



**HAL**  
open science

## Un modèle à base d'agents sur la transmission et la diffusion de la fièvre de la Vallée du Rift à Barkédji (Ferlo, Sénégal)

Aboubacar Cisse, Alassane Bah, Alexis Drogoul, Ahmed Tidjane Cissé, Jacques André Ndione, Cheikh M. F. Kébé, Patrick Taillandier

### ► To cite this version:

Aboubacar Cisse, Alassane Bah, Alexis Drogoul, Ahmed Tidjane Cissé, Jacques André Ndione, et al.. Un modèle à base d'agents sur la transmission et la diffusion de la fièvre de la Vallée du Rift à Barkédji (Ferlo, Sénégal). *Studia Informatica Universalis*, 2012, 10 (1), pp.77-97. hal-01606678

**HAL Id: hal-01606678**

**<https://hal.science/hal-01606678>**

Submitted on 28 May 2020

**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Copyright

---

## Un modèle à base d'agents sur la transmission et la diffusion de la fièvre de la Vallée du Rift à Barkédji (Ferlo, Sénégal)

A. Cisse <sup>\*</sup>, A. Bah <sup>\*\*</sup>, A. Drogoul <sup>\*\*\*</sup>, A.T. Cisse <sup>\*</sup>, J.A. Ndione <sup>\*\*\*\*</sup>,  
C.M.F. Kebe <sup>\*</sup>, P. Taillandier <sup>\*\*\*\*\*</sup>

<sup>\*</sup> Université Cheikh Anta Diop de Dakar, Senegal

<sup>\*\*</sup> ESP/UCAD, UMI209/UMMISCO-UCAD, Dakar, Senegal

<sup>\*\*\*</sup> UMI209/UMMISCO Hanoi, Vietnam

<sup>\*\*\*\*</sup> Centre de Suivi Ecologique (CSE), Dakar, Senegal

<sup>\*\*\*\*\*</sup> UMR CNRS 6228 IDEES, Université de Rouen, France

---

**Résumé.** La fièvre de la vallée du Rift (FVR) est une maladie vectorielle mais aussi une zoonose affectant les ruminants et l'homme, avec des conséquences importantes sur l'économie de l'élevage. Divers initiatives de recherche liées aux aspects entomologiques, climatiques, environnementales, économiques de cette maladie sont notées. Cependant, aucune étude préalable n'a eu une vue d'ensemble de tous ces facteurs pour mieux comprendre la propagation de cette maladie. Cela souligne la nécessité de faire l'usage d'un modèle agents dans l'étude de la transmission des maladies vectorielles. Dans ce papier, un modèle à base d'agents est utilisé pour étudier le cycle de transmission et l'impact des paramètres climatiques sur l'émergence de la fièvre de la vallée du Rift à Barkédji dans le Ferlo au Nord du Sénégal. Des scénarii de simulation combinant différents paramètres (qualité et espacement de la pluie, agressivité, mortalité et préférence écologique des vecteurs, dispersion des campements autour des mares etc.) ont été déroulés. Les résultats des premières simulations, réalisées avec des données de la maladie dans la zone de Barkédji, confirment ceux des études antérieures, à savoir que le déclenchement des épizooties de FVR est lié à de longues pauses pluviométriques suivies d'événements pluvieux de fortes intensités en fin de saison des pluies. Des cartes à risque de transmission combinant la qualité de la saison des pluies et la biologie des vecteurs sont proposées.

**Mots-Clés :** RVF, zoonose, maladies, simulation, système complexe, système multi-agent, odd

---

## 1. Introduction

La FVR est une anthroppo-zoonose due à un arbovirus de la famille des Bunyaviridae, genre Phlebovirus. Le virus est transmis par différentes espèces de moustiques appartenant notamment aux genres Culex et Aedes ([FTLZ+98]; [DLSM00]). Chez les ovins et caprins, il est responsable d'une hépatite nécrosoante des nouveau-nés et d'avortements chez les femelles adultes (les bovins et dromadaires peuvent également être atteints). Chez l'homme, la FVR est souvent inapparente ou bénigne (syndrome grippal), mais des formes graves, voire mortelles, peuvent survenir (rétinite, encéphalite et fièvre hémorragique). Depuis quelques décennies une aggravation des épisodes et une extension géographique de la maladie sont notées ([NLT+09]). Face à cela, des modèles ont été produits principalement pour l'Afrique de l'Est et du Sud. Des études ont par la suite montré que ces modèles ne sont pas applicables à l'Afrique de l'Ouest ([FTLZ+95]; [ZFTL+97]; [NDLG03]). Au Sénégal des équipes de l'UCAD (Université Cheikh Anta Diop) travaillent à la réalisation d'un modèle à base agent adapté au contexte sahélien.

## 2. Revue de modèles existant

[NDLG03] évoque trois hypothèses à intégrer dans le schéma épidémiologique de la fièvre de la vallée du Rift :

- l'hypothèse environnementale qui est liée essentiellement aux conditions de la variabilité intra-saisonnière de la pluviométrie dans le Sahel ;
- l'hypothèse de la transhumance et des mouvements commerciaux du bétail qui favoriseraient la rencontre entre hôtes viraux et ceux dits "naïfs" car susceptibles de développer une infection ;
- l'hypothèse de l'allure épidémiologique qui fait remarquer que les membres d'un troupeau ayant survécu à une épidémie sont immunisés à vie, mais qu'au fur et à mesure que le troupeau se renouvelle, les conditions deviennent de nouveau favorables à une contamination.

