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 Actuaires

le

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 :

Entreprise :
Nom : Prim'Act
Signature :

Membres présents du jury de l'Institut des Actuaires :

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)

Secrétariat :

Signature du responsable entreprise

Bibliothèque :

Signature du candidat

Résumé

Les maladies vectorielles sont responsables de plusieurs centaines de milliers de décès dans les régions tropicales. Autrefois confinées dans ces régions, ces maladies devraient, en raison du réchauffement climatique, atteindre l'Europe dans les décennies à venir. Si de nombreux scientifiques se sont intéressés à l'arrivée de ces maladies en France, peu ont étudié leurs conséquences dans le domaine de l'assurance.

Ainsi, dans ce mémoire, nous étudions les impacts financiers de la dengue, maladie vectorielle la plus redoutée. Les prédictions qui en résultent sont moins alarmantes que la seule autre référence actuarielle sur le sujet (Drif et al., 2020). En effet, même dans le scénario de réchauffement climatique le plus extrême, le modèle SEIR prévoit moins d'une centaine de décès par an à l'horizon 2080.

Enfin, ce mémoire peut servir de point de départ pour d'autres études, comme l'analyse d'une autre maladie vectorielle, le Chikungunya, une maladie particulièrement invalidante. Il peut 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* ; *prévoyance* ; *SCR CAT.*

Abstract

Vector-borne diseases are responsible for several hundred thousand deaths in tropical regions. Once confined to these areas, these diseases are expected to reach Europe in the coming decades due to climate change. While many scientists have examined the arrival of these diseases in France, few have studied their implications in the insurance sector.

In this thesis, we analyze the financial impacts of dengue, the most feared vector-borne disease, which, according to our results, are not alarming. The predictions derived from our model are less concerning than the only other actuarial reference on the subject (Drif et al., 2020). In the most extreme climate change scenario, dengue is expected to cause fewer than one hundred deaths per year by 2080, according to our SEIR model.

Finally, this thesis can serve as a starting point for further research, such as analyzing another vector-borne disease like chikungunya. It can also be a first step in developing more precise models incorporating factors such as humidity, altitude, and vegetation.

Keywords : *cliamte risk*; *vector-borne disease*; *SEIR model*; *protection insurance*; *SCR CAT*.

Note de Synthèse

Depuis les années 1970, les pays tropicaux sont confrontés à une recrudescence des maladies vectorielles, telles que la dengue, le chikungunya ou la malaria. Ces maladies, transmises par des vecteurs comme les moustiques, les tiques ou les rongeurs, sont responsables de plusieurs centaines de milliers de décès chaque année dans ces régions. Ces maladies posent un problème de santé publique majeur dans les régions tropicales, mais elles deviennent également une menace croissante pour d'autres régions du monde, y compris l'Europe.

Les maladies vectorielles : un risque pour la France ?

Autrefois confinées aux régions tropicales, ces maladies progressent rapidement vers l'Europe en raison du réchauffement climatique. En effet, l'augmentation des températures étend la zone géographique dans laquelle les moustiques, principaux vecteurs de ces maladies, peuvent se développer. Des températures plus chaudes favorisent également la reproduction et le développement de ces vecteurs. C'est ainsi que *Aedes albopictus*, communément appelé moustique tigre, est arrivé en France dans les années 2000, puis a rapidement conquis une grande partie du territoire français. Ce moustique pose un problème de santé publique car il est l'un des principaux vecteurs de la dengue, du chikungunya et du virus Zika. Comme chaque année, de nombreux cas de maladies vectorielles sont importés en France, l'implantation du moustique tigre soulève la crainte que ces maladies puissent se propager et s'installer durablement sur le territoire français.

Étant donné qu'il est impossible de modéliser l'ensemble des maladies vectorielles, cette étude se focalisera uniquement sur la dengue. En effet, cette maladie tropicale est celle qui se propage le plus rapidement en France. Le nombre de cas autochtones de dengue (cas contractés en France et non importés) a considérablement augmenté, passant de 1 à 65 cas par an en une décennie. La dengue a ainsi démontré sa capacité à se maintenir localement en France. De plus, c'est une maladie qui peut avoir des conséquences très néfastes sur la santé. Dans 1% des cas, la maladie peut évoluer vers une forme sévère, la dengue hémorragique, qui sans soins appropriés peut rapidement entraîner la mort. Chez les enfants de moins de 15 ans, la dengue peut également provoquer un syndrome de choc, entraînant parfois la mort. Enfin la dengue a été choisie car elle peut avoir des répercussions significatives sur le secteur de l'assurance : elle entraîne la mort dans 0,05 % des cas (PAHO, 2020), nécessite une consultation médicale dans 40 % des cas, et entraîne un arrêt de travail de 10 jours dans 1% des cas (Drif et al., 2020). 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 épidemiologie pour modéliser la propagation des épidémies. Parmi eux, le modèle SIR (*Susceptible-Infected-Recovered* ou *Removed*) est l'un des plus couramment utilisés. Il divise la population humaine en trois catégories en fonction de leur état de santé. Cette approche est cependant trop simpliste pour modéliser des maladies vectorielles. En effet, il est crucial de prendre en compte les interactions entre les vecteurs (moustiques et larves) et les hôtes (les humains) mais également les effets du réchauffement climatique.

Le modèle choisi, représenté FIGURE 1, inclut trois acteurs : les moustiques, les larves et les humains. Ce modèle s'inspire largement de celui proposé par LEE et al. (2018) pour modéliser l'effet du changement climatique sur les épidémies de dengue en Corée. Cependant, une modification importante a dû être réalisée. Le modèle coréen est en circuit fermé, ce qui signifie que le nombre de vecteurs est constant. Cette hypothèse est cohérente pour la Corée, où ces vecteurs sont présents depuis longtemps. En revanche, en France, l'arrivée du moustique tigre est récente et son expansion sur le territoire est encore en cours. Ainsi, un terme a été ajouté au modèle pour représenter l'arrivée de nouveaux vecteurs. Enfin, pour une meilleure précision, le modèle a été segmenté par région.

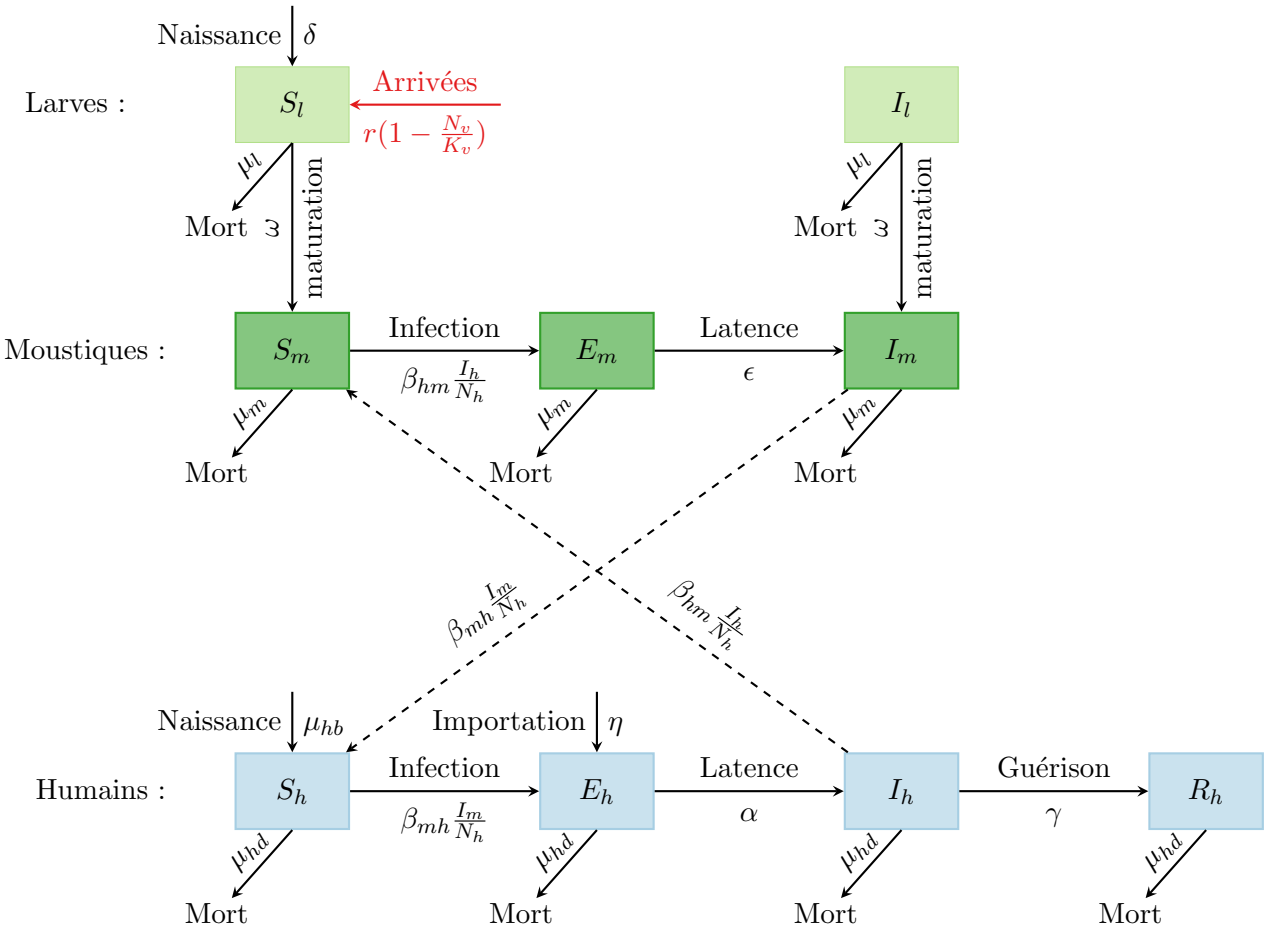


FIGURE 1 – Modèle SEIR adapté à la dengue

La dengue est fortement influencée par la température, des températures élevées favorisant la reproduction, le développement des moustiques et la transmission de la maladie. Ainsi, les taux de passage du modèle ont été définis comme des fonctions de la température.

La plupart des paramètres du modèle proviennent de la littérature scientifique, à l'exception des inconnues x_1 et x_2, qui ont dû être estimés à partir de données empiriques. En raison de l'absence d'historique d'épidémies de dengue en France, où la maladie n'est pas encore endémique, des données brésiliennes ont été utilisées. Les paramètres inconnus, notés x_1 et x_2, ont été calibrés sur la période 2014-2016, puis validés sur la période 2017-2020. Globalement, le modèle a correctement reproduit les épidémies de dengue observées au Brésil entre 2017 et 2020. Bien que les prévisions ne soient pas parfaites d'une année sur l'autre, l'erreur totale entre le nombre de cas réels rapportés par les autorités et celui estimé par le modèle n'est que de 0,91 %.

Pour vérifier que les paramètres x_1 et x_2, estimés sur des données brésiliennes puissent être utilisés pour d'autres pays, une preuve de concept a été réalisée. Le modèke SEIR a ainsi été testé sur l'île de la Réunion. Là encore, le modèle a reproduit de manière satisfaisante les épidémies de 2018 à 2021, avec une erreur totale de 5,39%. Cette validation a confirmé la robustesse du modèle, qui a ensuite été utilisé pour simuler des épidémies futures en France.

Étant donné que les variables du modèle dépendent de la température, des scénarios de réchauffement climatique ont été nécessaires pour projeter de futures épidémies de dengue. Deux scénarios du GIEC ont été utilisés pour la période 2020-2100 : un scénario très pessimiste, le RCP 8.5, et un scénario très optimiste, le RCP 2.6. Toutes les données proviennent du *Global Historical Climatology Network* (GHCN, 2024).

Les deux scénarios ont été rapidement 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.

En utilisant ces deux scénarios, des épidémies futures de dengue ont été modélisées (Figure 7). Pour la période 2020-2100, plus de 500 000 cas de dengue sont attendus pour le scénario RCP 2.6, contre plus de 2 000 000 pour le scénario RCP 8.5.

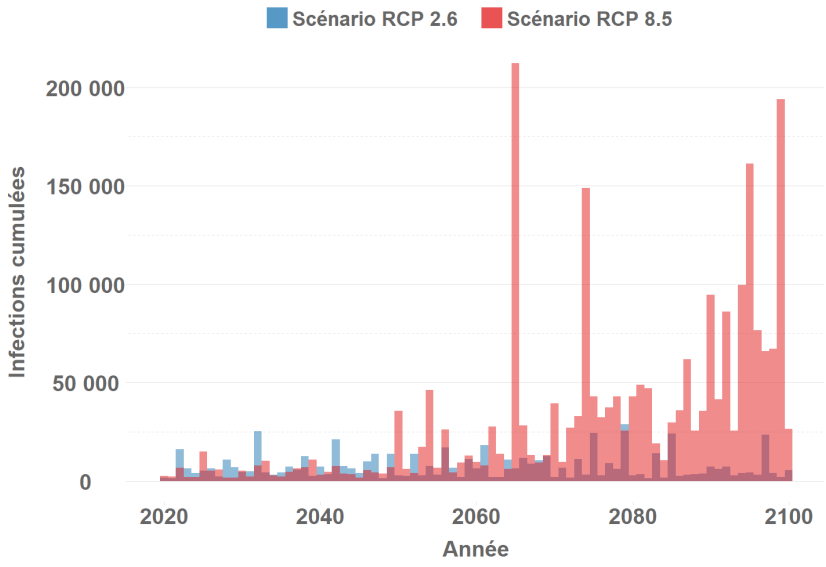


Figure 2 – Nombre estimé de cas de dengue par an

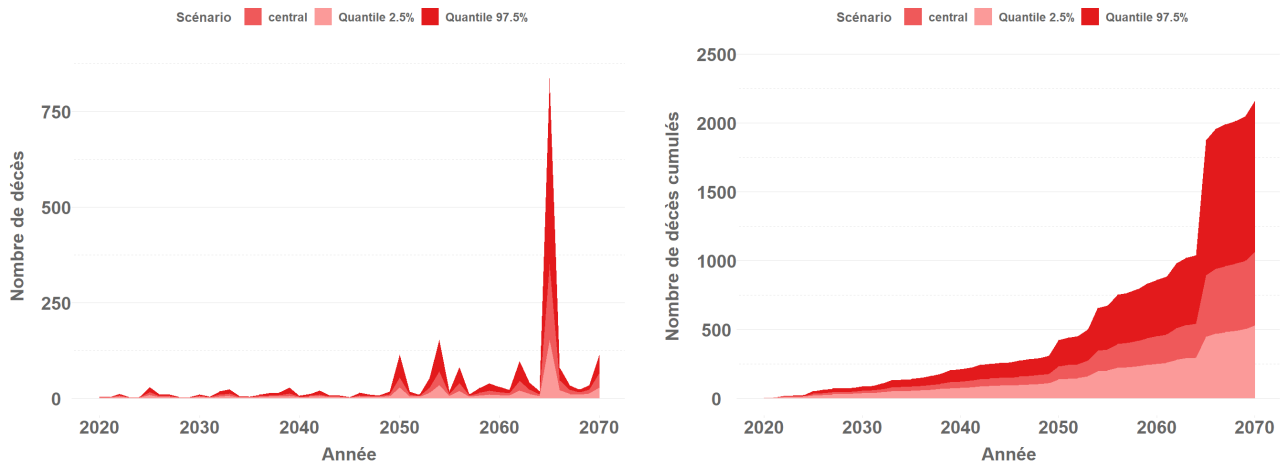
Les épidémies seront saisonnières, à l'instar de la grippe mais survenant cette fois-ci en été, période d'activité des moustiques. Elles pourraient atteindre plus de 200 000 cas par an pour le scénario RCP 8.5, et plus de 25 000 cas par an pour le scénario RCP 2.6, avec des pics d'incidence lors de fortes canicules. Le constat est clair : le réchauffement climatique favorisera l'introduction de la dengue en France, avec une augmentation exponentielle du nombre de cas prévue pour le scénario RCP 8.5.

Comme le modèle est fortement influencé par les hypothèses sur les paramètres, l'incertitude autour des résultats du modèle a été quantifiée. Pour cela, les paramètres ont été modélisés par des loi Bêta. Ensuite, une centaine de simulations du modèle SEIR a été réalisée pour le scénario RCP 8.5, avec des paramètres tirés aléatoirement selon les lois Beta définies. Le scénario le plus probable prévoit environ 2 000 000 de cas sur la période, tandis que le quantile à 97,5 % en estime environ 6 000 000 (six fois plus) et le quantile à 2,5 % environ 170 000 (dix fois moins).

À partir de ces modélisations, la sinistralité supplémenatire pour les trois garanties d'assurance impactées par la dengue – les décès, les arrêts de travail et les consultations – a été calculée.

Augmentation de la sinistralité en France

Tout d'abord, la dengue devrait entraîner une augmentation du nombre de décès annuels. Pour estimer le nombre de décès sur la période 2020-2080, les projections démographiques de l'INSEE ont été utilisées. En effet, la mortalité liée à la dengue augmente avec l'âge et la population française est en cours de vieillissement. Il est donc crucial de prendre en compte ce vieillissement pour éviter de sous-estimer le nombre de décès futurs. Par mesure de prudence également, le scénario de température RCP 8.5, qui est le plus pessimiste, a été retenu. Le nombre de cas estimé par le modèle a été réparti de manière uniforme dans chaque tranche d'âge définie par les projections de l'INSEE, puis multiplié par le taux de létalité spécifique à cette tranche. Le nombre de décès obtenu est présenté Figure 8.



(a) non cumulé (b) cumulé

Figure 3 – Nombre de décès par an liés à la dengue en France -scénario probable

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 100 décès par an d'ici 2100.

Pour anticiper cette mortalité, notamment lors de la tarification, la table de mortalité prospective de l'INSEE a été ajustée. Les impacts de la dengue sur les taux sont représentés dans la TABLE 2. Les impacts sont globalement faibles, avec, pour le quantile à 97.5 %, un maximum de 0.0026 % pour les femmes et de 0.0016% pour les hommes. Ainsi, la dengue ne devrait pas fortement affecter le nombre total de décès en France.

	Femmes			Hommes		
	Min	Moyenne	Max	Min	Moyenne	Max
$quantile_{2.5\%}$	0%	0.000016%	0.000353%	0%	0.000010%	0.000282%
central	0%	0.000013%	0.002561%	0%	0.000010%	0.001893%
$quantile_{97.5\%}$	0%	0.002560%	0.116828%	0%	0.001621%	0.096947%

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

La dengue devrait également avoir un impact limité sur le nombre d'arrêts de travail en France, avec un maximum de 30 000 arrêts supplémentaires par an dans le scénario probable. Ce surplus correspond à une hausse de seulement 0.01 % du nombre total d'arrêts de travail (FIGURE 9).

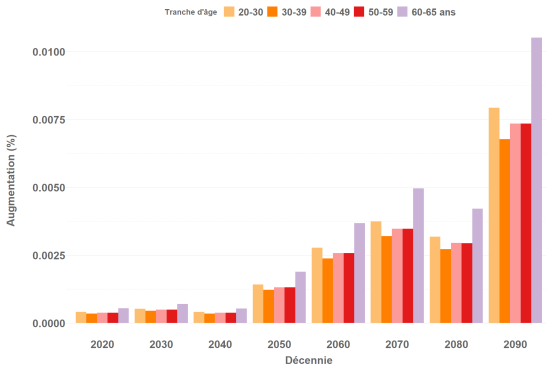


FIGURE 4 – Augmentation du nombre de personnes en ITT par an - scénario probable

Concernant les consultations médicales, l'impact de la dengue reste limité par rapport au volume total annuel de consultations en France. Dans le scénario probable, on prévoit une augmentation de 0.004 % du nombre total de consultations annuelles. Pour le quantile à 97.5%, cette hausse pourrait atteindre X% (FIGURE 10).

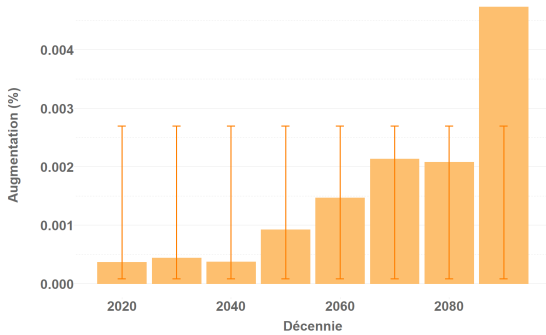


FIGURE 5 – Augmentation du nombre de consultations par an

Comparaison avec 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 ici dans le scénario central, 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 330 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 1 500 consultations par an pour la période 2020-2029 et 30 000 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.

Quelques pistes pouvant expliquer ces différences ont été suggérées mais il est difficile de pousser plus loin 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, puisque moins de 10 décès ont été estimés sur cette période, et qu'aucun décès n'a été observé en réalité, tandis que Drif et al. (2020) ont estimé plus de 1000 décès. En conclusion, Drif et al. (2020) semblent avoir adopté une méthode plus prudente, quand celle ici est plus probable.

Conclusion

Ce mémoire vise à quantifier le risque des maladies vectorielles dans le secteur de l'assurance. Concernant la dengue, bien que des épidémies régulières et importantes puissent survenir, les impacts financiers pour le secteur de l'assurance demeureraient limités. Cette étude propose une perspective nettement différente et moins alarmiste que la seule référence existante sur le sujet Drif et al. (2020). Toutefois, le modèle SEIR employé présente certaines limites, notamment en raison de sa dépendance aux hypothèses formulées et de son manque de précision à l'échelle régionale. Enfin, ce modèle pourrait être étendu à d'autres maladies vectorielles ou à d'autres pays afin d'améliorer l'évaluation des risques pour le secteur de l'assurance.

