

Évolution des émergences zoonotiques dans le contexte de l'Anthropocène

Evolution of emerging zoonoses in the context of Anthropocene

Élodie Monchatre Leroy¹ 

Manuscrit initial reçu le 28 novembre 2025, manuscrit révisé reçu et accepté le 8 décembre 2025 ; révision éditoriale le 2 mars 2026

Communication présentée le 20 novembre 2025 lors de la séance thématique de l'Académie vétérinaire de France « Les vétérinaires et l'Anthropocène »

Résumé

L'Anthropocène se caractérise par l'avènement des hommes comme principale force de changement sur Terre, provoquant la perturbation majeure des écosystèmes. Les émergences zoonotiques qui surviennent à partir de déterminismes complexes vont ainsi être influencées par les phénomènes mis en jeu dans l'Anthropocène. Après avoir décrit certains mécanismes d'émergences liés à l'impact de trois grandes catégories de changements liés à l'Anthropocène (croissance de la population humaine, bouleversement de la biodiversité et changement climatique), certains exemples d'émergences récentes ou potentielles en France seront présentés.

Mots-clés : émergences zoonotiques, anthropocène, *Rocahepevirus ratti*, encéphalite à tiques, *Baylisascaris procyonis*, fièvre hémorragique de Crimée-Congo

Abstract

The Anthropocene is marked by the rise of humans as the primary force of change on Earth, causing major disruptions to ecosystems. Zoonotic emergences, which arise from complex determinants, are thus influenced by the phenomena occurring in the Anthropocene. After describing some mechanisms in relation to the impact of three major categories of Anthropocene-related changes (human population growth, biodiversity disruption, and climate change), some examples of recent or potential zoonotic emergences in France will be presented.

Keywords : zoonotic emergences, Anthropocene, *Rocahepevirus ratti*, tick-borne encephalitis, *Baylisascaris procyonis*, Crimean-Congo hemorrhagic fever

Citation

Monchatre-Leroy E (2026) Évolution des émergences zoonotiques dans le contexte de l'Anthropocène [Evolution of emerging zoonoses in the context of Anthropocene] *Bulletin de l'Académie vétérinaire de France* 179 : 71174. <https://doi.org/10.3406/bavf.2026.71174>

1- Laboratoire de la rage et de la faune sauvage, ANSES, Malzéville, France. Unité IDEALISS, Institut Polytechnique UniLaSalle, Université d'Artois, Mont-Saint-Aignan, France.

Courriel : elodie.monchatre-leroy@unilasalle.fr



Introduction

Les émergences zoonotiques sont prépondérantes parmi les zoonoses infectieuses (Woolhouse & Gowtage-Sequeria 2005; Jones *et al.* 2008). Leur définition est celle d'une maladie zoonotique qui apparaît ou dont l'incidence augmente dans une zone géographique donnée. Pour envisager au mieux les différents facteurs qui peuvent influencer ces émergences, une conceptualisation de leur survenue apparaît utile. Plowright *et al.* en 2017 (Plowright *et al.* 2017) proposent l'émergence comme le résultat de trois phases successives (**Figure 1**).

En premier lieu, il doit y avoir suffisamment d'agents pathogènes dans l'environnement pour rendre possible une infection, ce que Plowright *et al.* appellent la « pression du pathogène ». Celle-ci dépend essentiellement de la distribution des hôtes, du nombre d'entre eux qui est infecté et du degré d'excrétion de l'agent pathogène par ces hôtes infectés.

Deuxièmement, la présence des pathogènes ne suffit pas, il faut que l'être humain, puisque nous considérons une émergence zoonotique, soit exposé aux pathogènes. C'est « l'exposition au pathogène » qui dépend du comportement humain et de l'hôte réservoir, de la survie de l'agent pathogène dans l'environnement et dans le cas d'une émergence vectorielle de la dynamique du vecteur.

Enfin, même exposé, l'être humain ne s'infectera que si sa génétique, sa physiologie et son immunité rendent possibles cette infection.

