



HAL
open science

Simulations d'épizooties de fièvre aphteuse et aide à la décision : approches épidémiologique et économique

Séverine Rautureau

► **To cite this version:**

Séverine Rautureau. Simulations d'épizooties de fièvre aphteuse et aide à la décision : approches épidémiologique et économique. Santé publique et épidémiologie. Université Paris Sud - Paris XI, 2012. Français. NNT : 2012PA11T002 . tel-00709417

HAL Id: tel-00709417

<https://theses.hal.science/tel-00709417>

Submitted on 18 Jun 2012

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.

UNIVERSITE PARIS XI
FACULTE DE MEDECINE PARIS-SUD
Ecole doctorale 420, santé publique, Paris Sud 11, Paris Descartes

2012

N° attribué par la bibliothèque

_____|_____|_____|_____|_____|_____|_____|_____|_____|_____|

THESE

pour obtenir le grade de

DOCTEUR DE L'UNIVERSITE PARIS XI

Discipline : Santé publique

Spécialité : épidémiologie

présentée et soutenue publiquement par

Séverine RAUTUREAU

le 18 janvier 2012

SIMULATIONS D'EPIZOOTIES DE FIEVRE APHTEUSE

ET AIDE A LA DECISION

APPROCHES EPIDEMIOLOGIQUE ET ECONOMIQUE

Thèse dirigée par Barbara Dufour et Benoit Durand

JURY

M. Jean BOUYER	Président
M. Christian DUCROT	Rapporteur
M. Stéphan ZIENTARA	Rapporteur
M. Renaud LANCELOT	Examineur
M. Pascal HENDRIKX	Examineur
Mme Barbara DUFOUR	Directeur de thèse
M. Benoit DURAND	Directeur de thèse

REMERCIEMENTS

Mes remerciements vont tout d'abord à Barbara Dufour et Benoit Durand qui ont encadré mon travail de thèse. Merci pour leur patience et leur soutien ; « *courage et détermination !* »

Merci à toute l'équipe EPI pour leur accueil et leur soutien inconditionnel, pour m'avoir encouragée et aidée à surmonter les moments de difficultés ...

J'exprime ma profonde gratitude à la direction générale de l'ANSES mais aussi au laboratoire de santé animale de Maisons-Alfort et tout particulièrement à son directeur Pascal Boireau, pour m'avoir accordée confiance et soutien.

Je tiens également à remercier sincèrement Jean-Pierre Cotard, Malcolm Saunders et Yves Leforban, sans qui, le projet n'aurait pas pu continuer... et qui ont contribué à son bon déroulement.

Je voudrais également remercier les personnes rencontrées durant ce projet dans les différentes organisations professionnelles (BDporc, Races de France, Institut de l'élevage, Caprigène, FMBV,...) et bureaux de la DGAI, les membres de mon comité de thèse et ceux du groupe d'experts FA pour leurs conseils, leur savoir, leur collaboration, m'aidant ainsi à alimenter cette étude.

Julie Rivière, par son travail de master, a largement contribué au projet. Je lui en suis très reconnaissante, notamment pour les nombreux échanges conviviaux et studieux qu'on a pu avoir.

Jean Bouyer a bien voulu présider le jury de cette thèse et je l'en remercie. Je remercie à travers lui l'école doctorale de santé publique pour m'avoir permise de développer ce travail.

Je remercie Christian Ducrot et Stéphan Zientara pour avoir accepté d'être rapporteurs de ce travail. Mes remerciements vont aussi à Renaud Lancelot et Pascal Hendrikx, les examinateurs.

*« C'est par le malentendu universel que tout le monde s'accorde.
Car si, par malheur, on se comprenait, on ne pourrait jamais
s'accorder. »*

Charles Baudelaire, « mon cœur mis à nu » , 1864.

A mes bonnes étoiles rencontrées sur les
chemins d'Est en Ouest ,
A ma famille, mes parents,
A mon père.

VALORISATION DES TRAVAUX

Publications issues des résultats de la thèse jointes en annexe :

- Rautureau S., Dufour B. and Durand B. Vulnerability of Animal Trade Networks to The Spread of Infectious Diseases: A Methodological Approach Applied to Evaluation and Emergency Control Strategies in Cattle, France, 2005. *Transboundary and Emerging Diseases*. **58** (2011) 110–120
- Rautureau S., Dufour B. and Durand B. Structuring the passive surveillance network improves the efficacy of epizootics detection and control: a simulation study on FMD in France. *Transboundary and Emerging Diseases*, on line, doi:10.1111/j.1865-1682.2011.01271.x .
- Rautureau S., Dufour B. and Durand B. Structural vulnerability of French swine trade network to spread of infectious disease. *Animal*. Accepté définitivement le 28 novembre 2011.

Autre publication

- Dommergues L., Rautureau S., Petit E., Dufour B. Contacts between cattle herds in a French area infected with bovine tuberculosis (social network analysis method), *Transboundary and Emerging Diseases*, Accepté définitivement le 26 septembre 2011.

Communications orales et affichées internationales

- Analysis of cattle movements in France in 2005: Potential use for predicting the risk of pathogen dissemination. Workshop ARBOZONET, Montpellier, 2009
- Rautureau S., Dufour B. and Durand B. Analysis of cattle movements in France: Characterizing the role of the markets and dealers. Poster, Society for Veterinary Epidemiology and Preventive Medicine (SVEPM), Nantes 2010
- Rautureau S., Dufour B. and Durand B. Targeted surveillance of cattle trade using social network analysis tools. *Epidémiologie et santé animale*. e-poster. Proceeding of the international Conference on Animal Health Surveillance (ICAHS). **59-60** (2011)58-60.

Publications et communications orales en français

- Rautureau S., Dufour B. and Durand B. Etude de la diffusion silencieuse de la fièvre aphteuse dans le réseau d'élevages français. *Epidémiologie et santé animale*. **55** (2009)59-71
- Rautureau S., Dufour B. and Durand B. Analyse du réseau d'échanges bovins français. Focus sur des sous-groupes d'établissements à structure vulnérable face à la diffusion de maladie ; les 'giant strong components'. *Epidémiologie et santé animale*. **58** (2009)113-121

Collaboration à des projets autres :

- ⤴ SANCRE ; VR 2. Impacts des maladies épidémiques sur la compétitivité selon les caractéristiques du territoire ; caractérisation des vulnérabilités économiques des filières du Grand Ouest générées par l'apparition de maladies épidémiques.
- ⤴ Co-encadrement de deux stages de master 2 « surveillance des maladies humaines et animales »
 - Analyse de simulations d'épizooties de fièvre aphteuse dans le Grand Ouest de la France. J.Rivière
 - Analyse des contacts entre élevages bovins en 2010 dans une zone de Bourgogne infectée de tuberculose par la méthode d'analyse des réseaux sociaux. L. Dommergues
- ⤴ Organisation de l'atelier méthodologique lors des journées de l'AEEMA 2010 sur l'analyse de réseau, méthode SNA.

TABLE DES MATIERES

INDEX DES FIGURES ET TABLES	13
ABREVIATIONS.....	17
INTRODUCTION.....	19

1^{ERE} PARTIE :

ETUDE BIBLIOGRAPHIQUE

FIEVRE APHTEUSE ET AIDE A LA DECISION.....	27
1 EPIDEMIOLOGIE DE LA FIEVRE APHTEUSE	27
1.1 Etiologie et espèces sensibles.....	27
1.2 Pathogénie.....	29
1.3 Symptômes et lésions.....	30
1.4 Voies de contamination.....	31
1.4.1 Sources de virus.....	31
1.4.2 Réceptivité.....	33
1.4.3 Mode de propagation.....	34
2 SURVEILLANCE ET GESTION DE LA FIEVRE APHTEUSE EN FRANCE	37
2.1 Surveillance.....	37
2.1.1 Réseau d’alerte et de surveillance.....	37
2.1.2 Vigilance et détection précoce.....	38
2.1.3 Outils de dépistage de laboratoire.....	39
2.2 Gestion d’une épizootie.....	40
2.2.1 Prophylaxie sanitaire et abattage des animaux.....	40
2.2.2 Mesures complémentaires.....	41
2.3 Sortie de crise.....	45
2.4 Préparation et planification.....	45
3 PERTES ECONOMIQUES INDUITES PAR LA FIEVRE APHTEUSE	47
4 VERS UN OUTIL D’AIDE A LA DECISION CONTRE LA FIEVRE APHTEUSE.....	51
4.1 Caractérisation du réseau d’élevages.....	52
4.1.1 Principe de l’analyse de réseaux.....	53
4.1.1.1 Mesures et indicateurs « réseau ».....	53
4.1.1.2 Structure et typologie de réseau.....	56
4.1.2 Analyse structurale de réseau appliquée au réseau d’élevages.....	57
4.1.2.1 Etude descriptive du réseau d’élevage.....	58
4.1.2.2 Etude de la vulnérabilité du réseau face à la diffusion de maladie.....	58
4.1.2.3 Apport pour la modélisation.....	61
4.2 Modélisation de la fièvre aphteuse.....	63
4.2.1 Généralités sur la modélisation.....	63
4.2.1.1 Définitions.....	63
4.2.1.2 Représentation de la population.....	64
4.2.1.3 Représentation dynamique de la diffusion de maladie.....	65

4.2.1.4	Hétérogénéité de la population et composante spatiale.....	66
4.2.2	Modèles de diffusion de la fièvre aphteuse.....	67
4.2.2.1	Caractéristiques de diffusion.....	67
4.2.2.2	Caractéristiques de détection	70
4.3	Evaluation efficacité/coût des stratégies de lutte	72
4.3.1	Approche épidémiologique.....	72
4.3.2	Approche économique	73

2^{EME} PARTIE :

TRAVAUX PERSONNELS

A/ STRUCTURE DU RESEAU D'ELEVAGES FRANÇAIS	81
1 INTRODUCTION.....	81
2 MATERIELS ET METHODES	83
2.1 Données	83
2.2 Connaissance de la structure d'élevage.....	85
2.2.1 La population.....	85
2.2.2 Les mouvements d'animaux.....	85
2.3 Etude de la vulnérabilité du réseau d'élevages face à la diffusion de maladie	86
2.3.1 Création de réseaux de mouvements d'animaux	86
2.3.2 Analyse de réseaux d'échange	87
2.3.2.1 Caractérisations des réseaux.....	88
2.3.2.2 Mise en évidence et études de sous-graphes	88
3 RESULTATS.....	91
3.1 Connaissance de la structure de l'élevage français	91
3.1.1 La population.....	91
3.1.2 Les mouvements d'animaux.....	94
3.1.2.1 Mouvements de bovins	94
3.1.2.2 Mouvements de porcs.....	95
3.1.2.3 Mouvements de petits ruminants	97
3.2 Analyse de réseaux d'échange.....	100
3.2.1 Caractérisation des réseaux	100
3.2.1.1 Les réseaux d'échanges bovins.....	100
3.2.1.2 Les réseaux d'échanges porcins	102
3.2.2 Emergence de sous graphes.....	107
3.2.2.1 Les GSC : Cas des bovins	107
3.2.2.2 Les Communautés : cas des porcins.....	110
4 DISCUSSION	113
4.1 La population : élevages et établissements hébergeant des animaux	113
4.2 Caractéristiques des mouvements d'animaux.....	113
4.3 L'analyse de réseaux.....	114
4.4 Réseaux et diffusion de maladie.....	115
5 CONCLUSION.....	117

B / CARACTERISATION DES EPIZOOTIES DE FIEVRE APHTEUSE ET EVALUATION DE SCENARIOS	
D'INTERVENTION	119
1	INTRODUCTION..... 119
2	MATERIEL ET METHODE 121
2.1	Données 121
2.1.1	Le réseau d'élevages 121
2.1.2	Le maillage vétérinaire 121
2.1.3	Données économiques..... 122
2.1.3.1	Coût pour l'Etat..... 122
2.1.3.2	Coût pour le secteur de l'élevage..... 123
2.1.3.3	Coût pour les abattoirs 124
2.2	Construction du modèle de diffusion 125
2.2.1	Description du modèle 125
2.2.1.1	Dynamique d'infection dans un élevage 126
2.2.1.2	Diffusion de l'infection entre élevages..... 128
2.2.1.3	Surveillance et détection de la maladie 130
2.2.1.4	Mesures de contrôle..... 131
2.2.2	Paramétrage du modèle..... 134
2.2.2.1	Transmission au sein des élevages et entre les élevages..... 134
2.2.2.2	Surveillance et détection..... 136
2.2.2.3	Mesures de contrôle..... 137
2.3	Exploitation 140
2.3.1	Etude de l'organisation du réseau de surveillance passif 142
2.3.2	Comparaison de stratégies de lutte fixes..... 144
2.3.2.1	Caractérisation de la phase silencieuse..... 145
2.3.2.2	Maîtrise des épizooties..... 145
2.3.2.3	Dynamique temporelle de la diffusion de la maladie 146
2.3.2.4	Dynamique spatiale de la diffusion de la maladie..... 146
2.3.2.5	Comparaison économique..... 147
3	RESULTATS..... 149
3.1	Etude de l'organisation du réseau de surveillance passif..... 149
3.2	Comparaison de stratégies de lutte fixes..... 154
3.2.1	Phase de diffusion silencieuse de la maladie 154
3.2.2	Maîtrise des épizooties 156
3.2.3	Dynamique temporelle de la diffusion de la maladie 160
3.2.4	Dynamique spatiale de la diffusion de la maladie 167
3.2.5	Comparaison économique 172
4	DISCUSSION 191
4.1	Le modèle de diffusion..... 191
4.2	La phase silencieuse..... 192
4.3	L'organisation du système de surveillance passive 193
4.4	La comparaison de stratégies de lutte..... 194
5	CONCLUSION..... 198

3^{EME} PARTIE :

DISCUSSION GENERALE	201
CONCLUSION GENERALE.....	207
REFERENCES.....	209
ANNEXES	215
Annexe 1 : Indicateurs d'analyse de réseau et diffusion de maladie.....	216
Annexe 2 : Questionnaire pour le paramétrage d'un modèle de diffusion de la Fièvre Aphteuse. ...	217
Annexe 3 : Coûts moyens des épizooties de FA selon la région d'introduction de la maladie.....	219
Annexe 4 : Article 1, Vulnerability of animal Trade networks to the spread of infectious disease: A methodological approach applied to evaluation and emergency control strategies in cattle, France, 2005.....	220
Annexe 5 : Article 2 , Structuring the passive surveillance network improves epizootic detection and control efficacy: a simulation study on FMD in France	231
Annexe 6 : Article 3,Structural vulnerability of the French swine industry trade network to the spread of infectious diseases	243

INDEX DES FIGURES ET TABLES

FIGURES

Les données ont été illustrées grâce à l'utilisation du logiciel Arcview®.

Figure 1 : Statuts 2010 des pays vis-à-vis de la fièvre aphteuse et répartition des différents sérotypes.....	28
Figure 2 : Evolution théorique du processus aphteux.....	29
Figure 3 : Mesures d'intervention en cas d'épizootie de fièvre aphteuse.....	42
Figure 4 : Schéma d'aide à la décision concernant l'abattage préventif et la vaccination péri-focale.	44
Figure 5 : Les acteurs dans l'élaboration d'un outil d'aide à la décision pour maîtriser les maladies animales	51
Figure 6 : Illustration de différents types de réseau	56
Figure 7 : Exemple d'un processus d'infection dans un modèle épidémiologique.....	65
Figure 8 : Cartographie des zones à risques de diffusion du virus aphteux en France, à partir de l'estimation du taux de reproduction de base R0	69
Figure 9 : Schéma décisionnel d'évaluation de l'impact économique des maladies animales et des mesures de lutte.....	74
Figure 10. Répartition spatiale des cheptels bovins (laitiers et allaitants), porcins, petits ruminants français.	92
Figure 11. Répartition spatiale des cheptels ovins et caprins français selon les bassins de production	93
Figure 12 : Mouvements mensuels départementaux de bovins et porcins.....	95
Figure 13 : Schémas de mouvements pour des élevages ovins en France	99
Figure 14 : Distribution des degrés (à gauche) et des coefficients de clustering selon les degrés (à droite), réseau de mouvements bovins annuel, 2005.	101
Figure 15 : Mesures de centralité des établissements du réseau d'échange bovin	102
Figure 16 : Distribution des degrés du réseau à un mode (à gauche) et du réseau à deux modes (à droite) de mouvements de porcs de janvier à juin 2010.	105
Figure 17 : Distribution des coefficients de clustering selon les degrés du réseau de mouvements de porcs de janvier à juin 2010.	105
Figure 18 : Mesures de centralité des établissements du réseau d'échanges porcin	106
Figure 19 : Répartition du nombre d'établissements participant à des échanges de bovins dans les GSC mensuels et hebdomadaires sur l'année 2005.....	108
Figure 20 : Répartition géographique des établissements d'élevage détenant des bovins et participant à des GSCs.	109
Figure 21 : Distribution spatiale des communautés détectées les plus grandes (< 1000 nœuds) dans les réseaux d'échanges de porcs avec et sans abattoirs au cours du 1 ^{er} semestre 2010.	112
Figure 22 : Nombre moyen d'élevages par cabinet vétérinaire dans les départements métropolitains.	121
Figure 23 : Schéma de diffusion intra-lot	125
Figure 24 : Schéma du modèle de diffusion.....	127
Figure 25 : Réseau de contacts directs entre exploitations	135
Figure 26 : Détail de résultats pour un jeu de simulations	151
Figure 27 : Distribution des durées de phase silencieuse de diffusion de FA.....	155
Figure 28 : Distribution du nombre d'infectés de la fin de la phase silencieuse de diffusion de FA ..	155
Figure 29 : Maîtrise des épizooties selon la région d'introduction de la maladie	159

Figure 30 : Durée moyenne d'épizooties de FA maîtrisées (jours) selon la région d'introduction.....	163
Figure 31 : Incidence cumulée moyenne du nombre d'infectés durant les épizooties de FA selon les différentes stratégies de lutte pour des épizooties à diffusion lente	164
Figure 32 : Incidence cumulée moyenne du nombre d'infectés durant les épizooties de FA selon les différentes stratégies de lutte pour des épizooties à diffusion rapide	165
Figure 33 : Nombre de foyers moyens de FA pour des épizooties maîtrisées selon la région d'introduction.....	169
Figure 34 : Implication des départements dans la diffusion d'épizooties de FA en France.....	170
Figure 35 : Coûts moyens induits pour l'Etat selon la région d'introduction et les différentes stratégies de lutte.	176
Figure 36 : Stratégie optimale pour chaque région d'introduction pour l'Etat (coûts moyens induits)	177
Figure 37 : Coûts moyens induits pour le secteur de l'élevage selon la région d'introduction et les différentes stratégies de lutte.....	181
Figure 38 : Stratégie optimale pour chaque région d'introduction pour le secteur de l'élevage (bovin et porc) (coûts moyens induits).....	182
Figure 39 : Coûts moyens induits pour le secteur « abattoir » (bovin et porc) selon la région d'introduction et les différentes stratégies de lutte.	186
Figure 40 : Stratégie optimale pour chaque région d'introduction pour le secteur « abattoir » (bovin et porc) (coûts moyens induits).....	187
Figure 41 : Stratégies optimales en termes de coûts moyens induits pour les différents secteurs par des épizooties de FA.....	188

TABLES

Tableau I : Resistance aux agents physiques et chimiques du virus de la FA.....	27
Tableau II : Doses minimales de virus de la FA nécessaires pour infecter différentes espèces selon les voies d'exposition.....	33
Tableau III : Synthèse de l'épizootie de 2001 en Europe	39
Tableau IV : Critères de décision pour l'application de la vaccination préventive.....	43
Tableau V : Etudes des mouvements d'animaux de rente en Europe par la méthode d'analyse de réseaux	59
Tableau VI : Répartition des élevages par type de production	91
Tableau VII : Bassins d'élevages ovins et caprins	93
Tableau VIII : Mouvements de bovins entre établissements, en nombre d'animaux (x1000), 2005. ..	94
Tableau IX : Nombre de porcins, de mouvements et de tournées concernées par chargement et déchargement dans un établissement selon le type de production de janvier à juin 2010.....	96
Tableau X : Nombre d'élevages professionnels d'ovins et de caprins.	97
Tableau XI : Description des réseaux d'échanges bovins de 2005 (annuel, mensuels et hebdomadaires).	100
Tableau XII : Description des réseaux d'échanges porcins en deux modes (1 ^{er} semestre 2010, mensuels et hebdomadaires).....	103
Tableau XIII : Description des réseaux d'échanges porcins en un mode (1 ^{er} semestre 2010, mensuels et hebdomadaires)	104
Tableau XIV : Description des 'giant strong components' issus des réseaux d'échanges bovins 2005.	107
Tableau XV : Nombre d'établissements retirés pour obtenir la disparition des GSC dans les différents réseaux d'échanges bovins, 2005.....	110
Tableau XVI : Nombre d'établissements et de liens au sein des communautés détectées dans les réseaux d'échanges de porcs avec et sans abattoirs au cours du 1 ^{er} semestre 2010.....	111
Tableau XVII : Elevages composant les plus grandes communautés détectées (<1000) dans le réseau d'échanges porcins sans abattoirs au cours du 1 ^{er} semestre 2010.....	112
Tableau XVIII : Estimations des coûts moyens pour les postes économiques attribués à l'Etat lors d'une épizootie de FA en France	123
Tableau XIX : Estimations des coûts moyens pour les postes économiques attribués au secteur de l'élevage (bovin et porcin) lors d'une épizootie de FA en France	124
Tableau XX : Estimations des coûts moyens pour les postes économiques attribués pour les abattoirs lors d'une épizootie de FA en France	125
Tableau XXI : Variables et hypothèses utilisées pour paramétrer le modèle de diffusion de FA.	133
Tableau XXII : Taux d'accroissement de vigilance ('awareness') pour les éleveurs et vétérinaires....	137
Tableau XXIII : Mesures recommandées ou réglementaires utilisées et ressources attribuées pour le paramétrage des mesures de lutte du modèle de diffusion FA.....	138
Tableau XXIV : Stratégies de lutte utilisées dans l'exploitation du modèle de diffusion de FA.....	139
Tableau XXV : Caractéristiques des épizooties de FA simulées pour tout le territoire selon l'organisation du réseau de surveillance passive	149
Tableau XXVI : Caractéristiques des épizooties de FA simulées, par région d'introduction.....	150
Tableau XXVII : Résultats de l'analyse multivariée de séries de simulation FA : Impact de l'organisation du réseau de surveillance sur les caractéristiques des épizooties.....	153
Tableau XXVIII : Caractéristiques des phases silencieuses d'épizooties de FA.	154
Tableau XXIX : Maîtrise d'épizooties de FA en France selon différentes stratégies de lutte.....	157
Tableau XXX : Résultats de l'analyse multivariée concernant la maîtrise d'épizooties de FA.	158

Tableau XXXI : Ampleurs médianes d'épizooties de FA en France selon les différentes stratégies de lutte avec des ressources normales.	161
Tableau XXXII : Ampleurs médianes d'épizooties de FA en France selon les différentes stratégies de lutte avec des ressources dégradées (-30%).	161
Tableau XXXIII : Résultats de l'analyse multivariée concernant la durée d'épizooties de FA.....	162
Tableau XXXIV : Résultats de l'analyse multivariée concernant le nombre de foyers pour des épizooties de FA	168
Tableau XXXV : Coûts médians induits pour l'Etat pour des épizooties de FA.....	172
Tableau XXXVI : Coûts moyens induits pour l'Etat et nombres d'animaux moyens abattus et vaccinés par stratégie de lutte pour toutes épizooties gérées avec des ressources normales.....	173
Tableau XXXVII : Coûts moyens induits pour l'Etat et nombres d'animaux moyens abattus et vaccinés par stratégie de lutte pour toutes épizooties gérées avec des ressources dégradées.....	174
Tableau XXXVIII : Résultats de l'analyse multivariée concernant les coûts induits pour l'Etat par des épizooties de FA	175
Tableau XXXIX : Coûts médians induits pour le secteur de l'élevage (bovin et porc) par stratégie de lutte pour toutes épizooties de FA.....	178
Tableau XL : Coûts moyens induits pour le secteur de l'élevage (bovin et porc) et nombre moyen d'élevages séquestrés et durée moyenne de séquestration par stratégie de lutte gérée avec des ressources normales.....	179
Tableau XLI : Coûts moyens induits pour le secteur de l'élevage (bovin et porc) et nombre moyen d'élevages séquestrés et durée moyenne de séquestration par stratégie de lutte gérée avec des ressources dégradées.....	179
Tableau XLII : Résultats de l'analyse multivariée concernant les coûts induits par des épizooties de FA pour le secteur de l'élevage (bovin et porc).....	180
Tableau XLIII : Coûts médians induits pour le secteur « abattoir » (bovin et porc) par stratégie de lutte pour toutes épizooties de FA.	183
Tableau XLIV : Coûts moyens induits pour le secteur « abattoir » (bovin et porc) par stratégie de lutte pour toutes épizooties de FA.	184
Tableau XLV : Résultats de l'analyse multivariée concernant les coûts induits par des épizooties de FA pour le secteur « abattoir ».....	185
Tableau XLVI : Synthèse d'efficacité et d'efficience des différentes stratégies de lutte	189

ABREVIATIONS

AA	Stratégie de lutte : abattage préventif en anneau pour toutes les espèces sensibles
AFSSA/ANSES	Agence nationale de sécurité sanitaire, de l'alimentation, de l'environnement et du travail
BDNI	Base de données nationale d'identification
BDPORC	Base de données nationale d'identification des porcins
bv	Bovin
CNIEL	Centre National Interprofessionnel de l'Economie Laitière
DGAI	Direction générale de l'alimentation, ministère de l'agriculture
EDE	Code d'exploitation unique attribué à un établissement d'élevage
FA	Fièvre aphteuse
FMBV	Fédération française des Marchés de Bétail Vif
GDS	Groupement de défense sanitaire
GSC	Composant fortement connecté géant - ' <i>giant strong component</i> '
GWC	Composant faiblement connecté géant - ' <i>giant weak component</i> '
LNR	Laboratoire national de référence
OIE	Organisation mondiale de la santé animale
OMC	Organisation mondiale du commerce
pc	Porc
pr	Petits ruminants
SA	Stratégie de lutte : abattage des petits ruminants et des porcs à l'engrais.
SC	Composant fortement connecté - ' <i>strong component</i> '
SNA	Social Network Analysis
SS	Stratégie de lutte de référence : abattage des foyers
TEC	Tonne Equivalent Carcasse
UE	Union Européenne
VA	Stratégie de lutte : vaccination des bovins et des porcs reproducteurs et abattage des petits ruminants et des porcs à l'engrais.
VS	Stratégie de lutte : vaccination des bovins et des porcs reproducteurs
VV	Stratégie de lutte : vaccination préventive en anneau pour toutes les espèces sensibles
WC	Composant faiblement connecté – ' <i>weak component</i> '

INTRODUCTION

La fièvre aphteuse (FA) est, depuis longtemps, une préoccupation majeure des autorités sanitaires dans de nombreux pays. Très contagieuse, cette maladie virale, qui atteint principalement les ruminants et les porcs, se caractérise par une éruption vésiculeuse sur les muqueuses et sur la peau : dans la bouche, entre les onglons, sur la mamelle, d'où la dénomination anglaise *foot and mouth disease*, et allemande *Maul und Klauenseuche*. Médicalement bénigne, la FA occasionne tout de même des pertes de production au sein de l'élevage mais constitue, surtout, un **fléau économique redoutable** pour des raisons commerciales en raison de son **extraordinaire contagiosité**.

La maladie sévit à l'état enzootique dans de nombreux pays, à travers la majeure partie de l'Afrique et du Moyen-Orient avec une prévalence élevée, en Afrique du Sud principalement confinée aux animaux sauvages, en Asie Centrale et du Sud-est et sur le continent Indien. La maladie est présente également aux portes de l'Europe en Turquie, et est récemment apparue en Europe, en Bulgarie (Thrace, région frontière). La préoccupation pour les pays européens porte essentiellement sur les risques de voir ces foyers se déplacer vers l'Ouest. La menace s'est concrétisée mais de façon inattendue en 2001 par une épizootie de plus de 2000 foyers en Grande-Bretagne, avec une contamination beaucoup plus réduite de la France (2 foyers) de l'Irlande (1 foyer) et des Pays-Bas (26 foyers).

En France, en 2001, cette épizootie a suscité beaucoup d'émotion par l'effet de surprise et par la mise en place de mesures préventives d'abattage. Auparavant, les alertes de 1974, 1979, et 1981, quoique fort onéreuses, étaient passées presque inaperçues.