Synthesis note

Since the 1970s, tropical countries have faced a resurgence of vector-borne diseases such as dengue, chikungunya, and malaria. These diseases, transmitted by vectors like mosquitoes, ticks, or rodents, are responsible for hundreds of thousands of deaths annually in these regions. While these diseases pose a major public health problem in tropical areas, they are also becoming an increasing threat to other parts of the world, including Europe.

Vector-borne diseases: a risk for France?

Indeed, once confined to tropical regions, these diseases are rapidly spreading to Europe due to climate change. Rising temperatures are extending the geographical range in which mosquitoes, the primary vectors of these diseases, can thrive. Warmer temperatures also promote the reproduction and development of these vectors. This is how Aedes albopictus, commonly known as the tiger mosquito, arrived in France in the 2000s and quickly spread across much of the French territory. This mosquito poses a public health issue as it is one of the main vectors of dengue, chikungunya, and the Zika virus. Each year, many cases of vector-borne diseases are imported into France, raising concerns that these diseases could spread and establish themselves permanently in France due to the presence of the tiger mosquito.

Since it is impossible to model all vector-borne diseases, this study will focus solely on dengue. This tropical disease is the one spreading most rapidly in France. The number of autochthonous dengue cases (cases contracted in France rather than imported) has increased significantly, rising from 1 to 65 cases each year in a decade. Dengue has thus demonstrated its ability to establish itself locally in France. Moreover, it is a disease that can have very harmful health consequences. In 1% of cases, the disease can progress to a severe form, hemorrhagic dengue, which, without proper care, can quickly lead to death. In children under 15 years old, dengue can also cause shock syndrome, sometimes leading to death. Finally, dengue was chosen because it can have significant repercussions on the insurance sector: it causes death in 0.05% of cases (PAHO, 2020), requires medical consultation in 40% of cases, and leads to a 10-day work stoppage in 1% of cases (Drif et al., 2020). To try to quantify this future risk for the insurance sector, prospective dengue epidemics have been modeled.

Modeling future dengue epidemics

Compartmental models are frequently used in epidemiology to model the spread of epidemics. Among them, the SIR model (*Susceptible-Infected-Recovered* or *Removed*) is one of the most commonly used. It divides the human population into three categories based on their health status. However, this approach is too simplistic to model vector-borne diseases. It is crucial to consider the interactions between vectors (mosquitoes and larvae) and hosts (humans) as well as the effects of climate change.

The chosen model, represented in FIGURE 6, includes three actors: mosquitoes, larvae, and humans. This model is largely inspired by the one proposed by Lee et al. (2018) to model the effect of climate change on dengue epidemics in Korea. However, a significant modification was necessary. The Korean model is a closed system, meaning that the number of vectors is constant. This assumption is consistent for Korea, where these vectors have been present for a long time. In contrast, in France, the arrival of the tiger mosquito is recent, and its expansion across the territory is still ongoing. Therefore, a term was added to the model to represent the arrival of new vectors. Finally, for greater accuracy, the model was segmented by region.

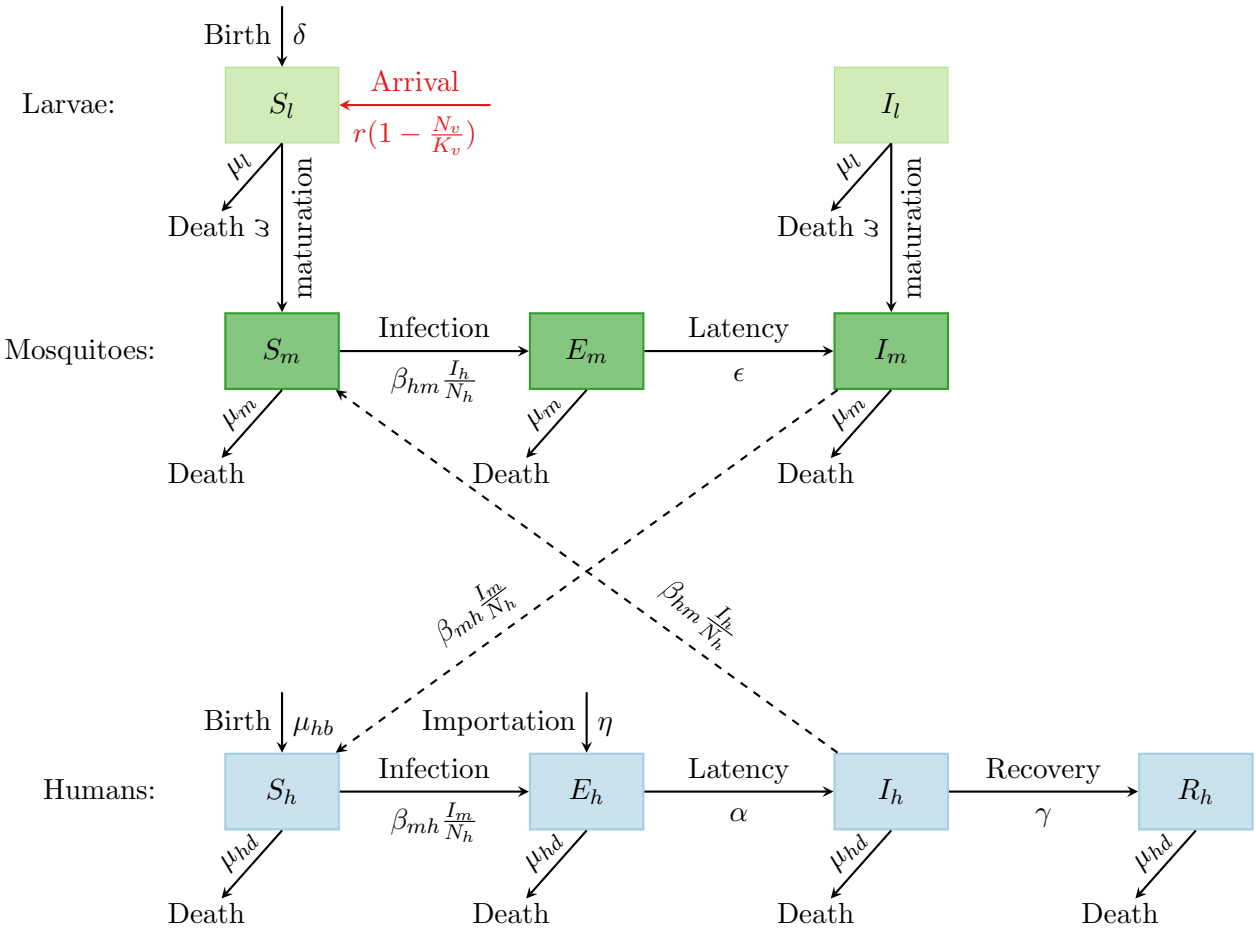


Figure 6 – SEIR Model Adapted to Dengue

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.

Most of the model parameters are derived from scientific literature, except for the unknowns x_1 and x_2, which had to be estimated from empirical data. Due to the lack of historical dengue epidemics in France, where the disease is not yet endemic, Brazilian data was used. The unknown parameters, x_1 and x_2, were calibrated using data from 2014-2016 and then validated with data from 2017-2020. Overall, the model successfully reproduced the dengue epidemics observed in Brazil between 2017 and 2020. Although the predictions are not perfect year to year, the total error between the actual reported cases and those estimated by the model is only 0.91%.

To verify that the parameters x_1 and x_2 estimated from Brazilian data could be applied to other countries, a proof of concept was conducted. The SEIR model was tested on the island of Réunion, where it also successfully reproduced the epidemics from 2018 to 2021, with a total error of 5.39%. This validation confirmed the robustness of the model, which was then used to simulate future epidemics in France.

Since the model variables depend on temperature, climate change scenarios were necessary to project future dengue epidemics. Two IPCC scenarios were used for the period 2020-2100: a very pessimistic scenario, RCP 8.5, and a very optimistic scenario, RCP 2.6. All data comes from the Global Historical Climatology Network (GHCN, 2024).

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 2 000 000 for the RCP 8.5 scenario.

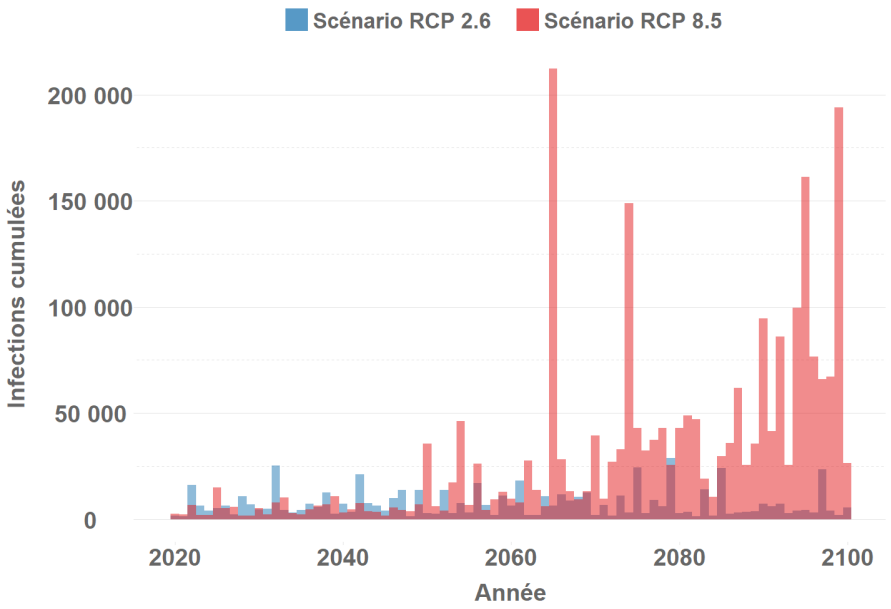


Figure 7 – Estimated number of dengue cases per year

Epidemics will be seasonal, similar to influenza, but occurring in the summer, which is the period

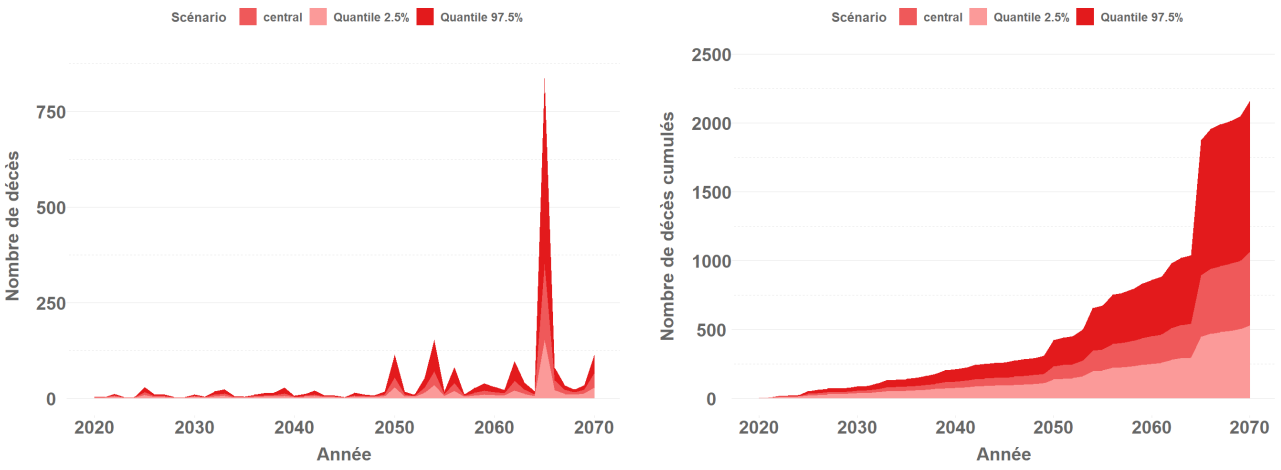
of mosquito activity. They could reach over 200 000 cases per year under the RCP 8.5 scenario and more than 25 000 cases per year under the RCP 2.6 scenario, with peaks in incidence during severe heatwaves. The conclusion is clear: climate change will favor the introduction of dengue in France, with an exponential increase in the number of cases expected for the RCP 8.5 scenario.

Since the model is heavily influenced by assumptions about the parameters, the uncertainty around the model results was quantified. To do this, the parameters were modeled using Beta distributions. A hundred simulations of the SEIR model were then run for the RCP 8.5 scenario, with parameters randomly drawn according to the defined Beta distributions. The most likely scenario predicts approximately 2 000 000 cases over the period, while the 97.5% quantile estimates about 6 000 000 (six times more) and the 2.5% quantile about 170 000 (ten times less).

Based on these models, the additional claims for the three insurance guarantees affected by dengue – deaths, sick leaves, and consultations – were calculated.

Impact on insurance claims in France

First, dengue is expected to lead to an increase in the annual number of deaths. To estimate the number of deaths for the period 2020-2080, INSEE's demographic projections were used. Indeed, dengue mortality increases with age and the French population is aging. It is crucial to consider this aging to avoid underestimating future deaths. As a precaution, the most pessimistic temperature scenario, RCP 8.5, was also used. The number of cases estimated by the model was distributed uniformly across each age group defined by INSEE's projections and then multiplied by the age-specific fatality rate. The resulting number of deaths is shown in Figure 8.



(a) Non-cumulative

(b) Cumulative

Figure 8 – Number of dengue-related deaths per year in France - probable scenario

The trend is upward: initially, few deaths are observed (between 0 and 10), which reflects the current reality. However, the number could exceed 100 deaths per year by 2100.

To anticipate this mortality, especially when pricing, the INSEE's prospective mortality table has been adjusted. The impacts of dengue on rates are shown in Table 2. The impacts are generally

minor, with a maximum of 0.0026% for women and 0.0016% for men at the 97.5% quantile. Thus, dengue is not expected to significantly affect the total number of deaths in France.

	Femmes			Hommes		
	Min	Moyenne	Max	Min	Moyenne	Max
$quantile_{2.5\%}$	0%	0.000016%	0.000353%	0%	0.000010%	0.000282%
central	0%	0.000013%	0.002561%	0%	0.000010%	0.001893%
$quantile_{97.5\%}$	0%	0.002560%	0.116828%	0%	0.001621%	0.096947%

Table 2 – Pourcentage d'augmentation (minimum, moyenne et maximum) des taux de mortalité

Dengue is also expected to have a limited impact on the number of sick leaves in France, with a maximum of 30,000 additional sick leaves per year in the probable scenario. This increase corresponds to only a 0.01% rise in the total number of sick leaves (FIGURE 9).

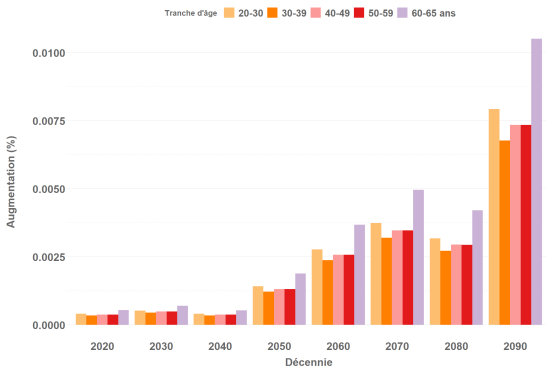


Figure 9 – Increase in the number of sick leaves per year - probable scenario

Regarding medical consultations, the impact of dengue remains minimal compared to the total annual volume of consultations in France. In the probable scenario, an increase of 0.004% in the total number of annual consultations is anticipated. For the 97.5% quantile, this increase could reach X% (FIGURE 10).

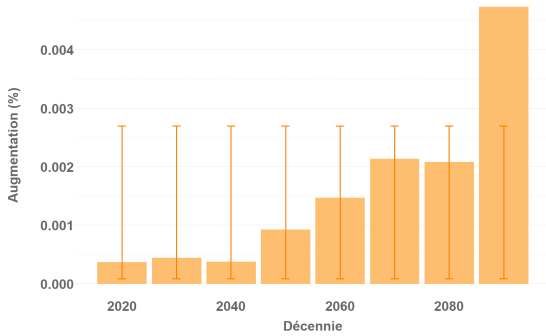


Figure 10 – Increase in the number of consultations per year

Application to a disability insurance iortfolio

To confirm that this impact on the insurance sector remains negligible, a practical case study was developed.

Conclusion

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 et 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 67

3.3 Augmentation du nombre d'arrêts de travail 71

3.4 Augmentation du nombre de consultations 73
3.5 Répartition de la sinistralité 74
3.6 Comparaison avec les résultats de Drif et al., 2020 75

Conclusion **77**

Bibliographie **79**

Articles de recherche 79
Mémoires d'actuariat 82
Webographie 82

Annexe A : Calcul du R_s **85**

Annexe B : Des tableaux **89**

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 lors de son discours à l'assemblée mondiale de la santé, les pays tropicaux sont confrontés depuis les années 70 à de nombreuses épidémies de maladies vectorielles, telles que la dengue, le chikungunya ou bien encore le virus Zika. Cette augmentation serait principalement liée à des politiques de lutte contre les moustiques insuffisantes. Ces maladies vectorielles représentent un problème de santé publique majeur en raison de leur propagation rapide et de leurs effets graves sur la santé et suscitent une grande inquiétude auprès des populations vivant dans ces régions.

Problématique

Cependant, les maladies vectorielles ne menacent plus uniquement les pays tropicaux. En effet, le réchauffement climatique et la mondialisation favorise l'expansion géographique des vecteurs, affectant des régions comme l'Europe qui étaient jadis considérées comme préservées (Santé Publique France, 2023b). Par exemple, la France a connu ces dernières années l'émergence de ses premiers foyers épidémiques de dengue et de chikungunya (Santé Publique France, 2023a).

Cette situation nouvelle résulte de la combinaison de trois facteurs :

— L'introduction en France par le biais du commerce en 2004 du moustique tigre, principal vecteur de maladies telles que la dengue ou le chikungunya. Profitant du réchauffement climatique, il étend progressivement son territoire vers le nord de la France, où les températures semblent de plus en plus propices à son implantation (Benedict et al., 2007).
— L'importation régulière de cas de maladies vectorielles sur le territoire français (plusieurs centaines par an).
— 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 d'avantage avec le réchauffement climatique dans les années à venir. En effet, ce phénomène perturbe le comportement des moustiques vecteurs, prolongeant leur période d'activité et favorisant leur reproduction (Jian et al., 2023).

Ces épidémies pourraient avoir des répercussions significatives sur le secteur de l'assurance en France. En effet, les coûts associés aux décès, arrêts de travail et frais de soin pourraient être conséquents, mettant 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 référence principale dans ce domaine est l'étude menée par les équipes d'AON, centrée sur la dengue et réalisée dans le cadre de l'exercice pilote climatique (Drif et al., 2020). La mission consistait à élaborer un scénario sur l'augmentation des maladies vectorielles, destiné à être utilisé dans des stress-tests.

L'objectif de cette étude dépasse la simple comparaison avec le modèle de Drif et al. (2020), puisque l'approche choisie intègre les différences structurelles et conceptuelles suivantes :

— Alors que Drif et al. (2020) se concentrent exclusivement sur le scénario 8.5, cette étude présentera deux modélisations : une pour un scénario optimiste, le 2.6, et une pour un scénario très pessimiste, le 8.5.
— De plus, si l'étude d'AON couvre la période de 2020 à 2050, cette étude prendra en compte une période plus étendue, allant de 2020 jusqu'à la fin du siècle.
— 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 sélectionné pourra intégrer l'impact de l'allongement de la saison estivale ou d'un été particulièrement chaud sur la propagation de la dengue.

Méthode

La modélisation des épidémies de dengue repose sur une adaptation du modèle de Lee et al. (2018), initialement conçu pour simuler les épidémies de dengue en Corée. Des ajustements sont nécessaires en raison des différences de situation entre la France et la Corée : en Corée, le vecteur est implanté depuis des décennies, tandis qu'en France son arrivée est récente.

Compte tenu du faible nombre de cas en France, les paramètres du modèle seront estimés à partir de données brésiliennes, puis validés. Une phase de test sera ensuite réalisée sur une autre région du globe, la Réunion, pour confirmer la capacité du modèle à s'adapter à des environnements différents.

Ensuite, ce modèle sera appliqué à la France pour modéliser les épidémies entre 2020 et 2100 en considérant deux scénarios climatiques majeurs : le RCP 2.6 et le RCP 8.5.

Enfin, des applications assurantielles seront développées. L'objectif sera d'étudier l'impact de futures épidémies de dengue sur les trois principales garanties touchées : décès, arrêts de travail et consultations médicales.

Chapitre 1

Les maladies vectorielles : un risque émergent en Europe

Les maladies vectorielles, telles que la dengue, le paludisme, ou le virus Zika, sont responsables de plusieurs centaines de milliers de décès chaque année. À titre d'exemple, la dengue fait plus de 30 000 victimes par an (Sénat, 2016), un bilan largement sous-estimé par manque de diagnostics.

D'ordinaire présentes dans les régions tropicales, ces maladies se propagent progressivement depuis l'équateur et remontent désormais vers l'Europe. Ce premier chapitre vise à expliquer les différentes notions entourant ce nouveau risque pour le secteur de l'assurance. Pour commencer, le concept de maladie vectorielle sera brièvement présenté. Puis, la nature «émergente» de ce risque sera abordée : comment le climat va-t-il favoriser l'arrivée de ces maladies en Europe et quelles pourraient être les conséquences pour le secteur de l'assurance ? Enfin, la dengue, pathologie retenue dans le cadre de ce mémoire, sera présentée plus en détail.