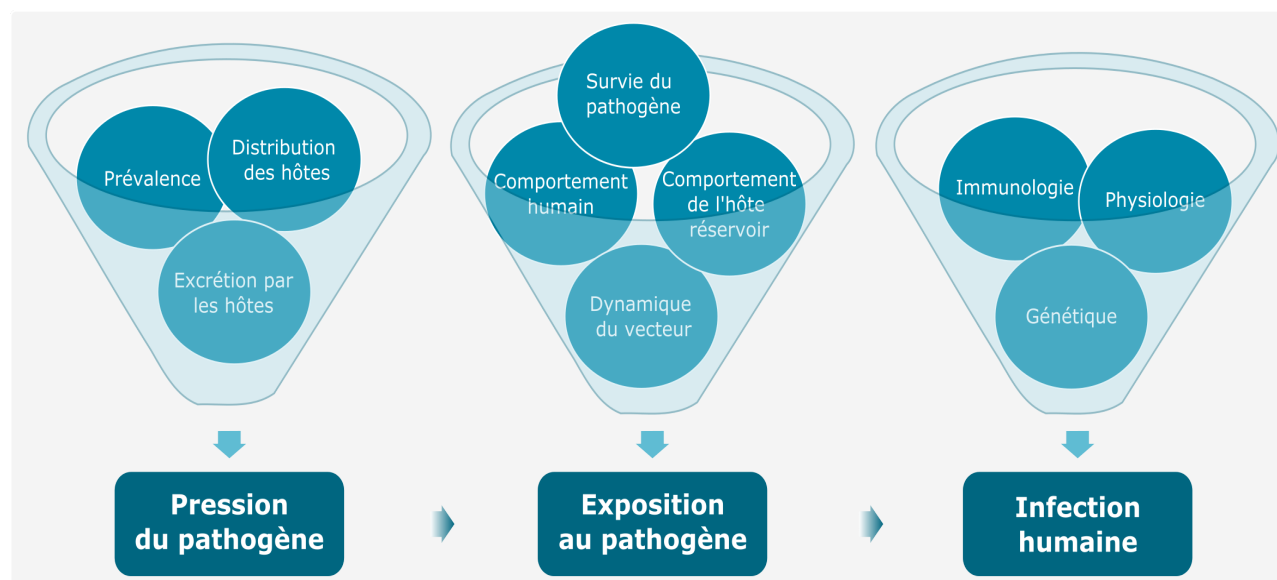


Figure 1. Représentation des trois phases successives conduisant à une potentielle émergence. Adapté de Plowright *et al.* 2017.

Ainsi, tout ce qui fait varier les différentes composantes de ces trois phases successives aura un impact sur la survenue d'une émergence zoonotique. L'Anthropocène est défini ici comme une époque géologique qui se caractérise par l'avènement des hommes comme principale force de changement sur Terre surpassant les forces géophysiques (Magny 2021). Cette époque se caractérise par de nombreux phénomènes potentiellement impactants.

Impact des changements de l'anthropocène sur les émergences zoonotiques

Les changements observés sont nombreux et l'impact qu'ils vont avoir sur les émergences zoonotiques sont complexes car très dépendants du moment et de l'espace considérés ainsi que l'agent pathogène ciblé. Le même impact pourra ainsi s'avérer favorisant ou défavorisant une émergence. D'autre part, des changements différents peuvent avoir des effets opposés ou dans le même sens. Cette complexité rend la prédiction des émergences zoonotiques difficile. Pour essayer d'illustrer cette complexité, certains mécanismes à l'œuvre vont être décrits en regard de l'impact de trois grandes catégories de changements de l'Anthropocène; l'augmentation de la population humaine, le bouleversement de la biodiversité et le changement climatique.



