



Mémoire présenté devant l'UFR de Mathématique et Informatique
pour l'obtention du Diplôme Universitaire d'Actuaire de Strasbourg
et l'admission à l'Institut des Actuaire

le 06/12/2024

Par : Andréa RESMINI-MILHORAT

Titre : Impact des maladies vectorielles sur le secteur de l'assurance à horizon 2100.

Confidentialité : Non Oui (Durée : 1 an 2 ans)

Les signataires s'engagent à respecter la confidentialité ci-dessus

Membres présents du jury de l'Unistra :
Pierre-Olivier GOFFARD

Entreprise :
Nom : Prim'Act
Signature : 

*Membres présents du jury de l'Institut
des Actuaire :*
Anaëlle LE BERRE
Romain NOBIS
Alexandre YOU

Directeurs de Mémoire en entreprise :
Nom : Frédéric PLANCHET
Signature : 
Nom : Oleksandr SOROCHYNSKYI
Signature :

*Autorisation de publication et de mise en ligne sur un site de diffusion de documents
actuariels (après expiration de l'éventuel délai de confidentialité)*

Signature du responsable entreprise



Signature du candidat



Résumé

Chaque année, les maladies vectorielles sont responsables de plusieurs centaines de milliers de décès. Pour l'instant, seuls les pays tropicaux sont touchés par ces maladies. Néanmoins, la situation devrait changer dans les décennies à venir. En effet, le réchauffement climatique favorise l'expansion de ces maladies, qui remontent progressivement vers l'Europe. Si de nombreux scientifiques se sont intéressés à l'arrivée de ces maladies en France, peu en ont analysé leurs conséquences dans le domaine de l'assurance.

Ainsi, dans ce mémoire, nous allons étudier à horizon 2100, les impacts financiers de la dengue, la maladie vectorielle qui se propage le plus rapidement en France. Les résultats de cette étude sont nettement moins alarmants que la seule autre référence actuarielle sur le sujet. En effet, même dans le scénario de réchauffement climatique le plus extrême, les impacts de la dengue sur les trois garanties d'assurance impactées (décès, arrêts de travail, consultations médicales) ne devraient être que minimales.

Enfin, ce mémoire peut servir de point de départ pour d'autres études. Le modèle SEIR développé pourrait être réutilisé afin de modéliser des épidémies de Chikungunya, une maladie particulièrement invalidante. Il pourrait également constituer une première étape dans la création de modèles plus précis, intégrant des facteurs tels que l'humidité, l'altitude et la végétation.

Mots-clés : risque climatique ; maladies vectorielles ; modèle SEIR ; décès ; arrêts de travail ; consultations médicales.

Abstract

Every year, vector-borne diseases are responsible for several hundred thousand deaths. For the moment, only tropical countries are affected by these diseases, however, the situation should change in the coming decades. Indeed, global warming favors the expansion of these diseases, which are gradually moving towards Europe. While many scientists have been interested in the arrival of these diseases in France, few have studied their consequences in the field of insurance.

Thus, in this thesis, we study the financial impacts of dengue, the vector disease that spreads most rapidly in France. The results of this study are much less alarming than the only other actuarial reference on the subject. Indeed, even in the most extreme climate change scenario, the impact of dengue on the three impacted insurance guarantees (death, work stoppages, medical consultations) should be minimal.

Finally, this thesis can be used as a starting point for further studies. The developed SEIR model could be reused to model outbreaks of chikungunya, a particularly debilitating disease. It could also be a first step in creating more accurate models, integrating factors such as humidity, altitude and vegetation.

Keywords : climate risk; vector-borne disease; SEIR model; deaths; work stoppages; medical consultations.

Note de Synthèse

Les pays tropicaux sont confrontés, depuis les années 1970, à des épidémies toujours plus importantes de maladies vectorielles telles que la dengue, le chikungunya ou la malaria. Ces maladies, transmises par des vecteurs tels que les tiques, les rongeurs ou bien encore les moustiques, sont responsables de plusieurs centaines de milliers de décès par an dans ces régions. Elles posent ainsi un problème de santé public majeur, problème qui devrait dans les décennies à venir toucher d'autres régions du globe, y compris l'Europe.

Les maladies vectorielles : un risque pour la France ?

Autrefois confinées aux régions tropicales, les maladies vectorielles remontent progressivement vers l'Europe. Ce phénomène est lié à l'expansion géographique des moustiques *Aedes*, leurs principaux vecteurs. Le réchauffement climatique élargit en effet la zone géographique dans laquelle ces moustiques peuvent se développer. C'est cette augmentation des températures, qui a permis au moustique *Aedes Albopictus*, couramment appelé moustique tigre, arrivé en France dans les années 2000, de s'implanter localement. Il a depuis conquis la grande majorité du territoire français. Ce moustique pose un problème de santé publique majeur. En effet, c'est l'un des principaux vecteurs de la dengue, du chikungunya et du virus Zika. Ainsi, comme des centaines voire de milliers de cas de maladies vectorielles sont importés en France chaque année, il est désormais possible que ces maladies se propagent et s'installent durablement en France.

Il est impossible de modéliser l'ensemble des maladies vectorielles car il en existe plusieurs centaines. Ainsi, cette étude se focalisera uniquement sur la dengue. Nous avons fait ce choix pour plusieurs raisons. Tout d'abord, c'est la maladie vectorielle qui se propage le plus rapidement en France, le nombre de cas autochtones (cas contractés en France et non importés) est en effet passé de 1 à 65 par an en une décennie. La dengue est donc maintenant capable de se propager et de se maintenir localement en France. De plus, c'est une des maladies vectorielles les plus dangereuses pour la santé. Elle peut ainsi entraîner des sur-coûts pour les compagnies d'assurance. En effet, la dengue entraîne la mort dans 0,05 % des cas ([PAHO, 2020](#)), nécessite une consultation médicale dans 40% des cas et un arrêt de travail de 10 jours dans 1% des cas. De plus, la dengue peut parfois évoluer vers une forme plus dangereuse : la dengue hémorragique. Dans cette forme grave de la dengue, qui apparaît dans 1% des cas, le patient subit des hémorragies multiples et sans soins appropriés décède rapidement. Elle peut parfois également être mortelle pour les enfants de moins de 15 ans, en entraînant un syndrome de choc, c'est à dire une dégradation d'un ou plusieurs organes. Pour essayer de quantifier ce risque futur pour le secteur de l'assurance, des épidémies prospectives de dengue ont été modélisées.

Modélisation d'épidémies futures de dengue

Les modèles en compartiments sont fréquemment utilisés en épidémiologie pour modéliser la propagation des épidémies. L'un des modèles les plus courants est le modèle SIR (*Susceptible-Infected-Recovered* ou *Removed*). La population humaine est divisée en trois catégories en fonction de son état de santé. Ce modèle, bien que très pratique, est cependant trop simple pour modéliser des maladies vectorielles. En effet, il est nécessaire de modéliser les interactions entre trois acteurs : les larves, les moustiques et les humains et de tenir compte de l'effet du réchauffement climatique sur les vecteurs.

Le modèle développé, représenté FIGURE 1, inclut ces trois acteurs. Ce modèle est largement inspiré de celui de [LEE et al. \(2018\)](#), utilisé pour analyser l'effet du réchauffement climatique sur la propagation de la dengue en Corée. Pour pouvoir transposer ce modèle à la France, ce dernier a cependant dû être modifié. Si en Corée, le moustique vecteur est implanté depuis des décennies, en France, son arrivée est relativement récente. La population de moustiques n'est donc encore à son plus haut niveau et sa propagation sur le territoire français n'est pas encore achevée. Ainsi, un terme a été ajouté au modèle afin de modéliser l'arrivée de nouveaux vecteurs. Enfin, pour une meilleure précision, le modèle a été segmenté par région.

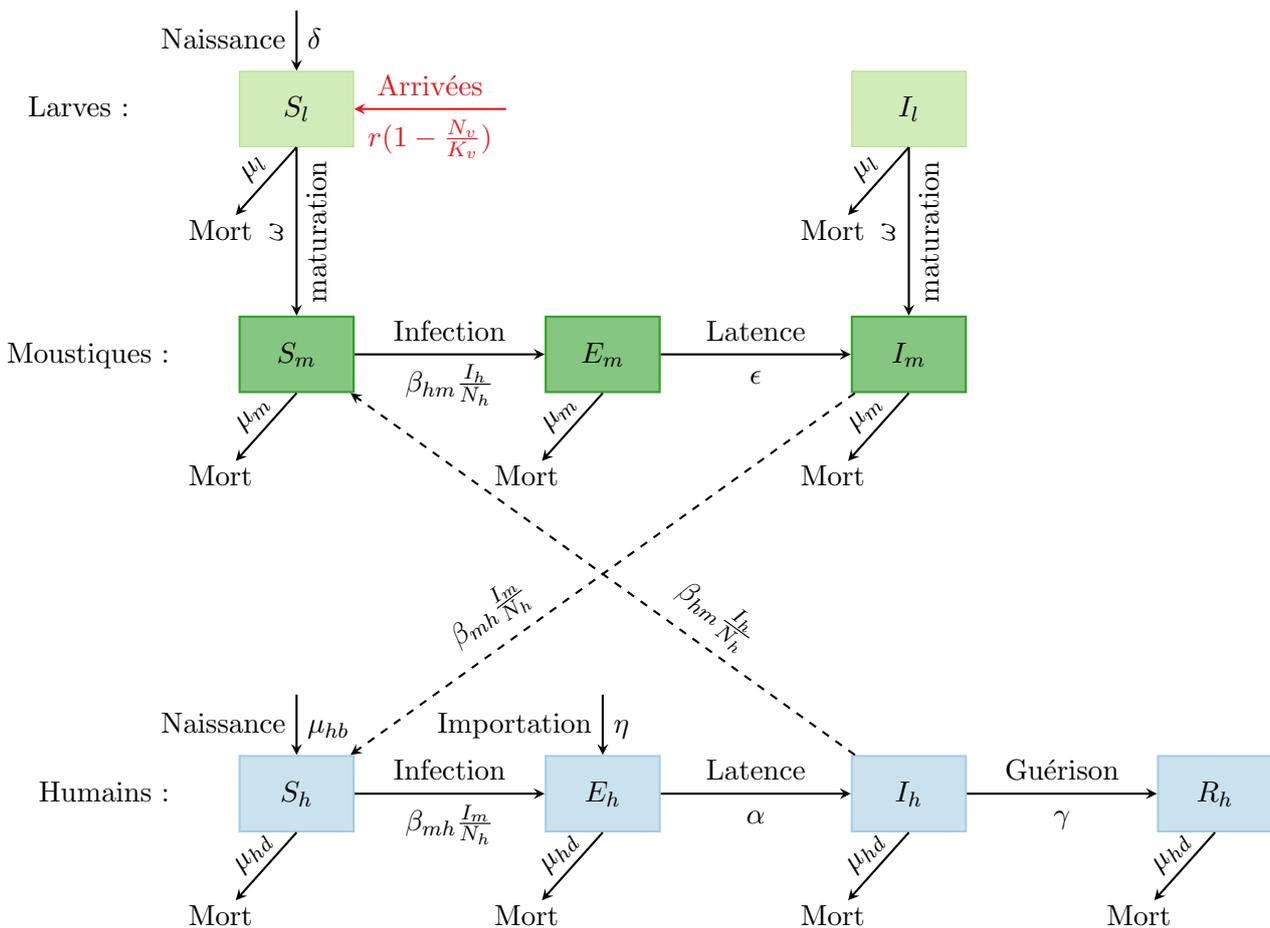


FIGURE 1 – Modèle SEIR adapté à la dengue

L'ampleur d'une épidémie de dengue est fortement influencée par la température, des températures élevées favorisant la reproduction et le développement des moustiques. Ainsi, les taux de passage du modèle ont été définis comme des fonctions de la température.

Tous les paramètres du modèle proviennent de la littérature scientifique, à l'exception des inconnues x_1 et x_2 qui ont dû être estimées. Comme il n'existe pas d'historique d'épidémies de dengue en France, la maladie n'étant pas encore endémique, des données d'un autre pays ont été utilisées. Les paramètres ont donc été calibrés à partir de données brésiliennes, estimés sur la période 2014-2016 puis validés sur la période 2017-2020. Globalement, les résultats sont satisfaisants, le modèle a correctement reproduit les épidémies de 2017 à 2020. Bien que les résultats ne soient pas parfaits d'une année à l'autre, le modèle a correctement estimé le nombre de contaminations, l'erreur totale entre le nombre de cas réels et le nombre de cas estimés par le modèle n'étant que de 0,91 %.

Pour vérifier que les paramètres estimés ne sont pas spécifiques au Brésil et que le modèle est bien transposable à un autre pays, une preuve de concept a été réalisée. Le modèle a ainsi été testé pour simuler des épidémies de dengue sur l'île de la Réunion. Le modèle a correctement reproduit les épidémies de 2018 à 2021 avec une erreur totale de 5,39%. Ainsi, cette preuve de concept a démontré la robustesse du modèle, qui peut désormais être utilisé pour la France.

Pour prendre en compte les effets du réchauffement climatique, deux scénarios de températures ont été utilisés. Développés par le GIEC, ces deux scénarios proviennent du *Global Historical Climatology Network* (GHCN, 2024). Les deux scénarios choisis sont : un scénario très pessimiste, le RCP 8.5, et un scénario très optimiste, le RCP 2.6.

Avant de lancer le modèle SEIR, les deux scénarios de température ont été brièvement analysés. Le RCP 8.5 prévoit une augmentation de plus de 4°C d'ici la fin du siècle, avec des hivers de plus en plus courts (en 2100, l'hiver à Paris pourrait durer moins d'un mois) et des canicules de plus en plus fréquentes (jusqu'à 40 jours de canicule par an). En revanche, le scénario RCP 2.6 prévoit des températures globalement stables.

À partir de ces deux scénarios, des épidémies futures de dengue ont été simulées (FIGURE 2). Dans le cadre du scénario RCP 2.6, plus de 500 000 cas de dengue sont attendus sur la période 2020-2100, contre plus de 2 250 000 pour le scénario RCP 8.5.

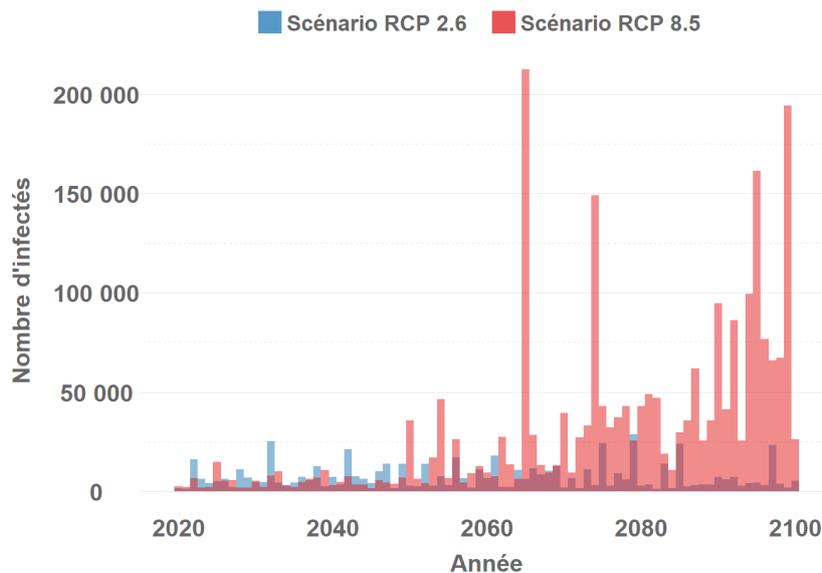


FIGURE 2 – Nombre estimé de cas de dengue par an

La France devrait subir des épidémies saisonnières de dengue, à l’instar de la grippe. Ces épidémies auront cependant lieu en été, période d’activité du moustique. Ces épidémies pourraient atteindre, lors des fortes canicules, plus de 200 000 cas par an pour le scénario RCP 8.5, et plus de 25 000 cas par an pour le scénario RCP 2.6. Le réchauffement climatique favorisera donc l’émergence d’épidémies de dengue. En effet, l’augmentation du nombre de cas sous le scénario RCP 8.5 est presque exponentielle.

Le principal défaut du modèle SEIR est sa forte dépendance aux hypothèses sur les paramètres. Pour essayer de quantifier l’incertitude autour des résultats, les paramètres ont été modélisés par des lois Bêta. Puis, le modèle a été lancé une centaine de fois afin de déterminer des intervalles de confiance. Le scénario le plus probable, c’est à dire celui avec les paramètres moyens prévoit environ 2 300 000 de cas sur la période. Le quantile 97,5 % de la distribution obtenue en prévoit 4 000 000 (presque deux fois plus) et le quantile à 2,5 % environ 1 200 000 (presque deux fois moins). Ces quantiles sont plutôt raisonnables, ce qui montre la stabilité du modèle.

Enfin, le nombre de contaminations va être utilisé pour quantifier les sur-coûts engendrés par la dengue. Les trois principales garanties d’assurance concernées sont : les décès, les arrêts de travail et les consultations médicales.

Augmentation de la sinistralité en France

Tout d’abord, les épidémies de dengue devraient, chaque année, engendrer des décès supplémentaires. Pour estimer ce nombre de décès, les projections démographiques de l’INSEE pour la période 2021-2070 ont été utilisées. En effet, la population française vieillit. Or, le taux de létalité de la dengue augmente avec l’âge. Ainsi, en considérant la population de 2020 sur l’ensemble de la période 2020-2070, on risquerait de sous-estimer le nombre de décès. Par prudence également, le scénario de température le plus pessimiste a été utilisé. Le nombre de décès annuels a alors été obtenu en multipliant le nombre d’infectés à chaque âge par le taux de létalité spécifique à cet âge. Le nombre de contaminés ayant préalablement été répartis dans chaque tranche d’âge. Le nombre de décès ainsi obtenu est présenté FIGURE 3.

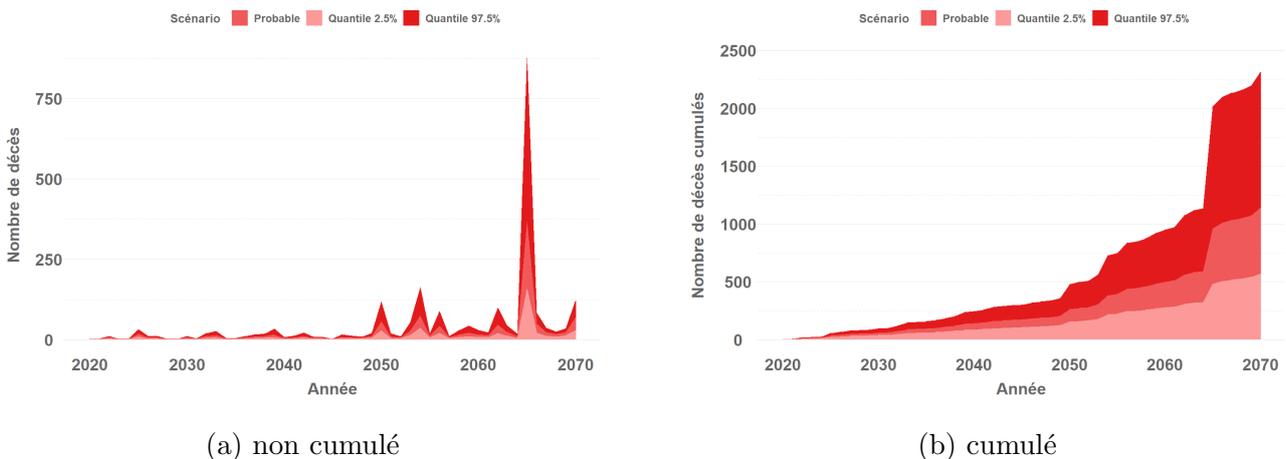


FIGURE 3 – Nombre de décès par an liés à la dengue en France

La tendance est à la hausse : si, au début, peu de décès sont observés (entre 0 et 10), ce qui correspond à la réalité actuelle, le nombre pourrait dépasser les 350 décès par an lors de fortes canicules.

Or, ces décès supplémentaires ne sont pas pris en compte dans les tables de mortalité actuelles. Pour quantifier l'impact de la dengue sur les tables, la table de mortalité prospective de l'INSEE a été ajustée. Les impacts de la dengue sur les taux sont représentés TABLE 1. Globalement, les impacts de la dengue sur la mortalité sont minimes. Avec une confiance à 97.5%, les taux de décès augmenteraient en moyenne de 0.002752 % pour les femmes et de 0.002193% pour les hommes.

	Femmes			Hommes		
	Min	Moyenne	Max	Min	Moyenne	Max
quantile _{2.5%}	0%	0.000780%	0.066779%	0%	0.000606%	0.058839%
central	0%	0.001434%	0.153437%	0%	0.001132%	0.135101%
quantile _{97.5%}	0%	0.002752%	0.366526%	0%	0.002193%	0.322505%

TABLE 1 – Pourcentage d'augmentation (minimum, moyenne et maximum) des taux de mortalité entre 0 et 90 ans

En ce qui concerne les arrêts de travail en France, la dengue devrait également avoir un impact limité. Pour le scénario probable, la dengue entraînerait plusieurs centaines d'arrêts de travail par an, ce qui correspond à une hausse de maximum 0.015% du nombre total d'arrêts de travail par tranches d'âges (FIGURE 4).

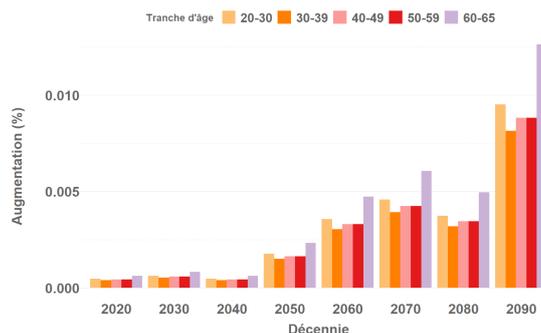


FIGURE 4 – Augmentation du nombre de personnes en ITT par an - scénario probable

Enfin, la dengue ne devrait pas non plus impacter fortement le nombre de consultations médicales en France. Les consultations supplémentaires représentent une hausse minime : l'augmentation n'est que de 0.015 % dans le cas du scénario probable et de 0.027% pour le quantile à 97.5% de la distribution. (FIGURE 5).

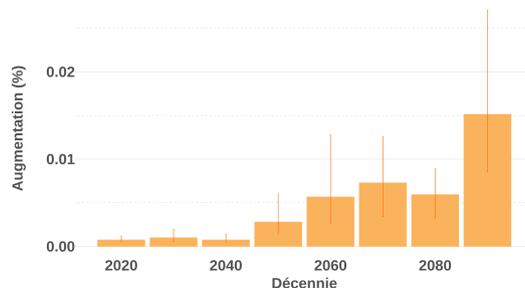


FIGURE 5 – Augmentation du nombre de consultations par an

Comparaison avec [Drif et al. \(2020\)](#)

Les résultats de cette étude ont été comparés à la seule référence disponible sur le sujet : [DRIF et al. \(2020\)](#) et offrent une perspective bien moins alarmante. Leurs estimations sont environ 100 fois plus élevées que celles trouvées ici dans le scénario probable, et 10 fois plus élevées que le quantile à 97.5 % de cette étude.

Ils estiment plus de 2000 décès par an, alors que notre modèle en prévoit entre 0 et 10. Pour l'année 2040, ils projettent également plus de 2000 décès par an, tandis que notre modèle en estime au maximum 367 pour l'année 2065. De plus, ils estiment plus de 500 000 consultations médicales par an en 2020 et plus de 1 200 000 consultations par an en 2040. En comparaison, notre étude prévoit un millier de consultations par an pour la période 2020-2029 et 36 000 à la fin du siècle. Pour les arrêts de travail, leurs prévisions sont de plus de 12 000 en 2020, alors que notre modèle en projette une quarantaine.

Il n'est cependant pas possible d'approfondir la comparaison des résultats notamment en confrontant les modèles utilisés. En effet, [DRIF et al. \(2020\)](#) n'ont pas spécifiés les hypothèses faites ainsi que les paramètres utilisés.

Pour l'instant, les résultats de notre modèle semblent plus proches de la réalité. Moins de 10 décès ont été estimés par notre modèle entre 2020 et 2024 quand [DRIF et al. \(2020\)](#) en ont estimé plus de 1000. Or, il n'y a eu aucun décès dû à la dengue recensé sur la période.

Conclusion

Ce mémoire vise à quantifier le risque des maladies vectorielles dans le secteur de l'assurance. Pour ce faire, des épidémies futures de dengue ont été simulées sous deux scénarios de réchauffement climatique. Les résultats de cette étude montrent que si le réchauffement climatique se poursuit, des épidémies régulières et importantes de dengue pourraient survenir. Cependant, avec une confiance à 97.5%, elle ne devraient pas impacter significativement le secteur de l'assurance. Ainsi, cette étude propose une perspective nettement différente et moins alarmiste que la seule référence existante sur le sujet [DRIF et al. \(2020\)](#).

Synthesis note

Since the 1970s, tropical countries have been confronted with ever-increasing outbreaks of vector diseases such as dengue, chikungunya and malaria. These diseases, transmitted by vectors such as ticks, rodents or mosquitoes, are responsible for several hundred thousand deaths per year in these regions. They pose a major public health problem, which is expected to affect other regions of the world, including Europe, in the decades to come.

Vector-borne diseases : a risk for France ?

Vector diseases, once confined to tropical regions, are gradually spreading to Europe. This phenomenon is linked to the geographical spread of *Aedes* mosquitoes, their main vectors. Global warming is expanding the geographical area in which its mosquitoes can grow. It is this increase in temperature that allowed the *Aedes Albopictus* mosquito, commonly called tiger mosquito, which arrived in France in the 2000s, to establish itself locally. It has since conquered the vast majority of French territory. This mosquito is a major public health problem, as it is one of the main vectors for dengue, chikungunya and Zika virus. Thus, as hundreds or even thousands of cases of vector diseases are imported into France each year, it is now possible that these diseases spread and settle permanently in France.

It is impossible to model all vector diseases because there are hundreds of them. Thus, this study will focus only on dengue. We made this choice for several reasons. First, it is the vector disease that spreads most rapidly in France, the number of cases indigenous (contracted in France and not imported) has indeed increased from 1 to 65 per year in a decade. Dengue is now able to spread and maintain locally in France. It is also one of the most dangerous vector diseases. It may thus lead to additional costs for insurance companies. Indeed, dengue causes death in 0.05% of cases of (PAHO, 2020), requires a medical consultation in 40% of cases and a 10-day work stoppage in 1% of cases (DRIF et al., 2020). Dengue can sometimes evolve into a more dangerous form : hemorrhagic dengue. In this severe form of dengue, which occurs in 1% of cases, the patient suffers multiple hemorrhages and without proper care dies quickly. It can also be fatal for children under 15 years of age, causing a shock syndrome, that is to say a degradation of one or more organs. To try to quantify this future risk for the insurance sector, prospective dengue outbreaks were modelled.

Modeling future dengue epidemics

Compartment models are frequently used in epidemiology to model the spread of epidemics. One of the most common models is the SIR model (*Susceptible-Infected-Recovered* or *Removed*). The human population is divided into three categories according to their state of health. This model, although very practical, is however too simple to model vector diseases. Indeed, it is necessary to model the interactions between three actors : larvae, mosquitoes and humans and to take into account the effect of global warming on vectors.

The model developed, represented by FIGURE 6, includes these three actors. This model is largely inspired by the one of [LEE et al. \(2018\)](#), used to analyze the effect of global warming on dengue spread in Korea. In order to transfer this model to France, however, the model had to be modified. While the mosquito vector has been established in Korea for decades, its arrival in France is relatively recent. The mosquito population is still at its highest level and its conquest of French territory is not yet complete. Thus, a term was added to the model in order to model the arrival of new vectors. Finally, for greater precision, the model was segmented by region.

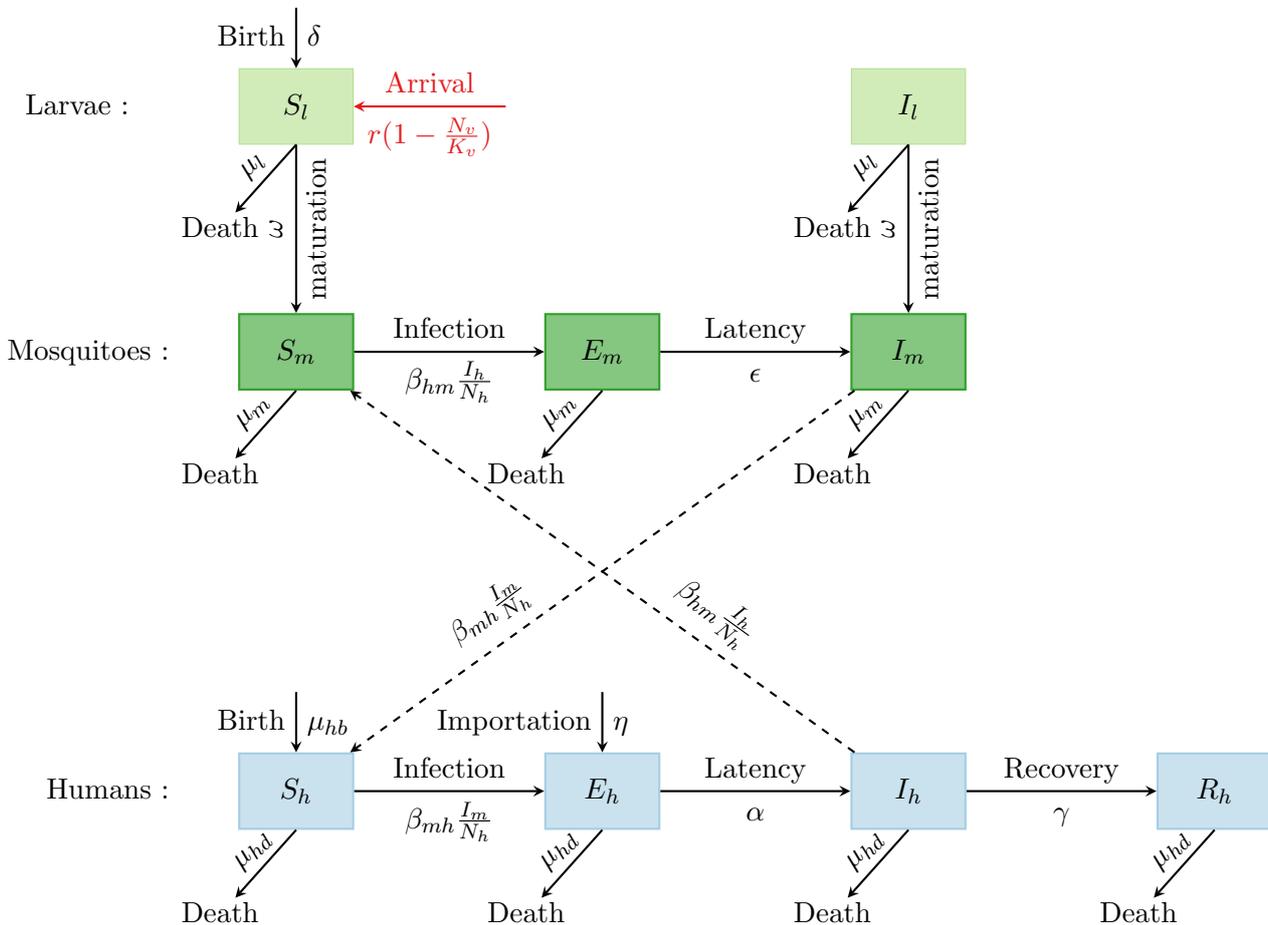


FIGURE 6 – SEIR Model Adapted to Dengue

Dengue is strongly influenced by temperature, with higher temperatures promoting the reproduction, development of mosquitoes, and transmission of the disease. Therefore, the transition rates in the model have been defined as functions of temperature.

All model parameters are from the scientific literature, except for the unknowns x_1 and x_2 , which had to be estimated. As there is no history of dengue outbreaks in France, the disease is not yet endemic, data from another country were used. The parameters were therefore calibrated from Brazilian data, estimated for the period 2014-2016 and then validated for the period 2017-2020. Overall, the results are satisfactory : the model correctly reproduced the outbreaks from 2017 to 2020. Although the results are not perfect year over year, the model correctly estimated the number of contaminations, with the total error between the number of actual cases reported by authorities and the number estimated by the model being only 0.91%.

To verify that the estimated parameters are not specific to Brazil and that the model is well transposable to another country, a proof of concept was carried out. The model was tested to simulate dengue outbreaks on Reunion Island. The model correctly reproduced the outbreaks from 2018 to 2021 with a total error of 5.39%. Thus, this proof of concept demonstrated the robustness of the model, which can now be used for France.