1.1 Les maladies vectorielles : introduction générale

Cette section a pour objectif de présenter synthétiquement le concept de maladies vectorielles et 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

Les maladies vectorielles sont des maladies infectieuses transmises par des vecteurs : les arthropodes hématophages. Les animaux hématophages sont des animaux qui se nourrissent exclusivement de sang. On y retrouve notamment les moustiques, les tiques, les puces ou bien encore les poux.

Les maladies transmises par ces animaux peuvent être :
— parasitaires (comme la Malaria ou la maladie du sommeil)
— bactériennes (comme la Peste, le Typhus ou bien encore la maladie de Lyme)
— ou bien virales (comme la Dengue, le Chikungunya ou le virus Zika)
Les virus transmis par ces vecteurs sont également appelés «arbovirus».

Parmi ces maladies, certaines sont spécifiques à l'homme, telles que le paludisme, tandis que

d'autres, telles que le virus du Nil occidental ou bien la maladie de Lyme sont des zoonoses, c'est-à-dire des maladies qui sont transmises entre les animaux et les humains par le biais de vecteurs (FIGURE 1.1).

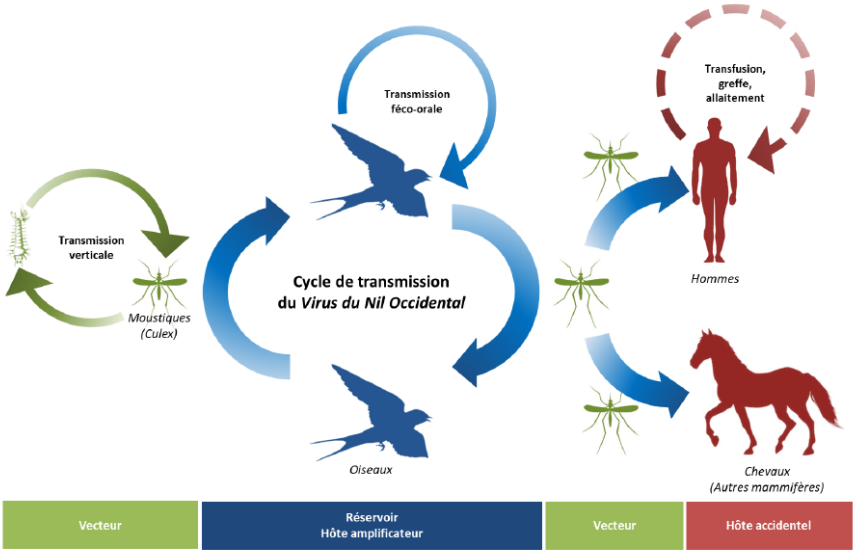


FIGURE 1.1 – Cycle de transmission du Virus du Nil Occidental (ARS, 2022).

Si ces maladies sévissent dans les régions tropicales depuis des années, c'est que les vecteurs préfèrent les températures chaudes. Le réchauffement climatique joue donc un rôle déterminant dans la propagation et l'établissement de ces maladies dans des régions auparavant non touchées. Cette expansion est également favorisée par le tourisme, le commerce international, le vent et dans le cas des zoonoses, par les oiseaux migrateurs et les déplacements 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

Il existe plus d'une dizaines de maladies vectorielles, certaines vieilles de plusieurs millénaires comme le paludisme, d'autres ayant fait leur apparition plus récemment comme le chikungunya. La table 1.1 ci-dessous recense les principales maladies vectorielles selon le vecteur et le type d'agent pathogène véhiculé (virus, parasites ou bactéries). Parmi ces maladies figure la dengue, transmise par les moustiques du genre *Aedes*, qui est la maladie étudiée dans ce mémoire.

Vecteur	**Type d'agent pathogène**	**Maladie provoquée**
Moustique *aedes*	Parasite	Filariose lymphatique
	Virus	Chikungunya **Dengue** Fièvre de la vallée du Rift Fièvre jaune Zika
Moustique *anopheles*	Parasite	Filariose lymphatique Paludisme
Moustique *culex*	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 Ectoparasitaire	Peste Tungose
Poux	Bactérie	Typhus fièvre récurrente à poux
Phlébotomes	Bactérie Virus	Leishmaniose 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 aujourd'hui plus de 17% des maladies infectieuses. Avec plus d'un million de décès par an (OMS, 2020), elles constituent une préoccupation majeure pour la santé publique mondiale. À titre d'exemple, la malaria également connue sous le nom de paludisme, entraîne plus de 400 000 décès par an dont une majorité d'enfants de moins de 5 ans.

En plus de la mortalité associée à ces maladies, il est également essentiel de prendre en compte la morbidité. En effet, des maladies comme le Chikungunya, la Leishmaniose et la filariose lymphatique ont parfois des conséquences graves et durables, allant des handicaps physiques aux défigurations, mutilations et cécité. À ces souffrances physiques s'accompagnent également une stigmatisation sociale. Les femmes atteintes de Leishmaniose par exemple, sont souvent cachées, abandonnées par leurs maris et stigmatisées suite aux cicatrices laissées par la maladie (SFMTSI, 2022).

Depuis 2014, les régions tropicales et subtropicale ont subies de nombreuses épidémies de dengue, de paludisme, de chikungunya, de fièvre jaune et de Zika (Figure 1.2). Ces épidémies ont eu des conséquences dramatiques sur la santé publique et ont mis à rude épreuve les systèmes de santé. De plus, les populations les plus vulnérables se retrouvant en première ligne lors de l'apparition ces maladies, ces résurgences ont également augmenter les inégalités socio-économiques (Bonifay et al., 2017).

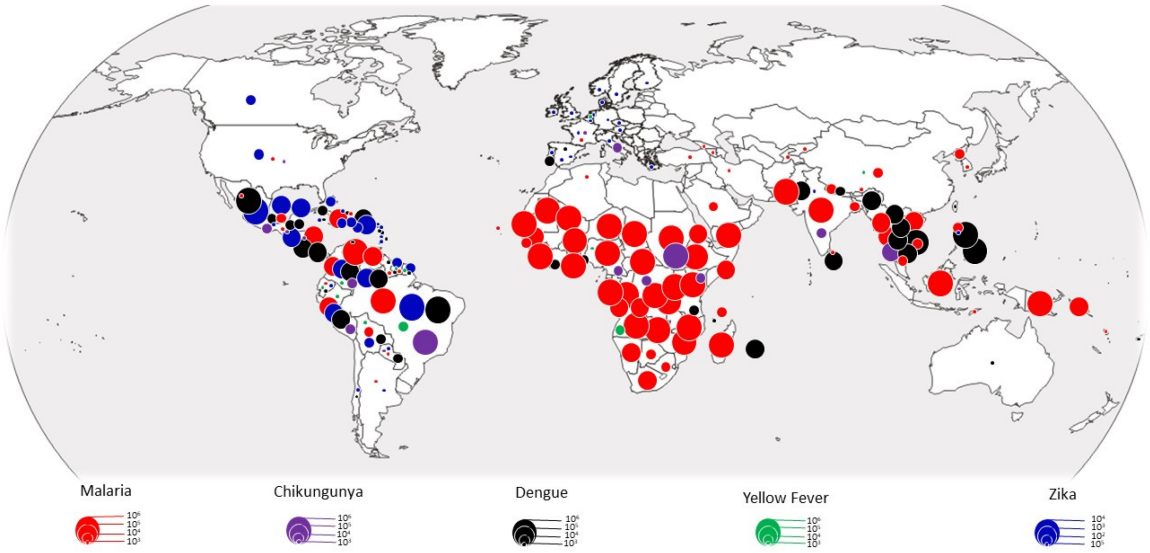


Figure 1.2 – Importantes résurgences de maladies transmises par les moustiques à travers le monde entre 2017 et 2019 (Dahmana & Mediannikov, 2020).

1.2 Caractère émergent du risque

Dans la première section de ce chapitre, nous avons défini le concept de maladies vectorielles et étudié leur impact sur la santé publique dans les pays tropicaux. Dans cette seconde section, nous examinerons comment ces maladies se développent au delà de leurs zones traditionnelles et pourraient bientôt atteindre les pays européens.

Pour cela, nous mettrons en avant les avertissements du GIEC concernant la corrélation entre la propagation de ces maladies et le réchauffement climatique. Puis, nous analyserons plus en détail l'impact du réchauffement climatique sur la répartition et le comportement des moustiques vecteurs. Enfin, nous aborderons les vulnérabilités spécifiques au territoire français et les possibles répercussions sur le secteur de l'assurance en France.

1.2.1 Rapports du GIEC et mise en garde

Le réchauffement climatique est désormais incontestable et l'implication de l'homme dans ce phénomène indéniable (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. Les température mondiales ont ainsi augmentées de 1,1°C par rapport aux niveaux préindustriels (1850-1900).

Pour guider les politiques et les informer sur le dérèglement climatique, le Groupe d'Experts Intergouvernemental sur l'Évolution du Climat (GIEC) a été crée. Ce collège de scientifiques a notamment développé différentes scénarios d'évolution climatique, appelées RCP (Representative Concentration Pathway), afin d'anticiper les futurs impacts du réchauffement climatique et d'évaluer leurs conséquences économiques et humaines (Figure 1.3).

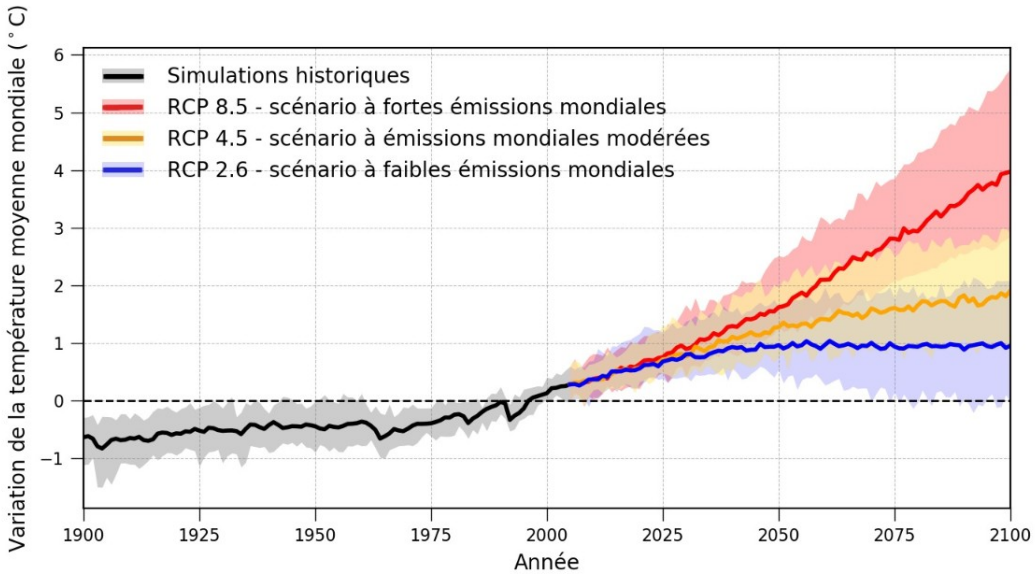


Figure 1.3 – Variation de la température moyenne mondiale selon diférents scénarios (Gouvernement du Canada, 2018)

Le premier scénario, RCP 2.6, le plus optimiste, prévoit une réduction stricte des émissions de gaz à effet de serre (GES) qui permettrait de limiter le réchauffement climatique à 2°C d'ici 2100.

Deux scénarios intermédiaires sont également proposés : RCP 4.5 et RCP 6.0. Ils correspondent à une stabilisation des émissions à un niveau faible ou moyen avant la fin du siècle. Enfin, le RCP 8.5, le plus pessimiste, connu sous le nom de «business as usual», correspond à des émissions de GES qui continuent d'augmenter au rythme actuel. Ce scénario entraînerait une augmentation des températures mondiales d'environ 3,7°C d'ici la fin du siècle.

Parmi les nombreux impacts du réchauffement climatique identifiés par le GIEC, on retrouve notamment l'expansion des maladies vectorielles. Publié en 2022, le 6ème rapport du GIEC (GIEC, 2023), tout comme ses prédécesseurs, met en garde contre ce phénomène préoccupant :

«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)

Les experts du GIEC ont notamment démontré que le réchauffement climatique favorisait la propagation mondiale de la dengue et que cette expansion n'était pas prêt de s'arrêter. En comparaison avec l'année 2015, les scénarios de réchauffement climatique intermédiaires, RCP 4.5 et RCP 6.0, prévoient une exposition supplémentaire d'environ 1 milliard de personnes à la dengue d'ici 2080. En revanche, si le scénario 8.5 se réalise, 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 le GIEC alerte depuis des années sur l'expansion rapide des maladies vectorielles, c'est que les vecteurs de ces maladies (moustiques, tiques, poux) sont sensibles à la température. Les larves de moustiques, par exemple, ont besoin de températures chaudes pour se développer. Le réchauffement climatique élargit ainsi la zone géographique où les moustiques *Aedes albopictus* et *Aedes aegypti*, principaux vecteurs d'arbovirus, se développent. L'arrivée en France d'*Aedes albopictus* en 2004 et sa rapide colonisation du territoire français en est un exemple concret.

L'invasion d'*Aedes albopictus*

Le moustique *Aedes albopictus*, communément appelé moustique tigre, est une espèce originaire d'Asie mais qui, depuis les années 1970, a progressivement colonisé l'Amérique, l'Afrique et l'Europe via le commerce et le stockage de pneumatiques usagés. Cette espèce a pu s'installer durablement en Europe 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, il a très rapidement colonisé une partie du territoire français (Figure 1.4). Actuellement, il peine à s'installer dans le nord de la France, en raison de températures peu favorables. Toutefois, cette situation pourrait rapidement évoluer avec le réchauffement climatique.

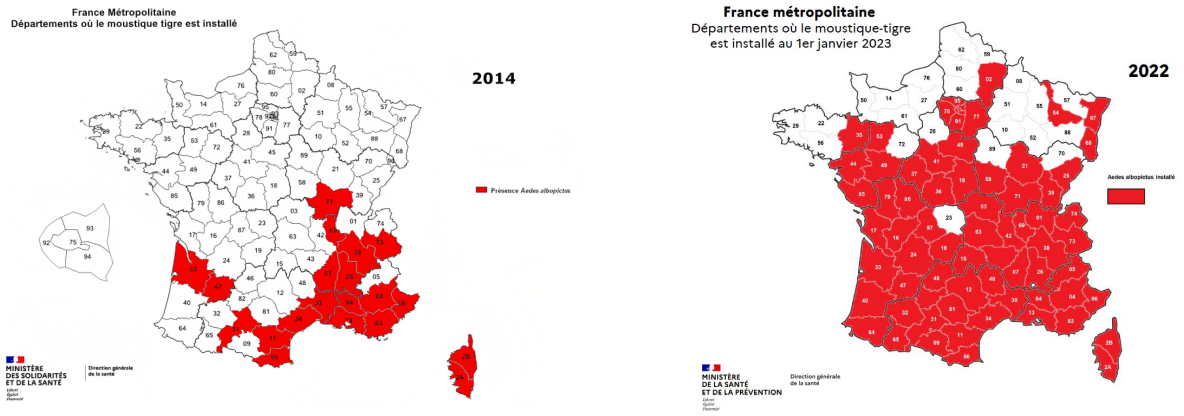


FIGURE 1.4 – Colonisation d'*Aedes albopictus* en 2014 (gauche) et en 2022 (droite) (SANTÉ PUBLIQUE FRANCE, 2023a)

La répartition d'*Aedes aegypti*

Bien que *Aedes aegypti* ne soit pas encore présent en France, certaines régions telles que le Rhône et la Garonne offrent déjà des conditions climatiques propices à son établissement. Cependant, contrairement à *Aedes albopictus*, *Aedes aegypti* peine à s'établir durablement dans des régions tempérées, en raison de son intolérance aux hivers et du taux de mortalité élevé de ces œufs exposés au gel (REINHOLD et al., 2018). Or, avec le changement climatique, ces limites pourraient évoluer, permettant à l'espèce de s'étendre plus au nord et au sud de l'équateur. Dans un scénario d'émissions élevées au cours du 21ème siècle (RCP 8.5 par exemple), une grande partie des régions méditerranéennes pourraient être envahie par *Aedes aegypti* d'ici 2100 (FIGURE 1.5).

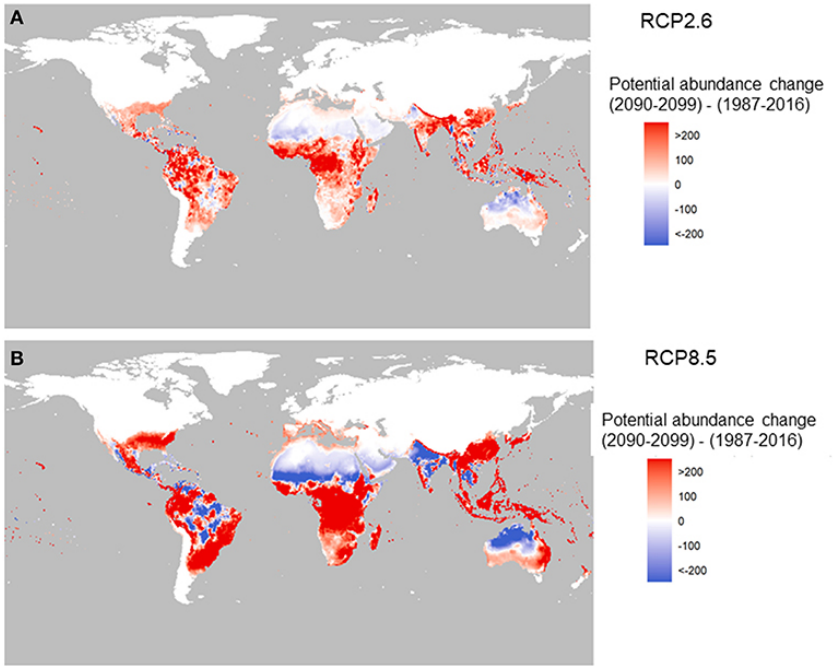


FIGURE 1.5 – Répartition potentielle d'*Aedes aegypti* au cours du XXIème siècle selon deux scénarios de réchauffement climatique (LIU-HELMERSSON et al., 2019)

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

En plus d'étendre la zone géographique dans lesquels les moustiques se développent, le réchauffement climatique altère aussi le cycle de vie de ces vecteurs.

En effet, une augmentation de la température de l'air peut accélérer le développement des moustiques au stade larvaire, entraînant ainsi des taux de reproduction plus élevés et une croissance de la population (Jian et al., 2023). En comparaison avec le groupe soumis à une température basse constante (23°C), les larves de moustiques exposées à des variations quotidiennes de température (entre 23 et 31°C) ont montré un développement plus rapide (en moyenne 9 jours contre 23,5 jours).

De plus, le réchauffement climatique augmente la période d'activité des moustiques. Le moustique se développe en été et disparaît à l'arrivée de l'hiver. Avec le changement climatique, on observe un raccourcissement des hivers dans les zones tempérées et un allongement des périodes de chaleur en été. Les périodes propices à la transmission d'un virus seront donc prolongées (Drif et al., 2020).

Enfin, le changement climatique a un impact sur la période d'incubation d'un virus chez le moustique (Winokur et al., 2020). En effet, lorsque la température est de 25 à 28 °C, il faut environ dix jours pour qu'un virus atteigne les glandes salivaires du moustique. En revanche, si la température est plus élevée, ce délai est raccourci à seulement sept jours. Par conséquent, 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

Divers facteurs territoriaux, économiques et culturels pourraient faire de la France l'un des pays européens les plus exposés aux épidémies d'arbovirus dans les décennies à venir.

En effet, la France compte plusieurs départements et régions d'outre-mer avec lesquels elle entretient d'importants liens commerciaux. Or, depuis les années 2000, ces territoires d'outre-mer sont confrontés à de nombreuses épidémies de dengue et de chikungunya. Les échanges réguliers de marchandises et de produits entre ces territoires pourrait favoriser l'apparition d'épidémies. De plus, de nombreuses personnes effectuent fréquemment des aller-retours entre la France métropolitaine et les régions d'outre-mer pour des raisons personnelles ou professionnelles.

En outre, en tant que pays le plus visité au monde, la France est particulièrement exposée : des voyageurs internationaux en provenance de régions endémiques, pourraient involontairement introduire des maladies sur le territoire français. Le nombre considérable de cas de dengue importés chaque année en est une preuve concrète. À titre de comparaison, la Figure 3.9 indique le nombre de cas importés de dengue en 2021 dans les pays européens. Il apparaît que la France est le pays européen le plus affecté.

De plus, l'urbanisation et la densité de population élevée dans certaines zones françaises offrent un habitat idéal pour les moustiques qui peuvent se reproduire dans de petits récipients d'eau stagnante présents dans les jardins, les parcs et même à l'intérieur des habitations. De plus, la forte mobilité humaine en France, que ce soit pour des raisons professionnelles ou touristiques, favorise la dispersion du virus dans tout l'héxagone.