La maladie ne serait apparue en France que tardivement, à partir de 1809, alors qu'à deux reprises, elle aurait sévi à l'Est de nos frontières sans les atteindre, en 1764 et en 1827. L'Angleterre, plus protégée encore que la France, ne l'a connue qu'en 1839. Les auteurs du XIX^e siècle estimaient la mortalité à seulement 2 à 5‰ (Vallat, 2001) mais les veaux, plus sensibles, mouraient parfois davantage. Tant que l'élevage est resté extensif et les échanges internationaux rares, l'impact de la maladie a été considéré comme bénin. Jusque dans les années soixante, la FA était donc en France une maladie enzootique avec des pics épizootiques pouvant atteindre plusieurs centaines de milliers

d'animaux. Sans compter les épizooties du XX^e siècle, celle de 1871 aurait frappé 700 000 animaux, mais la contagion de 1893-1898 a dépassé toutes les autres en intensité.

Ainsi, la France, comme la plupart des pays européens, n'a mis en œuvre un programme de prophylaxie médico-sanitaire contre la FA qu'à partir de 1960 (vaccination facultative puis obligatoire et annuelle de tous les bovins et abattage des élevages en cas de foyers), et a réussi à obtenir, progressivement, une disparition de la maladie.

En 1991, la Communauté Européenne a décidé d'arrêter la vaccination, au vu :

- **D'arguments sanitaires** : En 1989, le territoire communautaire était indemne de fièvre aphteuse depuis presque 10 ans.
- **D'arguments économiques** : Le coût de la vaccination prophylactique a été estimé nettement moins favorable qu'un renforcement des contrôles à l'introduction et qu'une surveillance passive événementielle basée sur une surveillance clinique des animaux.
- **D'arguments commerciaux** : Il n'existait pas de tests permettant de distinguer les anticorps naturels des anticorps vaccinaux et il n'était pas possible de garantir que les animaux vaccinés n'étaient pas porteurs du virus. Le risque potentiel d'héberger de manière inapparente le virus pour les cheptels vaccinés entraîne des restrictions commerciales lors des échanges, les pays ne vaccinant pas fermant leur frontière aux animaux vaccinés. L'absence de vaccination était donc une condition de la liberté des échanges d'animaux et de leurs produits entre les pays.

Entre 1991 et 1993, la vaccination contre la FA a été progressivement interdite dans les pays de l'Union Européenne (UE). La mondialisation des échanges et l'élargissement vers les pays de l'Est amplifient pourtant les risques de contamination des pays européens désormais indemnes de FA et (dont les troupeaux sont non immunisés), par l'importation d'un plus grand nombre d'animaux et surtout de produits potentiellement infectés, non traités ou mal contrôlés. La FA fait depuis l'objet d'une surveillance stricte et de mesures sanitaires très sévères telles que l'abattage et la destruction des foyers et ainsi que l'abattage en anneau des élevages proches ou ayant eu des contacts à risque avec les élevages infectés et des restrictions de circulation des animaux et produits d'origine animale. La vaccination contre la FA des espèces sensibles est interdite sur tout le territoire de l'UE et ne peut être utilisée que sur autorisation en cas de foyers déclaré pour contenir la maladie. Des épizooties ont toutefois continué à sévir sporadiquement de 1990 à 2000, notamment dans les Balkans et en Italie.

Les voies de transmission de maladies contagieuses varient selon l'agent pathogène. Certains demandent des contacts directs et étroits entre animaux alors que d'autres peuvent se transmettre à travers les produits, les excréments ou sécrétions ou de façon indirecte par le matériel, les véhicules ou personnes qui sont en contact avec les animaux. La FA regroupe tous ces modes de contacts et on lui attribue également une diffusion aérienne sur de longue distance (Donaldson and Alexandersen, 2002). Mais même si cette voie a été démontrée par le passé, elle est largement discutée aujourd'hui et les contacts directs et indirects restent les voies majeures de diffusion de la maladie notamment par l'introduction d'un animal infectieux dans le troupeau (Rweyemamu *et al.*, 2008). L'épizootie de 2001 avec sa longue phase silencieuse confirme non seulement le rôle des mouvements d'animaux dans la diffusion de maladie mais attire également l'attention sur une diffusion à bas bruit lors d'échanges commerciaux (Gibbens *et al.*, 2001).

Et si dans l'absolu, l'interaction entre l'agent pathogène et l'individu sensible est désormais bien connue, l'importance des différents modes de contamination a évolué depuis vingt ans. Les profils des établissements se sont modifiés, les contacts entre les élevages ont changé, par exemple. Les mesures actuelles adoptées pour prévenir l'introduction de la FA en Europe consistent en une surveillance renforcée et des contrôles sur les mouvements commerciaux d'animaux et de leurs produits. Le renforcement de la traçabilité et l'identification des animaux contribue à cette surveillance en apportant des connaissances sur les établissements d'élevage et les animaux et les mouvements entre ces exploitations. Par ailleurs, comme l'épizootie 2001 au Royaume-Uni l'a illustré, compte tenu des densités, de l'organisation et du niveau de production actuels des élevages, les conséquences économiques pourraient être catastrophiques du fait des pertes directes (chute de production) mais surtout du fait de pertes indirectes liées à des fermetures de certains marchés d'exportation. Les moyens humains et matériels nécessaires pour appliquer les mesures de lutte seraient également rapidement considérables.

L'épizootie au Royaume-Uni en 2001 a donc rappelé brutalement et de façon sévère que la maladie pouvait ré-émerger en Europe et diffuser fortement dans un pays et entre pays à partir d'un point d'entrée apparemment unique. Cette sévérité (diffusion, impact économique, coût social et politique) (Thompson *et al.*, 2002) pose un certain nombre de questions aux évaluateurs et gestionnaires de risque en France concernant l'appréciation de la situation puis la gestion de l'éradication de la maladie suite à sa réémergence (Chmitelin and Moutou, 2002).

En effet, plusieurs études menées avant 2001 avaient montré que la stratégie purement sanitaire (abattage des troupeaux infectés et abattage des élevages identifiés à risque) était en général et en moyenne économiquement la meilleure à l'échelle d'un pays fortement exportateur de produits agroalimentaires comme la France. Qu'en est-il aujourd'hui ?

Les répercussions de l'introduction de la maladie ne restent plus désormais cantonnées au secteur de l'agriculture et de l'élevage. L'épizootie de 2001 a montré également l'impact potentiel pour le secteur du tourisme au Royaume-Uni et aux Pays-Bas et la mobilisation nouvelle de l'opinion publique contre l'abattage massif d'animaux en rapport avec la stratégie d'abattage préventif menée. Un tel choix de mesure de lutte devra désormais être justifié pour être mieux compris par la société. Dans quelle mesure, alors, une stratégie d'abattage préventif est-elle optimale et acceptable ?

Parallèlement, la mise au point de nouveaux vaccins et de tests sérologiques différentiels (permettant de différencier immunité vaccinale et immunité naturelle) devrait permettre en théorie un assouplissement des conditions et modalités d'utilisation de la vaccination, enrichissant ainsi la palette des outils utilisables par le gestionnaire de risque pour piloter les mesures de lutte (Barnett *et al.*, 2002; Leforban, 2002; Toma *et al.*, 2002). La réglementation communautaire (Directive 2003/85/CE¹) a été récemment modifiée en vue de permettre une vaccination d'urgence non suivie automatiquement d'un abattage des animaux vaccinés.

Peut-on, pour la France, calculer les coûts moyens induits par les différentes stratégies envisageables (abattages sanitaires, abattages préventifs et/ou vaccination) ainsi que leur variabilité? La hiérarchie des stratégies ainsi obtenue est elle la même en terme d'efficacité de maîtrise de la maladie ?

Enfin, les gestionnaires de crise doivent adopter une stratégie de lutte en prenant en compte le contexte de la découverte de l'épizootie et les capacités (humaines et matérielles) du dispositif de lutte, à partir du moment où ces choix argumentés sont possibles. Y a-t-il alors des indicateurs « structurels » (profil de la région de découverte des premiers foyers) qui permettraient le choix d'une stratégie optimale du point de vue épidémiologique et économique et qui seraient de justification aisée?

¹Directive 2003/85/CE du 29 septembre 2003 établissant des mesures communautaires de lutte contre la FA, abrogeant la directive 85/511/CEE et les décisions 89/531/CEE et 91/665/CEE et modifiant la directive 92/46/CEE.

Ce projet de recherche a pour finalité d'apporter des éléments de réponses à ces questions mais aussi plus précisément d'étudier dans quelles limites les structures et pratiques de l'élevage en France permettent d'appréhender un risque de diffusion de maladie et la mise en œuvre d'un dispositif de lutte contre les épizooties de FA.

Si les données issues des épizooties antérieures permettent de poser le problème, elles ne sont pas suffisantes pour apporter toutes les solutions car chaque nouvelle épizootie est différente des précédentes dans un monde en perpétuelle évolution. Il est alors nécessaire de recourir à la modélisation qui permet d'appréhender un grand nombre de scénarios. L'ensemble du projet propose l'analyse de simulations issues de différentes exploitations d'un modèle de diffusion de la maladie mis au point spécifiquement et alimenté par des données d'élevage réalistes.

Dans une première partie, les données bibliographiques relatives à la FA et aux outils utilisés dans le projet sont présentées. Les caractéristiques épidémiologiques et l'impact économique de la maladie sont tout d'abord rappelés. Ensuite, l'approche par les « réseaux » et la méthode d'analyse de réseaux sociaux sont présentés. Des généralités sur la modélisation et une revue des modèles et des études économiques développés sur la FA concluent cette partie.

La deuxième partie constitue la contribution à l'élaboration d'un outil d'aide à la décision dans le choix d'une stratégie de lutte en cas d'introduction de la FA en France. Dans un premier temps, la description et l'analyse du réseau élevage français a permis de caractériser les relations entre établissements et d'estimer une vulnérabilité structurelle face à diffusion de maladie.

Dans un deuxième temps, l'objectif était de décrire la diffusion de FA dans le réseau d'élevage actuel et de comparer l'efficacité et l'efficience de différentes stratégies de lutte envisageables. Plus spécifiquement, ce travail avait pour objet d'identifier d'éventuels indicateurs pertinents au choix des mesures de lutte. Pour cela, il a d'abord été nécessaire de développer un modèle de diffusion.

1^{ERE} PARTIE :

ETUDE BIBLIOGRAPHIQUE

FIEVRE APHTEUSE ET AIDE A LA DECISION

La fièvre aphteuse (FA) est considérée en épidémiologie vétérinaire comme la maladie la plus contagieuse pour les animaux de rente et est une préoccupation majeure des autorités pour son fort impact économique. Il importe donc de bien connaître les caractéristiques de la maladie, savoir la reconnaître et connaître les modalités et les conséquences de mise en place des moyens de lutte contre la maladie.

1 EPIDEMIOLOGIE DE LA FIEVRE APHTEUSE

1.1 ETIOLOGIE ET ESPECES SENSIBLES

La FA est une maladie infectieuse due à un petit virus à ARN non enveloppé de la famille des *Picornaviridae*. L'ARN constitutif est dépourvu de pouvoir antigène et immunogène mais est responsable du pouvoir infectieux. Les 4 protéines (VP) constituant la capsid sont le support des pouvoirs antigène et immunogène notamment la protéine la plus externe nommée VP1.

Le fait d'être non enveloppé confère au virus une grande résistance dans le milieu extérieur. Il résiste à la plupart des agents physiques et chimiques (Tableau I) notamment au froid et à la plupart des désinfectants.

Tableau I : Resistance aux agents physiques et chimiques du virus de la FA

(source OIE, 2009)

Température :	Préservé par la réfrigération et la congélation et progressivement inactivé par les températures supérieures à 50°C.
pH :	Inactivé à pH <6,0 ou >9,0.
Désinfectants :	Inactivé par l'hydroxyde de sodium (2 %), le carbonate de sodium (4 %) et l'acide citrique (0,2 %). Résiste aux iodophores, aux ammoniums quaternaires, aux hypochlorites et au phénol, surtout en présence de matières organiques.
Résistance :	Résiste dans les ganglions lymphatiques et la moelle osseuse à pH neutre mais est détruit dans les muscles à pH <6,0, c'est-à-dire après apparition de la rigidité cadavérique virulence persistante jusqu'à un mois dans les aliments contaminés et dans l'environnement (variable selon la température et le pH).

Le virus de la FA présente une hétérogénéité des antigènes et se décompose en 7 types immunologiques et sérologiques distincts ; O, A, C, SAT1, SAT2, SAT3 (SAT = Southern African Territories pour Territoires Sud-Africains) et ASIA1.

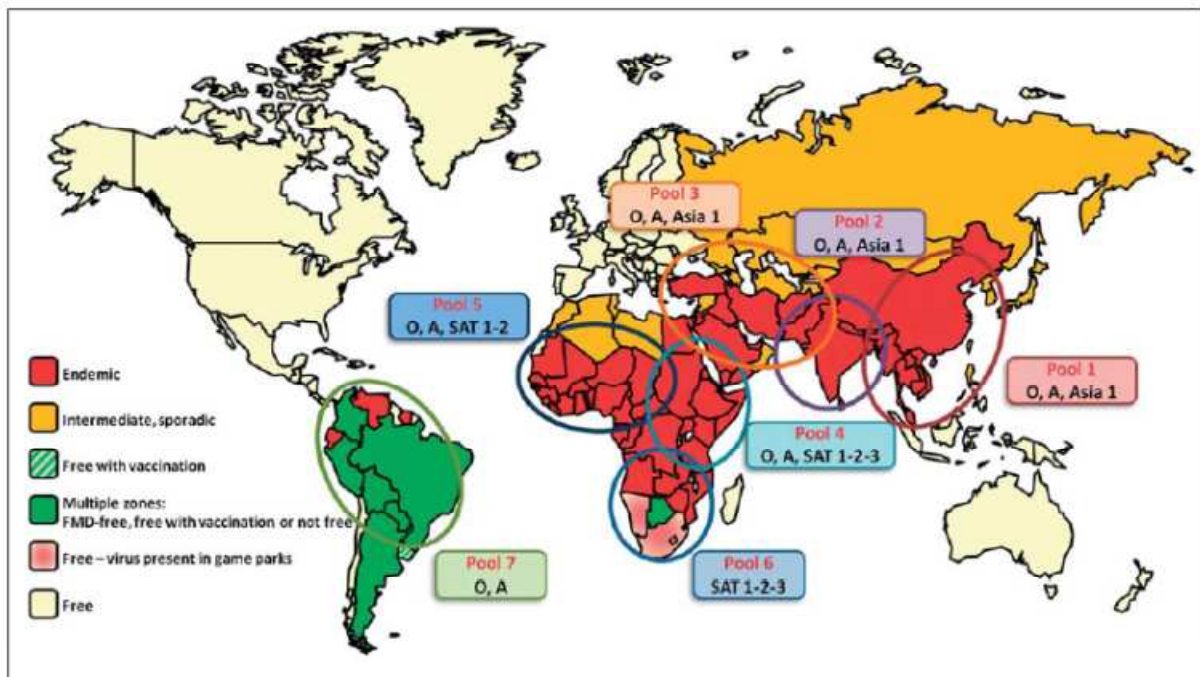
La FA affecte de nombreuses espèces et particulièrement les mammifères à onglons pairs (artiodactyles), domestiques et sauvages, notamment les bovins, les ovins, les caprins et les porcins. Il existe d'autres espèces réceptives dont l'Homme mais l'infection humaine est très rare.

La FA est enzootique avec une prévalence élevée à travers la majeure partie de l'Afrique et du Moyen-Orient (essentiellement pour les types O et A), en Afrique du Sud (types SAT) et Asie Centrale et du Sud-est, le continent Indien (types O, A et Asia) (Figure 1).

Un type de virus n'induit pratiquement aucune immunité - spontanée ou artificielle- vis à des 6 autres types. La vaccination hétérologue est donc impossible. De plus, au sein de chaque sérotype, il y a une variabilité antigénique considérable, notamment pour le type A.

Figure 1 : Statuts 2010 des pays vis-à-vis de la fièvre aphteuse et répartition des différents sérotypes.

(Di Nardo *et al.*, 2011)



Chaque souche entraîne des particularités différentes de niveau d'excrétion, de potentiel pathologique ou d'adaptation à une seule espèce. Lors de l'épizootie de 2001, par exemple, la souche O Pan Asia a entraîné un plus faible taux d'excrétion que les souches originelles observées (Toma *et al.*, 2010). Les bovins lors de l'épizootie de 1967-68 au Royaume-Uni ont été particulièrement affectés tandis qu'en 1997 à Taiwan, les porcins l'étaient davantage (Dunn and Donaldson, 1997).

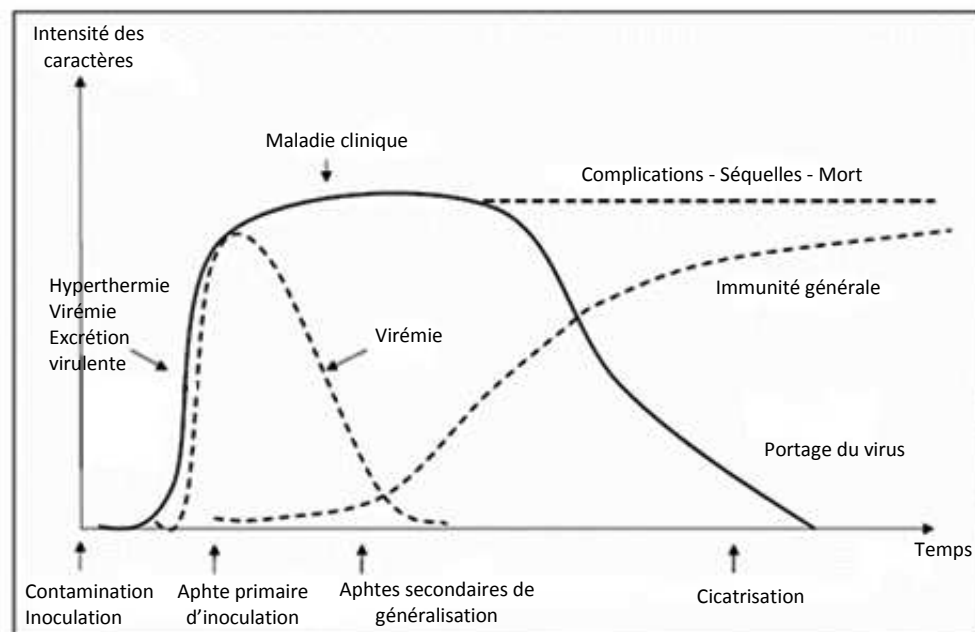
1.2 PATHOGENIE

A la suite d'une contamination, le virus se multiplie *in situ* et atteint tout l'organisme par virémie au cours d'une incubation d'environ 48 heures à 15 jours (Figure 2). Expérimentalement, la moyenne d'incubation serait de 3 à 4 jours pour les bovins et 1 à 3 jours pour les porcs (Alexandersen *et al.*, 2003a).

Dès 48h après la contamination, une excrétion virale pré-symptomatique est possible bien avant l'expression clinique. L'évolution clinique de la FA s'accomplit ensuite généralement en une quinzaine de jours (Toma *et al.*, 2010).

Figure 2 : Evolution théorique du processus aphteux.

(Toma *et al.*, 2010).



Sauf en cas de complications septiques, une convalescence s’amorce ensuite. Une immunité de nature surtout humorale précoce (10^e jour) et prolongée (plusieurs mois à des années) s’installe. Cette immunité protège les animaux guéris ou vaccinés vis-à-vis de la maladie provoquée par des souches homologues (Toma *et al.*, 2010).

Les caractéristiques importantes du virus sont son cycle de reproduction rapide (6 heures), sa résistance et l’existence de 7 types immunologiquement et sérologiquement distincts.

1.3 SYMPTOMES ET LESIONS

La maladie se caractérise cliniquement, après un état fébrile initial, par des éruptions vésiculeuses : les aphtes, siégeant surtout dans la **bouche**, dans les **espaces interdigités** et sur la **mamelle**.

En général, quel que soit le type viral en cause, la FA se développe après l’incubation en trois temps:

- une phase fébrile initiale,
- une phase éruptive secondaire,
- et pour finir une phase de complication septique des lésions.

Le taux de morbidité est élevé (en moyenne 65 à 70 % dans cheptel vierge) et un taux de mortalité qui, habituellement faible (2 à 5 % en général) à parfois très élevé (tout particulièrement chez les jeunes) (Toma *et al.*, 2010).

▪ Chez les bovins :

La période virémique et fébrile initiale (2 à 3 jours) montre une intensité variable : tristesse, inappétence, irrégularité de la ruminance, température à 40°C, voire davantage. Les prodromes de l’éruption se manifestent alors : chaleur et rougeur de la peau et des muqueuses, surtout localisées au mufle et dans la bouche. Puis, les signes fonctionnels initiaux apparaissent : boiterie, piétinement sur place, extrême sensibilité à l’appui.

Les lésions aphteuses (vésicules) siègent alors au niveau de la bouche, de la mamelle et dans l’espace interdigité. Ces lésions fragiles évoluent rapidement en ulcères.

La guérison d'abord locale par cicatrisation des aphtes, puis générale avec rétablissement des fonctions digestives, génitales (sécrétion lactée) et retour à la température normale, s'accomplit entre 8 à 15 jours environ, sauf complications et séquelles très fréquentes.

▪ Chez les petits ruminants :

La FA évolue d'une manière comparable à celle des bovins, mais les localisations buccales sont toujours discrètes. En revanche, l'atteinte podale est majeure et révélée par une boiterie d'un seul membre le plus souvent, aggravée par les longs déplacements. A ce tableau général, sont généralement associés : des avortements, une mortalité élevée des agneaux et des chevreaux.

Certaines souches peuvent n'entraîner qu'une expression clinique discrète chez les ovins. Ainsi, la souche Pan Asia de type O sévissant en Grande-Bretagne en 2001 n'entraîne qu'un taux de morbidité de l'ordre de 5 % (Toma *et al.*, 2010).

▪ Chez les porcs :

Au début de la maladie, les porcs sont dits « silencieux, trop calmes ». Les localisations podales sont, là encore, fréquentes et graves ; elles constituent même parfois le symptôme exclusif, illustrant l'extrême sensibilité de la région au virus aphteux. Les porcs atteints présentent une démarche caractéristique. Des vésicules aphteuses apparaissent également dans la bouche et à l'extrémité du groin. Chez les porcelets, la mortalité est élevée.

Les complications et séquelles peuvent assombrir le pronostic généralement bénin de la maladie en transformant les animaux en non-valeur économiques.

1.4 VOIES DE CONTAMINATION

Un élevage d'animaux sensibles peut être infecté par le virus de la FA par contacts directs ou indirects avec un animal infecté ou avec un environnement contaminé. Les principales voies d'infection naturelles sont l'ingestion et l'inhalation. Les doses requises pour déclencher l'infection dépendent de la voie et de l'espèce (Tableau II).

1.4.1 Sources de virus

▪ Les animaux infectés :

Un animal infecté excrète du virus soit par aérosols soit par des excréments ou sécrétions contenant des particules virales. L'excrétion virale est massive mais variable en intensité et en durée selon la

phase du processus d'infection (Figure 2). Un animal excrète essentiellement du virus simultanément à l'expression des signes cliniques. Mais certains animaux appelés porteurs précoces excrètent du virus avant l'apparition des symptômes. Certains animaux peuvent également développer une infection inapparente ou sub-clinique (notamment chez les moutons).

Des porteurs tardifs (convalescents ou guéris) sont parfois cités dans la littérature pouvant constituer des réservoirs infectieux pendant plusieurs mois (Alexandersen *et al.*, 2002). Il n'a cependant jamais été possible de démontrer expérimentalement la transmission d'un animal porteur sain vers un autre animal sensible (Kitching *et al.*, 2005).

La salive, les fluides nasal et lacrymal, le lait et l'air expiré sont des sources majeures hébergeant le virus. Un animal infecté peut être déjà contaminant 48 heures avant l'apparition de signes cliniques via ces sources (Alexandersen *et al.*, 2003b). Pour ce qui est de l'excrétion par aérosols, un bovin peut excréter jusqu'à 10^5 particules virulentes par jour et un porc jusqu'à 1 000 fois plus qu'un bovin; sachant que 10 particules peuvent suffire pour infecter un bovin, un porc élimine ainsi l'équivalent de 7×10^4 doses infectantes pour bovin par minute (Tableau II). Cette excrétion est cependant plus ou moins importante selon le type de virus ; elle est maximale pour les types O et C (Toma *et al.*, 2010).

L'urine et les fèces contiennent du virus dans une moindre mesure mais sont à l'origine toutefois d'une contamination massive de l'environnement.

L'excrétion dure de 2 à 7 jours, en moyenne, avec des extrêmes de 36 heures à 20 jours (Toma *et al.*, 2010).

▪ Les produits d'origine animale et sous-produits :

La résistance du virus aphteux dans ces produits explique parfois des contagions à longue distance notamment dans les viandes et les abats d'animaux infectés, réfrigérés et congelés ou les eaux grasses (résidus de restauration collective distribués aux porcs). Toutefois, la maturation lactique tue le virus (Tableau I).

Le virus peut également résister à certains traitements thermiques du lait (Donaldson, 1997).

▪ Porteurs de germes et environnement :

De façon générale, l'environnement d'un animal infecté excréteur va être largement contaminé par l'ensemble des sécrétions et excrétions émises par l'animal. A partir de cela, tout support présent à proximité qu'il soit vivant (personne, animal) ou inanimé (véhicules, litières, locaux, ustensiles, aliments, emballages, terre, eau de boisson,...) peut être porteur du virus.

Le virus étant très résistant mais également très léger et mobile, ces vecteurs passifs du virus sont très nombreux et peuvent être une source potentielle de virus sur de longue distance (Tableau I).

Selon les conditions et le milieu, le virus peut survivre dans l'environnement de plusieurs semaines à plusieurs mois (McCull *et al.*, 1995; Bartley *et al.*, 2002). Classiquement, une partie de l'infectiosité du virus chute rapidement mais une quantité résiduelle arrive à survivre sur de plus longues durées (Alexandersen *et al.*, 2003b).

1.4.2 Réceptivité

Le pouvoir pathogène et contagieux du virus est tel que les facteurs intrinsèques ou extrinsèques, hormis la réceptivité d'espèce, n'influent que très discrètement, sauf pour modifier l'allure clinique de la maladie.

En particulier, les doses nécessaires pour infecter un animal sont assez faibles notamment par aérosols. Mais ces doses minimales varient également beaucoup en fonction de l'espèce (Tableau II). On constate une grande réceptivité des bovins et des moutons par voie respiratoire, par rapport aux porcs. Compte tenu du volume d'air inhalé par ces espèces en 24 heures, leur degré de risque de contamination par inhalation est très différent et particulièrement élevé pour les bovins.

Toutefois, une barrière physique entre deux cases hébergeant des lots de porcs ou des box séparés pour des veaux peut parfois suffire à préserver de la transmission de la maladie via inhalation (Bouma *et al.*, 2004; Eble *et al.*, 2006).

Tableau II : Doses minimales de virus de la FA nécessaires pour infecter différentes espèces selon les voies d'exposition

(Donaldson *et al.*, 2001; Alexandersen *et al.*, 2003b)

Espèce animale	Dose minimale ¹	Inhalation		Ingestion
		Taux d'inhalation m ³ /24 heures	Seuil de concentration du nuage infectieux ²	Dose minimale ¹
Bovins	10	150	0,07	10 ⁵ – 10 ⁶
Porcs	>800	50	>16	10 ⁵ – 10 ⁶
Moutons	10	15	0,7	10 ⁵ – 10 ⁶

¹ exprimée en doses infectieuses permettant l'expression clinique des animaux, donnée en titre TCID₅₀/ml (50% Tissue Culture Infective Dose qui correspond à la dilution de virus pour laquelle est atteint 50% de lyse cellulaire)

² exprimée en TCID₅₀/m³.

1.4.3 Mode de propagation

Les modes de propagation peuvent être très variés en raison du fort niveau d'excrétion, de la résistance du virus et de l'éventail des espèces réceptives. Cependant, la FA se dissémine surtout par contact direct et étroit. Par ailleurs, la contagion est estimée de 90% à 100 %. Le transfert de microgouttelettes ou fluides chargés de virus est la voie de transmission la plus commune.

Cette transmission est favorisée par un contact direct étroit entre l'animal et la source du virus. Le virus est alors transféré d'un animal infecté vers un animal sensible soit mécaniquement, le virus entrant par des micro-abrasions de la muqueuse soit par réception du virus directement dans le tractus respiratoire.

Mais le contact avec le virus peut également survenir indirectement via un vecteur « passif » contaminé ; vivant (personne, animal non sensible,..) ou inanimé (véhicule, outil...).

Le virus peut aussi être véhiculé par l'air. La transmission sur une longue distance de microgouttelettes est moins commune mais a été très largement étudiée. Cette transmission requiert toutefois la conjonction de plusieurs événements ; la présence d'animaux d'espèces largement excrétrices (porcs) et celle d'espèces très sensibles (ruminants) dans le spectre du nuage chargé de particules virales et de conditions topographique et météorologique favorables (Alexandersen *et al.*, 2003b). La transmission aérienne a été en réalité souvent surévaluée lors de différentes études et le plus souvent se limiterait à un rayon d'une vingtaine de kilomètres (Gloster *et al.*, 2010). La souche du virus intervient également dans l'éventualité d'une diffusion aérienne. Par exemple, la souche de type O de l'épizootie de 2001 n'aurait pas diffusé à plus 20 km par voie aérienne même avec des porcs à l'origine de l'excrétion (Donaldson *et al.*, 2001).