To account for the effects of climate warming, two temperature scenarios were used. Developed by the IPCC, these two scenarios are derived from the *Global Historical Climatology Network* (GHCN, 2024). The two scenarios chosen are : a very pessimistic scenario, RCP 8.5, and a very optimistic scenario, RCP 2.6.

Both scenarios were briefly analyzed. RCP 8.5 predicts an increase of more than 4°C by the end of the century, with increasingly shorter winters (by 2100, winter in Paris could last less than a month) and more frequent heatwaves (up to 40 heatwave days per year). In contrast, RCP 2.6 predicts globally stable temperatures.

Using these two scenarios, future dengue epidemics were modeled (FIGURE 7). For the period 2020-2100, more than 500 000 dengue cases are expected under the RCP 2.6 scenario, compared to over 2 250 000 for the RCP 8.5 scenario.

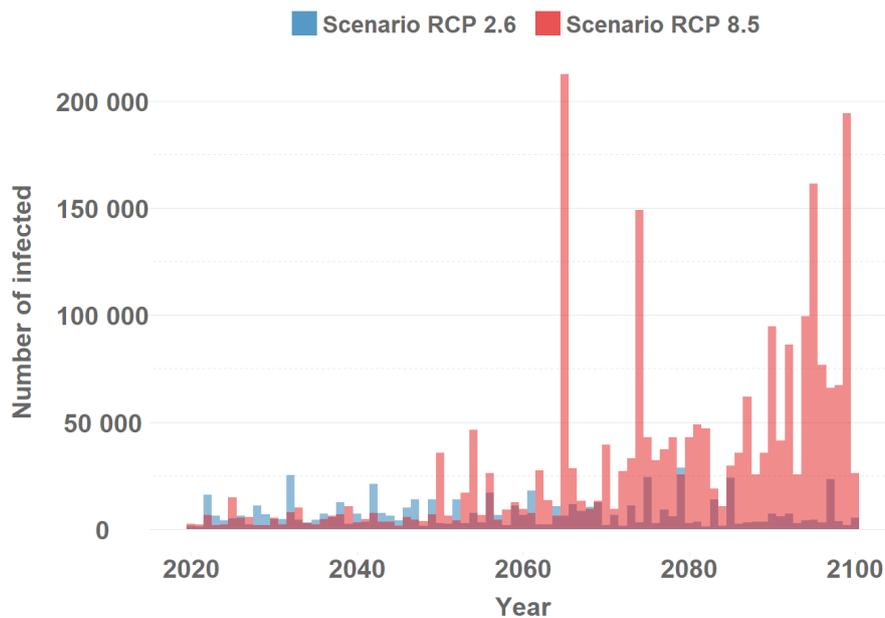


FIGURE 7 – Estimated number of dengue cases per year

France is expected to experience seasonal dengue outbreaks, such as the flu. These outbreaks will occur in the summer, when the mosquito is active. These outbreaks could reach, during severe heat waves, more than 200,000 cases per year for PCR 8.5 scenario, and more than 25,000 cases per year for PCR 2.6 scenario. Global warming will therefore promote the emergence of dengue epidemics. Indeed, the increase in the number of cases under PCR 8.5 is almost exponential.

The main flaw in the SEIR model is its high dependence on assumptions about parameters. To try to quantify the uncertainty around the results, the parameters were modelled by Beta laws. Then the model was run a hundred times to determine confidence intervals. The most likely scenario, that is to say the one with average parameters, predicts about 2,300,000 cases over the period. The 97.5% quantile of the resulting distribution predicts 4 000 000 (almost twice as much) and 2.5% quantile at about 1 200 000 (almost half as much). These quantiles are rather reasonable, which shows the stability of the model.

Finally, the number of contaminations will be used to quantify the extra costs generated for dengue. The three main insurance benefits involved are : death, work stoppages and medical consultations.

Impact on insurance claims in France

First, dengue epidemics are expected to cause additional deaths each year. To estimate the number of deaths, INSEE's demographic projections for 2021-2070 were used. Indeed, the French population tends to age. However, the lethality rate of dengue increases with age. Thus, considering the population of 2020 over the entire period 2020-2070, one would risk underestimating the number of deaths. Also for prudence, the worst case temperature scenario was used. The annual number of deaths was then obtained by multiplying the number of infected at each age by the mortality rate specific to that age. The number of persons previously infected was allocated to each age group. The number of deaths thus obtained is presented FIGURE 8.

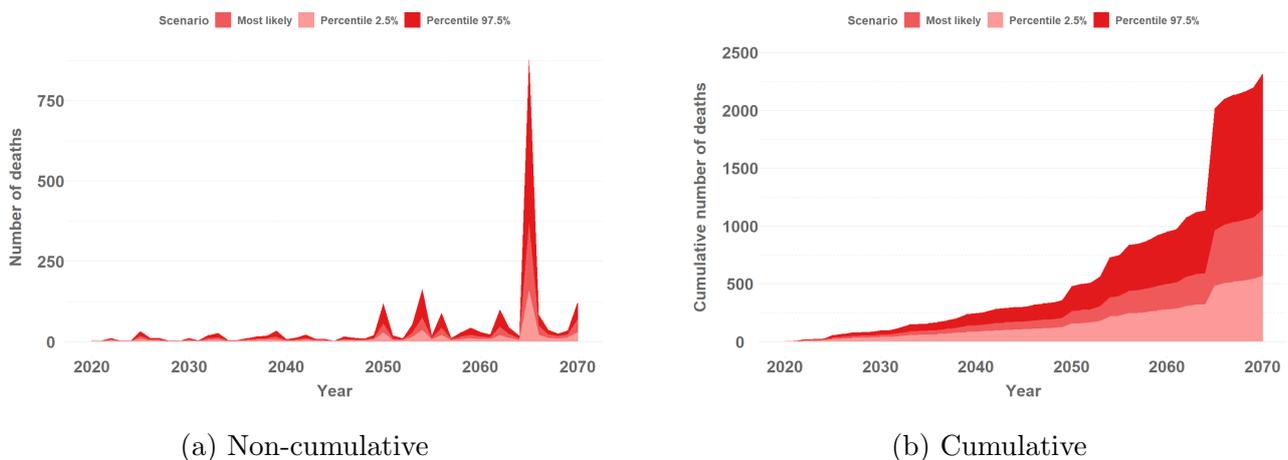


FIGURE 8 – Number of annual deaths related to dengue in France

The trend is upward : if initially, few deaths are observed (between 0 and 10), which corresponds to the current reality, the number could exceed 350 deaths per year during high heat waves.

These additional deaths are not included in the current mortality tables. To quantify the impact of dengue on the tables, the INSEE's prospective mortality table was adjusted. The impact of dengue on rates is represented TABLE 2. Overall, the impact of dengue on mortality is minimal. With 97.5% confidence, death rates would increase on average by 0.002752% for women and 0.002193% for men.

	Women			Men		
	Min	Average	Max	Min	Average	Max
percentile _{2.5%}	0%	0.000780%	0.066779%	0%	0.000606%	0.058839%
Most likely	0%	0.001434%	0.153437%	0%	0.001132%	0.135101%
percentile _{97.5%}	0%	0.002752%	0.366526%	0%	0.002193%	0.322505%

TABLE 2 – Percentage increase (minimum, average, and maximum) in mortality rates between ages 0 and 90

With regard to work stoppages in France, dengue fever is also expected to have a limited impact. Dengue fever would likely cause several hundred work stoppages per year, which corresponds to a maximum increase of 0.015% in the total number of work stoppages by age groups (FIGURE 9).

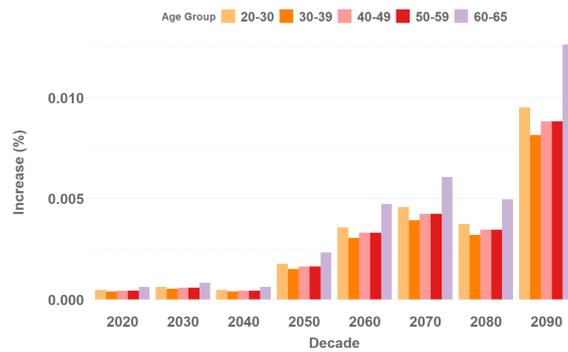


FIGURE 9 – Increase in the number of people on temporary incapacity to work per year - likely scenario

Finally, dengue fever is not expected to have a major impact on the number of medical consultations in France. Additional consultations represent a slight increase : the increase is only 0.015% in the case of the probable scenario and 0.027% for the 97.5% quantile of the distribution. (FIGURE 10).

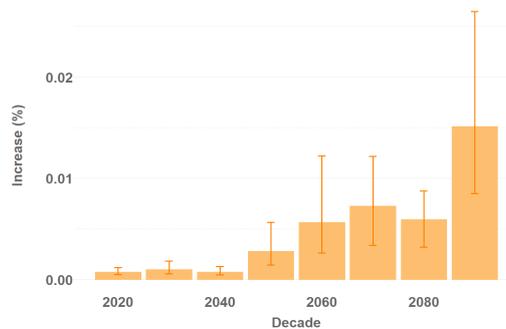


FIGURE 10 – Increase in the number of consultations per year

Comparison with [Drif et al. \(2020\)](#)

The results of this study have been compared with the only available reference on the subject, [DRIF et al. \(2020\)](#), and they offer a significantly less alarming perspective. Their estimates are approximately 100 times higher than those found here in the likely scenario, and 10 times higher than the 97.5% quantile of this study.

They estimate over 2,000 deaths per year, whereas our model predicts between 0 and 10. For the year 2040, they also project more than 2,000 deaths per year, while our model estimates a maximum of 367 for the year 2065. Furthermore, they estimate more than 500,000 medical consultations per year in 2020 and over 1,200,000 consultations per year in 2040. In comparison, our study forecasts a thousand consultations per year for the period 2020-2029 and 36,000 by the end of the century. Regarding work stoppages, their forecasts exceed 12,000 in 2020, while our model projects around forty.

However, a more detailed comparison of the results, especially in terms of contrasting the models used, is not feasible. This is because [DRIF et al. \(2020\)](#) did not disclose the assumptions or parameters underlying their model.

For now, the results of our model seem closer to reality. Fewer than 10 deaths were estimated by our model between 2020 and 2024, while [DRIF et al. \(2020\)](#) estimated over 1,000. However, no deaths due to dengue were recorded during this period.

Conclusion

This thesis aims to quantify the risk of vector-borne diseases in the insurance sector. To achieve this, future dengue epidemics were simulated under two climate change scenarios. The results of this study show that if climate change continues, regular and significant dengue epidemics could occur. However, with 97.5% confidence, they should not significantly impact the insurance sector. Thus, this study offers a distinctly different and less alarming perspective than the only existing reference on the subject, [DRIF et al. \(2020\)](#).

Remerciements

Je tiens tout d'abord à remercier Oleksandr Sorochynskyi et Frédéric Planchet pour leur encadrement tout au long de ce mémoire. Merci pour votre temps et vos conseils avisés.

Je souhaite également remercier chaleureusement toute l'équipe de Prim'Act pour leur accueil et leur bienveillance. Une pensée toute particulière pour Sébastien, Timothée et Gérard.

Merci également à toute l'équipe pédagogique du DUAS pour la qualité de leur enseignement et à Pierre-Oliver Goffard pour son suivi régulier.

Enfin, je remercie ma famille, en particulier mon parrain, ainsi que mes amis pour m'avoir soutenu tout le long de mon cursus universitaire.

Table des matières

Note de Synthèse	5
Synthesis note	11
Remerciements	17
Table des matières	19
Introduction	21
1 Les maladies vectorielles : un risque émergent en Europe	23
1.1 Les maladies vectorielles : introduction générale	23
1.2 Caractère émergent du risque	27
1.3 La dengue : une maladie tropicale en pleine expansion	33
2 Modéliser des épidémies de dengue en France	39
2.1 Sélection du modèle épidémiologique	39
2.2 Choix des valeurs des paramètres	45
2.3 Preuve de concept : Application à l'île de la Réunion	48
2.4 Prévisions climatiques en France (2020-2100)	49
2.5 Résultats des modélisations pour la France (2020-2100)	52
2.6 Construction d'intervalles de confiance	59
3 Applications assurantielles	63
3.1 Augmentation du nombre de décès	63
3.2 Impact sur les tables de mortalité	68
3.3 Augmentation du nombre d'arrêts de travail	72

3.4	Augmentation du nombre de consultations	74
3.5	Répartition de la sinistralité	75
3.6	Comparaison avec les résultats de DRIF et al., 2020	76
Conclusion		79
Bibliographie		81
	Articles de recherche	81
	Mémoires d'actuariat	84
	Webographie	84
Annexe A : Calcul du R_s		87
Annexe B : Des tableaux		91

Introduction

Contexte

«Ce que nous voyons maintenant ressemble de plus en plus à une résurgence spectaculaire de la menace de maladies infectieuses émergentes et ré-émergentes. Le monde n'est pas prêt à faire face.»

Margaret CHAN, Ex-Directrice Générale de l'OMS ([ACTION MONDIALE CONTRE L'EBOLA, 2016](#))

Comme l'a souligné Margaret CHAN, les pays tropicaux sont confrontés depuis des années à des épidémies majeures de maladies vectorielles, que ce soit des épidémies de chikungunya, de dengue ou encore de virus Zika. Cette recrudescence, qui suscite une grande inquiétude chez les populations, semblerait liée à une politique de lutte contre les moustiques insuffisante. Ces maladies représentent un problème de santé public majeur dans ces pays là, provoquant de nombreux décès et surchargeant les systèmes de santé.

Problématique

Cependant, les maladies vectorielles ne menacent plus uniquement les pays tropicaux. En effet, le réchauffement climatique ainsi que la mondialisation favorisent l'expansion géographique des vecteurs. Ainsi, des régions comme l'Europe qui étaient jadis considérées comme préservées, sont désormais menacées ([SANTÉ PUBLIQUE FRANCE, 2023b](#)). La France a par exemple connu, ces dernières années, l'émergence de ses premiers foyers épidémiques de dengue et de chikungunya ([SANTÉ PUBLIQUE FRANCE, 2023a](#)).

Cette situation nouvelle est le résultat de trois facteurs :

- L'implantation sur le territoire français du moustique tigre, l'un des principaux vecteurs de maladies telles que la dengue et le chikungunya. Arrivé par le biais du commerce en 2004, il a rapidement conquis la plupart du territoire français. Seul le nord de la France ne présente pas encore de conditions climatiques favorables à son implantation ([BENEDICT et al., 2007](#)).
- L'importation régulière de cas de maladies vectorielles sur le territoire français (plusieurs centaines par an), en provenance notamment des territoires d'Outre-mer.
- Une population ne présentant pas de réponse immunitaire préexistante et des maladies pour lesquelles il n'existe peu, voire aucun vaccin.

Le risque d'épidémies de maladies vectorielles en France devrait croître davantage dans les décennies à venir. En effet, le réchauffement climatique perturbe le comportement des moustiques vecteurs, prolongeant leur période d'activité et favorisant leur reproduction ([JIAN et al., 2023](#)).

Ces épidémies pourraient entraîner des sur-coûts pour les compagnies d'assurance. En effet, les frais liés aux décès, aux arrêts de travail et frais de soin pourraient être importants. Ainsi, des épidémies de maladies vectorielles pourraient mettre à l'épreuve la solidité financière des assureurs.

Pour quantifier ce risque émergent, cette étude se focalisera sur la modélisation d'une des maladies tropicales les plus redoutées : la dengue. En analysant son potentiel impact sur le secteur de l'assurance en France, cette étude vise à déterminer si les assureurs doivent anticiper et se préparer à ce risque.

État de l'art

La seule référence dans ce domaine est l'étude menée par les équipes d'AON ([DRIF et al., 2020](#)). Celle-ci se focalise uniquement sur la dengue et a été réalisée dans le cadre de l'exercice pilote climatique. L'objectif de ce mémoire dépasse la simple comparaison avec le modèle de [DRIF et al. \(2020\)](#), puisque l'approche choisie intègre les différences conceptuelles suivantes :

- Tout d'abord, [DRIF et al. \(2020\)](#) se concentrent exclusivement sur le scénario RCP 8.5. alors que cette étude présentera deux modélisations : une pour un scénario optimiste, le RCP 2.6, et une pour un scénario très pessimiste, le RCP 8.5.
- De plus, l'étude d'AON se focalise sur la période 2020-2050 tandis que cette étude prendra en compte une période plus étendue, de 2020 à 2100 afin de prendre en compte l'impact du réchauffement climatique à long terme.
- Enfin, le modèle conçu par les équipes d'AON considère le réchauffement global en France, avec l'idée qu'une augmentation de 1 degré de la température locale en janvier augmente la probabilité de présence du moustique de 7%. Plutôt que de se limiter à considérer le réchauffement comme une augmentation de la température, cette approche adoptera une vision saisonnière. Ainsi, le modèle pourra capter l'impact d'un été particulièrement chaud et/ou long sur la propagation de la dengue.

Méthode

Le modèle construit pour simuler des épidémies de dengue en France repose sur une adaptation du modèle de [LEE et al. \(2018\)](#). Cependant, le modèle de [LEE et al. \(2018\)](#) a été conçu pour simuler les épidémies de dengue en Corée, des ajustements ont donc dû être réalisés. En effet, si en Corée le vecteur est implanté depuis des décennies, son arrivée en France est relativement récente.

Comme la France n'a pour l'instant jamais connu d'épidémies de dengue, les paramètres du modèle ont dû être estimés à partir des données d'un autre pays : le Brésil. Pour montrer que les paramètres estimés avec des données brésiliennes sont transposables à un autre pays, le modèle va alors être testé pour l'île de la Réunion.

Puis, à partir de deux scénarios de réchauffement climatique, le RCP 2.6 et le RCP 8.5, des épidémies de dengue en France vont être modélisées.

Enfin, l'impact de futures épidémies de dengue sur le secteur de l'assurance sera quantifié. On s'intéressera à l'impact de ces épidémies sur les trois principales garanties touchées : les décès, les arrêts de travail et les consultations médicales.

Chapitre 1

Les maladies vectorielles : un risque émergent en Europe

Les maladies vectorielles, principalement présentes dans les régions tropicales, sont responsables de plus d'un million de décès chaque année (OMS, 2020). La dengue par exemple, une maladie vectorielle particulièrement redoutée, cause plus de 30 000 décès par an, un bilan sûrement sous-estimé par manque de diagnostics.

Ces maladies touchent principalement les régions autour de l'équateur : l'Amérique du Sud, l'Afrique centrale ainsi que l'Asie du Sud-Est. Cependant, avec le réchauffement climatique, ces maladies remontent progressivement depuis l'équateur, notamment vers l'Europe. Ainsi, la France pourrait, dans les décennies à venir, être confrontée à ses premières épidémies de maladies vectorielles. L'objectif de ce chapitre est de définir le contexte du mémoire. Pour cela, une brève introduction aux maladies vectorielles sera réalisée. Puis, nous nous intéresserons à la nature émergente de ce risque : comment le climat va-t-il favoriser l'arrivée de ces maladies en Europe et pour quelles raisons ces maladies représentent-elles un nouveau risque pour le secteur de l'assurance. Enfin, nous présenterons en détail la maladie sur laquelle ce mémoire se focalisera : **la dengue**

1.1 Les maladies vectorielles : introduction générale

Cette section est une introduction au concept de maladie vectorielle. L'objectif est de répondre aux principales questions entourant cette notion : qu'est ce qu'une maladie vectorielle, quelles sont les principales affections et quels sont leurs impacts sur la santé publique mondiale ?

1.1.1 Caractérisation d'une maladie vectorielle

On appelle maladies vectorielles les maladies infectieuses transmises par des vecteurs, appelés arthropodes hématophages. Ces vecteurs sont des animaux qui se nourrissent exclusivement de sang. Les plus courants sont les moustiques, les tiques, les puces ou bien encore les poux.

Trois types de maladies infectieuses peuvent être transmises par ces vecteurs :

- des maladies parasitaires (comme la malaria ou la maladie du sommeil)
- des maladies bactériennes (comme la peste, le typhus ou bien encore la maladie de Lyme)
- ou bien des virus (comme la dengue, le chikungunya ou le virus Zika)

Ces virus sont aussi couramment appelés «arbovirus», contraction de *arthropod-borne virus*

Certaines de ces maladies sont spécifiques à l'homme, c'est le cas du paludisme par exemple. D'autres, en revanche, ont des cycles de transmissions plus complexes, comprenant des vecteurs, des hôtes mais également des réservoirs comme les oiseaux, c'est le cas du virus du Nil occidental (FIGURE 1.1).

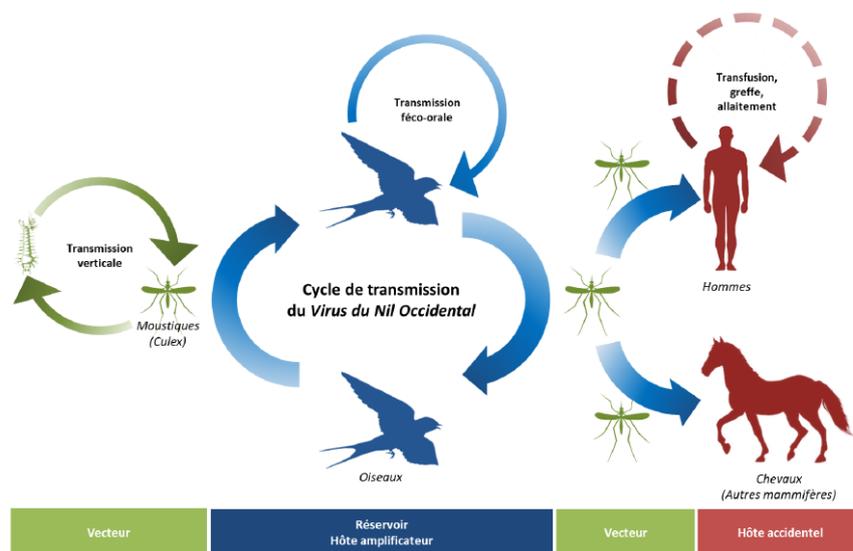


FIGURE 1.1 – Cycle de transmission du Virus du Nil Occidental ([ARS, 2022](#)).

Comme les vecteurs notamment les moustiques ont besoin de températures chaudes pour survivre, les maladies vectorielles touchent principalement les pays tropicaux. Les températures jouent donc un rôle dans la propagation et l'établissement de ces maladies mais d'autres facteurs contribuent également à cette expansion, c'est le cas du tourisme, du commerce international, du vent et pour certaines maladies, des oiseaux migrateurs et du déplacement du bétail ([EFSA, 2022](#)).

Mode de transmission des maladies vectorielles

Un vecteur peut s'infecter lorsqu'il prélève du sang sur un hôte préalablement contaminé. Ce processus est connu sous le nom d'hématophagie. Si l'hôte guérit généralement après quelques semaines, ce n'est pas le cas du vecteur qui restera infecté toute sa vie. Le vecteur peut ensuite transmettre cette infection à un nouvel hôte de plusieurs manières :

- en injectant sa salive lors d'une nouvelle piqûre (la maladie du sommeil transmise par les mouches tsé-tsé par exemple).
- pendant la piqûre certains parasites ont la capacité de migrer activement à travers le vecteur.
- lors d'une régurgitation (bactérie responsable de la peste par exemple).
- lors d'une déjection (maladie de Chagas par exemple).

Un individu infecté peut ainsi contaminer, par le biais du vecteur, plusieurs autres individus.

1.1.2 Principales maladies vectorielles

Certaines maladies vectorielles sont vieilles de plusieurs milliers d'années, les premières épidémies de paludisme par exemple, remonteraient à plus de 2700 ans avant J.-C. D'autres maladies, comme le chikungunya ont fait leur apparition au cours du XXème siècle. Il existe plus d'une centaine de maladies vectorielles. Une liste non-exhaustive de ces maladies est présentée TABLE 1.1. Celles-ci sont triées selon le vecteur et le type d'agent pathogène véhiculé (virus, parasites ou bactéries). On y retrouve notamment la dengue, infection transmise par les moustiques du genre *Aedes*, qui est la maladie étudiée dans ce mémoire.

Vecteur	Type d'agent pathogène	Maladie provoquée
Moustique <i>aedes</i>	Parasite	Filariose lymphatique
	Virus	Chikungunya Dengue Fièvre de la vallée du Rift Fièvre jaune Zika
Moustique <i>anopheles</i>	Parasite	Filariose lymphatique Paludisme
Moustique <i>culex</i>	Parasite	Filariose lymphatique
	Virus	Encéphalite japonaise Virus du Nil occidental
Escargots aquatiques	Parasite	Schistosomiase
Mouches noires	Parasite	Onchocercose
Mouches tsé-tsé	Parasite	Maladie du sommeil
Puces	Bactérie	Peste
	Ectoparasitaire	Tungose
Poux	Bactérie	Typhus fièvre récurrente à poux
Phlébotomes	Bactérie	Leishmaniose
	Virus	Virus de la fièvre à pappataci
Réduves	Parasite	Maladie de Chagas
Tiques	Bactérie	Maladie de Lyme Rickettsiose
		Fièvre récurrente (borréliose) Tularémie
	Virus	Fièvre hémorragique de Crimée-Congo Encéphalite à tiques

TABLE 1.1 – Principales maladies vectorielles (OMS, 2020).

1.1.3 Impact des maladies vectorielles sur la santé publique mondiale

Les maladies vectorielles représentent plus de 17% des maladies infectieuses dans le monde. Depuis des décennies, ces maladies posent un problème de santé publique dans les pays tropicaux.

Tout d'abord, ces maladies causent de nombreux décès, plus d'un million chaque année (OMS, 2020). La malaria, également appelé paludisme, aurait causé depuis son apparition, plus d'une centaine de millions de morts. De plus, ces infections sont particulièrement meurtrières chez les enfants. La malaria, par exemple, cause plus de 400 000 décès par an dont une majorité d'enfants de moins de 5 ans.

De plus, ces maladies représentent un facteur de comorbidité. Des maladies comme le Chikungunya, la Leishmaniose et la filariose lymphatique ont parfois des conséquences graves et durables. Elles peuvent causer des handicaps physiques, des mutilations, des cécités ou bien encore des défigurations. À ces souffrances physiques peuvent s'accompagner une stigmatisation sociale. Les femmes atteintes de Leishmaniose par exemple, sont souvent cachées ou rejetées en raison des cicatrices laissées par la maladie (SFMTSI, 2022).

Depuis 2017, la situation dans les régions tropicales s'est particulièrement détériorée. Ces pays subissent en effet des épidémies de plus en plus fréquentes et importantes de chikungunya, de dengue, de paludisme, de fièvre jaune et de Zika (FIGURE 1.2). Ces épidémies ont mises à rude épreuve les système de santé mais ont également accentué les inégalités socio-économiques. En effet, les populations les plus vulnérables se retrouvent en première ligne. Différentes explications sont proposées par (BONIFAY et al., 2017) : peu de gestion des déchets et une absence de connexion à l'eau courante, des facteurs qui peuvent entraîner une prolifération du nombre de moustiques. Ces maladies entraînent chez les plus défavorisés une baisse de productivité, renforçant ainsi le cercle vicieux de la pauvreté.

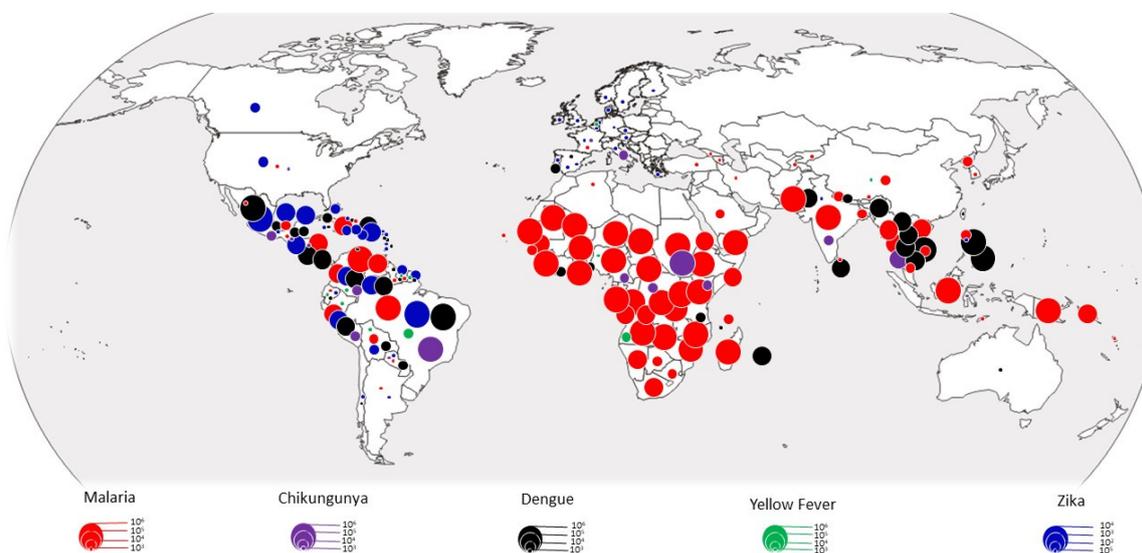


FIGURE 1.2 – Importantes résurgences de maladies transmises par les moustiques à travers le monde entre 2017 et 2019 (DAHMANA & MEDIANNIKOV, 2020).

1.2 Caractère émergent du risque

Autrefois confinées aux pays tropicaux, les maladies vectorielles, concept que nous avons développé dans une première section, devraient progressivement remonter vers l'Europe. Dans cette partie, nous chercherons à comprendre les raisons d'une telle expansion, comment des maladies autrefois confinées dans certaines régions se développent-elles au delà de leurs zones traditionnelles.

Comme le souligne le GIEC, ce phénomène est étroitement lié au réchauffement climatique. Nous analyserons donc en détail comment la hausse des températures impacte les populations de moustiques en favorisant leur expansion et en altérant leur cycle de vie. Puis, nous soulignerons les vulnérabilités spécifiques à la France, qui pourraient en faire le pays européen le plus impacté dans les décennies à venir. Enfin, nous analyserons les conséquences d'épidémies de vectorielles possibles sur le secteur qui nous intéresse, celui de l'assurance.

1.2.1 Rapports du GIEC et mise en garde

Depuis l'ère pré-industrielle (1850-1900), les températures mondiales ont augmentées de 1,1°C. Bien que les causes de cette augmentation soient multiples, elles sont sans nul doute liées aux activités humaines (GIEC, 2023). L'homme, en augmentant considérablement la quantité de gaz à effet de serre présente dans l'atmosphère, a modifié l'équilibre naturel climatique.

En fonction des mesures mises en place pour réduire le réchauffement climatique, plusieurs scénarios futurs peuvent se dessiner. Développé par le Groupe d'Experts Intergouvernemental sur l'Évolution du Climat (GIEC), ces scénarios sont appelés *Representative Concentration Pathway* (RCP) (FIGURE 1.3). A partir de ces scénarios, le GIEC évalue les conséquences économiques et humaines futures afin de guider d'éventuelles politiques.

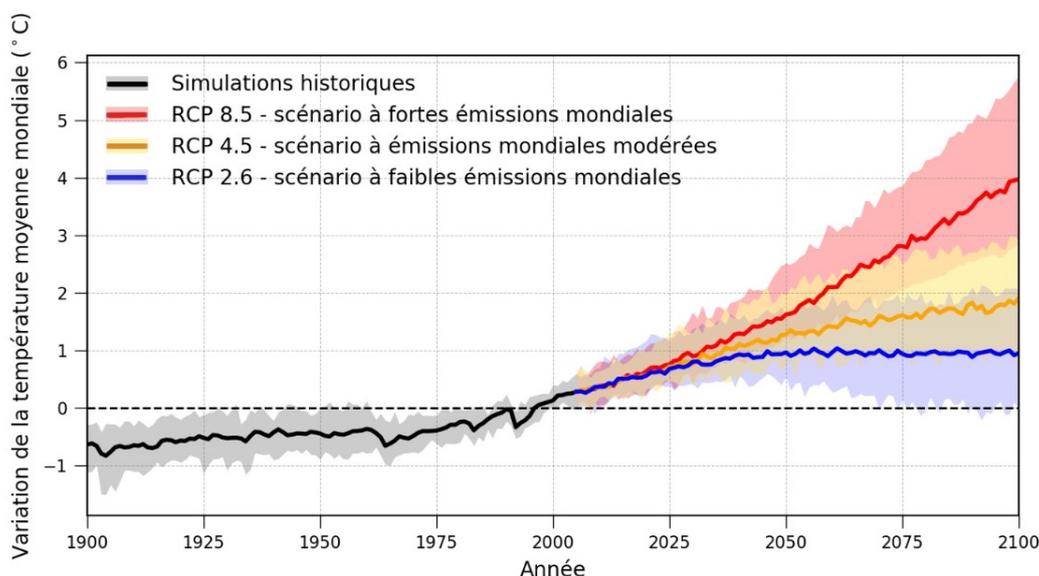


FIGURE 1.3 – Variation de la température moyenne mondiale selon différents scénarios (GOUVERNEMENT DU CANADA, 2018)

Le scénario le plus optimiste est le scénario RCP 2.6. Il prévoit en effet une réduction stricte des

émissions de gaz à effet de serre, qui limiterait le réchauffement climatique à 2°C d'ici 2100. Puis, deux scénarios intermédiaires sont proposés, le RCP 4.5 et le RCP 6.0. Sous ces deux scénarios, les émissions de gaz à effet de serres se stabiliseraient avant la fin du siècle. Le dernier scénario, le plus pessimiste, est le RCP 8.5. Surnommé «business as usual», il correspondrait à une hausse des émissions suivant le rythme actuel, soit si rien n'était mis en place afin de limiter le réchauffement climatique. Sous ce scénario, on pourrait s'attendre à une hausse des températures mondiales d'environ 3,7°C d'ici la fin du siècle.

