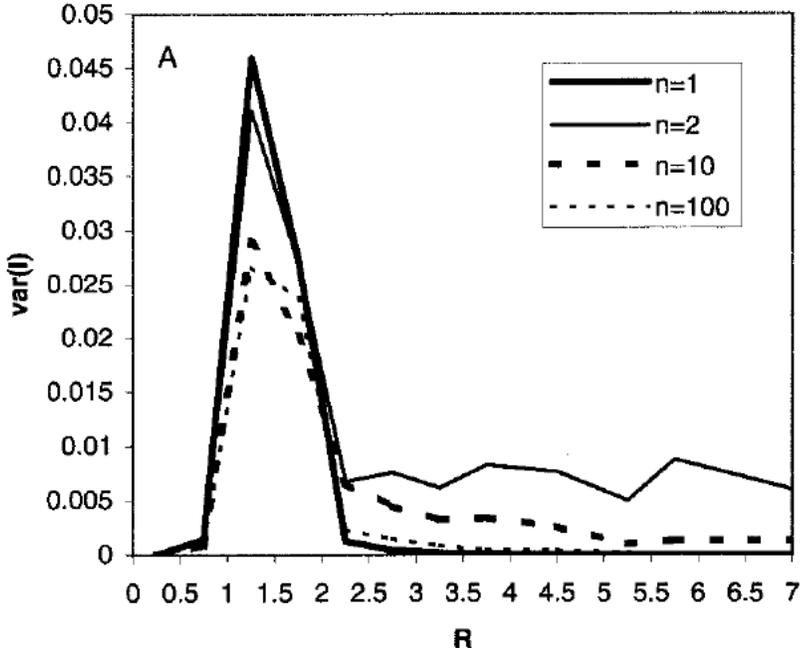
Probabilities of no epidemic, minor, and major epidemics when mortality is 8% and recovery time is 14 days

CV	No. of genotypes	Epidemic type					
		Gamma (2.5, 0.6)			Gamma (20.0, 0.075)		
		None	Minor	Major	None	Minor	Major
0.75	1	0.66	0.26	0.077	0.64	0.31	0.055
	2	0.64	0.29	0.068	0.62	0.34	0.043
	10	0.63	0.32	0.056	0.61	0.38	0.016
	100	0.62	0.33	0.053	0.59	0.40	0.006
1.5	1	0.70	0.21	0.083	0.69	0.23	0.072
	2	0.68	0.25	0.077	0.65	0.29	0.068
	10	0.63	0.30	0.063	0.61	0.36	0.031
	100	0.62	0.33	0.048	0.59	0.40	0.005

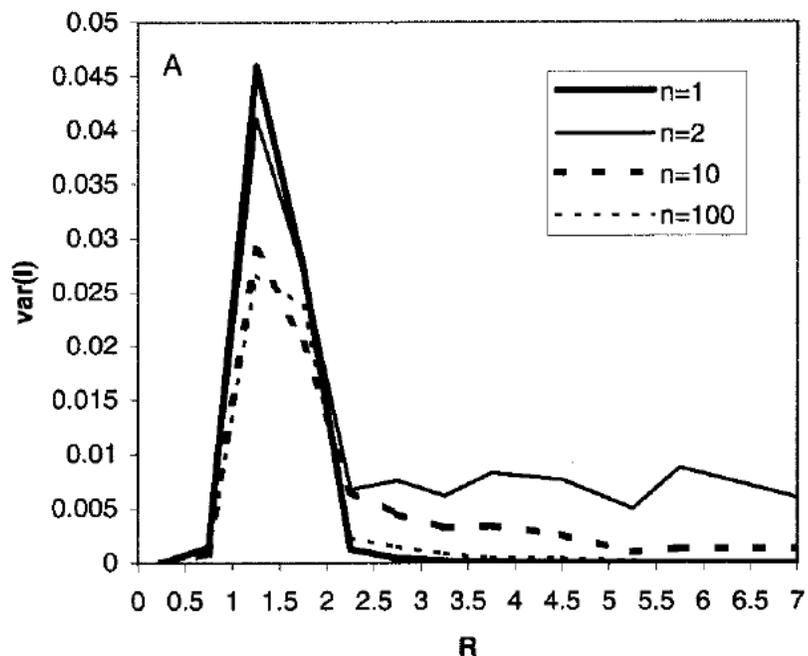
R is sampled from a lognormal distribution with coefficient of variation 0.75 or 1.5 and mean R_0 , which in turn is sampled from gamma distributions with $(\alpha, \theta) = (2.5, 0.6)$ or $(20.0, 0.075)$.