Augmentation de la population humaine

L'augmentation de la population humaine a été exponentielle depuis le milieu du XXe siècle (Pison 2023). Cette augmentation s'accompagne d'une présence et d'un impact de l'homme sur l'ensemble des écosystèmes (Jacobson *et al.* 2019). Il faut en effet nourrir cette population en augmentant les surfaces agricoles et les effectifs d'animaux de production au détriment du couvert forestier (Estoque *et al.* 2022) et des réserves d'eau douce (Rodell *et al.* 2018) dont l'agriculture est une grande consommatrice. Cet état des lieux est évidemment contrasté en fonction des endroits considérés mais est valable globalement à l'échelle de la planète et conduit à une uniformisation des milieux dans le monde.

En termes d'émergences, le fait que l'homme soit présent partout, à peu de chose près, l'expose potentiellement à de nouveaux pathogènes. L'augmentation de la population humaine est donc associée à une augmentation de « l'exposition au pathogène ».

Augmentation des surfaces agricoles

Les surfaces agricoles constituent une interface où se rencontrent la faune sauvage (dont le biotope devient de plus en plus étroit) et les animaux domestiques. Ceux-ci ont été sélectionnés, ce qui a abouti à leur uniformisation. Ils constituent une « chance » pour le pathogène qui peut plus facilement franchir la barrière d'espèces. L'uniformisation en fera une population animale où tous les individus vont être infectés, ce qui augmentera la « pression et l'exposition au pathogène » pour l'être humain. De plus, cette multiplication importante du pathogène dans une population animale domestique bien plus dense que le réservoir sauvage favorisera la sélection de pathogènes plus adaptés à l'animal domestique et éventuellement à l'espèce humaine.

Ce scénario est celui admis pour expliquer l'émergence du virus Nipah en Malaisie ou au Bangladesh. Les forêts ont été remplacées par des élevages de porcs qui se sont retrouvés en contact avec les déjections des chauves-souris se nourrissant des fruits des palmiers. Les porcs ont été infectés, puis les hommes par contact avec les porcs ou directement en consommant le jus des fruits des palmiers (Ganguly *et al.* 2025).

Baisse des réserves d'eau douce

L'assèchement des zones humides pour une utilisation comme surfaces agricoles ou la consommation d'eau par les populations humaines pour son agriculture, son élevage ou son industrie fait diminuer la ressource en eau et concentre de ce fait les espèces animales autour de points d'eau moins nombreux, augmentant la « pression du pathogène » pour les différentes espèces animales et par effet rebond sur l'espèce humaine. C'est ce qui a contribué en partie à l'émergence de l'influenza aviaire à H7N9 et H5N6 chez les espèces aviaires domestiques et l'être humain. Ainsi, les oiseaux migrateurs se regroupant sur les étendues d'eau encore présentes y croisent des espèces autochtones sauvages contaminant aussi l'eau et augmentant ainsi la probabilité d'un contact entre un oiseau sauvage contaminé et un oiseau domestique (Kenmoe *et al.* 2024).

Bouleversement de la biodiversité

Ce bouleversement reflète des situations différentes avec des espèces animales éteintes, d'autres qui se sont adaptées aux écosystèmes modifiés par les populations humaines et dont l'aire de répartition s'est élargie (Finn *et al.* 2023). Les pratiques humaines ont aussi déplacé des espèces qui se sont adaptées au nouvel environnement qu'elles n'auraient jamais pu atteindre seules (Early *et al.* 2016). Ces espèces invasives ont pu accélérer l'extinction d'espèces autochtones moins adaptables.

La disparition d'espèces

En termes d'impact sur les émergences, la disparition d'une espèce peut en avoir au moins deux. Le premier est celui d'une perte de biodiversité associée à une diminution de l'effet de dilution, qui va donc favoriser l'émergence (Keesing et Ostfeld 2021). Cet effet de dilution doit être considéré comme la « perte de chance » pour un pathogène de rencontrer un hôte qui lui est favorable pour sa multiplication au sein d'un écosystème d'espèces variées.

Le deuxième impact à considérer lors de la disparition d'une espèce est celui de la disparition de la communauté de micro-organismes qu'elle héberge et dont certains auraient pu être à l'origine d'une émergence. La disparition d'une espèce peut donc aussi défavoriser une émergence zoonotique.