L'ingestion de substances contaminées est un autre mécanisme de transmission. Toutefois, de façon générale, les espèces sont beaucoup moins réceptives par cette voie d'exposition (Tableau II). Plusieurs origines d'épizooties dans des pays indemnes ont été imputées à l'introduction du virus par du matériel contaminé qui ont ensuite servi à nourrir des animaux. Le principal risque réside essentiellement via les déchets alimentaires ou eaux grasses qui peuvent être donnés aux porcs de part leur mode d'alimentation et est plus limité pour les autres espèces (contamination éventuelle de veaux par le lait (Donaldson, 1997).

Les principales voies de contamination à retenir sont donc les contacts directs et indirects. A l'issue de ces contacts trois modes de diffusion entre exploitations se dégagent :

- Diffusion à distance par l'introduction d'un animal infecté
- Diffusion locale directe par contacts directs des animaux entre élevages différents : exploitations voisines ou parcs contigus, partage de pâtures,...
- Diffusion locale indirecte par le transport du virus d'un élevage infecté à un élevage indemne via des véhicules et matériel contaminés ou individus porteurs du virus.

Résumé des caractéristiques épidémiologiques de la fièvre aphteuse

- **Incubation courte** et excrétion virale pré-symptomatique rapide après la contamination
- **Excrétion massive** dans le milieu extérieur
- **Forte résistance** aux agents physiques et chimiques
- **Large spectre d'animaux sensibles** dont les principales espèces de rente
- **Multiplés modes de transmission** avec **de faibles doses** nécessaires
- **Spécificités d'espèce** pour l'excrétion et la clinique:
 - **bovin** : « révélateur » de la maladie, car symptomatologie spécifique
 - **porcin** : « diffuseur » de la maladie, car excrétion massive et signes cliniques plus discrets
 - **petits ruminants** : « introducteur » de la maladie, en raison des symptômes peu marqués

2 SURVEILLANCE ET GESTION DE LA FIEVRE APHTEUSE EN FRANCE

2.1 SURVEILLANCE

Les bovins et les porcins étant très sensibles à la maladie et l'incubation étant très courte, il serait illusoire de vouloir détecter l'apparition de la FA dans ces espèces par une surveillance sérologique. En Europe, la surveillance de la FA repose donc sur une surveillance passive événementielle fondée sur une surveillance clinique des animaux. L'éleveur est le premier maillon de ce réseau. Lors de signes suspects, il fait appel à son vétérinaire qui examine le cas et alerte les autorités en cas de suspicion avérée.

La surveillance de la maladie s'appuie sur un réseau d'alerte et est dépendante du niveau de formation, de sensibilisation à la maladie des différents acteurs, et de leur volonté de coopérer au réseau d'alerte.

2.1.1 Réseau d'alerte et de surveillance

Un système de surveillance permanent existe en France. La FA fait partie des 15 maladies qui font l'objet d'un plan d'urgence préparé au niveau national par le ministre chargé de l'agriculture et dans chaque département par le préfet (Code rural, article D223-22-1). L'élaboration du plan d'urgence prévoit notamment la mise en place d'un réseau d'alerte comprenant :

- les éleveurs,
- les vétérinaires sanitaires,
- les préfets,
- les laboratoires agréés pour le diagnostic,
- le laboratoire national de référence,
- les groupes nationaux d'experts,
- la direction générale de l'alimentation (DGAI), direction du ministère de l'agriculture.

L'alerte clinique est signalée par un vétérinaire sollicité par un éleveur. La décision de valider la suspicion est confortée par la consultation téléphonique d'un expert national situé au laboratoire national de référence (LNR) (En France : ANSES – Laboratoire de santé animale – Maisons-Alfort). Des prélèvements sont alors réalisés et adressés au laboratoire agréé pour ce diagnostic. Ce processus est géré sous la responsabilité des autorités vétérinaires locales et nationale. Pendant l'attente des résultats d'analyse, l'exploitation est placée sous surveillance.

Par ailleurs, la FA étant listée comme maladie réputée contagieuse donnant lieu à déclaration et à mesures de police sanitaire (Code rural, article D223-21), toute personne qui a connaissance d'une suspicion de cette maladie est tenue d'alerter les autorités.

2.1.2 Vigilance et détection précoce

L'épizootie britannique de 2001 a clairement mis en lumière les conséquences dramatiques d'une détection tardive et, par suite, l'importance d'une détection précoce grâce à un système sensible (Tableau III).

La surveillance épidémiologique a pour objectif, entre autres, de détecter l'apparition de maladies animales exotiques introduites à partir d'un autre pays, ou de nouvelles maladies, inconnues jusqu'alors. Cet objectif de vigilance doit permettre la détection précoce en vue d'actions de contrôle. Le développement du commerce international des animaux et des produits animaux se traduit par une probabilité de transmettre plus rapidement diverses maladies animales et notamment la FA. La rapidité et la pertinence des décisions sanitaires prises dépendent de la fiabilité du système de surveillance.

La détection précoce de la maladie repose sur l'alerte faite par les éleveurs et les vétérinaires. Leur vigilance et leur connaissance de la maladie sont des préalables au bon fonctionnement du réseau de surveillance. Chaque État membre est responsable de la sensibilisation des acteurs du réseau. Mais à travers le seul nombre de suspicions recensées chaque année par chaque État, il n'est pas aisé de se faire une idée précise de l'efficacité globale du dispositif. La bonne situation sanitaire a fait que, de moins en moins d'éleveurs ou de vétérinaires connaissent directement la maladie (Bates *et al.*, 2003d). Par ailleurs, le maillage vétérinaire du réseau est mis à mal par une diminution du nombre de praticiens dans les zones rurales (Le Bail *et al.*, 2010). En Grande-Bretagne, l'épizootie de 2001 a ainsi mis en évidence des carences de la détection précoce et dans le rôle des vétérinaires praticiens (Anderson, 2002). La France et les Pays-Bas, déjà alertés par la situation britannique, ont quant à eux réagi plus rapidement.

La prévention pour la FA consiste tout d'abord à éviter l'introduction de la maladie sur le territoire et dans un second temps à limiter sa diffusion si la maladie a été introduite. Outre les outils de surveillance, les mesures de prévention de base restent bien évidemment applicables comme par exemple limiter les contacts directs entre animaux d'origine et/ou de statut différents ou renforcer les mesures de biosécurité à l'entrée des établissements pour limiter l'introduction de l'agent pathogène par voie indirecte.

Tableau III : Synthèse de l'épizootie de 2001 en EuropeD'après Leforban and Gerbier (2002), OCDE (2007), rapport du sénat² (2001).

	Grande-Bretagne	Irlande du Nord	République d'Irlande	France	Pays-Bas
Nombre de foyers	2 026	4	1	2	26
Durée : date 1^{er} - dernier foyers déclarés	20/02/01 30/09/01	01/03/01 22/04/01	22/03/01	12/03/01 23/03/01	21/03/01 22/04/01
Abattage préventif	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui
Vaccination suppressive	Non	Non	Non	Non	Oui
Nombre d'animaux abattus	7 000 000	50 000	60 000	58 000	270 000
Date de recouvrement du statut indemne OIE	22/01/02		19/09/01	19/09/01	19/09/01
Coût pour l'Etat (millions d'euros)	2600		86	>50*	112
Coûts totaux estimés (millions d'euros)	5600		170	NC	787

*Estimation calculée, NC : non trouvé dans la littérature

2.1.3 Outils de dépistage de laboratoire

Lors de la première suspicion, les prélèvements sont adressés au LNR. Puis en cas d'épizootie déclarée sur le territoire national, quelques laboratoires départementaux agréés par le LNR, pourraient participer directement à ce réseau en effectuant des examens sérologiques de surveillance.

Le diagnostic de la FA repose sur la mise en évidence du virus infectieux, de ses protéines ou de son génome (diagnostic virologique et moléculaire de type PCR) et des anticorps induits (diagnostic sérologique de type ELISA). Des premiers résultats peuvent être donnés dans les 24h.

L'isolement viral est incontournable pour déterminer la souche qui sévit. Non seulement, cela renseigne sur les caractéristiques épidémiologiques de diffusion de la maladie mais cela va permettre d'orienter dans le choix du vaccin à utiliser éventuellement (une immunité protectrice ne pouvant être induite que par des souches homologues).

Lors de vaccination préventive d'urgence (voir plus loin le paragraphe sur la vaccination), un test sérologique peut désormais être utilisé en sortie de crise pour la levée des zones réglementaires. Ce test de type Elisa NSP permet de distinguer les anticorps naturels des anticorps vaccinaux.

² Rapport d'information n° 405 (2000-2001) de MM. Philippe ARNAUD et Jean-Paul EMORINE, rédigé au nom de la commission des affaires économiques, déposé le 21 juin 2001.

En parallèle, des méthodes de détection rapides du virus sur le terrain ont été développées et pourront être dans l'avenir d'une grande aide.

2.2 GESTION D'UNE EPIZOOTIE

La FA donne lieu à des mesures de police sanitaire communes à toute maladie réputée contagieuse (Code rural, art. D223-21) ; une séquestration et une mise sous surveillance lors de suspicion, puis suite à la confirmation d'infection par analyse de laboratoire, un abattage total du troupeau infecté et une destruction de tous les animaux (Figure 3).

Mais la FA fait également l'objet d'une réglementation spécifique issue de la réglementation européenne retranscrite en droit français (Directive 2003/85/CE³ et AM du 22 mai 2006⁴). La gestion opérationnelle s'effectue au niveau départemental (Figure 3).

2.2.1 Prophylaxie sanitaire et abattage des animaux

La confirmation d'un foyer entraîne la mise en place d'un périmètre interdit comprenant deux zones autour de l'exploitation infectée, dans lesquelles sont imposées des mesures de restriction aux mouvements des personnes, véhicules, animaux et produits animaux dans le but de limiter la propagation du virus (Figure 3).

On distingue :

- ▲ **L'exploitation reconnue infectée** dans laquelle les animaux des espèces sensibles sont abattus, puis les cadavres et produits animaux détruits (par enfouissement, incinération ou équarrissage). Les mouvements des personnes et animaux des espèces non sensibles sont également interdits.
- ▲ **Une zone de protection** d'un rayon minimal de 3 kilomètres autour du foyer.
- ▲ **Une zone de surveillance** d'un rayon minimal de 7 kilomètres au-delà du périmètre de la zone de protection (soit 10 kilomètres autour du foyer).

La délimitation de ces zones tient compte des barrières naturelles, des facilités de contrôle et des connaissances et moyens épidémiologiques permettant de prévoir la dispersion possible du virus aphteux par voie aérienne ou autre.

³ Directive 2003/85/Ce du 29 septembre 2003 établissant des mesures communautaires de lutte contre la FA, abrogeant la directive 85/511/CEE et les décisions 89/531/CEE et 91/665/CEE et modifiant la directive 92/46/CEE.

⁴ Arrêté ministériel du 22 mai 2006 fixant des mesures techniques et administratives à la lutte contre la FA.

Dans ces deux zones réglementaires, les animaux doivent être recensés et surveillés cliniquement. Aucun animal, sauf dérogation, ne peut sortir d'un élevage, à l'exception des animaux des espèces non sensibles dans la zone de surveillance. La circulation et la commercialisation des produits issus des espèces sensibles sont également soumis à restriction.

Une **enquête épidémiologique** amont/aval dans les foyers doit être réalisée le plus tôt possible, afin d'identifier au plus vite les autres exploitations susceptibles d'héberger et de diffuser le virus. Cette enquête permet ainsi de localiser des exploitations ayant été en contact ou ayant échangé des animaux avec un foyer de FA, qu'elles soient ou non situées dans les zones de protection ou de surveillance. Ces exploitations sont également soumises à des mesures de séquestration.

2.2.2 Mesures complémentaires

La prophylaxie sanitaire et l'abattage des animaux contaminés ou atteints restent la base des méthodes de lutte contre la FA dans les pays développés. En complément de ces mesures, deux stratégies de lutte peuvent être appliquées, en vue d'endiguer l'épizootie et d'en améliorer la maîtrise (Directive 2003/85/CE² et AM du 22 mai 2006³, Figure 3).

▲ **L'abattage préventif des élevages identifiés à risque** par lien de voisinage ou lien épidémiologique avec un foyer quelle que soit leur localisation (périmètre interdit ou pas).

Pour les pays indemnes, notamment comme la France, il s'agit d'un concept relativement nouveau (Toma *et al.*, 2001). L'abattage préventif se justifie par la brièveté de l'incubation et par l'existence d'une excrétion pré-symptomatique. Il n'est toutefois pas exclu que les élevages abattus soient indemnes. Cette stratégie permet de prévenir l'excrétion virale d'animaux potentiellement contaminés et en incubation. Son efficacité est par conséquent étroitement liée à son délai d'exécution.

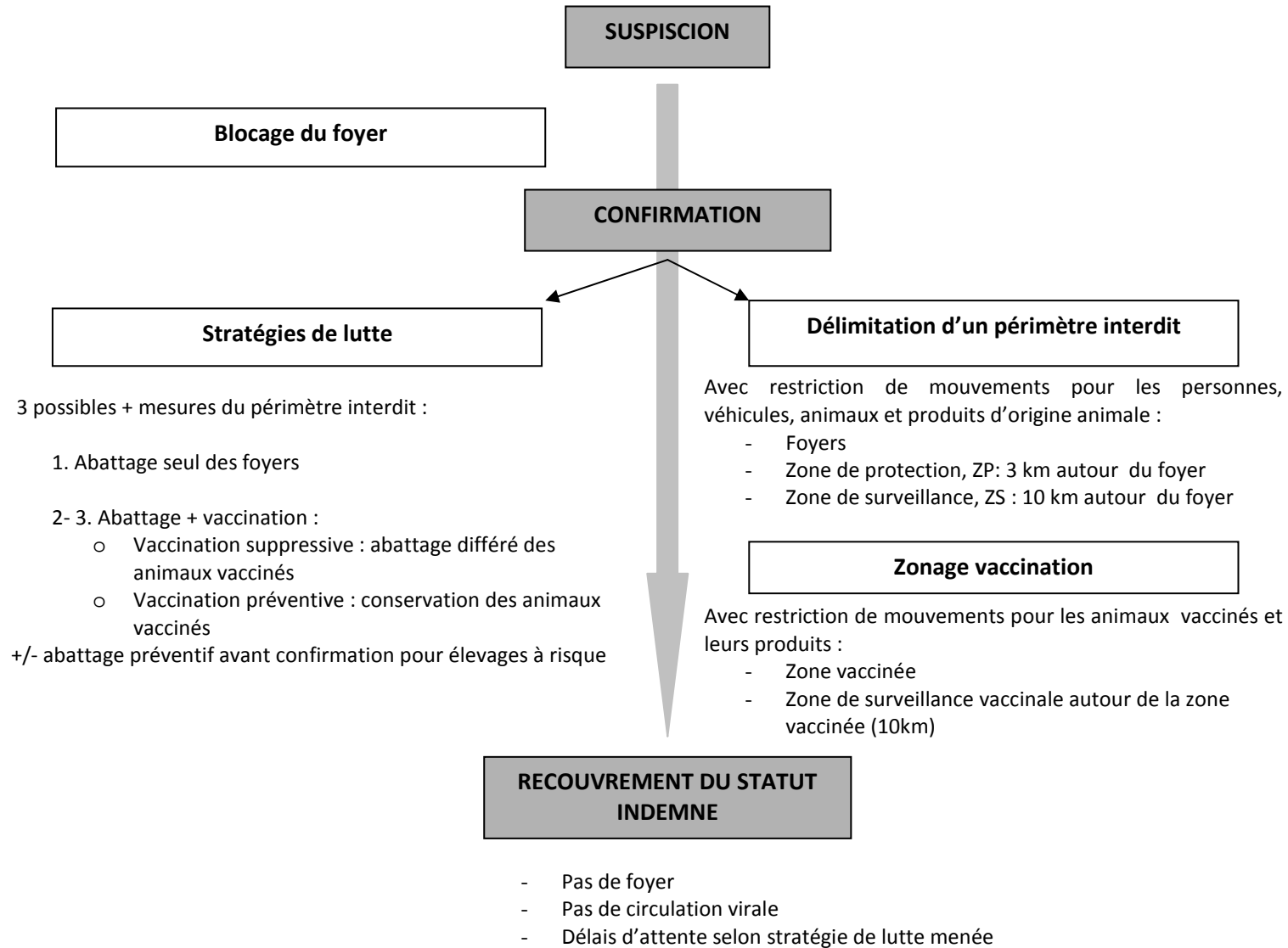
▲ **La vaccination**

Des recherches importantes ont été mises en œuvre pour développer de nouvelles générations de vaccins hautement purifiés et immunogènes, à la fois pour contenir la maladie là où elle reste enzootique, et pour être un recours au cas où elle réapparaîtrait dans des pays où elle a été éradiquée. En parallèle, la différenciation, par sérologie, entre animaux vaccinés non infectés et animaux infectés guéris est désormais possible et intéressante compte-tenu des contraintes imposées aux animaux vaccinés et à leurs produits. La vaccination bénéficie donc désormais d'un assouplissement dans ses conditions d'utilisation.

Cette stratégie permet de réduire la circulation et la diffusion virale.

Figure 3 : Mesures d'intervention en cas d'épizootie de fièvre aphteuse

D'après la directive 2003/85/CEE et l'AM du 22 mai 2006



Deux stratégies de vaccination sont envisageables ;

- **La vaccination suppressive** : vaccination avec abattage différé des animaux et destruction des carcasses.
- **La vaccination préventive** : vaccination des animaux, suivie par une enquête clinique et sérologique.

Cette stratégie vise à protéger les animaux des espèces sensibles de la propagation du virus aphteux. Les animaux vaccinés et produits issus de ces animaux sont soumis à des restrictions de commercialisation. Une zone de surveillance vaccinale est délimitée, sur une distance d'au moins 10 km au-delà de la zone de vaccination. Dans cette zone, où la vaccination est interdite, les exploitations détenant des espèces sensibles sont soumises à une surveillance clinique et les mouvements d'animaux contrôlés.

La décision de vacciner, qu'il s'agisse de vaccination préventive ou suppressive (tester et/ou abattre les animaux vaccinés) doit être motivée (Tableau IV et Figure 3) et ensuite présentée à la Commission Européenne pour validation.

Tableau IV : Critères de décision pour l'application de la vaccination préventive

D'après l'annexe X de la Directive 2003/85/CE⁵

Critères	Décision	
	En faveur de la vaccination	En défaveur de la vaccination
Vaccin <i>ad hoc</i> disponible	Disponible	Non disponible
Densité de population des animaux sensibles	Forte	Faible
Principales espèces cliniquement affectées	Porcins	Ruminants
Mouvement d'animaux ou de produits possiblement infectés hors de la zone de protection	Existence de preuve(s)	Absence de preuve(s)
Diffusion aérienne du virus	Possible	Faible ou nulle
Origine des foyers (traçabilité)	Inconnue	Connue
Incidence des foyers	Elevée	Moyenne à faible
Distribution des foyers	Etendue	Limitée
Pression médiatique/Réaction du public	Vive	Faible
Possibilité de régionalisation	Oui	Non

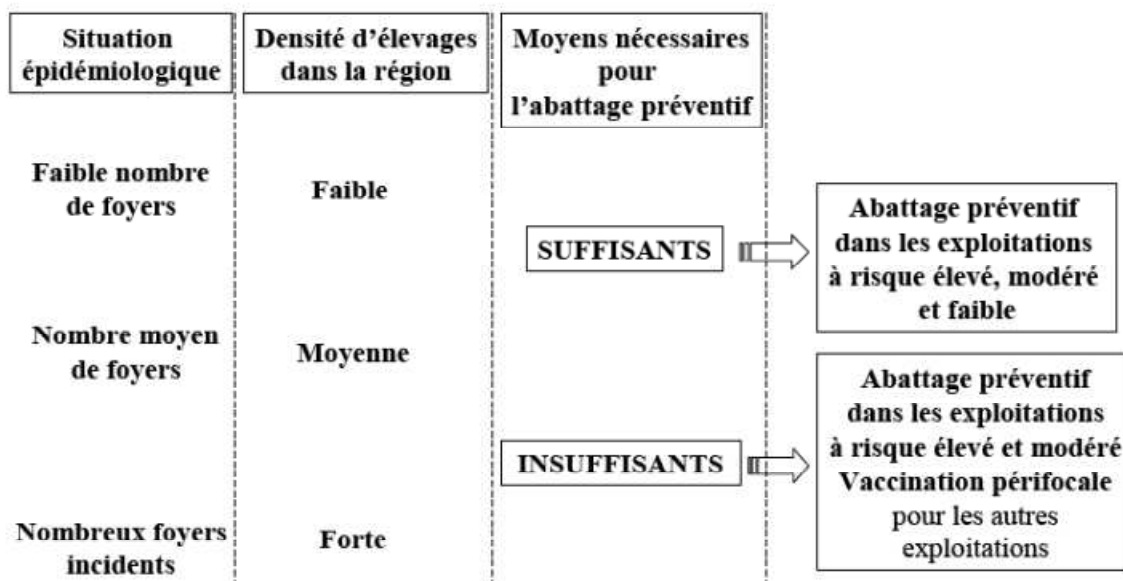
⁵ Directive 2003/85/Ce du 29 septembre 2003 établissant des mesures communautaires de lutte contre la FA, abrogeant la directive 85/511/CEE et les décisions 89/531/CEE et 91/665/CEE et modifiant la directive 92/46/CEE.

Un des premiers critères est l'obtention d'un vaccin correspondant au sérotype sévissant. Une fois le virus du foyer typé, le vaccin est fabriqué d'après l'antigène le plus proche de celui circulant stocké par la banque européenne. Le déploiement à grande échelle de la vaccination nécessite un délai d'environ une semaine (obtention du stock et distribution sur le terrain).

L'abattage préventif et l'utilisation de la vaccination d'urgence sont donc deux outils de lutte d'emploi récent dans les pays indemnes (Barnett *et al.*, 2002). Alors que l'abattage préventif a pu se révéler très efficace en France en 2001 ou au Royaume-Uni en 2007, son emploi nécessite néanmoins une mobilisation humaine et matérielle importante et provoque également une opposition croissante dans l'opinion publique face à l'abattage massif d'animaux d'apparence en bonne santé. Cette stratégie a notamment été remise en question suite à son application au Royaume-Uni lors de l'épizootie de 2001 (Haydon *et al.*, 2004; Anonyme, 2011) alors qu'au même moment les Pays-Bas, voyant que l'abattage ne suffisait à pas à juguler la maladie décidaient de vacciner (Bouma *et al.*, 2003) (Tableau III).

Ainsi la décision de mise en œuvre d'une stratégie de lutte doit pouvoir s'appuyer sur des critères factuels (Figure 4). Des précédentes études ont proposé des schémas d'aide à la décision reposant notamment sur la densité animale (Toma *et al.*, 2002) ou sur la topographie des élevages et les espèces présentes dans le périmètre interdit (Honhold *et al.*, 2004).

Figure 4 : Schéma d'aide à la décision concernant l'abattage préventif et la vaccination péri-focale
D'après Toma *et al.*, 2002



2.3 SORTIE DE CRISE

Suite à une gestion purement sanitaire (abattage des foyers +/- abattage préventif), les mesures réglementaires de restriction des mouvements sont levées au moins 30 jours suivant la fin des abattages et le dernier nettoyage-désinfection, et après qu'une surveillance sérologique et clinique ait prouvé l'absence de circulation virale (prélèvements dans tous les élevages de petits ruminants avec un plan d'échantillonnage permettant de détecter un taux de prévalence intra-troupeau inférieur à 5%, avec un risque d'erreur de 5%).

De même, lors après une vaccination suppressive, une enquête clinique et sérologique prouvant l'absence de circulation virale est également menée après l'abattage du dernier animal vacciné.

Suite à une vaccination préventive, l'enquête clinique et sérologique intervient plus de 30 jours après la réalisation complète de la campagne de vaccination et le dernier nettoyage-désinfection des sites infectés avec prélèvements sur 80% des animaux vaccinés par troupeau. Le dépistage individuel est différentiel, permettant de distinguer les anticorps vaccinaux et les anticorps naturels, et vise à déterminer si l'infection a ou non circulé dans les élevages vaccinés.

2.4 PREPARATION ET PLANIFICATION

Se préparer demeure également un point clé dans la lutte contre la FA. Cette préparation doit consister à maintenir une veille, planifier le rôle de chaque acteur et les moyens à mettre en place en cas d'introduction de la maladie.

Cette veille correspond à la vigilance et la sensibilisation des différents acteurs. Mais le recensement des exploitations et des espèces sensibles et la mise à jour des bases de données existantes ainsi que savoir les utiliser sont tout aussi importants. L'identification et la traçabilité sont devenues des outils incontournables pour faciliter la surveillance mais également le contrôle des maladies animales (Amendrup and Barcos, 2006). L'efficacité des actions passe en tout premier par la connaissance de l'organisation et du fonctionnement du réseau d'élevage.

Par ailleurs, les plans d'urgence prévoient les mesures à prendre pour procéder à l'éradication de la maladie par des procédures dédiées à chaque acteur. Ces plans nécessitent des mises à l'épreuve par des tests et des exercices ainsi que des campagnes de sensibilisation de chaque acteur. La pertinence et l'opérationnalité du plan de lutte doit pouvoir être jugées au niveau national mais également sur le terrain au niveau départemental.

A cette fin, la modélisation de la diffusion de maladie est un outil précieux qui permet soit de fournir une plateforme d'exercices en créant des séries de potentielles diffusions de la maladie, soit de tester des effets de scénarios d'intervention pour proposer des arguments aux gestionnaires et de devenir ainsi un outil d'aide à la décision.

3 PERTES ECONOMIQUES INDUITES PAR LA FIEVRE APHTEUSE

Les répercussions économiques de la FA découlent de l'impact direct de la maladie sur la production, du coût des mesures de lutte et des restrictions commerciales (James and Rushton, 2002).

Sur le plan sanitaire, la FA est globalement bénigne ; les lésions se résolvent spontanément généralement en quelques jours et la mortalité est toujours inférieure à 5 %. La maladie occasionne toutefois des pertes importantes au sein des élevages dues à l'amaigrissement et à la baisse de production et de lactation. Une étude menée en Turquie où la maladie sévit de façon enzootique estimait les pertes économiques liées à la baisse de production à 294 dollars par vache laitière, 152 dollars par vache allaitante (Senturk and Yalcin, 2008). La maladie frappe également plus violemment les animaux bien entretenus et hautement performants.

Ainsi, la FA est particulièrement plus pénalisante pour les élevages de production intensive et moderne des pays, par exemple de l'UE que pour les élevages plus traditionnels des pays en voie de développement. De plus, l'intensification des échanges entre ces élevages performants amplifie les risques de contamination pour une maladie déjà très contagieuse.

Outre les pertes de production, l'impact économique de la maladie pour les pays indemnes est surtout lié aux mesures de gestion lors d'apparition de foyers. Cela correspond aux coûts de mise en œuvre des mesures, aux restrictions commerciales et aux retombées indirectes de l'épizootie (Tableau III).

Suite à l'application stricte des mesures réglementaires, on peut recenser les pertes liées aux différentes actions : abattage de tous les animaux des élevages reconnus foyers, séquestration des animaux dans les élevages des zones soumises à des restrictions de mouvements ou dans des élevages identifiés comme à risque, voire leur abattage, interdiction de commercialisation des animaux et produits issus d'animaux, perte de valeur économique lors de vaccination...

Le coût financier de l'épizootie de Taiwan en 1997 a ainsi été estimé à 380 millions de dollars. Ce coût incluait les indemnités liées à l'abattage et à la destruction de près de 4 millions de porcs, les coûts des mesures de séquestration et les pertes des valeurs marchandes des animaux séquestrés (Yang *et al.*, 1999). L'épizootie de 2001 au Royaume-Uni a coûté plus de 3 milliards de livres sterling à l'Etat avec l'abattage de plus de 4 millions d'animaux concernés par les mesures sanitaires et 3 millions par des mesures de « bien-être » (Thompson *et al.*, 2002).

Les abattages de bien-être correspondent à l'abattage des animaux des élevages séquestrés ne pouvant se vendre ; la croissance des animaux et les méthodes d'élevage sont telles que les animaux ne peuvent être séquestrés sur du long terme sans conséquences notables sur leur santé et leur bien-être.

En France, avant l'arrêt de la vaccination, l'apparition de FA entraînait l'application de l'abattage de tous les animaux des foyers et une vaccination en anneau autour de ces foyers. Les pertes économiques subies par l'Etat étaient alors très importantes : en 1974, 50 millions de francs avec plus de 35 000 animaux abattus dans une centaine de foyers, en 1979, 20 millions de francs à l'Etat avec 21 foyers et près de 3 000 animaux abattus ou en 1981, 19 millions de francs pour l'abattage de près de 10 000 animaux et la vaccination d'urgence de 700 000 animaux (Toma *et al.*, 2010).