Les populations plus variables sont plus prédisposées à des épidémies mineures et moins prédisposées à des épidémies majeures

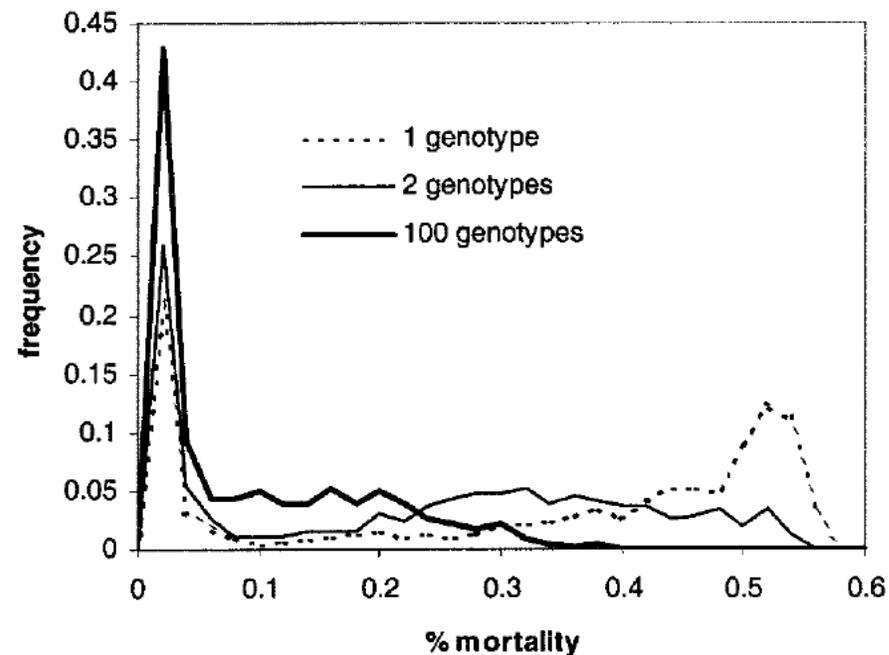
La variance du taux d'infection est plus faible pour une population génétiquement plus diverse



La variance du taux d'infection est plus faible pour une population génétiquement plus diverse



La mortalité prédite est plus faible pour une population génétiquement plus diverse



Effet de la diversité génétique sur la durée de l'épidémie est moins net : dépend du type d'épidémie
Durée 150 j pour les 'bénignes' et les 'très sévères' ; durée > 200j pour les intermédiaires

Apports de cette étude:

- Prise en compte de la variabilité de R montre les situations où la diversité est un avantage :
Mortalité due à une épidémie est plus faible pour les épidémies non bénignes
(NB: validation du modèle: pour $n=1$, résultats = modèle déterministe)
- Comparaison avec une seule étude préalable sur le SIDA,
Montre aussi un effet de la diversité sur la relation entre R_0 et I
Diffère sur le taux d'infection asymptotique

Apports de cette étude:

- Prise en compte de la variabilité de R montre les situations où la diversité est un avantage :
Mortalité due à une épidémie est plus faible pour les épidémies non bénignes
(NB: validation du modèle: pour $n=1$, résultats = modèle déterministe)
- Comparaison avec une seule étude préalable sur le SIDA,
Montre aussi un effet de la diversité sur la relation entre R_0 et I
Diffère sur le taux d'infection asymptotique

Et sur le terrain

- populations locales ne résistent pas à tout mais survivent
ex: mortalité élevée pour Virus Newcastle sur poulets villageois en Afrique
tolérance plus élevée à des infections moins foudroyantes
- les campagnes d'éradication massive en cas de maladie contagieuse
constituent un risque de perte de diversité génétique + stress sociétal

Revue systématique sur l'émergence de zoonoses

pas une synthèse de données, pas de notion de signification statistique

Zoonosis emergence linked to agricultural intensification and environmental change