Dans ces rapports, le GIEC recense les impacts que pourraient avoir le réchauffement climatique sur les hommes mais également sur l'ensemble des êtres vivants, les éco-systèmes... Parmi ces préoccupations, on retrouve notamment, dans le 6ème rapport du GIEC (GIEC, 2023), l'expansion des maladies vectorielles :

«Des événements météorologiques plus extrêmes ont contribué aux épidémies de maladies à transmission vectorielle chez l'homme par des effets directs sur les agents pathogènes et les vecteurs et des effets indirects sur le comportement humain et la déstabilisation des services d'urgence»

6ème rapport du GIEC (GIEC, 2023)

En effet, les experts du GIEC ont démontré que la dengue devrait, dans les décennies à venir, menacer une large proportion de la population mondiale. A horizon 2080, 1 milliard de personnes supplémentaires pourraient être exposées à la dengue pour les scénarios RCP 4.5 et RCP 6.0. En ce qui concerne le scénario RCP 8.5, ce serait 5 milliards de personnes supplémentaires qui seraient exposées à la dengue d'ici 2080.

1.2.2 Conséquences du réchauffement climatique sur la répartition géographique des vecteurs

Si les maladies vectorielles progressent vers de nouvelles régions, c'est que les conditions climatiques pour les vecteurs y sont de plus en plus favorables. En effet, les vecteurs de ces maladies (moustiques, tiques, poux) sont sensibles à la température. Les larves de moustiques ont par exemple besoin de températures chaudes pour se développer. Le réchauffement climatique élargit donc la zone dans laquelle les vecteurs peuvent évoluer, notamment les moustiques du genre *Aedes*, principaux vecteurs de la dengue et du chikungunya. C'est ainsi grâce au réchauffement climatique que *Aedes albopictus*, aussi appelé moustique tigre, a réussi à s'établir en France en 2004 avant de conquérir une large partie du territoire français.

L'invasion d'*Aedes albopictus*

Aedes albopictus, communément appelé moustique tigre, est un moustique originaire d'Asie mais qui depuis les années 70, s'est répandu sur une large partie du globe. Il s'est notamment implanté en Amérique, en Afrique et en Europe via le commerce et le stockage de pneumatiques usagés. Si cette espèce a pu s'installer de manière durable en Europe, c'est grâce à ses oeufs qui possèdent une coque imperméable, lui permettant de résister aux températures froides en hiver (REINHOLD et al., 2018) et grâce à des étés de plus en plus longs et chauds. Arrivé en France en 2004, ce moustique a pu, malgré les mesures de contrôles mises en place, coloniser une large partie de la France en seulement deux décennies (FIGURE 1.4). Seul le nord de la France ne possède pas encore de températures favorables à son établissement, bien que cette situation pourrait changer dans les années à venir.

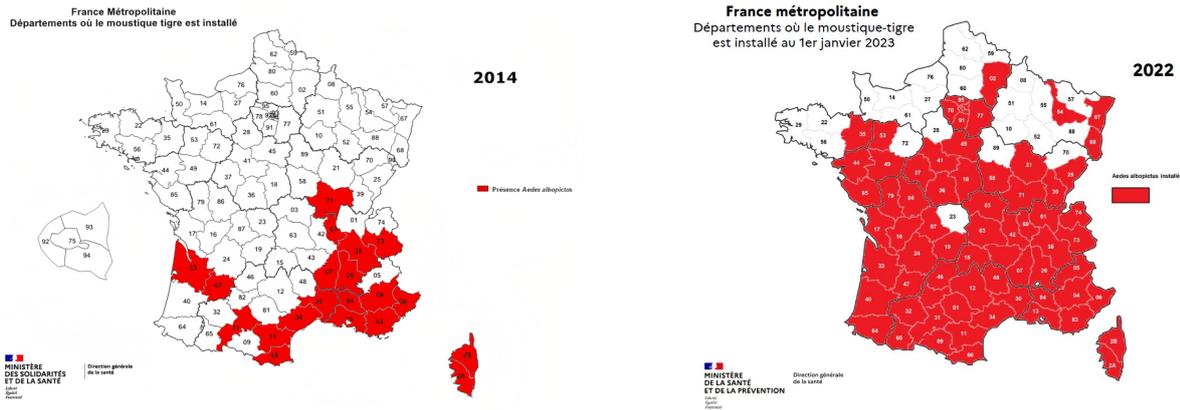


FIGURE 1.4 – Colonisation d'*Aedes albopictus* en 2014 (gauche) et en 2022 (droite)
(SANTÉ PUBLIQUE FRANCE, 2023a)

La répartition d'*Aedes aegypti*

Aedes aegypti est un autre vecteur de maladies, d'origine africaine. Si il n'est pas encore présent en France, certaines régions comme le Rhône et la Garonne offrent des conditions climatiques propices à son établissement. Ce moustique, contrairement à *Aedes albopictus*, a du mal à s'implanter dans les régions tempérées car ses oeufs ne résistent pas aux froid et à l'hiver, la population de moustiques s'éteignant alors rapidement (REINHOLD et al., 2018). LIU-HELMERSSON et al. (2019) ont cependant montré que sous un scénario de température pessimiste comme le RCP 8.5, une grande partie du bassin méditerranéen pourrait être colonisé d'ici la fin du siècle (FIGURE 1.5).

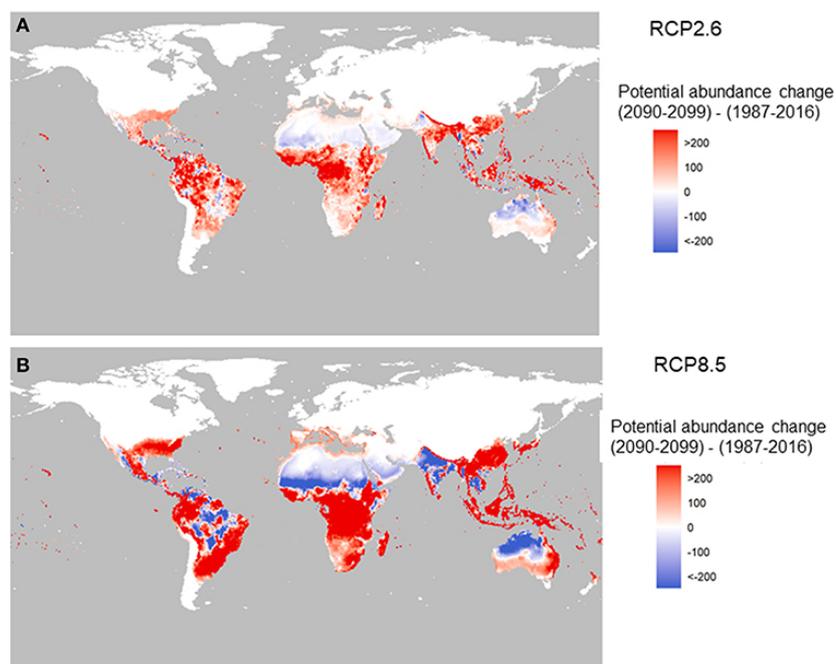


FIGURE 1.5 – Répartition potentielle d'*Aedes aegypti* au cours du XXIème siècle selon deux scénarios de réchauffement climatique (LIU-HELMERSSON et al., 2019)

1.2.3 Conséquences du réchauffement climatique sur le cycle de vie des vecteurs

Une hausse des température modifie également le cycle de vie des moustiques en favorisant leur développement, en allongeant leur période d'activité et en raccourcissant la période d'incubation du virus.

En effet, les larves de moustiques se développent plus rapidement lorsque les températures sont plus élevées. Ainsi, la population de moustique croît plus rapidement. Pour montrer ce phénomène, (JIAN *et al.*, 2023) ont soumis deux groupes de larves à des températures différentes. Le groupe de larves de moustiques exposé à des variations quotidiennes de température allant de 23 à 31°C ont montré un développement plus rapide que celles soumises à une température constante basse de 23°C. En moyenne le nombre de jours nécessaires au développement passe de 23,5 jours à 9.

De plus, les moustiques se développent en été puis se mettent en hibernation au début de l'hiver. Or, sous un scénario d'émissions élevées, les étés des régions tempérées devraient se rallonger et les hivers tendre à disparaître. Ainsi, le réchauffement climatique devrait allonger les périodes d'activités du moustique (DRIF *et al.*, 2020)

Enfin, une hausse des températures modifie également la durée d'incubation du virus, soit la durée nécessaire pour que le virus atteigne les glandes salivaires du moustique et que celui-ci devienne contagieux. En effet, (WINOKUR *et al.*, 2020) ont montré que lorsque la température est entre 25 et 28 °C, il faut environ dix jours pour qu'un moustique devienne contagieux. En revanche, si les températures sont plus élevées, la durée est de seulement 7 jours. Ainsi, par rapport à leur durée de vie, les moustiques peuvent être infectieux plus longtemps, et ainsi contaminer davantage de personnes.

1.2.4 Vulnérabilités spécifiques à la France

La France pourrait être l'un des pays européens les plus touchés par des épidémies d'arbovirus. En effet, certaines particularités territoriales, économiques et culturelles de la France pourraient augmenter le risque d'épidémies.

Tout d'abord, la France possède des territoires d'Outre-mer, territoires avec lesquels elle entretient de nombreuses relations commerciales. De nombreux produits sont par exemple importés des Antilles vers la métropole. Ainsi, comme les régions d'Outre-mer sont confrontés depuis des années à de nombreuses épidémies de dengue, de chikungunya ou de Zika, il se pourrait que de nombreux moustiques infectés soient introduits en métropole via des containers. De plus, de nombreux français réalisent des aller-retours entre les Antilles et la métropole pour des raisons personnelles ou professionnelles, ce qui peut permettre l'arrivée de nombreux cas importés.

La France, en tant que pays le plus visité au monde, accueille de nombreux touristes, notamment en provenance de pays où les maladies tropicales sont endémiques. C'est pour cette raison que l'on dénombre plusieurs centaines voire milliers de cas importés d'arbovirus en France chaque année. La France est notamment le pays européen où l'on a dénombré le plus de cas importés de dengue en 2021 (FIGURE 3.9), un nombre largement supérieur à celui de ses voisins.

De plus, la France est un pays urbanisé, avec des grandes villes qui offrent un habitat idéal pour le moustique tigre. En effet, en ville, la densité de population est très élevée et on retrouve également de nombreux récipients d'eau stagnante dans les parcs, les jardins et mêmes dans les habitations dans lesquelles des populations de moustique tigre pourraient se développer. La population française est également très mobile, ce qui peut faciliter la dispersion des arbovirus.

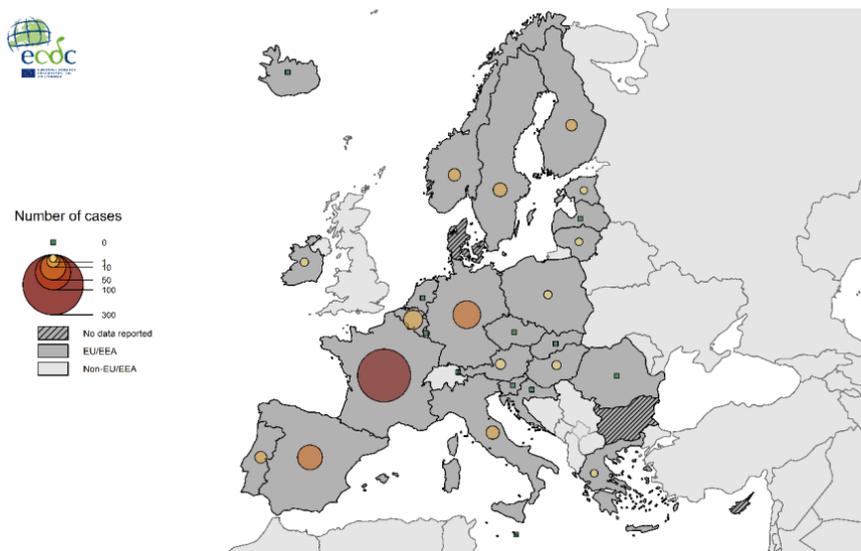


FIGURE 1.6 – Nombre de cas importés de dengue par pays en 2021 (ECDC, 2021)

Enfin, le nord de la France pourrait subir des épidémies importantes d'arbovirus car les populations locales et les services publics ne sont pas préparés à y faire face. En effet, il n'existe que peu de services de démositication dans le nord de la France, contrairement au sud où les épidémies ont pu rapidement être maîtrisées.

1.2.5 Impact sur le secteur de l'assurance français

Des épidémies d'arbovirus en France pourraient fragiliser la situation financière des assureurs, impactant à la fois l'actif et le passif des compagnies d'assurance.

Pour le passif, les risques pourraient être :

- Un nombre de décès supérieur à celui qui était attendu, notamment dans le cadre des assurances décès. Les assurance décès prévoient en effet le versement d'un capital ou d'une rente à un bénéficiaire désigné par l'assuré en cas de décès de celui-ci. Ce contrat de prévoyance vise notamment à protéger financièrement les héritiers car le décès d'un membre du foyer peut entraîner une perte conséquente de revenus. Or, certains arbovirus comme la dengue ou le paludisme sont parfois mortels. Ils pourraient donc entraîner des décès supplémentaires, non anticipés dans les tables de mortalité. Ainsi, il est possible que les décès surviennent plus tôt que ce qui avait été initialement estimé.
- des frais de soins conséquents : les garanties frais de soin d'un contrat complémentaire permettent à l'assuré de recevoir un remboursement partiel ou total pour des dépenses liées à des médicaments, des frais d'hospitalisation... Or, certains arbovirus laissent des handicaps qui persistent parfois pendant plusieurs années. C'est le cas du chikungunya notamment. Cette maladie pourrait ainsi entraîner des frais médicaux significatifs pour l'assureur.
- une augmentation du nombre d'arrêts de travail : les garanties arrêts de travail des contrats de prévoyance permettent à un individu qui ne peut plus travailler de continuer à toucher une partie de ses revenus. C'est une assurance qui vient ainsi compléter la sécurité sociale. On parle

d'incapacité lorsque la situation de l'assuré n'est pas définitive et d'invalidité lorsque l'assuré ne pourra plus jamais exercer son activité. Or, la dengue par exemple, cause un arrêt de travail de 10 jours chez 1% des infectés (DRIF *et al.*, 2020), ce qui représente, en cas d'épidémie, une charge supplémentaire pour les assureurs.

Des épidémies de maladies vectorielles pourraient également impacter le passif des compagnies d'assurance. Bien que peu probables, les risques pourraient être :

- Un risque de marché : des épidémies d'arbovirus pourraient entraîner des fluctuations et une forte volatilité des marchés financiers (Joubert & Foudhaili, 2014), comme ce fût le cas lors de l'épidémie de Covid-19. En effet, en 2020, les marchés financiers ont connu une forte baisse pendant les semaines qui ont suivi l'apparition de la maladie (Banque Transatlantique, 2023). Ce phénomène pourrait alors impacter fortement l'actif des compagnies d'assurance.
- Un risque de crédit : des épidémies d'arbovirus pourraient également, bien que ce soit peu probable, entraîner la faillite de plusieurs entreprises, notamment dans le secteur du tourisme et de la restauration. Les assureurs seraient alors confrontés à un risque de crédit accru. Les réassureurs seraient également particulièrement concernés, car ils pourraient être amenés à supporter une part importante des coûts liés à ces faillites éventuelles.

1.3 La dengue : une maladie tropicale en pleine expansion

Dans la première partie, nous avons expliqué le principe d'une maladie vectorielle et examiné les conséquences de ces maladies sur les populations tropicales. Puis, dans un second temps, nous avons vu comment ces maladies peuvent progressivement s'étendre au nord à cause du réchauffement climatique et ainsi menacer l'Europe. Dans ce mémoire, nous nous focaliserons sur une seule maladie : **la dengue**. La dengue a été choisie pour deux raisons : c'est la maladie tropicale provoquant le plus de foyers épidémiques en France ([SANTÉ PUBLIQUE FRANCE, 2023a](#)) et elle peut être mortelle. Ainsi, cette maladie pourrait représenter un gros problème de santé publique pour la France. Nous débuterons cette partie par sa présentation détaillée, puis nous étudierons son contexte historique, son mode de transmission et son arrivée en France. Ensuite, nous examinerons une période record pour la dengue en France : l'été 2022. Enfin, nous concluons en mettant en avant l'impact de la dengue sur la mortalité et la morbidité.

1.3.1 Présentation

La dengue, aussi connue sous le nom de « grippe tropicale », est une infection virale causée par le virus de la dengue (DENV), transmise par des moustiques infectés. Aujourd'hui, la dengue est très répandue et l'OMS estime qu'à peu près 50% de la population mondiale y est exposée ([OMS, 2023](#)). Chaque année, 350 millions de personnes contractent la dengue à travers le monde.

La majorité des personnes infectées par la dengue ne présentent aucun symptôme ou ne développent que des symptômes légers comme de la fièvre, des nausées, des vomissements, des éruptions cutanées ou des douleurs articulaires. Quand ces symptômes apparaissent, ils commencent 4 à 10 jours après l'infection et durent de 2 à 7 jours. Après la guérison, les personnes infectées peuvent rester fatiguées pendant plusieurs semaines.

La dengue est un arbovirus appartenant au genre *Flavivirus*, comme le virus du Nil occidental ou la fièvre jaune. La dengue se divise en quatre sérotypes (variantes) différents : DENV-1, DENV-2, DENV-3 et DENV-4. Si une personne est infectée par l'un de ces sérotypes, elle développe une immunité pour ce sérotype mais pas pour les autres. Ainsi, une personne peut être infectée par les quatre sérotypes. De plus, une deuxième infection peut entraîner des symptômes bien plus graves que la première fois. En effet, la gravité des symptômes dépend du sérotype. De récentes études ont montré que le sérotype 2 serait plus susceptible de provoquer des cas graves ([VICENTE et al., 2016](#)). Ainsi, une personne ayant acquis une immunité après avoir été infectée par les sérotypes 1, 3 ou 4 aura statistiquement plus de chances d'attraper le sérotype 2 lors d'une deuxième infection. Les infections successives par différents sérotypes de la dengue augmentent le risque de complications graves. De plus, les anticorps développés lors d'une première infection facilitent l'infection par un autre sérotype.

De nos jours, il n'y a qu'un seul vaccin autorisé dans l'Union Européenne. Bien que ce vaccin permette la prévention de la dengue pour tous ses sérotypes, son utilisation est limitée aux personnes de 6 à 45 ans ayant déjà été infectées et résidant dans des zones endémiques. En effet, pour les personnes n'ayant jamais été infectées, en particulier les enfants, ce vaccin augmente ainsi le risque de dengue grave et d'hospitalisation. Ainsi ce vaccin ne peut pas être utilisé en France pour prévenir de la dengue et n'est pas non plus recommandé pour des voyageurs se rendant en zones tropicales.

Dengue hémorragique

Dans certains cas incompris, une forme hémorragique de la dengue peut se manifester. Cette forme représente 1% des cas de dengue dans le monde (INSTITUT PASTEUR, 2021) et se caractérise par de fortes douleurs abdominales, des vomissements persistants, des saignements et une fatigue intense. Les personnes présentant ces symptômes doivent être hospitalisées d'urgence car elles peuvent subir des hémorragies multiples. Sans des soins rapides et appropriés, ces hémorragies peuvent être mortelles.

Dengue avec syndrome de choc

Pour les moins de quinze ans, il peut survenir un état de choc hypovolémique se manifestant par un refroidissement, une transpiration excessive et un pouls imperceptible, signes d'une défaillance circulatoire. Sans soins adaptés, cela peut entraîner la mort.

1.3.2 Modes de transmission de la dengue

Transmission à l'être humain

La dengue est transmise à l'homme par la piqûre d'un moustique femelle infecté. Les deux principaux vecteurs de cette maladie sont le moustique *Aedes albopictus*, aussi connu sous le nom de moustique tigre et le moustique *Aedes aegypti*.

Transmission de l'être humain au moustique

Les moustiques peuvent aussi s'infecter en piquant un humain contaminé. Ces infectés peuvent être symptomatiques, être dans un état présymptomatique ou bien être asymptomatiques. La transmission peut se faire deux jours avant l'apparition des symptômes et jusqu'à deux jours après la fin de la fièvre. Il existe un délai entre l'ingestion du virus et la transmission à une autre personne appelé « période d'incubation ». Lorsqu'il fait entre 25 et 28 °C, cette période d'incubation dure de 8 à 12 jours (OMS, 2023). Cette durée est influencée par la température ambiante ainsi que par les variations quotidiennes de températures. Enfin, une fois infecté, le moustique conservera ce virus toute sa vie et le transmettra jusqu'à sa mort.

1.3.3 Un peu d'histoire

La dengue existe depuis des centaines d'années mais elle a connu une hausse remarquable depuis les deux dernières décennies. Les cas rapportés à l'OMS ont augmenté de manière exponentielle, passant de 505 430 en 2000 à 5,2 millions en 2019 (OMS, 2023). Actuellement, la maladie est endémique (présente de manière régulière) dans une centaine de pays principalement dans la zone intertropicale située de part et d'autre de l'Équateur (FIGURE 1.7).

Longtemps, la dengue n'a été présente qu'en Asie du Sud-Est, avec 440 000 cas en Chine en 1980 et 200 000 cas en Thaïlande en 1987. Cependant, la maladie s'est propagée et a atteint l'Océan Indien, le Pacifique Sud, les Antilles françaises ainsi que l'Amérique Latine. Entre 1989 et 1993, le nombre de cas annuels recensés en Amérique latine a été multiplié par 60 par rapport à la période précédente de 1984 à 1988.

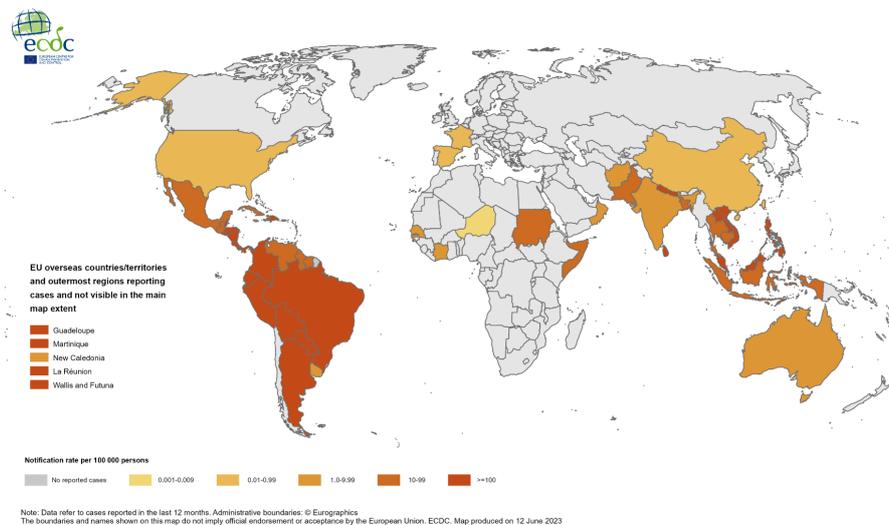


FIGURE 1.7 – Taux d’incidence de la dengue dans le monde de mai 2022 à juin 2023 (ECDC, 2023).

En 2019, une épidémie de dengue a touché plusieurs régions du globe. 3.1 millions de cas ont été recensés en Amérique dont plus de 25 000 considérés comme sévères (OMS, 2023).

La dengue continue de se propager vers de nouvelles régions dont l’Europe et les Etats-Unis où des foyers épidémiques sont observés. Pour la première fois, en 2010, des transmissions locales ont été repérées en Europe (en Croatie et en France). Cela peut montrer que la maladie est maintenant capable de se propager localement en Europe. En outre, l’île de Madère a connu en 2012 une grande épidémie de dengue avec plus de 2 000 cas recensés (INSTITUT PASTEUR, 2021).

1.3.4 Apparition de la dengue en France

Tout d’abord, pour mieux comprendre les mécanismes d’une épidémie, il faut distinguer deux types de cas : le cas importé et le cas autochtone.

Le cas importé est un patient qui a contracté le virus en dehors du territoire français, pendant un séjour dans une région où le virus est endémique (présent de manière régulière) ou épidémique (présent sur une courte période de temps). Le cas autochtone est un patient qui n’a pas voyagé en zone de circulation du virus dans les 15 jours précédant l’apparition des symptômes. Cela signifie que le virus circule de façon autonome et ne dépend plus des cas importés.

Situation en Outre-Mer

Depuis le début des années 2000, les départements et régions d’outre-mer français sont confrontés à de nombreuses épidémies d’arbovirus comme la dengue, le Zika et le chikungunya. En Martinique et en Guadeloupe, les épidémies de dengue sont récurrentes. L’une des plus importantes a eu lieu en 2020 avec plus de 57 000 cas enregistrés (FIGURE 1.8).

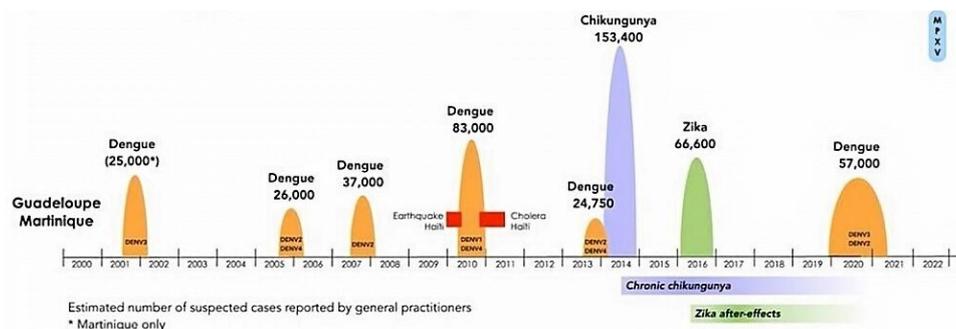


FIGURE 1.8 – Epidémies d’arbovirus en Guadeloupe et Martinique, 2000-2022 (COVARIS, 2023)

Situation en France métropolitaine

La situation est très différente en France métropolitaine où il n’y a jamais eu d’épidémie de grande ampleur. Cependant, la situation commence à changer. En effet, depuis des années, le nombre de cas importés de dengue en France augmente (TABLE 1.2), atteignant un pic en 2019 avec 2019 cas recensés. Ce pic est lié à la grande épidémie qui a touché la Guadeloupe et la Martinique cette année. En effet, deux tiers des personnes contaminées revenaient de Martinique et de Guadeloupe (SANTÉ PUBLIQUE FRANCE, 2023b).

Parallèlement, le nombre de cas autochtones de dengue par an est aussi préoccupant. Le nombre de cas signalés a progressé au fil des années : de 1 à 65 cas en 10 ans (TABLE 1.2). Cette tendance montre que la dengue circule maintenant de manière autonome en France.

Année	Cas autochtones	Cas importés
2013	1	188
2014	4	163
2015	6	127
2016	0	167
2017	0	137
2018	8	189
2019	9	657
2020	13	834
2021	2	164
2022	65	272
2023	45	2 019

TABLE 1.2 – Nombre de cas confirmés de dengue en France métropolitaine (SANTÉ PUBLIQUE FRANCE, 2023a).

1.3.5 L’année 2022 : année record des cas autochtones en France métropolitaine

En 2022, la France a connu une augmentation du nombre de cas autochtones de dengue, avec 65 cas recensés dans les régions Provence-Alpes-Côte d’Azur, Occitanie et Corse. Le nombre de cas en 2022 a dépassé le nombre total de cas identifiés entre 2010 et 2021. Parmi ces événements, six se sont produits dans des départements qui n’avaient jamais connu de foyer : en région Occitanie et en région

Corse (voir FIGURE 1.9). Deux villes des Alpes-Maritimes ont connu un évènement important : 34 cas y ont été recensés, tous faisant partie de la même chaîne de transmission (SANTÉ PUBLIQUE FRANCE, 2023a).

Parmi les 65 cas recensés cette année, aucun n'a contracté de forme grave. Cependant, 98 % des personnes contaminées ont eu de la fièvre et 75 % des maux de tête.

Cette augmentation est due à des conditions climatiques particulièrement favorables cette année. Le printemps et l'été ont été très chauds en 2022, accélérant ainsi le développement des moustiques et stimulant leur activité.

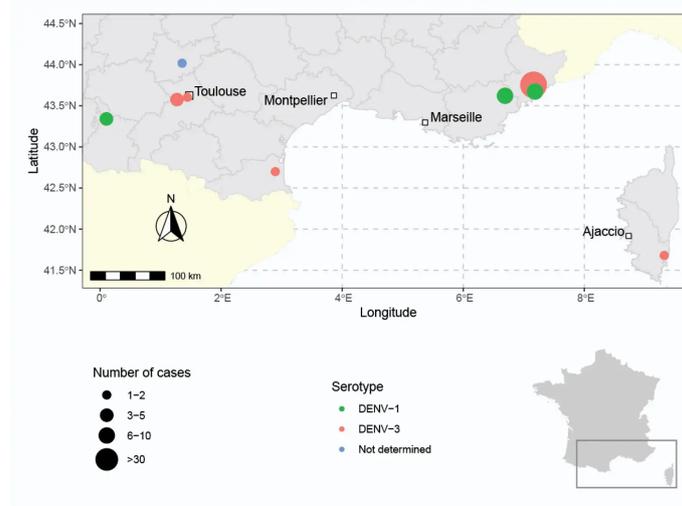


FIGURE 1.9 – Différents foyers de transmission de la dengue en France métropolitaine en 2022 (COCHET et al., 2022)

Ainsi, on observe une montée en flèche des cas autochtones de dengue en France, hausse qui semble suivre l'expansion territoriale d'*Aedes albopictus*, maintenant présent en France.

1.3.6 Impact de la dengue sur la mortalité et la morbidité

La mortalité

Selon l'OMS (2023), le nombre annuel de cas de dengue est de 50 millions, dont 500 000 cas de dengue hémorragique. On estime que dans le monde, 30 000 personnes décèdent chaque année de la dengue. Le taux de létalité de la dengue hémorragique atteint 2,5%, mais en l'absence d'une prise en charge adaptée, cela monter à 20%. Toutefois, si les services hospitaliers sont préparés, ce taux est de moins d'1%.

Concernant la France, il est difficile de prédire le taux de létalité de la dengue hémorragique. En effet, les nombreuses épidémies survenues dans les territoires d'Outre-mer permettent une bonne compréhension des symptômes et de leurs traitements, ce qui peut faire baisser le taux de létalité. Cependant, en cas d'épidémie soudaine, il se pourrait que les hôpitaux français, déjà partiellement saturés, rencontrent des difficultés à diagnostiquer et traiter correctement les patients, comme lors de l'épidémie de Covid-19.

Concernant le taux de létalité de la dengue, hémorragique ou non, il est de 0,05 % (PAHO, 2020).

Toutefois, ce taux atteint 1 % chez les personnes de plus de 80 ans.

La morbidité

Le fardeau de la dengue sur la morbidité n'est pas non plus à négliger : la dengue mène à consulter dans 40% des cas et un arrêt de travail de 10 jours est nécessaire pour 1% des infectés (DRIF et al., 2020). Comme il n'existe pas de traitements ou de vaccins efficaces pour prévenir une infection, la prise en charge médicale ne fait que soulager les symptômes comme la fièvre ou les douleurs articulaires. De plus, la dengue hémorragique nécessitant des soins intensifs, cela peut mettre en tension un système hospitalier déjà fragile. Enfin, même si peu probable, la dengue peut perturber l'organisation et l'approvisionnement en produits sanguins.

Une mesure intéressante pour se rendre compte de l'impact de la dengue sur la santé mondiale est le nombre de DALY (*disability-adjusted life years*). Cette unité utilisée par l'OMS exprime le nombre d'années de vie perdues par mortalité prématurée, par handicap ou par mauvaise santé. Par exemple en 2017, la dengue a fait perdre 2 922 630 années de vie en bonne santé soit une augmentation de 107.6% par rapport à 1990 (ZENG et al., 2021).