L'hypothèse environnementale a fait l'objet d'études multiples et déjà en 1983, les travaux de Linticum et al ont introduit l'utilisation

des données obtenues par télédétection comme indicateur de l'activité virale au Kenya. Les épisodes de FVR seraient reliés à la dynamique de la végétation qui elle est directement en corrélation avec la pluviométrie. Quatre variables NDVI, SOI, SST Pacifique et SST Océan Indien, ont donc été combinées pour donner un modèle permettant de prédire 100% des épisodes de FVR en Afrique de l'Est avec 2 à 5 mois d'avance ([DIO06]). Cependant, ce modèle n'est utilisable qu'en Afrique de l'Est. En effet, les relations entre indicateurs climatiques et pluviométrie sont différentes dans les autres parties du continent. D'autres travaux [ALM<sup>+</sup>02] ont par la suite tenté de proposer un modèle extrapolable à l'ensemble du continent. Le risque d'épizooties de FVR a été défini selon la persistance d'anomalies positives du NDVI et matérialisé par les règles suivantes :

- les zones à risque doivent présenter des anomalies supérieures à 0.025 unité de NDVI pendant trois mois consécutifs au minimum ;
- la moyenne des anomalies du NDVI de ces trois mois consécutifs doit dépasser la valeur seuil de 0.1 unité de NDVI.

Ce modèle prédit avec succès les épizooties de grande envergure. Toutefois, les manifestations plus restreintes de l'activité virale ne sont pas détectées, notamment en zone sahélienne. Cela est du essentiellement au modèle écologique de transmission sahélien qui est différent de celui observé en Afrique de l'Est ([FTLZ<sup>+</sup>95][ZFTL<sup>+</sup>97][NDLG03]).

### 3. Problème posé

Les recherches menées dans le cadre de l'élaboration de ces modèles de prévision en zone sahélienne démontrent qu'il s'agit là d'un système réellement complexe, mettant en jeu beaucoup d'acteurs et les interactions entre ceux-ci étant multiples et variés (figure 1). Les modèles produits jusque là se limitent pour la plupart à une description des propriétés globales qui en réalité émergent des interactions entre les entités qui composent le système. Dans ce contexte, l'élaboration d'un modèle système multi agents basé sur les systèmes d'informations géographiques et prenant en compte les principaux aspects environnementaux, épidémiologiques, climatiques semble être une approche pertinente. Cette présente étude se propose de définir un modèle qui est axé

sur l'hypothèse environnementale, et met en relief le lien entre les occurrences de la maladie et les pauses pluviométriques suivies de fortes pluies en pleine saison.

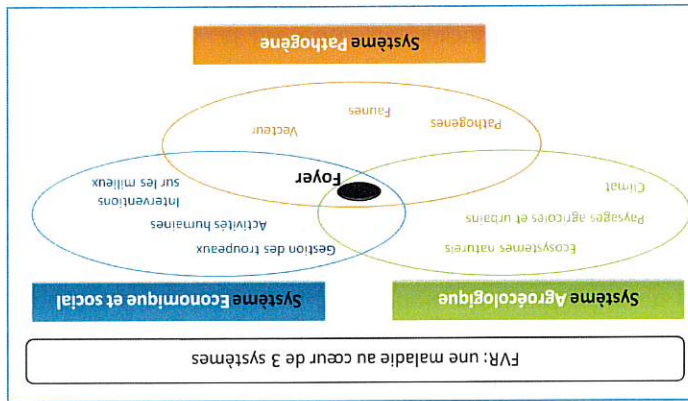


Figure 1 – Synthese pour représenter la complexité de la Fièvre de la Vallée du Rift, [RMDP04]

#### 4. Outils utilisés

##### 4.1. Formalisation UML

Nous utilisons UML pour la formalisation des composants du modèle. UML est un langage de modélisation orienté objet. Il propose une notation standard fondée sur une syntaxe, une sémantique et une notation graphique ayant pour but de faciliter l'expression d'un modèle. Sa force réside de sa capacité à "modéliser de manière claire et précise la structure et le comportement d'un système indépendamment de toute méthode ou de tout langage de programmation" ([MG00]).

##### 4.2. Implémentation SMA

L'approche utilisée comme il a été dit plus tôt est à base d'agent et repose sur l'implémentation d'un Système Multi-Agent(SMA). Le principe des SMA est d'étudier à un niveau global, le fonctionnement d'un

ou plusieurs sous-systèmes, connus à un niveau local ([Dau06]). Notre approche est d'identifier les agents, de spécifier l'environnement sur lequel ces agents évoluent et enfin de transcrire les différents algorithmes qui régissent leur comportement et leurs interactions. Au cours de la simulation nous tenterons de mieux comprendre les corrélations possibles entre les occurrences de la maladie et les phénomènes environnementaux.

### **4.3. Plateforme de modélisation et de simulation agents GAMA**

Nous avons, pour faire tourner notre modèle dans une simulation, utilisé GAMA. GAMA est une plateforme de simulation, dont l'objectif est de proposer aux chercheurs, aux modélisateurs un outil de développement de systèmes multi agents avec notamment l'usage de systèmes d'informations géographique. GAMA est facile à utiliser et propose des outils :

- de spatialisation : une interface SIG (Système d'Information Géographique) qui permet la représentation de la zone d'étude ;
- de paramétrage (nombre de campements, population initiale de vecteurs et d'hôtes, de gîtes larvaires, ...);
- de sorties de modèles (dynamique de population de vecteurs et d'hôtes, cartographie du risque).

## **5. Présentation du modèle**

Dans le but de faciliter la présentation et la compréhension du modèle présenté, nous utilisons dans la suite la méthode ODD " *Overview, Design concepts, and Details*" ([GUD<sup>+</sup>10]; [GUB<sup>+</sup>06]). La méthode ODD est un protocole standardisé de présentation de modèles à base d'agents. Nous intégrons les diagrammes UML dans le protocole pour formaliser la structure du modèle.