Bryony A. Jones^{a,b,1}, Delia Grace^b, Richard Kock^c, Silvia Alonso^a, Jonathan Rushton^a, Mohammed Y. Said^b, Declan McKeever^c, Florence Mutua^b, Jarrah Young^b, John McDermott^b, and Dirk Udo Pfeiffer^a

^aVeterinary Epidemiology, Economics and Public Health Group and ^cDepartment of Pathology and Infectious Diseases, Royal Veterinary College, University of London, Hertfordshire AL9 7TA, United Kingdom; and ^bInternational Livestock Research Institute, Nairobi 00100, Kenya

PNAS, 2013, doi:10.1073/pnas.1208059110

Stratégie documentaire

MC: 100 (agriculture, intensification, environnement, faune sauvage, élevage, homme..)

PubMed, CAB ..

Articles en anglais 2000-2006 → 1022 articles

analyse des résumés par des experts → 261

vérification données, analyse → 133

+ références citées par les 133 → total de 278 publications, **57 analysés,**

Stratégie documentaire

MC: 100 (agriculture, intensification, environnement, faune sauvage, élevage, homme..)

PubMed, CAB ..

Articles en anglais 2000-2006 → 1022 articles

analyse des résumés par des experts → 261

vérification données, analyse → 133

+ références citées par les 133 → total de 278 publications, **57 analysés,**

5 thèmes pour agréger les connaissances

- **Transmission directe de pathogènes à l'homme** (6 ref)
- **Changement environnemental dû à l'homme** (17 ref), expansion taille population
fragmentation habitat
Perte de biodiversité favorise dispersion des pathogènes (même hôte)
Habitat pauvre en diversité: augmentation de la présence des tiques
- **Intensification de l'élevage** (8 ref)
- **Intensification et changement environnemental** (13 ref)
- **Grippe aviaire** (13 ref)

Analyse détaillée des facteurs liés à l'élevage

- Intensification

mais mesures de biosécurité, vaccination

- Taille et densité de population
- Mouvements d'animaux
- Traitements antibiotiques
- Volume de rejets
- Perte de diversité génétique

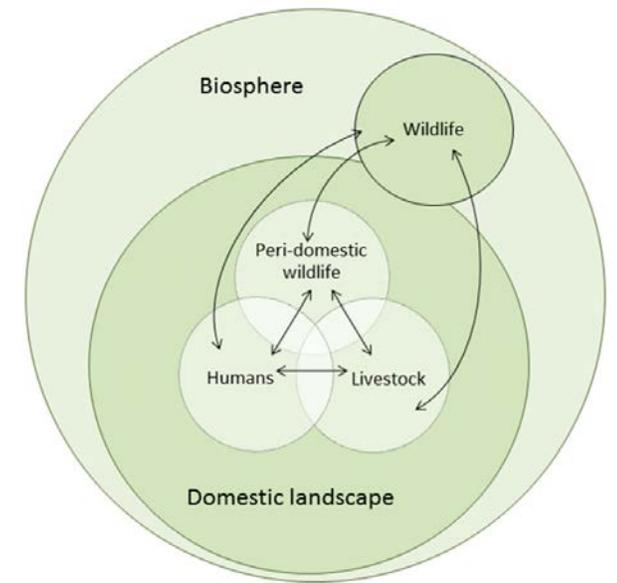
- Exemple du virus Nipah

Malaisie (1997) : proximité d'une grande ferme porcine et d'arbres fruitiers attirant des chauve-souris, virus passe de la chauve-souris au porc puis à l'homme, abattage massif des porcs
mais immunité résiduelle chez des porcs vendus à d'autres villages → nouveaux cas humains en 1998

Bangladesh : épidémies saisonnières sans identification d'un relai 'animal d'élevage'

- Grippe aviaire

incidence affectée à la fois par élevage intensif et élevage extensif, par des voies différentes
les contacts entre espèces (porc, poulet, palmipèdes sauvages) augmentent le risque, surtout lorsque les populations domestiques montrent peu de diversité génétique
alors **élevage en plein-air ? Mixité d'espèces ?**

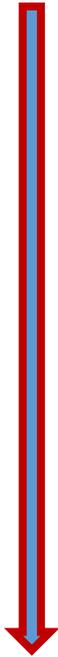


Proposition d'une typologie de situations : chacune a ses risques santé,

Table 1. Conceptual framework of types of wildlife–livestock–human interface and their characteristics