Conclusion du chapitre

À cause du réchauffement climatique, les maladies vectorielles, autrefois confinées aux régions tropicales remontent aujourd'hui vers l'Europe. En France métropolitaine, le nombre de cas de dengue a augmenté de manière significative au cours de la dernière décennie. Cela est étroitement lié au réchauffement climatique qui favorise l'implantation et la multiplication du moustique tigre, un des principaux vecteurs de la dengue. L'impact de la dengue va plus loin que le domaine de la santé publique. Il affecte également des secteurs comme l'assurance. En effet, les conséquences sur la morbidité et la mortalité de cette maladie sont bien établies, que ce soit des arrêts maladies, des hospitalisations, des conséquences à long terme sur la qualité de vie des individus touchés ou bien encore la mort. Afin de mieux appréhender ce nouveau risque pour le secteur de l'assurance, le deuxième chapitre de cette étude sera consacré à la modélisation d'épidémies de dengue en France.

Chapitre 2

Modéliser des épidémies de dengue en France

Comme souligné dans le premier chapitre, l'augmentation des températures va accroître le risque d'épidémie de dengue. En effet, des températures plus élevées facilitent la reproduction et le développement du moustique tigre, l'un des principaux vecteurs de la dengue. La France pourrait ainsi connaître ses premières épidémies de dengue dans les décennies à venir. Pour quantifier ce nouveau risque, un modèle SEIR avec paramètres climatiques a été développé dans ce chapitre. Il permet de modéliser des épidémies de dengue en représentant les interactions entre hôtes et vecteurs, tout en prenant en compte les impacts du réchauffement climatique. Deux scénarios de réchauffement climatique du GIEC seront utilisés dans ce modèle : le RCP 2.6 et le RCP 8.5.

Tout d'abord, le modèle SEIR choisi sera présenté section 2.1. Puis, nous justifierons le choix des paramètres (section 2.2) et expliquerons comment nous avons estimé deux d'entre eux à partir de données brésiliennes (section 2.2.2). Ensuite, une preuve de concept sera réalisée afin de montrer que le modèle est bien transposable à un autre pays (section 2.3). Enfin, après avoir validé le modèle, nous analyserons brièvement les deux scénarios de température (section 2.4) avant de modéliser des épidémies en France (section 2.5).

2.1 Sélection du modèle épidémiologique

2.1.1 Les modèles classiques en compartiments

Les modèles à compartiments représentent mathématiquement la propagation d'une maladie en séparant la population dans différents compartiments en fonction de son état de santé. Des taux de transitions permettent alors de faire varier les effectifs des compartiments. Dans ces modèles, la population est supposée homogène et réagira donc de la même manière à la maladie.

Le modèle le plus couramment utilisé est le modèle SIR (*Susceptible-Infected-Recovered* ou *Removed*). La population est répartie dans trois compartiments : S pour les individus susceptibles, ceux qui n'ont jamais contracté la maladie, I pour les infectés et R pour les individus rétablis. Un individu guéri est supposé définitivement rétabli et ne peut retourner dans le compartiment S. Le modèle SIR avec une force d'infection β et un taux de guérison γ est représenté FIGURE 2.1.



FIGURE 2.1 – Modèle SIR classique

Le passage d'un instant à un autre se fait grâce à un système d'équations différentielles. Dans le cas du modèle SIR précédent, le système d'équation est :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta IS \\ \frac{dI}{dt} = \beta IS - \gamma R \\ \frac{dR}{dt} = \gamma R. \end{cases}$$

Ces équations permettent de décrire l'évolution des populations dans chaque compartiment au fil du temps. La dérivée donne la différence du nombre d'individus de chaque compartiment.

Les modèles en compartiments sont très souvent utilisés en épidémiologie. Ils ont notamment connu un certain essor pendant la crise du Covid-19. Des chercheurs ont par exemple quantifié l'impact des mesures de contrôle en Allemagne à l'aide d'un modèle SIR (DEHNING et al., 2020).

Une autre variante très célèbre du modèle SIR est le modèle SEIR. Il possède un compartiment de plus : E pour Exposé. Ce compartiment fonctionne comme une salle d'attente avant l'apparition des symptômes. Il permet ainsi de prendre en compte la période d'incubation de la maladie.

On peut également faire un lien entre les chaînes de Markov et les modèles à compartiments. Ces deux approches présentent en effet de nombreuses similitudes. Ce sont tous les deux des modèles dynamiques qui permettent de voir l'évolution d'un système au cours du temps. De plus, dans ces deux approches, on a des états dont les transitions sont définies comme des probabilités. Cependant, les modèles par compartiments sont définis par des équations différentielles, ce qui n'est pas souvent le cas pour les chaînes de Markov.

2.1.2 Un modèle SEIR adapté à la dengue

Pour modéliser des épidémies de maladies vectorielles, il faut représenter les interactions entre trois acteurs : les larves, les moustiques et les humains. Un modèle SIR simple en trois compartiments n'est donc pas suffisant, un modèle à compartiments plus complexe a dû être développé. Pour l'instant, seul le moustique *Aedes Albopictus* est présent en France. Bien qu'un autre vecteur, *Aedes Aegeypti* pourrait également s'établir en France dans les décennies à venir (LIU-HELMERSSON et al., 2019), cela reste hypothétique. Ainsi, nous ne modéliserons qu'une seule espèce de moustique : *Aedes Albopictus*. On fait également d'autres hypothèses : la population française est répartie de manière homogène, chaque moustique a une probabilité égale de piquer un humain donné et il n'existe qu'un seul stéréotype de la dengue. Ces hypothèses simplifient grandement le modèle. Enfin, ce dernier, sera agrégé par régions françaises (métropole uniquement) pour plus de précisions.

Le modèle choisi est largement inspiré de celui de LEE et al. (2018), construit pour analyser les effets du réchauffement climatique sur la propagation de la dengue en Corée. Pour adapter ce modèle à la France, une modification importante a dû être réalisée. En effet, le modèle de LEE et al. (2018) est en circuit fermé, ce qui signifie que le nombre de vecteurs (moustiques et larves) reste constant au cours du temps. Cette hypothèse est souvent faite dans la littérature scientifique. En effet, lorsque la population de moustiques est implantée depuis des décennies, celle-ci a tendance à atteindre un

équilibre. Cette hypothèse n'est cependant pas adaptée à la France où le moustique tigre est encore en train de s'implanter sur le territoire. Un terme a donc été rajouté au modèle afin de représenter l'arrivée de nouveaux vecteurs.

Les différents compartiments du modèle SEIR développé sont :

- pour les moustiques : S_m, E_m, I_m qui correspondent respectivement aux moustiques sains, aux moustiques exposés et aux moustiques infectés.
- pour les larves : S_l et I_l qui correspondent aux larves saines et aux larves infectées.
- pour les humains : S_h, E_h, I_h et R_h qui correspondent respectivement aux humains sains, aux humains exposés, aux humains infectés et aux humains rétablis.

Les nombres totaux de moustiques, de larves et d'humains sont respectivement notés N_m, N_l, N_h . Ils sont définis tels que $N_m = S_m + E_m + I_m$, $N_l = S_l + I_l$ et $N_h = S_h + E_h + I_h + R_h$. Le nombre de vecteurs correspondant au nombre total de moustiques et de larves est noté N_v et tel que $N_v = N_m + N_l$.

Le modèle est représenté graphiquement FIGURE 2.2. Il vérifie deux caractéristiques importantes d'une maladie vectorielle. La première est que, lorsqu'un moustique pique un humain contaminé, il peut à son tour s'infecter. La deuxième est qu'un moustique infecté le reste tout sa vie et peut transmettre la maladie à ses larves avec une certaine probabilité appelée taux d'infection vertical.

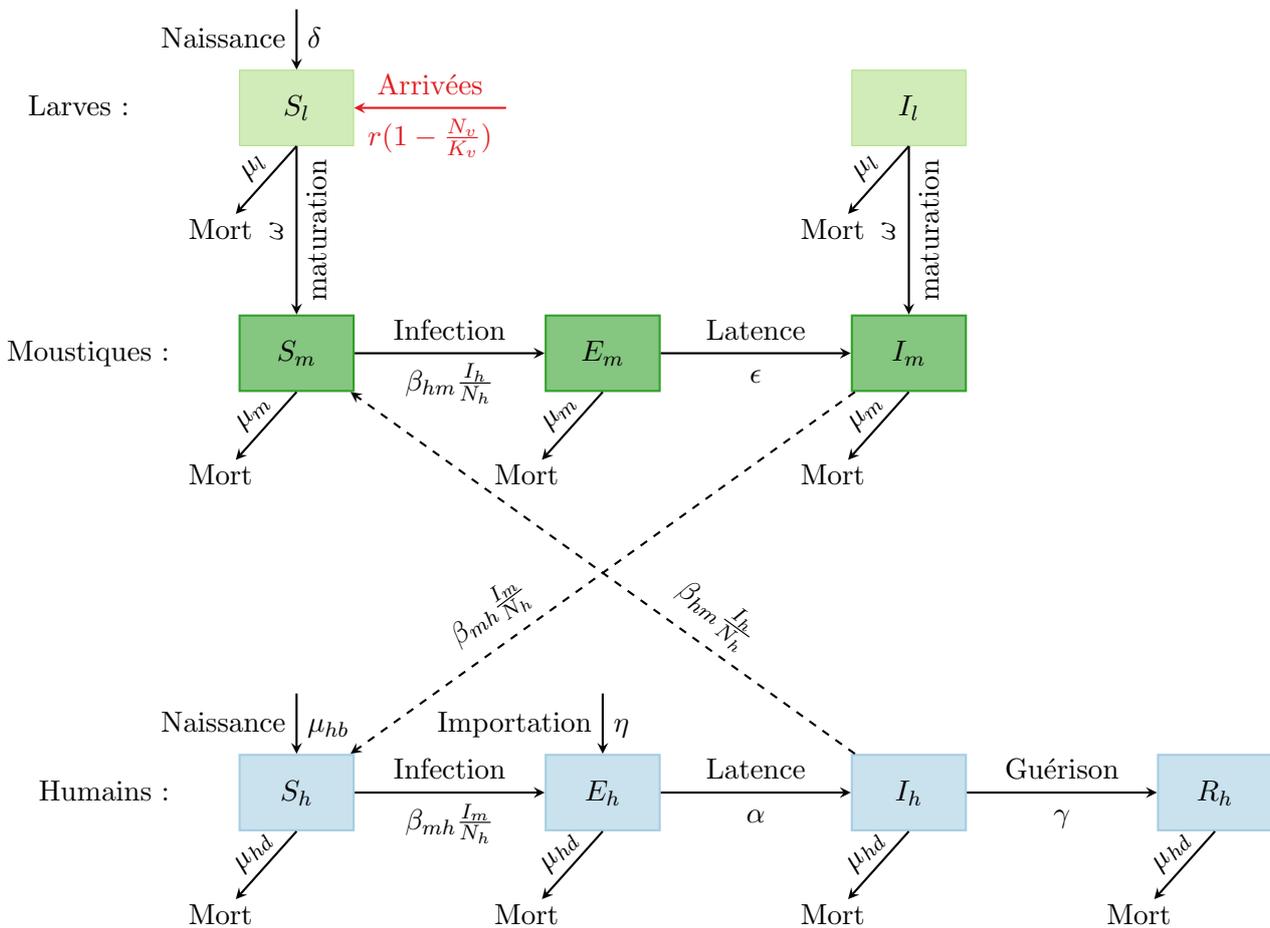


FIGURE 2.2 – Modèle SEIR adapté à la dengue

Les différents compartiments sont liés par le système de neuf équations différentielles suivant :

$$\text{Pour les larves : } \begin{cases} \frac{dS_l}{dt} = r \left(1 - \frac{N_l}{K_v}\right) S_l + \delta \left(1 - \nu \frac{I_m}{N_m}\right) - \omega S_l - \mu_l S_l \\ \frac{dI_l}{dt} = \delta \nu \frac{I_m}{N_m} - \omega I_l - \mu_l I_l. \end{cases}$$

$$\text{Pour les moustiques : } \begin{cases} \frac{dS_m}{dt} = \omega S_l - \beta_{hm} S_m \frac{I_h}{N_h} - \mu_m S_m \\ \frac{dE_m}{dt} = \beta_{hm} S_m \frac{I_h}{N_h} - \epsilon E_m - \mu_m E_m \\ \frac{dI_m}{dt} = \epsilon E_m + \omega I_l - \mu_m I_m. \end{cases}$$

$$\text{Pour les humains : } \begin{cases} \frac{dS_h}{dt} = \mu_{hb} N_h - \beta_{mh} S_h \frac{I_m}{N_h} - \eta S_h - \mu_{hd} S_h \\ \frac{dE_h}{dt} = \beta_{mh} S_h \frac{I_m}{N_h} + \eta S_h - \alpha E_h - \mu_{hd} E_h \\ \frac{dI_h}{dt} = \alpha E_h - \gamma I_h - \mu_{hd} I_h \\ \frac{dR_h}{dt} = \gamma I_h - \mu_{hd} R_h. \end{cases}$$

2.1.3 Les variables sensibles au climat

Les variables sont définies comme des fonctions de la température. Elles permettent ainsi de tenir compte de l'impact de la chaleur sur le cycle de vie et la reproduction des moustiques. La plupart de ces variables sont issues de l'étude de [LEE et al. \(2018\)](#). Seuls les taux de mortalité et de maturation des larves proviennent de [TRAN et al. \(2013\)](#). Ces variables ne sont pas liées à une région géographique en particulier et peuvent être transposées directement à la France.

Le taux de pique b est donné par :

$$b(T) = \begin{cases} 0.000202 \cdot T \cdot (T - 13.35) \cdot \sqrt{40.08 - T}, & \text{si } 13.35^\circ\text{C} \leq T \leq 40.08^\circ\text{C}, \\ 0 \text{ sinon.} \end{cases}$$

La probabilité b_h qu'un humain soit infecté par un moustique après une piqûre est donnée par :

$$b_h(T) = \begin{cases} 0.001044 \cdot T \cdot (T - 12.286) \cdot \sqrt{32.461 - T} & \text{si } 12.286^\circ\text{C} \leq T \leq 32.461^\circ\text{C}, \\ 0 \text{ sinon.} \end{cases}$$

La probabilité b_m qu'un moustique soit infecté par un humain après une piqûre est donnée par :

$$b_m(T) = \begin{cases} -0.9037 + 0.0729 \cdot T & \text{si } 12.4^\circ\text{C} \leq T \leq 26.1^\circ\text{C}, \\ 1 & \text{si } 26.1^\circ\text{C} < T \leq 32.5^\circ\text{C}, \\ 0 & \text{si } T < 12.4^\circ\text{C} \text{ ou } T > 32.5^\circ\text{C}. \end{cases}$$

Le taux d'incubation du virus ϵ est donné par :

$$\epsilon(T) = \begin{cases} -1.678 + 0.344 \cdot T - 2.422 \times 10^{-2} \cdot T^2 + 7.252 \times 10^{-4} \cdot T^3 - 7.713 \times 10^{-6} \cdot T^4 & \text{si } T \geq 10^\circ\text{C}, \\ 0 & \text{sinon.} \end{cases}$$

Le taux de maturation ω des larves est donné par :

$$\omega(T) = 0.0319 - 0.0051 \cdot T + 0.0008 \cdot T^2.$$

Le taux de mortalité μ_m des moustiques adultes est donné par :

$$\mu_m(T) = 8.692 \times 10^{-1} - 1.59 \times 10^{-1} \cdot T + 1.116 \times 10^{-2} \cdot T^2 - 3.408 \times 10^{-4} \cdot T^3 + 3.809 \times 10^{-6} \cdot T^4.$$

Le taux de mortalité μ_l des larves est donné par :

$$\mu_l(T) = \exp(-T/2) + 0.08.$$

L'ensemble de ces fonctions est représenté graphiquement FIGURE 2.3. Comme souligné dans le premier chapitre, une hausse des températures, tant qu'elle ne dépasse pas un certain seuil (environ 40°C), a un double effet. Elle accélère le développement et la reproduction des moustiques, tout en augmentant les probabilités de piqure et la vitesse d'incubation du virus.

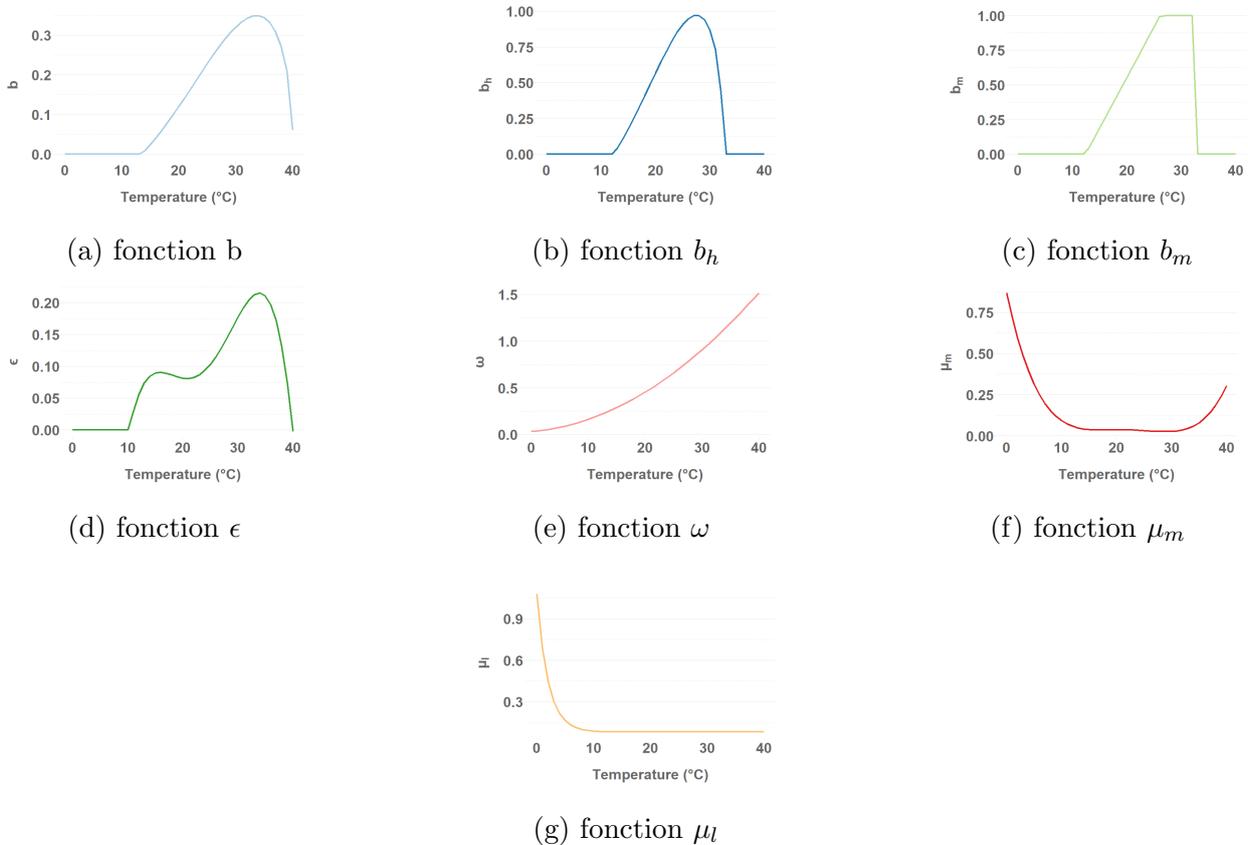


FIGURE 2.3 – Variables sensibles au climat

2.1.4 Les paramètres supplémentaires

Les paramètres non-climatiques sont décrits TABLE 2.1. Seul les paramètres K_v et r ne sont pas issus de l'étude de [LEE et al. \(2018\)](#). Ils ont été ajoutés afin de modéliser l'arrivée de nouveaux vecteurs, soit parce que la région est encore épargnée, soit parce que la population de moustiques n'a pas encore atteint son maximum.

Paramètre	Nom
ν	Taux d'infection verticale
α	Période de latence (en jours)
γ	Période de contagion (en jours)
μ_{hb}	Taux de natalité humaine (par jours)
μ_{hd}	Taux de mortalité humaine (par jours)
$N_m(0)$	Nombre initial de moustiques
$N_l(0)$	Nombre initial de larves
$N_h(0)$	Nombre initial d'humains
$\beta_{mh} = x_1 bb_h$	Infectiosité d'un moustique infectieux
$\beta_{hm} = x_2 bb_m$	Infectiosité d'un humain infectieux
x_1	Probabilité de transmission du virus moustique-humain
x_2	Probabilité de transmission du virus humain-moustique
η	Taux de cas importés (par jours)
K_v	Capacité de charge
r	Taux de croissance de la population de moustiques (par jours)
$\delta = \mu_m N_m + \mu_l N_l$	Nombre de nouvelles larves (par jours)

TABLE 2.1 – Paramètres supplémentaires du modèle SEIR

Le paramètre ν , appelé taux d'infection vertical, correspond à la probabilité qu'un moustique infecté transmette la maladie à ses larves ([DAHL et al., 2022](#))

La période de latence α et la période de contagion γ sont deux moments qui suivent la contamination par un moustique. La période de latence correspond à la période pendant laquelle l'individu est infecté mais ne développe pas encore de symptômes. Il n'est donc pas contagieux. La période de contagion commence à l'arrivée des symptômes et se termine lorsque l'individu est rétabli. Tout au long de cette période l'individu est contagieux.

Le paramètre β_{mh} , appelé infectiosité d'un moustique infectieux, correspond à la probabilité que, lors d'une piqûre, le moustique infecté transmette le virus de la dengue. De même, l'infectiosité d'un humain infectieux β_{hm} correspond à la probabilité qu'un moustique, lorsqu'il pique un humain infecté, soit contaminé par celui-ci.

Le paramètre K_v a été ajouté au modèle de [LEE et al. \(2018\)](#). Appelé capacité de charge, il mesure combien de vecteurs un environnement peut soutenir ([WHITE et al., 2011](#)). Ce chiffre est proportionnel au nombre d'humains présents ([TREJO et al., 2023](#)). Le facteur $r(1 - \frac{N_v}{K_v})$ correspond au taux de croissance de la population de moustiques en fonction de la capacité de charge. Tant que la capacité de charge n'est pas encore atteinte, la population de moustiques continuera à croître. Lorsqu'elle aura atteint ce maximum, la population se stabilisera alors.

2.2 Choix des valeurs des paramètres

Les valeurs de chaque paramètres ont pu être trouvés dans la littérature scientifique. Sauf deux paramètres, x_1 et x_2 , qui ont dû être estimés. En effet, ces paramètres sont spécifiques au modèle choisi et doivent être calibrés à partir de données d'incidence de la maladie. Comme il n'y pas d'historique d'épidémies de dengue en France, la maladie n'étant pas encore endémique, les paramètres x_1 et x_2 n'ont pas pu être estimés à partir de données françaises. Nous avons donc utilisé des données provenant du Brésil, pays où la maladie est endémique. Le jeu de donnée a été séparé en deux : une partie pour l'estimation et une partie pour la validation.

2.2.1 Paramètres tirés de la littérature

Certains paramètres de l'étude de [LEE et al. \(2018\)](#) ont été gardés, tandis que d'autres ont nécessité des ajustements. Parmi ces ajustements, les paramètres démographiques ont dû être adaptés à la France, tout comme le nombre de cas importés.

Paramètre	Nom	Valeur	Source
ν	Taux d'infection verticale	0.004	LEE et al. (2018)
$\frac{1}{\alpha}$	Période de latence	5	LEE et al. (2018)
$\frac{1}{\gamma}$	Période de contagion	7	LEE et al. (2018)
μ_{hb}	Taux de natalité humaine	0.0000277	INSEE (2024b)
μ_{hd}	Taux de mortalité humaine	0.0000258	INSEE (2024a)
$N_h(0)$	Nombre initial d'humains	67 000 000	INSEE (2024c)
η	Taux de cas importés	$\frac{1000}{365N_h(0)}$	DRIF et al. (2020)
K_v	Capacité de charge	$1.5 \cdot N_h(0)$	LIU-HELMERSSON et al. (2016)
r	Taux de croissance de la population de moustiques	0.000932	SEDDA et al., 2020

TABLE 2.2 – Valeurs des paramètres pour la France

En ce qui concerne $N_l(0)$ et $N_m(0)$, les nombres initiaux de moustiques et de larves, ceux-ci ont été calculés à l'échelle régionale pour plus de précision. Les taux de présence du moustique *Aedes Albopictus* par région proviennent des sites des Agences Régionales de Santé. Ils sont représentés [FIGURE 2.4](#).

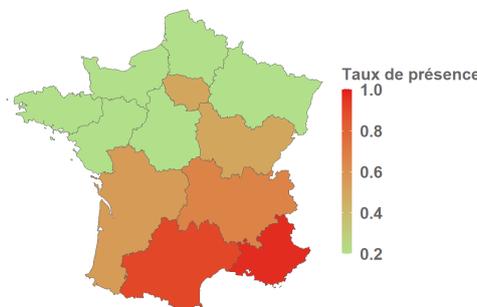


FIGURE 2.4 – Taux de présence du moustique *Aedes Albopictus* en France

Ensuite, les nombres de moustiques et de larves initiaux, $N_l(0)$ et $N_m(0)$ vont être estimés de la manière suivante :

- On fait l’hypothèse que lorsque la population de vecteurs a atteint son maximum, il y a 1.5 vecteurs (1 moustique et 0.5 larve) par humain. Cette hypothèse est souvent faite dans la littérature, comme dans les modèles de [LEE et al. \(2018\)](#) et de [LIU-HELMERSSON et al. \(2016\)](#).
- Ainsi, pour obtenir les nombres $N_m(0)$ et $N_l(0)$ pour chaque région, on multiplie le taux de présence régional, p_i , par respectivement $N_h(0)$ et $\frac{1}{2}N_h(0)$

Enfin, pour modéliser à l’échelle régionale, il faut ajuster les paramètres démographiques. Tout d’abord, le nombre d’humains $N_h(0)$ devra être modifié. Les données par régions proviennent de l’Institut National d’Études Démographiques ([INED, 2024](#)). De même, on supposera que les 1000 cas de dengue importés annuellement en France sont répartis de manière uniforme entre les différentes régions.

2.2.2 Estimation des paramètres x_1 et x_2 à partir de données brésiliennes

Comme les inconnues x_1 et x_2 sont spécifiques au modèle, elles ne peuvent être déduites de la littérature scientifique. Pour estimer ces paramètres, des données brésiliennes ont été utilisées. En effet, la France n’a jamais connu d’épidémie de dengue, le nombre de cas annuel est donc trop faible pour que des paramètres puissent être estimés. Ainsi, nous avons préféré utiliser des données du Brésil, pays où la dengue est endémique. De plus, ce pays possède un historique complet, facilement accessible.

Pour réaliser ces estimations, deux jeux de données ont été utilisés :

- Des données de température journalières entre 2014 et 2019 pour le Brésil ([GHEN, 2024](#)). Une moyenne de différentes stations a été réalisée.
- Un historique du nombre de cas de dengue par semaine entre 2014 et 2019 au Brésil ([PAHO, 2024](#)).

Les paramètres μ_{hb} , μ_{hd} et $N_h(0)$ spécifiques au Brésil valent respectivement 0.0000346, 0.0000208 et 203 000 000. Ils ont été estimés à partir de données démographiques. On suppose que η , le taux de cas importés vaut 0. En effet, la dengue est endémique au Brésil, ce ne sont donc plus les cas importés qui déclenchent des épidémies. De plus, comme les populations de moustiques *Aedes* sont établies depuis des années au Brésil, on peut supposer, que comme en Corée ([LEE et al., 2018](#)), la population est stable et a atteint son équilibre. La population de larves est donc égale à la capacité de charges et on estime qu’il y a un moustique par humain. Ainsi, on suppose que $N_m(0) = N_h(0)$ et que $N_l(0) = \frac{1}{2}N_h(0)$. On suppose également qu’aucun moustique infecté n’est présent à l’instant 0.

Nous avons séparé le jeu de données en deux périodes : une période de 2014 à 2016 et une période de 2017 à 2020. L’estimation de x_1 et x_2 a été réalisée sur la période de 2014 à 2016 puis le modèle a été testé sur la période suivante, de 2017 à 2020.

Pour estimer x_1 et x_2 , les étapes sont :

- Pour une valeur de x_1 et x_2 fixée, on peut résoudre le système d’équations grâce à la fonction `ode` sur `R`. Cette fonction permet de résoudre un système d’équations différentielles. On obtient alors les valeurs des compartiments du modèle SEIR à chaque instant.
- On en déduit l’incidence quotidienne c’est à dire le nombre de nouveaux cas par jour. Elle est définie par $\alpha E_h(t - 1)$ avec t le jour. Ces cas simulés sont ensuite regroupés par semaine.
- Enfin, les paramètres du modèle sont ajustés aux données observées en utilisant la méthode des moindres carrés. Pour cela, la fonction `optim`, une fonction d’optimisation de `R`, est utilisée. On cherche les valeurs de x_1 et x_2 qui minimisent l’écart quadratique entre le nombre de cas hebdomadaires simulés et le nombre de cas hebdomadaires réels.

Ainsi, nous avons estimé $x_1=0.169$ et $x_2=0.739$.

2.2.3 Validation du modèle pour le Brésil

Les valeurs de x_1 et x_2 , estimées sur la période 2014-2016 vont maintenant être testées sur la période 2017-2020. L'objectif est d'évaluer la capacité prédictive du modèle. Si le modèle avec les estimations de x_1 et x_2 reproduit correctement les épidémies de 2017 à 2020, alors ces estimations sont généralisables à d'autres périodes.

Le modèle SEIR a donc été lancé sur la deuxième partie du jeu de données, la période 2017-2020, en prenant pour x_1 et x_2 les valeurs estimées précédemment. Les conditions initiales sont exactement les mêmes que pour l'estimation : $N_m(0) = N_h(0)$ et $N_l(0) = \frac{1}{2}N_h(0)$. On suppose également, comme pour l'estimation, qu'il n'y a aucun moustique infecté à l'instant 0.

L'incidence quotidienne, qui correspond au nombre de nouveaux cas par jours, a été calculée puis ensuite regroupée par semaine. Les résultats sont représentés dans la FIGURE 2.5.

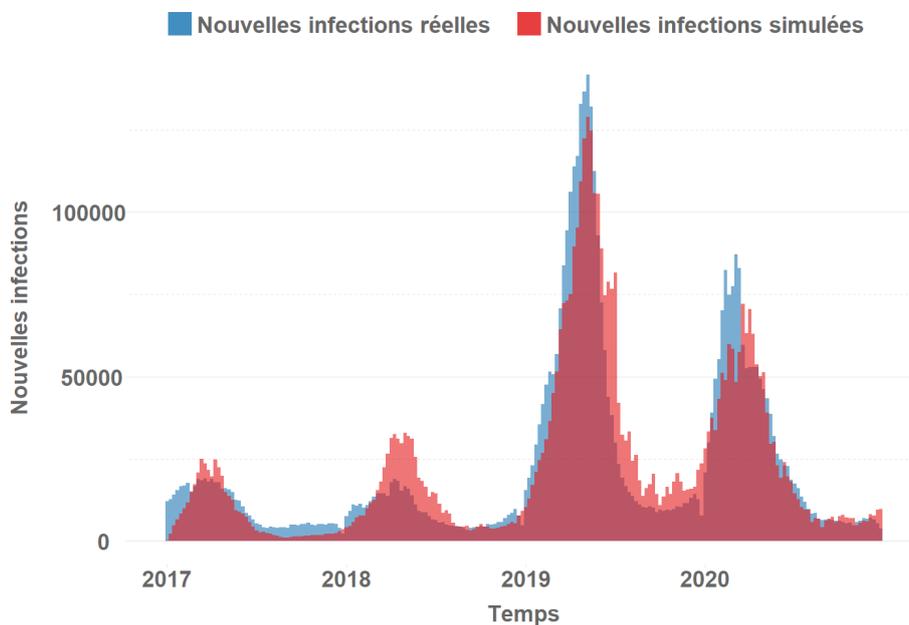


FIGURE 2.5 – Résultats des modélisations pour le Brésil

Les erreurs relatives du modèle ont été calculées TABLE 2.3. L'erreur relative correspond à la différence entre le nombre de nouvelles infections total et le nombre d'infections réellement recensées. Elle permet donc d'évaluer la qualité du modèle.

Année	2017	2018	2019	2020	Total
Erreur relative	-26.14%	36.62%	-4.42%	-6.40%	0.91%

TABLE 2.3 – Erreurs relatives pour l'incidence cumulée

Globalement, le modèle reproduit correctement les épidémies de 2017 à 2021. Si on prend les prévisions années par années, les résultats ne sont pas parfaits (jusqu'à 36% d'erreur en 2018). Cependant, le modèle reproduit correctement les tendances et les erreurs se compensent entre les années, ainsi l'erreur totale entre le nombre de cas estimés sur les quatre années et le nombre réellement observé n'est que de 0.91%.

