



**BIODIVERSITE, EFFET DILUTION ET
MALADIES A TIQUE :
ANALYSE DE LA RELATION ENTRE
PREVALENCE D'AGENTS PATHOGENES,
DIVERSITE DES TIQUES, DIVERSITE DES
HOTES LE LONG DE GRADIENTS
PAYSAGERS**

BIODILUTIQUE

Métaprogramme BIOSEFAIR

Bilan de projet : 2021 - 2024

Avril 2026

Les liens entre biodiversité et santé constituent un front de science où le concept d'effet de dilution occupe une place centrale mais encore débattue. Les maladies à tiques, souvent zoonotiques, constituent un pathosystème particulièrement pertinent pour explorer ce concept. Le projet *Biodilutique* a exploré les liens entre la biodiversité des communautés d'hôtes et de tiques et la diversité des agents pathogènes transmis par ces tiques, avec un focus tout particulier sur les bactéries du genre *Borrelia* responsables de la maladie de Lyme. Nous nous sommes intéressés aux rôles des boisements, des prairies et des cultures sur la diversité des vertébrés et des tiques, ainsi que sur la prévalence des agents pathogènes qu'elles portent, dans 62 fenêtres paysagères (32 chaque année, dont 2 – situées à l'intérieur d'un grand massif forestier - communes les deux années) distribuées sur deux gradients paysagers de proportion de boisements et de prairies sur la Zone Atelier Plaine & Val de Sèvre. Aux printemps 2022 et 2023, nous avons collecté 4546 tiques, dont 4386 sur la végétation, 71 sur des micromammifères et 89 sur des oiseaux. Au total, 7 espèces de tiques ont été identifiées, dont 90,1% d'*Ixodes ricinus*, espèce généraliste pouvant piquer l'homme, et 9,2% d'*Ixodes frontalis*, espèce spécialisée sur les oiseaux (passereaux – Turdidés et Corvidés - et colombidés). Les captures de micromammifères (n=271) ont révélé la présence de 6 espèces, dont les 3 plus abondantes étaient la crocidure musette (50,2%), le mulot sylvestre (34,2%) et le campagnol agreste (10%). L'analyse des données issues des pièges photographiques (n=723 vidéos) posés dans les fenêtres a révélé la présence de 10 espèces de mammifères sauvages et diverses espèces d'oiseaux (voir les résultats détaillés).

Les densités de tiques les plus importantes ont été observées dans les boisements les plus grands, alors que les boisements plus petits, surtout ceux situés dans des fenêtres peu boisées et moins connectées à d'autres boisements, présentaient des densités plus faibles voire nulles.

L'analyse d'ADNs de tiques a révélé une prévalence globale des *Borrelia* de 8,2%, dont 3,2% correspondant à 2 espèces de *Borrelia* dont les réservoirs principaux sont des oiseaux et 2,2% à une espèce de *Borrelia* dont les réservoirs principaux sont des micromammifères. Par ailleurs, ces tiques collectées sur la végétation étaient aussi porteuses des bactéries pathogènes zoonotiques et de protozoaires.

L'analyse de l'ADN extrait des biopsies de micromammifères (n=80) a révélé la présence de bactéries des genres *Bartonella* (37,5%) et *Ehrlichia* (1,2%), de *Neoehrlichia mikurensis* (1,2%) et du protozoaire *Apicomplexe Hepatozoon* sp. (33,7%). Parmi les *I. ricinus* collectées sur oiseaux (n=66), 51,5% étaient infectées par *B. garinii* ou *valaisiana*.

Un modèle mécanistique multi-hôtes et multi-agents pathogènes a été développé. Une analyse de sensibilité met en évidence l'influence très marquée de la densité des chevreuils ; bien que ces derniers ne constituent pas des hôtes propices à la multiplication de *Borrelia*, ils jouent un rôle important dans la dynamique des populations de tiques. Les oiseaux semblent jouer un rôle plus important que les petits mammifères en tant que réservoirs de ces agents pathogènes. Une thèse de doctorat cofinancée par Biosefair poursuit ces recherches.