Type of wildlife–livestock–human interface	Level of biodiversity	Characteristics of livestock population	Connectedness between populations	Examples of zoonotic disease with altered dynamics
"Pristine" ecosystem with human incursion to harvest wildlife and other resources	High	No livestock	Very low, small populations and limited contact	Ebola, HIV, SARS, Nipah virus in Bangladesh and India
Ecotones and fragmentation of natural ecosystems: farming edges, human incursion to harvest natural resources	High but decreasing	Few livestock, multiple species, mostly extensive systems	Increasing contact between people, livestock, and wild animals	Kyasanur Forest disease, Bat rabies, <i>E. coli</i> interspecies transmission in Uganda, Nipah virus in Malaysia
Evolving landscape: rapid intensification of agriculture and livestock, alongside extensive and backyard farming	Low, but increasing peridomestic wildlife	Many livestock, both intensive and genetically homogenous, as well as extensive and genetically diverse	High contacts between intensive and extensive livestock, people, and peridomestic wildlife. Less with endangered wildlife.	Avian influenza, Japanese encephalitis virus in Asia
Managed landscape: islands of intensive farming, highly regulated. Farm land converted to recreational and conservancy	Low, but increased number of certain peridomestic wildlife species	Many livestock, mainly intensive, genetically homogeneous, biosecure	Fewer contacts between livestock, and people; increasing contacts with wildlife.	Bat-associated viruses in Australia, West Nile virus in United States, Lyme disease in United States

++ Intensification croissante



+



biodiversité

-

Gestion du Territoire + Biosécurité

Service écosystémique rendu par la biodiversité à la santé humaine ?

✓ **L'effet dilution** : les communautés très biodiverses réduisent le risque infectieux:

*Effet d'interférence dans le cas de maladies vectorielles 'interception du vecteur' par un hôte non sensible, sous certaines conditions de physiologie du vecteur et de dynamique de l'espèce hôte

*Régulation des hôtes sensibles 'dilués' dans une population non sensible

! Exemples de relation positive entre biodiversité et risque infectieux dans les pays en développement

Wood et al., 2014. *Ecology*, 95: 817-832

Service écosystémique rendu par la biodiversité à la santé humaine ?

✓ L'effet dilution : les communautés très biodiverses réduisent le risque infectieux:

*Effet d'interférence dans le cas de maladies vectorielles 'interception du vecteur' par un hôte non sensible, sous certaines conditions de physiologie du vecteur et de dynamique de l'espèce hôte

*Régulation des hôtes sensibles 'dilués' dans une population non sensible

! Exemples de relation positive entre biodiversité et risque infectieux dans les pays en développement

Wood et al., 2014. *Ecology*, 95: 817-832

Prédiction de la réponse à la biodiversité pour 69 parasites de l'homme (25 sans réservoir)

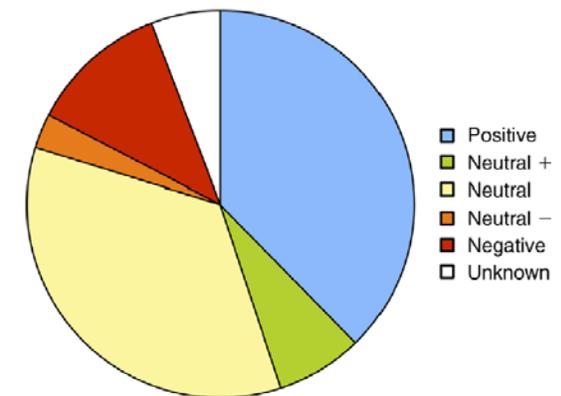
Plusieurs hypothèses critiques:

Comportement vecteur/ habitat \pm perturbé

Abondance réservoir / habitat \pm perturbé

Conclusion : la biodiversité ne réduit pas le risque infectieux
mais la destruction de la biodiversité est une approche
contre-productive de la protection de la santé humaine

effet de la biodiversité sur ces parasites



Dépasser les controverses en proposant un cadre prédictif

- ✓ « diversity-disease paradox » :

L'effet dilution dépend... du système hôte-pathogène (réservoir, vecteur ou transmission directe, sévérité)

- ✓ Application de **l'écologie des communautés à la dynamique de la relation hôte-pathogène**, combiner observation, experimentation et modélisation

- ✓ Assemblage des espèces additif ou substitutif ?