Augmentation des espèces adaptables

Certaines espèces s'adaptent remarquablement aux écosystèmes anthropisés. Ces espèces, pouvant être réservoirs d'agents zoonotiques ou contaminés à partir d'un réservoir sauvage, leur prolifération augmente la « pression et l'exposition au pathogène ». Ainsi, à Madagascar (Chanteau 2006), la peste est arrivée en 1898 sur l'île du fait de l'introduction du rat noir (*Rattus rattus*). *Yersinia pestis* a contaminé des insectivores sauvages, dont la musaraigne (*Suncus murinus*), beaucoup moins sensible que le rat noir. Après les années 1920, la peste était restreinte aux zones rurales des hauts plateaux avec le rat noir comme réservoir zoonotique principal. À Antananarivo, le rat brun (*Rattus norvegicus*) a remplacé en grande partie le rat noir du fait de



l'urbanisation et des mauvaises conditions sanitaires. Après une absence de la peste de près de 15 ans, elle a ré-émergée. De même, dans le port de Mahajanga après environ 60 ans sans cas de peste, la réintroduction s'est faite à partir des hauts plateaux via des transports de marchandises. Le cycle s'est reconstitué entre les rats, surtout bruns, et les musaraignes dans le port, créant de nouveau la « pression et l'exposition au pathogène ».

Modification des aires de répartition

L'être humain, par ses activités ou pour ses loisirs, transporte les animaux dans des parties du monde dont ils ne sont pas originaires. Ils peuvent s'y adapter en amenant leurs pathogènes ou en s'intégrant dans des écosystèmes modifiant la « pression du pathogène ». C'est le cas du tamia de Sibérie (*Tamias sibiricus*) vendu dans les jardinerie comme nouvel animal de compagnie et dont un grand nombre ont été relâchés dans certaines forêts parisiennes car jugés trop bruyants et difficiles à apprivoiser. Une étude réalisée dans la forêt de Sénart montre que la présence de cet animal, qui s'est adapté à son nouveau milieu, est associée à une plus grande quantité de tiques infectées par *Borrelia burgdorferi*, responsable de la maladie de Lyme (Marchant *et al.* 2017). Le risque de contamination humaine est ainsi accru par augmentation de « l'exposition au pathogène ». Ce tamia n'est plus autorisé à la vente depuis 2016.

Changement climatique

Deux phénomènes sont à appréhender concernant le changement climatique et son impact sur les émergences zoonotiques. Le changement climatique peut en effet se caractériser par une augmentation globale des températures (Janicot 2015) et par l'augmentation du nombre d'événements météorologiques extrêmes (Wang *et al.* 2022).

L'augmentation des températures

Celle-ci modifie l'aire de répartition, la saison d'activité et la biomasse de certains vecteurs entraînant ainsi une augmentation potentielle de « l'exposition au pathogène » des maladies vectorielles. À l'inverse, la survie de certains micro-organismes pathogènes comme les virus dans l'environnement est amoindrie par une hausse des températures, ce qui diminue « l'exposition au pathogène ».

Les événements météorologiques extrêmes

Le nombre et l'intensité d'événements météorologiques extrêmes se sont accentués au cours de l'Anthropocène. Ces événements peuvent avoir des impacts majeurs sur les écosystèmes perturbant ainsi les « pression et exposition au pathogène ». C'est le cas de l'émergence de l'*Hantavirus Sin Nombre* en 1993 dans quatre États des USA, les *Four Corners*. Les pluies très abondantes, à la suite de plusieurs années de sécheresse, ont provoqué une importante hausse de la population de souris (*Peromyscus maniculatus*) réservoir du virus via une augmentation de la disponibilité alimentaire (Diaz 2021).