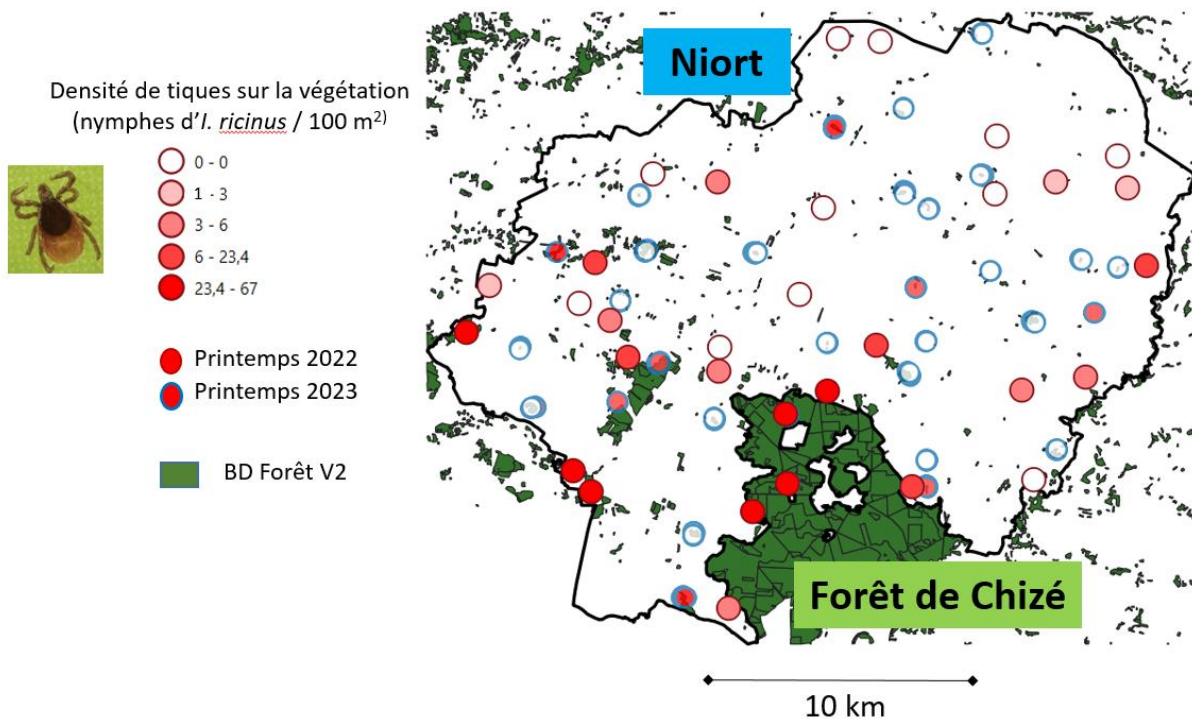
Résultats détaillés

Stratégie d'échantillonnage

Afin d'explorer l'effet de la taille des boisements et du contexte paysager autour du boisement échantillonné sur la richesse spécifique des vertébrés hôtes des tiques et sur la densité de tiques et la prévalence des pathogènes, 62 fenêtres de 1 hectare ont été sélectionnées dans la zone atelier plaine et val de Sèvre. Ces fenêtres ont été sélectionnées de façon à décorrélérer la proportion de surfaces boisées et de prairies afin de pouvoir analyser séparément l'effet de ces 2 variables explicatives.

Collecte et suivis sur le terrain

Les collectes aux printemps 2022 et 2023 ont permis de collecter 4546 tiques dont 4386 sur la végétation, 71 sur micromammifères et 89 sur oiseaux. Des tiques sur la végétation ont été trouvées dans 29 des 62 fenêtres échantillonnées. La densité de tiques était maximale dans les plus grands massifs forestier (Forêt de Chizé, bois de la Crignolée, de la Foye, du Fief Dupont, des Touches) du sud-ouest de la Zone Atelier alors que les densités sont plus faibles dans la moitié nord-est de la zone atelier où la proportion de boisements dans le paysage et leur connectivité sont aussi plus faibles.