Johnson et al., 2015. Ecology Letters

- ✓ Bien choisir la mesure de la biodiversité et de la maladie

- ✓ La richesse en espèces ne traduit pas forcément la diversité fonctionnelle

Dépasser les controverses en proposant un cadre prédictif

✓ « diversity-disease paradox » :

L'effet dilution dépend... du système hôte-pathogène (réservoir, vecteur ou transmission directe, sévérité)

✓ Application de l'écologie des communautés à la dynamique de la relation hôte-pathogène, combiner observation, experimentation et modélisation

✓ Assemblage des espèces additif ou substitutif ?

Johnson et al., 2015. Ecology Letters

✓ Bien choisir la mesure de la biodiversité et de la maladie

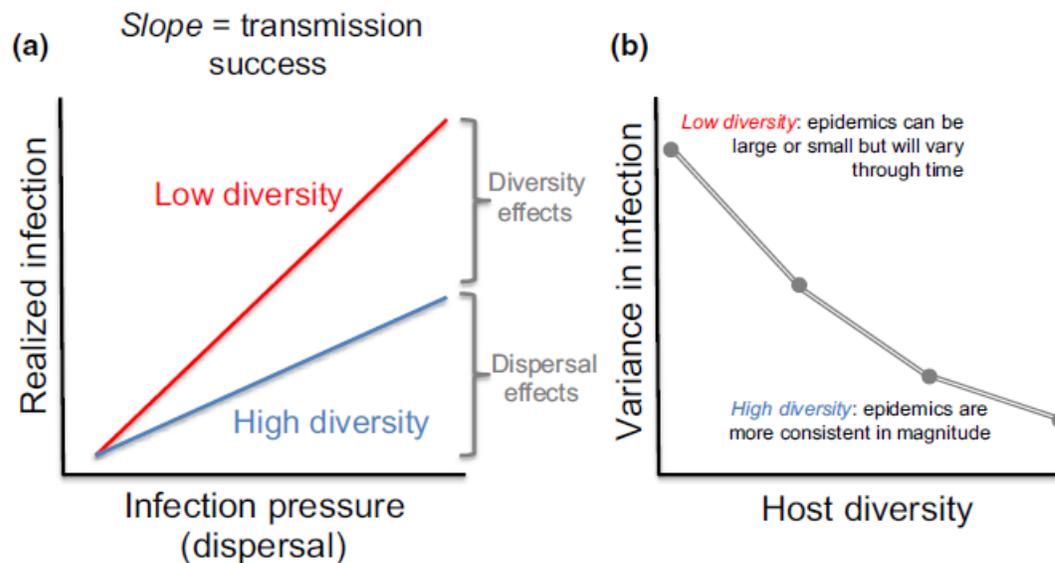
✓ La richesse en espèces ne traduit pas forcément la diversité fonctionnelle

Relations entre diversité de l'hôte

Pression infectieuse et variance de l'infection

Diversité affecte la variance :