En 2001, toujours en France, afin d'éviter l'introduction de la maladie à partir de la Grande-Bretagne, près de 50 000 animaux ont été abattus et détruits de façon préventive (animaux importés de Grande-Bretagne ou ayant été en contact avec ceux importés)(Toma *et al.*, 2010).

A ces pertes énumérées s'ajoutent des manques à gagner considérables dus au blocage immédiat des mouvements, des exportations des animaux des espèces sensibles à la FA et de leurs produits et à la paralysie des activités d'élevage ou dépendantes de l'élevage.

Une étude conduite dans la région de Cumbria (Royaume-Uni) en 2001 présentait des pertes de près de 60% pour les revenus des entreprises agricoles (Franks *et al.*, 2003). Pour cette épizootie, selon un rapport du sénat⁶, « *le manque à gagner total pour l'économie aurait pu atteindre 50 milliards de francs* ». Les compensations aux éleveurs au titre de la destruction de leur cheptel ont été estimées à 12 milliards de francs. En France, les éleveurs touchés ont par ailleurs bénéficié d'un montant total de 6,5 millions de francs issus du fond d'indemnisation FA, géré par les groupements de défense sanitaire⁷ (GDS) contribuant à compléter les indemnisations de l'Etat (Cassagne, 2002).

⁶ Rapport d'information n° 405 (2000-2001) de MM. Philippe ARNAUD et Jean-Paul EMORINE, rédigé au nom de la commission des affaires économiques, déposé le 21 juin 2001

⁷ GDS : associations d'éleveurs chargées des problèmes sanitaires et reconnues par la loi française.

Les règles de circulation des animaux et produits d'origine animale varient selon le statut des pays vis-à-vis de la FA et sont dictées, certes, par la réglementation européenne (Directive 2003/85/CE) mais avant tout par les accords « SPS » (*'Sanitary and Phytosanitary Agreement'*) de l'organisation mondiale du commerce (OMC). L'harmonisation des réglementations relatives à ces échanges est assurée par l'organisation mondiale de la santé animale (OIE) et est restituée dans le code zoonitaire (OIE, 2009).

Trois statuts sont définis :

- Les pays indemnes de FA où n'est pas pratiquée la vaccination (cas des pays de l'UE) ;
- Les pays indemnes de FA où est pratiquée la vaccination ;
- Les pays infectés de FA.

Pour conserver leur statut, les **pays indemnes sans vaccination** ne peuvent pas importer d'animaux vaccinés. Ces **entraves aux exportations** entraînent des pertes importantes pour les pays utilisant la vaccination en moyen de lutte. Par ailleurs, ce choix a également des conséquences potentiellement très lourdes après la crise en intervenant sur le délai de recouvrement de statut indemne, statut incontournable pour la reprise du commerce. La durée réglementaire imposée varie selon que la vaccination a été utilisée ou non, et selon la façon dont elle a été utilisée :

- sans vaccination, ce délai est de 3 mois après le dernier cas ;
- avec une vaccination suppressive : 3 mois après l'abattage du dernier animal vacciné ;
- avec une vaccination préventive : 6 mois après le dernier cas ou la dernière vaccination sous réserve que les animaux vaccinés aient tous été soumis à un test sérologique différentiel.

Si l'usage de la vaccination est plus souple qu'auparavant (utilisation possible de vaccins purifiés et de tests sérologiques distinguant les anticorps vaccinaux des anticorps signant une infection), la prise de décision correspondante en cours de crise a donc des conséquences importantes après la crise. L'usage de la vaccination ne sera alors intéressant que si les coûts moyens qu'elle induit sont compensés par une diminution du nombre de foyers et par un raccourcissement du délai entre le premier et le dernier foyer.

Ainsi, par exemple, l'interdiction d'exporter des porcs au Japon lors de l'épizootie de Taiwan a entraîné une perte d'environ 1,6 milliards de dollars pour l'industrie taïwanaise (Yang *et al.*, 1999). En France, suite à l'épizootie de 2001, les pertes d'exportations de viandes et de produits laitiers ont été estimées à 5 milliards de francs sur un an.

Enfin, l'impact économique s'étend non seulement du secteur de l'élevage à celui de l'agro-alimentaire mais également à d'autres secteurs économiques comme celui du tourisme. Pour l'épizootie britannique de 2001, des études ont calculé une perte globale dans ce secteur d'environ 3 milliards de livres sterling pour le Royaume-Uni (Thompson *et al.*, 2002).

Compte tenu des densités, de l'organisation et du niveau de production actuels des élevages, la FA reste une affection majeure par les pertes qu'elle peut induire. Son importance économique repose sur :

- l'infection potentielle des quatre espèces majeures d'animaux de rente,
- son extrême contagiosité,
- sa forte morbidité génératrice de baisses de production voire des séquelles graves,
- les mesures de gestion et notamment les entraves commerciales induites.

De ce fait, la FA fait toujours l'objet d'une attention toute particulière de l'OIE et d'une façon générale, des éleveurs, des autorités sanitaires et des services vétérinaires du monde entier.

4 VERS UN OUTIL D'AIDE A LA DECISION CONTRE LA FIEVRE APHTEUSE

Comme il a été évoqué précédemment, les mesures adoptées pour prévenir l'introduction de la FA en Europe consistent essentiellement à renforcer les systèmes de surveillance et les contrôles des mouvements d'animaux et leurs produits.

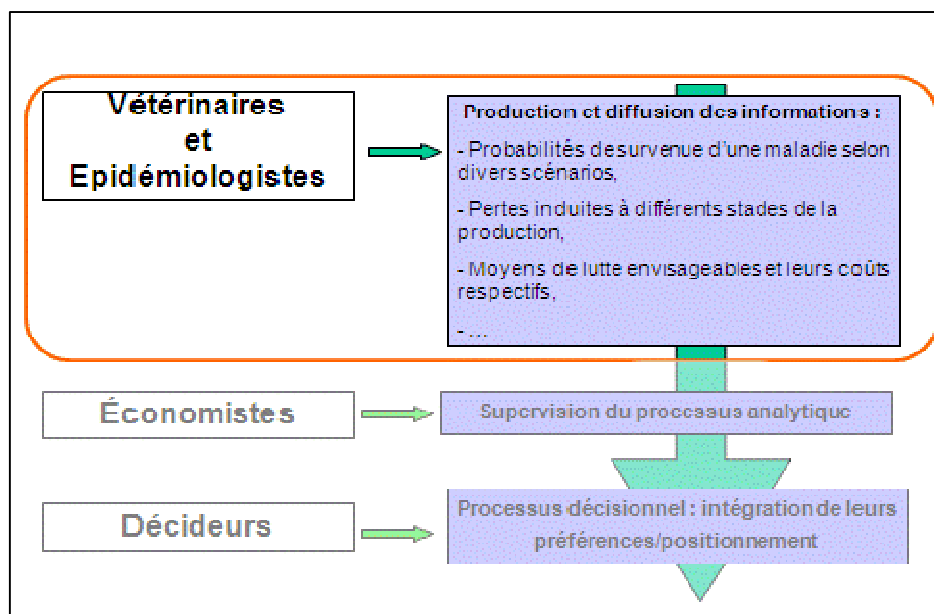
Le fait que la FA soit une maladie pour laquelle de nombreux modèles théoriques ont été construits ne suffit pas pour prévenir la maladie. Chaque nouvelle épizootie représente une nouvelle situation, qui ne ressemble pas forcément aux précédentes. Mais l'expérience de ces dernières années peut sans les généraliser, aider déjà à créer des outils et permettre de se préparer.

Elaborer un outil d'aide à la décision en matière de stratégies de contrôle en maladie infectieuse animale requiert une approche pluridisciplinaire incluant des domaines variés d'expertise (Figure 5) :

- une expertise épidémiologique avec une description de la propagation de l'agent pathogène et une compréhension de la maladie avec l'identification des facteurs d'introduction, de diffusion et de persistance ;
- une expertise économique avec une approche coût/bénéfices ;
- une approche de la dimension sociale prenant en compte les différents groupes d'opinions publiques tels que ceux liés au bien-être animal et les conséquences sociétales des mesures mise en place (Bailey *et al.*, 2006).

Figure 5 : Les acteurs dans l'élaboration d'un outil d'aide à la décision pour maîtriser les maladies animales

D'après Otte and Chilonda, 2000



Le travail de l'épidémiologiste s'attache en premier lieu à produire des informations sur les différents scénarios envisageables (Figure 5). Pour cela, il peut s'aider de différents outils analytiques provenant notamment de l'approche par des réseaux ou des mathématiques avec la modélisation.

Ainsi, une présentation de la méthode d'analyse des réseaux sociaux et son intérêt en épidémiologie animale sont tout d'abord décrits. Puis, des généralités sur la modélisation et une revue des modèles et des études économiques développés sur la FA montrant l'avancée et la variété des recherches en la matière concluent cette partie.

4.1 CARACTERISATION DU RESEAU D'ELEVAGES

La dynamique spatio-temporelle des maladies dépend à la fois des paramètres spécifiques de la maladie mais également des contacts sous-jacents entre élevages. Ces contacts forment un réseau complexe reliant les différents types d'élevages entre eux. Les mouvements font notamment partie de ces connexions et représentent la voie majeure de transmission de maladies comme de récentes épizooties ont pu le démontrer, en 2001 avec la FA au Royaume-Uni mais également la peste porcine classique en 2003 en Allemagne et aux Pays-Bas.

L'analyse de réseaux fondée sur la théorie des réseaux sociaux (SNA pour '*social network analysis*') se centre sur les relations et contacts entre acteurs pour pouvoir détecter et interpréter leurs rôles dans la structure. Cette méthode est à l'origine une application à la sociologie de la théorie mathématique des graphes. Mais des applications sont désormais réalisées dans des domaines très variés de l'éthologie aux échanges Internet, aux connexions cellulaires ou métaboliques.

En épidémiologie, cet outil d'analyse des réseaux sociaux est de plus en plus utilisé à commencer en médecine humaine pour des maladies tel que le SIDA ou la tuberculose qui impliquent des contacts étroits entre personnes. En médecine vétérinaire, la discipline est plus récente (Dube *et al.*, 2009; Martinez-Lopez *et al.*, 2009b) et a débuté notamment par l'étude des mouvements d'animaux.

Cette approche, qu'elle soit dans le domaine de la sociologie ou des mathématiques, a fait l'objet de développements théoriques et d'outils d'analyse performants permettant de caractériser la structure d'un réseau et d'en déduire ses propriétés.

4.1.1 Principe de l'analyse de réseaux

Un réseau est composé de nœuds qui sont les entités d'étude et de liens, relations que l'on étudie. L'analyse structurale des réseaux sociaux caractérise les réseaux en calculant des indicateurs pour les nœuds et leurs relations indiquant leur place et leur rôle dans le réseau (Wasserman, 1994).

Un **graphe** ou un **réseau** est donc un ensemble de points dont certains sont directement reliés par un **lien**. Ces liens peuvent être dirigés, c'est-à-dire qu'un lien entre deux points u et v relie soit u vers v , soit v vers u : dans ce cas, le réseau est dit « **orienté** », le lien est appelé « **arc** ». Sinon, les liens sont symétriques et nommés « **arêtes** », et le graphe est « **non-orienté** ». Dans la littérature, les points sont appelés les « **sommets** » ou les « **nœuds** ».

Un graphe peut avoir des arêtes **multiples**, c'est-à-dire que plusieurs arêtes différentes relient la même paire de points. Un graphe est **simple** s'il n'a ni liens multiples ni boucles.

Classiquement, on représente les données sous forme de matrice d'adjacence $n \times n$ pour un graphe à n sommets. Si les sommets sont comparables, le graphe est qualifié de « **un mode** » (*'one-mode network'*). Il peut exister également des réseaux représentés par des matrices d'affiliation de dimension $n \times e$, indiquant les interactions entre des types de sommets différents. Un lien ne peut être établi qu'entre deux sommets de catégorie différente. Ce type de réseau est appelé réseau à **deux modes** (*'two-mode network'*).

4.1.1.1 Mesures et indicateurs « réseau »

La méthode SNA est fondée sur l'étude des relations entre des entités ou des groupes d'entités et sur l'intensité de ces relations. Cette méthode a développé de nombreux indicateurs pour les nœuds et leurs relations et des méthodes d'identification de groupes de nœuds fortement structurés.

On peut tout d'abord avoir une approche générale en s'intéressant au réseau dans son ensemble. Pour cela, des mesures simples de nombre de nœuds et de liens, de densité des relations, de longueur (nombre de liens entre deux paires de nœuds) permettent une première description du réseau. Puis, en s'intéressant aux caractéristiques des nœuds, on peut déduire des spécificités du réseau et l'influence de certains nœuds. Plusieurs notions telles que la « centralité », la « cohésion » ou la « connexion » sont abordées. La description des principaux indicateurs utilisés dans ce projet est résumée en Annexe 1.

Dans le domaine de l'analyse structurale, la notion de « centralité » est utilisée par plusieurs auteurs pour spécifier et comparer la position des acteurs dans un réseau. Trois mesures de centralité sont particulièrement connues dans la littérature (Sabidussi, 1966; Freeman, 1978/1979) :

➤ **Centralité de degrés**, « les degrés » ('degree') :

Cette mesure correspond au nombre de liens adjacents à un nœud. Elle reflète l'activité relationnelle directe de l'acteur. Selon cette mesure, l'acteur qui occupe la position la plus centrale dans un graphe est celui qui détient le plus grand nombre de connexions directes avec d'autres acteurs.

➤ **Centralité de proximité**, « la proximité » ('closeness') :

C'est une mesure qui repose sur la distance géodésique (*i.e.* la longueur du plus court chemin reliant deux acteurs). Cette notion permet de mesurer la capacité d'autonomie ou d'indépendance des acteurs. Il s'agit ainsi de mesurer l'éloignement ('farness') plutôt que la proximité ('closeness'). Le degré d'éloignement pour un acteur se mesure en faisant la somme des distances géodésiques le liant aux autres acteurs du réseau. Selon cette définition, l'acteur qui occupe la position la plus centrale peut agir plus rapidement avec les autres acteurs car est plus proche.

➤ **Centralité d'intermédiarité**, « l'intermédiarité » ('betweenness') :

Cette mesure correspond au nombre de chemins entre deux sommets (les plus courts) sur lesquels se trouve le nœud étudié. Elle a été mise au point pour rendre compte de la capacité qu'ont les acteurs d'un graphe à assurer un rôle de coordination et de contrôle. L'acteur est central, ici, car il est dans une situation où des acteurs doivent passer par lui pour atteindre d'autres acteurs. Il aura donc la capacité de contrôler la circulation de l'information entre ces acteurs.

Les degrés apportent également une information sur la connexion des nœuds, tout comme la **moyenne des distances géodésiques** ('average path length').

Et, outre ces mesures, la cohésion et la connexion sont approchées également par la détection de sous-groupes de nœuds fortement ou préférentiellement reliés à l'intérieur du réseau.

Un graphe est « **connexe** » (ou « **connecté** ») si tous les nœuds sont accessibles par les liens existants à partir de n'importe quel nœud du graphe. On distingue communément deux types composants connexes : les « **composants faiblement connectés** » traduits de l'anglais '*weakly connected component*' (**WC**) et les « **composants fortement connectés** », '*strongly connected component*' (**SC**). Un WC est un sous-réseau pour lequel un chemin existe entre chaque paire de nœuds sans prendre en compte la direction des liens. Au contraire, un SC est un réseau où la direction des liens est prise en compte.

Il peut être mis en évidence la présence de sous-groupes (WC ou SC) de grande taille se distinguant des autres et appelés « géants ». La présence d'un composant géant faiblement connecté (GWC) permet de renseigner sur la fragmentation du réseau (nombre de groupes de nœuds indépendants, non reliés). La détection de composant géant fortement connecté (GSC, '*giant strong component*') renforcent cette notion de cohésion.

Il est possible également de rechercher des schémas de connexion (ou **clusters**), groupes particuliers de nœuds selon leur cohésion par leur nombre de liens (= **clique**) ou des regroupements préférentiels de nœuds appelés « communautés ».

Ainsi, le « **coefficient de clustering** ou d'agglomération » mesure l'inter- connectivité des voisins d'un nœud considéré *i.e.* la vraisemblance que deux voisins d'un nœud soient associés entre eux. Un coefficient de clustering élevé indique une "tendance à la grégarité" élevée.

Un réseau peut être partitionné en « **communautés** ». Les communautés sont définies comme des sous-groupes de nœuds au sein desquels les liens sont plus denses que dans le reste du réseau. La détection de communautés est fondée sur la « modularité » Q variant de 0 à 1 qui quantifie la qualité du partitionnement (Q , notion introduite par Newman, (2006)). L'objectif est de maximiser Q . Pour cela, plusieurs approches sont possibles avec différents algorithmes de calcul. Nous retiendrons notamment la méthode de « greedy optimisation » proposé par Newman (Clauset *et al.*, 2004; Newman and Girvan, 2004) qui s'applique uniquement sur un réseau simple non orienté. Le partitionnement sera considéré de bonne qualité à partir de $Q=0,5$.

Les principaux indicateurs présentés ici sont définis pour des réseaux à un mode. Les données ou les objectifs des études amènent parfois à définir des réseaux à deux modes, réseau avec deux catégories distinctes de nœuds (acteur et événement). On parle alors de « participation à un groupe ou à un événement » pour décrire le lien entre les deux catégories. L'interprétation des mesures de l'analyse structurale est donc différente des réseaux à un mode et doit être adaptée et faite avec précautions. Certaines mesures sont applicables telles quelles ou leurs formules sont adaptées et calculées pour chaque catégorie de nœuds. Des modes de calcul spécifiques peuvent être aussi utilisés mais tous les indicateurs ne sont pas forcément pertinents (Borgatti and Everett, 1997).

4.1.1.2 Structure et typologie de réseau

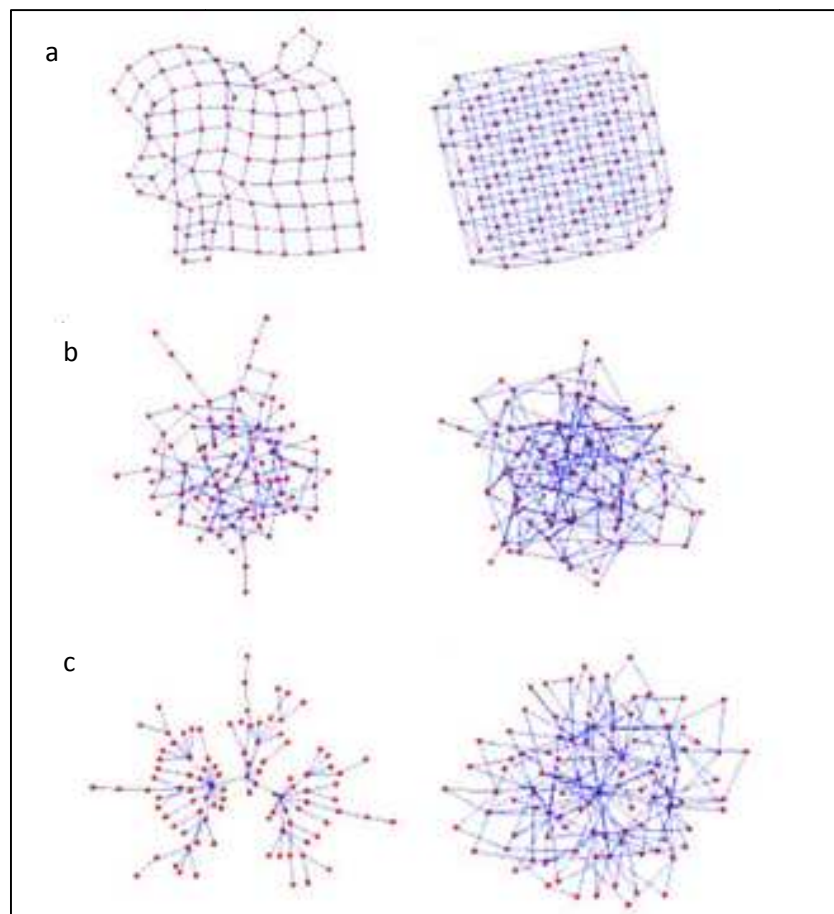
Ces indicateurs et leurs relations permettent de définir la structure du réseau et d'en déduire des propriétés.

On distingue communément trois familles de réseaux (Figure 6) :

- « **Réseau aléatoire** » (*'random network'*) : la position des nœuds, leurs relations sont aléatoires. Il existe une homogénéité entre les éléments du réseau.
- « **Réseau en treillis** » (*'lattice network'*) : les nœuds sont localisés de façon régulière sur une grille de points et uniquement les individus adjacents sont connectés entre eux.
- « **Réseau sans échelle ou scale-free** » (*'scale-free network'*) : il s'agit d'une combinaison entre les réseaux aléatoires et les réseaux en treillis.

Figure 6 : Illustration de différents types de réseau

(a) Réseaux en treillis, (b) Réseaux aléatoire, (c) Réseaux sans échelle d'après Shirley and Rushton, 2005



Un réseau '*scale-free*' se forme lorsque les liens entre les nœuds s'effectuent selon un attachement préférentiel (les nœuds se connectent plutôt vers des nœuds ayant déjà de nombreux voisins). Une hiérarchie entre les nœuds apparaît; un petit nombre de nœuds très connectés dénommés « échangeurs » ou « **hubs** », puis un nombre de plus en plus important de nœuds moyennement ou peu connectés. Ces derniers forment des sous-réseaux passant en général par les « hubs » pour communiquer avec d'autres sous-réseaux. Les « hubs » sont des nœuds jouant des rôles centraux (fortes mesures de centralité) dans la connectivité.

La plupart des réseaux réels sont des réseaux de type '*scale-free*'. Cet attachement préférentiel entre les nœuds se démontre notamment par la distribution des degrés. Cette distribution illustre la hiérarchie des nœuds avec une forme caractéristique en « queue de comète » suivant une loi de puissance $P(k) \sim k^{-\gamma}$ où k est le nombre de voisins d'un nœud. La structure hiérarchique d'un réseau peut également se démontrer par l'existence d'une corrélation entre les degrés et le coefficient de clustering des nœuds ou par le calcul de « l'assortativité ».

L'« **assortativité** » est la corrélation des degrés entre deux paires de nœuds liés par attachement préférentiel. Les réseaux '*scale-free*' sont plutôt « disassortatifs » (assortativité <0) montrant que les nœuds s'associent plutôt à des nœuds qui n'ont pas le même comportement qu'eux.

Ces propriétés de croissance et d'attachement préférentiel ont été largement étudiées. Elles démontrent une robustesse aux « attaques » dites aléatoires mais une vulnérabilité sur des « attaques » dites ciblées (Albert *et al.*, 2000; Barabasi, 2009). Une « attaque » correspond à la suppression d'un ou plusieurs nœuds du réseau. Un réseau '*scale-free*' conserve sa structure avec la majorité des liens si des nœuds sont retirés de façon aléatoire (élimination de nœuds essentiellement non centraux). Par contre, une attaque ciblée notamment parmi des nœuds fortement connectés, les « hubs » déstructure plus facilement le réseau, le fragmente et lui fait perdre ses propriétés et son activité.

Ces études menées originellement dans le domaine de la physique ont permis d'expliquer différents phénomènes observés dans les réseaux existants tels que les réseaux internet ou électriques mais s'appliquent aussi à la biologie.

4.1.2 Analyse structurale de réseau appliquée au réseau d'élevages

Les indicateurs et mesures « réseau » peuvent s'appliquer en épidémiologie et notamment pour les liens entre élevages (Annexe 1).

La traçabilité et l'identification des élevages et animaux fournissent les informations nécessaires. Ainsi des études sur les pratiques et notamment sur les relations de contacts entre deux structures d'élevage et les propriétés structurales du réseau d'élevages sont possibles.

4.1.2.1 Etude descriptive du réseau d'élevage

Un premier travail de description des contacts entre élevages est tout d'abord intéressant. Cela consiste à qualifier des relations définies par une liaison spécifique. Un lien entre deux exploitations peut être : « *partage d'une pâture avec* », « *est attenant ou voisin de* », « *vend un animal à* », « *met en estive avec* », ...

Le nombre de nœuds intervenant dans les contacts et les liens informent sur l'intensité de ces échanges. Les mesures de centralité indiquent la position et le rôle des nœuds dans ces contacts.

Le commerce d'animaux entre exploitations peut ainsi représenter un réseau où les établissements seraient des nœuds et les mouvements entre ces exploitations des liens orientés ou arcs.

Webb, par exemple, a décrit l'organisation d'élevages ovins en Grande-Bretagne par leurs contacts via leur proximité géographique et par le fait de participer à une même foire ou un rassemblement d'animaux (Webb, 2005). Une autre étude au Royaume-Uni s'est intéressée aux chevaux et à leur participation à des courses (Christley and French, 2003). Les contacts directs et indirects des élevages bovins ont été également décrits et représentés en réseaux d'une région de Grande-Bretagne (Brennan *et al.*, 2008) ou en France, en Bourgogne (Dommergues *et al.*, 2011). Ces travaux de description ont permis tout d'abord de mieux comprendre les interactions entre élevages en définissant la structure du réseau. Ils peuvent ensuite aider soit à des applications directes en matière de prévention avec des recommandations de mesures de biosécurité et de contrôle ou alors à alimenter des études plus poussées sur l'impact d'une telle structure en réseau.

4.1.2.2 Etude de la vulnérabilité du réseau face à la diffusion de maladie

En matière de diffusion d'agents pathogènes, tout lien entre exploitations peut être pris en compte mais les échanges d'animaux représentent la voie principale de transmission de maladie.

La majorité des études en santé animale ont étudié les réseaux de mouvements d'animaux vivants (Tableau V). Les nœuds représentent les élevages et les arcs les mouvements d'animaux entre deux élevages. La séquence des mouvements selon leur date peut être prise en compte ou un arc peut représenter au moins 1 mouvement entre deux nœuds dans un pas de temps donné.

Tableau V : Etudes des mouvements d'animaux de rente en Europe par la méthode d'analyse de réseaux

Références	Pays	Espèces	Principaux indicateurs « réseau » étudiés
Webb, 2005	Royaume-Uni	Ovins	WC/SC Distance géodésique Fragmentation
Webb, 2006	Royaume-Uni	Ovins	Degré
Bigras-Poulin <i>et al.</i> , 2006 Bigras-Poulin <i>et al.</i> , 2007	Danemark	Bovins Porcs	Degré Coefficient de clustering Distance géodésique
Kiss <i>et al.</i> , 2006b	Royaume-Uni	Ovins	Degré coefficient de clustering Distance géodésique SC
Ortiz-Pelaez <i>et al.</i> , 2006	Royaume-Uni	Bovins Ovins	Degré, intermédiarité, proximité Nombre de voisins
Christley, 2005	Royaume-Uni	Bovin	Degré WC/SC
Robinson and Christley, 2007	Royaume-Uni	Bovins	Degré WC/SC.
Nöremark <i>et al.</i> , 2011	Suède	Bovins Porcs	Degré Chaine d'infection entrante GWC/GSC.
Natale <i>et al.</i> , 2009	Italie	Bovins	Degré, intermédiarité, proximité
Martinez-Lopez <i>et al.</i> , 2009a	Espagne	Porcs	Degré, intermédiarité, proximité
Kao <i>et al.</i> , 2006	Royaume-Uni	Bovin	GWC/GSC
Volkova <i>et al.</i> , 2010a Volkova <i>et al.</i> , 2010b	Ecosse	Ovins bovins	GSC

Les propriétés structurales définies par des indicateurs du réseau ou propres aux nœuds permettent de renseigner sur la capacité à faire diffuser une maladie ou à limiter sa progression. De nombreuses études au cours de la dernière décennie se sont intéressées à l'impact de la structure d'un réseau (Barabasi and Albert, 1999; Keeling, 2005a; Shirley and Rushton, 2005) et en particulier son influence sur les processus de transmission de maladie et sur les seuils épidémiques (Fevre *et al.*, 2006; Barabasi, 2009).

En effet, il a été démontré différentes propriétés pour les réseaux '*scale-free*' par rapport à la diffusion de maladie. Pastor-Satorras and Vespignani (2001) les ont qualifiés de réseaux aptes à la diffusion et à la persistance d'infections quel que soit l'agent pathogène. Par ailleurs, la phase de diffusion initiale d'une maladie dans un réseau '*scale-free*' serait plus rapide et détectée plus tardivement que dans un réseau aléatoire (Kiss *et al.*, 2006a). Le caractère hiérarchique renforce l'intensité de diffusion notamment pas les « hubs » qualifiés également de '*super spreader*'.

Ortiz-Pelaez *et al.* (2006) ont étudié le réseau d'élevages au Royaume-Uni en se rapportant aux données de l'épisode de 2001 en matière de mouvements vers les élevages, les négociants et les marchés. Le but de cette étude était d'explorer des mouvements enregistrés de bovins et ovins durant la phase initiale de l'épizootie, avant que l'interdiction de mouvements soit imposée. Ils ont ainsi décrit et visualisé le réseau de ces mouvements et quantifié le poids relatifs des différents acteurs. L'analyse réalisée a permis d'identifier les acteurs clé dans la diffusion de la maladie : les établissements à fortes valeurs de centralité (les « hubs ») représentés en majorité par les négociants et les marchés.