7 espèces de tiques ont été collectées, dont 90,1% correspondait à *Ixodes ricinus*, une tique généraliste et le principal vecteur de la maladie de Lyme pour l'homme, et 9,2% *I. frontalis*, une tique spécialisée sur oiseaux (notamment les passereaux).

Au total sur les 2 années, 261 captures de micromammifères ont été réalisées dans les 62 fenêtres :

- 50,2% des crocidures musettes (*Crocidura russula*),
- 34,5% des mulots sylvestres (*Apodemus sylvaticus*),
- 10% des campagnols des champs (*Microtus arvalis*),
- 4,2% des campagnols agrestes (*Microtus agrestis*),
- 3 campagnols roussâtre (*Myodes glareolus*), 2 souris domestiques (*Mus musculus*).

Sur ces micromammifères, 71 tiques ont été collectées, dont 66 larves et 1 nymphe d'*I. ricinus*, 1 larve et 1 nymphe d'*I. acuminatus* et de *Dermacentor marginatus*. Concernant les oiseaux,

parmi les 277 individus capturés de 21 espèces différentes, 94 tiques ont été collectées sur 26 individus de 8 espèces différentes (15 merles noir, 3 grives musiciennes, 2 accenteurs mouchet, 2 rouge-gorges familier, 1 rossignol philomèle, 1 bouscarle de Cetti, 1 fauvette grisette, 1 fauvette à tête noire). Ces tiques correspondaient à 66 nymphes, 10 larves et 2 femelles d'*I. ricinus*, 5 nymphes et 6 femelles d'*I. frontalis*, 3 nymphes d'*Ixodes* sp., 1 nymphe d'*Haemaphysalis punctata* et 1 de *Hyalomma marginatum*. L'exploitation des vidéos des caméras traps posées dans les 62 fenêtres a permis de retenir 728 vidéos où l'animal ayant déclenché le piège a pu être identifié. Il s'agit principalement de chevreuils (39,8%, observés dans presque toutes les fenêtres), puis de lièvres d'Europe (19,1%), d'oiseaux (18,3%), de renards roux (7,4%), de mustélidae (fouine ou martre : 3,4%), de lagomorphes (lièvre ou lapin : 22), de chats (22) et chiens domestiques (16), de lapins de garenne (12), de blaireau d'Europe (4), hérisson (3), sanglier (2), écureuil roux (1).

Tâche 4 : Caractérisation des agents pathogènes

Après extraction de l'ADN des tiques, la recherche des agents pathogènes a été réalisée par l'UMR BIPAR (ANSES, ENVA, Maisons-Alfort) à l'aide de qPCR en puce microfluidique. 1010 tiques de l'espèce *Ixodes ricinus* collectées sur la végétation dans les 29 fenêtres avec des tiques ont été analysées. Elles ont permis de mettre en évidence une prévalence globale de *Borrelia* spp. de 8,22%. La caractérisation jusqu'à l'espèce a mis en évidence que l'espèce la plus fréquente était *B. afzelii* (2,18% ; réservoir principal = micromammifères), suivi de *B. garinii* (1,88% ; réservoir principal = oiseaux), *B. burgdorferi sensu-stricto* (1,68%), *B. valaisiana* (1,19% ; réservoir principal = oiseaux), *B. myamotoi* (0,79%) alors que *B. lusitaniae*, *finlandensis* et *turdi* représente à eux 3 une prévalence plus faible (0,6%). Des bactéries pathogènes des genres *Rickettsia* (7,62% dont 5,15% dues à *R. helvetica*), *Anaplasma* (*A. phagocytophilum* : 3,56%), *Ehrlichia* (*E. sp.* 1,29%), *Neoehrlichia* (*N. mikurensis* : 0,5%) ont aussi été observées, ainsi que des protozoaires Apicomplexe (*Babesia venatorum* : 2,48%, *B. divergens* : 0,5%, *Hepatozoon* spp. 0,1%). L'analyse des biopsies de micromammifères (n=80) a révélé la présence de bactéries des genres *Bartonella* (*B. sp.* : 37,5%), *Ehrlichia* (*E. sp.* : 1,25%) et *Neoehrlichia* (*N. mikurensis* : 1,25%) et de protozoaire Apicomplexe (*Hepatozoon* sp. : 33,75%). Parmi les tiques (*I. ricinus*) collectées sur oiseaux (n=66), 51,5% étaient infectées par *B. garinii* ou *valaisiana*.