Communautés biodiverses connaissent des épidémies moins variables en intensité

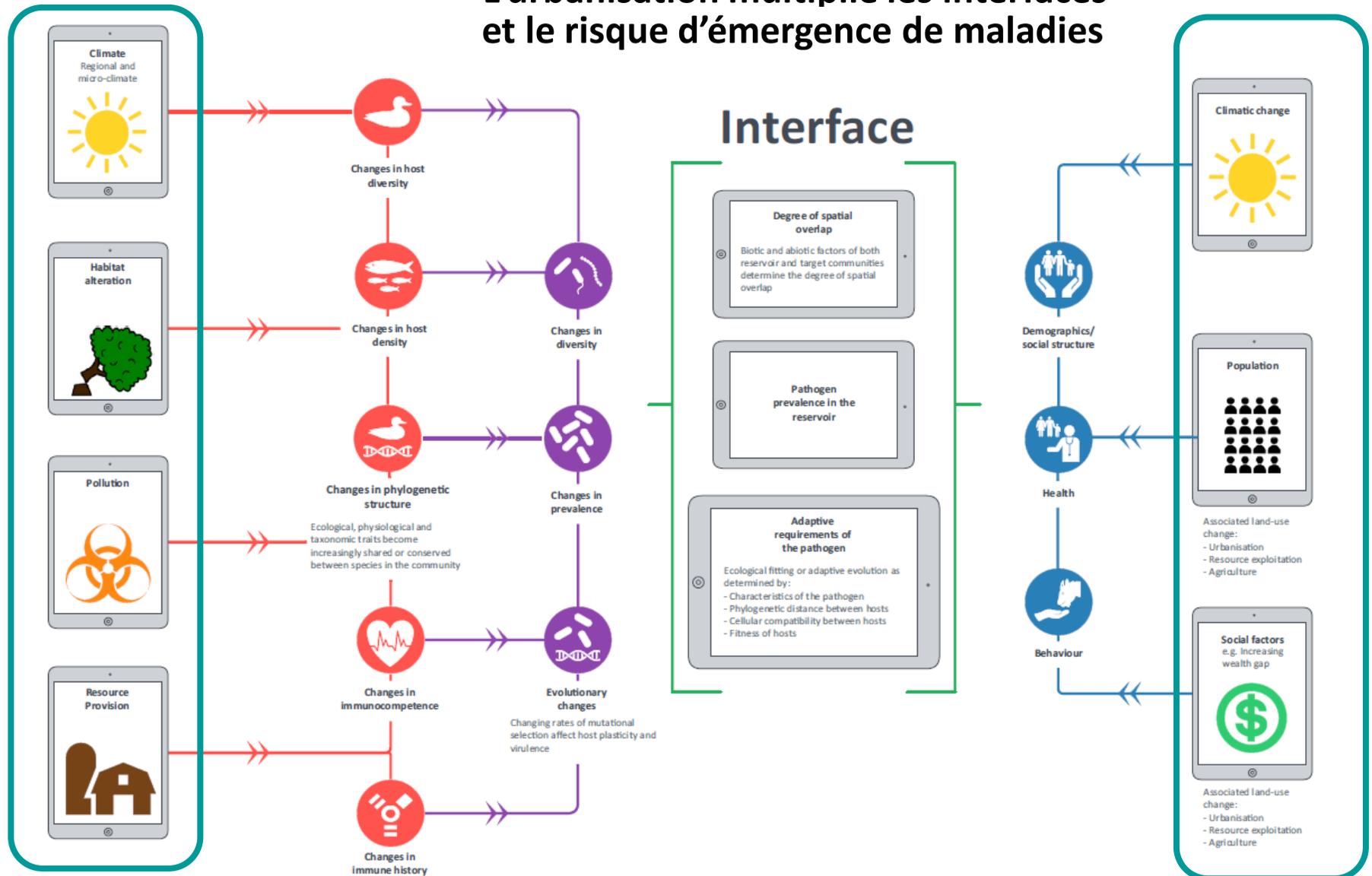


L'urbanisation: un cas-type pour l'analyse de la dynamique faune sauvage / animaux de ferme / humains