En matière de diffusion, la direction et la séquence des liens sont importantes ; les études se portent plutôt sur des réseaux orientés. La connectivité d'un réseau détermine l'intensité et la vitesse à laquelle une maladie peut se propager. Ainsi, des groupes de nœuds proches et très connectés peuvent être considérés comme structure vulnérable. Ainsi, les WC et SC renseignent sur la fragmentation du réseau mais les SC apportent une information supplémentaire à cette cohésion puisque tout nœud dans le graphe est accessible par un autre en tenant compte de la direction des liens. Les GSC détectés dans les réseaux d'échanges d'animaux ont été également étudiés comme prédicteurs de la taille finale d'une épizootie (Kao *et al.*, 2006; Kiss *et al.*, 2006b). Toute mise en évidence de sous-structures cohésives renseigne donc sur une certaine forme de vulnérabilité structurelle du réseau correspondant à des établissements fortement reliés et donc des établissements dont l'organisation peut favoriser la diffusion d'une maladie.

Un corollaire à ces propriétés de structure est que cette vulnérabilité peut être contrôlée en agissant (ou en neutralisant) sur des points ciblés du réseau et notamment sur les « hubs ».

Par ailleurs, de nouveaux indicateurs dérivés des mesures classiques de SNA décrites plus haut ont été développés pour pouvoir répondre au mieux aux problématiques d'épidémiologie. Ainsi la mesure de « chaîne d'infection » a été introduite (Webb, 2006). Cette mesure identifie le nombre d'établissements connectés à une exploitation incluant les contacts directs (adjacents) et indirects (tous les chemins menant à cette exploitation) en tenant compte de la chronologie des contacts. Cet ordre est vraiment important dans le suivi d'une diffusion de la maladie. De la même façon que les degrés, cette chaîne peut être calculée soit comme « entrante » dans l'établissement (*'the ingoing infection chain'*) soit comme « sortante » (*'the outgoing infection chain'*) (Nöremark *et al.*, 2011).

Mais finalement, peu d'indicateurs communément utilisés intègrent la chronologie et la dynamique des contacts. La discipline est en plein évolution et des études commencent à s'intéresser à de nouveaux indicateurs plus concrets qui s'adaptent aux réseaux complexes (multilignes, dynamiques) formés par les établissements d'élevage.

En épidémiologie vétérinaire, la diffusion de maladie (sa vitesse et son ampleur) serait donc étroitement liée à la structure du réseau représenté par les exploitations d'élevages liées entre elles. En plus de décrire la structure, cette méthode SNA permet de mettre en évidence des groupes ou des exploitations à risque ou à rôle important dans la diffusion de maladie. Ainsi, des mesures de contrôle ou de prévention sur une partie des établissements peuvent être suggérées pour contenir la diffusion en termes de nombre de foyers et d'extension géographique.

4.1.2.3 Apport pour la modélisation

Coupler le SNA avec un modèle permet de prendre en compte les paramètres spécifiques d'une maladie et de respecter les flux chronologiques (tels que les données réelles de mouvements d'animaux) que l'approche par analyse de réseau seule ne peut respecter.

L'évaluation de la propagation de maladie ou de l'efficacité de mesures de contrôle requiert la compréhension globale de la dynamique en prenant compte les réseaux de contacts entre élevages ou population hôte ou vecteurs (Kiss *et al.*, 2006a). Cette dynamique évolue dans un environnement hétérogène de par la répartition des contacts entre individus mais aussi selon leur répartition hétérogène dans l'espace.

Kao *et al.* (2006) ont analysé le réseau de mouvements de bovins pour étudier la diffusion de la FA et ont comparé leurs résultats avec un modèle stochastique où les données de mouvements étaient intégrées (Keeling *et al.*, 2001). L'étude reposait sur la relation entre la présence de GSC et la taille finale d'une épizootie et le calcul du taux de reproduction de base (R_0 , représentant un taux seuil de risque de diffusion de la maladie). Un risque de diffusion plus marqué en automne a été identifié. L'analyse des relations (contacts locaux et à distance) entre exploitations a démontré que la diffusion par proximité avait plus d'influence sur la propagation de la maladie que les mouvements sur une petite distance. Les contaminations locales augmentent finalement plutôt la taille de l'épizootie en nombre mais pas en extension géographique. Il faut cependant noter que les autres modes de transmission (véhicule, personne,...) non testés sont aussi à prendre en compte. Cette étude démontre également que les mouvements de bovins peuvent à eux seuls entraîner des contaminations à l'échelle du pays entier.

Les données sur les relations influençant le **réseau de contacts** entre exploitations sont incontournables pour alimenter les **modèles de diffusion spatiale des maladies** entre exploitations.

L'approche par les **réseaux** apporte des informations **structurelles et statiques** sur la vulnérabilité du réseau face à la diffusion d'une maladie alors que l'approche par la **modélisation** va aborder cette **vulnérabilité** de façon **dynamique**.

4.2 MODELISATION DE LA FIEVRE APHTEUSE

Du fait de son large impact (forte contagiosité et lourdes conséquences économiques), la FA est une maladie qui a souvent été modélisée dans une perspective de prévision du risque. Mais l'utilisation de modèles, notamment en épidémiologie, peut selon les méthodes utilisées et surtout selon les objectifs, avoir des finalités variables.

La revue des publications récentes (élaborées de façon majoritaires suite à l'épizootie de 2001 au Royaume-Uni) a permis d'alimenter et argumenter le projet mais également de dégager les différents principes des modèles. Auparavant, quelques définitions et principes de modélisation sont présentés.

4.2.1 Généralités sur la modélisation

Les modèles de diffusion de maladies infectieuses, d'abord outils purement théoriques, ont commencé à être mis en pratique avec le SIDA dans les années 1980 et se sont progressivement affirmés comme outils d'aide à la décision pour les politiques publiques. Depuis, la modélisation continue d'être un sujet de recherche actif en intégrant de nouveaux outils proposés par exemple l'approche par les réseaux.

4.2.1.1 Définitions

➤ Un **modèle** est une construction simplifiée d'une réalité visant à reproduire cette réalité afin d'en dégager des connaissances peu accessibles, par l'observation ou par l'expérimentation car masquées par la complexité de la réalité.

Les modèles des systèmes biologiques cherchent à décrire finement les paramètres des systèmes biologiques tandis que les modèles mathématiques et les modèles de simulations s'intéressent à la description d'un système pour pouvoir faire des prédictions.

➤ On distingue tout d'abord les modèles selon leur caractère déterministe ou stochastique. Un **modèle déterministe** pour un jeu de paramètres donné aura un comportement fixe, ce qui signifie que le résultat est le même à chaque fois que le modèle est lancé. En revanche, un **modèle stochastique** inclut la notion d'aléas ; utilisation de lois de probabilité, ce qui peut se faire en considérant la variance des paramètres ou en sélectionnant des événements par un tirage de nombres aléatoires (simulation de Monte-Carlo). Chaque réalisation du modèle donnera un résultat différent. Un modèle stochastique est en général moins simplificateur et permet d'inclure une

variabilité biologique mais inversement d'un point de vue mathématique, il est plus difficile à gérer et ses résultats sont plus complexes à analyser.

➤ Une **simulation** est l'application du processus de modélisation. Elle diffère selon sa finalité. Il existe d'une part la simulation pour prédire un état ou estimer une valeur : celle-ci part d'un état initial connu et/ou fixé. Et d'autre part, il y a la simulation dont le propos est l'étude de systèmes qui n'existent pas ou qui sont mal connus : ici l'état initial est forcément inconnu et il s'agit de déterminer quels sont les états atteignables à partir des états initiaux possibles. L'objectif est dans ce second cas l'acquisition de connaissances sur le système modélisé.

➤ Un modèle peut être ensuite évalué en faisant une analyse de sa sensibilité. Une **analyse de sensibilité** consiste à quantifier l'influence de la variabilité d'un paramètre du modèle sur celle du résultat.

4.2.1.2 Représentation de la population

Les **modèles compartimentaux** divisent la population étudiée en classes épidémiologiques ou comportements définis selon un état de la santé. La plupart du temps, les états suivants (mutuellement exclusifs) sont utilisés : sensible S (jamais exposé au pathogène), exposé E (en phase de latence), infectieux I (en stade infectieux), immunisé R (guéri et protégé de façon naturelle ou induite par la vaccination). L'état de la population est alors décrit par le nombre d'individus dans chaque compartiment et sa dynamique correspond aux flux entre compartiments.

Les individus au sein d'un compartiment partagent des caractéristiques communes telles le statut infectieux, la localisation géographique et d'autres caractéristiques intrinsèques (espèce, type de production,...). La multiplication des compartiments permet de prendre alors en compte des facteurs d'hétérogénéité de la population.

Les **modèles individus centrés** permettent de décrire la population en associant un état de santé à chaque individu. La dynamique de la population est alors décrite par les lois d'évolution des états de santé au niveau individuel. Ce type de modèle vise en particulier à étudier comment des comportements globaux peuvent émerger de dynamiques individuelles. Ces modèles consistent typiquement en un environnement dans lequel des interactions ont lieu entre un certain nombre d'individus définis par leurs comportements et contacts (Keeling and Rohani, 2007). De plus, la variabilité stochastique permet une approche plus réaliste de la variabilité biologique observée lors de la propagation d'une épidémie.

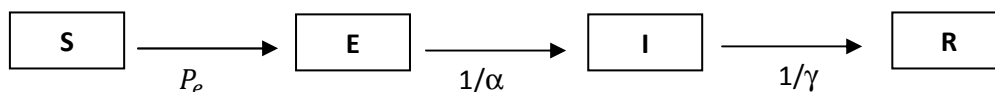
4.2.1.3 Représentation dynamique de la diffusion de maladie

La propagation de maladies infectieuses au sein d'un modèle se décrit par la progression des individus dans les différents états (Figure 7). Le nombre d'individus dans chaque compartiment varie au cours du temps. Les modèles se distinguent selon le pas de temps utilisé. Le temps peut être considéré comme continu (divisible à l'infini) ou comme discret (avec des pas de temps déterminés).

Les processus de passage d'un état à l'autre peuvent être déterministes ou stochastiques. La proportion des individus passant d'un état à un autre peut être définie par des taux de transition, par des probabilités ou le temps de transition entre chaque compartiment peut être tiré à partir d'une loi de probabilité.

Figure 7 : Exemple d'un processus d'infection dans un modèle épidémiologique.

L'individu peut passer de l'état S à l'état E selon un processus stochastique, par la suite le processus d'évolution de l'infection peut être déterministe.



Le passage de l'état sensible à l'état exposé est, dans l'exemple, un événement stochastique qui se produit avec la probabilité P_e calculée à chaque pas de temps.

Une expression de cette probabilité souvent rencontrée dérive d'une loi de Poisson et s'écrit sous sa forme la plus simple :

$$P_e = 1 - e^{-\beta \frac{I}{N} dt} ,$$

P_e est la probabilité pour un individu d'être infecté entre le temps t et $t + dt$, N le nombre total d'individus de la population étudiée.

β est le paramètre de transmission. Ce taux tient compte de la sensibilité et réceptivité des individus. La force d'infection, notée λ (ici, $\lambda = \beta I/N$) est le taux d'individus sensibles devenant infectés dans une population hétérogène à un moment donné (Anderson and May, 1991).

Un autre indicateur important en épidémiologie est le taux de reproduction de base (R_0). Il correspond au nombre moyen d'individus qu'un individu infectieux peut infecter, tant qu'il est contagieux, dans une population entièrement saine.

Si $R_0 < 1$, alors un individu infecte en moyenne moins d'un autre individu, ce qui signifie que la maladie disparaîtra de la population. À l'opposé, si $R_0 > 1$, alors la maladie peut se propager dans la population. Déterminer R_0 en fonction des paramètres du modèle permet ainsi de calculer les conditions dans lesquelles la maladie se propage.

Par exemple, pour une maladie avec une période d'infection moyenne $1/\gamma$ avec un taux de transmission β , R_0 est égal à β/γ .

4.2.1.4 Hétérogénéité de la population et composante spatiale

Afin de mieux comprendre la dynamique de propagation d'une maladie, certains éléments d'hétérogénéité sont nécessaires.

Dans les modèles compartimentaux, les individus sont classés par compartiments alors qu'ils peuvent être très différents de par, par exemple, leur réceptivité à la maladie ou leur nombre de contacts, ce qui influe sur leur exposition. Les compartiments ne permettent pas de traduire facilement les caractéristiques et la structure de la population et ses conséquences pour les maladies.

Pour cela, le choix d'un modèle stochastique individu-centré permet de mieux prendre en compte la diversité des individus et leurs attributs intrinsèques dans la population.

Par ailleurs, la connaissance de l'environnement dans lequel se propage un agent pathogène permet également de mieux représenter la dynamique d'une infection à l'échelle de la population. Modéliser par exemple la disposition spatiale, les déplacements ou les différents contacts permet de suivre l'évolution de la maladie dans l'espace. Ces aspects peuvent intégrer des notions proches de celles de la science des réseaux, décrites plus haut, sans avoir nécessairement besoin de représenter explicitement un graphe (Keeling, 2005a).

Pour finir, il faut également se rappeler que les modèles sont forcément des approximations du déroulement réel de la diffusion de la maladie, même si l'approche stochastique essaie de reproduire au mieux la variabilité biologique. Il est finalement impossible de prévoir avec exactitude l'apparition d'une épizootie et sa localisation, même si les données utilisées sont très précises (Keeling, 2005b). Le paramétrage du modèle est l'un des points critiques, en particulier pour ce qui n'est pas connu précisément ou immesurable et qui est alors estimé des expériences observées ou des épizooties passées (Tildesley *et al.*, 2008). Les résultats dépendent entièrement de la validité des données utilisées ou encore de l'estimation de paramètres.

4.2.2 Modèles de diffusion de la fièvre aphteuse

Le développement de modèles a connu un fort essor au cours de ces dernières années, notamment suite à l'épizootie de 2001 au Royaume-Uni. Ces modèles ont permis d'améliorer les connaissances existantes sur la FA et sur la dynamique des épizooties.

4.2.2.1 Caractéristiques de diffusion

De nombreuses études ont pu être réalisées sur des épizooties passées mais l'étude de l'épizootie de 2001 est riche en enseignements car contemporaine et d'une ampleur surprenante (Tableau III). Les données ont pu être collectées au fur et à mesure et certains modèles ont été rapidement proposés avant la fin de l'épizootie. Trois modèles « types » ont fait une analyse très précoce de l'épizootie ; les modèles stochastiques proposés par l'équipe de Keeling *et al.*(2001) et par celle de Morris *et al.*(2001) et le modèle déterministe de l'équipe de Ferguson *et al.*(2001).

A partir de cette période, les modèles généralisent la prise en compte de l'hétérogénéité spatiale des élevages et de spécificité d'espèce.

➤ Le modèle de Ferguson *et al.* prend en compte la transmission locale et à longue distance entre les élevages selon leur répartition spatiale, mais pas (au moins dans sa version initiale) les variabilités pouvant exister entre les élevages et les spécificités d'espèce (Ferguson *et al.*, 2001). L'approche déterministe a été une limite non négligeable de ce modèle. Le modèle permettait de représenter les contacts de longue distance et les relations spatiales et locales avec les voisins. Ferguson s'est servi des données de terrain des deux premiers mois de diffusion de la maladie et a construit un modèle pour faire des prédictions sur l'expansion de la maladie en comparant avant et après la mise en place des mesures de lutte. La diffusion de la maladie a été estimée depuis sa phase silencieuse d'après le taux de reproduction de base R_0 .

➤ Morris *et al.* proposent un modèle dénommé « Interspread » prenant notamment en compte l'espèce et le nombre d'animaux présents dans chaque ferme, ainsi que la distance entre les élevages (Morris *et al.*, 2001). Le modèle inclut un nombre important de facteurs dont notamment pour les différentes voies possibles de transmission (recensement, données commerciales, routes empruntées par les camions,...). Il se distingue ainsi des autres par son degré de détail mais tous ces mécanismes pris en compte nécessitent toutefois de nombreuses hypothèses et rendent le paramétrage complexe.

➤ Keeling *et al.*(2001) ont étudié l'influence de la répartition spatiale, de la taille des élevages, et des espèces présentes sur l'évolution de l'épizootie et sur le choix des mesures de contrôle. Ce modèle est également basé sur une approche stochastique et ressemble au modèle Interspread. La propagation de la maladie est évaluée par une fonction simple de probabilité de contamination entre les fermes infectées et les fermes susceptibles, en prenant en compte les espèces et le nombre d'animaux de chaque élevage et incluant le principe des kernels. Les kernels sont un outil statistique qui représente le risque relatif de transmission en fonction de la distance entre le foyer primaire et les foyers secondaires. Cette approche qui permet de définir des contacts de voisinage entre exploitations, est complétée par l'estimation des paramètres de transmission propres aux caractéristiques « maladie-espèce ». Ces estimations sont corrélées avec les observations terrain. Toutefois, ce modèle n'intègre pas les aspects temporels de l'évolution de l'infectiosité des élevages : les périodes latente et infectieuse ont été modélisées à l'aide d'un nombre fixe de jours, sans aucune variabilité. La diffusion n'est étudiée qu'après la mise en place des mesures de restrictions. Les résultats de cette étude montrent l'influence de la taille et des espèces sensibles présentes dans la diffusion locale. Les grandes exploitations étaient touchées en premier. Les bovins ont également individuellement plus contribué à la diffusion de la maladie que les moutons.

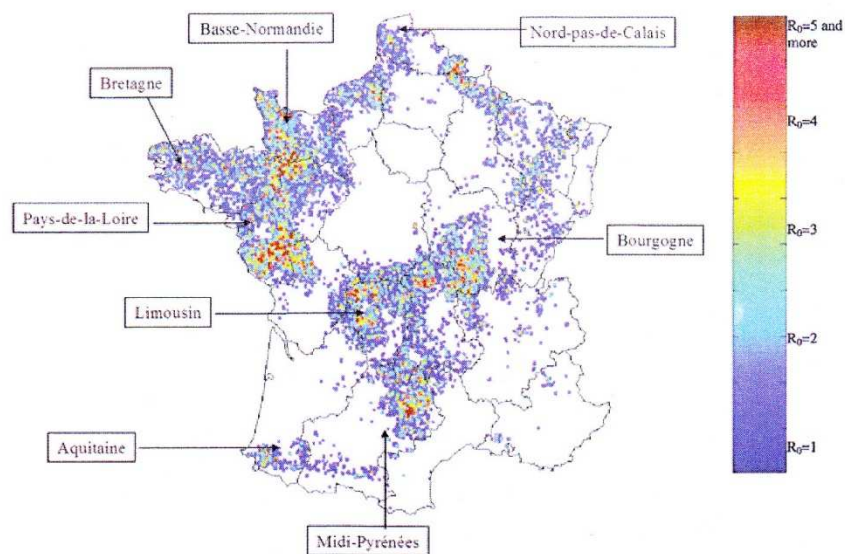
Peu d'études ont été conduites en France. Durand et Mahul ont proposé un modèle compartimental centré sur l'élevage prenant en compte la diffusion silencieuse du virus aphteux (Durand and Mahul, 1999). Il repose sur une structure d'élevage recomposée (estimations selon les données du recensement). La variabilité est intégrée par des distributions statistiques. Le taux de transmission est déterminé d'après un modèle intra-cheptel selon les différentes zones d'élevage (type et densité d'élevage). Les flux d'animaux entre les exploitations ne sont pas intégrés à la transmission inter-troupeau mais une diffusion aérienne du virus aphteux *via* l'excrétion dans les aérosols était plutôt prise en compte.

Le Menach *et al* (2005) s'appuient sur le modèle stochastique de Keeling (Keeling *et al.*, 2001) pour évaluer les conséquences d'une introduction du virus en France. Le modèle prend en compte la taille des élevages, le(s) espèce(s) concernée(s), la structure spatiale du réseau français (densité, localisation spatiale). L'étude est basée sur les élevages bovins et ovins et fait intervenir la transmission directe de ferme à ferme *via* les kernels de diffusion. Les cheptels sont supposés uniformément repartis au sein de la commune. L'étude de la diffusion commence à la mise en place des limitations de mouvements. Les auteurs ont réalisé une cartographie des zones à risque de

diffusion du virus à partir de l'estimation du taux de reproduction de base R_0 dans chaque ferme française (Figure 8). Ils ont ainsi démontré l'importance de la localisation spatiale et du type d'exploitation initialement infectées (taille, espèces), et mis en évidence des zones plus à risque que d'autres quant à la propagation du virus aphteux. L'agrégation des élevages accélère la diffusion de la maladie.

Figure 8 : Cartographie des zones à risques de diffusion du virus aphteux en France, à partir de l'estimation du taux de reproduction de base R_0

(Le Menach *et al.*, 2005)



Le modèle de Durand et Mahul fut l'un des premiers modèles étudiant la phase initiale de diffusion de la maladie.

Cette diffusion silencieuse (diffusion de la maladie avant la découverte de la maladie) apparaît cruciale mais a été paradoxalement peu étudiée (Durand and Mahul, 1999; Bates *et al.*, 2003c; Green *et al.*, 2006; Yoon *et al.*, 2006; Carpenter *et al.*, 2011). Il apparaît pourtant clairement suite à ces études que les méthodes de lutte et d'éradication de la maladie sont fonction de l'étendue et des types d'élevages infectés lors de la découverte d'un foyer.

Par ailleurs, de plus en plus de modèles intègrent les mouvements d'animaux dans la transmission de la maladie, que ce soit à partir de données simulées (Yoon *et al.*, 2006) ou réelles (Green *et al.*, 2006; Kao *et al.*, 2006). Green *et al.* ont ainsi établi, à l'aide d'un modèle individu-centré, que la transmission à distance basée sur les mouvements réels des animaux en Grande-Bretagne entre 2003 et 2004 pouvait suffire à conduire à une épidémie de grande taille à l'échelle nationale. La transmission locale contribuait surtout à une augmentation de l'ampleur des épizooties, mais n'induisait pas d'extension géographique notable, contrairement à la transmission longue distance *via* les mouvements, notamment ceux des bovins.

Diverses approches de modélisation sont donc possibles pour étudier les caractéristiques de diffusion de la maladie. Unaniment, il ressort de ces études que bien connaître la distribution géographique des élevages, la distance entre eux, la taille des troupeaux, le type de production et d'espèce présente sont des considérations importantes pour la modélisation. La connaissance de l'environnement et du réseau d'élevages apparaît fondamentale.

Par ailleurs, les conclusions de ces études montrent que l'efficacité des méthodes de lutte est fonction de l'état des lieux lors de la découverte d'un foyer (étendue et types d'élevages précédemment infectés), liés donc aux caractéristiques de la phase silencieuse de la maladie.

Finalement aucun auteur ne s'est intéressé à la fois à la diffusion de la maladie depuis son introduction et à une diffusion au sein du réseau d'élevages en France reposant sur un modèle proche de la réalité.

4.2.2.2 Caractéristiques de détection

Tous les modèles de 2001 suggéraient notamment l'importance d'un diagnostic plus rapide. Mais dans la plupart des modèles, la détection de la maladie n'est pas explicitement modélisée et ne peut être étudiée. La surveillance passive repose normalement sur la détection de signes cliniques selon les observations de l'éleveur et la notification de la maladie par le vétérinaire. Dans les modèles existants, le premier foyer est généralement considéré comme déclaré simplement au-delà d'un seuil prédéfini, en fonction du nombre d'animaux infectés ou en fonction du temps écoulé depuis l'introduction de la maladie dans le troupeau.

Dans la littérature, deux types de modèles précisent cependant de manière détaillée le processus de détection et déclaration de la maladie.

La version améliorée du modèle « Interspread » de 2001, « Interspread Plus » décompose la surveillance selon quatre programmes : (1) avant l'épizootie où les acteurs assurent une vigilance vis-à-vis de la maladie, puis pendant l'épizootie avec (2) une surveillance ciblée sur les élevages identifiés à risque suite aux enquêtes épidémiologiques, (3) une surveillance ciblée dans la zone de protection de 3km et (4) une surveillance générale dans le reste des élevages (Sanson *et al.*, 2006b). La déclaration d'un cas résulte ensuite de différents paramètres :

- d'un déclenchement de visite selon une fréquence et une probabilité de sélection de l'élevage pour une visite,
- puis d'une détection de la maladie selon un délai depuis l'infection et une probabilité de reconnaître des signes cliniques selon le type d'élevage et espèces présentes.

Le processus dans ce modèle est très détaillé et demande de nombreuses hypothèses pour le paramétrage.

Le modèle nord américain « NAADSM » distingue plus simplement deux probabilités dans le processus de détection (Harvey *et al.*, 2007) ; la probabilité d'observer des signes cliniques et la probabilité suite à cette observation de donner l'alerte. Ces probabilités sont spécifiques du type de production. Chaque jour et pour chaque atelier d'élevage, le modèle détermine la probabilité d'observer des signes cliniques en fonction du nombre de jours que l'élevage a passé dans l'état infectieux. Cette probabilité augmente après la déclaration du premier foyer.

Le modèle est intéressant car ces probabilités correspondent, en fait, aux différents acteurs de la surveillance (éleveur et vétérinaire). La dynamique du niveau de vigilance est reliée au fait que l'épizootie soit déclarée ou pas et à la manifestation des signes cliniques.

Cependant il n'y a pas de distinction de dynamique selon ce que chaque acteur a observé. Les modèles existants ne tiennent pas compte de « l'histoire » de chaque acteur (ce qu'il a vu précédemment) et de son champ d'action ou de vision lui permettant d'améliorer sa vigilance ; l'éleveur ne suit que ces animaux, le vétérinaire suit plusieurs animaux dans différents élevages correspondant à sa clientèle.

La modélisation du processus de surveillance selon la vigilance des acteurs ou selon une dynamique de vigilance a finalement été peu proposée par des modèles et peut être mieux explorée.

4.3 EVALUATION EFFICACITE/COUT DES STRATEGIES DE LUTTE

Un des principaux rôles de la modélisation des épidémies est d'évaluer les effets des différentes stratégies de lutte pour orienter les décisions de police sanitaire.

4.3.1 Approche épidémiologique

La modélisation épidémiologique va permettre par des simulations d'étudier la dynamique de l'infection entre troupeaux et de créer différents scénarios de diffusion de la maladie au travers le pays.

Les scénarios classiquement étudiés combinent les stratégies d'abattage sanitaires des foyers, l'abattage préventif et la vaccination péri-focale. Une diversité de scénarios est créée en faisant varier :

- les périmètres d'intervention : Classiquement pour les études européennes, le périmètre étudié pour l'abattage préventif va jusqu'à 3 km et varie de 3 à 10 km pour la vaccination.
- les délais de mise en place des mesures. Ce délai concerne le plus souvent le délai d'abattage des foyers ou des élevages à risque qui est en fait étroitement lié avec les ressources disponibles.
- les ressources disponibles pour la mise en place des mesures.

Les recommandations des modèles reproduisant l'épizootie 2001 étaient de procéder à une stratégie d'abattage sans vaccination et de réduire les délais de suspicion /destruction des carcasses sans attendre la confirmation. Cela a entraîné pour beaucoup d'élevages ovins (qui exprimaient peu la maladie) de nombreux abattages préventifs.

Dans d'autres pays, des modèles s'appuyant sur la composante spatiale ont servi à étudier l'efficacité relative de différentes mesures de lutte ; en Australie (Garner and Beckett, 2005), aux Etats-Unis (Bates *et al.*, 2003b, c; Kobayashi *et al.*, 2007a, b; Ward *et al.*, 2009), aux Pays-Bas (Boender *et al.*, 2010), ou encore en Espagne (Martinez-Lopez *et al.*, 2010). Des études ont également été conduites *a posteriori* dans des pays ayant récemment connu des épizooties en Argentine (Perez *et al.*, 2004) et en Corée du Sud (Yoon *et al.*, 2006), par exemple. Les résultats rejoignent ceux des précédents modèles, soulignant l'importance de l'abattage de proximité. Par contre, ils démontrent l'utilité d'une vaccination précoce ciblée en début d'épizootie. Face à une épizootie de forte ampleur survenant dans une zone à forte densité, la vaccination permet de réduire de façon significative la propagation de la maladie et l'ampleur des épizooties.

Par ailleurs, il est admis qu'en matière de diffusion les modèles peuvent être assez précis mais que pour évaluer les moyens de lutte, les modèles ont leurs limites et ne peuvent traduire les réactions humaines, le risque perçu et les limites des moyens pouvant être mis en œuvre (Kitching *et al.*, 2006).

Ces modèles permettent toutefois de tester des effets de différents scénarios d'intervention sur la dynamique d'épizooties générée et de proposer ainsi des arguments aux gestionnaires pour le choix d'une stratégie de lutte.

Mais, outre la maîtrise de l'ampleur de la maladie par les mesures de lutte, il convient ensuite d'évaluer les coûts et les pertes induits par la maladie et les mesures mises en place.