2.3 Preuve de concept : Application à l'île de la Réunion

Pour montrer que le modèle choisi est capable de s'adapter à un environnement écologique, économique et social différent du Brésil, le modèle a été exécuté pour l'île de la Réunion. Cela permet de vérifier que les paramètres estimés pour le Brésil peuvent être utilisés avec précision dans d'autres pays.

Les données utilisées pour cette preuve de concept sont :

- Un jeu de données de température journalières entre 2018 et 2021 pour l'île de la Réunion (GHCN, 2024).
- Un historique du nombre de nouveaux cas de dengue par an entre 2018 et 2021 pour l'île (HAFSIA et al., 2022).

Les paramètres μ_{hb} , μ_{hd} et $N_h(0)$ pour l'île de la Réunion ont été calculés à partir de données démographiques. Ils valent respectivement 0.0000410, 0.0000189 et 859 959. Les conditions sont les mêmes que pour le Brésil : la population de moustiques est stable et a atteint son équilibre (YAKOB & CLEMENTS, 2013). En effet, les moustiques du genre *Aedes Albopictus* ont depuis longtemps colonisé l'île. Les valeurs initiales sont donc : $N_m(0) = N_h(0)$ et $N_l(0) = \frac{1}{2}N_h(0)$. Le taux de cas importés η est fixé à 10 (HAFSIA et al., 2022). On suppose aussi qu'il n'y a aucun moustique infecté à l'instant 0.

Le modèle SEIR a été appliqué pour les années 2018 à 2021 en utilisant les estimations $x_1 = 0.169$ et $x_2 = 0.739$. L'année 2020 a été exclue de l'analyse car le nombre de cas réels semblait incohérent, probablement en raison de l'épidémie de Covid-19 : de nombreuses personnes présentant des symptômes grippaux ont probablement attribué ces symptômes au Covid-19.

La TABLE 2.4 regroupe les résultats des modélisation :

Année	Cas estimés	Cas réels
2018	5 135	6 770
2019	20 571	18 217
2021	25 919	29 577

TABLE 2.4 – Nombre de cas de dengue estimés et observés pour l'île de la Réunion

Le modèle avec les paramètres estimés à partir de données brésiliennes a reproduit correctement les épidémies de dengue entre 2018 et 2021 sur l'île de la Réunion. Bien qu'il présente de légères sur-estimations ou sous-estimations, les écarts ne sont pas significatifs.

Ainsi, une nouvelle fois, le modèle a reproduit les tendances observées. L'erreur totale pour les quatre années n'est que de 5.39%, ce qui est plutôt satisfaisant.

Cette preuve de concept a donc démontré la robustesse des estimations mais aussi la capacité du modèle à être généralisé. Il pourra donc être utilisé pour modéliser des épidémies de dengue en France.

2.4 Prévisions climatiques en France (2020-2100)

Les épidémies de dengue en France vont être modélisées sous deux scénarios de réchauffement climatique du GIEC, le scénario le plus optimiste, le RCP 2.6 et le scénario le plus pessimiste, le RCP 8.5. Les deux jeux de températures proviennent du *Global Historical Climatology Network daily* (GHCN, 2024). Ils contiennent les températures quotidiennes entre 2020 et 2100 pour douze grandes villes françaises. Cette section sera consacrée à l'analyse de ces deux scénarios. En effet, trois impacts du réchauffement climatique ont été identifiés : une augmentation globale des températures, un allongement des périodes estivales et des canicules de plus en plus fréquentes.

Ces trois conséquences du réchauffement climatique auront chacune un impact sur la propagation de la dengue en France. Tout d'abord, l'augmentation des températures favorisera la reproduction et le développement du moustique tigre, favorisant ainsi son implantation en France. Ainsi, des régions comme le nord de la France, qui n'étaient jusqu'à là pas colonisées, pourraient l'être dans les décennies à venir. De plus, l'allongement des périodes estivales impactera la durée des épidémies, en prolongeant la périodes d'activité du moustique. Enfin, des années particulièrement caniculaires causeront des épidémies de plus grande ampleur.

2.4.1 Une hausse globale des températures

Le réchauffement climatique entraîne une hausse de la température à la surface du globe. Au cours du dernier siècle, la température moyenne mondiale a déjà augmenté d'environ 1°C. Certaines régions sont plus impactées que d'autres, par exemple la France a été particulièrement touchée avec une augmentation de plus de 1,5 degrés sur son territoire (PINCEMIN, 2021).

Les températures moyennes annuelles en France sur la période 2020-2100 ont été calculées pour les deux scénarios de réchauffement climatique. Pour ce faire, la moyenne des douze stations météorologiques a été utilisée. Les résultats sont présentés (FIGURE 2.6). Les deux scénarios montrent des tendances radicalement différentes : pour le scénario le plus optimiste, le RCP 2.6, la température moyenne reste globalement stable tandis que pour le scénario RCP 8.5 les températures augmentent très rapidement. On pourrait alors s'attendre à une augmentation de plus de 4 degrés d'ici la fin du siècle. La France risquerait donc d'être plus touchée par ce phénomène que d'autres pays du globe. En effet, le GIEC (GIEC, 2023) prévoit pour ce scénario une augmentation de la température mondiale de 3,7 degrés.

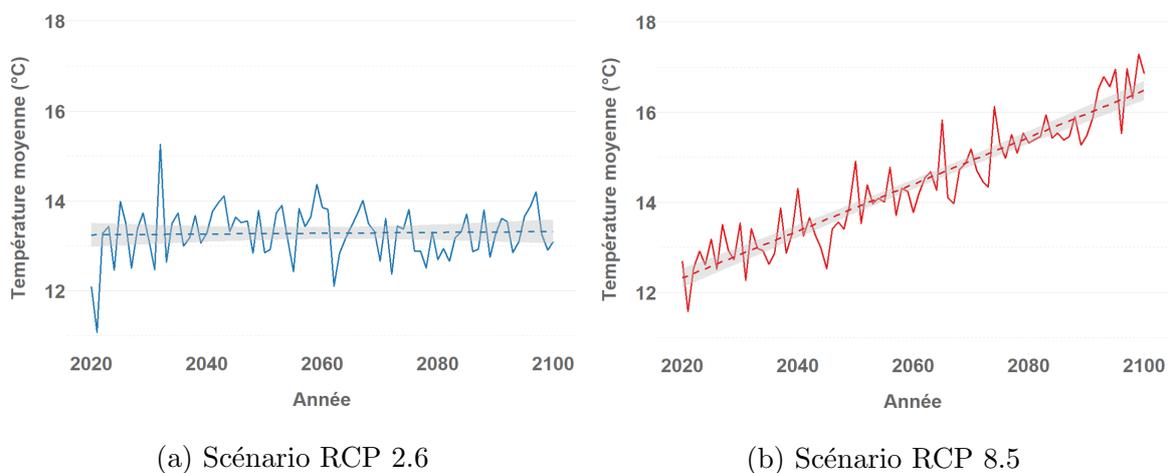


FIGURE 2.6 – Température moyenne annuelle en France métropolitaine de 2020 à 2100

2.4.2 Allongement des périodes estivales

Il existe plusieurs manières de définir les saisons :

- en utilisant l’astronomie : les saisons sont calibrées par rapport aux solstices (jours les plus longs ou les plus courts de l’année) et aux équinoxes (les moments où la durée du jour et de la nuit est la même partout sur la planète).
- un utilisant la météorologie : les saisons sont définies à partir des températures.
- en fixant des dates du calendrier.

Depuis les années 50, la France connaît des étés de plus en plus longs. [PEÑA-ORTIZ et al. \(2015\)](#) ont notamment démontré que sur la période 1950-1972, l’été en Europe s’est allongé d’en moyenne 2,4 jours par décennie. Ce phénomène s’est même amplifié à partir de 1972 avec plus de 6,3 jours d’été supplémentaires par décennie. Or, en France, les saisons sont définies de manière astronomique en fonctions des solstices d’été et d’hiver, ce qui ne permet pas de prendre en compte les effets du réchauffement climatique.

Pour comprendre l’ampleur de ce phénomène dans les décennies à venir, les durées de chaque saisons pour nos deux scénarios de températures ont été calculées. Pour ce faire, les saisons ont été définies de manière météorologique, en fonction de la température, suivant l’approche de [WANG et al. \(2021\)](#). L’été commence lorsque la température dépasse le 75ème centile de la température moyenne sur la période 1950-2020 et se termine lorsque la température redescend en dessous du 75ème centile. De la même façon, l’hiver commence lorsque la température descend en dessous du 25ème centile et se termine lorsque la température repasse au dessus. L’automne et le printemps sont alors définis comme les transitions entre ces deux périodes. Pour calculer les seuils, les températures quotidiennes ont été lissées à l’aide d’une régression locale. Ainsi, les résultats ne seront pas biaisés par une température anormale un certain jour, qui ne serait pas liée à l’arrivée d’une nouvelle saison.

Les dates de début et de fin de chaque saison ont été calculées pour les deux jeux de données. Les proportions de périodes hivernales et estivales en ont ainsi été déduites (FIGURE 2.7).

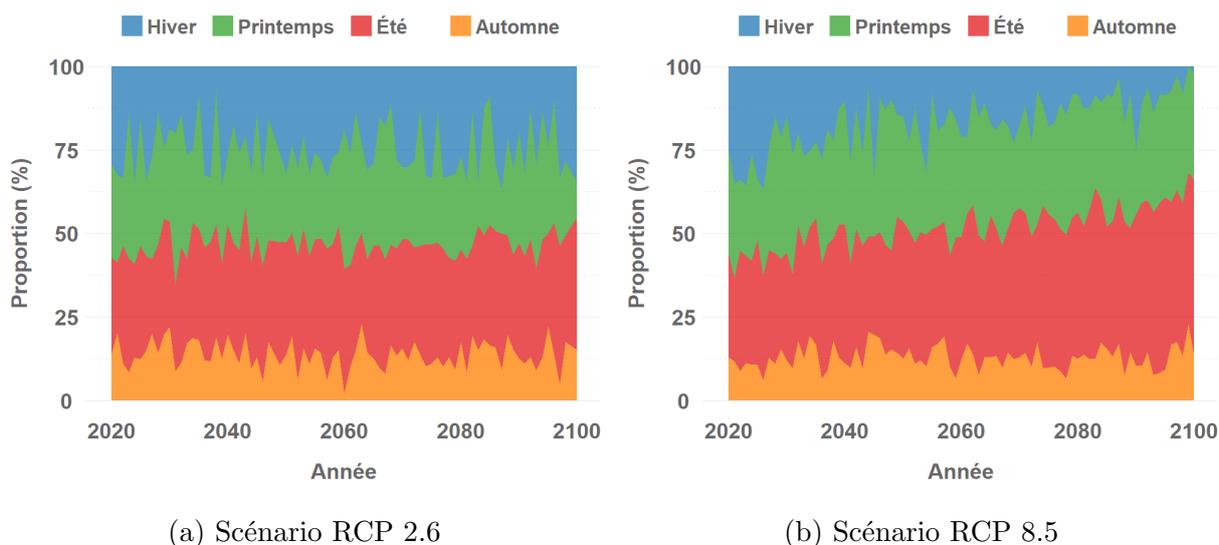


FIGURE 2.7 – Proportion de chaque saison dans l’année

En ce qui concerne le scénario 2.6, la durée de chaque saison devrait rester identique. En revanche, pour le scénario 8.5, la tendance est différente : les étés tendent à l’allonger et les hivers à raccourcir

jusqu'à quasiment disparaître.

Pour prendre conscience de l'ampleur du phénomène, la durée de chaque saison pour la ville de Paris en 2020, 2050 et 2100 a été calculée. D'après nos résultats, l'hiver à Paris en 2100 pourrait durer moins d'un mois tandis que l'été s'étendrait sur plus de la moitié de l'année.

	Été			Hiver		
	Début	Fin	Durée	Début	Fin	Durée
2020	31 mai	27 septembre	119 jours	21 octobre	9 février	111 jours
2050	11 mai	13 octobre	155 jours	25 novembre	17 janvier	53 jours
2100	20 avril	3 novembre	197 jours	5 décembre	1 ^{er} janvier	27 jours

TABLE 2.5 – L'été et l'hiver à Paris sous le scénario RCP 8.5

2.4.3 Étés caniculaires

Dans ce mémoire, nous avons utilisé les mêmes jeux de données que [PINCEMIN \(2021\)](#) dans son étude sur l'effet de la canicule à horizon 2070. Elle a notamment calculé le nombre de jours de canicules par année pour plusieurs scénarios climatiques du GIEC.

La FIGURE 2.8 montre le nombre de jours de canicules par an auquel on pourrait s'attendre pour le scénario RCP 8.5. Les résultats sont particulièrement alarmants. Pour les trois années, 2065, 2097 et 2099, plus de 60 jours de canicule par an sont attendus. À titre de comparaison, la canicule particulièrement meurtrière de 2003 n'avait duré que 12 jours.

En ce qui concerne le scénario RCP 2.6, l'été le plus caniculaire aura lieu en 2032, avec plus de 40 jours de canicule. Il y aura également deux autres années très chaudes, 2079 et 2097, où l'on s'attendra cette fois-ci à plus de 30 jours de canicule.

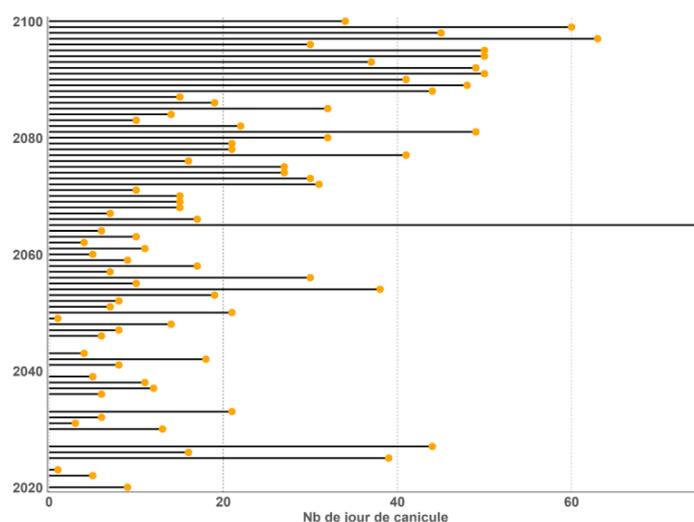


FIGURE 2.8 – Nombre de jours cumulés de canicules par années, scénario RCP 8.5 ([PINCEMIN, 2021](#))

2.5 Résultats des modélisations pour la France (2020-2100)

Nous avons démontré la robustesse de notre modèle SEIR. En effet, celui-ci a reproduit de manière satisfaisante les épidémies de dengue au Brésil, ainsi qu'à l'île de la Réunion. Nous allons donc pouvoir maintenant simuler des épidémies de dengue en France, pour les deux scénarios de température analysés précédemment.

Nous présenterons tout d'abord les résultats obtenus à l'échelle nationale. Puis, une analyse par région sera réalisée. Ensuite, le *Seasonal Reproduction Number*, un indicateur qui mesure la transmissibilité de la maladie, sera calculé puis comparé à d'autres régions du globe. Après avoir analysé le lien entre la température et le nombre de contaminations, les résultats de cette étude seront confrontés à la principale référence sur le sujet : [DRIF et al. \(2020\)](#). Enfin, nous discuterons des limites de ce modèle.

2.5.1 À l'échelle nationale

Le modèle SEIR a été lancé sur la période 2020-2100 pour les deux scénarios. Le nombre de contaminations annuelles obtenues est présenté FIGURE 2.9.

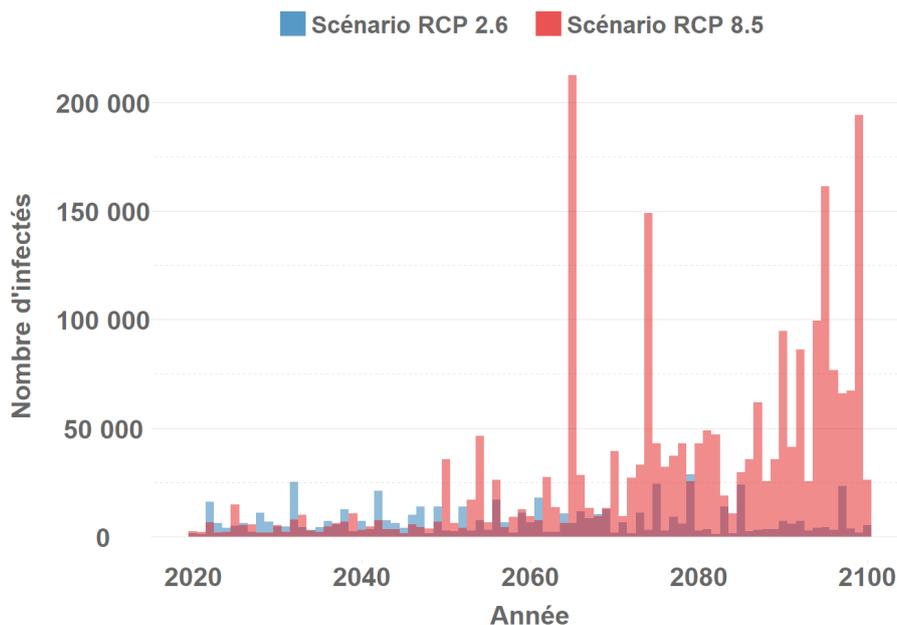


FIGURE 2.9 – Nombre estimé de cas de dengue par an

Les résultats pour les deux scénarios sont radicalement différents. Pour le scénario RCP 2.6, le plus optimiste, le nombre de cas de dengue par an reste globalement stable tout au long du siècle. On pourrait s'attendre à une moyenne de 7 500 cas de dengue par an et à un maximum de 25 000 cas. Ainsi, sous ce scénario, la France ne devrait pas connaître d'épidémies majeures de dengue. La situation ne serait donc pas bien différente d'aujourd'hui, où l'on dénombre entre une centaine et plusieurs milliers de cas par an. Enfin, le modèle semble capter les variations de températures d'années en années. En effet, les années où l'on dénombre le plus de cas de dengue sont associées aux années les plus chaudes. Par exemple, les canicules pour ce scénario sont attendues en 2032, 2079, 2085 et 2097, ce qui correspond aux pics d'incidence observés FIGURE 2.9.

En revanche, pour le scénario RCP 8.5, la tendance est radicalement différente. Le nombre de cas est relativement stable jusqu'en 2050 puis augmente brusquement. Si avant 2050, le modèle ne prévoit que quelques milliers de cas par an, on pourrait s'attendre avant la fin du siècle à des épidémies de plus de 200 000 cas par an. Une fois de plus, les épidémies les plus brutales sont associées à des années particulièrement chaudes. Les canicules prévues de 2065, 2097, 2099 correspondent en effet aux principaux pics observés pour ce scénario.

Afin de comprendre l'impact de la dengue sur le long terme, le nombre cumulé de cas a été calculé (FIGURE 2.10). Pour le scénario RCP 2.6, la tendance semble linéaire. En revanche, pour le scénario RCP 8.5, la situation est bien différente. On peut observer une augmentation presque exponentielle du nombre de cas, indiquant des épidémies de plus en plus fortes.

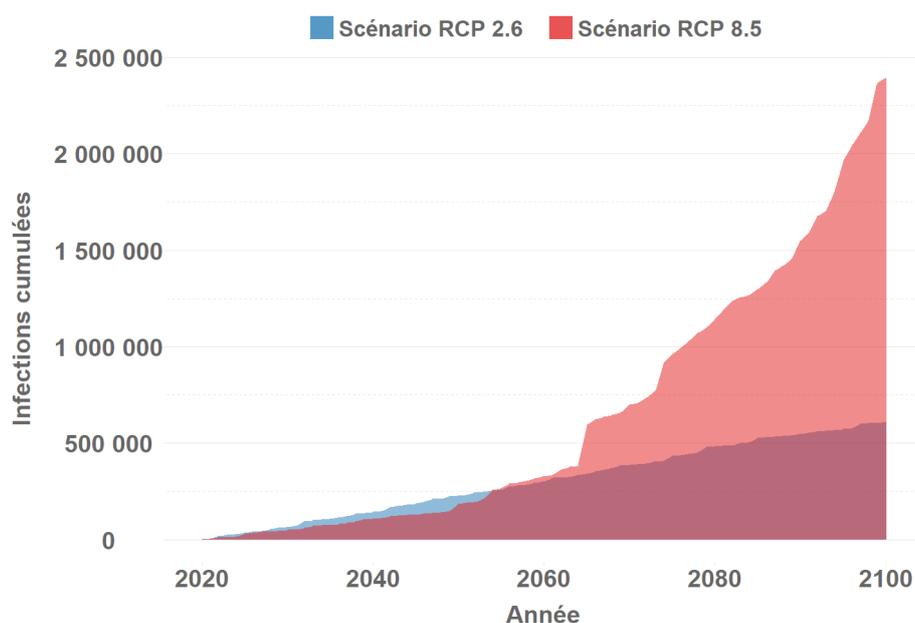


FIGURE 2.10 – Nombre cumulé d'humains infectés

Au total, sur la période 2020-2100, plus de 500 000 cas de dengue sont attendus pour le scénario 2.6 et plus de 2 250 000 de cas pour le scénario 8.5. Ainsi, le réchauffement climatique aura un impact sur la propagation de la dengue, multipliant quasiment par cinq le nombre de contaminations.

2.5.2 Différences régionales

Toutes les régions françaises ne seront pas impactées de manière égale par la dengue. En effet, certaines régions bénéficient de températures plus clémentes ainsi que d'une importante concentration de moustiques et devrait donc être plus largement touchées. Pour vérifier cela, le taux d'infection pour chaque région sur l'ensemble de la période 2020-2100 a été calculé (FIGURE 2.11). Ce taux correspond à l'ensemble des cas sur cette période divisé par la population de la région.

Les résultats sont cohérents : dans les deux scénarios, la région Provence-Alpes-Côte d'Azur (PACA) est la région la plus touchée. Or, c'est la région dans laquelle le moustique tigre s'est le plus largement implanté (97% de la population vit en contact du moustique tigre).

Entre 2020 et 2100, plus d'un quart de la population de la région PACA sera contaminée pour le

scénario RCP 8.5 contre seulement 6% pour le scénario RCP 2.6. À contrario, les Hauts-de-France ne seront que peu impactés par la dengue avec un taux d'infection de seulement 0.2%.

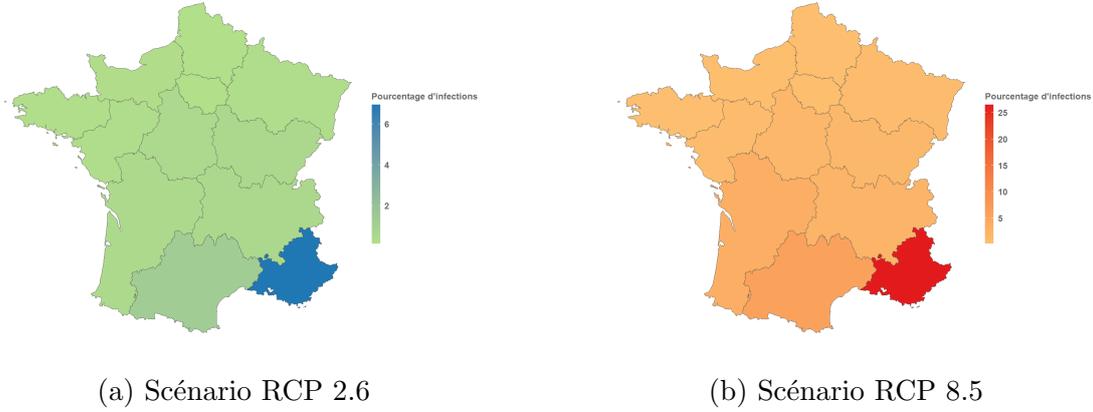


FIGURE 2.11 – Taux d'infection de la population entre 2020 et 2100

2.5.3 Calcul du *Seasonal Reproduction Number* (R_s)

Le nombre de reproduction de base, noté R_0 est très souvent utilisé en épidémiologie. Il permet notamment de mieux comprendre la propagation d'une maladie au sein d'une population. Il correspond au nombre moyen de cas que génère un individu contaminé au sein d'une population susceptible. Par exemple, si le R_0 vaut 2, une personne infectée infectera en moyenne deux autres personnes, qui à leur tour en infecteront chacune deux autres et ainsi de suite.

Ainsi, si le R_0 est supérieur à 1, une épidémie est susceptible de se déclencher, car la maladie se propage rapidement. Plus le R_0 est grand et plus l'épidémie se propagera vite et deviendra difficile à maîtriser. En revanche, si le R_0 est inférieur à 1, le risque d'épidémies est très faible.

La dengue est une maladie saisonnière à l'instar de la grippe. Elle devrait donc se produire chaque année en été, lors des périodes de fortes chaleurs. Ainsi, le R_0 ne peut être utilisé car il ne capte pas les variations saisonnières. On utilisera alors le *Seasonal Reproduction Number*, noté R_s , qui est une version dérivée du R_0 . La principale différence est que le R_s tient compte des facteurs climatiques et permet ainsi de modéliser la propagation de la maladie en fonction des saisons.

Le R_s de notre modèle, en fonction de la température T , est défini par la formule suivante :

$$R_s = \frac{a}{2} + \frac{1}{2}\sqrt{a^2 + 4\Lambda},$$

avec :

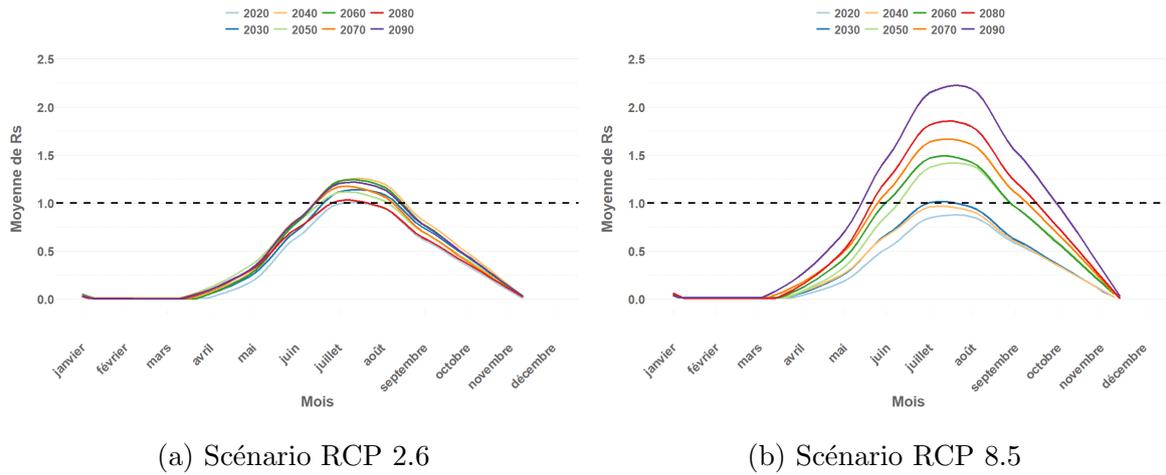
$$a = \frac{\nu\delta(T)\omega(T)}{\mu_m(T)N_m(\omega(T) + \mu_l(T))},$$

et

$$\Lambda = dg = \frac{\alpha\beta_{hm}(T)\beta_{mh}(T)\epsilon(T)S_h(T)S_m(T)}{(\alpha + \mu_{hd})\mu_m(T)(\epsilon(T) + \mu_m(T))(\mu_{hd} + \gamma)N_h(T)^2}.$$

La preuve mathématique est disponible Annexe A : Calcul du R_s .

Les R_s mensuels pour chaque décennie ont ainsi été calculés. Ils sont représentés FIGURE 2.12.

FIGURE 2.12 – R_s obtenu pour chaque décennie

Dans le cas d'un scénario optimiste comme le RCP 2.6, le R_s est supérieur à 1 pour les mois de juillet et d'août mais reste globalement stable au cours du siècle. En revanche, dans le cadre d'un scénario pessimiste comme le RCP 8.5, deux tendances se dessinent : le R_s augmente en tendance et en variabilité. Tout d'abord, le R_s maximal augmente progressivement, atteignant près de 2.25 dans les années 2090. À titre de comparaison, le R_0 pour la ville de Rio de Janeiro au Brésil était de 1.7 pendant l'épidémie de 2002 et de 1.25 pendant l'épidémie de 2012 (VILLELA et al., 2017). De plus, le nombre de mois où le R_s est supérieur à 1 augmente avec les décennies. Cette augmentation est due à l'allongement des périodes estivales. En conclusion, dans un scénario climatique pessimiste, les épidémies dureront progressivement plus longtemps et seront plus intenses.

2.5.4 Corrélation entre le nombre d'infectés et la température

Cycle saisonnier

Le nombre de cas journaliers de dengue au cours de l'année 2030 est représenté FIGURE 2.13. La dengue présente des cycles saisonniers, avec une augmentation des cas pendant les périodes de forte chaleur. En effet, c'est en été que les moustiques se développent, passant de l'état de larves à celui d'adultes. Le modèle reproduit cette tendance, ce qui renforce sa crédibilité.

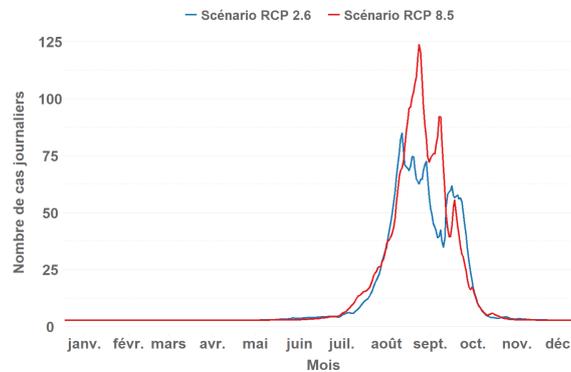


FIGURE 2.13 – Nombre d'infections journalières au cours de l'année 2030

Années caniculaires

La taille d'une épidémie de dengue est influencée par la température. Ainsi, des étés particulièrement caniculaires peuvent conduire à des épidémies de plus grande ampleur (FAN *et al.*, 2014). Pour vérifier si cette tendance est prise en compte dans notre modèle, la FIGURE 2.14 illustre le lien entre le nombre de cas de dengue et la température. Elle suggère une forte corrélation entre des températures annuelles élevées et des pics dans le nombre d'infectés.

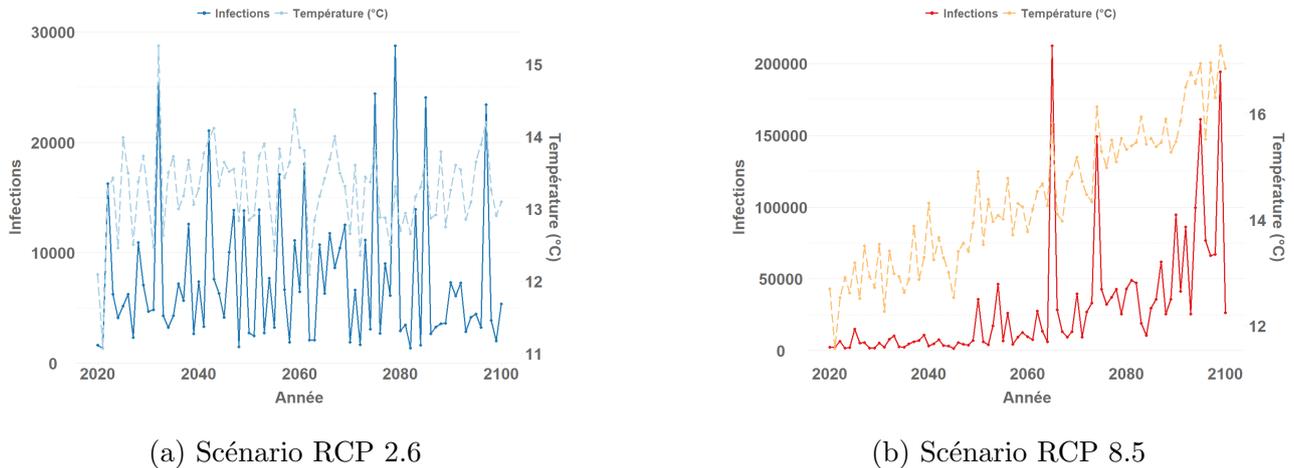


FIGURE 2.14 – Lien entre le nombre de cas et la température

Pour évaluer l'impact d'un été très chaud sur l'intensité de l'épidémie, le R_s peut également être un bon indicateur. En effet, un R_s plus élevé indique une épidémie plus intense. La FIGURE 2.15 illustre la relation entre le R_s et la température. Pour le scénario 2.6, une canicule très importante est prévue en 2032 (PINCEMIN, 2021). Or, on observe que le R_s pour 2032 est nettement supérieur à celui des autres années. De même, pour le scénario RCP 8.5, une canicule est attendue en 2065, ce qui correspond également à un R_s plus élevé que pour les autres années.