Des exemples français d'émergences récentes ou en devenir

Les émergences récentes

Tiques et encéphalite à tiques

L'encéphalite à tiques est due à un *Flavivirus* transmis par les tiques, principalement des *Ixodes ricinus*. Les tiques se contaminent surtout par *co-feeding* lors de repas de sang pris côte à côte sur le même animal. L'homme peut être infecté par le virus directement par les tiques ou par ingestion de lait cru issu d'un bovin, ovin ou caprin contaminé par une tique. En France avant 2020, aucune transmission par ingestion de lait n'était connue mais, de mai 2021 à mai 2023, 6,5 % des 62 cas autochtones signalés en France auraient été transmis par voie alimentaire (Mathews-Martin *et al.* 2025).

La maladie, se traduisant par un syndrome grippal et pouvant évoluer vers une encéphalite, y est connue depuis les années 1970. Depuis 2016, son incidence semble augmenter, passant de moins d'une dizaine de cas par an à 25 environ. De même, son aire de distribution historiquement restreinte à l'Alsace puis à la Haute-Savoie s'est étendue à la région Auvergne-Rhône-Alpes. De multiples facteurs semblent influencer l'épidémiologie de cette infection et particulièrement les facteurs climatiques (Randolph 2001 ; Walter *et al.* 2020). Le dérèglement climatique va ainsi faire varier l'activité synchrone des nymphes et des larves, le nombre de nymphes par hôte et la survie du virus dans la tique. « L'exposition au pathogène » sera modulée influençant l'incidence humaine directement par morsure de tiques ou par contamination d'une chèvre le plus souvent impliquée dans la transmission via le lait cru.

Rats bruns et *Rocahpevirus ratti*

Ce virus, appelé virus de l'hépatite E des rats, a été découvert pour la première fois en 2010 en Allemagne. C'est une espèce virale différente du virus de l'hépatite E classique (*Paslahepevirus balayani*) qui circule entre les Suidés et l'Homme. Lors de sa découverte, le virus de l'hépatite E des rats était supposé circuler entre les rats seulement. Des cas humains ont cependant émergé dans plusieurs pays (Tableau 1) (Yadav *et al.* 2025).



| Continent | Pays / année | Nombre de patients positifs (ARN détecté) |
|-----------|------------------|---|
| Asie | Hong Kong 2018 | 1 |
| | Hong Kong 2021 | 6 |
| | Hong Kong 2022 | 8 |
| | Chine 2025 | 2 |
| Afrique | Gabon ou Congo ? | 1 |
| Europe | Espagne ? | 5 |
| | France 2023 | 2 |
| | Espagne 2024 | 1 |
| | Espagne 2025 | 8 |

Tableau 1. Nombre recensé de cas humains infectés par *Rocahepevirus ratti*. Adapté de Yadav, et al. 2025.

? : signale une date inconnue

Une étude (Rouba *et al.* 2024) réalisée autour de Nancy, a montré la présence du virus de l'hépatite E dans les eaux usées et les eaux environnementales à des taux supérieurs à ceux de *Paslahepevirus balayani*.

Une autre étude (Pellerin *et al.* 2024) s'est focalisée sur le compartiment animal en examinant la prévalence d'ARN du virus sur des échantillons de rats d'égouts de différentes villes françaises. L'ARN a été détecté dans toutes les villes étudiées avec des prévalences d'échantillons plus ou moins importantes, de 7,7 % à 60,3 %. Le nombre d'animaux reste cependant faible dans certaines des villes (de 5 à 146). Dans une des villes, des captures de rats ont été effectuées dans des logements sociaux révélant une prévalence de 64,6 %. « La pression et l'exposition au pathogène » sont donc vérifiées et peuvent permettre l'infection d'un cas humain en France.