Enfin, toutes les régions de France ne possèdent pas les compétences et attitudes nécessaires pour lutter efficacement contre cette menace. En effet, si les quelques transmissions locales d'arbovirus dans le sud de la France ont pu être rapidement maîtrisées, le moustique tigre s'étend désormais vers le

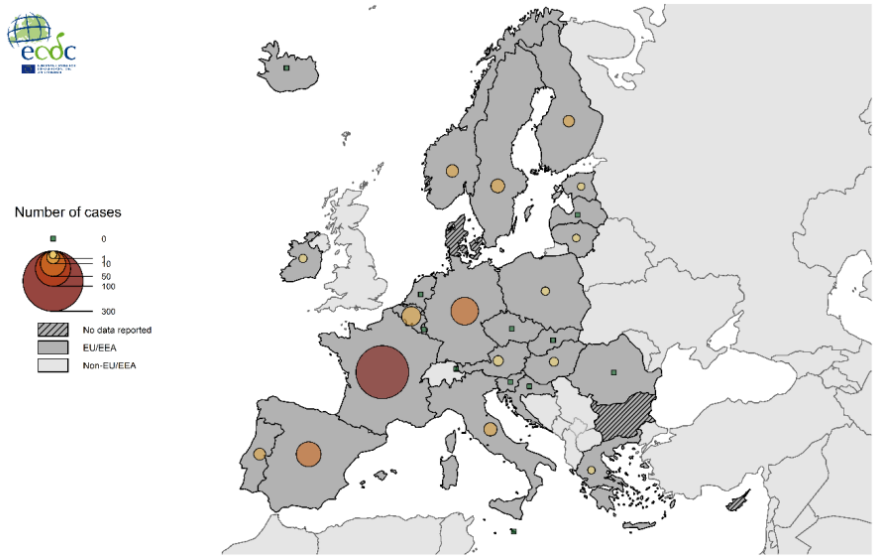


FIGURE 1.6 – Nombre de cas importés de dengue par pays en 2021 (ECDC, 2021)

nord de la France, là où il n'existe que peu de services de démoustication (DRIF et al., 2020).

1.2.5 Impact sur le secteur de l'assurance français

Des épidémies d'arbovirus en France pourraient avoir des répercussions importantes sur les assureurs, notamment s'ils n'étaient pas bien préparés à y faire face. Ces épidémies pourraient affecter à la fois l'actif et le passif des compagnies d'assurance.

En ce qui concerne le passif, les risques seraient les suivants :

— En cas de décès : une assurance décès prévoit le versement d'un capital ou d'une rente à un bénéficiaire désigné par l'assuré en cas de décès de celui-ci. C'est un contrat de prévoyance qui vise à protéger les proches de l'assuré en leur assurant une prise en charge financière. Des maladies comme la dengue ou le paludisme, avec des taux de létalité non négligeables, pourraient entraîner des pertes conséquentes pour l'assureur. En effet, si l'assureur n'a pas pris en compte ce risque, il est possible que les décès surviennent plus tôt que ce qui avait été initialement estimé en utilisant une table de mortalité.

— En cas de frais de soins importants : les garanties frais de soin d'un contrat complémentaire santé permettent à l'assuré d'obtenir un remboursement partiel ou total des frais qui ne sont pas pris en charge par l'assurance maladie obligatoire. Ces frais peuvent être des dépenses liées à des médicaments, des frais d'hospitalisation, des dépassements d'honoraires facultatifs ou bien encore des frais dentaires. Or, des arbovirus comme le chikungunya peuvent laisser certains patients avec des séquelles durables, persistant encore plusieurs années après l'infection. Les frais médicaux liés à ces complications pourraient alors être significatifs pour l'assureur.

— En cas d'arrêt de travail : suite à un accident ou une maladie, les garanties arrêts de travail des contrats de prévoyance permettent à l'assuré qui ne peut plus travailler, de maintenir une partie de ses revenus, complétant ainsi la sécurité sociale. Soit le salarié est momentanément dans l'impossibilité d'exercer son activité professionnelle, on parle alors d'incapacité, soit le

salarié est déclaré définitivement incapable d'exercer la moindre activité professionnelle, on parle alors d'invalidité. En cas d'épidémies de maladies vectorielles, les assureurs devront verser des indemnités à de nombreux salariés en arrêt de travail (10 jours en moyenne pour la dengue par exemple (Drif et al., 2020)).

Bien que moins probable, des épidémies d'arbovirus pourraient également impacter l'actif d'une compagnie d'assurance. Dans ce contexte, les risques potentiels seraient les suivants :

— Risque de marché : la réaction des investisseurs face à une épidémie pourrait entraîner une augmentation de la volatilité sur les marchés financiers (Joubert & Foudhaili, 2014). Par exemple, lors de l'épidémie de Covid-19, l'ensemble des marchés financiers a connu une forte baisse pendant les semaines qui ont suivies l'apparition de la maladie (Banque Transatlantique, 2023). Cette réaction en chaîne peut entraîner des fluctuations importantes sur les marchés financiers, avec des conséquences importantes sur l'actif des compagnies d'assurance.

— Risque de crédit : bien que peu probable, une épidémie de grande ampleur pourrait avoir un impact sur la solvabilité de certaines entreprises, en particulier celles liée au tourisme, entraînant alors des faillites et donc un risque de crédit accru pour les assureurs. Les réassureurs seraient particulièrement concernés, car ils pourraient être amenés à supporter une part importante des coûts liés à ces faillites potentielles.

1.3 La dengue : une maladie tropicale en pleine expansion

Dans une première section, nous avons défini le concept de maladie vectorielle et examiné les impacts de ces maladies sur les populations des pays tropicaux. Puis dans une deuxième partie, nous avons vu comment ces maladies tropicales s'étendent progressivement vers le nord grâce au réchauffement climatique et menacent désormais Europe. Dans cette dernière section, la maladie retenue dans le cadre de ce mémoire, à savoir la dengue, sera présentée plus en détail. La dengue a été choisie pour deux raisons : c'est la maladie tropicale qui provoque le plus de foyer épidémiques en France (Santé Publique France, 2023a) et elle peut avoir des conséquences mortelles. Ainsi, cette maladie pourrait représenter un vrai problème de santé publique en France. Nous débuterons cette section par une présentation détaillée de la maladie, puis nous aborderons son contexte historique, son mode de transmission et son arrivée en France. Ensuite, nous examinerons une année marquée par un nombre record de cas de dengue en France : l'été 2022. Enfin, nous conclurons en mettant en avant l'impact de la dengue sur la mortalité et la morbidité.

1.3.1 Présentation

La dengue, également connue sous le nom de « grippe tropicale », est une infection virale causée par le virus de la dengue (DENV), transmise à l'homme par des moustiques infectés. Actuellement, la dengue est largement répandue et l'OMS estime qu'environ la moitié de la population mondiale est exposée à cette maladie (OMS, 2023). Chaque année, plus de 350 millions de personnes contracteraient la dengue à travers le monde.

Dans la plupart des cas, les personnes infectées par la dengue ne présentent aucun symptôme ou développent des symptômes légers tels que de la fièvre, des nausées, des vomissements, des éruptions cutanées et des douleurs articulaires. Si ces symptômes apparaissent, ils commenceront généralement 4 à 10 jours après l'infection et dureront entre 2 et 7 jours. Après la guérison, les personnes infectées peuvent tout de même ressentir de la fatigue pendant plusieurs semaines.

La dengue est un arbovirus qui appartient au genre *Flavivirus*, tout comme le virus du Nil occidental et la fièvre jaune. Le virus de 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 ses sérotypes, elle développera une immunité pour ce sérotype en particulier mais pas pour les autres. Ainsi, une personne peut être infectée par les quatre sérotypes au cours de sa vie. De plus, une seconde infection peut entraîner des symptômes bien plus graves que lors de la première infection, car le risque de développer une forme sévère de dengue est accru. En effet, la gravité des symptômes dépend du sérotype du virus. Des études récentes ont montré que le sérotype 2 serait le plus susceptible de provoquer des cas graves (Vicente et al., 2016). Ainsi, si une personne a acquis une immunité après avoir été infectée par les sérotypes 1, 3 ou 4, elle est statistiquement plus susceptible d'attraper le sérotype 2 lors d'une seconde infection. Les infections successives par différents sérotypes de la dengue augmentent donc le risque de complications graves. De plus, les anticorps développés lors d'une première infection peuvent faciliter l'infection par un autre sérotype du virus de la dengue.

À ce jour, un seul vaccin est autorisé au sein de l'Union Européenne. Bien que ce vaccin permette la prévention de la dengue pour tous les sérotypes, son utilisation est restreinte aux personnes de 6 à 45 ans ayant déjà été infectées et résidant dans des zones d'endémie. En effet, chez les personnes non infectées antérieurement, et en particulier chez les enfants, ce vaccin augmente le risque de dengue grave et d'hospitalisations. Ainsi ce vaccin ne pourrait pas être utilisé en France pour prévenir de la dengue et n'est pas non plus recommandé pour des voyageurs se rendant dans des zones tropicales.

Dengue hémoragique

Dans certains cas et pour des raisons qui demeurent encore inexpliquées, une forme hémorragique de la dengue peut parfois se manifester. Cette forme représente environ 1% des cas de dengue dans le monde (Institut Pasteur, 2021) et se caractérise par des symptômes tels que de fortes douleurs abdominales, des vomissements persistants, des saignements et une fatigue intense. Il est nécessaire que les personnes présentant ces symptômes soient hospitalisées en urgence, car elles peuvent être confrontées à des hémorragies multiples. Sans des soins rapides et appropriés, ces hémorragies peuvent avoir des conséquences mortelles.

Dengue avec syndrome de choc

Chez les enfants de moins de quinze ans, il est également possible que survienne un état de choc hypovolémique, qui se manifeste par un refroidissement, une transpiration excessive de la peau et un pouls imperceptible, signes d'une défaillance circulatoire. Sans les soins nécessaires, cela peut également rapidement entraîner le décès.

1.3.2 Modes de transmission de la dengue

Transmission à l'être humain

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

Transmission de l'être humain au moustique

Les moustiques peuvent également s'infecter en piquant un humain contaminé. Ces infectés peuvent être symptomatiques, ne pas présenter encore de symptômes (état présymptomatique) ou bien ne montrer aucun signe de la maladie (état asymptomatique). La transmission peut se faire jusqu'à deux jours avant l'apparition des symptômes de la maladie et jusqu'à deux jours après la disparition de la fièvre. Il existe cependant un délai entre l'ingestion du virus et la transmission à un nouvel humain, appelée « période d'incubation ». Lorsque la température est comprise entre 25 et 28 °C, cette période d'incubation dure en moyenne entre 8 et 12 jours (OMS, 2023). Cette durée est largement influencée par la température ambiante ainsi que par les fluctuations quotidiennes de températures. Enfin, une fois infecté, le moustique conservera ce virus tout au long de sa vie et le transmettra jusqu'à sa mort.

1.3.3 Un peu d'histoire

La dengue existe probablement depuis des siècles mais c'est seulement depuis les deux dernières décennies qu'elle a connu un hausse aussi remarquable. Les cas rapportés à l'Organisation mondiale de la santé (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 plus de 100 pays principalement dans la zone intertropicale, région située de part et d'autre de l'Équateur (Figure 1.7).

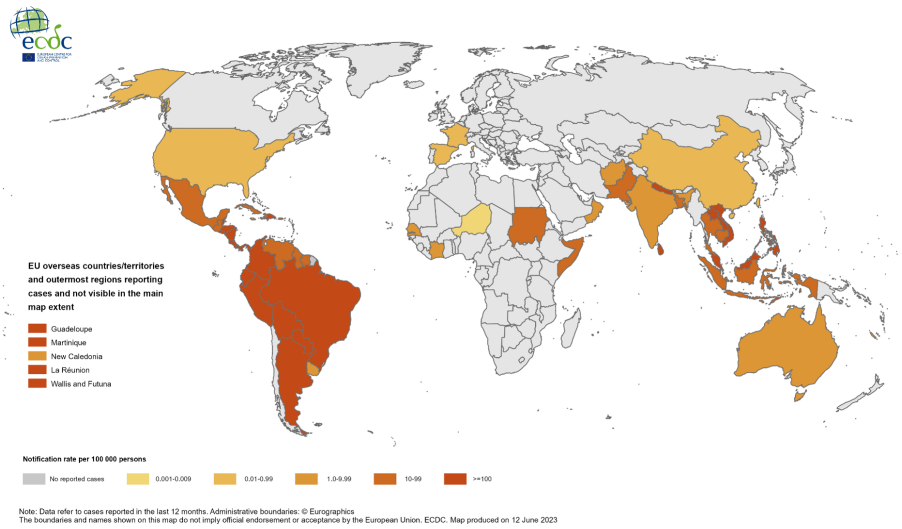


FIGURE 1.7 – Taux d'incidence de la dengue dans le monde de mai 2022 à juin 2023 (ECDC, 2023).

Pendant des années, la dengue n'était 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 n'a cessé de s'étendre et a rapidement 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.

En 2019, une épidémie historique de dengue a touché simultanément plusieurs régions du globe. Plus de 3.1 millions de cas ont été recensés dans les Amériques, dont plus de 25 000 considérés comme sévères (OMS, 2023).

La dengue continue sa progression vers de nouvelles régions, dont l'Europe et les Etats-Unis où des foyers épidémiques ont été observées. Pour la première fois, en 2010, des transmissions locales ont été signalées dans deux pays européens : la Croatie et la France. Cela montre que la maladie est désormais capable de se propager localement en Europe. En outre, l'île de Madère au Portugal a connu en 2012 une épidémie inédite de dengue avec plus de 2 000 cas recensés (INSTITUT PASTEUR, 2021).

Fait inquiétant, au cours des 30 dernières années, le nombre de cas de dengue hémorragique dans le monde a connu une augmentation considérable. On dénombre aujourd'hui environ 500 000 cas de dengue hémorragique chaque année. En 1970, seuls neufs pays étaient touchés par cette forme grave de la maladie, mais aujourd'hui, ce nombre a quadruplé.

1.3.4 Apparition de la dengue en France

Tout d'abord, afin de mieux comprendre les mécanismes d'une épidémie, il est important de faire la distinction entre deux types de cas : le cas importé et le cas autochtone.

Le cas importé est un patient qui a contracté le virus à l'extérieur du territoire français, lors d'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, quant à lui, 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 donc 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 fréquentes et quasisaisonnières. 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 (COVARS, 2023)

Situation en France métropolitaine

La situation est radicalement différente en France métropolitaine, où aucune épidémie de grande ampleur n'a encore eu lieu. Cependant, la situation commence petit à petit à changer. En effet, depuis des années, le nombre de cas importés de dengue en France augmente de manière significative (Table 1.2), atteignant un pic en 2023 avec 2 019 cas recensés. Ce pic est lié à la vaste épidémie qui a frappé la Guadeloupe et la Martinique cette année-là. En effet, plus de 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 tout 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 peut désormais circuler 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 nette 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 pour la seule année 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 à ce jour jamais connu de foyer de dengue, en région Occitanie et en région Corse (voir FIGURE 1.9). Deux municipalités des Alpes-Maritimes ont connu un évènement particulièrement important : 34 cas y ont été recensés, tous faisant partie d'une même chaîne de transmission (SANTÉ PUBLIQUE FRANCE, 2023a).

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

Cette augmentation n'est pas due à un nombre anormal de cas importés cette année là mais à des conditions climatiques particulièrement favorables. Le printemps et l'été ont été particulièrement chauds en 2022, ce qui a accéléré le développement des moustiques et stimulé leur activité.

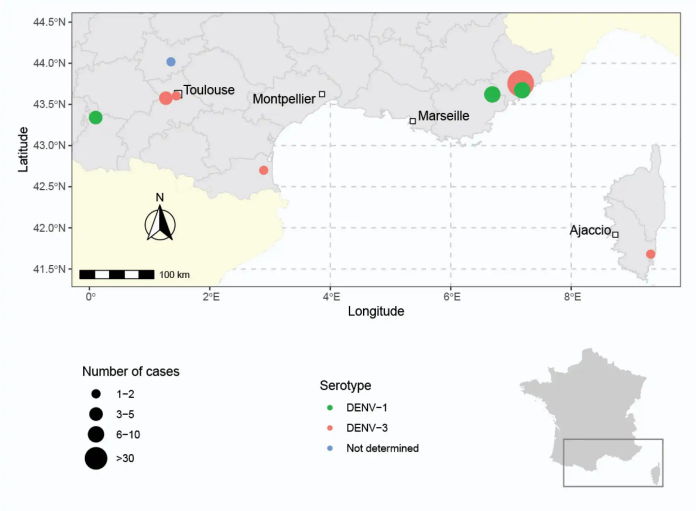


FIGURE 1.9 – Différents foyers de transmission de la dengue en France métropolitaine en 2022 (COCHET et al., 2022)

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 actif 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 estimé à 50 millions, dont 500 000 cas de dengue hémorragique. On estime que, dans le monde, près de 30 000 personne décèdent chaque année de la dengue dont une grande proportion d'enfants. Le taux de létalité de la dengue hémorragique atteint environ 2,5%, mais en l'absence d'une prise en charge adéquate, ce taux peut monter jusqu'à 20%. Toutefois, si les services hospitaliers sont suffisamment préparés, ce taux pourrait être inférieur à 1%.

En ce qui concerne la France, il est difficile d'essayer de prédire le taux de létalité de la dengue hémorragique. En effet, les nombreuses épidémies survenues dans les territoires d'Outre-mer ont permis d'acquérir une bonne compréhension des symptômes et de leur traitement par le milieu hospitalier, ce qui pourrait potentiellement faire baisser le taux de létalité. Cependant, en cas d'épidémie soudaine et imprévue, il se pourrait que les hôpitaux français, déjà partiellement saturés, éprouvent des difficultés à diagnostiquer et à traiter correctement les patients, comme ce fut le cas lors de l'épidémie de Covid-19.

En ce qui concerne le taux de létalité de la dengue, qu'elle soit hémorragique ou non, il est estimé à environ 0,05 % (PAHO, 2020). Toutefois, ce taux atteint près de 1 % chez les personnes de 80 ans et plus.

La morbidité

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

Une mesure intéressante pour visualiser 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. À titre d'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

Avec le réchauffement climatique, les maladies vectorielles, autrefois confinées aux régions tropicales, remontent progressivement vers l'Europe. En France métropolitaine, le nombre de cas de dengue, maladie étudiée dans le cadre ce mémoire, a augmenté de manière significative ces dix dernières années. Cette augmentation est étroitement liée 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 au-delà du domaine de la santé publique, affectant également des secteurs tels que 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 alors 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, des températures plus élevées peuvent accélérer le développement et la reproduction des moustiques et augmenter ainsi le risque d'épidémies de maladies tropicales. Ainsi, la France pourrait être confrontée, dans quelques années, à ces premières épidémies de dengue. Pour quantifier ce nouveau risque, un modèle SEIR (*Susceptible-Exposed-Infectious-Removed*) avec paramètres climatiques a été développé. Cette approche permet de représenter les différentes interactions entre hôtes et vecteurs, tout en prenant en compte les impacts du réchauffement climatique.

L'objectif de ce chapitre est de modéliser des épidémies futures de dengue selon deux scénarios de réchauffement climatique. Tout d'abord, le modèle choisi sera présenté en détails. Puis, le choix des différents paramètres sera justifié, y compris l'estimation de certains d'entre eux à partir de données brésiliennes. Par la suite, une preuve de concept sera réalisée : le modèle sera testé pour l'île de la Réunion afin de démontrer qu'il peut être facilement transposé à un autre pays. Après avoir validé l'utilisation de ce modèle pour la France, nous présenterons le jeu de données de températures utilisé puis nous analyserons les résultats des modélisations.

2.1 Sélection du modèle épidémiologique

Après une rapide présentation des modèles classiques en compartiments, cette section sera consacré à la présentation du modèle SEIR choisi ainsi que de l'ensemble de ses paramètres.

2.1.1 Les modèles classiques en compartiments

Dans un modèle à compartiments, la population totale est divisée en plusieurs catégories, représentant différents états de santé.

Le modèle à compartiments le plus courant est le modèle SIR (*Susceptible-Infected-Recovered* ou *Removed*). Il répartit la population en trois compartiments : S pour les individus susceptibles, c'est à dire les individus qui n'ont jamais contractés la maladie, I pour les individus infectés et R pour les individus guéris. Ils sont supposés être définitivement guéris. La Figure 2.1 est une représentation graphique du modèle SIR avec une force d'infection β et un taux de guérison γ.

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 le suivant :

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

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

Une variante très courante du modèle SIR est le modèle SEIR. Dans ce modèle, un quatrième compartiment est ajouté : E pour Exposé. Ce compartiment fonctionne comme une salle d'attente avant l'apparition des symptômes et permet de prendre en compte la période d'incubation de la maladie.

Les modèles à compartiments sont fréquemment utilisés pour modéliser des épidémies. Ils ont notamment permis de comprendre la propagation de la COVID-19 et de conseiller les autorités. À titre d'exemple, DEHNING et al. (2020) ont utilisé un modèle SIR pour quantifier l'impact des mesures de contrôles en Allemagne.