### 5.1. Objectif

L'objectif du modèle est de démontrer et d'expliquer la corrélation entre les phénomènes pluviométriques et les occurrences de la maladie de la fièvre de la vallée du Rift. Une occurrence de la maladie est liée intrinsèquement à un risque de transmission élevé dans la zone d'étude. Pour évaluer et cartographier le risque de transmission au cours de la simulation, nous combinons l'organisation spatiale des hôtes et l'abondance relative des vecteurs.

### 5.2. Structure du modèle et échelle

La propagation de l'agent pathogène de la FVR est liée à l'intensité de contact entre deux catégories d'acteurs : les vecteurs *Aedes Vexans*, *Culex Potillipes* et les hôtes.

#### 5.2.1. Les vecteurs

Les vecteurs sont essentiellement des moustiques de deux espèces différentes dont les comportements sont plus ou moins complémentaires dans la transmission du virus.

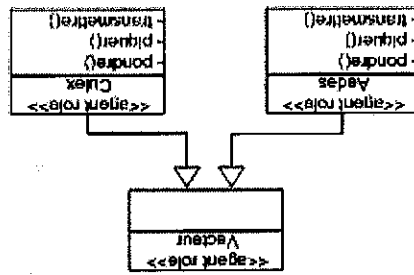


Figure 2 – Modèle Agents Vecteurs

La différence entre ces deux espèces se manifeste principalement dans leurs fonctions de pique, de ponte et de transmission de l'agent pathogène. En effet, en ce qui concerne la fonction de pique, le *Culex Potillipes* est plus agressif que l'*Aedes Vexans*, ce qui se traduira dans

notre modèle par le fait qu'il aura plus de probabilité d'atteindre une cible (animale ou humaine) en un temps donné. D'autre part, le *Culex Poicilipes* pond ses œufs à la surface des mares, tandis que l'*Aedes Vexans* le fait autour des mares, sur des supports quelconques (trunks d'arbre, boue...).

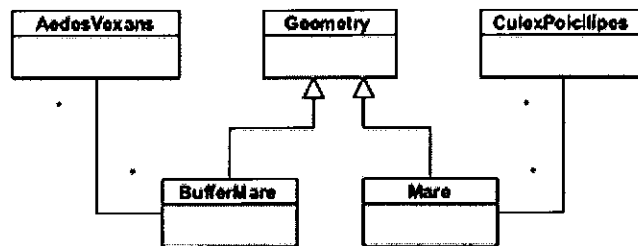


Figure 3 – Localisation des lieux de ponte

### 5.2.2. Les hôtes

Les hôtes sont constitués des bovins, caprins et ovins. On considère qu'au sein d'un troupeau, le comportement est homogène : les bœufs d'un troupeau se déplacent toujours ensemble par exemple. L'entité Troupeau sera donc perçue comme un agent situé, ayant un comportement très lié aux conditions environnementales. Un troupeau se déplace autour des mares temporaires en saison des pluies et rejoint un campement environnant à la nuit tombée. Il peut être infecté s'il est en forte interaction avec des vecteurs du virus.

### 5.2.3. L'environnement

La zone d'étude se situe au Sénégal,  $1600\text{km}^2$  autour du village de Barkedji. C'est une zone pastorale sahélienne (climat tropical sec, alternance saison des pluies et saison sèches) ; En saison sèche, quelques points d'eau permanents subsistent et en saison des pluies, des mares temporaires apparaissent. Nous disposons d'un fichier de type "Shapefile" sur les données de cet environnement. Nous avons par la suite extrait de ce fichier trois shapefiles : l'un portant sur toutes les données liées à la végétation (steppe, savane), un autre sur les mares et le dernier sur les campements de la zone d'étude. Hormis les mares,



toutes les données de l'environnement sont supposées statiques. Les mares peuvent augmenter de taille ou en diminuer suivant les valeurs pluviométriques enregistrées et un coefficient de proportionnalité paramétrable. Les vecteurs sont localisées autour des mares, avec une dispersion de près de 600m.

### 5.3. Vue d'ensemble des processus et de leur ordonnancement

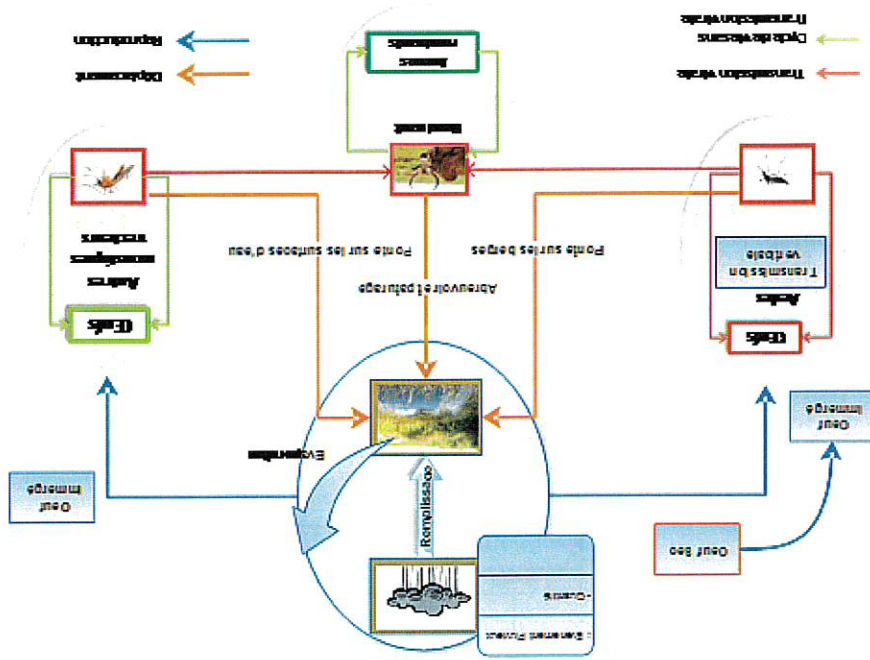


Figure 4 – vue d'ensemble de la dynamique du modèle

La dynamique générale du système est perçue comme suit :