Les émergences éventuelles en devenir

Ratons laveurs et *Baylisascaris procyonis*

La découverte fortuite du ver nématode parasite *Baylisascaris procyonis* dans des fèces de loup (Umhang *et al.* 2020) a soulevé la question de la circulation du parasite au sein des populations de ratons laveurs en France. En effet, ce parasite est retrouvé aux USA d'où les populations de ratons laveurs sont originaires. Il peut provoquer des larva migrans viscérales (œil, poumon, système nerveux central...) chez l'homme, particulièrement les enfants par ingestion de terre contaminée par les œufs du parasite. Une exploration des trois populations de cette espèce invasive en France s'avérait donc nécessaire. Les populations de ratons laveurs françaises ont des origines différentes; celle du Nord-Est provenant des mascottes des armées américaines, celles de Gironde et d'Auvergne d'échappées de parcs zoologiques. Deux études (Richomme *et al.* 2024; Umhang *et al.* 2024) ont mis en évidence un raton laveur infesté dans le Nord-Est (n = 208), aucun en Gironde (n = 92) et 16 ratons laveurs (n = 24) provenant de 11 municipalités en Auvergne. « La pression et l'exposition au pathogène » sont donc présentes dans cette région. À ce jour, aucun cas humain n'a été détecté.

Tiques et fièvre hémorragique de Crimée-Congo

Cette fièvre due à un Orthonairovirus provoque chez l'être humain un syndrome grippal avec des troubles digestifs, pouvant s'aggraver par un syndrome hémorragique avec un taux de létalité de 5 à 30 %. Elle est asymptomatique chez l'animal et de nombreuses espèces sauvages et domestiques peuvent être infectées. La transmission est vectorielle principalement par une tique de l'espèce *Hyalomma marginatum*. Cette tique originaire d'Afrique s'est implantée progressivement dans une partie de l'Europe et notamment le pourtour méditerranéen en France (Giupponi *et al.* 2025). Elle est véhiculée par les oiseaux migrateurs et éventuellement les mouvements de bétails ou chevaux. Elle s'installe dans les sites où elle trouve des conditions adéquates que sont une température élevée et une faible pluviométrie. Son installation en France est donc liée au changement climatique. Sa présence est avérée en Corse depuis 1940 et depuis 2015, dans le Gard et l'Hérault. Une étude récente (Giupponi *et al.* 2025) montre que ces tiques en France sont issues de plusieurs introductions. Une autre étude (Bernard *et al.* 2025) retrouve de l'ARN du virus de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo dans des tiques prélevées sur des bovins en Corse et dans les Pyrénées-Orientales. Les analyses sérologiques mettent en évidence une séroconversion de bovins prélevés entre 2018 et 2022 sur le pourtour méditerranéen français, les prévalences pouvant atteindre plus de 80 % dans les Pyrénées-Orientales. De façon surprenante, sur une collection de sérums prélevés sur des espèces de la faune sauvage entre 2008 et 2022, des anticorps ont été détectés sur des sangliers, cerfs et chevreuils des Hautes-Pyrénées dès 2008, sur des sangliers de l'Hérault et sur un mouflon en Lozère.

« La pression du pathogène » est de ce fait équivalente à celle de l'Espagne où des cas humains se produisent tous les ans (Eslava *et al.* 2024).



Conclusion

Les *spillovers* et émergences zoonotiques ont dû commencer à se produire avec la naissance de l'espèce humaine. Les phénomènes caractérisant l'Anthropocène semblent augmenter leur fréquence et surtout permettre leur mondialisation très rapidement, comme l'humanité en a eu un cas concret lors de la pandémie de COVID-19. Les facteurs de l'Anthropocène en jeu dans les émergences zoonotiques ne sont pas encore tous connus ou élucidés.