4.3.2 Approche économique

L'évaluation des coûts et des pertes induits permet de comparer l'efficacité et l'efficience des différentes stratégies de lutte.

Les résultats des modèles épidémiologiques sont utilisés comme entrées pour les études économiques. La coopération entre ces deux disciplines est notée comme fondamentale pour relever les défis posés par les flambées épizootiques dans de nombreux bilans (OIE, 2002; OCDE, 2007) et est de mieux en mieux admise dans le processus décisionnel des autorités vétérinaires.

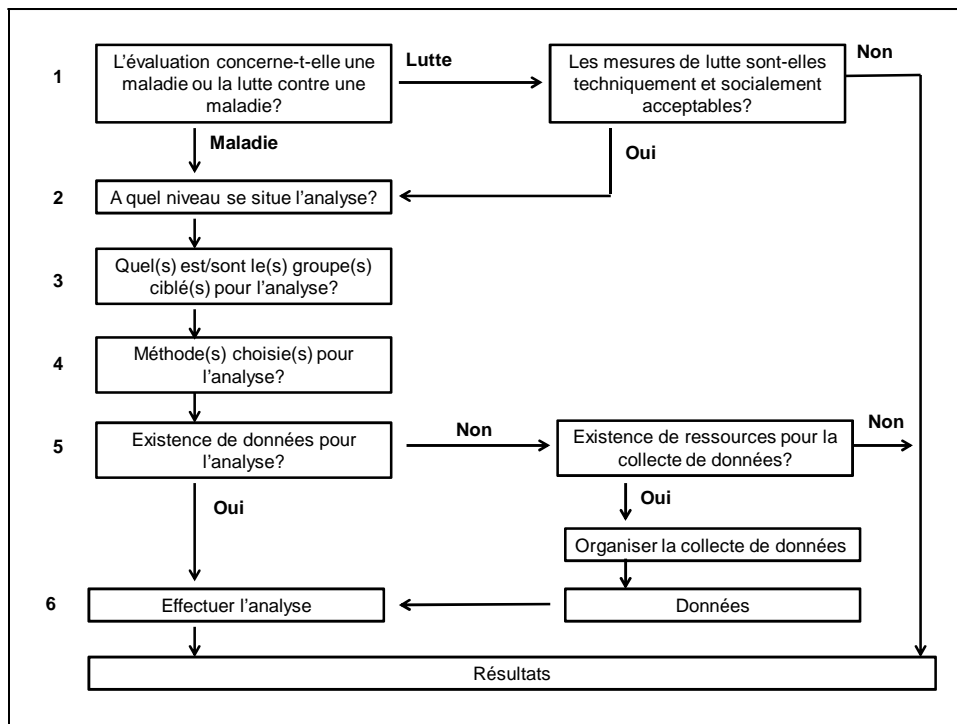
Pour chaque étude, le niveau d'analyse économique (unité économique) ainsi que le type de coûts étudiés doivent être définis (Figure 9) (Rushton *et al.*, 1999). Les coûts directs concernent l'impact de la maladie et des moyens de lutte pour les élevages, par opposition aux coûts indirects qui représentent les répercussions sur le reste de l'économie. Au sein des pertes directes, on distingue les coûts directement liés à la maladie et aux mesures de lutte et ceux induits par ces mesures (Otte and Chilonda, 2000; Pritchett and Thilmany, 2005).

La FA est une maladie dont les conséquences sont souvent plus économiques que sanitaires et c'est pour cela que de nombreuses analyses économiques ont été publiées.

Ces conséquences ont été étudiées par de nombreux modèles, que ce soient les coûts directs (dus à la maladie et à la mise en place des mesures de police sanitaire) ou les coûts indirects (dus aux conséquences secondaires telles que les restrictions commerciales des échanges internationaux)(Bates *et al.*, 2003a; Abdalla *et al.*, 2005).

Figure 9 : Schéma décisionnel d'évaluation de l'impact économique des maladies animales et des mesures de lutte.

D'après Rushton *et al.*, (1999)



Les différents types de pertes prises en compte dans les études peuvent se répartir ainsi :

- Diminution de la productivité et de la valeur des animaux (à cause de la maladie ou des mesures de contrôle utilisées),
- Coûts des opérations de police sanitaire et pertes induites,
- Pertes dues à la restriction des échanges commerciaux nationaux et internationaux,
- Diminution de la demande, diminution de la consommation,
- Pertes pour le secteur du tourisme et d'autres secteurs industriels,
- Impacts environnementaux, en partie dus à la destruction des carcasses contaminées.

Schoenbaum et Disney ont évalué l'efficacité et les coûts induits par différentes stratégies de luttés pour des épizooties de FA se déclarant aux Etats-Unis (Schoenbaum and Terry Disney, 2003). Les résultats ont montré que la stratégie optimale dépendait de la virulence de la souche et des caractéristiques démographiques des populations animales (densité d'élevage, taux de contact entre élevages). Les auteurs ont ainsi démontré que l'abattage préventif des élevages à risque était moins coûteux que l'abattage des foyers seul. La vaccination a été évaluée comme stratégie la plus onéreuse, notamment parce que les animaux vaccinés étaient par la suite abattus. Toutefois, une

vaccination précoce permettrait de diminuer de façon notable la durée des épizooties et les coûts pour l'Etat. Bates *et al.* ont également démontré que la vaccination menée en Californie pouvait être une stratégie de contrôle économiquement optimale, si les animaux ne sont pas abattus par la suite (Bates *et al.*, 2003a). Ces études sont également cohérentes avec celle Kobayashi *et al.*(2007a) qui ajoute que l'abattage préventif ne permettait pas de réduire suffisamment la diffusion de la maladie ou la durée des épizooties pour compenser les coûts des mesures. Carpenter *et al.* ont notamment souligné l'importance d'une détection précoce de la maladie et de la mise en place rapide de mesures de gestion pour réduire l'impact économique d'une épizootie (Carpenter *et al.*, 2011).

Sur le continent européen, Tomassen *et al.* ont réalisé une étude aux Pays-Bas qui s'intéressait aux pertes directes (pour le secteur de l'élevage, les abattoirs, les transporteurs...) et aux pertes indirectes pour le commerce à l'export (Tomassen *et al.*, 2002). Les auteurs ont ainsi montré que la densité animale de la région touchée était un déterminant important pour le choix d'une stratégie de contrôle optimale, ce qui est cohérent avec d'autres études (Horst *et al.*, 1999; Mahul and Durand, 1999). Une stratégie vaccinale serait ainsi une solution économiquement optimale dans les zones à forte densité, mais pas dans les zones peu denses, pour lesquelles une stratégie d'abattage serait davantage conseillée. En effet, dans les zones à forte densité, des capacités d'abattage limitées peuvent être insuffisantes pour endiguer la diffusion virale.

Cependant, ces résultats sur la vaccination sont à moduler selon le type de pertes étudiées ; les restrictions commerciales imposées par les autres pays et des pertes à l'export ne feraient pas toujours de la vaccination une stratégie économiquement optimale (Berentsen *et al.*, 1992; Mahul and Durand, 1999; Garner *et al.*, 2002). Pour les autres secteurs économiques français, que ce soit à l'échelle régionale ou nationale, il ressort que la meilleure stratégie en termes de réduction des conséquences économiques est l'abattage des troupeaux infectés et des troupeaux en contact. La mise en place d'une vaccination d'urgence n'a d'intérêt que si les autorités n'arrivent pas à contrôler l'épizootie qui diffuse dans une région de forte densité d'élevages (Mahul and Durand, 1999).

Ces études illustrent que la classification des stratégies de lutte varie notablement selon le type de coûts pris en compte et l'organisation de la structure d'élevage sur laquelle repose les études.



Le bilan de cette partie bibliographique montre l'intérêt d'une réactualisation de travaux de recherche concernant la FA et l'aide à la décision en matière de lutte.

D'un point de vue méthodologique, une modélisation de diffusion de la maladie alimentée avec des données plus précises et actuelles et l'application d'une nouvelle approche par l'analyse de réseau semblent adaptés pour mieux représenter l'environnement actuel, le contexte dans lequel une épizootie de FA peut apparaître. Enfin, l'évolution de la réglementation en matière de lutte et de l'opinion publique vis-à-vis des mesures sanitaires visant l'alimentation et le bien être animal incitent également à développer des outils apportant des preuves factuelles pour l'aide à la décision aux gestionnaires.

En résumé, grâce à l'élaboration d'un modèle dynamique de diffusion réaliste, le travail de recherche se propose à la fois d'améliorer les connaissances sur la structure du réseau d'élevage français, sur la diffusion de la fièvre aphteuse au sein de ce réseau et sur l'efficacité des moyens de lutte mis en œuvre, en termes épidémiologique et économique.



2^{EME} PARTIE :

TRAVAUX PERSONNELS

A/ STRUCTURE DU RESEAU D'ELEVAGES FRANÇAIS

1 INTRODUCTION

Le renforcement du processus de maîtrise de la traçabilité et d'identification des animaux se traduit par l'inventaire des établissements d'élevage et des animaux et par l'enregistrement des mouvements d'animaux entre ces exploitations. Les informations à recueillir sont définies réglementairement au niveau européen (la directive 92/102/CEE⁸ a initié cette politique de traçabilité) et chaque pays décline ce dispositif avec une mise en place progressive. La France dispose, à ce titre, de deux bases de données nationales d'identification, la BDNI et la BDPORC cette dernière, spécifique à la filière porcine. D'autres informations portant sur les établissements d'élevages et leurs pratiques dans un but zootechnique et/ou sanitaire sont également collectées soit par les services de l'Etat soit par les organismes professionnels.

La France, 1^{er} pays agricole de l'UE avec près de 60 % de son territoire occupé par l'agriculture est également en bonne place au niveau mondial (3^e rang) pour le lait, les produits laitiers et 5^e rang pour la viande bovine (source Agreste⁹). En 2008, le profil de l'élevage français se composait comme suivant.

Le nombre de **bovins** s'établissait à **19,6 millions de têtes**. La France est le deuxième pays producteur européen de lait derrière l'Allemagne. Plus de **3,8 millions de vaches** produisent chaque année **23 milliards de litres de lait**. Les 92 000 exploitations laitières se localisent surtout dans le grand Ouest (Bretagne, Normandie, Pays de la Loire) et le Nord, mais aussi dans l'Est (Lorraine, Franche-Comté et Rhône-Alpes). Le troupeau moyen est de 44 vaches. Le troupeau allaitant français est le plus important d'Europe, avec **4,1 millions de vaches nourrices**. Les 130 000 élevages allaitants sont surtout implantés dans le centre de la France (Auvergne, Limousin, Bourgogne, Centre), mais également dans le Sud-Ouest (Aquitaine, Midi-Pyrénées) et les Pays de la Loire.

La France comptait **4,2 millions de brebis dites allaitantes** et **1,3 millions de brebis laitières** réparties majoritairement dans le bassin de Roquefort et dans les Pyrénées-Atlantiques. **1,2 millions de caprins** étaient présents dont un peu plus de 820 000 chèvres. La production est concentrée dans trois bassins : le Rhône-Alpes, le Centre et surtout le Poitou-Charentes.

⁸ Directive 92/102/CEE du Conseil du 27 novembre 1992 concernant l'identification et l'enregistrement des animaux.

⁹ Données Agreste (ministère de l'agriculture, France) disponibles sur : <http://agreste.agriculture.gouv.fr/>

Enfin, en 2008, **26 millions de porcs** ont été produits. La Bretagne, les Pays de la Loire et la Basse-Normandie totalisent presque les trois quarts de la production nationale.

Par ailleurs, les mouvements d'animaux représentent la principale voie de transmission de maladies contagieuses d'élevage à élevage. L'épizootie de FA du Royaume-Uni en 2001 qui a été extrêmement sévère notamment lors de la phase silencieuse (Gibbens *et al.*, 2001) confirme non seulement le rôle des mouvements d'animaux dans la diffusion de maladie mais attire également l'attention sur une diffusion à bas bruit lors d'échanges de routine, sans mesure de prévention ciblée ou systématique sur ces mouvements. Ces transferts d'animaux reliant les exploitations entre elles forment en fait un réseau complexe à travers lequel les agents pathogènes se propagent empruntant les mouvements comme liens entre les entités. Il est alors intéressant d'étudier plus précisément l'organisation de ces échanges ; le réseau d'élevage est-il vulnérable face à diffusion de maladie? Favorise-t-il cette diffusion? Quelle filière est concernée?

L'avancée de la traçabilité et l'identification, l'informatisation des données, permettent désormais de fournir des informations riches pour baser des analyses. Une description de l'organisation des différentes filières d'animaux de rente et l'étude de leur structure par l'analyse de réseau a pu être ainsi réalisée permettant de caractériser les relations entre établissements et d'analyser cette vulnérabilité structurale face à diffusion de maladie en termes d'indicateurs « réseau ».

L'application de l'analyse de réseaux sur les mouvements d'animaux a fait l'objet de deux publications (Annexe 4 et Annexe 6):

Réseau d'échanges bovins :

Rautureau S., Dufour B. and Durand B. : Vulnerability of Animal Trade Networks to The Spread of Infectious Diseases: A Methodological Approach Applied to Evaluation and Emergency Control Strategies in Cattle, France, 2005. *Transboundary and Emerging Diseases*. **58** (2011) 110–120.

Réseau d'échanges porcins :

Rautureau S., Dufour B. and Durand B. : Structural vulnerability of French swine trade network to spread of infectious disease. *Animal*. (Accepté définitivement le 28 novembre 2011).

2 MATERIELS ET METHODES

2.1 DONNEES

La collecte de données a porté sur l'ensemble de la population de bovins, ovins, caprins et porcins du territoire métropolitain français.

Les données répertorient les établissements détenant des animaux et les transferts d'animaux entre exploitations étaient issues soit de bases de données informatiques, soit de regroupements d'informations extraites de listings tenus par des professionnels de l'élevage, de publications techniques ou d'enquête et de recueils d'avis d'experts.

▪ Les bovins :

Les données concernant les exploitations et les mouvements de bovins ont été extraites de la base de données nationale de l'identification (BDNI) pour l'année 2005. Des caractéristiques d'élevages détaillaient les effectifs au 1^{er} janvier 2006 par tranche d'âge et type de production (lait/viande). Les informations portant sur les flux de bovins ont été recueillies pour l'année 2005, année non perturbée par des restrictions de mouvements dues à la présence de fièvre catarrhale ovine sur le territoire. Ces données provenaient de 4 tables distinctes de la BDNI, distinguant l'activité des établissements : les élevages, les centres de rassemblements, les marchés, les abattoirs.

▲ Table « **Elevages** » : Le fichier enregistrant les activités des élevages intitulé « Périodes de détention des bovins actifs en 2005 » était un listing indiquant les périodes de détention de chaque bovin (=séjour) dans chaque exploitation active. Les 42 818 473 lignes concernaient 27 445 081 bovins.

▲ Table « **Centres de rassemblements** » : Le gestionnaire d'un centre est un opérateur commercial qui décharge et regroupe des animaux dans un lieu géographiquement connu et enregistré. Les données de ces mouvements sont notifiées par des informations d'entrées et de sorties (10 429 752 mouvements enregistrés en 2005 pour 1316 centres).

▲ Table « **Marchés** » : Pour les marchés (autre opérateur commercial), les animaux ne séjournent pas plus de 24h, les mouvements sont enregistrés sous forme de passage (n=1 322 534 en 2005 pour les 76 marchés).

▲ Table « **Abattoirs** » : Seules bien évidemment les entrées en abattoir sont notifiées. 262 abattoirs étaient concernés avec 5 029 369 entrées.

L'ensemble de ces données (plus de 40 millions de lignes) ont été regroupées sous la forme de successions de passages dans différents établissements pour chaque animal représentant la carrière du bovin durant l'année 2005. L'objectif était alors de reconstituer d'après cette table les mouvements de bovins d'établissement à établissement à un jour donné.

▪ Les porcins :

Les données des exploitations et de mouvements de porcs ont été extraites pour la période de janvier à juin 2010 de la base de données nationale d'identification des porcins (BDPORC), gérée par une association de professionnels de la filière porcine. La notification obligatoire de ces mouvements ayant débuté en septembre 2009, la période collectée était donc la plus exhaustive depuis la création de cette base. Des caractéristiques d'élevages reposant sur les déclarations d'éleveurs définissaient l'étage (sélectionneur, multiplicateur, de production) et le type de production (naiseur, post-sevreur, engraisseur) ainsi que le nombre de places par type d'animal. Dans la BDPORC, les mouvements de porcs sont notifiés par lot d'animaux sous forme de chargements ou déchargements effectués sur un site et sont regroupés par « tournée », voyage dédié à un camion.

▪ Les ovins et caprins :

Seules les données concernant les élevages ont été extraites de la BDNI (seules données disponibles). Ces informations correspondaient au recensement 2006, basé sur du déclaratif, faisant l'inventaire des élevages en activité et renseignant sur le type et nombre d'animaux détenus. Certaines données étant incomplètes, des élevages ont été référencés en tant qu'élevages de petits ruminants, sans distinction des espèces caprine ou ovine. Ces données ont été ensuite recoupées avec des informations de sources diverses, notamment les listes d'élevages entrant dans les schémas de sélection, élevages inscrits à l'UPRA pour les ovins en filière lait et viande et inscrits à CAPGENE pour les caprins.

La liste des marchés (source FMBV), des centres de rassemblements (source DGAI) et des abattoirs (source DGAI) étaient également à notre disposition.

Concernant les mouvements de ces animaux, la base de données informatique était en cours d'élaboration et l'information sur les flux n'existait pas. Seuls les passages par les centres d'élevage et les stations de contrôle individuel sont collectés en 2011.

2.2 CONNAISSANCE DE LA STRUCTURE D'ELEVAGE

2.2.1 La population

Grâce à leur code d'exploitation (code EDE), les ateliers d'élevages accueillant les différentes espèces ont pu être regroupés par établissement. Les autres établissements participant aux échanges (centres de rassemblement, marchés, abattoirs) ont été également pris en compte. A l'aide également du code EDE, un géo-référencement communal a été généré de façon aléatoire pour attribuer à chaque établissement une position précise (latitude-longitude) au sein de la commune concernée. Le géo-référencement précis n'était pas encore disponible pour tous les établissements toutefois, un positionnement à la commune était déjà satisfaisant pour apprécier la localisation des différents troupeaux d'animaux (pouvant être également sur des pâtures). Les distances entre les structures ont pu ensuite être déduites.

L'élevage est l'unité épidémiologique utilisée pour l'ensemble du projet ; de la description et l'analyse du réseau d'élevage au modèle de diffusion. La description des animaux d'élevage via les cheptels est d'un point de vue épidémiologique le plus adaptée ; les animaux ne sont pas répartis aléatoirement sur le territoire mais regroupés au sein d'un atelier spécifique d'espèce, en général, puis au sein d'un élevage.

Les résultats concernant la population ont été donc calculés et présentés au niveau de l'établissement et non à l'animal.

2.2.2 Les mouvements d'animaux

▪ Les bovins :

Chaque carrière des 27 445 081 bovins présents dans la base au cours de l'année 2005 a été reconstituée en s'appuyant sur les dates de sortie et d'entrée dans les établissements. Les données ont ensuite été converties en mouvement d'une exploitation à une autre, basé sur la date d'entrée.

▪ Les porcins :

Les mouvements de chargement et déchargement ont été regroupés par tournée (420 312 lignes). Seules les tournées complètes (n=156 848) ont été conservées (*i.e.* où il y a au moins un chargement et un déchargement).

▪ Les ovins et caprins :

Les données de mouvements n'étant pas disponible, la collecte d'informations a consisté en un recoupement d'informations parmi des listings (source DGAI et professionnels), de recherches bibliographiques sur l'organisation des filières et des résultats d'une enquête menée auprès d'experts des filières ovine et caprine (Rautureau, 2008).

Pour les ovins, les informations collectées reposaient sur le découpage en 10 bassins correspondant à l'origine à 16 bassins génétiques dont certains ont été rassemblés selon le profil topographique et le type de production (Grisot, 2007).

Pour les caprins, les 4 bassins choisis correspondaient au découpage classique de la production et regroupaient les régions suivantes : Le centre ouest (Poitou-Charentes et Pays de la Loire), la région Centre, les régions Rhône-Alpes et PACA, le sud ouest (Aquitaine/Languedoc/Midi Pyrénées).

L'objectif était de caractériser les mouvements de ces petits ruminants selon les bassins d'appartenance et le type de production afin de trouver un schéma synthétique et simple décrivant les mouvements au sein de ces deux filières.

On s'est, pour cela, surtout intéressé aux mouvements directs ou indirects entre les élevages. Pour chacune des filières, les élevages ont été distingués également selon leur activité et niveau de production pour mieux déterminer l'ampleur des mouvements : sélectionneurs, producteurs ou simples détenteurs. Les centres d'élevages/station de contrôle et les centres d'insémination ont été également inclus dans l'enquête.

2.3 ETUDE DE LA VULNERABILITE DU RESEAU D'ELEVAGES FACE A LA DIFFUSION DE MALADIE

Cette étude n'a concerné que les espèces bovine et porcine pour lesquelles des données de mouvements sont enregistrées.

2.3.1 Création de réseaux de mouvements d'animaux

En termes de réseau, chaque établissement (élevages, marchés et centres de rassemblement) a été assimilé à un « nœud » et les mouvements à des liens ou plus spécifiquement des arcs en tenant compte du sens des mouvements.

Pour l'étude, un lien correspondait à au moins un échange entre deux exploitations réalisé au cours de la période étudiée. Les mouvements issus de l'importation ou vers l'exportation ont été exclus de l'étude ainsi que ceux vers les abattoirs représentant peu de risque dans la diffusion de maladies entre animaux.

Pour le réseau d'échange porcin, deux types de réseaux ont été construits. Un premier réseau «à deux modes» (*two-mode network*) a été créé directement selon le format des données disponibles. Contrairement aux réseaux classiques rencontrés dit à un mode (*one-mode network*) où les nœuds sont semblables (par exemple des élevages), dans un réseau à deux modes les nœuds sont répartis en deux catégories ; ici, des établissements d'élevage et des tournées de collecte d'animaux. Un lien n'a pu être établi qu'entre un établissement et une tournée et représentait alors le fait de participer à une collecte d'animaux lors d'une tournée.

La traçabilité des porcs est réalisée au niveau du « lot ». Retrouver les flux directs d'un établissement à un autre pour la construction du réseau à un mode a demandé une transformation des données. Il fallait pour cela respecter la chronologie des mouvements pour pouvoir représenter au mieux les flux réels. Au sein d'une tournée, les établissements de déchargement ont été directement reliés aux établissements de chargement les précédant.

Ainsi, nous avons construit un réseau à un mode orienté pour chaque filière (bovin et porc) ainsi qu'un réseau à deux modes orienté pour les échanges porcins. Ces réseaux ont été étudiés à différentes échelles de temps: global (annuel pour le réseau bovin et de 6 mois pour le réseau porcin), mensuel et hebdomadaire.

2.3.2 Analyse de réseaux d'échange

La méthode d'analyse de réseaux sociaux a été utilisée. Cette méthode a été appliquée classiquement par le calcul d'indicateurs de réseaux et de centralité pour les nœuds et par la détection de sous-groupes cohésifs représentant des établissements fortement reliés par des mouvements et donc des établissements dont l'organisation peut structurellement favoriser la diffusion maladie entre eux (Wasserman, 1994).

Les réseaux ont ensuite été comparés entre eux ; selon le pas de temps considéré (global/mensuel/hebdomadaire), les types de réseaux utilisés (un mode/deux modes) et entre les espèces concernées (bovins/porcins).

2.3.2.1 Caractérisations des réseaux

Les indicateurs classiques qualifiant un réseau (nombre de nœuds, liens, densité, degré moyen,...) ont été étudiés pour chaque réseau construit (Annexe 1). Des mesures de centralités courantes (degré, proximité, intermédiarité) ont été calculées dans les réseaux ou sous-réseaux (Sabidussi, 1966; Freeman, 1978/1979). Pour le réseau porcin, la chaîne entrante d'infection a été également mesurée (Nöremark *et al.*, 2011).

2.3.2.2 Mise en évidence et études de sous-graphes

Nous nous sommes intéressés à des groupes d'établissements, en nombre conséquent, tous connectés entre eux de façon préférentielle, ce qui peut représenter une structure à risque face à la diffusion de maladie.

La première catégorie de sous graphes étudiés a été les composants faiblement connectés (WC, pour '*weak component*') et les composants fortement connectés (SC, pour '*strong component*'). A l'intérieur de ces groupes, chaque entité peut être accessible par chacun des autres établissements suivant (SC) ou non (WC) le sens mouvements d'animaux. Pour chaque réseau construit, la recherche de ces sous-groupes a été faite et leur nombre ainsi que la taille des deux plus grands ont été calculés. Ainsi, il a pu être mis en évidence la présence de sous-groupes de grande taille se distinguant des autres et appelés « géants ». La présence d'un composant géant faiblement connecté (GWC) permet de renseigner sur la fragmentation du réseau (nombre de groupes de nœuds indépendants, non reliés). La détection de composant géant fortement connecté (GSC, '*giant strong component*') a fait l'objet d'une étude plus détaillée.

S'il n'y avait pas d'émergence de GSC, la détection de communautés d'établissements a été réalisée. Les communautés sont définies comme des sous-groupes de nœuds au sein desquels les liens sont plus denses que dans le reste du réseau mais contrairement aux SC ou WC tous les établissements ne sont pas accessibles entre eux. Là aussi, on s'est également intéressé aux communautés comportant un large nombre d'établissements. L'étude n'a porté que sur le réseau global à un mode non-orienté et ce réseau a été comparé avec un réseau d'échange incluant les mouvements vers l'abattoir.

Pour l'ensemble des types de sous-graphes étudiés, la répartition géographique de quelques réseaux caractéristiques a été tout d'abord réalisée. Puis, l'étude structurale et leur composition par type d'établissements ont été décrites.

Dans les cas d'émergence de GSC, on s'est intéressé à identifier des fragilités structurales des réseaux afin de modifier leurs caractéristiques (Albert et al., 2000). Quatre procédures consistant en des retraits de nœuds ciblés ont été testées (selon le type et les mesures de centralité des nœuds) pour déterminer la plus efficace permettant de ne pas voir se former un GSC. La disparition de GSC a été définie quand après les retraits de nœuds, la taille du plus grand SC était inférieure à un seuil préétabli, ici 51. Cette taille correspondait au plus grand SC secondaire observé dans les réseaux entiers hebdomadaires (avant le retrait de nœuds).

Tout d'abord, tous les marchés ou tous les centres de rassemblements et enfin les deux opérateurs commerciaux ont été retirés des réseaux. Après ces retraits de nœuds en masse, la présence de GSC a été recherchée (SC de taille supérieure à 51).

Puis, les nœuds à plus forte centralité (degré, proximité et intermédiarité) ont été éliminés un à un et l'émergence de GSC a été examinée jusqu'à l'obtention d'un SC de taille inférieure à 51. Les indicateurs de centralité ont été recalculés et classés entre chaque éviction.

Les analyses ont été réalisées avec les logiciels suivants : Pajek, programme pour les analyses de réseaux de grande taille [v1.25, <http://pajek.imfm.si/doku.php?id=pajek> (Batagelj and Mrvar, 1998)] et le package Igraph du logiciel R [v 0.5.2, <http://igraph.sourceforge.net>](Collectif, 2009)].

3 RESULTATS

3.1 CONNAISSANCE DE LA STRUCTURE DE L'ELEVAGE FRANÇAIS

3.1.1 La population

390 565 établissements ont été répertoriés et géo-référencés sur le territoire métropolitain français comprenant 388 762 élevages (Tableau VI) et pour les bovins et les porcs, 1 331 centres de rassemblement, 76 marchés et 396 abattoirs.

Tableau VI : Répartition des élevages par type de production

	Nombre d'élevages ayant au moins un atelier parmi les espèces citées
Bovins :	243 884
bovins laitiers	136 237
bovins allaitants	156 092
bovins allaitants + laitiers	70 342
Bovins autres (engraissement)	19 897
Petits ruminants :	160 348
ovins	98 141
caprins	20 259
ovins + caprins	6 174
indéterminés	48 122
Porcins :	22 252
Naisseur	1 286
Naisseur/Post-sevreur	395
Naisseur/engraisseur	6 840
Post-sevreur	211
Post-sevreur/engraisseur	1 991
Engraisseur	8 331
Indéterminés	3 938
Elevages mixtes	Nombre d'élevages
bovins + petits ruminants	36 378
bovins + porcins	9 669
petits ruminants+ porcins	1 455
bovins + petits ruminants+ porcins	2 288

▪ Les bovins :

243 884 élevages avaient au moins un atelier bovin, le nombre total d'ateliers laitiers et allaitants étant proche.

▪ Les porcins :

Seulement 22 252 ateliers accueillait des porcs. 38% des élevages porcins possédaient des animaux reproducteurs.

▪ Les ovins et caprins :

160 348 ateliers étaient des ateliers de petits ruminants (en majorité des ovins).