– L'*Aedes vexans* se déplace toujours autour d'une mare à une distance inférieure à 600m des bordures de celle-ci. À la fin de chaque cycle (quelques jours), l'*Aedes vexans* femelle prend un repas de sang (s'il pique un animal) et pond des oeufs autour de la mare. S'il est porteur de l'agent pathogène au moment de la ponte, il le transmet à ses

oeufs. Si l'animal piqué était porteur et lui non, il devient infecté (et vice versa). Les oeufs de l'*Aedes Vexans* ont besoin d'un temps minimal d'assèchement et d'une remise en eau par la suite pour pouvoir éclore.

– Le *Culex Poicilipes* se déplace aussi autour d'une mare. A la fin de chaque cycle, la femelle prend un repas de sang et pond des oeufs à la surface de l'eau. Il ne transmet pas l'agent pathogène à ses oeufs si toutefois il est infecté. Par contre l'animal piqué devient porteur s'il ne l'était pas (et vice versa). Les oeufs de *Culex Poicilipes* doivent être en permanence en eaux pour éclore.

– Les hôtes (troupeaux) se déplace autour de mares et vont et reviennent des campements tous les jours. Ils peuvent être porteur de l'agent pathogène et le transmettre aux moustiques qui les piquent. Lorsqu'une mare s'assèche, ils se déplacent pour trouver une autre mare.

L'*Aedes Vexans* se déplace toujours autour d'une mare à une distance inférieure à près de 600m des bordures de celle-ci. A la fin de chaque cycle (quelques jours), l'*Aedes Vexans* femelle prend un repas de sang (s'il pique un animal) et pond des œufs autour de la mare. S'il est porteur de l'agent pathogène au moment de la ponte, il le transmet à ses œufs. Si l'animal piqué était porteur et lui non, il devient infecté (et vice versa). Le *Culex Poicilipes* se déplace aussi autour d'une mare. A la fin de chaque cycle, la femelle prend un repas de sang et pond des œufs à la surface de l'eau. Il ne transmet pas l'agent pathogène à ses œufs si toutefois il est infecté. Par contre l'animal piqué par un *Culex Poicilipes* devient porteur s'il ne l'était pas (et vice versa). Les œufs de l'*Aedes Vexans* ont besoin d'un temps minimal d'assèchement et d'une remise en eau par la suite pour pouvoir éclore. Les œufs de *Culex Poicilipes*, par contre, doivent être en permanence en eau pour éclore. Enfin dans la fonction de transmission, on note que seules les *Aedes Vexans* transmettent les agents pathogènes à leurs descendants. Tandis que les *Culex Poicilipes* ne peuvent transmettre l'agent pathogène qu'à des animaux et des humains. Dans notre modèle, nous dirons qu'un *Aedes Vexans* infecté à une forte probabilité de pondre des œufs infectés.

## **5.4. Concepts clés du modèle**

### *5.4.1. Perception*

les vecteurs et les hôtes sont capables d'identifier les mares les plus proches de leur position. Ils n'ont cependant aucune connaissance de l'état global de la zone d'étude et ont donc finalement une perception limitée de leur environnement mais suffisante pour l'atteinte de leurs objectifs.

### *5.4.2. Interaction*

les vecteurs interagissent avec les hôtes du milieu notamment avec leur fonction de piqure. Ces interactions sont déterminantes dans la dynamique du modèle. Les troupes qui sont porteurs de l'agent pathogène peuvent le transmettre aux moustiques qui les piquent. Et ces mêmes moustiques peuvent transmettre ces agents pathogènes à d'autres troupes non infectées. Cependant, dans le modèle présente, il n'y a pas d'interactions entre les vecteurs et il n'y a pas non plus entre les hôtes.

### *5.4.3. Emergence*

Au cours des simulations, les occurrences de la maladie sont corrélées à la présence du risque de transmission dans le milieu environnant. Cette carte du risque émerge des différentes interactions et du comportement des agents du modèle.

## **5.5. Initialisation**

La figure suivante est une capture d'écran à l'état initial. Nous pouvons voir à gauche la boîte des paramètres généraux d'initialisation et à droite la configuration de la zone d'étude à l'état initial. Parmi les conditions initiales figure le peuplement des berges des mares par les oeufs de vecteurs (*Aedes vexans*). Pour être proche de la réalité, la simulation d'une saison sèche a été réalisée au préalable pour nous caler dans les conditions de début de saison des pluies au début de la simulation.