On peut également faire un parallèle entre les chaînes de Markov et les modèles à compartiments. En effet, les deux méthodes présentent de nombreuses similitudes : ce sont des modèles dynamiques, utilisés pour étudier l'évolution d'un système au cours du temps, le système est séparé en différents états et les transitions entre états sont représentées par des probabilités. Cependant, les modèles par compartiments comme le modèle SIR 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 une maladie vectorielle, il faut tenir compte des interactions entre les vecteurs (les moustiques) et les hôtes (les humains). Un modèle SIR simple en trois compartiments ne serait pas suffisant. Le modèle choisi dans ce mémoire inclut donc trois acteurs : humains, moustiques et larves. Pour l'instant, le seul vecteur de la dengue implanté en France est *Aedes Albopictus*. Bien que son cousin, *Aedes Aegeypti* pourrait également s'établir en France dans les décennies à venir (LIU-HELMERSSON et al., 2019), cela reste hypothétique. Ainsi, cette modélisation se focalisera uniquement sur *Aedes Albopictus*. On suppose également que la population est répartie de manière homogène et que chaque moustique a une probabilité égale de piquer un humain donné. De plus, on suppose qu'il n'y a qu'un seul sérotype de la dengue. Enfin, le modèle sera utilisé pour modéliser des épidémies à l'échelle nationale mais également à l'échelle régionale.

L'approche choisie est largement inspirée du modèle de LEE et al. (2018), utilisé pour modéliser des épidémies de dengue en Corée. Cependant, pour pouvoir transposer ce modèle à la France, une modification importante a dû être réalisées : le modèle de LEE et al. (2018) est un modèle en circuit fermé, ce qui signifie que le nombre total de vecteurs (moustiques et larves) reste constant au cours

du temps. Cette hypothèse est souvent utilisée en épidémiologie car lorsque le moustique est implanté depuis des années, sa population à tendance à atteindre un équilibre. Cependant, cette hypothèse n'est pas adaptée à la France. En effet, l'arrivée du moustique tigre remonte au début des années 2000 et il est toujours en train de coloniser certaines régions françaises. Pour tenir compte de cette différence, un terme a été ajouté au modèle pour représenter l'arrivée de nouveaux vecteurs.

Les différents compartiments du modèle SEIR choisi 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 et tels que $N_m{=}S_m{+}E_m{+}I_m$, $N_l{=}S_l{+}I_l$ et $N_h{=}S_h{+}E_h{+}I_h{+}N_h$. Le nombre de vecteurs correspondant au nombre total de moustiques et de larves est noté N_v et tel que $N_v{=}N_m{+}N_l$.

Les interactions entre les différents compartiments sont représentées graphiquement FIGURE 2.2. L'approche choisie intègre plusieurs caractéristiques essentielles à la propagation d'une maladie vectorielle. Tout d'abord, les humains peuvent être contaminés par les moustiques, et réciproquement. En effet, lorsqu'un moustique pique un humain contaminé, il peut à son tour s'infecter. De plus, un moustique infecté reste porteur toute sa vie et pourra également transmettre la maladie à ses larves.

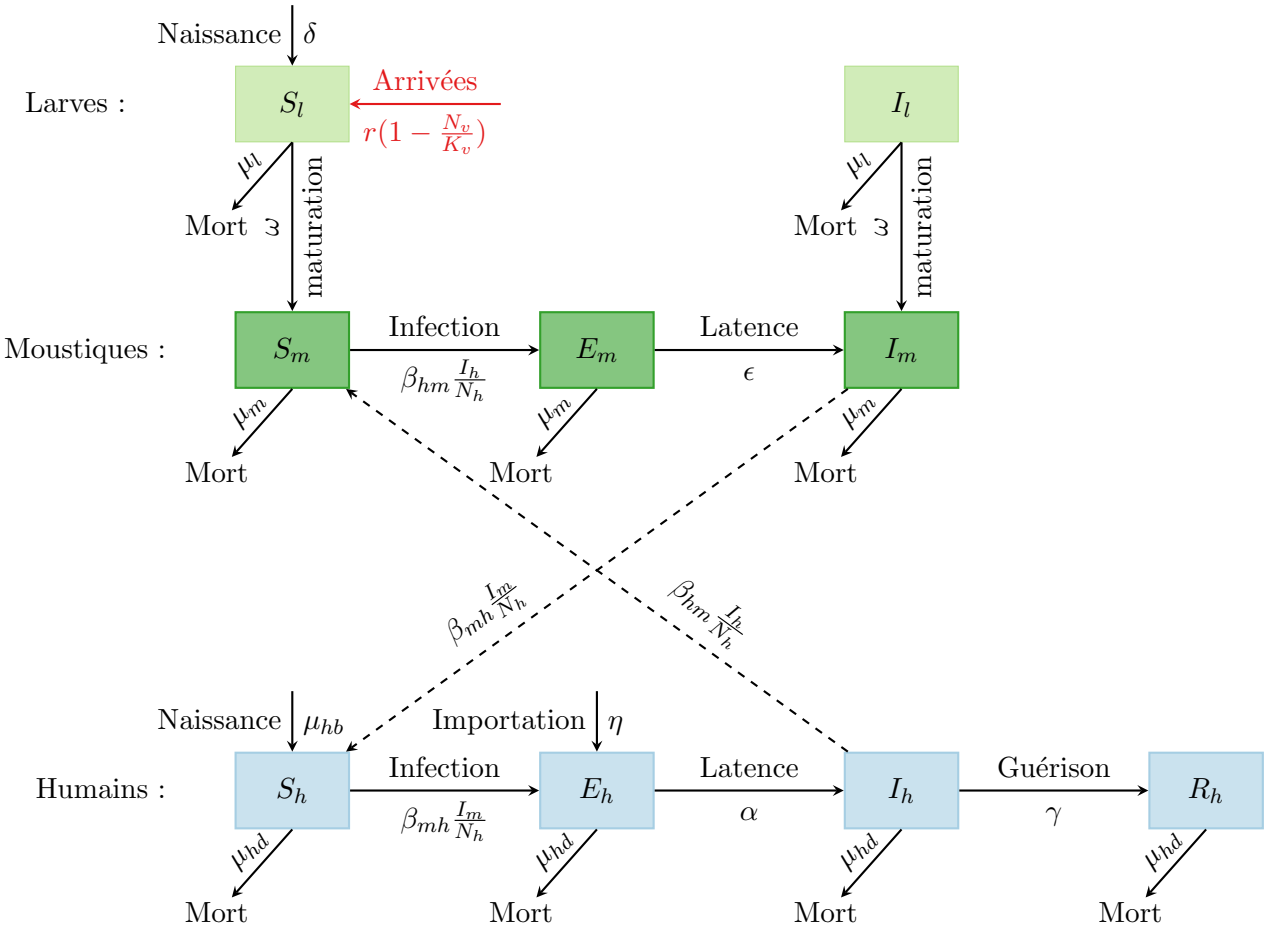


FIGURE 2.2 – Modèle SEIR adapté à la dengue

La dynamique de ce modèle est définie par un système de neuf équations différentielles :

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

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

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

Pour intégrer les effets du réchauffement climatique sur le cycle de vie des moustiques, plusieurs variables sensibles à la température ont été introduites dans le modèle. 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 transposée directement à la France.

Le taux de piqure b est donné par :

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

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

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

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

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

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

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

Le taux de maturation ω des larves est donné par :

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

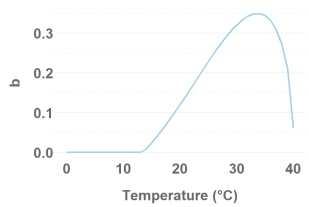
Le taux de mortalité μ_m des moustiques adultes est donné par :

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

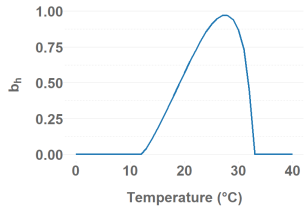
Le taux de mortalité μ_l des larves est donné par :

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

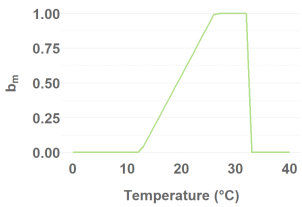
L'ensemble de ces fonctions sont représentées graphiquement FIGURE 2.3. Comme souligné dans le premier chapitre, une hausse des températures tant qu'elle ne dépasse pas un certain seuil (environ 40°C), a un double effet : elle accélère le développement et la reproduction des moustiques, tout en augmentant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



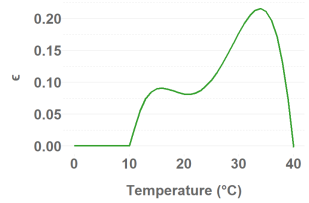
(a) fonction b



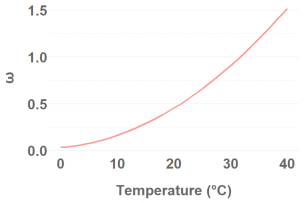
(b) fonction b_h



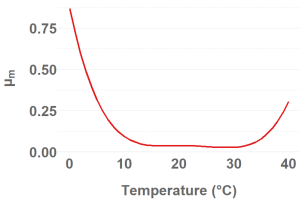
(c) fonction b_m



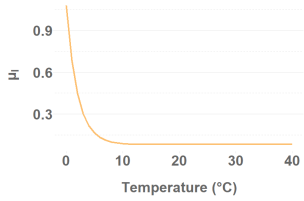
(d) fonction ϵ



(e) fonction ω



(f) fonction μ_m



(g) fonction μ_l

FIGURE 2.3 – Variables sensibles au climat

2.1.4 Les paramètres supplémentaires

L'ensemble des paramètres non-climatiques sont regroupés Table 2.1. Les paramètres K_v et r ne sont pas issus de l'étude de Lee et al. (2018), mais ont été ajoutés pour modéliser l'arrivée de nouveaux vecteurs dans des régions peu colonisées.

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 taux d'infection verticale ν correspond à la probabilité qu'un moustique infecté transmette le virus à ses oeufs (Dahl et al., 2022).

La période de latence α commence au moment de l'infection et correspond à la période pendant laquelle l'individu a contracté le virus mais n'est pas encore contagieux et ne développe pas encore de symptômes. La période de contagion γ débute dés l'apparition des symptômes et se poursuit jusqu'au rétablissement complet de l'individu. Pendant cette période, l'individu est capable de transmettre la maladie.

L'infectiosité d'un moustique infectieux β_{mh} correspond à la probabilité de transmission du virus d'un moustique infecté à un être humain susceptible lors d'un contact entre les deux. De même, l'infectiosité d'un humain infectieux β_{hm} correspond à la probabilité de transmission du virus d'un humain infecté à un être moustique sain lors d'un contact entre les deux.

La capacité de charge K_v mesure combien de vecteurs un environnement peut soutenir (White et al., 2011). Elle est proportionnelle au nombre d'humains (Trejo et al., 2023). Ainsi, 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. Ce facteur a été rajouté au modèle original pour permettre de modéliser l'arrivée de nouveaux vecteurs dans une zone qui n'était que partiellement colonisée jusqu'à présent.

2.2 Choix des valeurs des paramètres

La plupart des paramètres du modèle proviennent de la littérature sur le sujet. Seul deux paramètres, x_1 et x_2, ont du être estimé. En effet, ces deux paramètres dépendent du modèle utilisé et doivent donc être déterminés par ajustement de données. Étant donné qu'il n'y a pas eu d'épidémies de dengue en France, mais seulement quelques cas sporadiques, les paramètres x_1 et x_2 n'ont pas pu être estimés à partir de données françaises. Ainsi, des données brésiliennes ont été utilisées : une partie pour l'estimation et une autre 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 du 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	$\frac{1000}{365 N_h(0)}$	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, ceci 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.

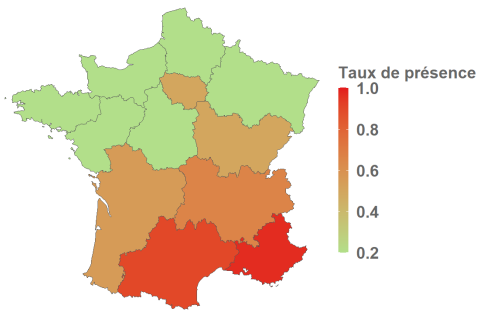


Figure 2.4 – Taux de présence du moustique *Aedes Albopictus* en France

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, si les modélisations sont réalisées à l'échelle régionale, le paramètre $N_h(0)$ sera modifiée en conséquence, suivant les valeurs de l'Institut National d'Études Démographiques (INED, 2024). De même, la valeur de η devra être modifié. On supposera alors que les 1000 cas 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

Les paramètres x_1 et x_2 sont spécifiques au modèle et ne peuvent être directement déduits de la littérature scientifique. En raison du nombre très faible de cas de dengue en France, les valeurs de x_1 et x_2 ont été calibrées en utilisant des données provenant du Brésil. Le Brésil a été choisi car c'est un pays où la dengue est endémique et où des épidémies surviennent chaque années. Ainsi, il possède un historique complet, qui de plus est 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 (GHCN, 2024). Une moyenne de différentes stations a été réalisée.
— Un historique du nombre de nouveaux cas de dengue par semaines 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. Le taux de cas importés, noté η, a été fixé à 0, car le Brésil étant un pays endémique de la dengue, ce ne sont pas les cas importés qui déclenchent une épidémie. 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 donc est égale à la capacité de charges et on suppose qu'il y a un moustique par humain. Ainsi, les conditions initiales sont $N_m(0) = N_h(0)$ et $N_l(0) = \frac{1}{2}N_h(0)$. On suppose également qu'il n'y a aucun moustique infecté à l'instant 0.

Les deux jeux de données ont été séparés en deux périodes : de 2014 à 2016 et 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 suivantes ont été suivies :

— Pour une valeur de x_1 et x_2 fixée, on résout le système d'équation 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. On cherche les valeurs de x_1 et x_2 qui minimise l'écart quadratique entre le nombre de cas hebdomadaires simulés et le nombre de cas hebdomadaires réels.

Les valeurs de x_1 et x_2 trouvées sont 0.169 et 0.739

2.2.3 Validation du modèle pour le Brésil

Les valeurs de x_1 et x_2 ont été estimées pour les années 2014 à 2016 au Brésil. Afin d'évaluer si ces estimations sont généralisables à d'autres périodes, une validation du modèle a été réalisée. Cette étape est cruciale pour évaluer la capacité prédictive du modèle en dehors de la période d'estimation.

Le modèle SEIR a ainsi été exécuté sur la deuxième partie du jeu de données : les années 2017 à 2020 en utilisant les valeurs $x_1 = 0.169$ et $x_2 = 0.739$. Les conditions sont les mêmes que pour l'estimation : la population est stable et a atteint son équilibre. Les valeurs initiales sont identiques : $N_m(0) = N_h(0)$ et $N_l(0) = \frac{1}{2}N_h(0)$. On suppose également 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.

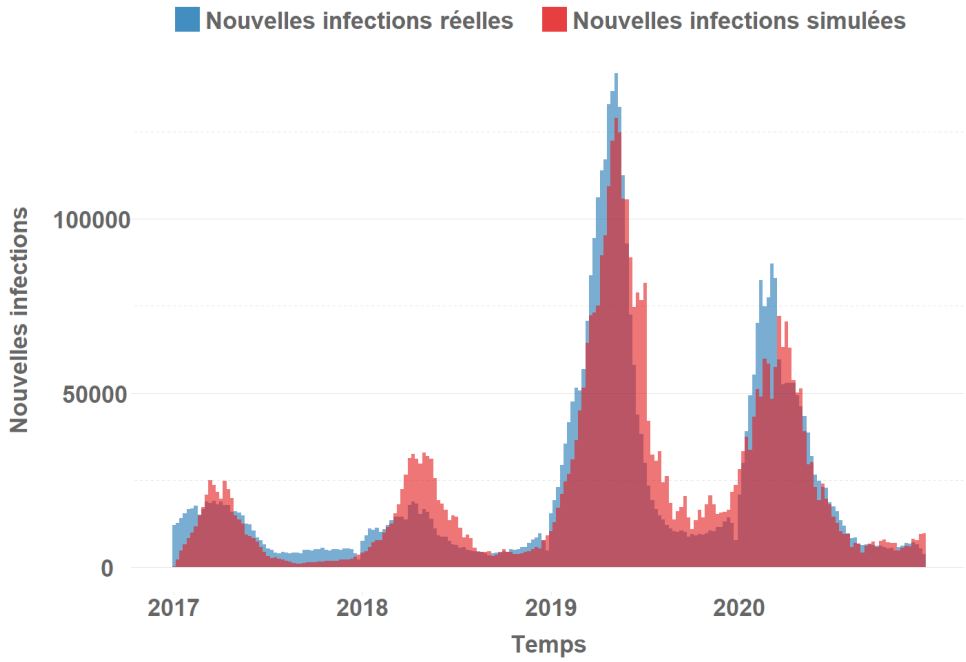


FIGURE 2.5 – Résultats des modélisations pour le Brésil

Pour évaluer la qualité de la prédiction, les erreurs relatives du modèle ont été calculées table 2.3. L'erreur relative représente le pourcentage de différence entre le nombre de nouvelles infections total sur une période et le nombre réel de nouvelles infections sur cette même période.

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

La qualité de la prédiction est globalement satisfaisante. Bien que les prédictions ne soient pas parfaites d'une année à l'autre (jusqu'à 36% d'erreur en 2018), elles reproduisent les tendances observées. De plus, l'erreur totale entre le nombre de cas estimés sur les quatre années et le nombre réel de cas fourni par le gouvernement brésilien 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 également 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

À l'instar du Brésil, les erreurs relatives du modèle ont été calculées table 2.5.

Année	**2018**	**2019**	**2021**	**Total**
Erreur relative	24.15%	12.92%	12.37 %	5.39%

Table 2.5 – Erreurs relatives du modèle pour la Réunion

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.

Ainsi, cette preuve de concept a 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)

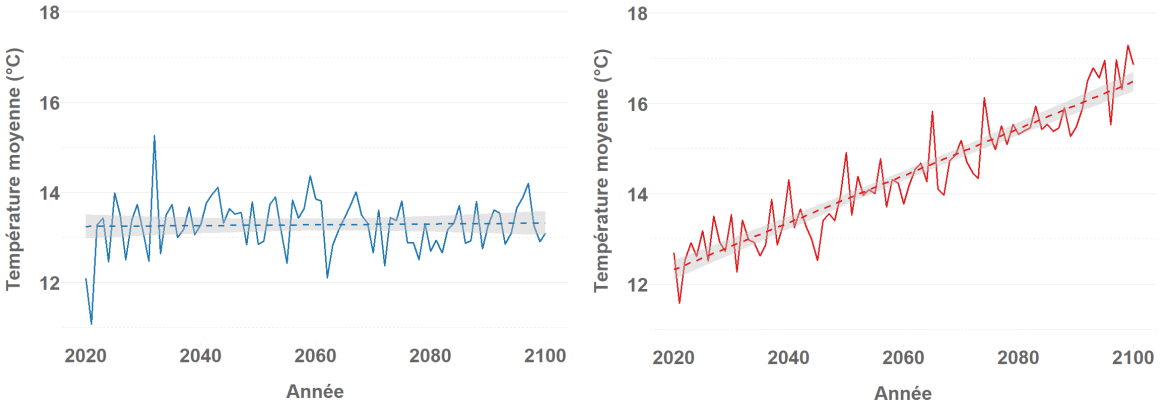
Pour modéliser des épidémies futures de dengue en France, il est nécessaire de disposer de projections de température. Les données proviennent de GHCN (2024). Elles contiennent les températures quotidiennes entre 2020 et 2100 pour quatorze grandes villes françaises. Deux scénarios de températures sont considérés : un optimiste, le scénario RCP 2.6, et un pessimiste, le RCP 8.5. Cette section se concentre sur l'analyse de ces deux ensembles de données. Trois impacts du réchauffement climatique ont été identifiés : une augmentation globale des températures, un allongement des périodes estivales et des étés caniculaires.

Chacun de ces impacts aura une influence sur la propagation de la dengue en France. L'augmentation globale des températures facilitera la reproduction et le développement des moustiques et ainsi l'installation du moustique en France. Des étés de plus en plus longs signifieront des périodes d'activité prolongées et des épidémies potentiellement plus longues. Enfin, des étés particulièrement caniculaires seront associés à des épidémies de dengue particulièrement importantes ces années là.

2.4.1 Une hausse globale des températures

Au cours du dernier siècle, la température à la surface du globe a augmenté d'environ 1°C. La France a été particulièrement touchée par ce phénomène avec une augmentation de plus de 1,5 degrés sur son territoire (Pincemin, 2021).

Afin d'analyser les tendances climatiques futures, la température moyenne annuelle en France entre 2020 et 2100 a été calculée (Figure 2.6). Pour ce faire, la moyenne des 12 stations météorologiques a été utilisée. Les résultats montrent des tendances claires : dans le scénario le plus optimiste, le RCP 2.6, la température moyenne reste globalement stable. En revanche, dans le scénario RCP 8.5, surnommé «business as usual», les températures augmentent très rapidement, avec une augmentation de plus de 4 degrés d'ici la fin du siècle. Ce constat est en accord avec les prévisions du GIEC (GIEC, 2023), qui anticipe une augmentation globale de 3,7 degrés. Cependant, les résultats montrent que la hausse des températures pourrait être encore plus prononcée en France.