L'urbanisation multiplie les interfaces et le risque d'émergence de maladies

Effets combinés des facteurs

Abiotiques



Hassel et al., 2017. Trends in Ecology and Evolution

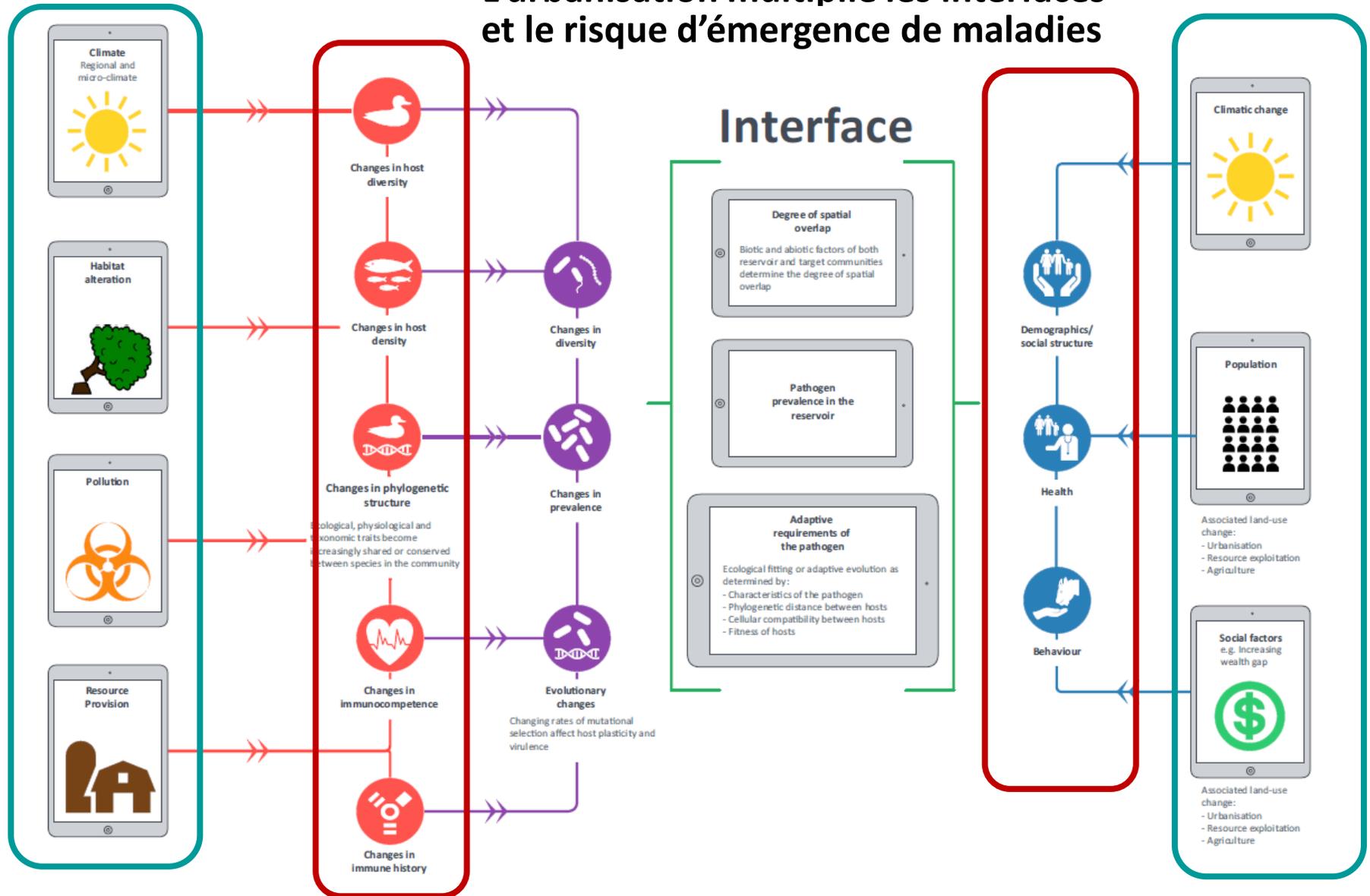
L'urbanisation: un cas-type pour l'analyse de la dynamique faune sauvage / animaux de ferme / humains

L'urbanisation multiplie les interfaces et le risque d'émergence de maladies

Effets combinés des facteurs

Abiotiques

Biotiques



Hassel et al., 2017.
Trends in Ecology
and Evolution

L'urbanisation: un cas-type pour l'analyse de la dynamique faune sauvage / animaux de ferme / humains

