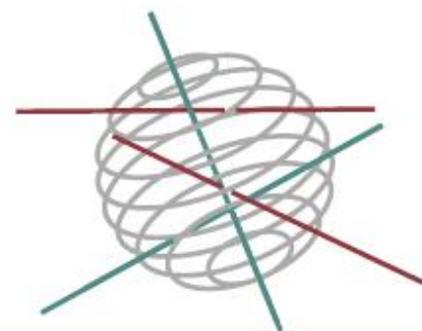


SSD

SCIENCE FOR A SUSTAINABLE DEVELOPMENT



**MOUSTIQUES, VECTEURS DE MALADIES: BIODIVERSITE
SPATIALE, FACTEURS DE CHANGEMENT ET RISQUES.**

“MODIRISK”

W. VAN BORTEL, P. GROOTAERT, T. HANCE, G. HENDRICKX,
W. TAKKEN



ENERGY

TRANSPORT AND MOBILITY

AGRO-FOOD

HEALTH AND ENVIRONMENT

CLIMATE

BIODIVERSITY

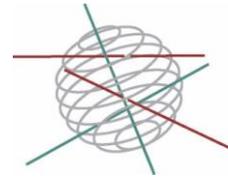


ATMOSPHERE AND TERRESTRIAL AND MARINE ECOSYSTEMS



TRANSVERSAL ACTIONS

SCIENCE FOR A SUSTAINABLE DEVELOPMENT
(SSD)



Biodiversité



RAPPORT FINAL PHASE 1
RESUME



**MOUSTIQUES, VECTEURS DE MALADIES:
BIODIVERSITE SPATIALE,
FACTEURS DE CHANGEMENT ET RISQUES.**

“MODIRISK”

SD/BD/04A

Promoteurs



Wim Van Bortel

Instituut voor Tropische Geneeskunde (ITG)
Departement of Parasitologie
Nationalestraat 155
B-2000 Antwerpen



Patrick Grootaert

Institut Royal des Sciences Naturelles de Belgique (IRSNB)
Département d'Entomologie



Thierry Hance

Université Catholique de Louvain (UCL)
Unité d'écologie et de biogéographie
Centre de recherche sur la biodiversité



Guy Hendrickx

Avia-GIS

Willem Takken

Wageningen University and Research Centre (WUR)
Laboratory of Entomology,
The Netherlands



Auteurs

**Wim Van Bortel, Patrick Grootaert, Thierry Hance, Guy Hendrickx,
William Takken**

Mars 2009





Avenue Louise 231
B-1050 Bruxelles
Belgique
Tel: +32 (0)2 238 34 11 – Fax: +32 (0)2 230 59 12
<http://www.belspo.be>

Contact person: Aline Van Der Werf
+32 (0)2 238 336 71

Neither the Belgian Science Policy nor any person acting on behalf of the Belgian Science Policy is responsible for the use which might be made of the following information. The authors are responsible for the content.

No part of this publication may be reproduced, stored in a retrieval system, or transmitted in any form or by any means, electronic, mechanical, photocopying, recording, or otherwise, without indicating the reference :

Wim Van Bortel, Patrick Grootaert, Thierry Hance, Guy Hendrickx, William Takken
Moustiques, vecteurs de maladies: biodiversité spatiale, facteurs de changement et risques "MODIRISK" Rapport Final Phase 1 - Résumé. Brussels : Belgian Science Policy 2009 (Research Programme Science for a Sustainable Development)

Nous manquons en Belgique de connaissances sur la taxonomie et la biodiversité des espèces de moustiques endémiques ou sur les possibles moustiques invasifs vecteurs. Acquérir ces connaissances est donc une étape essentielle pour comprendre les risques actuels et se préparer aux futures menaces.

Ainsi les objectifs du projet MODIRISK (moustiques vecteurs de maladies : biodiversité spatiale, facteurs de changement, et risques) sont de (1) faire l'inventaire des espèces de moustiques endémiques et invasifs, présents en Belgique, en considérant les éléments environnementaux et taxonomiques ; (2) évaluer la dynamique de population des espèces de moustiques endémiques et invasives, ainsi que leurs interrelations ; (3) modeler la distribution de la biodiversité des moustiques au Benelux avec une résolution à un km ; et (4) de diffuser les résultats du projet à la communauté scientifique, aux utilisateurs finaux et au grand public. Durant la première phase du projet (années 2007-2008), nous nous sommes concentrés sur des activités d'inventaire, de mise en place d'expérience en laboratoire sur les traits d'histoire de vie de *Culex pipiens* en relation avec la température, et de première sélection de modèles basés sur les résultats de terrain. Pendant la seconde phase du projet (années 2009-2010), l'accent fut mis sur la construction d'un modèle spatial et sur sa validation, sur l'étude du suivi longitudinal, et sur la dynamique des espèces indigènes et exotiques sélectionnées qui ont été trouvées pendant l'inventaire de la première phase. La conception de l'échantillonnage et la biodiversité proviennent de l'inventaire des moustiques.