(a) Scénario RCP 2.6 (b) Scénario RCP 8.5

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

2.4.2 Allongement des périodes estivales

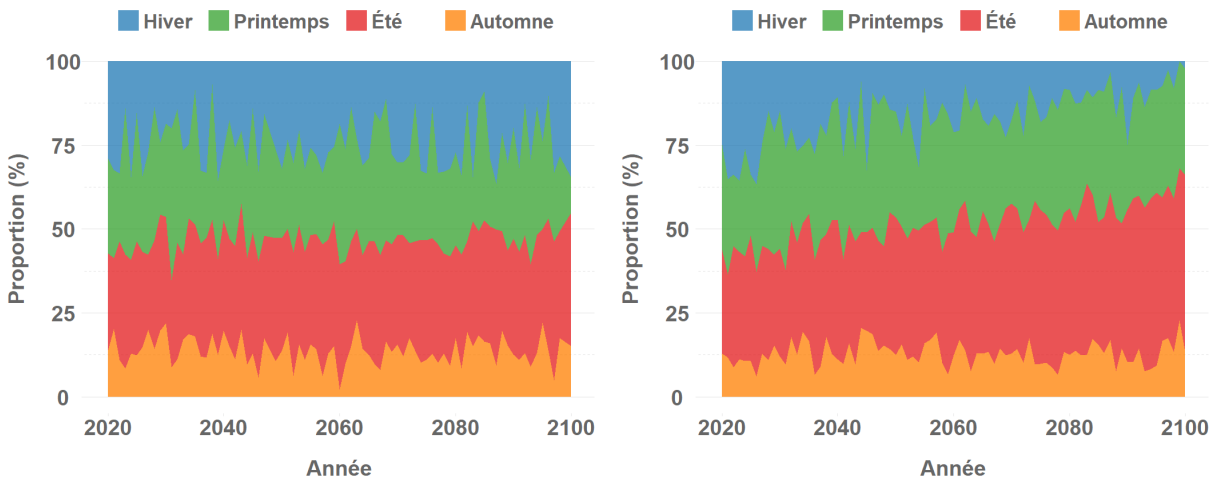
Les saisons peuvent être définies de manière :

— Astronomique : les saisons sont définies par les solstices (le jour le plus long ou le plus court de l'année) et les équinoxes (les moments où la durée du jour et de la nuit est égale partout sur la planète).
— Météorologique : les saisons sont définies à partir des températures.
— Calendaire : les saisons sont déterminées selon des dates fixes du calendrier.

En France, les saisons sont définies de façon officielle en fonction des dates des solstices d'été et d'hiver et des équinoxes de printemps et d'automne. Cependant, cette méthode, qui ne repose que sur des calculs astronomiques, ne tient pas compte du réchauffement climatique. En effet, avec le réchauffement climatique, les étés vont devenir de plus longs et les hivers de plus en plus courts. Cette tendance est déjà observable : les résultats de Peña-Ortiz et al. (2015) ont montré que l'été européen s'est allongé en moyenne de 2,4 jours par décennie entre 1950 et 2012. Ce phénomène s'est accéléré au cours des trois dernières décennies, atteignant une moyenne de 6,3 jours par décennies pour la période 1979–2012.

Pour pouvoir examiner ce phénomène, les saisons ont été définies ici de manière météorologique, suivant l'approche adoptée par 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. L'hiver est défini comme la période en dessous du 25ème centile. Le printemps et l'automne sont définies comme les transitions entre ces deux périodes. Les fluctuations quotidiennes de températures ont été lissées, à l'aide d'une régression locale, afin d'éviter plusieurs intersections entre les seuil de température et la température quotidienne.

Les dates de début de chaque saison ont été identifiées pour les deux jeux de données. À partir de ces dates, les proportions de chaque saison dans l'année ont été calculées (Figure 2.7).



(a) Scénario RCP 2.6 (b) Scénario RCP 8.5

Figure 2.7 – Proportion de chaque saison dans l'année

Dans le cadre d'un scénario optimiste comme le RCP 2.6, la durée de chaque saison semblent rester stable. En revanche, dans un scénario pessimiste comme le RCP 8.5, les hivers tendent à disparaître

et les étés à s'allonger progressivement. À titre d'exemple, la table 2.6 recense les dates de début de l'hiver et de l'été ainsi que leur durée pour la ville de Paris dans le cadre du scénario RCP 8.5. Avec ces projections, l'hiver en 2100 à Paris durerait moins d'un mois tandis que l'été s'étendrait sur plus de six mois.

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

2.4.3 Étés caniculaires

En se basant sur les mêmes jeux de données que ceux utilisés dans ce mémoire, PINCEMIN (2021) s'est intéressée aux étés particulièrement chauds.

Pour le scénario RCP 8.5, le plus pessimiste, le nombre cumulé de jours de canicule par année est représenté FIGURE 2.8. Les années les plus marquantes sont 2065, 2097 et 2099, avec plus de 60 jours de canicule par an. À titre de comparaison, la canicule particulièrement meurtrière de 2003 n'avait duré que 12 jours.

Dans le scénario RCP 2.6, l'été le plus chaud est prévu pour 2032, avec plus de 40 jours de canicule, suivi de 2079 et 2097, où l'on s'attend à plus de 30 jours de canicule.

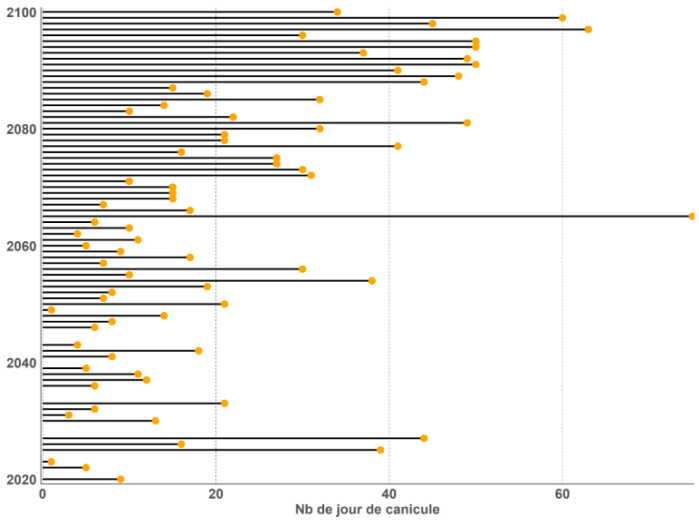


FIGURE 2.8 – Nombre de jours cumulés de canicules par années, scénario RCP 8.5 (PINCEMIN, 2021)

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

Après avoir estimé les paramètres du modèle puis démontré sa robustesse, nous allons exécuté le modèle SEIR pour la France. Les simulations couvriront la période de 2020 à 2100, en utilisant deux scénarios climatiques : le RCP 2.6 et le RCP 8.5.

Tout d'abord, les résultats seront présentés à l'échelle nationale. Puis, une analyse plus détaillée par région sera réalisée. Ensuite, le *Seasonal Reproduction Number*, qui mesure la transmissibilité de la maladie, sera calculé. Après avoir analysé le lien entre température et incidence, 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 exécuté pour la France sur la période de 2020 à 2100 afin d'estimer le nombre d'infections par an. Les résultats de cette simulation sont présentés dans la Figure 2.9 pour les deux scénarios.

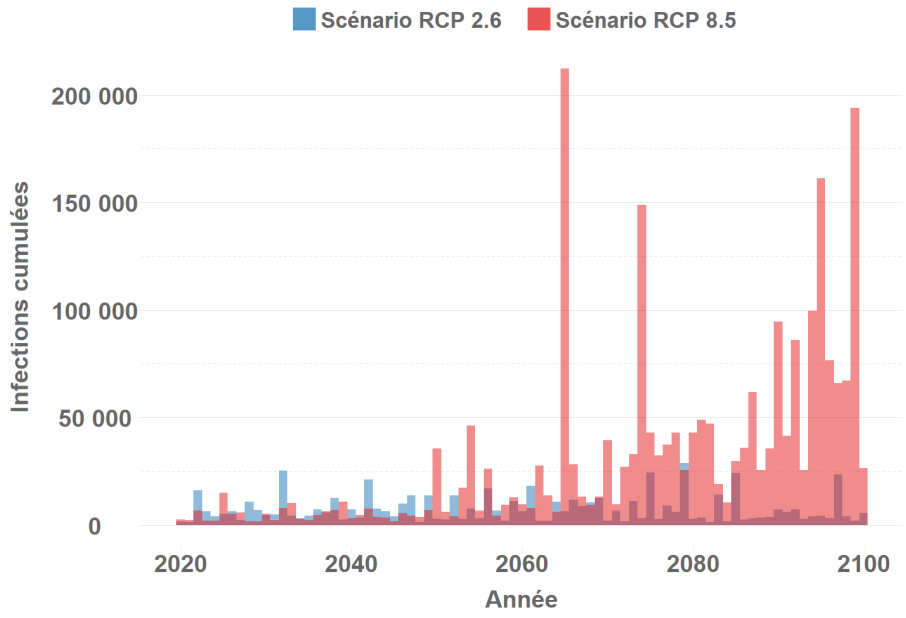


Figure 2.9 – Nombre estimé de cas de dengue par an

Pour le scénario RCP 2.6, le plus optimiste, la tendance reste relativement stable tout au long du siècle : de petites épidémies se produisent chaque année, avec en moyenne 7 500 cas par an. Cette situation n'est pas très éloignée de la situation actuelle, où l'on dénombre entre une centaine et quelques milliers de cas par an. Ainsi, dans ce scénario optimiste, la France serait relativement peu touchée par la dengue. De plus, on peut supposer que ce modèle prend en compte les étés caniculaires. D'après l'étude de Pincemin (2021), les principales canicules pour ce scénario sont prévues en 2032, 2079, 2085 et 2097, ce qui correspond aux pics les plus importants observés Figure 2.9.

En revanche, dans un scénario pessimiste comme le RCP 8.5, la tendance est radicalement différente : le nombre d'infections reste relativement stable jusqu'en 2050, atteignant des niveaux comparables à

ceux du scénario RCP 2.6, puis connaît une augmentation brutale. D'ici la fin du siècle, il pourrait y avoir plus de 200 000 cas de dengue par an. Une fois de plus, les canicules jouent un rôle crucial dans cette projection. Selon les analyses de Pincemin (2021), les principales canicules pour ce scénario sont prévues en 2065, 2097, 2099 correspondant également aux principaux pics observés.

Pour comprendre l'impact de la dengue sur le long terme, le nombre cumulé de cas est représenté Figure 2.10. Pour le scénario RCP 2.6, la tendance semble linéaire, suggérant une croissance relativement constante des cas au fil du temps. En revanche, pour le scénario RCP 8.5, la situation est bien différente : une augmentation presque exponentielle est observée, indiquant un accroissement rapide du nombre de cas cumulés.

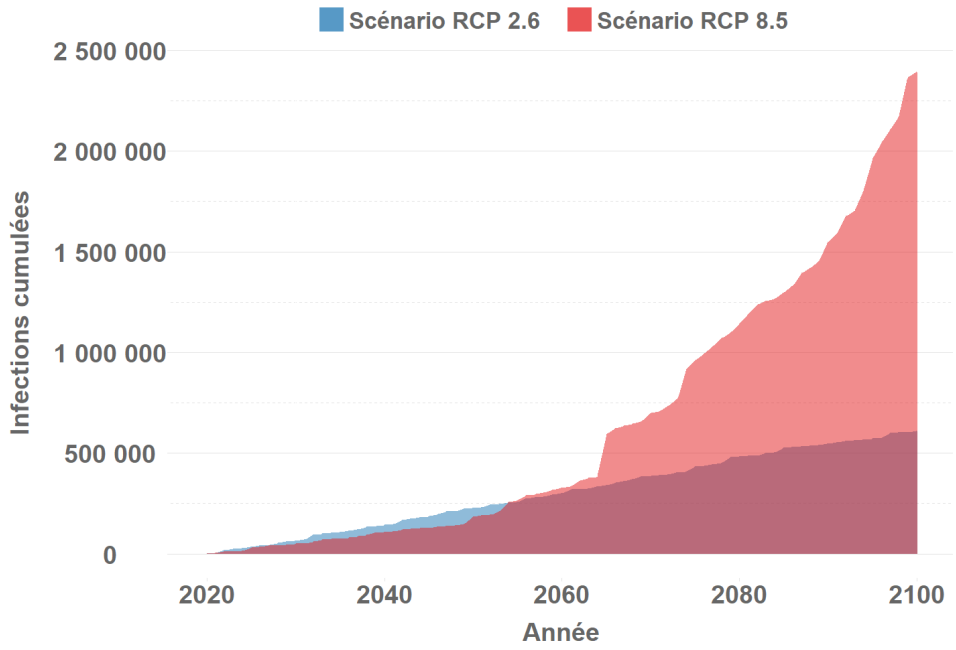


Figure 2.10 – Nombre cumulé d'humains infectés

Au total, sur la période considérée, plus de 500 000 cas sont attendus pour le scénario 2.6, tandis que plus de 2 250 000 de cas sont anticipés pour le scénario 8.5. Le réchauffement climatique favorisera donc l'émergence de maladies tropicales comme la dengue.

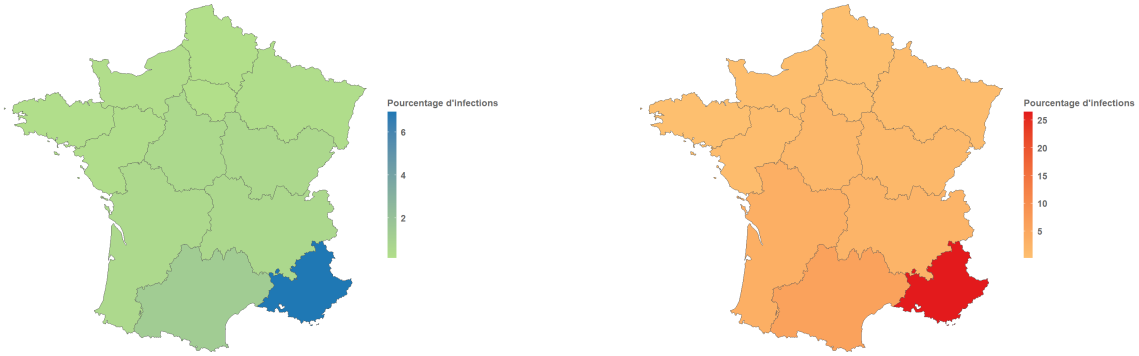
2.5.2 Différences régionales

Certaines régions françaises bénéficient de températures plus chaudes, ce qui pourrait les rendre potentiellement plus exposées aux épidémies de dengue. Afin de vérifier cette hypothèse, le taux d'infection pour chaque région entre 2020 et 2100 est représenté Figure 2.11. Ce taux correspond à l'ensemble des cas sur cette période divisé par la population de la région.

Dans les deux scénarios, RCP 2.6 et RCP 8.5, la région PACA est la plus susceptible d'être touchée par la dengue. Cela est probablement du aux fortes chaleurs mais également à la présence établie depuis des années de populations de moustiques *Aedes Albopictus*.

Pour le scénario RCP 8.5, le taux d'infection dans la région PACA a dépassé les 25%, affectant ainsi une part significative de sa population. À contrario, les Hauts-de-France présentent un taux

d'infection de seulement 0.2%, ce qui en fait une région relativement peu affectée par la dengue.



(a) Scénario RCP 2.6 (b) Scénario RCP 8.5

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

2.5.3 Calcul du *Seasonal Reproduction Number* (R_s)

En épidémiologie, l'un des principaux indicateurs pour comprendre la propagation d'une maladie est le nombre de reproduction de base, noté R_0. Il s'interprète comme le nombre moyen de cas directement généré par un individu contaminé dans une population entièrement 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, entraînant ainsi une croissance exponentielle.

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 rapidement et deviendra difficile à maîtriser. En revanche, si le R_0 est inférieur à 1, le risque d'épidémies est faible.

Dans le cas d'une maladie saisonnière comme la dengue, les épidémies se produisent de manière cyclique, principalement pendant les périodes de fortes chaleurs. Ainsi, un indicateur qui prend en compte les variations saisonnières est préférable. 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 :

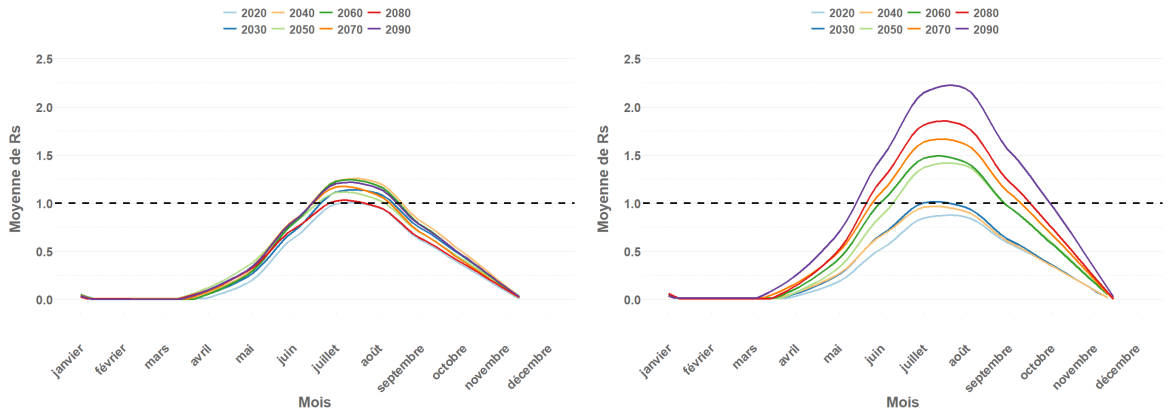
$$a = \frac{\nu\delta(T)\omega(T)}{\mu_m(T)N_m(\omega(T) + \mu_l(T))}$$

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



(a) Scénario RCP 2.6 (b) Scénario RCP 8.5

FIGURE 2.12 – Rs 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 saisonier

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 fortes chaleurs. 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.

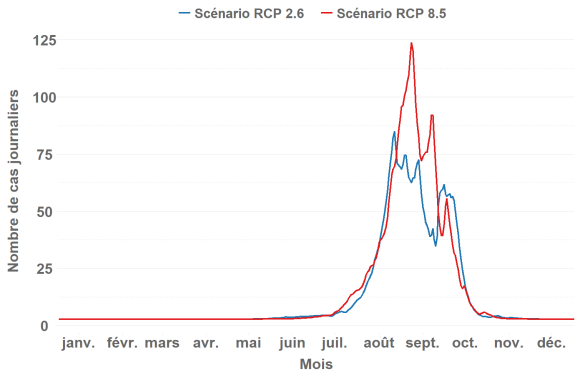
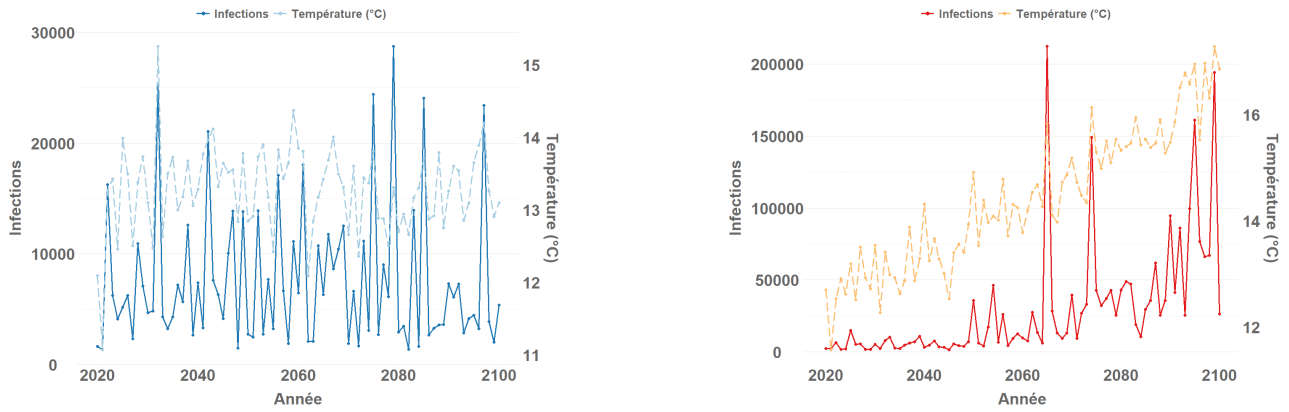


FIGURE 2.13 – Nombre d'infections journalières au cours de l'année 2030

Années caniculaires

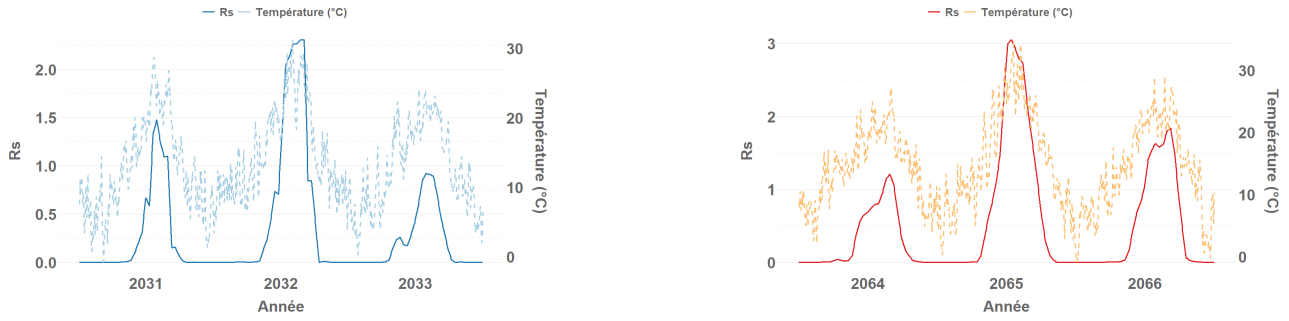
La taille d'une épidémie de dengue est influencée par la température. Ainsi, des étés particulièrement caniculaires peuvent conduire à des épidémies de plus grande ampleur (Fan et al., 2014). Pour vérifier si cette tendance est prise en compte dans notre modèle, la Figure 2.14 illustre le lien entre 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.