L'urbanisation multiplie les interfaces et le risque d'émergence de maladies

Effets combinés des facteurs

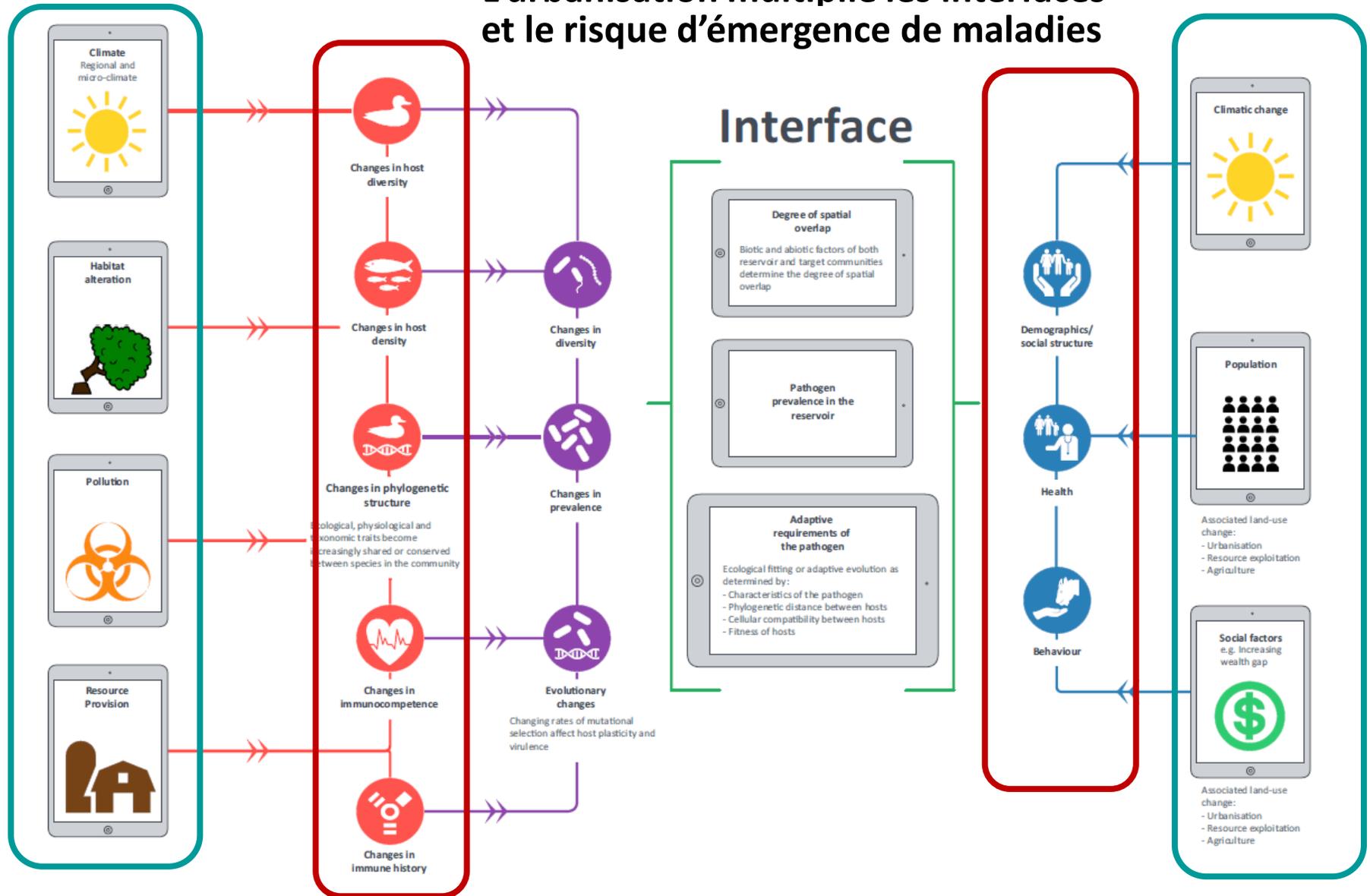
Abiotiques

Biotiques

sur les pathogènes

et leurs hôtes

Hassel et al., 2017.
Trends in Ecology and Evolution



CONCLUSIONS

Concept de métacommunauté en écologie + diversité phylogénétique (Suzan et al., 2015)

Génétique des populations + association entre traits et phylogénie

- analyser la structure épidémiologique des communautés sauvages multi-hôtes
- décrire la connectivité épidémiologique
- déterminer la connectivité entre réservoirs / hôtes aux interfaces
- identifier les bonnes cibles pour la surveillance et le contrôle

(Hassel et al.
2017)

La diversité phylogénétique ne représente pas toute la diversité fonctionnelle

Intérêt de descendre à l'échelle de la diversité infra-spécifique pour l'analyse des mécanismes

qui sous-tendent l'interaction hôte-pathogène : approche actuelle chez les animaux et plantes domestiques de plus en plus applicable aux populations sauvages avec la génomique environnementale et la génétique du paysage

Pas d'outil clé en main pour les décideurs, mais des simplifications à éviter !

Promouvoir une gestion écosystémique des maladies

Questions : lien aux facteurs environnementaux peut encore être approfondi
peut-on anticiper les événements rares ?