L'échantillonnage et les résultats de biodiversité

L'étude sur le terrain a été conduite en 2007 et 2008 en utilisant des pièges à CO₂ (Mosquito Magnet Liberty Plus), disséminés selon un maillage sur toute la Belgique, selon trois types d'habitats. Ces habitats (urbain, agricole et naturel) ont été sélectionnés à partir de la base de données CORINE. Vingt-sept pièges ont été placés simultanément (9 pièges par équipe). Chaque piège est resté sept jours sur le site étudié avant d'être placé sur un nouveau site. Pendant l'inventaire, 936 sites ont été sélectionnés au hasard et 97% d'entre eux ont été échantillonnés. De plus, les sites présentant un risque d'importation d'espèces de moustiques invasifs ont aussi été échantillonnés afin d'évaluer la présence d'espèces exotiques en Belgique. Ce projet a pu être réalisé grâce aux trois équipes appartenant aux trois instituts partenaires qui ont contribué à l'échantillonnage et au développement, par le projet MODIRISK, d'outils facilitant le travail sur le terrain. Ces outils, comprenant un site internet, un palm-to-web et une base de données, servent actuellement comme exemple pour mettre en œuvre un groupe d'échantillonnage spatial des moustiques et à la modélisation de projets dans plusieurs pays européens dans le cadre du programme IAP de l'ESA (European Space Agency).

Après deux années d'échantillonnage intensif et sur la base d'une identification morphologique et moléculaire, 23 espèces de Culicidae appartenant à 5 genres, ont été identifiées. Le nombre d'espèces capturées est proche de celui attendu en Belgique (environ 27 espèces). Deux espèces exotiques ont été découvertes, *Aedes japonicus japonicus* dans la province de Namur et *Aedes (Finlaya) koreicus* dans la province du Limburg.

Une banque moléculaire a été construite à partir des régions de barcoding moléculaire des individus collectés. De plus, un test d'identification moléculaire des larves a été développé

pour détecter et identifier rapidement les possibles espèces invasives. La biodiversité varie entre les habitats échantillonnés, l'indice de diversité indique une plus grande richesse dans les habitats naturels; bien que le score des zones urbaines soit aussi bon (ce qui peut avoir d'importantes implications dans la transmission des risques).

A l'IRSNB, environ 1400 moustiques provenant de la collection belge du département de l'Entomologie ont été (re)identifiés. Ces données et celles d'autres projets de l'institut ont été ajoutées à une base de données nouvellement créée CULIBEL (Culicidae de Belgique). Cette base de données sera intégrée dans la plate-forme belge de la Biodiversité et l'institut sera responsable de sa mise en jour. Les données de MODIRISK et celles des collections ont été utilisées pour comparer la dispersion historique vs récente des moustiques (10x10km UTM). On a observé un déclin à proximité des grandes villes, tandis qu'il y a une augmentation des espèces utilisant des sites de reproductions artificielle.

Un archivage moléculaire (DNA barcoding) est construit à l'ITM avec les données de toutes les espèces recueillies. En outre, une méthode d'identification moléculaire pour les larves a été développée.

Modélisation des moustiques indigènes

Une base de données spatiales de détection à basse résolution a été développée. Des zones éco-climatiques ont été identifiées via un algorithme K-means de [partitionnement de données](#). Pour chaque site échantillonné, la présence/absence de certaines espèces de moustiques a été enregistrée. Dans la première phase, l'objectif était de déterminer si les données venant des séries de données MODIS étaient utiles pour la prédiction de la distribution des moustiques. Les modèles de distributions ont été testés avec deux espèces: *Anopheles claviger* et *Aedes cinereus/geminus*. Pour chacune des espèces; un échantillon test a été sélectionné, catégorisé en présence/absence. Les variables, composées de 28 niveaux de données ont été normalisées pour faciliter l'interprétation des résultats du modèle. La procédure de régression par paliers a réussi à réduire le nombre de variables nécessaire sans pour autant diminuer la valeur prédictive du modèle. Il a aussi été montré que différentes espèces de moustiques ont une répartition distincte sur la zone d'étude, et que les variables éco-climatiques sont primordiales pour expliquer une partie de cette variation.

Dans la seconde phase, des modèles ont été générés pour les espèces présentes dans plus de 20 sites échantillonnés. Quatorze espèces remplissaient ces conditions et ont été analysées plus en détails en utilisant un algorithme de Forêts d'arbres décisionnels. Finalement, le modèle a été utilisé pour créer une carte de qualité de l'environnement (allant de 0 à 100%) pour la Belgique, les Pays-Bas et le Luxembourg. La validation sur le terrain des résultats préliminaires du modèle a été réalisée en Belgique, suivant le même protocole que l'inventaire, de Juillet à Octobre 2009 pour 73 sites (97% des sites prévus) et entre mai et août 2010 dans 74 sites (99% des sites prévus). Pendant les mêmes périodes en 2009 et 2010, une validation a eu lieu aux Pays-Bas dans respectivement 53 et 55 sites. Dans le nord-est du pays, les données ont montré une grande concordance avec le modèle pour une majorité des espèces comme *Ae. cinereus*, *An. maculipennis*, *Ae. vexans*, *Cs. annulata*, *Cq.*

richiardii, *Ae. cantans*, et *Ae. punctor*. Le modèle s'est également montré efficace pour une bande dans le sud du pays