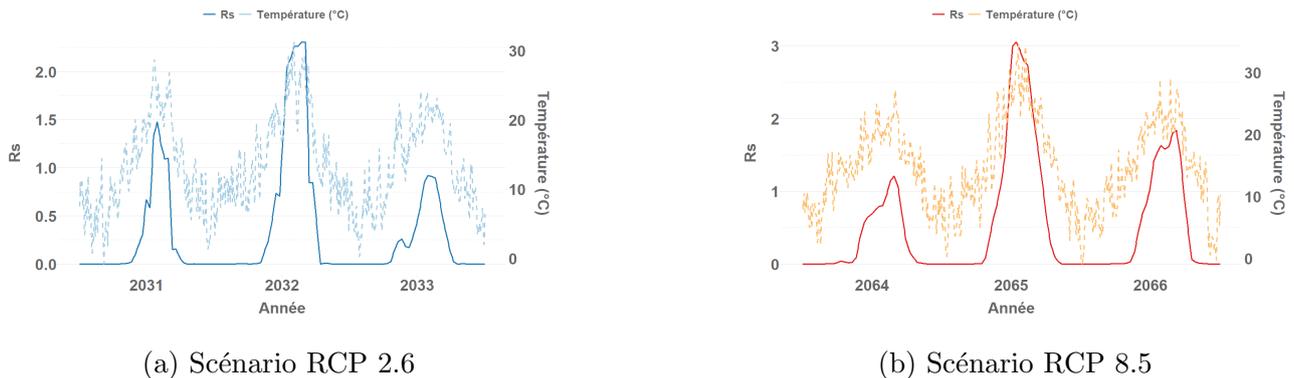


FIGURE 2.15 – Lien entre le R_s et la température

Pour confirmer cette hypothèse, la TABLE 2.6 présente les corrélations entre le nombre d'infections annuelles et les températures annuelles. La corrélation de Spearman, notée ρ , a été utilisée. Elle permet de mesurer la dépendance statistique entre deux variables aléatoires. Cet indicateur statistique a été choisi car il est robuste et ne dépend pas de la distribution des données. Les résultats révèlent une forte dépendance entre ces variables, avec des coefficients de corrélation élevés et des p-valeurs inférieures à 0.05. Ainsi, avec une confiance de 95%, un été particulièrement chaud est associé à un nombre plus

élevé de cas de dengue cette année-là. Le modèle reproduit donc bien les tendances de la dengue, ce qui renforce sa crédibilité.

	ρ		p-value
RCP 2.6	0.597		$4.189e^{-9}$
RCP 8.5	0.876		$<2.2e^{-16}$

TABLE 2.6 – Corrélation entre la température annuelle et le nombre d’infections annuelles

2.5.5 Comparaison avec le modèle de [Drif et al. \(2020\)](#)

Peu de travaux ont été réalisés sur l’arrivée de maladies tropicales en France. L’une des seules références sur le sujet est l’étude menée par les équipes d’AON ([DRIF et al., 2020](#)), centrée sur la dengue et réalisée dans le cadre de l’exercice pilote climatique. Cette mission consistait à élaborer un scénario sur l’augmentation des maladies vectorielles, destiné à être utilisé dans des stress-tests.

Le modèle utilisé par [DRIF et al. \(2020\)](#) est représenté FIGURE 2.16. Bien qu’elle repose également sur un modèle SIR, leur approche diffère légèrement de celle présentée ici. En effet, il n’y a pas de variables climatiques ni de distinction entre les larves et les moustiques.

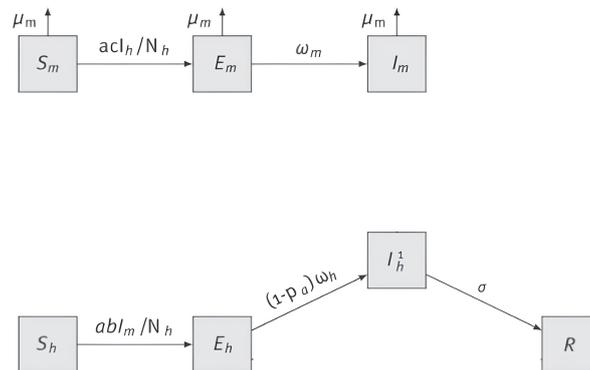


FIGURE 2.16 – Modèle SIR utilisé dans [DRIF et al. \(2020\)](#)

Les paramètres de leur modèle sont fixes et proviennent de [SOCHACKI et al. \(2016\)](#). Contrairement à cette étude, [DRIF et al. \(2020\)](#) ont fait des hypothèses sur le R_0 . Ils ont choisi une hypothèse de transmission basse avec un R_0 égal à 1.1 et une hypothèse de transmission forte avec un R_0 égal à 2.2.

Ainsi, [DRIF et al. \(2020\)](#) ont estimé « qu’en 2020, entre 100 000 et 1 270 000 personnes pourraient être infectées par an et que ce chiffre pourrait atteindre entre 250 000 et 2 000 000 de personnes en 2040 ». Ces chiffres semblent très alarmistes et peut-être même surestimés. En effet, une comparaison avec les données réelles de surveillance de la dengue en France révèle un écart significatif. En 2020, seuls 847 cas de dengue ont été recensés en France.

Les résultats de ce mémoire sont plus modérés mais semblent plus proches de la réalité. Pour l’année 2020, 1 639 cas de dengue ont été estimés pour le scénario RCP 2.6 et 2 475 cas pour le scénario RCP 8.5. Ce n’est qu’à partir de 2050 et dans le cadre du scénario de températures pessimistes, que des épidémies importantes de dengue sont prévues.

2.5.6 Limites de l'approche

La dengue est une maladie complexe, avec des interactions entre plusieurs acteurs et qui dépend de nombreux facteurs sociaux, environnementaux et climatiques. Le modèle développé est un modèle simpliste qui peut ne pas refléter totalement la réalité. Ainsi, bien que ce modèle semble reproduire correctement les épidémies de dengue, il possède néanmoins de nombreuses limites :

- Le nombre de vecteurs choisi pourrait être sous-estimés et par conséquent les résultats du modèle. En effet, une seule espèce de moustique est modélisée. Or, *Aedes aegypti*, autre vecteur de la dengue, pourrait également s'installer dans le sud de la France dans les décennies à venir ([LIU-HELMERSSON et al., 2019](#)).
- Les précipitations et l'humidité jouent également un rôle important dans la propagation de la dengue. Ces deux facteurs sont en effet essentiels pour l'implantation et le maintien d'une population de moustiques. Or, nous ne disposons pas de données sur les précipitations et l'humidité, nous n'avons donc pas pris en compte ces facteurs dans notre modèle.
- De nombreuses hypothèses sur les paramètres ont été faites. Si certains proviennent de la littérature scientifique et sont donc considérés comme fiables, d'autres sont plus incertains. Par exemple, le nombre de cas de dengue importés par an est fixé à 1 000, mais cette valeur pourrait varier à la hausse ou à la baisse. De même, les données sur les populations de moustique proviennent des agences régionales de santé. Or, la plupart de ces données sont basées sur les signalements de la population et ne sont donc pas entièrement fiables. Il est par exemple possible que le moustique soit implanté dans de nombreuses zones sans qu'aucun signalement n'ait été fait.
- De plus, deux paramètres du modèle, x_1 et x_2 , ont été estimés, ce qui crée de l'incertitude. Les données sur l'incidence de la dengue au Brésil pourraient, par exemple, être sous-estimées. En effet, le nombre de cas utilisé correspond aux cas confirmés par des tests biologiques. Or la dengue est souvent asymptomatique, le nombre de cas réels pourrait être largement supérieur. Les paramètres x_1 et x_2 seraient alors sous-estimés.
- En cas d'épidémie, le gouvernement français pourrait prendre des mesures afin de protéger les populations. Des campagnes de démoustication pourraient par exemple être mises en place afin de réduire la population de moustique. Il pourrait également être intéressant d'instaurer des contrôles aux aéroports ainsi que des campagnes de sensibilisation. Ces mesures pourraient ainsi limiter la propagation de la maladie et atténuer les impacts prévus par le modèle.
- Le modèle est agrégé par région, sa précision est donc limitée. La maille pourrait être réduite afin de prendre d'autres facteurs importants tels que la densité de population, l'urbanisation, la végétation ou bien encore l'altitude.
- Enfin, si le modèle prend en compte l'augmentation de la température, il ne prend pas en compte d'autres impacts du réchauffement climatique tels que les inondations, les sécheresses... Ces phénomènes pourraient néanmoins impacter fortement la population de moustiques et donc la probabilité d'émergence d'une épidémie.

2.6 Construction d'intervalles de confiance

La précision de ce modèle dépend fortement des hypothèses sur les paramètres. L'objectif de cette sous-partie est de quantifier l'incertitude autour des résultats du modèle. Tout d'abord, une étude de sensibilité sera réalisée afin de déterminer les paramètres ayant une forte influence sur les sorties du modèle. Ensuite, la loi de ces paramètres sera déterminée. Enfin, une centaine de simulations sera réalisée et la distribution des résultats sera présentée.

2.6.1 Sensibilité des paramètres

La sensibilité permet de comprendre l'importance de chaque paramètre dans le modèle. Dans cette étude, elle permet de comprendre l'impact de chaque paramètre sur la transmission de la maladie. La sensibilité va être calculé en prenant comme variable d'intérêt l'incidence cumulée (nombre de cas) pour l'année 2050 en France.

L'indice de sensibilité choisi est un indice normalisé. Il permettra de comparer l'impact de différents paramètres de manière standardisée. Il est défini dans [LEE et al. \(2018\)](#) comme suit :

$$r_p^{(CI)} = \frac{\partial CI}{\partial p} \cdot \frac{p}{CI}$$

Où :

- p est le paramètre et CI l'incidence cumulée.
- $\frac{\partial CI}{\partial p}$ est la dérivée partielle de l'incidence cumulée par rapport au paramètre p . Elle représente la sensibilité de l'incidence par rapport à p .
- $\frac{p}{CI}$ est le ratio du paramètre p à l'incidence cumulée CI , ce qui permet de normaliser la sensibilité.

Les paramètres étudiés sont les paramètres constants soit ceux qui ne dépendent pas de la température. Cinquante ensembles de chaque paramètres sont sélectionnés suivant un loi uniforme, chacun variant de $\pm 10\%$ par rapport aux valeurs de référence des paramètres constants. La Fig 2.17 montre l'élasticité de l'indice de sensibilité par rapport aux différents paramètres.

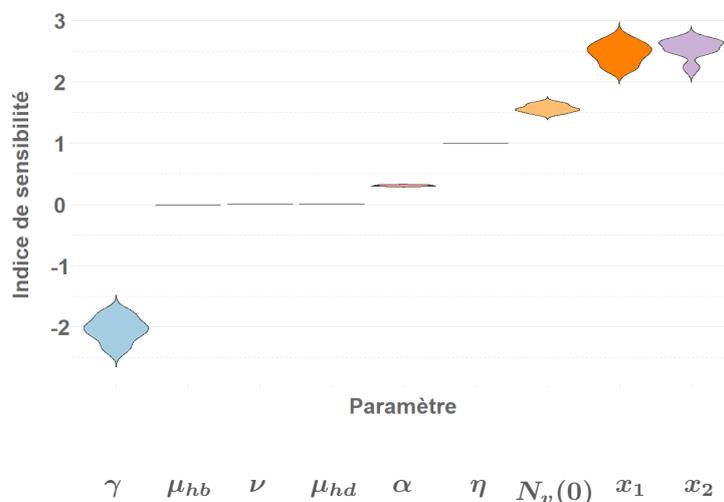


FIGURE 2.17 – Sensibilité des paramètres

Pour le paramètre $N_v(0)$ par exemple, l'indice de sensibilité vaut en moyenne environ 2. Cela s'interprète de la façon suivante : une augmentation de $N_v(0)$ a un impact sur l'incidence cumulée deux fois plus important en amplitude. Ainsi les paramètres avec les impacts les plus importants sont : η , γ , x_1 , x_2 ainsi que $N_v(0)$ qui représente le nombre de vecteurs initial.

Seuls deux paramètres, K_v et r , n'ont pas été inclus dans l'étude de sensibilité. En effet, ces paramètres modélisent l'introduction de nouveaux vecteurs, un facteur qui a très long terme influe sur le nombre de cas d'infection. Par conséquent, il n'était pas cohérent de les inclure dans cette analyse de sensibilité, qui visait à évaluer l'impact immédiat des paramètres sur les sorties du modèle.

2.6.2 Incertitudes autour des paramètres

Ensuite, pour chaque paramètre étudié, des plages de valeurs ont été définies à partir de la littérature. En l'absence de données scientifiques, une marge d'incertitude de plus ou moins 10% autour de la valeur a été appliquée. Les valeurs moyennes ainsi que les bornes pour chaque paramètre sont présentées TABLE 2.7.

Paramètre	Moyenne	Bornes	Référence
γ	$\frac{1}{7}$	$[\frac{1}{10}, \frac{1}{3}]$	CHAN et JOHANSSON (2012)
$N_v(0)$	$1.5 \cdot p_i \cdot N_h(0)$	$[p_i \cdot N_h(0), 2 \cdot p_i \cdot N_h(0)]$	LIU-HELMERSSON et al. (2016)
η	$\frac{1000}{365N_h(0)}$	$\pm 10\%$	
x_1	0.169	$\pm 10\%$	
x_2	0.74	$\pm 10\%$	
K_v	$1.5 \cdot N_h(0)$	$[N_h(0), 2 \cdot N_h(0)]$	LIU-HELMERSSON et al. (2016)
r	0.000932	$\pm 10\%$	

TABLE 2.7 – Incertitude autour des paramètres

Pour modéliser l'incertitude autour de la valeur la plus probable de chaque paramètre, la loi Bêta a été choisie. Cette loi est appropriée car elle permet de concentrer la distribution autour d'une valeur spécifique. Elle est souvent utilisée pour modéliser la distribution lorsque l'on dispose d'estimations pour l'intervalle des valeurs possibles mais que l'on ne connaît pas la forme de la distribution (CHENG et al., 2023 ; DAMGAARD & IRVINE, 2019).

Comme la variance de la distribution est inconnue, elle va être définie à partir de la variance de la loi uniforme. On souhaite cependant avoir une distribution plus concentrée autour de la moyenne, nous choisissons donc une variance deux fois plus petite que celle de la loi uniforme. Nous supposons alors que la variance σ^2 de la loi Beta vaut :

$$\sigma^2 = \frac{1}{24} \text{ avec } [0,1] \text{ la plage de valeurs.}$$

Les paramètres α et β de la loi Beta sont ensuite estimés en utilisant la méthode des moments. Les formules pour ces paramètres sont données par :

$$\alpha = \bar{x} \times \left(\frac{\bar{x} \times (1 - \bar{x})}{\sigma^2} - 1 \right) \quad \text{et} \quad \beta = (1 - \bar{x}) \times \left(\frac{\bar{x} \times (1 - \bar{x})}{\sigma^2} - 1 \right) \text{ avec } \bar{x} \text{ la valeur probable sur } [0,1].$$

Si les bornes ne sont pas comprises entre 0 et 1 mais plutôt entre a et b , nous devons transformer la loi Bêta pour qu'elle soit définie sur cet intervalle. Les transformations nécessaires sont :

$$\bar{x}_{\text{transformé}} = \frac{\bar{x} - a}{b - a} \quad \text{et} \quad \sigma_{\text{transformé}}^2 = \frac{\sigma^2}{(b - a)^2}.$$

La FIGURE 2.18 montre la densité de la loi Bêta obtenue pour le paramètre r . La distribution est bien concentrée autour de la moyenne du paramètre, tout en respectant les bornes.

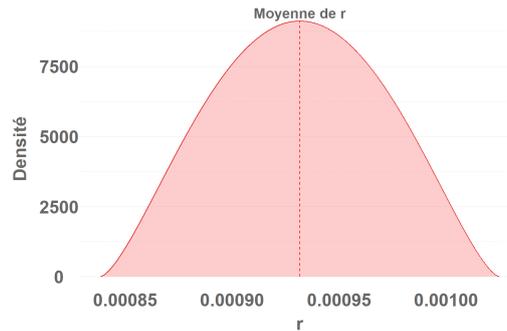


FIGURE 2.18 – Densité de la loi Beta pour le paramètre r .

2.6.3 Distribution des résultats

Pour obtenir des quantiles autour de la moyenne, 150 simulations du modèle SEIR pour le scénario RCP 8.5 ont été générées. Les paramètres ont été tirés selon les lois Bêta définies précédemment. En raison du temps de calcul élevé, chaque réalisation du modèle prenant plusieurs heures, il n'a pas été possible de lancer un plus grand nombre de simulations.

La FIGURE 2.19 montre la distribution du nombre de cas cumulés de dengue sur la période 2020-2100. Le scénario probable, c'est-à-dire celui avec les paramètres moyens, prévoit 2 394 386 cas sur cette période. La moyenne de la distribution est de 2 510 171 cas, ce qui correspond à peu près au scénario probable. Le nombre de cas varie de 1 254 227 (quantile à 2,5%) à 3 936 729 (quantile à 97,5%).

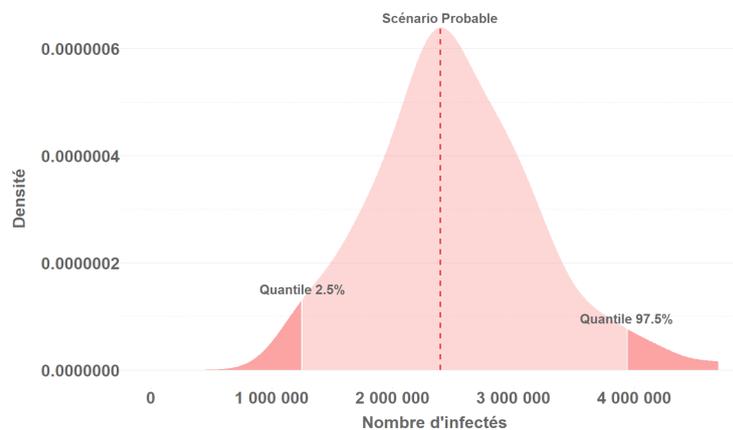


FIGURE 2.19 – Distribution obtenue après 150 réalisations du modèle SEIR.

Dans le cadre d'un modèle épidémiologique, ces quantiles paraissent raisonnables. Il existe certes

une certaine variabilité dans le nombre de cas sans pour autant indiquer une flambée incontrôlée du nombre d'infectés.

Conclusion du chapitre

Le modèle présenté dans ce chapitre est un modèle SEIR à plusieurs compartiments dont le but est de modéliser les interactions entre moustiques, larves et humains. Les paramètres de ce modèle ont été estimés puis validés à partir de données brésiliennes. Pour montrer que le modèle est capable de s'adapter à un environnement écologique, économique et social différent, celui-ci a été testé pour l'île de la Réunion. Le modèle a reproduit de manière satisfaisante les épidémies passées à la Réunion et a pu donc être utilisé pour modéliser des épidémies futures en France. Les résultats pour la France confirment les prévisions du GIEC : le réchauffement climatique favorisera l'émergence de maladies vectorielles en Europe. En effet, à partir de 2050, sous le scénario RCP 8.5, le nombre de cas de dengue augmente de manière quasi exponentielle. Sur la période de 2020 à 2100, plus de 2 250 000 de cas de dengue sont estimés pour ce scénario, contre environ 500 000 cas pour le scénario RCP 2.6. Vers la fin du siècle, le scénario 8.5 prévoit même des épidémies atteignant plus de 200 000 cas par an. Afin de quantifier l'incertitude autour de ces résultats, une centaine de simulations a été réalisée et des intervalles de confiance en ont été déduits. Comme la dengue entraîne parfois la mort, conduit à des consultations médicales dans 40 % des cas et nécessite un arrêt de travail dans 1 % des cas, de telles épidémies pourraient avoir des conséquences importantes sur le secteur de l'assurance. Le prochain chapitre sera consacré à l'analyse de ces impacts.

Chapitre 3

Applications assurantielles

Comme souligné dans le chapitre 2, la France devrait connaître ses premières épidémies de dengue, conséquence directe du réchauffement climatique. Ces épidémies pourraient avoir un impact sur la santé publique mais également sur les compagnies d'assurance. En effet, les impacts de la dengue sur les assureurs pourraient être multiples : la dengue peut causer la mort, nécessite un arrêt de travail de 10 jours dans 1% des cas, et amène à consulter dans 40% des cas ([DRIF et al., 2020](#)). Ainsi, les assureurs pourraient être confrontés à une sinistralité supplémentaire, qui pourraient avoir des répercussions directes sur leur stabilité financière si elle n'est pas anticipée.

L'objectif de ce chapitre est de quantifier les impacts additionnels sur les trois garanties d'assurance affectées par les épidémies de dengue : la mortalité, les arrêts de travail et les consultations médicales.

Pour estimer l'augmentation de la sinistralité causée par de futures épidémies de dengue en France, le scénario de température RCP 8.5 a été choisi, car il représente le cas le plus pessimiste et permet une approche prudente. Des intervalles de confiance ont été établis à partir d'une centaine de simulations de ce scénario, en faisant varier les paramètres comme détaillé au chapitre 2.

3.1 Augmentation du nombre de décès

Cette partie sera consacrée à l'estimation du nombre de décès dû à la dengue en France. Pour se faire, deux approches ont été choisies : la première en utilisant des taux de létalité par tranches d'âges et la deuxième en utilisant des taux de létalité ajustés par âge. Il a donc été indispensable de disposer des effectifs futurs pour chaque tranche d'âge. Ces données proviennent des projections de population de l'INSEE entre 2021 et 2070 ([INSEE, 2021](#)).

3.1.1 Projections de population

La population française vieillit inéluctablement : à l'horizon 2070, plus d'un quart de la population française (29%) aura plus de 65 ans ([INSEE, 2021](#)). Or, les taux de létalité de la dengue augmentent fortement avec l'âge. Ainsi, si l'on considère la population de 2020 sur toute la période 2021-2070, on risquerait de fortement sous-estimer le nombre de décès. Pour prendre en compte le vieillissement de la population française, les projections de population de l'INSEE pour la période 2021-2070 ont alors été utilisées.

L'INSEE propose en effet des projections détaillées des effectifs pour chaque tranche d'âge entre 2021 et 2070. Ces prévisions ont été réalisées en supposant le nombre de naissances, le nombre de décès et le solde migratoire. Plusieurs scénarios ont été retenus, avec des hypothèses basses, centrales et hautes pour chaque facteur. Dans cette étude, seul le scénario avec les hypothèses centrales de fécondité, de solde migratoire et d'espérance de vie a été retenu.

La pyramide des âges déduite de ces projections est représentée FIGURE 3.1. Cette concentration de la population dans les classes d'âge élevées s'explique par deux facteurs : la hausse de l'espérance de vie ainsi que l'arrivée des générations *babyboom* dans les tranches d'âges les plus élevées.

Enfin, l'augmentation de la population a également été prise en compte dans notre modèle. En effet, le nombre d'habitants en France devrait atteindre un pic en 2044 avec 69,3 millions d'habitants, puis diminuer légèrement pour atteindre 68,1 millions d'habitants en 2070.

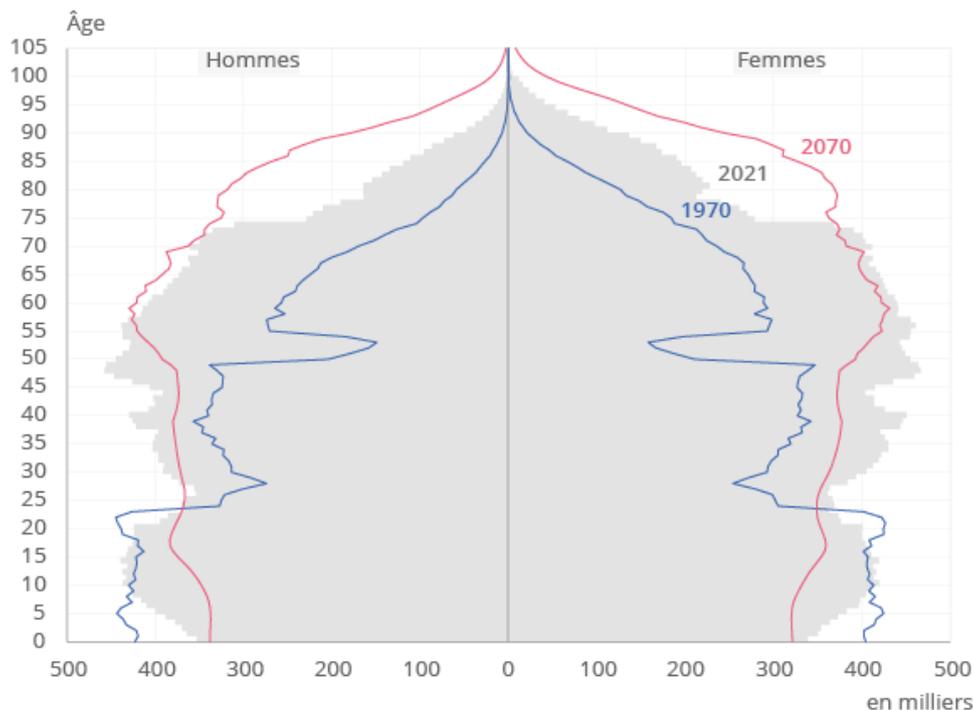


FIGURE 3.1 – Projection de la pyramide des âges - scénario central (INSEE, 2021)

3.1.2 Estimation des décès annuels à partir des taux de létalité par tranches d'âge

Étant donné que le modèle SEIR génère le nombre d'infectés et non le nombre de décès, il est nécessaire d'utiliser un taux de létalité pour calculer le nombre de décès supplémentaires. L'Organisation panaméricaine de la santé (PAHO) fournit des taux de létalité par tranche d'âge. Ces taux, présentés TABLE 3.1, ont été estimés à partir de 2 226 865 cas probables dans plusieurs pays d'Amérique du Sud. Ainsi, au vu de la taille de l'échantillon, ces taux peuvent être considérés comme fiables.

Le taux de mortalité global des personnes infectées est d'environ 0,05%. Par groupe d'âge, les personnes de plus de 80 ans présentent le taux de létalité le plus élevé (0,97%), suivies par les personnes entre 60 et 79 ans (0,17%).

≤ 1 an	1-4 ans	5-9 ans	10-19 ans	20-39 ans	40-59 ans	60-79 ans	≥ 80 ans
0.02 %	0.01 %	0.04 %	0.02 %	0.02 %	0.04 %	0.17 %	0.97 %

TABLE 3.1 – Taux de létalité de la dengue par tranches d'âge (PAHO, 2020)

Pour estimer le nombre de décès annuels dus à la dengue, la population française a été segmentée par tranches d'âge à l'aide des données de l'INSEE (INSEE, 2021). Ensuite, le nombre de cas estimés par le modèle a été réparti proportionnellement entre ces tranches d'âge. En effet, il n'y a aucune raison pour que certaines tranches d'âges soient plus susceptibles d'être contaminées que d'autres. Finalement, le nombre de cas a été multiplié par le taux de létalité spécifique à cette tranche d'âge.

Par exemple, les 20-39 ans représenteront 21.49% de la population française en 2070. Ainsi, 21.49% des 39 430 cas estimés cette année là leur seront attribués. Ce nombre d'infectés est alors multiplié par le taux de létalité de la dengue pour les 20-39 ans soit 0.02%. On obtient ainsi deux décès pour cette année là. De la même façon, on en déduit le nombre de décès entre 2020 et 2070 pour le scénario probable, c'est à dire celui avec les paramètres moyens mais également pour les quantiles de la distribution. (FIGURE 3.2.)

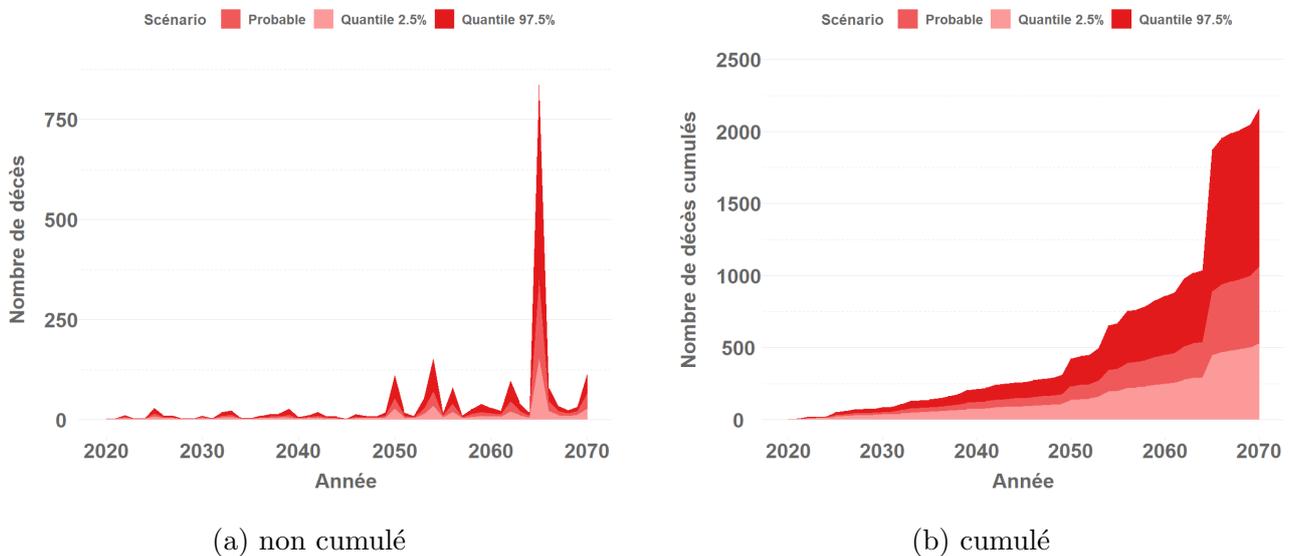


FIGURE 3.2 – Nombre de décès par an liés à la dengue en France

Pour le scénario probable, peu de décès sont attendus entre 2020 et 2030 (entre 0 et 10 par an), ce qui correspond à la réalité en France, où aucun décès n'a été recensé jusqu'à présent. Cependant, la tendance est à la hausse, avec des épidémies pouvant atteindre jusqu'à 350 décès par an d'ici 2070. Avec un niveau de confiance de 97.5%, le nombre de décès devrait rester en dessous de 900 par an. À titre de comparaison, la grippe cause environ 9 000 décès par an (SANTÉ PUBLIQUE FRANCE, 2023b).

D'ici 2070, le nombre cumulé de décès dus à la dengue pour le scénario probable est estimé à plus

de 1000. Ce nombre pourrait même atteindre plus de 2000 pour le quantile à 97,5%. Parmi ces décès, plus de 90% seront des personnes de plus de 60 ans.

Le nombre de décès pourrait cependant être légèrement plus élevé que cela, car la dengue survient en été, une période déjà surchargée pour les hôpitaux. Or, en cas de forme sévère de la dengue, des soins intensifs sont nécessaires, sinon les hémorragies multiples peuvent rapidement entraîner la mort.

3.1.3 Estimation des décès annuels à partir des taux de létalité ajustés

Passer d'une approche avec des taux de létalité par tranches d'âge à une approche avec des taux de létalité par âge permet d'obtenir une estimation plus précise de la mortalité. En effet, les taux de létalité par tranches d'âge peuvent entraîner une sous-estimation ou une surestimation des décès si la répartition d'âge à l'intérieur des tranches est hétérogène.

De plus, les tranches d'âges sont relativement larges et regroupent des individus avec des risques de mortalité très différents. Par exemple, pour la tranche d'âge 60-79 ans, il est évident qu'une personne de 60 ans à moins de risque de mourir de la dengue qu'une personne plus fragile de 79 ans. Prendre le même taux de létalité pour ces deux individus peut donc biaiser les résultats. Ainsi, si on adopte des taux de létalité par âge précis, on affine les estimations, car chaque âge est traité individuellement.

Pour passer des taux de létalité par tranches d'âge aux taux de létalité par âge, il est nécessaire d'ajuster une courbe. Cette technique permet d'interpoler les taux de létalité pour chaque âge en fonction des données disponibles par tranches d'âge. L'ajustement choisi est un ajustement par *spline*, une fonction définie par morceaux par des polynômes de degré 3. Les *splines* cubiques sont en effet couramment utilisées pour résoudre des problèmes d'interpolation. Les résultats obtenus, présentés FIGURE 3.3, montrent l'efficacité de cette méthode.

Cette courbe a également permis d'estimer les taux de létalité pour les grands âges. En effet, en prolongeant la courbe, celle-ci a permis de faire des prédictions pour les âges entre 90 et 105 ans. Les taux de létalité par âge pour les âges allant de 0 à 105 ans ont ainsi pu être obtenus.