Références

- Bernard, C., Apolloni, A., Grosbois, V., Peyraud, A., Saengram, P., Jori, F., *et al.* (2025). First detection of Crimean Congo hemorrhagic fever antibodies in cattle and wildlife of southern continental France: Investigation of explanatory factors. *PLoS ONE*, 20(9), e0331875. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0331875>
- Chanteau, S. (Ed.). (2006). Atlas de la peste à Madagascar. IRD Éditions; Agence universitaire de la Francophonie; Institut Pasteur. <https://doi.org/10.4000/books.irdeditions.6582>
- Diaz, J. H. (2021). Regional rodent-borne infectious diseases in North America: What wilderness medicine providers need to know. *Wilderness & Environmental Medicine*, 32(3), 365–376. <https://doi.org/10.1016/j.wem.2021.03.007>
- Early, R., Bradley, B. A., Dukes, J. S., Lawler, J. J., Olden, J. D., Blumenthal, D. M., *et al.* (2016). Global threats from invasive alien species in the twenty-first century and national response capacities. *Nature Communications*, 7, 12485. <https://doi.org/10.1038/ncomms12485>
- Eslava, M., Carlos, S., & Reina, G. (2024). Crimean-Congo hemorrhagic fever virus: An emerging threat in Europe with a focus on epidemiology in Spain. *Pathogens*, 13(9), 770. <https://doi.org/10.3390/pathogens13090770>
- Estoque, R. C., Dasgupta, R., Winkler, K., Avitabile, V., Johnson, B. A., Myint, S. W., Gao, Y., Ooba, M., Murayama, Y., & Lasco, R. D. (2022). Spatiotemporal pattern of global forest change over the past 60 years and the forest transition theory. *Environmental Research Letters*, 17(8), 084022. <https://doi.org/10.1088/1748-9326/ac7df5>
- Finn, C., Grattarola, F., & Pincheira-Donoso, D. (2023). More losers than winners: Investigating Anthropocene defaunation through the diversity of population trends. *Biological Reviews*, 98(5), 1732–1748. <https://doi.org/10.1111/brv.12974>
- Ganguly, A., Mahapatra, S., Ray, S., Chattopadhyay, S., Islam, M. J., Garai, S., *et al.* (2025). The rising threat of Nipah virus: A highly contagious and deadly zoonotic pathogen. *Virology Journal*, 22(1), 139. <https://doi.org/10.1186/s12985-025-02728-4>
- Giupponi, C., Jourdan-Pineau, H., Bernard, C., Blanda, V., Bourquia, M., Bru, D., *et al.* (2025). Tracking invasion events: Phylogeography of *Hyalomma marginatum* in the Mediterranean basin with a focus on Southern France. *Parasites & Vectors*, 18(1), 407. <https://doi.org/10.1186/s13071-025-06927-4>
- Jacobson, A. P., Riggio, J., Tait, A. M., & Baillie, J. E. M. (2019). Global areas of low human impact (“Low Impact Areas”) and fragmentation of the natural world. *Scientific Reports*, 9(1), 14179. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-50558-6>
- Janicot, S. (2015). What are the signs of current climate change? In Y. Sokona (Ed.), *Climate change: What challenges for the South?* (pp. 33–41). IRD Éditions.
- Jones, K. E., Patel, N. G., Levy, M. A., Storeygard, A., Balk, D., Gittleman, J. L., & Daszak, P. (2008). Global trends in emerging infectious diseases. *Nature*, 451(7181), 990–993. <https://doi.org/10.1038/nature06536>
- Keesing, F., & Ostfeld, R. S. (2021). Dilution effects in disease ecology. *Ecology Letters*, 24(11), 2490–2505. <https://doi.org/10.1111/ele.13875>
- Kenmoe, S., Takuissu, G. R., Ebogo-Belobo, J. T., Kengne-Ndé, C., Mbagu, D. S., Bowo-Ngandji, A., *et al.* (2024). A systematic review of influenza virus in water environments across human, poultry, and wild bird habitats. *Water Research X*, 22, 100210. <https://doi.org/10.1016/j.wroa.2023.100210>
- Magny, M. (2021). L'Anthropocène. Presses Universitaires de France. <https://doi.org/10.3917/puf.magny.2021.01>
- Marchant, A., Le Coupanec, A., Joly, C., Perthame, E., Sertour, N., Garnier, M., *et al.* (2017). Infection of *Ixodes ricinus* by *Borrelia burgdorferi sensu lato* in peri-urban forests of France. *PLoS ONE*, 12(8), e0183543. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0183543>
- Mathews-Martin, L., Metras, R., Boucher, J.-M., Caillot, C., Lacour, S. A., Dumares, M., *et al.* (2025). Meteorological and environmental factors associated with the exposure to tick-borne encephalitis virus (TBEV) in cattle, north-eastern France, 2018–2019. *Veterinary Research*, 56(1), 157. <https://doi.org/10.1186/s13567-025-01588-8>
- Pellerin, M., Gellenoncourt, S., Marcadet-Hauss, A., Doceul, V., Picard-Meyer, E., Monchatre-Leroy, E., *et al.* (2024). Poster sur une enquête de prévalence et séroprévalence du virus de l'hépatite E du rat (*Rocaepevirus rattii*) dans les populations de rongeurs de grandes villes françaises [Poster presentation]. XXVèmes Journées francophones de virologie.
- Pison, G. (2023). Environnements et population : Sommes-nous trop nombreux sur Terre? In R. Laganier & Y. Veyret (Eds.), *Environnements : approches géographiques* (pp. 69–89). Ellipses.
- Plowright, R. K., Parrish, C. R., McCallum, H., Hudson, P. J., Ko, A. I., Graham, A. L., & Lloyd-Smith, J. O. (2017). Pathways to zoonotic spillover. *Nature Reviews Microbiology*, 15(8), 502–510. <https://doi.org/10.1038/nrmicro.2017.45>
- Randolph, S. E. (2001). The shifting landscape of tick-borne zoonoses: Tick-borne encephalitis and Lyme borreliosis in Europe. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 356(1411), 1045–1056. <https://doi.org/10.1098/rstb.2001.0893>
- Richomme, C., Boué, F., Boucher, J.-M., Caillot, C., & Umhang, G. (2024). Initial findings on the occurrence and distribution of *Baylisascaris procyonis* in raccoons in central France [Poster presentation]. One Health EWDA
- Rodell, M., Famiglietti, J. S., Wiese, D. N., Reager, J. T., Beaudoin, H. K., Landerer, F. W., *et al.* (2018). Emerging