(a) Scénario RCP 2.6 (b) Scénario RCP 8.5

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 et plus longue. 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.



(a) Scénario RCP 2.6 (b) Scénario RCP 8.5

Figure 2.15 – Lien entre le R_s et la température

Pour confirmer cette hypothèse, la table 2.7 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. Ce test 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 2.7 – 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.

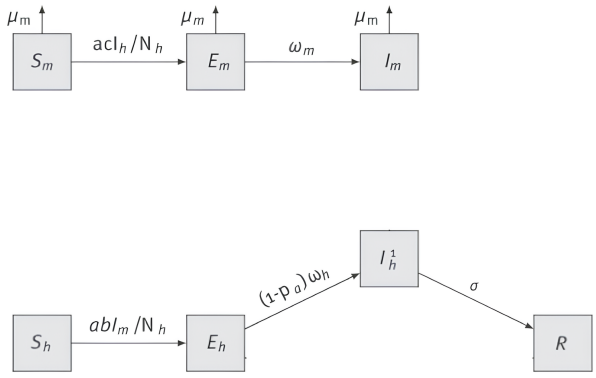


FIGURE 2.16 – Modèle SIR utilisé dans DRIF et al. (2020)

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 pessimiste, que des épidémies importantes de dengue sont prévues.

2.5.6 Limites de l'approche

Ce modèle simplifie la propagation de la dengue et peut ne pas en capturer toute la complexité. Les résultats obtenus reposent également fortement sur les hypothèses. Or, en raison de l'absence d'un historique significatif de la dengue en France, il est compliqué de vérifier si les hypothèses retenues sont adaptées. Ainsi, ce modèle possède de nombreuses limites :

— Le modèle choisi se concentre uniquement sur le moustique tigre. Or, il n'est pas impossible qu'*Aedes aegypti*, autre vecteur de la dengue, s'installe au cours du siècle en France et propage également la dengue. Les résultats de notre étude seraient alors sous-estimés.

— Pour des raisons pratiques et en raison de la disponibilité limitée des données, le modèle utilisé ne prend pas en compte les précipitations et l'humidité. Or, ces deux facteurs sont essentiels pour l'implantation et le maintien d'une population de moustiques. Il pourrait donc être intéressant de prendre en compte ces variables dans un autre modèle.

— De nombreux paramètres ont été supposés et peuvent ne pas refléter la réalité. 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, la population initiale de moustiques est estimée à partir des données fournies par les agences régionales de santé. Cependant, ces données sont basées en partie sur des signalements, il est donc possible que le moustique soit implanté dans de nombreuses zones sans qu'aucun signalement n'ait été fait.

— Les paramètres x_1 et x_2 ont été estimés à partir de données brésiliennes puis testés sur l'île de la Réunion. Cependant, le nombre de cas utilisé correspond uniquement aux cas confirmés par des tests biologiques. Comme la maladie est souvent asymptomatique, il n'est pas impossible qu'en réalité le nombre de cas soit beaucoup plus important, et que par conséquent, les paramètres x_1 et x_2 soient sous-estimés.

— Il est difficile de prédire la réaction des autorités en cas d'épidémie de dengue et les mesures sanitaires qui seraient mises en place, telles que des contrôles aux aéroports, des opérations de démoustication, et des campagnes de sensibilisation. Il est possible que les autorités réagissent rapidement et instaurent des mesures de contrôle et de prévention efficaces, ce qui pourrait limiter la propagation de la maladie et atténuer les impacts prévus par le modèle.

— Le modèle est agrégé par région, ce qui limite sa précision. Il serait nécessaire d'utiliser une maille plus fine pour prendre en compte les variations locales, telles que les densités de population, les différences de climat intra-régionales, la végétation ...

— Enfin, le modèle prend en compte le réchauffement climatique mais il ne tient pas compte des autres événements climatiques extrêmes qui en découlent, tels que les sécheresses ou les inondations. Ces événements peuvent diminuer significativement le nombre de moustiques et réduire ainsi le risque d'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 :

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

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 ± 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.

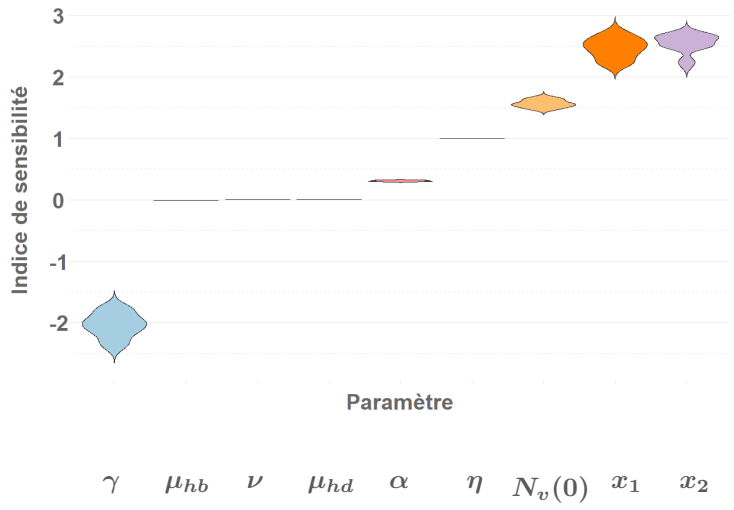


Figure 2.17 – Sensibilité des paramètres

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 scientifique, 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 2.8.

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	$\frac{1000}{365 N_h(0)}$	$\pm 10\%$	
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 2.8 – 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 (Cheng et al., 2023 ; Damgaard & Irvine, 2019). Comme la variance de la distribution n'est pas connue, nous allons l'estimer à partir de la variance d'une loi uniforme. Cependant, pour obtenir une distribution concentrée autour de la moyenne, nous choisissons une variance deux fois plus petite que celle de la loi uniforme. Nous supposons donc que la variance σ^2 de la loi Beta vaut :

$$\sigma^2_{\text{uniforme}} = \frac{(b-a)^2}{24}$$

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 :

$$\alpha = \bar{x} \times \left(\frac{\bar{x} \times (1-\bar{x})}{\sigma^2} - 1 \right) \quad \text{et} \quad \beta = (1-\bar{x}) \times \left(\frac{\bar{x} \times (1-\bar{x})}{\sigma^2} - 1 \right)$$

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 :

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

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

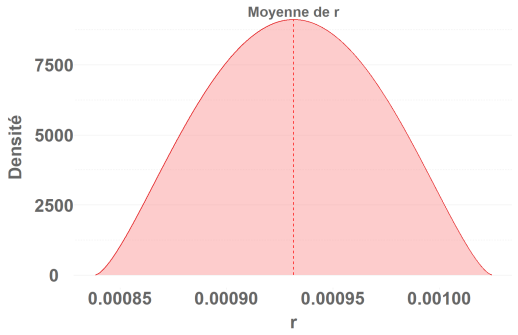


FIGURE 2.18 – Densité de la loi Beta pour le paramètre r.

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%).

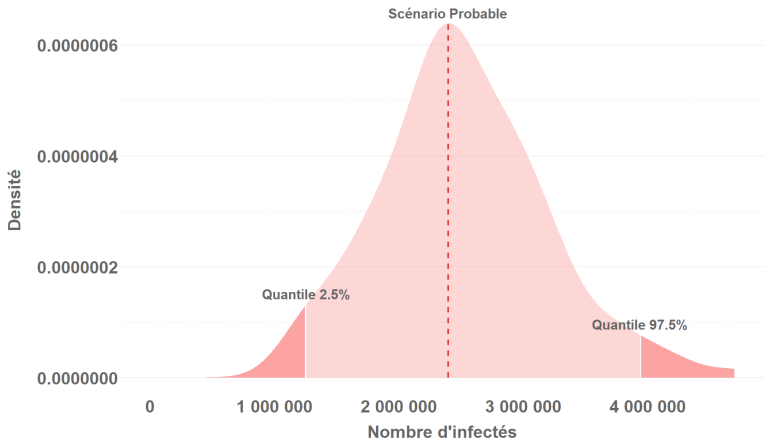


FIGURE 2.19 – Distribution obtenue après 150 réalisations du modèle SEIR.

Dans le cadre d'un modèle épidémiologique, ces quantiles paraissent raisonnables. Il existe certes une certaine variabilité dans le nombre de cas sans indiquer de flambée incontrôlée des infections.

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 estimé à partir de données brésiliennes puis validés. 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 satisfaisantes 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 impacter la santé publique mais également les compagnies d'assurance. Les impacts de la dengue sur les assureurs pourront 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 aura 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

La dengue, une maladie parfois mortelle, pourrait entraîner des décès supplémentaires dans la population. Pour estimer ces impacts, les projections de population fournies par l'INSEE pour la période allant de 2020 à 2070 ont été utilisées. Tout d'abord, le nombre de décès supplémentaires a été calculé en appliquant des taux de létalité spécifiques à chaque tranche d'âge, puis le nombre de décès a été calculé à partir de taux de létalité ajustés par âge.

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. Or, les taux de létalité de la dengue augmentent avec l'âge, ce qui pourrait entraîner un nombre de décès plus élevé que prévu. Pour éviter de sous-estimer le nombre de décès, les projections de population de l'INSEE pour la période 2021-2070 ont été utilisées afin d'estimer les effectifs de chaque tranches d'âge. La pyramide des âges entre 2021 et 2070 est représentée à la Figure 3.1. La 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.

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

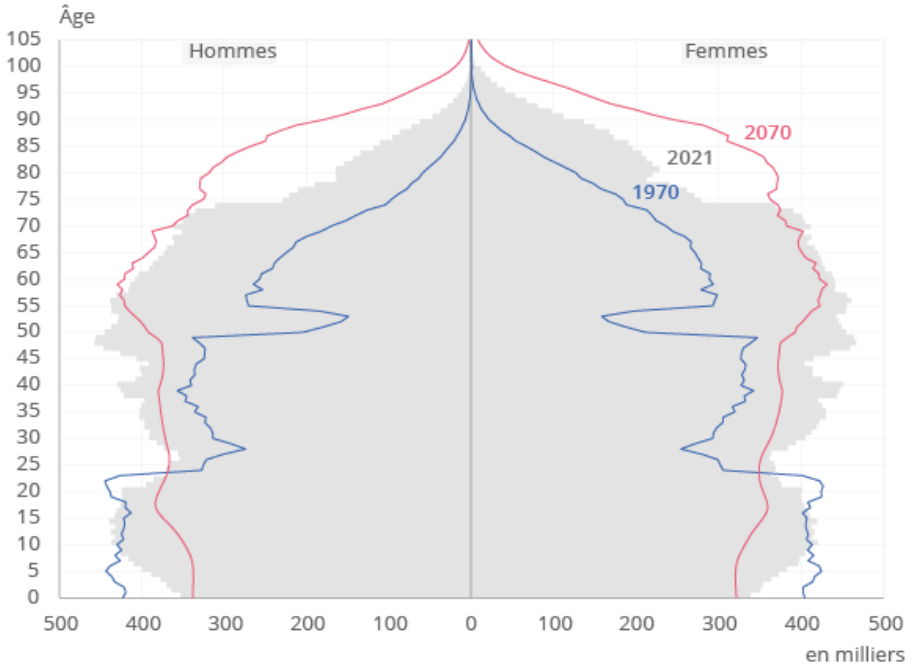


FIGURE 3.1 – Projection de la pyramide des âges - scénario central (INSEE, 2021)

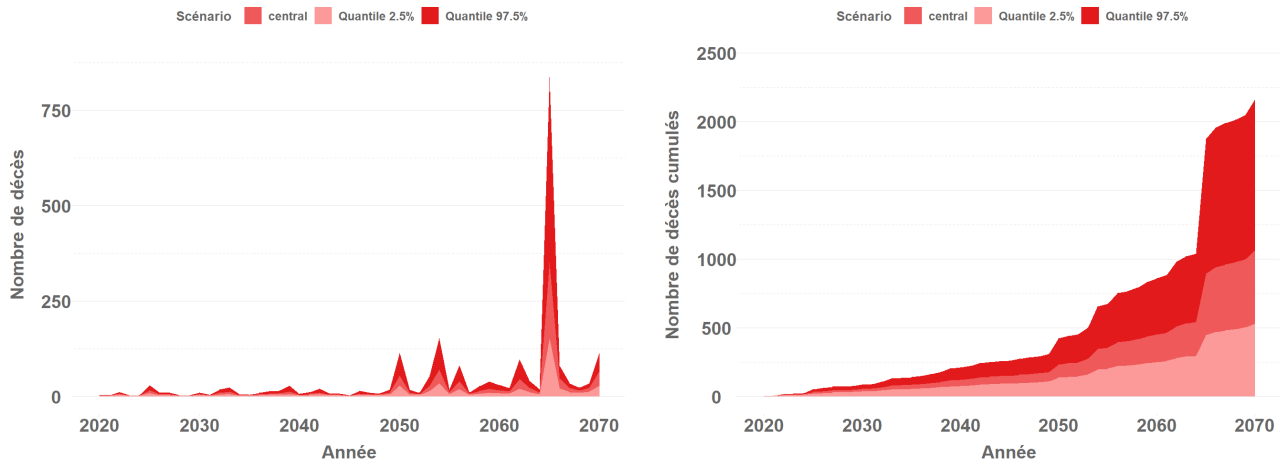
3.1.2 Estimation des décès annuels à partir des taux de létalité par tranches d'âge

Étant donné que le modèle SEIR retourne le nombre d'infectés et non le nombre de décès, il est nécessaire d'utiliser un taux de létalité pour quantifier ces décès supplémentaires. L'Organisation panaméricaine de la santé fournit des taux de létalité par tranche d'âge (PAHO, 2020). Ces taux, présentés dans le tableau 3.1, sont estimés à partir de 2 226 865 cas probables en Amérique et sont donc considérés comme fiables. Le taux de mortalité global 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

Pour estimer le nombre de décès annuels dus à la dengue, la population française a été segmentée en 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. Le nombre de cas pour chaque tranche d'âge a ensuite été multiplié par le taux de létalité spécifique pour obtenir le nombre de décès. Les résultats sont présentés dans la FIGURE 3.2.



(a) non cumulé (b) cumulé

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 95 %, le nombre de décès devrait néanmoins 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 central 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 utilisant des taux de létalité par tranches d'âge à une approche avec des taux spécifiques par âge permet d'obtenir une estimation plus précise de la mortalité due à une maladie. Les taux de létalité par tranches d'âge, bien qu'utiles pour donner une vue d'ensemble, peuvent entraîner une sous-estimation ou une surestimation des décès si la répartition d'âge à l'intérieur des tranches est hétérogène. Par exemple, une tranche d'âge large (comme 50-70 ans) pourrait regrouper des individus avec des risques de mortalité très différents, ce qui peut biaiser les résultats. Ainsi, en adoptant des taux de létalité par âge précis, on affine les estimations, car chaque âge est traité individuellement.

La méthode utilisée pour passer des taux par tranches d'âge aux taux par âge implique l'ajustement d'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 par spline lissée a été utilisé. La courbe obtenue est représentée figure 3.3. Cette courbe a ensuite permis d'interpoler pour les grands âges afin de faire des prédictions. Les taux de létalité pour les tranches d'âge allant de 0 à 105 ans ont alors pu être obtenus.

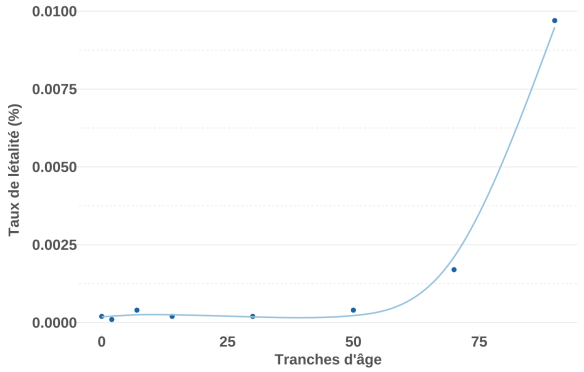
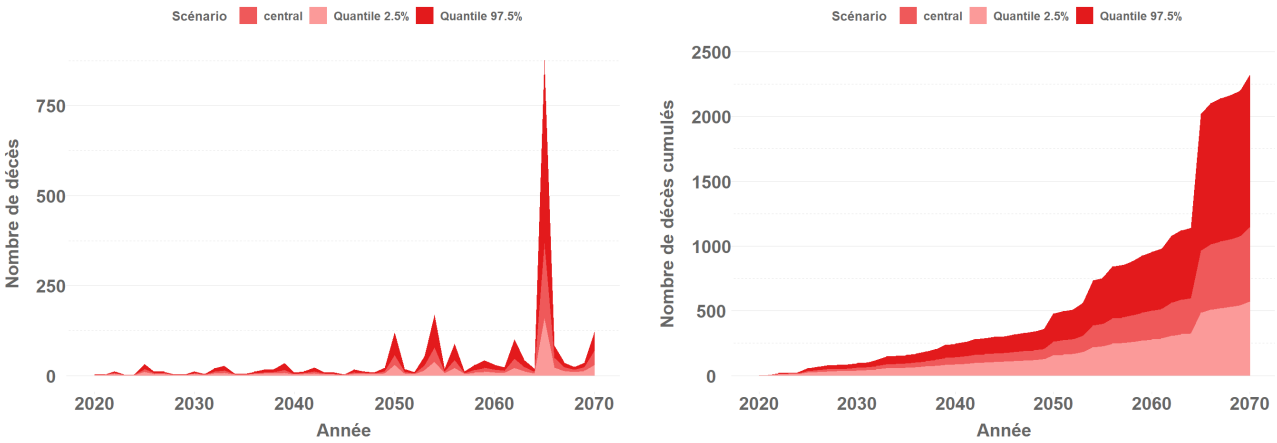


FIGURE 3.3 – Taux de létalité ajustés par âge

Ainsi, en utilisant les projections de population par âge de l'INSEE (INSEE, 2021), le nombre d'infectés a été réparti proportionnellement par tranche d'âge, puis multiplié par les taux de létalité obtenus par ajustement d'une spline pour déterminer le nombre de 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). L'augmentation du nombre de décès sur la période est d'environ 7 % par rapport à celui obtenu avec les tranches d'âge. 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 réel de décès.



(a) non cumulé (b) cumulé

FIGURE 3.4 – Nombre de décès par an liés à la dengue en France

La dengue entraîne donc une mortalité supplémentaire qui n'est pas prise en compte par les assureurs, car elle n'est pas reflétée dans les tables de mortalité actuelles. Afin de mieux anticiper cette mortalité lors de la tarification par exemple, les tables de mortalité vont être ajustées en conséquence. 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, une présentation rapide du concept des tables de mortalité sera faite, suivie de la méthode utilisée pour obtenir les taux de décès ajustés. Enfin, les résultats seront présentés.

3.2.1 Les tables de mortalité

Les tables de mortalité sont utilisées par les assureurs pour tarifer 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 (par exemple, 2000-2002 pour la TH 00-02). Comme elles ne prennent pas en compte les progrès de la médecine et l'allongement de l'espérance de vie, elles sont principalement utilisées en assurance vie ou pour des contrats de courte durée, où il est important d'être prudent avec les estimations de mortalité.

— 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 la mortalité observée et projetée d'une génération, permettant ainsi de prendre en compte l'allongement de la vie humaine. Elles sont utilisées pour tarifer les rentes viagères.

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

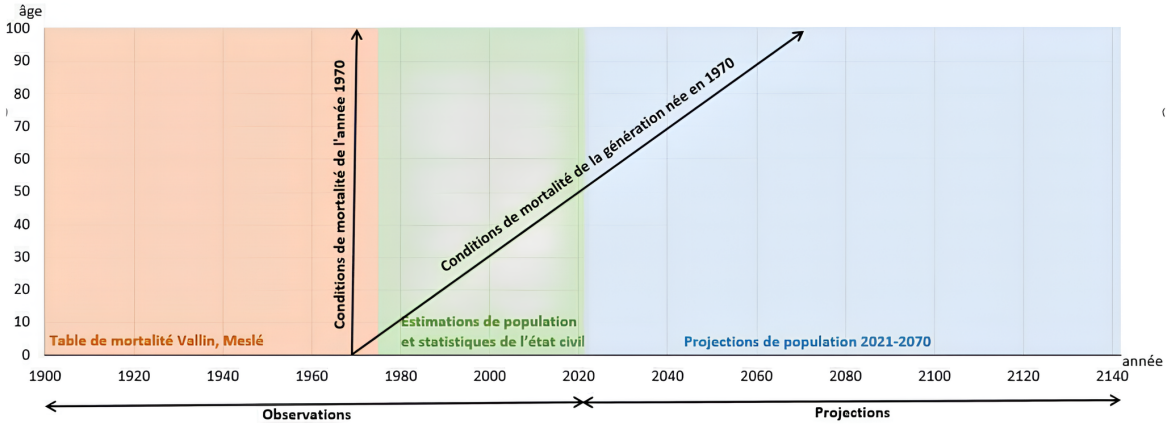


FIGURE 3.5 – Augmentation du nombre de consultations par an

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 surivants $l_{x,t}$ à chaque âge avec x l'age 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)

Pour élaborer cette table, l'INSEE a comparé les résultats de divers modèles, tels que ceux prenant en compte les générations, le modèle de Lee-Carter, ou encore le modèle âge-période-cohorte. Finalement, pour le scénario central, ils ont choisi un modèle de projection logistique qui prend en compte l'effet génération. Ils ont proposé quatre tables en se basant sur quatre scénarios d'espérance de vie : basse, centrale, haute et constante. 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 probable.