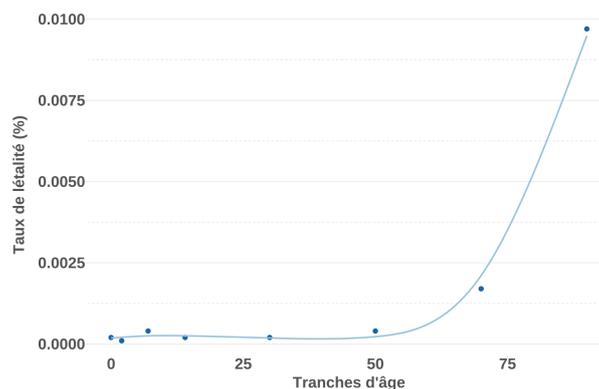


FIGURE 3.3 – Taux de létalité ajustés par âge

On a ensuite pu déterminer le nombre de décès par âge dûs à la dengue. L'INSEE ([INSEE, 2021](#)) fournit en effet le nombre d'individus pour chaque âge entre 2020 et 2070 au sein duquel on répartit proportionnellement le nombre de contaminés. Le nombre d'infectés par âge et ensuite multiplié par le taux de létalité spécifique à cet âge déterminé précédemment. Ainsi, si les personnes de 85 ans représentent 0.088% de la population en 2070, on leur attribuera 0.088% des cas. Ce nombre de cas est

alors multiplié par le taux de létalité à 85 ans soit 0.72%. On obtient alors trois décès. Avec les taux de létalité par âge, le nombre de décès obtenu est légèrement supérieur à celui calculé par tranches d'âge (voir FIGURE 3.4).

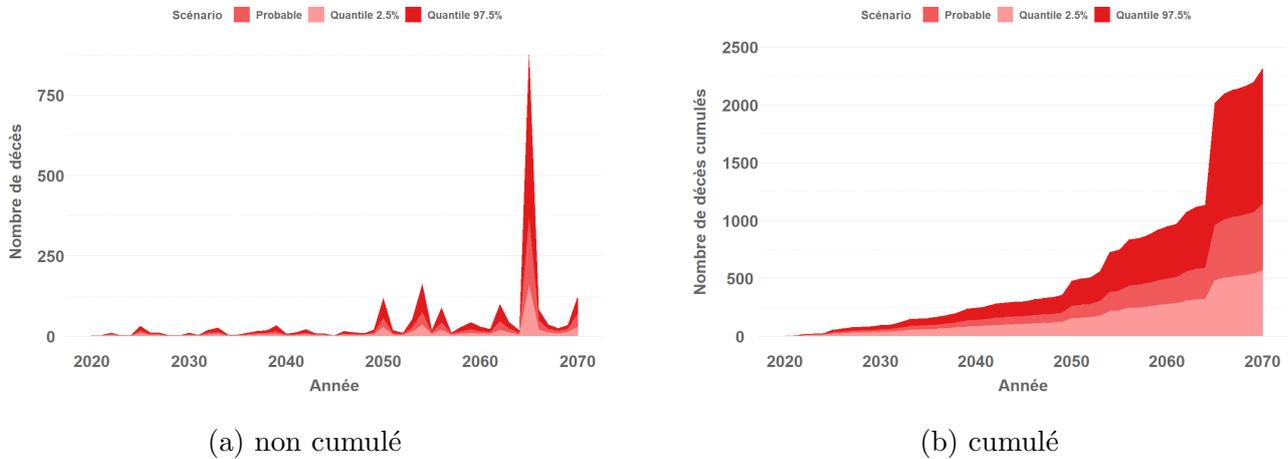


FIGURE 3.4 – Nombre de décès par an liés à la dengue en France - taux de létalité par âge

Le nombre de décès sur période 2020-2100 obtenu avec cette méthode est environ 7 % supérieur à celui obtenu avec les taux de létalité par tranches d'âge. En effet, cette augmentation est de 7.92% pour le quantile à 2.5% de la distribution, de 7.52% pour le scénario probable et de 7.24% pour le quantile à 97.5%. Pour certaines années en particulier, l'augmentation du nombre de décès peut même monter jusqu'à 20%. Ainsi, bien que l'écart ne représente qu'une centaine de décès, l'ajustement par tranches d'âge permet de ne pas sous-estimer le nombre de décès.

La dengue entraîne donc une mortalité supplémentaire qui n'est pas anticipée par les assureurs, car elle n'est pas reflétée dans les tables de mortalité actuelles. Ainsi, afin de mieux anticiper cette mortalité, lors de la tarification par exemple, les tables de mortalité vont être ajustées pour prendre en compte les épidémies de dengue. Pour rester prudent, la méthode la plus pessimiste sera adoptée, soit les décès calculés à l'aide des taux de létalité ajustés par âge.

3.2 Impact sur les tables de mortalité

L'objectif de cette section est de quantifier l'impact des décès supplémentaires dus à la dengue sur une table de mortalité réglementaire. Tout d'abord, le concept de tables de mortalité sera rapidement présenté puis la méthode utilisée pour obtenir les taux de décès ajustés sera détaillée. Enfin, les résultats seront présentés.

3.2.1 Les tables de mortalité

Les tables de mortalité sont souvent utilisées par les assureurs pour tarifier et provisionner. C'est un tableau qui commence généralement avec 100 000 personnes à l'âge 0 puis qui indique le nombre de survivants, l_x , à chaque âge x .

Il existe deux types de tables de mortalité :

- Les tables de mortalité instantanées : la seule variable est l'âge de l'individu. Elles sont calculées à partir des données de mortalité observées sur une période spécifique. La TH 00-02 a par exemple été calibrée sur la période 2000-2002. Comme elles ne prennent pas en compte les progrès de la médecine, elles sont utilisées lorsque l'on souhaite être prudent avec les estimations de mortalité. Elles sont donc particulièrement utiles en assurance vie (hors rentes viagères) ou pour des contrats de courte durée.
- Les tables de mortalité par générations ou tables prospectives : Ces tables sont à deux dimensions, avec l'année de naissance en colonne et les âges en ligne. Elles combinent à la fois la mortalité observée et projetée d'une génération, permettant ainsi de prendre en compte l'allongement de la vie humaine. Elles sont principalement utilisées pour tarifier les rentes viagères.

Pour évaluer l'impact des décès dus à la dengue, il semble plus approprié d'utiliser des tables de mortalité prospectives, car la gravité des épidémies de dengue augmente avec le temps. Il semble donc cohérent d'utiliser les tables prospectives de l'INSEE, qui intègrent les projections de population 2021-2070, puisque ces mêmes projections ont été utilisées pour estimer le nombre de décès (voir FIGURE 3.5).

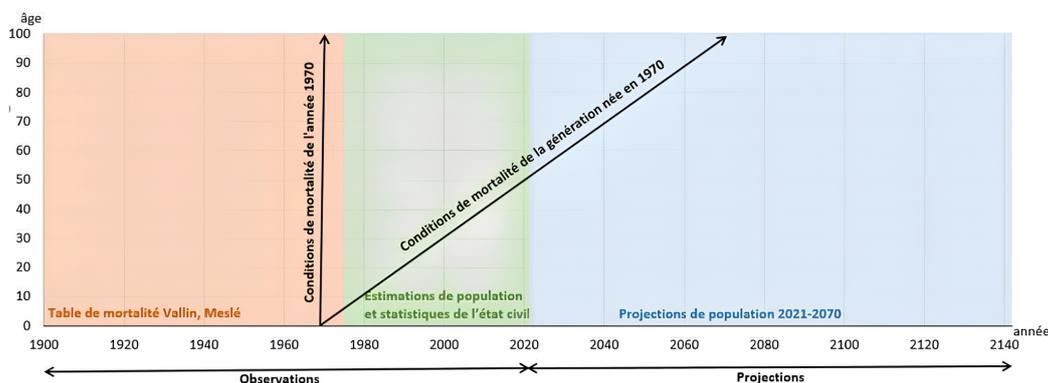


FIGURE 3.5 – Méthode de construction de la table par générations de l'INSEE

Un extrait de la table prospective de l'INSEE pour les femmes est représentée TABLE 3.2. Elle

est composée en abscisse de l'âge et en ordonnées de la date de naissance et comporte le nombre de survivants $l_{x,t}$ à chaque âge avec x l'âge et t l'année.

Date de naissance	Âge									
	0	1	2	3	4	5	...	119	120	
1806	100 000	82 124	75 707	72 965	71 189	69 816	...	0	0	
1807	100 000	81 607	75 393	72 687	70 939	69 601	...	0	0	
1808	100 000	82 300	75 968	73 276	71 568	70 259	...	0	0	
...	
2020	100 000	99 663	99 640	99 626	99 614	99 605	...	100	68	
2021	100 000	99 660	99 635	99 621	99 610	99 601	...	101	69	
2022	100 000	99 661	99 637	99 623	99 612	99 603	...	102	69	

TABLE 3.2 – Extrait des $l_{x,t}$ - femme (INSEE, 2021)

Quatre tables de mortalité ont été proposées par l'INSEE. Elles se basent sur quatre scénarios d'espérance de vie : basse, centrale, haute et constante. Pour le scénario bas d'espérance de vie, les enfants nés en 2022 vivraient en moyenne 88 ans pour les femmes et 86 ans pour les hommes tandis que pour le scénario haut d'espérance de vie, les femmes vivraient en moyenne 99 ans et les hommes 96 ans. Dans ce mémoire, nous nous concentrerons exclusivement sur la table de mortalité correspondant au scénario d'espérance de vie centrale. En effet, ce scénario semble être le plus raisonnable.

À partir de cette table, la probabilité de survie p_x peut être calculée comme suit : $p_x = \frac{l_{x+1}}{l_x}$. De même, la probabilité de décès q_x est donnée par : $q_x = \frac{l_x - l_{x+1}}{l_x}$. Le taux de mortalité à un âge donné q_x est ainsi défini comme le rapport entre la diminution du nombre de survivants à cet âge et le nombre de survivants initialement présents à cet âge. La TABLE 3.3 présente un extrait des $q_{x,t}$ pour 100 000 individus, calculés par l'INSEE, pour les femmes.

Date de naissance	Âge									
	0	1	2	3	4	5	...	119	120	
1806	17 876	7 813	3 622	2 435	1 929	1 547	...	–	–	
1807	18 393	7 615	3 588	2 405	1 887	1 530	...	–	–	
1808	17 700	7 694	3 544	2 331	1 828	1 657	...	–	–	
...	
2020	337	23	14	12	9	7	...	32048	32048	
2021	340	24	14	12	9	7	...	32048	32048	
2022	339	24	14	12	9	7	...	32048	32048	

- Tables de mortalité françaises
- Insee, estimations de population et statistiques de l'état civil
- Insee, projections de population 2021-2070

TABLE 3.3 – Extrait des $q_{x,t}$ - femme (INSEE, 2021)

3.2.2 Méthode de calcul des taux choqués

Pour quantifier l'impact de la dengue sur la mortalité, nous avons déterminé de nouveaux taux de mortalité $q_{x,t}^*$, qui prennent cette fois-ci en compte les décès dus à la dengue. Pour calculer ces taux de décès choqués, il a tout d'abord fallu modifier la table de mortalité, en ajustant le nombre de survivants. La méthode est la suivante :

- **Projections de population** : L'INSEE fournit les projections des effectifs par âge pour la période 2021-2070. Cependant, seuls les âges compris entre 0 et 105 ans sont projetés. On supposera alors que la population française est entièrement représentée dans cette intervalle, ce qui est une hypothèse raisonnable.
- **Répartition des cas de dengue** : Le nombre d'infectés par an est ensuite réparti uniformément en fonction des effectifs par âge.
- **Calcul des décès** : À partir du taux de létalité de la dengue pour chaque âge, le nombre de décès annuel a été calculé. Les décès sont répartis équitablement, 50% sont attribués aux femmes et 50% aux hommes. Nous ne disposons pas, en effet, de taux de létalité par sexe.
- **Distribution des décès dans la table de mortalité** : Pour répartir les décès dans la table de mortalité, nous avons procédé diagonale par diagonale, car les diagonales représentent les années calendaires. Pour une année donnée t et un âge x , le nombre de survivants $l_{x,t}$ a été ajusté en soustrayant le nombre de décès à l'âge $x - 1$ dû à la dengue année-là. Par exemple, si 337 personnes étaient censées survivre jusqu'à 90 ans en 2020, mais que la dengue a causé 5 décès supplémentaires à 89 ans, le nombre de survivants à 90 ans a été réduit à 332. Afin de maintenir la cohérence dans la table de mortalité, ces 5 décès supplémentaires ont également été déduits pour tous les âges futurs de cette cohorte. Cela signifie que les 5 décès supplémentaires seront également soustraits au nombre de survivants pour les âges 91 à 105. Enfin, étant donné que la table ne contient que 100 000 survivants à l'âge de 0 an, les cas de dengue ont été proportionnellement ajustés.

Pour visualiser la méthode, la FIGURE 3.4 présente une année calendaire ainsi que les ajustements à effectuer aux années 2022 et 2023 pour les personnes nées en 2022.

Date de naissance	Années calendaire 2020								
	0	1	2	3	4	...	104	105	
2018	100 000	99 646	99 620	99 604	99 593	...	9 299	7 273	
2019	100 000	99 660	99 636	99 621	99 609	...	9 433	7 379	
2020	100 000	99 663	99 640	99 626	99 614	...	9 555	7 474	
2021	100 000	99 660	99 635	99 621	99 610	...	9 664	7 559	
2022	100 000	99 661	99 637	99 623	99 612	...	9 763	7 637	

Ajustement 2023
Ajustement 2022

TABLE 3.4 – Méthode de répartition des décès

Cela permet d'obtenir une nouvelle table de mortalité intégrant les effets des épidémies de dengue. Ensuite, à partir de cette table, les nouveaux $q_{x,t}^*$ seront calculés en utilisant la formule $q_x^* = \frac{l_x^* - l_{x+1}^*}{l_x^*}$.

3.2.3 Comparaison avec la table de référence

Les taux de mortalité $q_{x,t}^*$ obtenus ont été comparés aux taux de mortalité $q_{x,t}$ de la table de référence [INSEE \(2021\)](#). L'augmentation des taux de mortalité pour les âges compris entre 0 et 90 ans est présentée TABLE 3.5. Une augmentation de 0,1% signifie que le taux de mortalité a été multiplié par 1,001 à cause de la dengue. Pour le quantile 2,5% mais également pour le scénario probable, l'augmentation de la mortalité est très légère. Pour le quantile 97,5 % de cette distribution, bien que des augmentations plus conséquentes peuvent être observées, avec une hausse atteignant jusqu'à 0,367% pour les femmes et 0,323% pour les hommes, cela reste exceptionnel et minime. Globalement, pour les âges compris entre 0 et 90 ans, l'impact de la dengue est infime.

	Femmes			Hommes		
	Min	Moyenne	Max	Min	Moyenne	Max
quantile _{2,5%}	0%	0.000780%	0.066779%	0%	0.000606%	0.058839%
central	0%	0.001434%	0.153437%	0%	0.001132%	0.135101%
quantile _{97,5%}	0%	0.002752%	0.366526%	0%	0.002193%	0.322505%

TABLE 3.5 – Pourcentage d'augmentation (minimum, moyenne et maximum) des taux de mortalité entre 0 et 90 ans

Cependant, pour les plus de 90 ans, des augmentations plus significatives peuvent se produire, notamment pour le quantile à 97,5% de la distribution. La FIGURE 3.6 compare les taux de mortalité des plus de 90 ans pour le quantile à 97,5% aux taux de mortalité de référence pour l'année caniculaire de 2065. Par exemple, pour les personnes âgées de 103 ans en 2065, on observe une augmentation de plus de 7% de leurs taux de mortalité. Cette augmentation importante est liée au faible nombre de survivants à ces âges avancés, ce qui entraîne une forte volatilité des taux de mortalité.

Bien que de telles augmentations puissent survenir, ces cas sont rares. En moyenne, l'impact de la dengue sur les taux de mortalité entre 90 et 105 ans reste relativement faible, avec des augmentations moyennes de 0,05% pour le quantile à 2,5%, de 0,09% pour le scénario probable et de 0,17% pour le quantile 97.5%. Ainsi, même pour les âges supérieurs à 90 ans, l'impact global de la dengue reste infime.

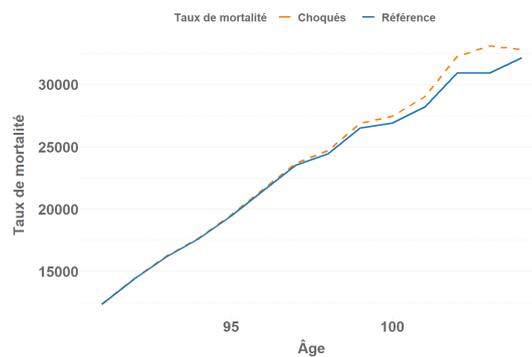


FIGURE 3.6 – Taux de mortalité pour les hommes - Année 2065

En conclusion, l'impact de la dengue sur les taux de mortalité semble minime, tant pour les hommes que pour les femmes.

3.3 Augmentation du nombre d'arrêts de travail

Nous allons maintenant évaluer l'impact de la dengue sur le nombre d'arrêts de travail en France. La principale difficulté est tout d'abord d'estimer le nombre d'arrêts de travail en France car il n'existe pas de tables de référence. L'une des rares études sur le sujet est l'enquête menée par APICIL ([APICIL, 2024](#)). Cette étude fournit des informations clés, notamment la part de salariés par tranches âge, ayant eu au moins un arrêt de travail en 2023. Les résultats de cette étude sont présentés TABLE 3.6. Les données sont relativement stables au fil des ans, ce qui les rend assez fiables.

< 30 ans	30-39 ans	40-49 ans	50-59 ans	≥ 60 ans
26.03 %	30.46 %	28,10 %	28,11 %	19,64 %

TABLE 3.6 – Pourcentage de personnes en arrêt de travail au moins une fois en 2023

Pour estimer l'impact de la dengue sur le nombre de personnes en arrêt de travail, plusieurs hypothèses ont été faites. Tout d'abord, la tranche d'âge des moins de 30 ans a été modifiée en 20-30 ans, car il est peu probable que des personnes de moins de 20 ans soient en arrêt de travail. De même, la tranche d'âge des plus de 60 ans a été limitée à 60-65 ans pour ne pas prendre en compte les retraités. On supposera également que les arrêts de travail recensés par [APICIL \(2024\)](#) concernent uniquement les ITT (incapacité temporaire de travail) et non les invalidités.

Pour estimer le nombre d'arrêts de travail, des données démographiques par tranche d'âge de l'INSEE ([INSEE, 2020](#)) ont été utilisées. Elles ont été délibérément définies de manière non prospective afin de ne pas biaiser les résultats. Tout d'abord, le nombre de cas de dengue est réparti proportionnellement au nombre de personnes dans chaque tranche d'âge. Puis, pour estimer le nombre de personnes en ITT, nous supposons que 1 % des cas de dengue entraîne un arrêt de travail, comme dans [DRIF et al. \(2020\)](#). Le nombre d'arrêts de travail ainsi obtenu pour le scénario probable et les quantiles extrêmes sont présentés TABLE 3.7.

L'augmentation annuelle du nombre d'arrêts de travail par rapport à [APICIL \(2024\)](#) a été calculée et est représentée FIGURE 3.7.

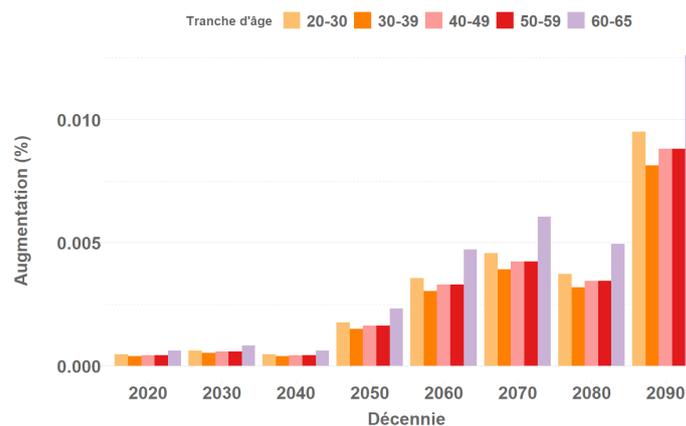


FIGURE 3.7 – Augmentation du nombre de personnes en ITT par an - scénario probable

Ainsi, même avec des épidémies atteignant plus de 200 000 cas par an, l'augmentation du nombre d'arrêts de travail reste faible par rapport au volume total annuel (maximum 0.0125% par an). L'impact de la dengue sur les arrêts de travail ne devrait donc pas être significatif pour les assureurs.

Décennie	Tranche d'âge	Scénario probable	quantile _{2.5%}	quantile _{97.5%}
2020-2029	20-30 ans	8.82	5.89	14.25
	30-39 ans	9.81	6.54	15.84
	40-49 ans	10.15	6.77	16.39
	50-59 ans	10.37	6.92	16.74
	60-65 ans	5.80	3.87	9.37
2030-2039	20-30 ans	11.71	6.83	23.38
	30-39 ans	13.01	7.59	25.98
	40-49 ans	13.47	7.86	26.89
	50-59 ans	13.76	8.03	27.47
	60-65 ans	7.70	4.49	15.37
2040-2049	20-30 ans	8.79	5.45	16.79
	30-39 ans	9.76	6.06	18.66
	40-49 ans	10.11	6.27	19.31
	50-59 ans	10.32	6.40	19.73
	60-65 ans	5.78	3.58	11.04
2050-2059	20-30 ans	33.11	17.05	71.52
	30-39 ans	36.80	18.95	79.49
	40-49 ans	38.08	19.61	82.27
	50-59 ans	38.90	20.03	84.03
	60-65 ans	21.76	11.21	47.02
2060-2069	20-30 ans	67.03	31.00	151.41
	30-39 ans	74.49	34.45	168.28
	40-49 ans	77.10	35.66	174.17
	50-59 ans	78.75	36.42	177.90
	60-65 ans	44.06	20.38	99.54
2070-2079	20-30 ans	86.14	40.22	148.68
	30-39 ans	95.74	44.70	165.24
	40-49 ans	99.09	46.26	171.02
	50-59 ans	101.21	47.26	174.69
	60-65 ans	56.63	26.44	97.74
2080-2089	20-30 ans	70.17	38.00	105.28
	30-39 ans	77.99	42.23	117.01
	40-49 ans	80.72	43.71	121.10
	50-59 ans	82.45	44.65	123.70
	60-65 ans	46.13	24.98	69.21
2090-2099	20-30 ans	179.10	100.96	320.43
	30-39 ans	199.05	112.21	356.13
	40-49 ans	206.02	116.14	368.59
	50-59 ans	210.44	118.63	376.50
	60-65 ans	117.74	66.37	210.65

TABLE 3.7 – Nombre d'arrêts de travail dûs à la dengue

3.4 Augmentation du nombre de consultations

Il est également intéressant de quantifier l'impact de la dengue sur une autre garantie d'assurance : les consultations médicales. Selon [BRAS \(2016\)](#), chaque français consulte en moyenne 3,6 fois par an, ce qui totalise plus de 230 millions de consultations annuelles dans le pays. Pour estimer le nombre de consultations supplémentaires causées par la dengue, on supposera comme dans [DRIF et al. \(2020\)](#), que 40% des infectés consultent un médecin. Ainsi, on a pu estimer, [TABLE 3.8](#), le nombre de consultations supplémentaires causées par la dengue.

Jusqu'en 2050, il ne devrait y avoir que quelques milliers de consultations supplémentaires. Cependant, ces dernières devraient ensuite augmenter fortement et progressivement. D'ici la fin du siècle, le nombre de consultations supplémentaires par an devrait atteindre 36 000 pour le scénario probable et jusqu'à 65 292 pour le quantile à 97.5%. Il faut néanmoins prendre en compte le fait que 70% du montant de ces consultations sont prises en charge par l'Assurance maladie.

Décennie	Scénario probable	quantile _{2.5%}	quantile _{97.5%}
2020-2029	1 798	1 200	2 904
2030-2039	2 386	1 393	4 764
2040-2049	1 791	1 111	3 422
2050-2059	6 747	3 475	14 573
2060-2069	13 658	6 317	30 852
2070-2079	17 553	8 196	30 295
2080-2089	14 299	7 744	21 453
2090-2099	36 494	20 573	65 292

TABLE 3.8 – Nombre de consultations par an.

L'augmentation du nombre de consultations annuelles en France à cause de la dengue est illustrée [FIGURE 3.8](#). Cette augmentation est relativement faible. En effet, avec une confiance à 97.5%, l'impact maximal n'est que de 0,035 %. Ainsi, tout comme pour les arrêts de travail, l'impact de la dengue sur le nombre total des consultations reste marginal par rapport au volume très élevé de consultations médicales en France. Les frais liés aux consultations pour la dengue ne devraient donc pas non plus impacter fortement le secteur de l'assurance.

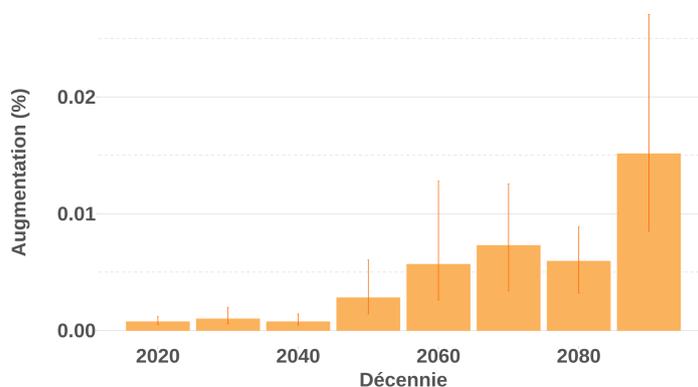


FIGURE 3.8 – Augmentation du nombre de consultations par an

3.5 Répartition de la sinistralité

Il est important pour les assureurs de comprendre la répartition géographique des risques afin de gérer les sinistres efficacement mais également de tarifer les contrats de manière équitable. À cet égard, les cartes FIGURE 3.9 montrent l'évolution de la répartition de la sinistralité due à la dengue en France pour les années 2020 et 2100.

En 2020, la région Provence-Alpes-Côte d'Azur (PACA) concentre la plus grande partie des sinistres. Plusieurs facteurs peuvent expliquer cette situation. Tout d'abord, le moustique tigre s'est installé depuis de nombreuses années dans cette région. Puis, cette région est également sujette à de nombreuses canicules en raison de son climat méditerranéen, ce qui, comme détaillé dans le chapitre 2, augmente le risque d'épidémies.

En 2100, la situation est radicalement différente. La sinistralité ne se limite plus à la région PACA, mais s'étend désormais à tout le sud de la France ainsi que dans l'ouest. Cette augmentation des sinistres dans ces régions s'explique principalement par la progression du moustique tigre, qui remonte vers ces zones à mesure que le réchauffement climatique crée des températures favorables à son établissement.

Parmi les régions les plus affectées en 2100, l'Occitanie se distingue légèrement. Avec plus de 27,5 % de la sinistralité totale, elle devient la région la plus touchée du pays.

Ces cartes suggèrent également qu'il serait pertinent, si ce n'est déjà fait, d'implémenter dès aujourd'hui des mesures de contrôle et de prévention (contrôle des population de moustiques, surveillance des malades et sensibilisation du public) dans les régions Occitanie et Nouvelle-Aquitaine afin de limiter l'impact futur de la dengue.

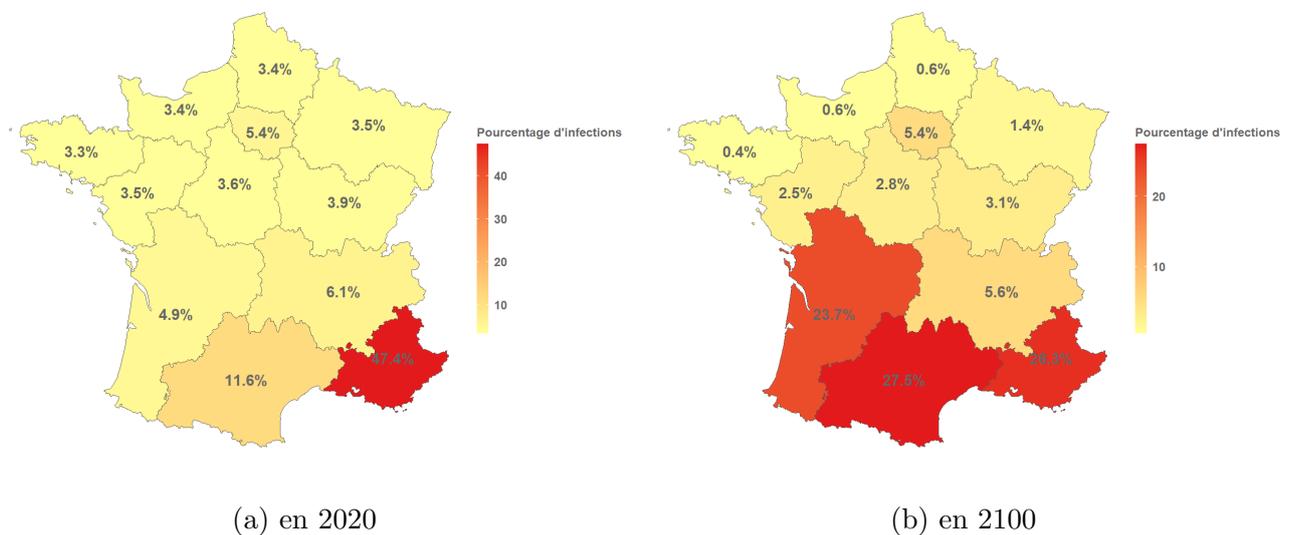


FIGURE 3.9 – Répartition de la sinistralité

3.6 Comparaison avec les résultats de [Drif et al., 2020](#)

En général, les résultats de cette étude sont beaucoup plus prudents que ceux de [DRIF et al. \(2020\)](#). Leurs estimations sont environ 100 fois plus élevées que celles trouvées dans le scénario central, et 10 fois plus élevées que le quantile à 97.5 % de cette étude.

Pour l'année 2040, ils projettent plus de 2000 décès par an, tandis que notre modèle en estime au maximum 367 pour l'année 2065. De plus, ils estiment plus de 500 000 consultations médicales par an en 2020 et plus de 1 200 000 consultations par an en 2040. En comparaison, notre étude prévoit environ 1 700 consultations par an pour la période 2020-2029 et 36 000 à la fin du siècle. Enfin, pour les arrêts de travail, leurs prévisions sont de plus de 12 000 en 2020, alors que notre modèle en projette seulement une quarantaine.

Ces différences notables peuvent s'expliquer par plusieurs facteurs. Tout d'abord, comme détaillé dans le chapitre précédent, ils estiment un nombre de cas largement supérieur à nos résultats. La TABLE 3.9 montre le nombre de cas estimés par notre modèle, le nombre de cas estimés par leur modèle et le nombre de cas réels pour la période 2020-2023. On peut observer que les résultats de ce modèle, bien qu'imparfaits, se rapprochent davantage de la réalité. Il est toutefois possible que le nombre de cas confirmés biologiquement en France soit sous-estimé, car la dengue est souvent asymptomatique. Néanmoins, même en tenant compte de cette sous-estimation, les chiffres officiels restent très éloignés de ceux trouvés par [DRIF et al. \(2020\)](#).

Année	Modèle SEIR			DRIF et al. (2020)	Réels
	Probable	quantile _{2.5%}	quantile _{97.5%}		
2020	2475	2037	3128	100 000 - 1 270 000	878
2021	2361	1939	2989	100 000 - 1 270 000	1060
2022	6561	4331	10338	100 000 - 1 270 000	897
2023	1888	1603	2296	100 000 - 1 270 000	2219

TABLE 3.9 – Nombre de cas de dengue par an.

De plus, leur modèle utilise un taux de létalité de 1%, ce qui est très élevé. Ce taux correspondrait plutôt à celui de la dengue hémorragique, qui est une forme rare de dengue, se manifestant chez 1% des infectés. La forme la plus commune de la dengue a elle un taux de létalité beaucoup plus bas, proche du 0.05% ([PAHO, 2020](#)). Par exemple, en 2019, le taux de létalité de la dengue était de 0.051% au Salvador et de 0.0318% en Jamaïque. L'hypothèse choisie par [DRIF et al. \(2020\)](#) semble donc très prudente.

Ces deux raisons peuvent être des premières pistes pour expliquer une telle différence de résultats. Il est cependant difficile d'approfondir la comparaison car les paramètres et les hypothèses utilisés par [DRIF et al. \(2020\)](#) ne sont pas spécifiés dans leur étude.

Pour l'instant, les données des années 2020 à 2024 semblent soutenir notre approche. Aucun décès n'a été recensé officiellement sur la période, ce qui correspond d'avantage à nos résultats. En effet, on a estimé moins de 10 décès sur cette période tandis que [DRIF et al. \(2020\)](#) en ont estimé 5000.