Tâche 5 : Modélisation et Analyse de données

Un modèle mécaniste multi-hôtes multi-agents pathogènes comprenant les micro-mammifères et les oiseaux en tant qu'hôtes, respectivement compétents pour *Borrelia afzelii* et *B. garinii*, ainsi que le chevreuil en tant qu'hôte incompétent a été développé pour explorer *in silico* les conséquences des variations d'abondances de ces hôtes sur le risque acarologique (estimé par la densité de nymphes infectées) lié à ces deux espèces. Malgré une durée d'infection plus longue pour *B. garinii* chez l'oiseau, les densités plus fortes de micro-mammifères engendrent un risque plus grand pour *B. afzelii*. Une analyse de sensibilité sur les valeurs du R0 et du risque acarologique estimés après 5 ans de simulation montre un effet très fort de la densité de chevreuils, hôtes incompétents pour multiplier les *Borrelia* mais important dans la dynamique de populations des tiques.

Alors qu'un gradient décroissant de la prévalence de *Borrelia* entre l'est et l'ouest de la France est de plus en plus reconnu, il apparaît donc que la prévalence de ces bactéries dans la Zone Atelier Plaine et Val de Sèvres est relativement importante. Les oiseaux semblent avoir un rôle supérieur à celui des micromammifères comme réservoirs de ces agents pathogènes (cf *B. garinii* et *valaisiana* versus *B. afzelii*).

Concernant l'analyse des données, une thèse financée pour moitié par le MP Biosefair a démarré à l'automne 2025. Le sujet se focalise sur l'influence des espaces boisés et de leur agencement dans le paysage sur le risque acarologique lié aux deux mêmes espèces de *Borrelia* pré-citées. Les objectifs de ce travail, pour lequel nous avons recruté Manon Guillaumin, sont d'une part d'analyser statistiquement les effets respectifs de la taille des éléments boisés et de leur agencement dans l'espace et d'autre part de développer un modèle dynamique permettant *in fine* de simuler l'effet de caractéristiques du paysage (connectivité, fragmentation) sur le risque.

Retombées du projet

Cette étude a permis de décrire pour la première fois les variations spatiales de densité de tiques et de prévalence d'agents pathogènes transmis par les tiques à l'échelle de la Zone Atelier Plaine et Val de Sèvre en lien avec la biodiversité des vertébrés et la composition du paysage. Elle a permis d'identifier des zones à plus fortes densité de tiques, notamment dans le sud-ouest de la zone atelier où des messages de précaution vis-à-vis des personnes fréquentant ces boisements, pour des raisons professionnelles ou de loisir, pourraient être mis en place.

Perspectives scientifiques.

L'étude du rôle de la biodiversité sur les tiques et maladie à tique pourraient être prolongé dans d'autres paysages et d'autres régions en France ou en Europe où le pool régional d'espèces de vertébrés-hôtes différerait. En cours de projet, la question de la dynamique des boisements, avec notamment des bosquets (accrues) issus d'une reforestation naturelle suite à l'abandon de zones à l'intérieur de parcelles agricoles difficilement exploitables (inondables...), nous est apparue comme pertinente. Par ailleurs, afin d'intégrer la composante du risque acarologique liée à l'*exposition* des populations humaines, des collaborations avec des collègues travaillant en santé publique ou en sciences humaines et sociales seraient particulièrement utiles. Les investigations concernant les liens entre santé humaine, animale, de l'environnement se prolonge dans la Zone Atelier Plaine et Val de Sèvre notamment par un ambitieux projet transdisciplinaire sur la « Santé des territoires » :

(<https://za-plaineetvaldesevre.com/recherches/ecohealth/>).