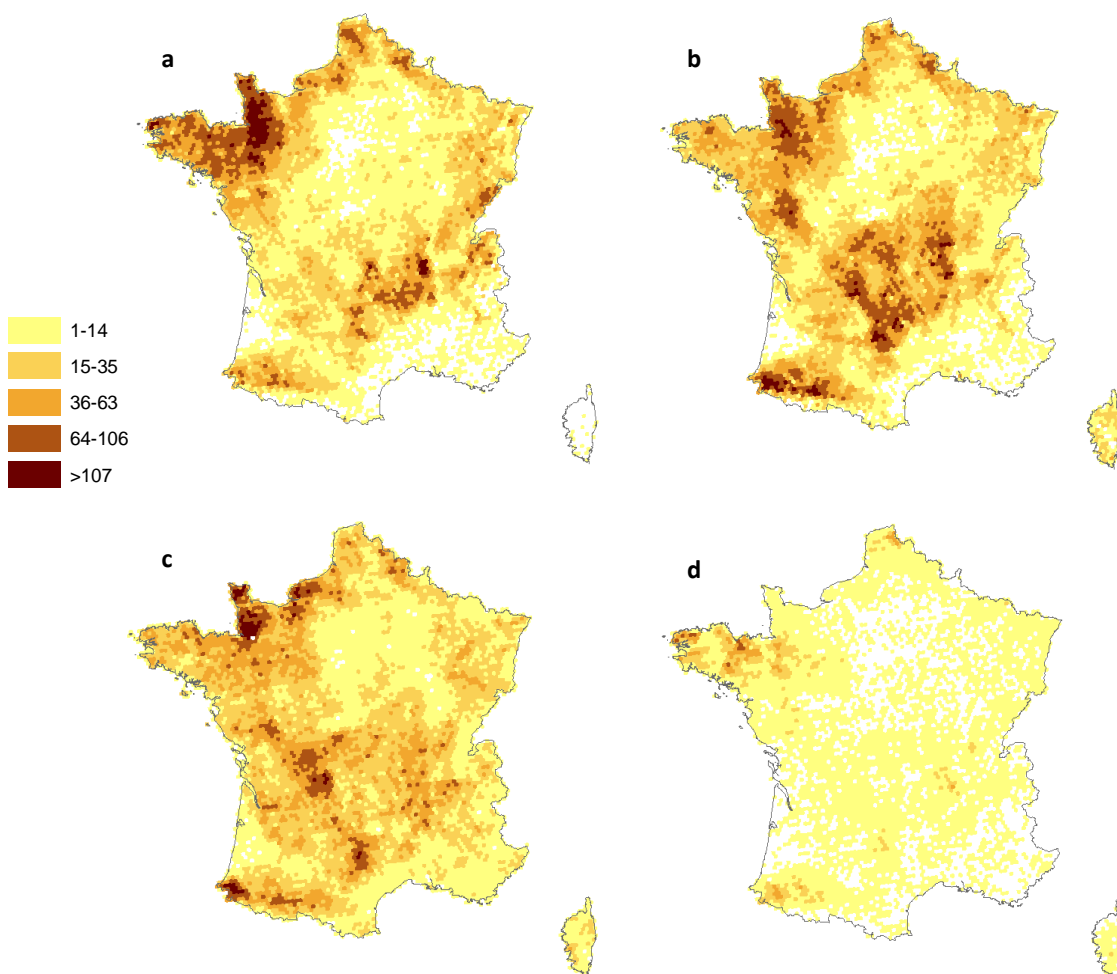
Parmi les centres, 1316 accueillait des bovins, 19 des porcins et 5 avaient une activité mixte.

Concernant les abattoirs, 258 avaient une chaîne d'abattage pour les bovins et 140 pour les porcins, 103 ont une double activité.

L'élevage de bovin est majoritaire par rapport aux ateliers de petits ruminants et de porcs. De façon générale, les élevages sont plutôt implantés dans le grand-ouest (Bretagne/Normandie), la région centre et au sud-ouest autour des Pyrénées (Figure 10).

Figure 10. Répartition spatiale des cheptels bovins (laitiers et allaitants), porcins, petits ruminants français.

Densités représentées par nombre d'élevages par hexagone de 10km de diamètre (87 km²) ;
(a) bovins laitiers, (b) bovins allaitants, (c) petits ruminants, (d) porcins.



La représentation par densité d'élevages pour les petits ruminants apportait un visage différent de la production qu'une représentation par densité animale. En effet, les régions avec des élevages accueillant un nombre moyen d'animaux plus élevés que la moyenne (la région PACA avec en moyenne 300 brebis par troupeau ou la région Poitou-Charentes avec 200 chèvres par troupeau et 40% des animaux du cheptel français) ne ressortent pas clairement sur les cartes (Figure 11).

Figure 11. Répartition spatiale des cheptels ovins et caprins français selon les bassins de production

Densités représentées par nombre d'élevages par hexagone de 10km de diamètre (87 km²) ;

Répartition des cheptels, à gauche, ovins et à droite, caprins selon leurs bassins de production (Tableau VII).

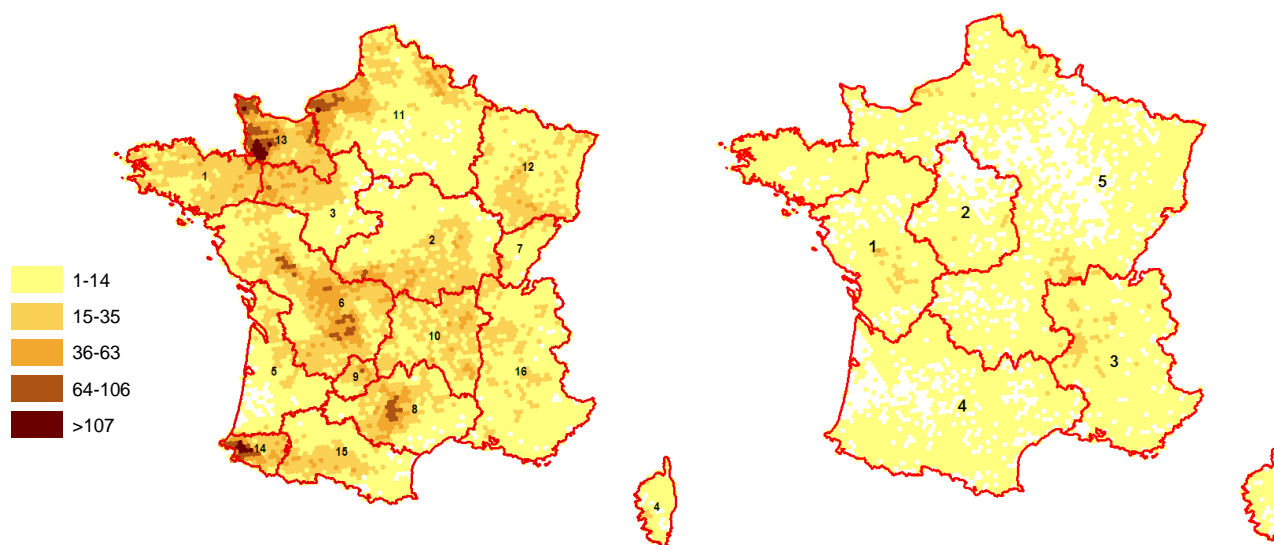


Tableau VII : Bassins d'élevages ovins et caprins

Bassins ovins	
Bassins	Type de production
1-3-13	Viande ; races rustiques et bouchères densité faible
2-6	Viande ; bassins bouchers, herbagers
4	Corse lait
8	Lacaune lait
	Lacaune viande
9	Lot : Viande, bassin rustique
10	Viande ; bassin rustique
11	Viande ; (bassins céréaliers)
12	Lorraine : Viande, races rustiques et bouchères, densité faible
14	Pyrénées : lait
15	Pyrénées : viande ; bassin rustique
16	Viande ; bassin rustique
5	Viande ; faible densité
7-12	Viande ; faible densité

Bassins caprins	
Bassins	Régions concernées
1	Centre ouest : Poitou-Charentes, Pays de la Loire
2	Centre
3	Rhône-Alpes PACA
4	Sud ouest : Aquitaine/Languedoc/Midi Pyrénées
5	Autres

3.1.2 Les mouvements d'animaux

3.1.2.1 Mouvements de bovins

Sur les 27 millions de bovins différents présents pendant l'année 2005, 10 millions (36%) s'étaient déplacés au moins une fois d'un établissement à un autre. La moitié n'avait bougé qu'une seule fois, le nombre moyen de mouvements par animal étant de 1,8 (de 1 à 24). Ont été ainsi enregistrés, 18 millions de mouvements individuels correspondant à environ 6 millions de mouvements de lots d'animaux. Plus de la moitié des mouvements individuels étaient des mouvements d'import/export ou vers l'abattoir (Tableau VIII). Le reste, soit 5 028 522 animaux correspondaient à des mouvements entre élevages et/ou opérateurs commerciaux (marchés et centres). Dans 57% des cas, les élevages avaient acheté leurs animaux *via* un opérateur et dans 75% des cas, les avaient vendus de la même façon. La distance médiane de transit pour un bovin était de 35 km mais si le transfert était direct d'élevage à élevage, la médiane était de 33 km et atteignait les 80km *via* un opérateur. Cette différence était significative (test de Wilcoxon, $p < 0.001$).

Tableau VIII : Mouvements de bovins entre établissements, en nombre d'animaux (x1000), 2005.

Origines	Destinations				Total des origines
	Elevages (% total des origines)	Centres (% total des origines)	Marchés (% total des origines)	Autres* (% total des origines)	
Elevages	1 542 (14)	3 931 (34)	797 (7)	5 148 (45)	11 417 (100)
Centres	1 595 (30)	884 (16,5)	453 (8,5)	2 428 (45)	5 361 (100)
Marchés	429 (33,5)	508 (40)	NA (-)	341 (26,5)	1 277 (100)
Import	122 (55)	39 (17)	27 (12)	35 (16)	222 (100)
Total des destinations	3 688 (20)	5 361 (29)	1 277 (7)	7 951 (44)	18 278 (100)

*autres: exports, abattoirs et équarrissages.

3.1.2.2 Mouvements de porcs

Durant les 6 mois de la période d'étude, 155 154 tournées ont été effectuées entre 13 968 établissements (13 809 élevages soit 62 % des élevages recensés, 19 centres et 140 abattoirs). Les tournées étaient composées de plusieurs chargements et déchargements et pouvaient concerner plusieurs types de porcins (Tableau IX). Lors de chacune de ces opérations, 78 animaux était transportés en moyenne. 78,3% des déchargements (75,4% des animaux) concernaient des approvisionnements d'abattoirs. 84% des tournées étaient alors en totalité ou en partie concernées par ces voyages. La différence d'animaux chargés et déchargés dans les centres montrait les mouvements correspondant aux exportations. Il a pu alors être observé qu'une grande partie des mouvements des centres était consacrée à ce commerce. La distance médiane pour un transfert d'un porc était de 55 km. La distance pour les transferts à l'abattoir de 58,4 km était plus longue et que celle pour les autres mouvements (distance= 51 km) (tests de Wilcoxon : $p < 0,0001$). Il n'y avait pas de différence significative de distance entre les trajets directs d'élevage à élevage et les trajets vers ou en provenance de centres.

La figure illustre l'intensité des mouvements bovins et porcins au niveau départemental. La plupart des départements avaient une balance commerciale (sortie – entrée) proche de l'équilibre ou légèrement excédentaire. L'intensité des mouvements intra-départementaux étaient en relation avec les densités d'élevages.

Figure 12 : Mouvements mensuels départementaux de bovins et porcins.

Nombre de mouvements mensuels de bovins et de porcs.

A gauche, mouvements intra-départementaux et à droite, balance commerciale ; sorties - entrées

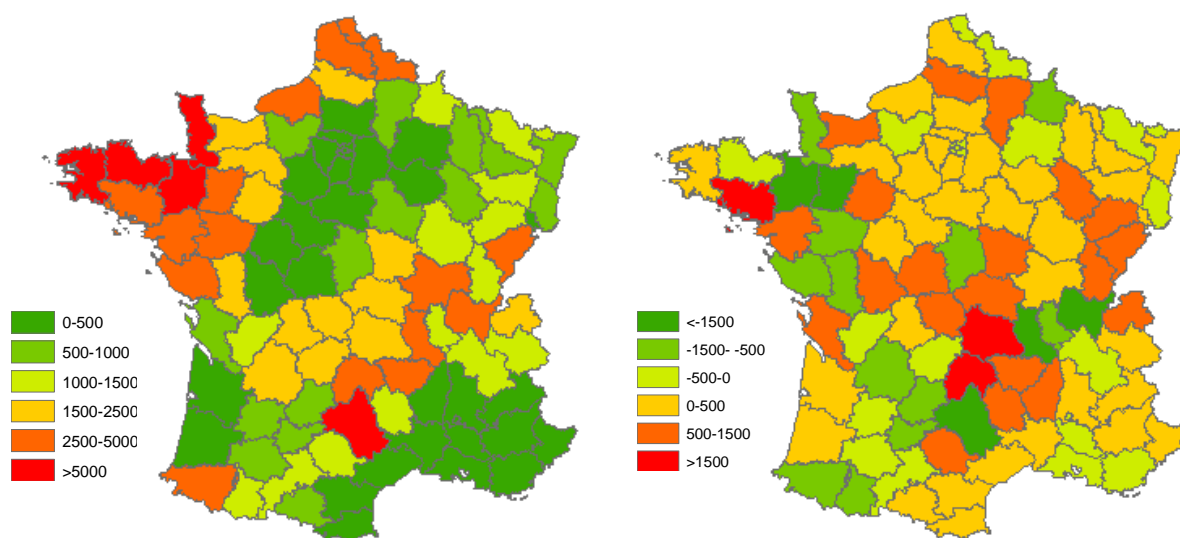


Tableau IX : Nombre de porcins, de mouvements et de tournées concernées par chargement et déchargement dans un établissement selon le type de production de janvier à juin 2010.

		Chargements			Déchargements		
		Tournées concernées	Chargements	Animaux	Tournées concernées	Déchargements	Animaux
Elevages	Porcelets	21 381	26 023	3 720 098	17 470	19 549	3 669 858
	Charcutiers	116 104	157 810	11 845 976	225	236	9 114
	Reproducteurs	5 065	7 117	144 245	4 985	15 587	144 139
	Réformes	20 391	39 682	207 574	299	478	5 245
Centres	Porcelets	59	66	6 956	164	177	14 842
	Charcutiers	109	110	7 974	479	482	28 020
	Reproducteurs	9	9	35	66	66	401
	Réformes	13	13	511	1 547	1 558	27 644
Abattoirs	Porcelets	-	-	-	3 889	3 897	47 068
	Charcutiers	-	-	-	115 504	115 527	11 756 771
	Réformes	-	-	-	18 534	18 534	173 441
Total		155 154	230 830	15 933 369	155 154	176 091	15 876 543

3.1.2.3 Mouvements de petits ruminants

Des données ont été collectées pour les filières petits ruminants dans l'objectif de caractériser leurs mouvements. Des schémas de mouvements d'animaux ont pu être proposés (Figure 13).

- Environ 225 abattoirs avaient une chaîne d'abattage pour les petits ruminants, 22 accueillait uniquement ce type d'animaux. 4,8 millions d'ovins (88% des agneaux) et 810 000 caprins (85% des chevreaux) ont été abattus en 2008 (source DGAI).
- En 2007, 33 marchés recevaient des petits ruminants dont 7 étaient exclusivement réservés à ces animaux. Plus de 700 000 animaux avaient transité dans ces marchés. Sont vendus essentiellement les agneaux en grand nombre et par lots, et dans une moindre mesure, des béliers à l'unité et des brebis par petits groupes (source FNMV).
- 110 centres étaient enregistrés comme centres d'allotements pour petits ruminants en 2008 (source DGAI). Le passage par un centre ou un marché était essentiellement réservé pour les mouvements vers l'abattoir.

Les mouvements de petits ruminants vers les abattoirs étaient prédominants (en fréquence et en effectif) par rapport aux mouvements entre établissements d'élevages.

Toutefois, pour décrire ces circuits entre élevages, il faut distinguer les niveaux de production ; sélectionneurs, producteurs ou simple élevage possédant moins de 10 animaux (Tableau X).

Tableau X : Nombre d'élevages professionnels d'ovins et de caprins.

Nombre d'élevages professionnels, élevages possédant plus de 10 animaux.

	Ovins		Caprins
	allaitant	laitier	laitier
Sélectionneurs	1 300	800	700
Producteurs	42 000	4 700	6 000

On s'est également intéressé aux centres d'élevages ou stations de contrôle individuel (CE/SCI) et aux centres d'insémination (CIA), établissements de contrôle pour des animaux engagés dans des démarches de sélection. En 2006, 7000 animaux ont transités dans ces établissements.

Il existe trois catégories de populations concernées par ces mouvements « élevage » :

- Des reproducteurs pour la création ou l'agrandissement des cheptels.
- Des reproducteurs sous forme d'échanges ou de ventes pour le renouvellement numérique et/ou génétique du troupeau. Le renouvellement estimé à 20% pour les ovins et à 30% pour les caprins s'effectue toutefois majoritairement en auto renouvellement. Par ailleurs, pour les troupeaux laitiers l'insémination artificielle prédomine sur l'introduction d'un bélier.

- Des jeunes prêts à être engraisés :
 - les agneaux : la plupart des exploitations sont naisseur-engraisseurs et cette pratique de simple engraisseur reste marginale. Elle est un peu plus courante dans le rayon roquefort (Figure 13).
 - les chevreaux ; 80% des élevages ne sont que naisseurs. Ce transfert d'animaux est très saisonnalisé : pour les fêtes Noël et Pâques.

De façon générale, pour les ovins, les règles suivantes peuvent être appliquées (Rautureau, 2008):

- Pour les femelles (agnelles) : 1 à 3 départs/an avec une 10^{aine} d'animaux vers le même département ou vers un département limitrophe, majoritairement en direct (sans passage par un centre d'allotement ou un marché).
- Pour les mâles (béliers) : départ plus nombreux mais avec des lots de 1 à 3 animaux sur un trajet long à très long pour les sélectionneurs et toute distance pour les autres.
- Si l'éleveur destinataire est proche ou est sélectionneur, ce sera plutôt un transfert direct (sans allotement).

Pour les caprins, majoritairement laitiers, il y a peu d'échanges de boucs, la reproduction se faisant essentiellement par insémination artificielle.

60% des mouvements restaient départementaux et 90% dans le bassin de production concerné.

Les **mouvements de bovins et de porcs** entre élevages représentaient des **flux importants** en nombre et intensité. Un déplacement était de l'ordre de 50 km voire plus long lors de passages par un opérateur.

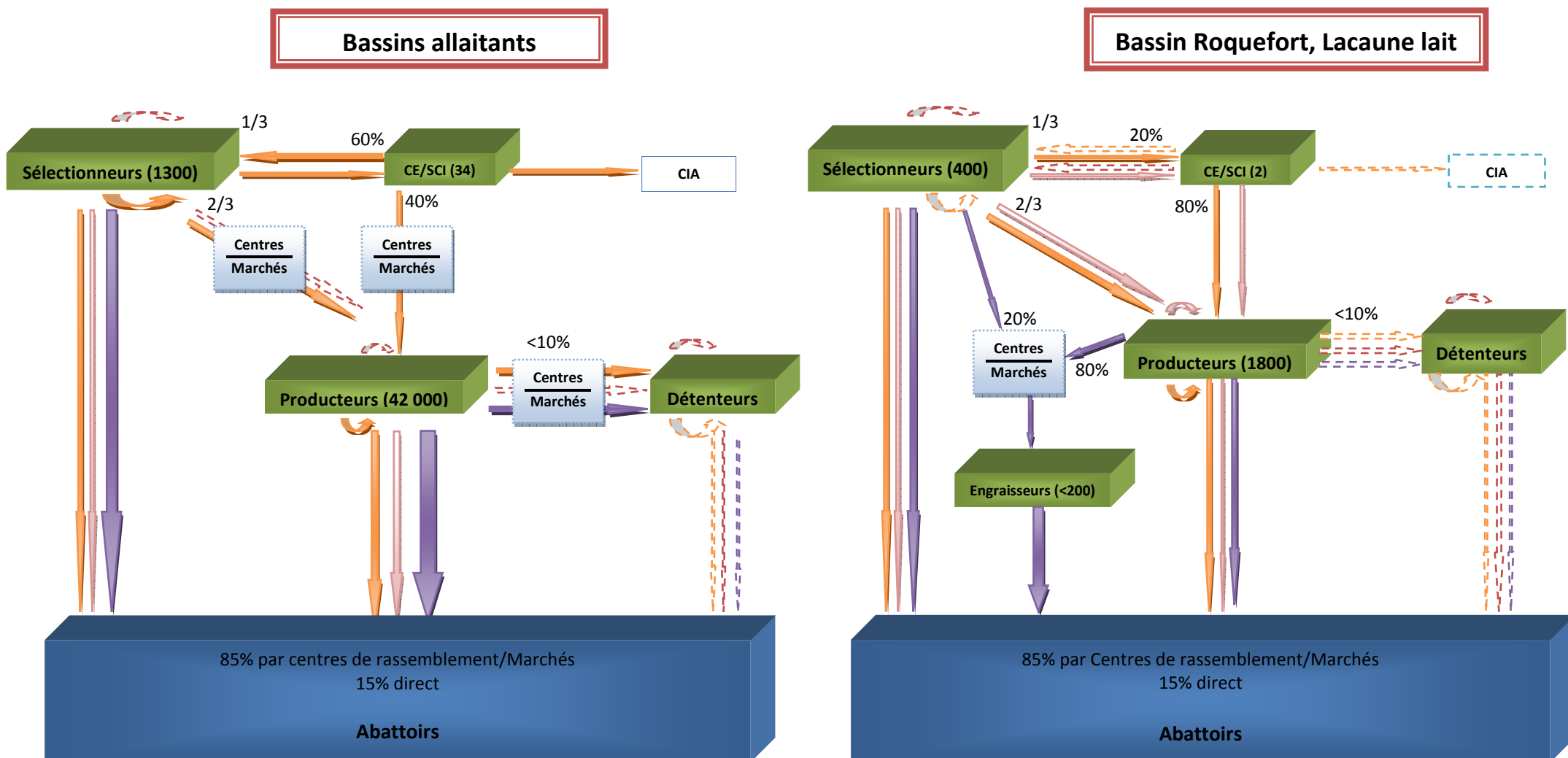
Concernant les mouvements des petits ruminants, les données n'étant pas enregistrées comme pour les autres espèces, des informations ont pu être collectées mais elles n'ont pas permis de quantifier ces flux de façon exploitable pour le reste du projet. Cependant il a été mis en évidence que les mouvements de **petits ruminants entre établissements d'élevages étaient négligeables** comparés aux mouvements vers les abattoirs.

Pour toutes les espèces, les flux entre élevages ne sont pas cloisonnés et des transferts d'animaux de boucherie peuvent croiser des animaux d'élevages sur les marchés et centres de rassemblements. Par ailleurs, il est à noter que les mouvements temporaires tels que les estives, la participation à des manifestations,... ou lors d'événements religieux comme l'Aïd n'ont pas été pris en compte.

Figure 13 : Schémas de mouvements pour des élevages ovins en France

Flux représentés selon le type d'animaux (orange = mâles, rose= femelles et violet = agneaux) entre les différents établissements pouvant accueillir des ovins (nombre d'établissements). CE/SCI = station de contrôle individuel.

Flèche pleine = flux majeur, flèche en pointillé = flux mineur, avec proportion des flux concernés à coté.



3.2 ANALYSE DE RESEAUX D'ÉCHANGE

3.2.1 Caractérisation des réseaux

3.2.1.1 Les réseaux d'échanges bovins

Le réseau annuel étudié comportait 244 097 nœuds et 1 416 208 arcs. En moyenne, la moitié de ces établissements participaient à un réseau mensuel (avec 15% des liens) et 20% à un réseau hebdomadaire (avec 4% des liens) (Tableau XI). 92 % des élevages bovins recensés et la totalité des opérateurs commerciaux avaient effectué un échange dans l'année. Ces derniers étaient presque toujours présents dans les réseaux mensuels (85% des centres et 92% des marchés) et dans les réseaux hebdomadaires (76% des centres et 86% des marchés) alors que les élevages étaient proportionnellement moins impliqués (49% pour les réseaux mensuels et 20% pour les hebdomadaires).

Tableau XI : Description des réseaux d'échanges bovins de 2005 (annuel, mensuels et hebdomadaires).

	Réseau annuel	Réseaux mensuels Données moyennes [min-max]	Réseaux hebdomadaires Données moyennes [min-max]
Taille totale	244 097	126 613 [106 141-139 650]	49 246 [33 848-59 675]
Elevages	242 706	125 427 [104 976-138 473]	48 179 [32 920-58 605]
Centres	1 315	1 115 [1 091-1 145]	1 001 [865-1 042]
Marchés	76	71 [67-75]	66 [57-73]
Liens	1 416 208	212 497 [168 423-245 560]	59 933 [35 984-73 401]
Indicateurs de réseau			
Degré moyen	11,60	3,35 [3,17-3,55]	2,43 [2,13-2,52]
Distance moyenne	4,52	4,97 [4,82-5,04]	5,59 [5,3-6,83]
Diamètre	27	17 [14-22]	16 [14-20]
Coefficient de clustering	0,005	0,004 [0,0032-0,0042]	0,004 [0,0034-0,0053]
Assortativité	-0,13	-0,19 [-0,22 à -0,16]	-0,20 [-0,24 à -0,16]
WC*			
Nombre	1 229	2 110 [1 785-2 626]	2 318 [1 440-3 046]
Le plus grand (%)	240 894 (99%)	121 832 (96 2%)	43 956 (89 2%)
2 nd plus grand (%)	85	[102 095 (95,4%) - 134 886 (96,7%)]	[26 749 (79%) - 53 535 (91,5%)]
SC*			
Nombre	1 259	362 [268-477]	125 [86-178]
Le plus grand (%)	108 904 (45%)	10 277 (8,1%)	2 115 (4,3%)
2 nd plus grand (%)	9	[7 254 (6,8%) - 12 652 (9,2%)]	[885 (2,6%) - 2 657(4,8%)]

*(WC =Weak components, SC =Strong components)

Min. =minimum, max.=maximum

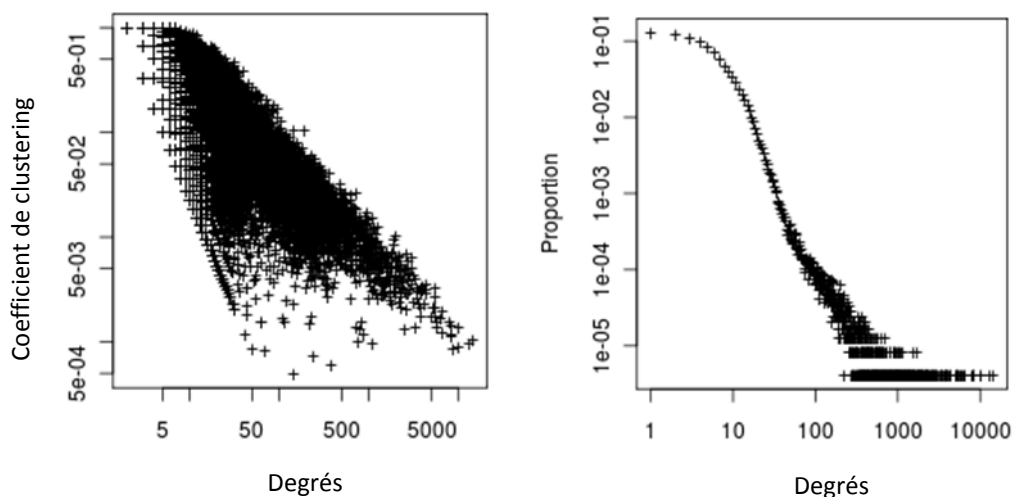
Quel que soit le réseau étudié, deux établissements étaient en moyenne séparés par approximativement 5 mouvements d'animaux et donc 4 établissements. La plus longue distance (*i.e.* le diamètre) variait de 14 arcs (réseaux mensuels et hebdomadaires) à 27 arcs (réseau annuel) (Tableau XI).

La distribution des degrés des établissements avait une forme en « comète » caractéristique (Figure 14). Une méthode proposée par Clauset *et al.* (2009) a permis de démontrer que la fin de cette distribution suivait une loi de puissance ($P(k) \sim k^{-\gamma}$) d'exposant γ égal à 2,15 pour le réseau mensuel et un exposant médian de 2,58 pour les réseaux mensuels et de 2,56 pour les réseaux hebdomadaires.

Par ailleurs, les coefficients de clustering avaient de faibles valeurs assimilables à ceux d'un réseau aléatoire (Newman, 2005). Leur distribution apparaît inversement proportionnelle à la distribution des degrés des nœuds (Figure 14) ; les plus basses valeurs étaient observées pour les nœuds ayant des degrés élevés.