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 les femmes, tel qu'obtenu par l'INSEE.

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 estimer l'impact de la dengue sur la mortalité, nous allons comparer les taux de mortalité $q^*_{x,t}$ après impact de la dengue, aux taux de mortalité de la table de référence INSEE (2021). Pour calculer ces taux de décès choqués, il est nécessaire de modifier préalablement la table de mortalité en ajustant le nombre de survivants. La méthode est la suivante :

— **Projections de population** : Les projections de population pour 2021-2070 fournissent les effectifs par âge pour chaque année. Étant donné que seuls les âges compris entre 0 et 105 ans sont projetés, on supposera que la population française est entièrement représentée dans cette tranche d'âge, ce qui est une hypothèse raisonnable.

— **Répartition des cas de dengue** : Les cas de dengue annuels sont répartis uniformément en fonction des effectifs par âge.

— **Calcul des décès** : Les décès de chaque année sont alors calculés à partir de la létalité de la dengue pour chaque âge. Les décès sont répartis de manière égale, avec 50% attribués aux femmes et 50% aux hommes.

— **Distribution des décès dans la table de mortalité** : Pour répartir les décès dans la table de mortalité, il faut procéder diagonale par diagonale, car les diagonales représentent les années calendaires. 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 en conséquence. Pour une année donnée t et un âge x, le nombre de survivants $l_{x,t}$ est ajusté en soustrayant le nombre de décès supplémentaires qui ont eu lieu à cet âge et cette année-là. Par exemple, si 337 personnes sont censées survivre jusqu'à l'âge de 1 ans en 2020, mais qu'un événement cause 5 décès supplémentaires à cet âge en 2050, le nombre de survivants sera réduit à 332. Afin de maintenir la cohérence dans la table de mortalité, ces 5 décès supplémentaires ne doivent pas seulement être déduits pour l'âge de 0 ans en 2020, mais aussi pour tous les âges futurs de cette cohorte. Cela signifie que les 5 décès supplémentaires seront également soustraits du nombre de survivants pour les âges 1, 2, etc., en 2021, 2022, et ainsi de suite (voir FIGURE 3.4). Cette propagation continue jusqu'à la fin de la table de mortalité pour cette cohorte.

Âge — **Années calendaires**

Date de naissance	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 2021
Ajustement 2020

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 à ceux de la table de référence INSEE (2021). Pour les âges compris entre 0 et 90 ans, l'augmentation des taux de mortalité est présentée TABLE 3.5. Une augmentation de 0,1 % indique que le taux de mortalité a été multiplié par 1,001 en raison de la dengue. Globalement, pour le quantile 2,5 % et le scénario probable, l'augmentation de la mortalité est très légère. Pour le quantile 97,5 %, bien que des augmentations légères peuvent être observées, avec une hausse atteignant jusqu'à 0,367 % pour les femmes et 0,323 % pour les hommes, cela reste exceptionnel et très faible. En somme, pour les âges compris entre 0 et 90 ans, l'impact de la dengue reste globalement négligeable.

	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, au-delà de 90 ans, des augmentations plus significatives peuvent se produire, notamment pour le quantile à 97,5 %. La FIGURE 3.6 illustre les taux de mortalité ajustés pour un quantile à 97,5% entre 90 et 105 ans, comparés aux taux de mortalité de référence pour l'année caniculaire de 2065. Par exemple, pour l'âge de 103 ans, on observe une augmentation de plus de 7 % des taux de mortalité. Cette augmentation importante est due à la faible population de survivants à ces âges avancés, ce qui entraîne une forte volatilité des taux de mortalité.

Bien que de telles augmentations puissent atteindre jusqu'à 7 % pour des âges comme 103 ans, 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 %, 0,09 % pour le scénario probable, et 0,17 % pour le quantile 97.5%. Ainsi, même pour les âges supérieurs à 90 ans, l'impact global de la dengue reste négligeable.

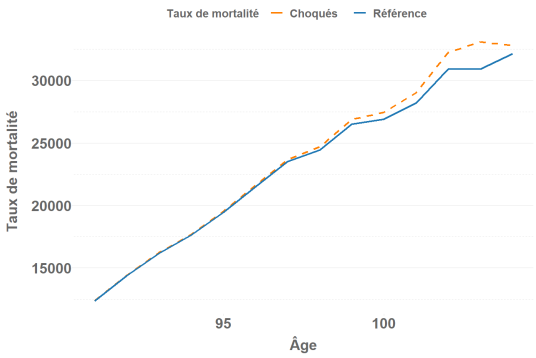


FIGURE 3.6 – Taux de mortalité pour les hommes - Année 2065

Ainsi, en conclusion, l'impact de la dengue sur les taux de mortalité semble négligeable, tant pour les hommes que pour les femmes.

3.3 Augmentation du nombre d'arrêts de travail

L'objectif est maintenant d'évaluer l'impact de la dengue sur le nombre d'arrêts de travail en France. Or, estimer le nombre d'arrêts de travail en France est complexe en raison de l'absence de tables de référence. L'une des rares étude sur le sujet est celle menée par APICIL (APICIL, 2024). Cette étude fournit des informations clés, notamment la part de salariés, segmentés 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 globalement stables au fil des années, 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. Nous supposons également que les arrêts de travail recensés par APICIL (2024) concernent uniquement les ITT (incapacité temporaire de travail) et non les invalidités. Les données démographiques par tranche d'âge proviennent de l'INSEE (INSEE, 2020). Elles ont été délibérément définies de manière non prospective afin de ne pas biaiser les résultats. Le nombre de cas de dengue est ensuite réparti proportionnellement au nombre de personnes dans chaque tranche d'âge. Enfin, pour estimer le nombre de personnes en ITT, nous supposons que 1 % des cas de dengue entraîneront une ITT (DRIF et al., 2020). Le nombre d'ITT 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 calculées et est représentée dans le tableau 3.7. Une augmentation de 0,004 % signifie que le nombre de personnes en ITT cette année-là a été multiplié par 1,00004 en raison de la dengue. Il est également à noter que les jeunes et les seniors montrent une augmentation proportionnellement plus importante, ce qui est lié à leur pourcentage initial plus bas.

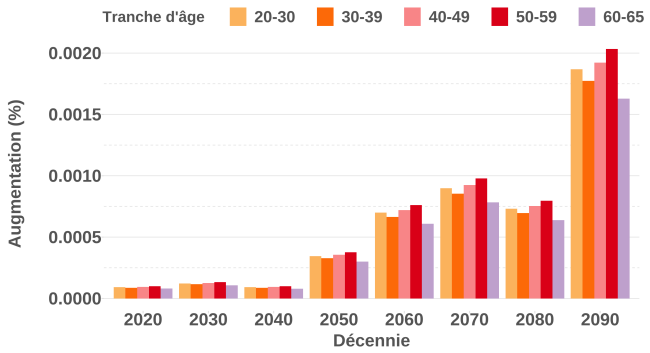


FIGURE 3.7 – Augmentation du nombre de personnes en ITT par an - scénario probable

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 0.002% 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 central	$quantile_{2.5\%}$	$quantile_{97.5\%}$
	20-30 ans	8.82	5.89	14.25
	30-39 ans	9.81	6.54	15.84
2020-2029	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
	20-30 ans	11.71	6.83	23.38
	30-39 ans	13.01	7.59	25.98
2030-2039	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
	20-30 ans	8.79	5.45	16.79
	30-39 ans	9.76	6.06	18.66
2040-2049	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
	20-30 ans	33.11	17.05	71.52
	30-39 ans	36.80	18.95	79.49
2050-2059	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
	20-30 ans	67.03	31.00	151.41
	30-39 ans	74.49	34.45	168.28
2060-2069	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
	20-30 ans	86.14	40.22	148.68
	30-39 ans	95.74	44.70	165.24
2070-2079	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
	20-30 ans	70.17	38.00	105.28
	30-39 ans	77.99	42.23	117.01
2080-2089	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
	20-30 ans	179.10	100.96	320.43
	30-39 ans	199.05	112.21	356.13
2090-2099	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

L'étape suivante consiste à évaluer l'augmentation des consultations médicales en France en raison de la dengue. 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. Le tableau 3.8 présente le nombre de consultations supplémentaires dues à la dengue. Dans le scénario probable, on prévoit environ 36 000 consultations supplémentaires par an en raison de la dengue d'ici la fin du siècle.

Décennie	Scénario central	$quantile_{2.5\%}$	$quantile_{97.5\%}$
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 annuelle 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 de consultations reste marginal par rapport au volume très élevé de consultations médicales annuelles en France. Ainsi, les frais liés aux consultations en devrait pas non plus impacter fortement le secteur de l'assurance.

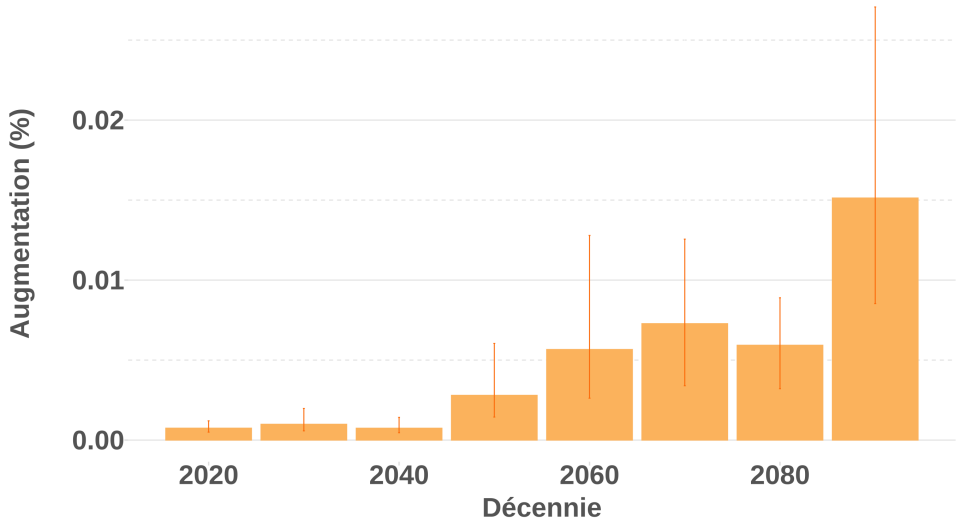


Figure 3.8 – Augmentation du nombre de consultations par an

3.5 Répartition de la sinistralité

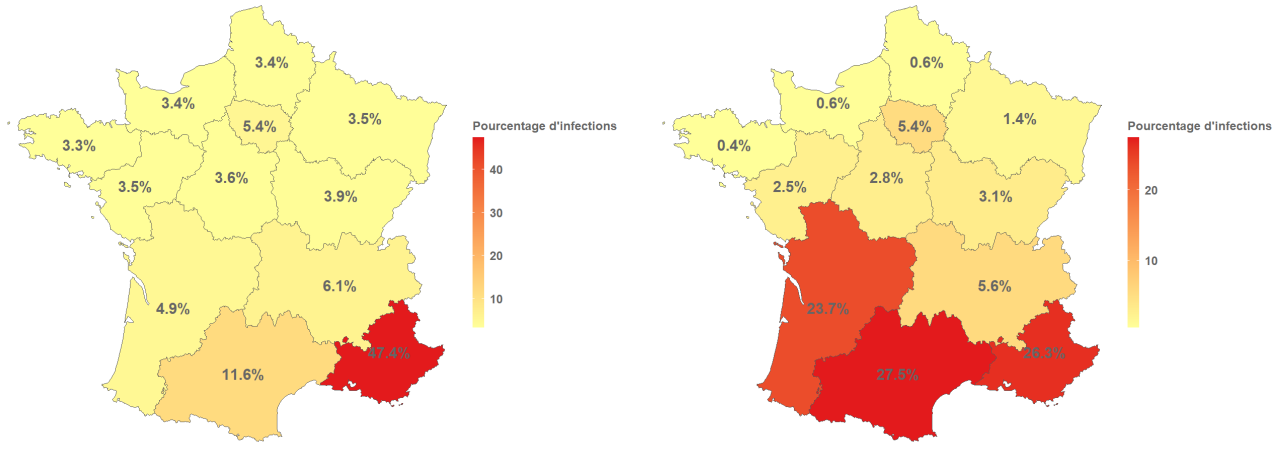
Pour les assureurs, il est crucial de comprendre la répartition géographique des risques afin de gérer les sinistres efficacement et de tarifer les contrats de manière équitable. À cet égard, les cartes 3.9 illustrent l'évolution de la répartition de la sinistralité supplémentaire en France due à la dengue pour les années 2020 et 2100..

En 2020, la région Provence-Alpes-Côte d'Azur (PACA) concentre la majorité des sinistres. Cette situation s'explique par plusieurs facteurs : le moustique tigre y est présent depuis de nombreuses années, et la région est également sujette à des canicules fréquentes en raison de son climat méditerranéen.

Cependant, les projections pour 2100 montrent un changement significatif. La sinistralité ne se limite plus à la région PACA, mais s'étend désormais à tout le sud de la France, y compris 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 popualtion de moustiques, surveillance des malades et sensibilisation du public) dans les régions Occitanie et Nouvelle-Acquitain afin de limiter l'impact futur de la dengue.



(a) en 2020 (b) en 2100

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 ici dans le scénario central, 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 environ 1 700 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.

Ces différences notables peuvent s'expliquer par plusieurs facteurs. Tout d'abord, comme détaillé dans le chapitre, ils estiment un nombre de cas largement supérieur à nos résultats. Le tableau 3.9 montre le nombre de cas estimés par notre modèle, le nombre de cas estimé par ce 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 Salavador et de 0.0318% en Jamaique. L'hypothèse choisie par Drif et al. (2020) semble donc très prudente.

Quelques pistes pouvant expliquer ces différences ont été suggérées mais il est difficile de pousser plus loin 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, puisque moins de 10 décès ont été estimés sur cette période, et qu'aucun décès n'a été observé en réalité, tandis que Drif et al. (2020) ont estimé plus de 1000 décès. En conclusion, Drif et al. (2020) semblent avoir adopté une méthode plus prudente, quand celle ici est plus probable.

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 marginale 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, l'impact sur le secteur de l'assurance devrait être négligeable.

Conclusion

Pour quantifier l'impact des maladies vectorielles sur le secteur de l'assurance à l'horizon 2100, ce mémoire s'est concentré sur la modélisation de la dengue, la maladie vectorielle la plus redoutée. Un modèle SEIR intégrant des paramètres climatiques a été développé pour simuler les épidémies de dengue en France de 2020 à 2100, en utilisant deux scénarios de réchauffement climatique du GIEC : le RCP 2.6 et le RCP 8.5. Pour le scénario RCP 2.6, la situation devrait rester similaire à celle d'aujourd'hui, soit quelques milliers de cas par an. En revanche, les résultats montrent que le réchauffement climatique influencera l'arrivée de la dengue en France. Sous le scénario RCP 8.5, le nombre de cas augmentera quasiment de manière exponentielle au fil des années, avec une projection dépassant 2 000 000 de cas d'ici la fin du siècle et des épidémies atteignant plus de 200 000 cas par an lors des étés les plus chauds. Il faudra ainsi s'attendre, si le réchauffement climatique continue à des épidémies régulières et saisonnières, à l'instar de la grippe.

Cependant, bien que la France soit susceptible de connaître ses premières épidémies de dengue de grande ampleur au cours de ce siècle, le secteur de l'assurance n'a pas de raisons majeures de s'inquiéter. Les résultats de cette étude montrent que les impacts financiers de la dengue sur les trois principales garanties impactées par une pandémie — décès, arrêt de travail, et consultations — demeurent négligeables.

Cette étude apporte également un point de vue complémentaire sur un sujet encore peu exploré en actuariat. Elle fournit ainsi 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 présentés ici sont beaucoup moins alarmants que ceux obtenus par les équipes d'AON. Après comparaison avec les trois dernières années (2020-2023), notre approche semble mieux refléter la réalité. Ainsi, elle propose une perspective différente sur l'avenir, certes moins prudente, mais peut-être plus probable.

Bien que le modèle reproduise de manière cohérente les épidémies de dengue au Brésil et à l'île de la Réunion, il présente plusieurs 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, et une centaine de simulations du modèle SEIR pour la France ont été réalisées. Cependant, plusieurs critiques peuvent encore être formulées à l'encontre du modèle : il est agrégé par régions, ce qui réduit sa précision, et il ne prend pas en compte les variations de climat, la densité de population, ou la répartition des moustiques au sein d'une même région. Enfin, d'autres variables climatiques, telles que l'humidité, les précipitations et la présence potentielle de points d'eau stagnante, devraient être intégrées au modèle pour représenter plus fidèlement la réalité.

D'autres perspectives dans le domaine de l'assurance pourraient également être envisagées. Tout d'abord, le modèle utilisé dans cette étude pourrait être réutilisé pour simuler la propagation d'autres maladies vectorielles. En ajustant simplement certains paramètres spécifiques, tels que la période de latence ou la période de contagion, et en calibrant les variables x_1 et x_2 à partir de données spécifiques

à cette maladie, il serait possible d'étudier l'impact d'autres virus transmis par les moustiques. Par exemple, des épidémies de chikungunya, une maladie particulièrement invalidante, de paludisme ou encore du virus Zika, qui sont tous transmis par le moustique tigre, pourraient être simulées pour la France. Enfin, le modèle pourrait être utilisé pour simuler des épidémies de dengue dans d'autres pays. Cela pourrait être utile dans le cadre d'une assurance voyage par exemple, pour estimer les coûts associés aux rapatriements, aux hospitalisations supplémentaires, et aux autres frais imprévus pour les voyageurs. Ce type de modélisation pourrait ainsi informer les compagnies d'assurance sur les risques spécifiques liés à certaines destinations, contribuant ainsi à des offres de produits d'assurance plus précises.

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 MosquitoiAedes 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., Bränström, 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., & CODEundefinedO, 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., & Foudhaili, 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.ncei.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

Sénat. (2016). Les maladies à transmission vectorielle [Consulté le 21/02/2024]. https://www.senat.fr/rap/r15-741/r15-741_mono.htmltoc47

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 :

$$x_0 = \begin{pmatrix} S_l, & 0, & S_m, & 0, & 0, & S_h, & 0, & 0, & 0 \end{pmatrix}$$

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 $x = \begin{pmatrix} I_l, & E_m, & I_m, & E_h, & I_h \end{pmatrix}^T$, le vecteur des états infectieux.

On a alors :

$$F = \begin{bmatrix} \frac{\partial \mathcal{F}(\mathbf{x_0})}{\partial I_l} & \cdots & \frac{\partial \mathcal{F}(\mathbf{x_0})}{\partial I_h} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 & 0 & \frac{\delta\nu}{N_m} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \beta_{hm}\frac{S_m}{N_h} \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \frac{\beta_{mh}S_h}{N_h} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

$$\text{et } V = \begin{bmatrix} \frac{\partial \mathcal{V}(\mathbf{x_0})}{\partial I_l} & \cdots & \frac{\partial \mathcal{V}(\mathbf{x_0})}{\partial I_h} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \omega+\mu_l & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \epsilon+\mu_m & 0 & 0 & 0 \\ -\omega & -\epsilon & \mu_m & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \alpha+\mu_{hd} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & -\alpha & \gamma+\mu_{hd} \end{bmatrix}$$

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 :

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

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

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

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

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

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 - Scénario 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	2625	656
2023	24	2	755	189
2024	17	2	827	207
2025	69	18	5986	1497
2026	47	6	2123	531
2027	60	7	2293	573
2028	27	2	721	180
2029	15	2	714	178
2030	51	7	2136	534
2031	25	3	932	233
2032	42	11	3166	791
2033	55	14	4093	1023
2034	29	4	1114	278
2035	35	3	930	232
2036	48	7	1846	462
2037	58	9	2521	630
2038	61	10	2816	704
2039	38	16	4301	1075
2040	44	5	1292	323
2041	39	7	1899	475
2042	53	11	3028	757
2043	40	5	1436	359
2044	30	5	1355	339
2045	17	2	636	159
2046	45	9	2237	559
2047	43	7	1735	434
2048	42	6	1497	374
2049	70	11	2785	696
2050	90	57	14290	3572
2051	43	10	2478	620
2052	55	6	1593	398

TABLE B.1 – Nombre de décès, consultations et jours d'ITT - Scénario 8.5 (*continued*)

Année	**Nombre de jours où $R_0 > 1$**	**Décès**	**Consultations**	**Jours d'ITT**
2053	88	28	6871	1718
2054	98	76	18541	4635
2055	60	11	2716	679
2056	75	43	10439	2610
2057	46	7	1719	430
2058	53	16	3715	929
2059	70	21	5100	1275
2060	63	16	3850	963
2061	58	13	3093	773
2062	100	47	11046	2761
2063	77	23	5455	1364
2064	47	11	2487	622
2065	113	367	84958	21239
2066	87	49	11326	2831
2067	66	23	5299	1325
2068	75	16	3764	941
2069	78	23	5297	1324
2070	82	70	15772	3943