trends in global freshwater availability. *Nature*, 557(7707), 651–659. <https://doi.org/10.1038/s41586-018-0123-1>

• Rouba, A., Ansmant, T., Chaqroun, A., Challant, J., Josse, T., Schvoerer, E., *et al.* (2024). First detection of hepatitis E virus (*Rocahepavirus ratti*) in French urban wastewater: Potential implications for human contamination. *Science of the Total Environment*, 954, 176805.

<https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2024.176805>

• Umhang, G., Duchamp, C., Boucher, J.-M., Ruetter, S., Boué, F., & Richomme, C. (2020). Detection of DNA from the zoonotic raccoon roundworm *Baylisascaris procyonis* in a French wolf. *Parasitology International*, 78, 102155.

<https://doi.org/10.1016/j.parint.2020.102155>

• Umhang, G., Frantz, A. C., Ferté, H., Fournier Chambrillon, C., Gautrelet, M., Gritti, T., *et al.* (2024). Surveys on *Baylisascaris procyonis* in two of the three French wild raccoon populations. *International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife*, 23,

100928. <https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2024.100928>

• Walter, M., Vogelgesang, J. R., Rubel, F., & Brugger, K. (2020). Tick-borne encephalitis virus and its European distribution in ticks and endothermic mammals. *Microorganisms*, 8(7), 1065. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8071065>

• Wang, D., Chen, Y., Jarin, M., & Xie, X. (2022). Increasingly frequent extreme weather events urge the development of point-of-use water treatment systems. *npj Clean Water*, 5, 36.

<https://doi.org/10.1038/s41545-022-00182-1>

• Woolhouse, M. E. J., & Gowtage-Sequeria, S. (2005). Host range and emerging and reemerging pathogens. *Emerging Infectious Diseases*, 11(12), 1842–1847.

<https://doi.org/10.3201/eid1112.050997>

• Yadav, K. K., Bhandari, M., Meng, X.-J., & Kenney, S. P. (2025). Spillover of rat hepatitis E virus into humans: An emerging zoonosis? *Future Virology*, 20(8), 297–308.

<https://doi.org/10.1080/17460794.2025.2522591>