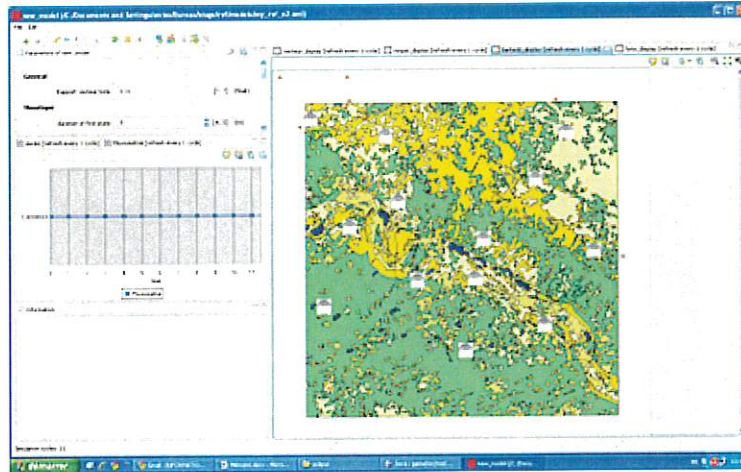


Figure 5 – Initialisation de la simulation

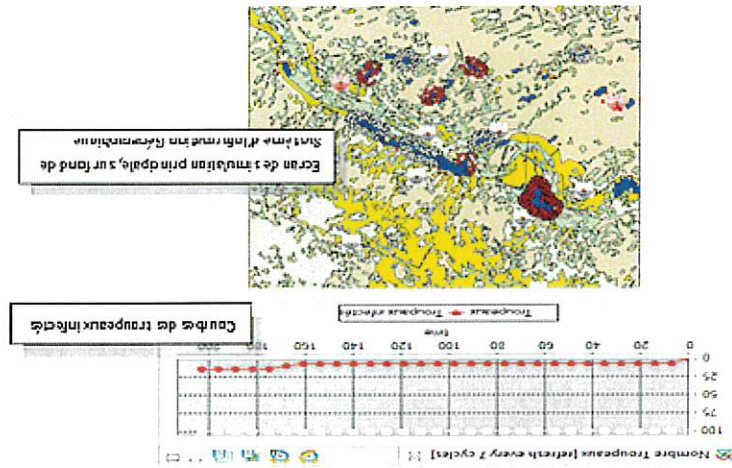
### 5.6. Paramètres d'entrée

Les entrées suivantes sont nécessaires au déroulement de la simulation :

- le système d'information géographique de l'environnement avec les couches végétations, campements et mares sous forme de " shape-file" à importer avant le lancement de la simulation ;
- les données pluviométriques sur une ou plusieurs années sous forme de fichier CSV (Excel) ;
- les paramètres généraux : nombre initial de moustiques, proportion d'*Aedes Vexans*, indice d'agressivité des vecteurs, taux d'hôtes et de vecteurs infectés ...

## 6. Résultats

Nous avons développé un premier modèle de simulation sous GAMA (figure 9) qui nous a permis d'expérimenter différents scénarii pluviométriques. Les premiers résultats de simulation corroborent et parviennent à bien représenter les mécanismes d'émergence de la FVR identifiés au Ferlo (Ba et al, 2005 ; Ndione et al, 2008). Les données de



simulation proviennent essentiellement de différentes disciplines scientifiques que sont la climatologie, l'hydrologie, l'entomologie, l'épidémiologie, le pastoralisme, etc.). La plateforme de simulation propose un certain nombre d'outils (figure 9) :

- de spatialisaton : une interface SIG (Système d'Information Géographique) qui permet la représentation de la zone d'étude ;
- de paramétrage (nombre de campements, population initiale de vecteurs et d'hôtes, de gîtes larvaires, ... ) ;
- de sorties de modèles (dynamique de population de vecteurs et d'hôtes, cartographie du risque).

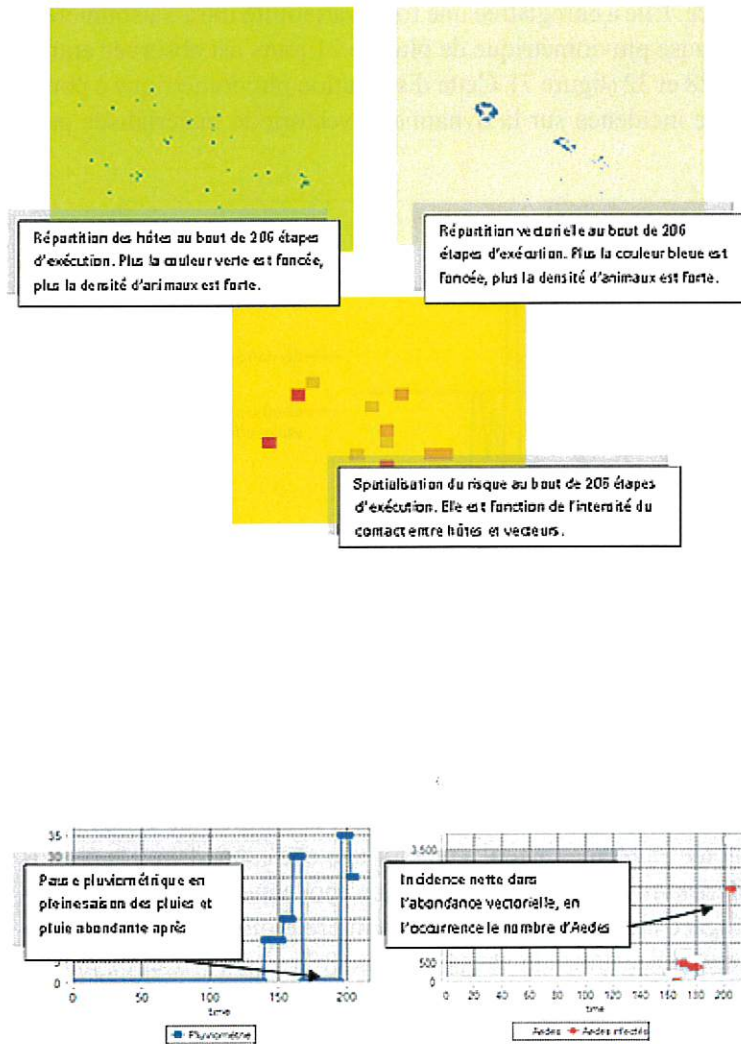


Figure 6 – Ecrans de sorties de l'outil de simulation

### 6.1. Scénario 1 : scénario de référence

La pluviométrie de la saison des pluies 2002 (figure 7), reste le scénario de référence. Elle a enregistré une forte variabilité intra-saisonnière. Une longue pause pluviométrique de plus de 21 jours est observée entre les semaines 28 et 32 (figure 7). Cette distribution pluviométrique a pour corollaire, une incidence sur la dynamique vectorielle matérialisée par la figure 11.