Conclusion du chapitre

Bien que, dans le scénario probable, la dengue puisse entraîner jusqu'à 350 décès, 900 arrêts de travail et 36 000 consultations supplémentaires par an en France, cette hausse reste minime par rapport au volume total. À titre de comparaison, la grippe entraîne 9 000 décès et un million de consultations médicales par an ([SANTÉ PUBLIQUE, 2023](#)). En conclusion, bien que le nombre de cas de dengue devrait considérablement augmenter au cours du siècle, la dengue ne devrait pas impacter de manière significative la situation financière des assureurs.

Conclusion

Pour quantifier l'impact des maladies vectorielles sur le secteur de l'assurance à l'horizon 2100, nous avons choisi de nous focaliser sur la dengue, la maladie vectorielle qui progresse le plus rapidement en France et qui présente le plus de dangers pour la population. Pour simuler de futures épidémies de dengue en France, un modèle SEIR intégrant des paramètres climatiques a été développé. A partir de deux scénarios de réchauffement climatique du GIEC : le RCP 2.6 et le RCP 8.5, des épidémies de dengue pour la période 2020-2100 ont été simulées. En ce qui concerne le scénario RCP 2.6, la situation devrait rester identique à celle d'aujourd'hui, c'est à dire quelques milliers de cas de dengue par an. En revanche, pour le scénario RCP 8.5, les résultats montrent clairement que le réchauffement climatique favorisera l'émergence d'épidémies régulières et conséquentes de dengue. En effet, sous ce scénario, le nombre de cas devrait augmenter de manière quasi exponentielle au fil des années. On pourra alors s'attendre à plus de 2 250 000 de cas d'ici la fin du siècle et à des épidémies atteignant plus de 200 000 cas par an lors des fortes canicules. Ainsi, si le réchauffement climatique se poursuit, on pourrait s'attendre, à l'instar de la grippe, à des épidémies saisonnières mais cette fois ci en période estivale.

Cependant, bien que des centaines de milliers de cas soient attendus d'ici la fin du siècle, la dengue ne devrait pas impacter la situation financière des assureurs. En effet, nous avons montré que la dengue devrait avoir un impact minime sur les trois garanties principalement impactées par une épidémie : les décès, les arrêts de travail, et les consultations médicales.

Cette étude propose un point de vue supplémentaire sur un sujet très peu étudié. Elle offre notamment une base de comparaison avec l'étude de [DRIF et al. \(2020\)](#), réalisée par AON dans le cadre de l'exercice pilote climatique 2020. Les résultats que nous avons obtenus sont nettement moins alarmants que ceux obtenus par leurs équipes. Cependant, le peu d'historique dont nous disposons, soit les années 2020 à 2023, semblent d'avantage soutenir notre approche. Ainsi, ce mémoire propose une perspective différente pour l'avenir.

Le modèle a fidèlement reproduit les épidémies de dengue au Brésil et sur l'île de la Réunion. Néanmoins, il possède de nombreuses limites. Tout d'abord, il dépend fortement des hypothèses formulées sur les paramètres. Pour atténuer ce problème et quantifier l'incertitude autour de ces paramètres, ceux-ci ont été simulés en utilisant des distributions Bêta. Une centaine de simulations du modèle SEIR pour la France ont ainsi été réalisées. D'autres critiques à l'encontre du modèle peuvent également être formulées : il est agrégé par régions, ce qui limite sa précision. Il ne prend pas non plus en compte les variations de climat, la densité de population, ou la répartition des moustiques au sein d'une même région. Enfin, il aurait pu être intéressant, pour reproduire plus fidèlement la réalité, d'intégrer d'autres variables climatiques, telles que l'humidité, les précipitations et la présence potentielle d'eau stagnante.

Dans ce mémoire, nous avons cherché à quantifier l'impact de la dengue sur trois garanties d'assurance évoquées, les décès, les arrêts de travail et les consultations. Cependant, d'autres applications

dans le domaine de l'assurance pourraient également être envisagées. Tout d'abord, le modèle est facilement transposable à d'autres pays. Il suffit en effet de disposer de données démographiques ainsi que de scénarios de températures pour ces pays là. Il pourrait alors être intéressant, dans le cadre d'une assurance voyage par exemple, de simuler de futures épidémies de dengue dans des pays très touristiques, afin d'estimer les coûts supplémentaires liés aux rapatriements, hospitalisations... Cela pourrait permettre d'avoir une vision plus précise des pays à hauts risque et de proposer ainsi des offres de produits d'assurance plus précises. Le modèle pourrait également être utilisé pour simuler d'autres maladies vectorielles, telles que le chikungunya, le virus Zika ou le paludisme. Il suffit uniquement de changer la période de latence, la période de contagion, et de calibrer les variables x_1 et x_2 à partir de données spécifiques à cette maladie.

Bibliographie

Articles de recherche

- BENEDICT, M. Q., LEVINE, R. S., HAWLEY, W. A., & LOUNIBOS, L. P. (2007). Spread of The Tiger : Global Risk of Invasion by The Mosquito*Aedes albopictus*/i. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 7(1), 76-85. <https://doi.org/10.1089/vbz.2006.0562>
- BONIFAY, T., VESIN, G., BIDAUD, B., BONNEFOY, C., BLANCHET, D., HURPEAU, B., DJOSSOU, F., & EPELBOIN, L. (2017). Comparaisons des caractéristiques sociales des patients au début des épidémies de Chikungunya 2014 vs. Dengue 2013 à Cayenne. *Médecine et Maladies Infectieuses*, 47(4), S59. <https://doi.org/10.1016/j.medmal.2017.03.146>
- BRAS, P.-L. (2016). Les Français moins soignés par leurs généralistes : un virage ambulatoire incantatoire? *Les Tribunes de la santé*, n° 50(1), 67-91. <https://doi.org/10.3917/seve.050.0067>
- CHAN, M., & JOHANSSON, M. A. (2012). The Incubation Periods of Dengue Viruses (N. VASILAKIS, Éd.). *PLoS ONE*, 7(11), e50972. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0050972>
- CHENG, Z., CHEN, X., LIU, L., CHENG, D., HUANG, Q., & LI, R. (2023). A novel uncertainty evaluation method based on the particle filter and beta distribution for data with unknown distribution. *Review of Scientific Instruments*, 94(9). <https://doi.org/10.1063/5.0164859>
- COCHET, A., CALBA, C., JOURDAIN, F., GRARD, G., DURAND, G. A., GUINARD, A., NOËL, H., PATY, M.-C., & AND, F. F. (2022). Autochthonous dengue in mainland France, 2022 : geographical extension and incidence increase. *Eurosurveillance*, 27(44). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.es.2022.27.44.2200818>
- DAHL, E., ÖBORN, L., SJÖBERG, V., LUNDKVIST, Å., & HESSON, J. C. (2022). Vertical Transmission of Sindbis Virus in Culex Mosquitoes. *Viruses*, 14(9), 1915. <https://doi.org/10.3390/v14091915>
- DAHMANA, H., & MEDIANNIKOV, O. (2020). Mosquito-Borne Diseases Emergence/Resurgence and How to Effectively Control It Biologically. *Pathogens*, 9(4), 310. <https://doi.org/10.3390/pathogens9040310>
- DAMGAARD, C. F., & IRVINE, K. M. (2019). Using the beta distribution to analyse plant cover data (I. STOTT, Éd.). *Journal of Ecology*, 107(6), 2747-2759. <https://doi.org/10.1111/1365-2745.13200>

- DEHNING, J., ZIERENBERG, J., SPITZNER, F. P., WIBRAL, M., NETO, J. P., WILCZEK, M., & PRIESEMANN, V. (2020). Inferring change points in the spread of COVID-19 reveals the effectiveness of interventions. *Science*, 369(6500). <https://doi.org/10.1126/science.abb9789>
- DRIF, Y., ROCHE, B., & VALADE, P. (2020). Conséquences du changement climatique pour les maladies à transmission vectorielle et impact en assurance de personnes. <https://doi.org/10.13140/RG.2.2.34342.75846>
- FAN, J., WEI, W., BAI, Z., FAN, C., LI, S., LIU, Q., & YANG, K. (2014). A Systematic Review and Meta-Analysis of Dengue Risk with Temperature Change. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 12(1), 1-15. <https://doi.org/10.3390/ijerph120100001>
- HAFSIA, S., HARAMBOURE, M., WILKINSON, D. A., BALDET, T., YEMADJE-MENUDIER, L., VINCENT, M., TRAN, A., ATYAME, C., & MAVINGUI, P. (2022). Overview of dengue outbreaks in the southwestern Indian Ocean and analysis of factors involved in the shift toward endemicity in Reunion Island : A systematic review (C. NZELU, Éd.). *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 16(7), e0010547. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0010547>
- JIAN, X.-y., JIANG, Y.-t., WANG, M., JIA, N., CAI, T., XING, D., LI, C.-x., ZHAO, T.-y., GUO, X.-x., & WU, J.-h. (2023). Effects of constant temperature and daily fluctuating temperature on the transovarial transmission and life cycle of *Aedes albopictus* infected with Zika virus. *Frontiers in Microbiology*, 13. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.1075362>
- LEE, H., KIM, J. E., LEE, S., & LEE, C. H. (2018). Potential effects of climate change on dengue transmission dynamics in Korea (S. D. SEKARAN, Éd.). *PLOS ONE*, 13(6), e0199205. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0199205>
- LIU-HELMERSSON, J., BRÄNNSTRÖM, Å., SEWE, M. O., SEMENZA, J. C., & ROCKLÖV, J. (2019). Estimating Past, Present, and Future Trends in the Global Distribution and Abundance of the Arbovirus Vector *Aedes aegypti* Under Climate Change Scenarios. *Frontiers in Public Health*, 7. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2019.00148>
- LIU-HELMERSSON, J., QUAM, M., WILDER-SMITH, A., STENLUND, H., EBI, K., MASSAD, E., & ROCKLÖV, J. (2016). Climate Change and *Aedes* Vectors : 21st Century Projections for Dengue Transmission in Europe. *EBioMedicine*, 7, 267-277. <https://doi.org/10.1016/j.ebiom.2016.03.046>
- PEÑA-ORTIZ, C., BARRIOPEDRO, D., & GARCÍA-HERRERA, R. (2015). Multidecadal Variability of the Summer Length in Europe*. *Journal of Climate*, 28(13), 5375-5388. <https://doi.org/10.1175/jcli-d-14-00429.1>
- REINHOLD, J., LAZZARI, C., & LAHONDÈRE, C. (2018). Effects of the Environmental Temperature on *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* Mosquitoes : A Review. *Insects*, 9(4), 158. <https://doi.org/10.3390/insects9040158>

- SEDDA, L., TAYLOR, B. M., EIRAS, A. E., MARQUES, J. T., & DILLON, R. J. (2020). Using the intrinsic growth rate of the mosquito population improves spatio-temporal dengue risk estimation. *Acta Tropica*, 208, 105519. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2020.105519>
- SFMTSI. (2022). Maladies tropicales et pauvreté : impact sur les droits de la femme et de l'enfant. Journée scientifique de la SFMTSI (ex SPE). 25 mai 2022. *MTSI*, Vol. 2 No 2 (2022) : MTSI-Revue. <https://doi.org/10.48327/MTSI.V2I2.2022.245>
- SOCHACKI, T., JOURDAIN, F., PERRIN, Y., NOEL, H., PATY, M.-C., de VALK, H., SEPTFONS, A., SIMARD, F., FONTENILLE, D., & ROCHE, B. (2016). Imported chikungunya cases in an area newly colonised by *Aedes albopictus* : mathematical assessment of the best public health strategy. *Eurosurveillance*, 21(18). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.es.2016.21.18.30221>
- TRAN, A., L'AMBERT, G., LACOUR, G., BENOÎT, R., DEMARCHI, M., CROS, M., CAILLY, P., AUBRY-KIENTZ, M., BALENGHIEN, T., & EZANNO, P. (2013). A Rainfall- and Temperature-Driven Abundance Model for *Aedes albopictus* Populations. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 10(5), 1698-1719. <https://doi.org/10.3390/ijerph10051698>
- TREJO, I., BARNARD, M., SPENCER, J. A., KEITHLEY, J., MARTINEZ, K. M., CROOKER, I., HENGARTNER, N., ROMERO-SEVERSON, E. O., & MANORE, C. (2023). Changing temperature profiles and the risk of dengue outbreaks (S. N. A. CODJOE, Éd.). *PLOS Climate*, 2(2), e0000115. <https://doi.org/10.1371/journal.pclm.0000115>
- VICENTE, C. R., HERBINGER, K.-H., FRÖSCHL, G., ROMANO, C. M., de SOUZA AREIAS CABIDELLE, A., & JUNIOR, C. C. (2016). Serotype influences on dengue severity : a cross-sectional study on 485 confirmed dengue cases in Vitória, Brazil. *BMC Infectious Diseases*, 16(1). <https://doi.org/10.1186/s12879-016-1668-y>
- VILLELA, D. A. M., BASTOS, L. S., DE CARVALHO, L. M., CRUZ, O. G., GOMES, M. F. C., DUROVNI, B., LEMOS, M. C., SARACENI, V., COELHO, F. C., & CODEUNDEFINADO, C. T. (2017). Zika in Rio de Janeiro : Assessment of basic reproduction number and comparison with dengue outbreaks. *Epidemiology and Infection*, 145(8), 1649-1657. <https://doi.org/10.1017/s0950268817000358>
- WANG, J., GUAN, Y., WU, L., GUAN, X., CAI, W., HUANG, J., DONG, W., & ZHANG, B. (2021). Changing Lengths of the Four Seasons by Global Warming. *Geophysical Research Letters*, 48(6). <https://doi.org/10.1029/2020gl091753>
- WHITE, M. T., GRIFFIN, J. T., CHURCHER, T. S., FERGUSON, N. M., BASÁÑEZ, M.-G., & GHANI, A. C. (2011). Modelling the impact of vector control interventions on *Anopheles gambiae* population dynamics. *Parasites and Vectors*, 4(1). <https://doi.org/10.1186/1756-3305-4-153>
- WINOKUR, O. C., MAIN, B. J., NICHOLSON, J., & BARKER, C. M. (2020). Impact of temperature on the extrinsic incubation period of Zika virus in *Aedes aegypti* (B. ALTHOUSE, Éd.). *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 14(3), e0008047. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0008047>

YAKOB, L., & CLEMENTS, A. C. A. (2013). A Mathematical Model of Chikungunya Dynamics and Control : The Major Epidemic on Réunion Island (M. G. ROBERTS, Éd.). *PLoS ONE*, 8(3), e57448. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0057448>

ZENG, Z., ZHAN, J., CHEN, L., CHEN, H., & CHENG, S. (2021). Global, regional, and national dengue burden from 1990 to 2017 : A systematic analysis based on the global burden of disease study 2017. *EClinicalMedicine*, 32, 100712. <https://doi.org/10.1016/j.eclinm.2020.100712>

Mémoires d'actuariat

JOUBERT, G., & FOU DHAILI, S. (2014). *Risque de pandémie en assurance prévoyance : construction d'un modèle de propagation dans l'espace* [mém. de mast.].

PINCEMIN. (2021). *Risques climatiques et mortalité, impact du risque canicule à l'horizon 2070* [mém. de mast.].

Webographie

ACTION MONDIALE CONTRE L'EBOLA. (2016). A l'Assemblée mondiale de la santé, l'OMS appelle à se préparer à une résurgence des maladies infectieuses [Consulté le 21/02/2024]. <https://ebolaresponse.un.org/fr/lassemblee-mondiale-de-la-sante-loms-appelle-se-preparer-une-resurgence-des-maladies-infectieuses>

APICIL. (2024). Observatoire des arrêts de travail [Consulté le 23/05/2024]. <https://www.groupe-apicil.com/wp-content/uploads/2024/07/Rapport-OAT-2024-VF.pdf>

ARS. (2022). Surveillance épidémiologique des infections à virus West-Nile (VWN) [Consulté le 06/07/2023]. <https://www.corse.ars.sante.fr/surveillance-epidemiologique-des-infections-virus-west-nile-vwn>

BANQUE TRANSATLANTIQUE. (2023). Les gagnants du marché pendant le Covid ? [Consulté le 03/07/2023]. <https://www.banquetransatlantique.com/fr/actualites/les-gagnants-du-marche-pendant-le-covid.html?~:text=Les%20premi%C3%A8res%20semaines%20de%20la,31%2F12%2F2021>

COVARs. (2023). Avis du Comité de Veille et d'Anticipation des Risques Sanitaires [Consulté le 12/07/2023]. <https://www.enseignementsup-recherche.gouv.fr/sites/default/files/2023-04/avis-du-covars-du-3-avril-2023---risques-sanitaires-de-la-dengue-du-zika-et-du-chikungunya-en-lien-avec-le-changement-climatique-27356.pdf>

ECDC. (2021). Annual Epidemiological Report for 2021 [Consulté le 22/02/2024]. <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/dengue-annual-epidemiological-report-2021.pdf>

ECDC. (2023). Dengue virus disease cases, June 2022-May 2023 [Consulté le 09/07/2023]. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/dengue-virus-disease-cases-june-2022-may-2023>

- EFSA. (2022). Maladies à transmission vectorielle [Consulté le 26/07/2023]. <https://www.efsa.europa.eu/fr/topics/topic/vector-borne-diseases>
- GHCN. (2024). Global Historical Climatology Network daily [Consulté le 16/05/2024]. <https://www.ncdc.noaa.gov/products/land-based-station/global-historical-climatology-network-daily>
- GIEC. (2023). *Climate Change 2023 : Synthesis Report* (rapp. tech.). IPCC. <https://www.ipcc.ch/report/ar6/syr/>
- GOUVERNEMENT DU CANADA. (2018). Scénarios et modèles climatiques [Consulté le 05/07/2023]. <https://www.canada.ca/fr/environnement-changement-climatique/services/changements-climatiques/centre-canadien-services-climatiques/essentiels/scenarios-modeles.html>
- INED. (2024). Population par région [Consulté le 16/05/2024]. <https://www.ined.fr/fr/tout-savoir-population/chiffres/france/structure-population/regions/>
- INSEE. (2020). Population par âge [Consulté le 23/05/2024]. <https://www.insee.fr/fr/statistiques/4277619?sommaire=4318291>
- INSEE. (2021). 68,1 millions d'habitants en 2070 : une population un peu plus nombreuse qu'en 2021, mais plus âgée [Consulté le 23/05/2024]. <https://www.insee.fr/fr/statistiques/5893969>
- INSEE. (2024a). Décès et taux de mortalité [Consulté le 16/05/2024]. <https://www.insee.fr/fr/statistiques/2383440>
- INSEE. (2024b). Naissances et taux de natalité [Consulté le 16/05/2024]. <https://www.insee.fr/fr/statistiques/2381380>
- INSEE. (2024c). Population au 1er janvier [Consulté le 16/05/2024]. <https://www.insee.fr/fr/statistiques/5225246>
- INSTITUT PASTEUR. (2021). Dengue [Consulté le 06/07/2023]. <https://www.pasteur.fr/fr/centre-medical/fiches-maladies/dengue>
- OMS. (2020). Maladies à transmission vectorielle [Consulté le 24/07/2023]. <https://www.who.int/fr/news-room/fact-sheets/detail/vector-borne-diseases>
- OMS. (2023). Dengue et dengue sévère [Consulté le 12/07/2023]. <https://www.who.int/fr/news-room/fact-sheets/detail/dengue-and-severe-dengue>
- PAHO. (2020). Epidemiological Update Dengue [Consulté le 23/05/2024]. <https://www.paho.org/sites/default/files/2020-02/2020-feb-7-phe-epi-update-dengue.pdf>
- SANTÉ PUBLIQUE. (2023). <https://www.santepubliquefrance.fr/les-actualites/2023/poids-et-impact-de-la-grippe-saisonniere-en-france-metropolitaine-bilan-des-epidemies-de-2011-2012-a-2021-2022> [Consulté le 23/07/2024]. <https://www.insee.fr/fr/statistiques/5893969>

SANTÉ PUBLIQUE FRANCE. (2023a). Données en France métropolitaine [Consulté le 14/07/2023]. <https://www.santepubliquefrance.fr/maladies-et-traumatismes/maladies-a-transmission-vectorielle/chikungunya/articles/donnees-en-france-metropolitaine>

SANTÉ PUBLIQUE FRANCE. (2023b). Maladies à transmission vectorielle [Consulté le 21/02/2024]. <https://www.santepubliquefrance.fr/maladies-et-traumatismes/maladies-a-transmission-vectorielle>

Annexe A : Calcul du R_s

Cette preuve est largement inspirée de celle de [LEE et al. \(2018\)](#), modifiée pour correspondre à notre modèle. Pour trouver la formule du R_s , le nombre moyen de nouveaux cas que produit un individu infecté, il faut s'intéresser au point d'équilibre exempt de maladie, appelé *disease-free equilibrium*.

Ce point d'équilibre est un état stable dans lequel il n'y a aucun infecté, c'est-à-dire que tous les compartiments infectieux sont nuls et qu'il n'y a pas d'importations. Il est noté :

$$x_0 = (S_l, 0, S_m, 0, 0, S_h, 0, 0, 0)$$

Le *disease-free equilibrium* sert de point de départ pour évaluer comment la maladie se propage. Si ce point est stable, il n'y a pas d'épidémies. Au contraire, si il est instable, la maladie peut se propager dans la population. Pour étudier la stabilité de ce point, il faut s'intéresser à deux matrices : la matrice des nouvelles infections, notée \mathcal{F} et la matrice des transitions, notée \mathcal{V} .

Comme les compartiments infectieux suivent les relations :

$$\begin{aligned}\frac{dI_l}{dt} &= \delta\nu\frac{I_m}{N_m} - \omega I_l - \mu_l I_l \\ \frac{dE_m}{dt} &= \beta_{hm}S_m\frac{I_h}{N_h} - \epsilon E_m - \mu_m E_m \\ \frac{dI_m}{dt} &= \epsilon E_m + \omega I_l - \mu_m I_m \\ \frac{dE_h}{dt} &= \beta_{mh}S_h\frac{I_m}{N_h} - \alpha E_h - \mu_{hd} E_h \\ \frac{dI_h}{dt} &= \alpha E_h - \gamma I_h - \mu_{hd} I_h\end{aligned}$$

alors les matrices \mathcal{F} et \mathcal{V} sont définies comme suit : $\mathcal{F} = \begin{bmatrix} \delta\nu\frac{I_m}{N_m} \\ \beta_{hm}S_m\frac{I_h}{N_h} \\ 0 \\ \beta_{mh}S_h\frac{I_m}{N_h} \\ 0 \end{bmatrix}$ et $\mathcal{V} = \begin{bmatrix} \omega I_l + \mu_l I_l \\ \epsilon E_m + \mu_m E_m \\ -\epsilon E_m - \omega I_l + \mu_m I_m \\ \alpha E_h + \mu_{hd} E_h \\ -\alpha E_h + \gamma I_h + \mu_{hd} I_h \end{bmatrix}$.

Pour analyser la stabilité du point d'équilibre, il faut analyser les valeurs propres de la matrice FV^{-1} , où F et V sont les matrices jacobiennes de \mathcal{F} et \mathcal{V} . Les jacobiennes sont calculées au point x_0 et par rapport à $x = (I_l, E_m, I_m, E_h, I_h)^T$, le vecteur des états infectieux.

On a alors :

$$F = \left[\begin{array}{c|ccc} \frac{\partial \mathcal{F}(\mathbf{x}_0)}{\partial I_l} & \dots & \frac{\partial \mathcal{F}(\mathbf{x}_0)}{\partial I_h} \\ \hline 0 & 0 & \frac{\delta \nu}{N_m} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \beta_{hm} \frac{S_m}{N_h} \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \frac{\beta_{mh} S_h}{N_h} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{array} \right]$$

$$\text{et } V = \left[\begin{array}{c|ccccc} \frac{\partial \mathcal{V}(\mathbf{x}_0)}{\partial I_l} & \dots & \frac{\partial \mathcal{V}(\mathbf{x}_0)}{\partial I_h} \\ \hline \omega + \mu_l & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \epsilon + \mu_m & 0 & 0 & 0 \\ -\omega & -\epsilon & \mu_m & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \alpha + \mu_{hd} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & -\alpha & \gamma + \mu_{hd} \end{array} \right]$$

À partir de ces deux matrices, on va pouvoir déterminer le R_s , qui correspond à la plus grande valeur propre de FV^{-1} . Pour se faire, la matrice V sera inversée puis les valeurs propres de FV^{-1} seront déterminées.

Inversion de la matrice V

L'inversion de la matrice V se fait grâce à l'algorithme du pivot de Gauss :

$$\begin{array}{l} L_1 \\ L_2 \\ L_3 \\ L_4 \\ L_5 \end{array} \left[\begin{array}{ccccc|ccccc} \omega + \mu_l & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \epsilon + \mu_m & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ -\omega & -\epsilon & \mu_m & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \alpha + \mu_{hd} & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & -\alpha & \gamma + \mu_{hd} & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{array} \right]$$

$$\iff \begin{array}{l} L_1 \\ L_2 \\ L_3 \\ L_4 \\ L_5 \end{array} \left[\begin{array}{ccccc|ccccc} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & \frac{1}{(\omega + \mu_l)} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & \frac{1}{(\epsilon + \mu_m)} & 0 & 0 & 0 \\ -\frac{\omega}{\mu_m} & -\frac{\epsilon}{\mu_m} & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & \frac{1}{\mu_m} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & \frac{1}{(\alpha + \mu_{hd})} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & -\frac{\alpha}{\gamma + \mu_{hd}} & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & \frac{1}{(\gamma + \mu_{hd})} \end{array} \right] \begin{array}{l} L_1 \leftarrow (\omega + \mu_l)^{-1} L_1 \\ L_2 \leftarrow (\epsilon + \mu_m)^{-1} L_2 \\ L_3 \leftarrow \mu_m^{-1} L_3 \\ L_4 \leftarrow (\alpha + \mu_{hd})^{-1} L_4 \\ L_5 \leftarrow (\gamma + \mu_{hd})^{-1} L_5 \end{array}$$

$$\iff \begin{array}{l} L_1 \\ L_2 \\ L_3 \\ L_4 \\ L_5 \end{array} \left[\begin{array}{ccccc|ccccc} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & \frac{1}{(\omega + \mu_l)} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & \frac{1}{(\epsilon + \mu_m)} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & \frac{\omega}{(\omega + \mu_l)\mu_m} & \frac{\epsilon}{(\epsilon + \mu_m)\mu_m} & \frac{1}{\mu_m} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & \frac{1}{(\alpha + \mu_{hd})} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & \frac{1}{(\alpha + \mu_{hd})(\gamma + \mu_{hd})} & \frac{1}{\gamma + \mu_{hd}} \end{array} \right] \begin{array}{l} L_3 \leftarrow L_3 + \frac{\omega}{\mu_m} L_1 + \frac{\epsilon}{\mu_m} L_2 \\ L_5 \leftarrow L_5 + \frac{\alpha}{\omega + \mu_{hd}} L_5 \end{array}$$

$$\text{ainsi } V^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{1}{(\omega+\mu_l)} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \frac{1}{(\epsilon+\mu_m)} & 0 & 0 & 0 \\ \frac{\omega}{(\omega+\mu_l)\mu_m} & \frac{\epsilon}{(\epsilon+\mu_m)\mu_m} & \frac{1}{\mu_m} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \frac{1}{(\alpha+\mu_{hd})} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \frac{\alpha}{(\alpha+\mu_{hd})(\gamma+\mu_{hd})} & \frac{1}{\gamma+\mu_{hd}} \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

$$\text{On obtient alors } FV^{-1} = \begin{bmatrix} a & b & c & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & d & e \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ f & g & h & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \text{ avec } \begin{cases} a = \frac{\delta\nu\omega}{\mu_m N_m(\omega+\mu_l)} \\ b = \frac{\delta\epsilon\nu}{\mu_m N_m(\epsilon+\mu_m)} \\ c = \frac{\delta\nu}{\mu_m N_m} \\ d = \frac{\alpha\beta_{hm}S_m}{N_h(\mu_{hd}+\gamma)(\mu_{hd}+\alpha)} \\ e = \frac{\beta_{hm}S_m}{N_h(\mu_{hd}+\gamma)} \\ f = \frac{\beta_{mh}\omega S_h}{\mu_m N_m(\omega+\mu_l)} \\ g = \frac{\beta_{mh}\epsilon S_h}{\mu_m N_h(\epsilon+\mu_m)} \\ h = \frac{\beta_{mh}S_h}{\mu_m N_h} \end{cases}$$

Calcul des valeurs propres

Le R_s est donné par la plus grande valeur propre de la matrice FV^{-1} . Or, les valeurs propres s'obtiennent en résolvant l'équation : $\det(FV^{-1} - \lambda I) = 0$.

On simplifie le déterminant :

$$\det(FV^{-1} - \lambda I) = \begin{vmatrix} a - \lambda & b & c & 0 & 0 \\ 0 & -\lambda & 0 & d & e \\ 0 & 0 & -\lambda & 0 & 0 \\ f & g & h & -\lambda & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & -\lambda \end{vmatrix} = -\lambda \begin{vmatrix} a - \lambda & b & c & 0 \\ 0 & -\lambda & 0 & d \\ 0 & 0 & -\lambda & 0 \\ f & g & h & -\lambda \end{vmatrix} = (-\lambda)(-\lambda) \begin{vmatrix} a - \lambda & b & 0 \\ 0 & -\lambda & d \\ f & g & -\lambda \end{vmatrix}$$

En utilisant la règle de Sarrus pour la matrice 3x3 restante, on trouve :

$$\det(FV^{-1} - \lambda I) = \lambda^2[(a - \lambda)\lambda^2 + fbd - dg(a - \lambda)] = \lambda^2[-\lambda^3 + a\lambda^2 + \lambda dg + fbd - dga]$$

Comme $fbd - dga = 0$, on obtient $\det(FV^{-1} - \lambda I) = \lambda^3[-\lambda^2 + a\lambda + dg]$.

Or, le discriminant de $-\lambda^2 + a\lambda + dg$ vaut $a^2 + 4dg$

Ainsi le R_s est donné par la plus grande valeur propre, soit $\lambda = \frac{a}{2} + \frac{1}{2}\sqrt{a^2 + 4\Lambda}$

$$\text{avec : } \begin{cases} a = \frac{\nu\delta(T)\omega(T)}{\mu_m(T)N_m(\omega(T)+\mu_l(T))} \\ \Lambda = dg = \frac{\alpha\beta_{hm}(T)\beta_{mh}(T)\epsilon(T)S_h(T)S_m(T)}{(\alpha+\mu_{hd})\mu_m(T)(\epsilon(T)+\mu_m(T))(\mu_{hd}+\gamma)N_h(T)^2} \end{cases}$$

Annexe B : Des tableaux

TABLE B.1 – Nombre de décès, consultations et jours d'ITT pour le scénario probable - RCP 8.5

Année	Nombre de jours où $R_0 > 1$	Décès	Consultations	Jours d'ITT
2020	37	3	990	247
2021	15	3	944	236
2022	28	7	2 625	656
2023	24	2	755	189
2024	17	2	827	207
2025	69	18	5 986	1 497
2026	47	6	2 123	531
2027	60	7	2 293	573
2028	27	2	721	180
2029	15	2	714	178
2030	51	7	2 136	534
2031	25	3	932	233
2032	42	11	3 166	791
2033	55	14	4 093	1 023
2034	29	4	1 114	278
2035	35	3	930	232
2036	48	7	1 846	462
2037	58	9	2 521	630
2038	61	10	2 816	704
2039	38	16	4 301	1 075
2040	44	5	1 292	323
2041	39	7	1 899	475
2042	53	11	3 028	757
2043	40	5	1 436	359
2044	30	5	1 355	339
2045	17	2	636	159
2046	45	9	2 237	559
2047	43	7	1 735	434
2048	42	6	1 497	374
2049	70	11	2 785	696
2050	90	57	14 290	3 572
2051	43	10	2 478	620
2052	55	6	1 593	398

TABLE B.1 – Nombre de décès, consultations et jours d'ITT pour le scénario probable - RCP 8.5
(*continued*)

Année	Nombre de jours où $R_0 > 1$	Décès	Consultations	Jours d'ITT
2053	88	28	6 871	1 718
2054	98	76	18 541	4 635
2055	60	11	2 716	679
2056	75	43	10 439	2 610
2057	46	7	1 719	430
2058	53	16	3 715	929
2059	70	21	5 100	1 275
2060	63	16	3 850	963
2061	58	13	3 093	773
2062	100	47	11 046	2 761
2063	77	23	5 455	1 364
2064	47	11	2 487	622
2065	113	367	84 958	21 239
2066	87	49	11 326	2 831
2067	66	23	5 299	1 325
2068	75	16	3 764	941
2069	78	23	5 297	1 324
2070	82	70	15 772	3 943