Ecologie, biologie et des études génétiques sur la population de certains vecteurs indigènes et exotiques

Pendant la seconde phase du projet, des études longitudinales ont été conduites sur des espèces indigènes et exotiques découvertes durant la première phase du projet. L'IRSNB a étudié un problème sérieux posé par *Anopheles plumbeus* à Torhout, après des plaintes reportées au projet Modirisk par les habitants. Cette espèce a été trouvée en grand nombre, avec un comportement agressif envers les humains, dans des anciennes porcheries abandonnées. Il semble que cela ne soit pas seulement un problème local car d'autres zones similaires présentant les mêmes problèmes ont été identifiées dans la région, mais aussi dans les provinces d'Anvers et de Liège, la même espèce est présente dans des étables abandonnées, causant des nuisances importantes. La population d'*Aedes japonicus* à Natoye a été étudiée par l'UCL. Les résultats morphologiques et moléculaires, ainsi que l'étude de compétition, ont démontré que cette espèce est abondante dans une compagnie de recyclage de pneus, mais aussi que cette espèce colonise les sites naturels à proximité tels que des trous d'arbres. De plus, cette espèce est en compétition avec *Culex pipiens*, pour lequel un décalage de développement a été observé : alors qu'une espèce montre un déclin, l'autre augmente sa population, cela fut testé en laboratoire en coopération avec l'EID de Montpellier. Une étude moléculaire a montré qu'en 2009, trois groupes génétiques constituaient la population. Cependant en 2010, un mixage des trois groupes semble avoir eu lieu indiquant un brassage génétique et pouvant indiquer une augmentation de la capacité invasive de cette espèce. A l'ITM, *Aedes koreicus* provenant de Maasmechelen a été étudié. Cette espèce a été pour la première découverte hors de sa zone naturelle de répartition, elle semble être bien établie sans pour autant devenir invasive. *Ae. koreicus* n'est pas très attirée par les pièges généralement utilisés et n'a pas été reportée comme agressive, cependant, l'espèce était suspectée, dans l'ex-URSS, d'être un vecteur de l'encéphalite japonaise. De plus, cette espèce colonise à la fois des sites naturels ou artificiels ce qui augmente les risques d'importer cette espèce dans de nouvelles régions.

Une colonie de *Culex pipiens* a été établie en laboratoire à l'Université Catholique de Louvain (UCL) afin d'étudier l'impact de la température sur ses traits d'histoire de vie. L'étude de la température a montré que les mâles émergent de 1,2 à 5,4 jours avant les femelles et que le laps de temps entre la pupaison et l'émergence augmente à basses températures. Les larves élevées à basse température (T15, T11) donnent de plus gros adultes que les larves élevées à haute température (T28, T20, T35 and T40). Finalement, les résultats montrent que la température a une influence sur la durée de la période pré-copulatoire chez *Culex pipiens*. Le paramètre température a une grande influence sur le développement et sur la reproduction de *Cx pipiens* et les résultats de ces tests en laboratoire vont être inclus dans les modèles de transmission.

Les moustiques appartenant au genre *Anopheles* ainsi que la structure de la population de *Culex pipiens* ont été analysés génétiquement du fait de leur potentiel de vecteur indigène. Différentes méthodes moléculaires ont été utilisées, testées, et comparées. Pour les

espèces d'Anopheles, les marqueurs d'ADNr semblent être les plus efficaces, conformément à la bibliographie, bien que quelques incohérences persistent. A l'aide de marqueurs microsatellite, deux groupes génétique ont été déterminés à partir des individus *Culex pipiens* testés, indiquant la présence de deux formes déjà décrites : *Culex pipiens pipiens* et *Culex pipiens molestus*. Leur présence dans le même habitat et à la même période a des implications sur la surveillance des vecteurs et les risques de transmission.

Dans l'ensemble, les résultats de la modélisation indiquent qu'un échantillon aléatoire stratifié est une bonne méthodologie de sélection des lieux d'échantillonnage pour la surveillance des moustiques. En fonction des questions de départ, une première phase d'échantillonnage efficace comprend une évaluation rapide en utilisant 1 piège/300 km².

Les données entomologiques de cet échantillonnage peuvent ensuite être utilisées pour modéliser la qualité de l'environnement pour les quatre espèces les plus communes. Les quatre cartes de répartition sont ensuite combinées en une seule indiquant la biodiversité des espèces, et où la plus haute diversité des espèces indique les points de diversité des moustiques. Dans une deuxième phase, cette carte de la diversité est utilisée pour attribuer plus de pièges aux endroits où la probabilité de trouver des moustiques, d'importance primordiale pour la question de l'émergence des maladies, est plus élevée.