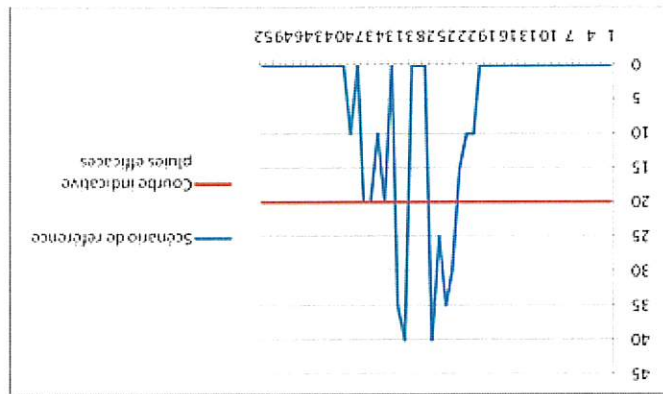


Figure 7 – Courbe pluviométrique scénario de référence

#### 6.1.1. Evolution du nombre de *Culex poicilipes* et d'*Aedes Vexans*

Nous observons une quasi extinction des *Aedes Vexans* au bout de quelques semaines de pluies. Parallèlement, l'apparition de *Culex poicilipes* est notée en pleine saison, à un moment correspondant à la phase d'extinction des *Aedes Vexans*. En situation moyenne, l'émergence des *Aedes* est fugace et ne concerne que la première moitié de la saison des pluies. En revanche, suite à la pause pluviométrique d'environ 21 jours, une pluie efficace a favorisé la mise en eau des œufs d'*Aedes Vexans* suffisamment secs auparavant, pour enfin permettre une émergence inhabituelle en octobre (semaines 32 et 33). En effet, ces fortes pluies survenues en fin de saison permettent l'éclosion des œufs des *Aedes* qui en principe, n'aurait dû intervenir qu'en début de saison des pluies. En outre, d'une part et d'autre part, le maintien à un niveau élevé des populations de *Culex*. Grâce à la transmission transovarienne, le virus se

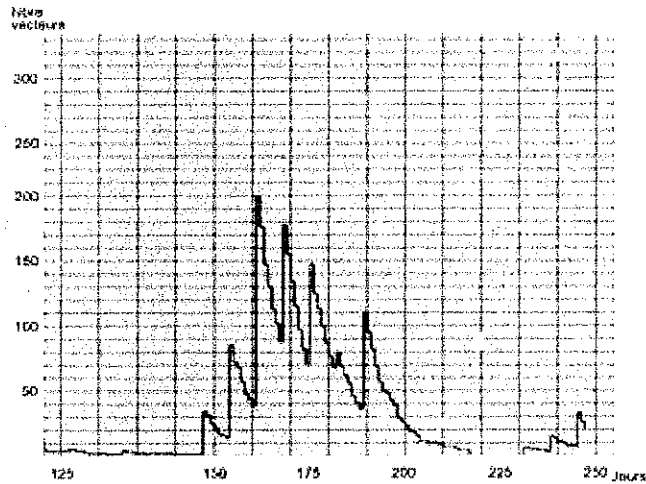


Figure 8 – Evolution des vecteurs de la FVR basée sur le scénario de référence (saison des pluies 2002)

retrouve dans un environnement doublement favorable avec des possibilités de dispersion (ou d'initialisation du cycle épidémiologique, rôle des *Aedes*) et d'amplification (rôle des *Culex*). Par rapport à l'évolution des troupeaux infectés, la figure 11 nous permet de tirer quelques renseignements.

Durant la période de présence d'*Aedes Vexans*, nous notons la présence de troupeaux infectés (moins de 2% des troupeaux de la zone). Suite à la réapparition des *Aedes Vexans* et la recrudescence des *Culex poicilipes*, une forte propagation de l'infection est observée (plus de 60% des troupeaux de la zone). La présence d'*Aedes Vexans* entretient la circulation virale, et le nombre de *Culex poicilipes* intensifie la transmission aux animaux.



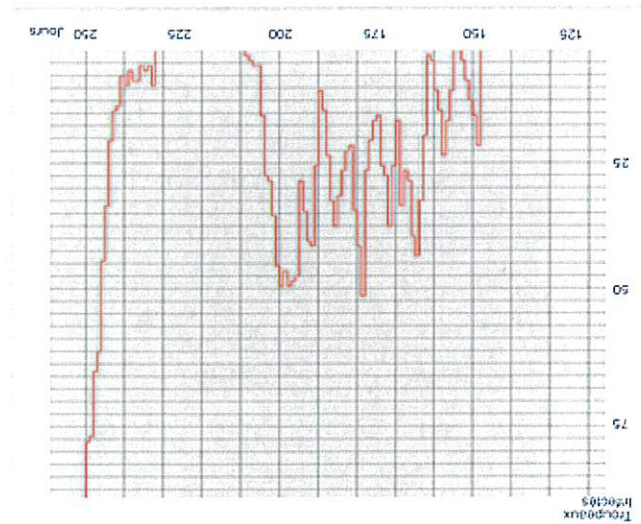


Figure 9 – Evolution des troupeaux infectés scénario de référence

## 6.2. Scénario 2 : pluies intenses et régulières

**Description du scénario :** Il s'agit d'une saison avec des pluies intenses (nettement supérieures à la valeur de référence des pluies efficaces, 20mm) et régulières.

### 6.2.1. Evolution du nombre de *Culex Poicillipes* et d'*Aedes Vexans*

La première pluie efficace a provoqué une poussée rapide du nombre d'*Aedes Vexans*, ce nombre a régulièrement varié suivant les pluies enregistrées avant de subir progressivement une baisse jusqu'à la fin de la saison. **L'apparition des *Culex poicillipes* intervient tôt dans la saison, mais leur présence massive n'est observée qu'à un moment où les *Aedes Vexans* sont quasiment inexistant.** Nous notons deux faibles pics de troupeaux infectés (moins de 2% de troupeaux infectés) :

– Le premier pic coïncide avec la période de présence massive d'*Aedes Vexans*. En l'absence de *Culex Poicillipes* durant cette période, les *Aedes Vexans* constituent les seuls vecteurs. Cependant, leur nombre et leur agressivité ne sont pas suffisants pour une circulation virale im-

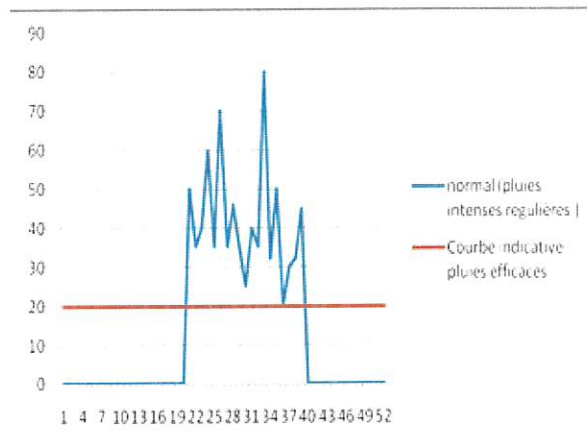


Figure 10 – Courbe pluviométrique scénario 2

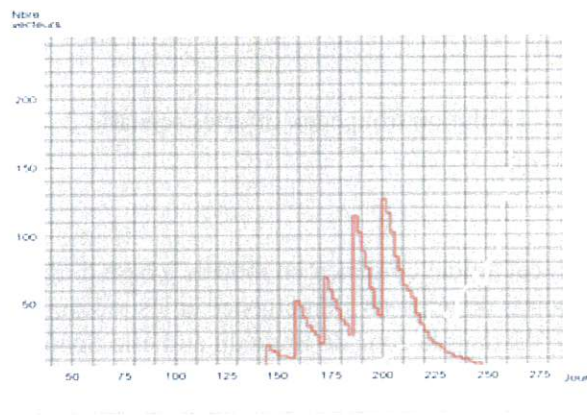


Figure 11 – Evolution Vecteurs scénario 2

portante.

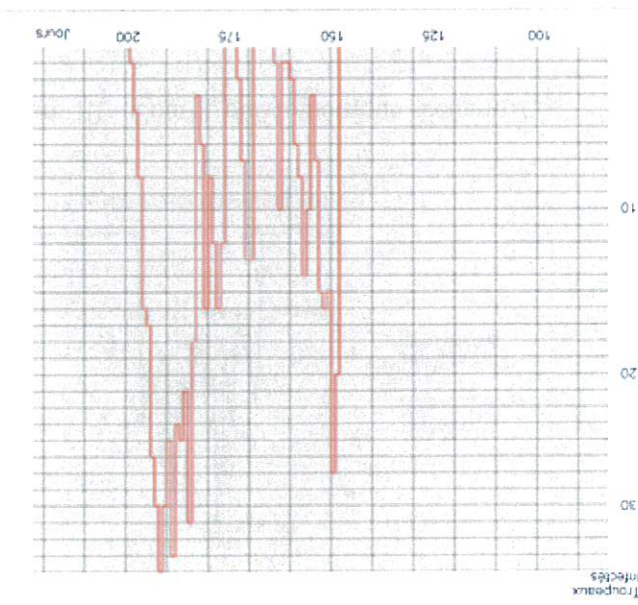


Figure 12 – Evolution troupeaux infectés scénario 2

## 7. Conclusion

Nous avons dans cet article co-conçu un modèle à base d'agents qui intègre différents points de vues sur l'émergence et les mécanismes de transmission de la FVR dans la zone de Barkédji au Fero Sénégalais.

L'outil de modélisation et de simulation de systèmes complexes GAMA a été utilisé. La flexibilité dans la description des modèles grâce notamment au langage de modélisation GAML en fait un outil intéressant pour la modélisation et la simulation de systèmes complexes.

Les premiers résultats de simulations confirment les principales hypothèses de Ndione et al. (2006) sur les occurrences périodiques de la Fièvre de la vallée du Rift dans la zone de Barkédji.

Cependant, pour aller vers des modèles plus réalistes avec un nombre plus représentatif d'agents et une meilleure prise en compte de la nature complexe de la maladie, nous proposons, pour la suite de ce travail,

d'améliorer les performances de l'outil et la structuration du modèle selon différents niveaux abstraction.

### Références

- [ALM<sup>+</sup>02] A. Anyamba, K.J. Linthicum, R. Mahoney, C.J. Tucker, and P.W. Kelley. Mapping potential risk of rift valley fever outbreaks in african savannas using vegetation index time series data. *Photogrammetric engineering and remote sensing*, 68(2) :137–145, 2002.
- [BDK<sup>+</sup>05] Y. Ba, D. Diallo, CMF. Kebe, I. Dia, and M.Diallo. Aspects of bioecology of two rift valley fever virus vectors in senegal (west africa) : *Aedes vexans* and *Culex poicilipes* (diptera : Culicidae). *J Med Entomol*, 42 :739–50, 2005.
- [CLT<sup>+</sup>04] V. Chevalier, R. Lancelot, Y. Thiongane, B. Sall, A. Diaite, and B.Mondet. Rift valley fever in small ruminants. *Emerg Infect Dis*, 11 :1693–1700, 2004.
- [Dau06] E. Daude. A monte carlo approach to diffusion : une étude " historique " revisitée par la modélisation multi-agents. *Modélisation et simulation multi-agents applications pour les Sciences de l' Homme et de la Société*, pages 385–409, 2006.
- [DIO06] R. P. DIOP. *Spatialisation du risque de transmission de la fièvre de la vallée du Rift*. 2006.
- [DLSM00] M. Diallo, L. Lochouarn, A.A. Sall, and M. Mondo. First isolation of the rift valley fever virus from *Culex poicilipes* (diptera : Culicidae) in nature. *Am J Trop Med Hyg*, 2(62), 2000.
- [EDW41] FW EDWARDS. *Mosquitoes of the Ethiopian region. III Culicine adults and pupae*. (British Museum (Natural History)), 1941.

- [FTLZ+95] D. Fontenille, M. Traore-Lamizana, H. Zeller, M. Mondo, M. Diallo, and JP. Digoutte. Rift valley fever in western africa : isolations from aedes vexans mosquitoes during an interepizootic period. *Am J Trop Med Hyg*, 52:403–, 1995.
- [FTLZ+98] D. Fontenille, M. Traore-Lamizana, H. Zeller, J. Thonnon, M. Diallo, and JP. Digoutte. New vector of rift valley fever in west africa. *Emerg Infect Dis*, 4(52):289–293, 1998.
- [GUB±06] V. Grimm, U.Berger, F. Bastiansen, S.Eliassenc, Vincent Gimot, J. Giskec, J. Goss-Custarde, T.Grand, S.K. Heinz, G. Huseg, A. Huth, J.U. Jepsen, C. Jorgensen, W. M. Mooij, B. Muller, Guy Peèr, C. Pioub, S. F. Ralilsback, A. M. Robbins, M.M. Robbink, E. Rossmannith, N. Ruger, E. Strand, S. Soussim, R. A. Stillman, R. Vabo, U. Visser, and D. L. DeAngelis. A standard protocol for describing individual-based and agent-based models. *Science direct*, 198:115–126, 2006.
- [GUD+10] V. Grimm, U.Berger, D. L. DeAngelis, G Polhill, J Giske, and S. F. Ralilsback. The odd protocol : a review and first update. *Ecological Modelling*, 221:2760–2768, 2010.
- [LDBK83] KJ. Linticum, FG. Davies, CL. Bailey, and A. Kairo. Mosquito species succession in a dambo in an east african forest. *Mosquito News*, 43:464–470, 1983.
- [LTV+07] JP. Lacaux, YM. Toure, C. Vignolles, JA. Ndiome, and M. Lafaye. Classification of ponds from highspatial resolution remote sensing : Application to rift valley fever epidemics in senegal. *Remote Sens Environ*, 106:66–74, 2007.
- [MDF+05] B. Mondet, A. Diatè, AG. Fall, V. Chevalier, R. Lancelot, M. Ndiaye, and N. Pongon. Rainfall patterns and population dynamics of aedes (aediomorphus) vexans arabiensis, patton 1905 (diptera : Culicidae), a potential vector of rift valley fever virus in senegal. *Environ Ris Sante*, 30:102–106, 2005.

- [MDFC05] B. Mondet, A. Diaite, AG. Fall, and V. Chevalier. Relations entre la pluviométrie et le risque de transmission virale par les moustiques : cas du virus de la rift valley fever (rvf) dans le ferlo (senegal). *Environ Ris Sante*, 4 :125–129, 2005.
- [MG00] P. Muller and N. Gaertner. *Modélisation objet avec UML. 2eme edition*. (Paris : Eyrolles), 2000.
- [NDLG03] J. A. Ndione, M. Diop, J.P. Lacaux, and A.T. Gaye. Variabilité intra-saisonnière de la pluviométrie et émergence de la fièvre de la vallée du rift (fvr) dans la vallée du fleuve senegal : nouvelles considérations. *Climatologie*, 2(3), 2003.
- [NLT±09] Jacques Andre Ndione, Jean Pierre Lacaux, Yves Tourre, Cecile Vignolles, Delphine Fontanaz, and Murielle Lafaye. Mares temporaires et risques sanitaires au ferlo : contribution de la télédétection pour l' étude de la fièvre de la vallée du rift entre août 2003 et janvier 2004. *Secheresse 2009*, 1(20) :153–60, 2009.
- [RMDP04] S. De La Rocque, V. Michel, D.Plazanet, and R. Pin. Remote sensing and epidemiology : examples of application for two vector-borne diseases. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*, 27 :331–341, 2004.
- [TDZ08] J. P. Treuil, A. Drogoul, and J. D. Zucker. *Modélisation et simulation à base d'agents*. (Paris : Dunod), 2008.
- [VLT±09] Cecile Vignolles, Jean-Pierre Lacaux, Yves M. Tourre, Guillaume Bigeard, Jacques-Andre Ndione, and Murielle Lafaye. Rift valley fever in a zone potentially occupied by aedes vexans in senegal : dynamics and risk mapping. *Geospatial Health*, 2(3) :211–220, 2009.
- [ZFTL+97] H.G. Zeller, D. Fontenille, M. Traore-Lamizana, Y. Thion-gane, and J.P. Digoutte. Enzootic activity of rift valley fever virus in senegal. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 56(3) :265–272, 1997.