Enfin, les réseaux étaient « disassortatifs » (« assortativité » < 0) (Tableau XI); les nœuds étaient plus souvent reliés à des nœuds ayant des degrés différents.

Figure 14 : Distribution des degrés (à gauche) et des coefficients de clustering selon les degrés (à droite), réseau de mouvements bovins annuel, 2005.

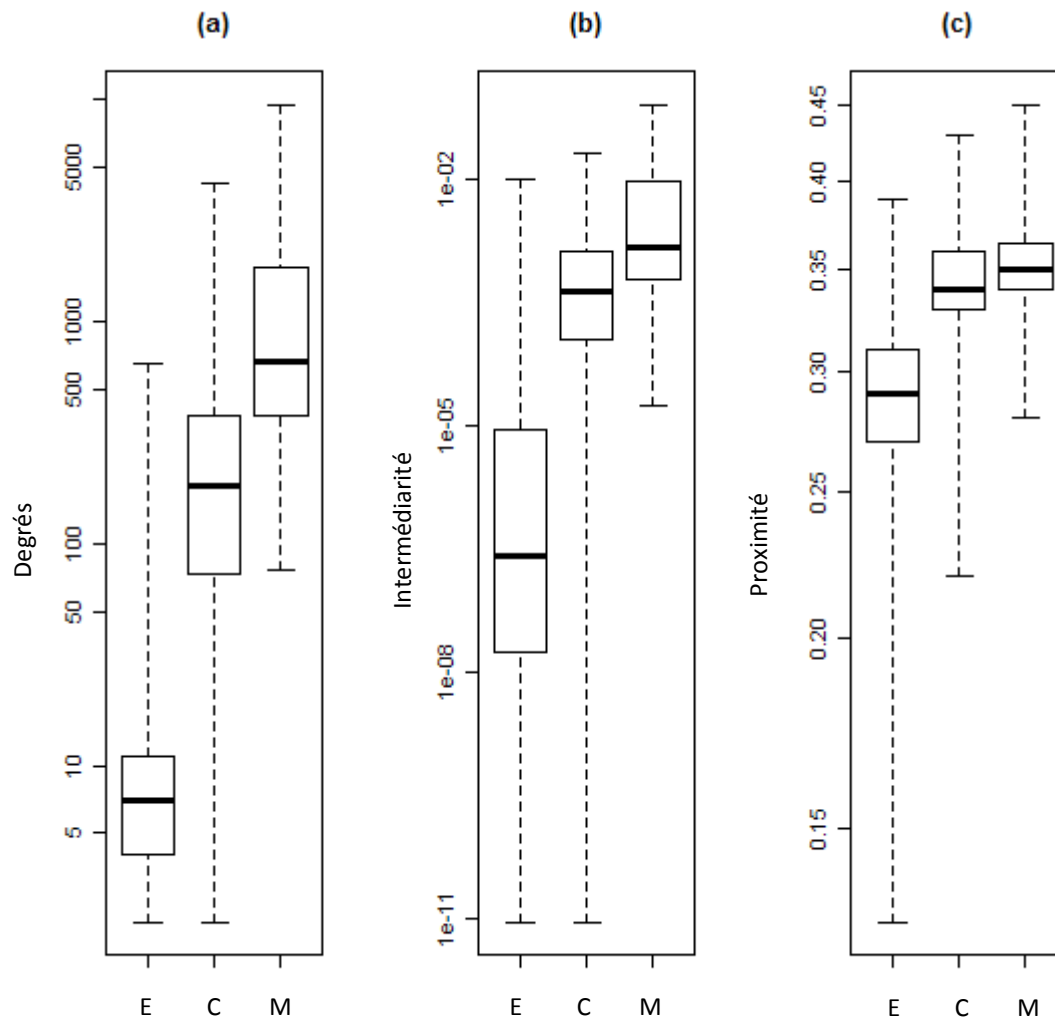


Ces résultats (distribution typique des degrés, relation degré/coefficient et assortativité négative) démontraient que la croissance du réseau d'échanges était conduite par un attachement préférentiel des nœuds formant un réseau *scale-free* ; quand un nœud est ajouté (ici, quand un établissement achète ou vend des animaux), il tend à se connecter à des nœuds fortement connectés (ici, un établissement a tendance à acheter ou vendre des animaux à des établissements qui achètent ou vendent beaucoup d'animaux).

Par ailleurs, les marchés et les centres se distinguaient par des mesures de centralité plus élevées que les élevages (Figure 15). De ce fait, ces établissements correspondaient aux hubs d'un réseau *scale-free*.

Figure 15 : Mesures de centralité des établissements du réseau d'échange bovin

Mesures de centralité (a :degré, b :intermédiarité, c :proximité) pour les élevages (E), les centres de rassemblements (C) et les marchés (M).



3.2.1.2 Les réseaux d'échanges porcins

Des caractéristiques de réseau ont été calculées pour les deux types de réseaux (un mode et deux modes) et une partie était comparable.

▲ Caractéristiques communes aux réseaux à deux modes et à un mode:

Pour les deux types de réseaux, le nombre d'élevages évoluant dans les réseaux était semblable (global/mensuels/hebdomadaires).

- Pour les réseaux à deux modes (Tableau XII) :

10 181 établissements étaient reliés à 24 835 tournées avec 71 197 arcs sur les 6 mois.

En moyenne, 60% de ces établissements participaient aux réseaux mensuels (avec à la fois 15% des tournées et des arcs). 21% de ces établissements participaient aux réseaux hebdomadaires (avec à la fois 3,8% des tournées et des arcs).

Un établissement était concerné par environ 7 tournées dans le réseau de 6 mois et de une à deux tournées pour les autres réseaux. Quels que soient les réseaux, une tournée collectait ou déposait des porcs dans en moyenne 2,9 établissements.

Tableau XII : Description des réseaux d'échanges porcins en deux modes (1^{er} semestre 2010, mensuels et hebdomadaires)

	Réseau 6 mois	Réseaux mensuels Données moyennes [min-max]	Réseaux hebdomadaires Données moyennes [min-max]
Taille			
Etablissements	10 181	6 002 [5 713-6 390]	2 153 [1 824-2 408]
Tournées	24 835	4 103 [3,821-4 503]	955 [784-1 052]
Liens	71 197	11 755 [10 753-13 090]	2 737 [2 253-3 068]
Indicateurs de réseau			
Degré moyen			
Etablissements	6,99	1,96 [1,87-2,05]	1,27 [1,24-1,30]
Tournées	2,87	2,86 [2,81-2,91]	2,87 [2,74-2,96]
Densité	$1,408.10^{-4}$	$2,388.10^{-4}$ [$2,275.10^{-4}$ - $2,463.10^{-4}$]	$6,680.10^{-4}$ [$6,056.10^{-4}$ - $7,888.10^{-4}$]
Distance la plus courte	5,49	3,08 [2,89-3,47]	1,89 [1,71-2,13]
Diamètre	26	13 [12-15]	8 [6-11]
WC*			
Nombre	217	533 [478-598]	495 [433-542]
Le plus grand			
Etablissements(%)	9 523 (93,5%)	4 479 (74,6%) [4 076 (71,3%) - 5 046 (79%)]	314 (14,6%) [105 (4,2%) - 646 (27,5%)]
Tournées (%)	23 498 (94,6%)	2 932 (71,5%) [2 566 (66,6%) - 3 421 (76%)]	120 (12,6%) [28 (2,9%) - 251 (24,2%)]
2 nd plus grand			
Etablissements	10	56 [26-100]	106 [46-197]
Tournées	81	38 [13-72]	36 [11-72]
SC*			
Nombre	388	173 [164-184]	57 [44-72]
Le plus grand			
Etablissements(%)	35 (0,34%)	5 (0,08%) [2 (0,03%) - 8 (0,14%)]	2 (0,09%) [1 (0,05%) - 4 (0,19%)]
Tournées (%)	211 (0,85%)	14 (0,34%) [7 (0,18%) - 21 (0,55%)]	4 (0,42%) [2 (0,20%) - 6 (0,66%)]
2 nd plus grand			
Etablissements	4	2 [2-2]	2 [1-3]
Tournées	54	10 [5-13]	3[2-5]

*(WC =Weak components, SC =Strong components)

Min. =minimum, max.=maximum

- Pour les réseaux à un mode (Tableau XIII):

10 181 établissements étaient reliés entre eux par 22 231 arcs sur les 6 mois.

En moyenne, 60% de ces établissements participaient aux réseaux mensuels (avec 33% des arcs).

21% de ces établissements participaient aux réseaux hebdomadaires (avec 8,8% des arcs).

Un établissement échangeait des animaux avec en moyenne 4 établissements différents durant les 6 mois, avec 2,47 dans les réseaux mensuels et 1,82 dans les réseaux hebdomadaires.

Tableau XIII : Description des réseaux d'échanges porcins en un mode (1^{er} semestre 2010, mensuels et hebdomadaires)

	Réseau 6 mois	Réseaux mensuels Données moyennes [min-max]	Réseaux hebdomadaires Données moyennes [min-max]
Taille	10 181	6 002 [5 712-6 391]	2 152 [1 824-2 408]
Liens	22 231	7 432 [6 902-8 143]	1 957 [1 563-2 208]
Indicateurs de réseau			
Degré moyen	4,37	2,47 [2,41-2,57]	1,82 [1,71-1,93]
Densité	$2,145 \cdot 10^{-4}$	$2,063 \cdot 10^{-4}$ [$1,994 \cdot 10^{-4}$ - $2,116 \cdot 10^{-4}$]	$4,236 \cdot 10^{-4}$ [$3,809 \cdot 10^{-4}$ - $4,630 \cdot 10^{-4}$]
Distance la plus courte	2,55	1,72 [1,65-1,86]	1,20 [1,11-1,32]
Diamètre	10	6 [6-7]	4 [3-5]
Coefficient de clustering	0,01685	0,00910 [0,00835-0,0108]	0,00936 [0,00372-0,02368]
Assortativité	-0,15424	-0,14416 [-0,12806 à -0,16327]	-0,15520 [-0,12072 à -0,18529]
WC*			
Nombre	217	532 [478-598]	495 [433-557]
Le plus grand (%)	9 523 (93,5%)	4 487 (74,8%) [4 075 (71,3%) - 5 046 (79%)]	314 (14,6%) [105 (4,9%) - 646 (27,5%)]
2 nd plus grand	27	56 [33-100]	106 [46-197]
SC*			
Nombre	80	29 [23-34]	8 [4-13]
Le plus grand (%)	30 (0,29%)	5 (0,08%) [3 (0,05%) - 7 (0,14%)]	2 (0,09%) [2 (0,08%) - 4 (0,19%)]
2 nd plus grand	5	3 [2-3]	2 [2-3]

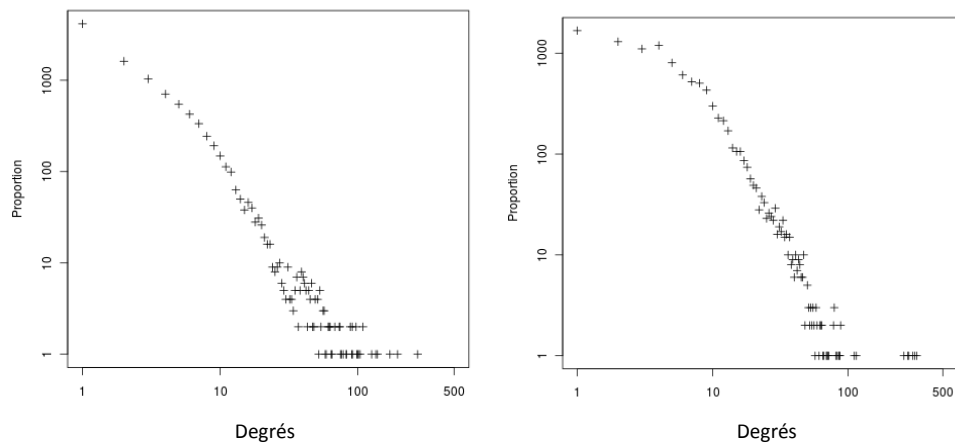
*(WC =Weak components, SC =Strong components)

Min. =minimum, max.=maximum

Quel que soit le type des réseaux, les indicateurs de distance diminuaient avec l'échelle des réseaux. Mais on peut dire que deux établissements étaient approximativement séparés par deux mouvements d'animaux et donc un établissement intermédiaire (Tableau XII et Tableau XIII) (les indicateurs pour les réseaux deux modes devant être divisés par 2).

Les distributions des degrés pour les établissements avaient une forme similaire avec la queue de distribution évoquant une proportionnalité log/log (Figure 16).

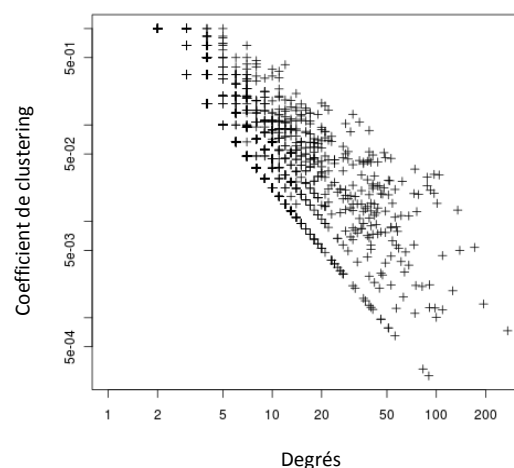
Figure 16 : Distribution des degrés du réseau à un mode (à gauche) et du réseau à deux modes (à droite) de mouvements de porcs de janvier à juin 2010.



▲ Caractéristiques spécifiques aux réseaux à un mode:

Comme pour les réseaux d'échanges bovins, les coefficients de clustering avaient de faibles valeurs assimilables à ceux d'un réseau aléatoire (Newman, 2005) sauf pour le réseau global de 6 mois. La distribution des coefficients de clustering de ce réseau apparaissait également inversement proportionnelle à la distribution des degrés des nœuds (Figure 17). Enfin, les réseaux étaient aussi « disassortatifs » (Tableau XIII).

Figure 17 : Distribution des coefficients de clustering selon les degrés du réseau de mouvements de porcs de janvier à juin 2010.

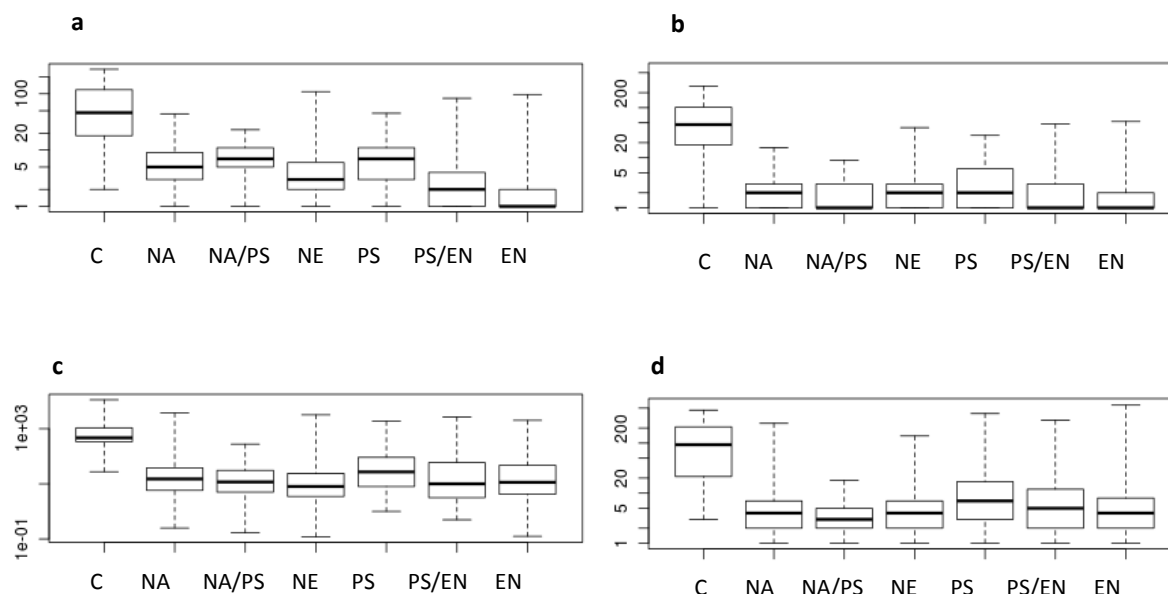


Comme pour le réseau d'échanges bovins, les mêmes caractéristiques de structure (distribution des degrés, relation degré/coefficient de clustering et assortativité négative) permettait de conclure à l'organisation en réseau *scale-free* du réseau de mouvements porcins.

Les mesures suivantes de centralité des nœuds ont été calculées selon le type d'établissement et le type de production ; degré, intermédiarité, in-degré et la chaîne d'infection entrante (Figure 18).

Figure 18 : Mesures de centralité des établissements du réseau d'échanges porcins

Mesures de centralité (a :degré, b :in-degré, c :intermédiarité et d :chaîne d'infection entrante) pour les centres de rassemblements (C), les élevages naisseurs (NA), naisseurs/post-sevreur (NA/PS), naisseur-engraisseurs (NE), post-sevreur (PS), post-sevreur/engraisseurs (PS/EN) et engraisseurs (EN).



Les centres de rassemblements avaient les plus hautes valeurs de centralité (tests de Wilcoxon : $p=0,008$ pour l'intermédiarité et $p<0,0001$ pour le reste des mesures) et étaient assimilés à des hubs.

Parmi, les différents types de production, une différence a été observée (tests de Kruskal-Wallis : $p<0,0001$). Les élevages avec des unités de post-sevrage avaient des valeurs plus élevées pour la centralité de degré et d'intermédiarité alors que ceux avec des unités d'engraissement se distinguaient plutôt par leur valeur de centralité de degré entrant et de chaîne d'infection entrante. Mais au sein de chaque type de production, il existait une grande variabilité. On retrouvait ainsi des résultats cohérents avec l'organisation de la filière ; l'unité de post-sevrage se trouve au milieu dans la succession des postes de production et est donc « intermédiaire » alors que les unités d'engraissement se trouvent en fin de chaîne de production, tous les animaux finissent par ces unités avant d'être envoyés à l'abattoir.

3.2.2 Emergence de sous graphes

La fragmentation des réseaux d'échanges bovins était assez faible; le WC le plus grand comprenait toujours plus de 70% des établissements même dans les réseaux hebdomadaires (Tableau XI). De la même façon, de larges SC que l'on a pu considérer comme des géants ont été détectés ; leurs tailles en moyenne de 10 277 établissements pour les réseaux mensuels et de 2 115 pour les hebdomadaires étaient toujours nettement supérieurs ($>10^3$ plus grand) aux autres SC respectivement en moyenne 7 et 9 (bornes de 4 à 51).

Les réseaux mensuels et de 6 mois d'échanges porcins étaient également peu fragmentés (plus de 70% des établissements impliqués dans le WC le plus grand) (Tableau XII et Tableau XIII). Par contre aucun large SC de grande taille ne s'est distingué, seulement des SC de 30 établissements pour les réseaux de 6 mois ou moins de 5 établissements pour les réseaux mensuels et hebdomadaires.

Suite à ces résultats, l'analyse des réseaux bovins et porcins a été poursuivie de façon différente.

3.2.2.1 Les GSC : Cas des bovins

Une analyse descriptive détaillée des GSCs des réseaux bovins a tout d'abord été menée.

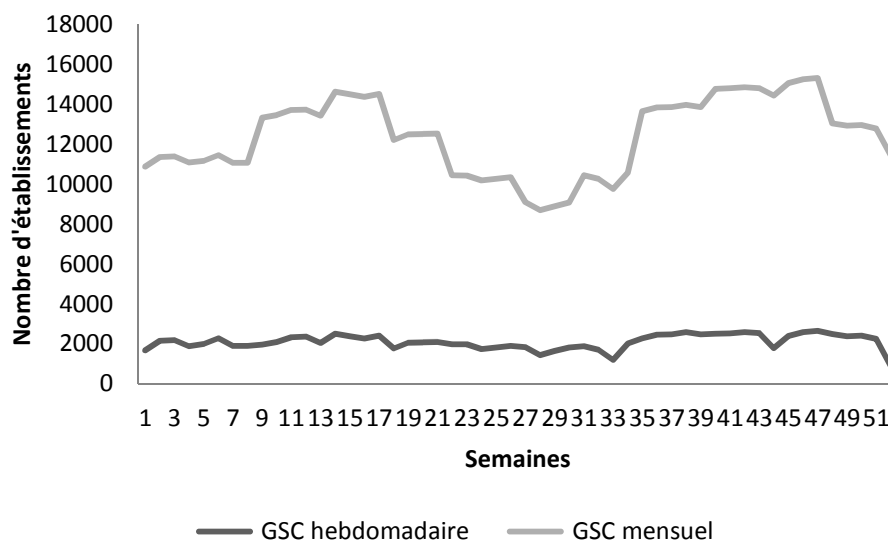
Des GSCs ont été observés pour les différents pas de temps d'étude et le détail de leurs caractéristiques est décrit dans le Tableau XIV.

Tableau XIV : Description des 'giant strong components' issus des réseaux d'échanges bovins 2005.

	Réseau annuel	Réseaux mensuels Données moyennes [borne]	Réseaux hebdomadaires Données moyennes [borne]
Taille	108 904	10 277 [7 254-12 652]	2 115 [885-2 657]
Elevages	107 539	9 245 [6 277-11 622]	1 430 [524-1 885]
Centres	1 289	964 [908-1 008]	633 [320-714]
Marchés	76	69 [65-73]	52 [39-60]
Liens	804 331	39 592 [29 726-47 581]	7 417 [2 655-9 485]
Indicateurs de réseau			
Degré moyen	11,60	3,35 [3,17-3,55]	2,43 [2,13-2,52]
Distance la plus courte	4,44	4,74 [4,6-4,82]	5,07 [4,84-6,24]
Diamètre	20	16 [13-20]	14 [12-19]
Coefficient de clustering	$1,06 \cdot 10^{-2}$	0,03 [0,025-0,043]	0,06 [0,045-0,1]
Assortativité	-0,14	-0,18 [-0,19 - -0,16]	-0,21[-0,25 - -0,18]

Des fluctuations saisonnières des flux dans les tailles des GSCs mensuels avec un pic au printemps et en automne ont été observées (Figure 19).

Figure 19 : Répartition du nombre d'établissements participant à des échanges de bovins dans les GSC mensuels et hebdomadaires sur l'année 2005.



La semaine 47 impliquait le plus grand nombre d'établissements (2 657), semaine issue du mois de novembre (avec 12 652 nœuds au total) et la semaine 33 en impliquait le moins (1 200 nœuds), semaine issue du mois de juillet (avec 7 254 nœuds au total). Pour ces GSCs, leur répartition géographique montrait que systématiquement les GSCs étaient largement répartis sur l'ensemble du territoire et couvraient les principales zones d'élevage (Figure 20).

Les indicateurs de réseau des GSCs étaient proches de ceux des réseaux entiers d'échanges de bovins (Tableau XIV).

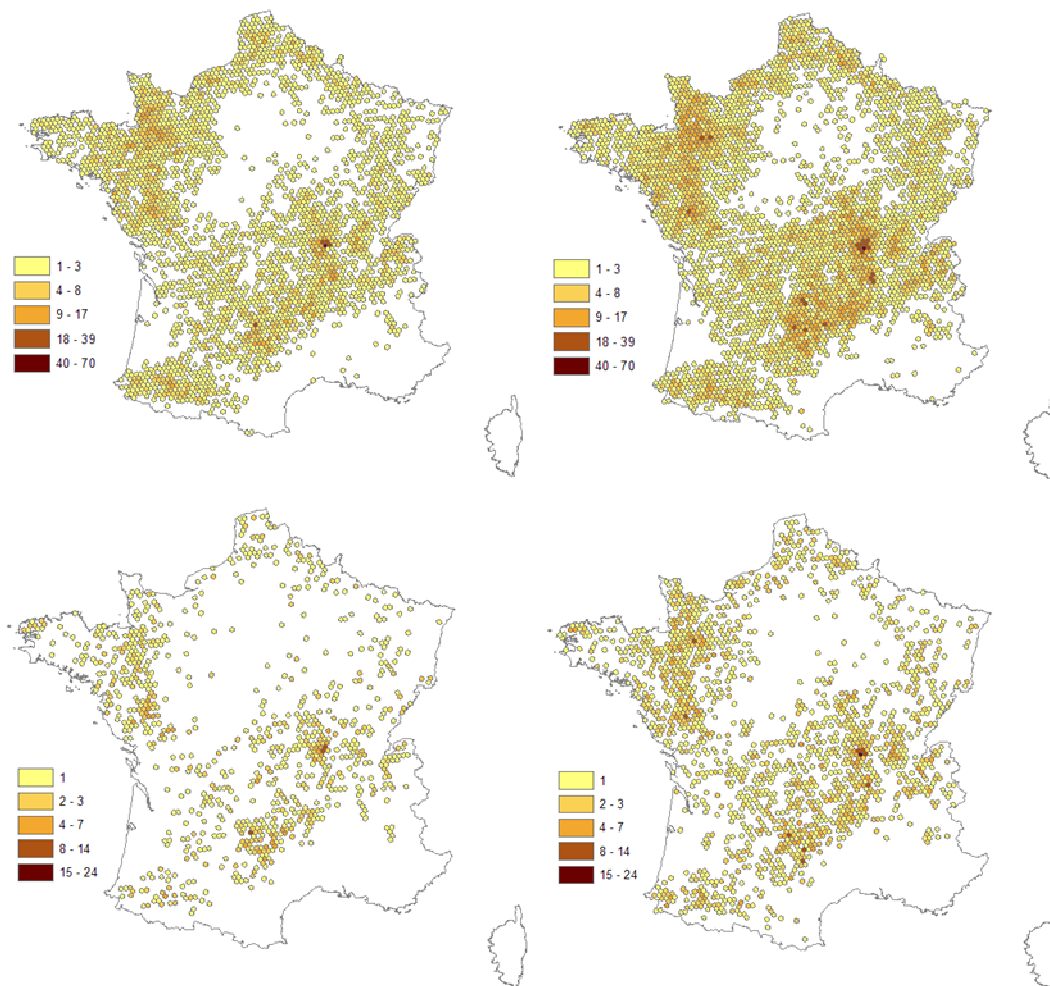
De la même façon, les opérateurs commerciaux étaient une nouvelle fois bien représentés. Leur implication était importante car parmi les 932 établissements se retrouvant systématiquement dans les GSCs mensuels, 610 étaient des opérateurs (soit 65% des établissements). Pour les GSCs hebdomadaires, 43 établissements étaient présents systématiquement dont 42 marchands. De plus, les opérateurs commerciaux avaient une place de hubs dans ces sous réseaux (valeurs de centralité élevées).

Figure 20 : Répartition géographique des établissements d'élevage détenant des bovins et participant à des GSCs.

Densités représentées par nombre d'élevages par hexagone de 10km de diamètre (87 km²).

En haut à gauche, le mois de juillet (7 254 établissements) et en haut à droite novembre (12 652 établissements).

En bas à gauche, la semaine 33 (1 200 établissements) et en bas à droite la semaine 47 (2 657 établissements).



La présence de ces sous-graphes de typologie *scale-free* a finalement conduit à une étude de leur déstructuration.

Le fait d'enlever les opérateurs commerciaux sur le réseau d'échange bovin annuel n'a pas permis l'émergence d'un GSC plus petit (41 588 nœuds) (Tableau XV). Par contre, cette procédure a été efficace pour les réseaux mensuels et hebdomadaires. En effet, suite à la suppression de tous les opérateurs, aucun GSC de taille > à 51 nœuds n'a été détecté, ce qui n'était pas le cas si seulement un des deux opérateurs était maintenu.

Cette même procédure de retrait de nœuds a été menée selon les valeurs de mesures de centralité et a permis de limiter l'apparition de GSCs en évinçant, pour la procédure la plus satisfaisante, en moyenne 299 établissements pour les réseaux mensuels et 82 pour les réseaux hebdomadaires (Tableau XV). Cela représentait moins de 1% de la population impliquée dans la période d'étude. « L'attaque » selon les mesures de centralité a réduit le nombre d'établissements à cibler par rapport à la procédure ne concernant que la totalité des opérateurs. Cependant, ces derniers étaient largement représentés ; de 35 à 56% des marchés et de 6 à 23% des centres.

Tableau XV : Nombre d'établissements retirés pour obtenir la disparition des GSC dans les différents réseaux d'échanges bovins, 2005.

Procédure de retrait de nœuds	Échelle de temps	Nombre de nœuds retirés (% *)			
		Elevages	Centres	Marchés	Total
Type d'établissements	Mensuel	-	964 (86%)	69 (97%)	1 033 (0,8%)
	Hebdomadaire	-	633 (63%)	52 (79%)	685 (1,4%)
Centralité de degree 'Degree'	Annuel	2 322 (1%)	1 113 (85%)	75 (100%)	3 510 (1,4%)
	Mensuel	3	351 (31%)	48 (68%)	403 (0,3%)
Centralité de proximité 'Closeness'	Hebdomadaire	-	83 (8%)	29 (44%)	113 (0,2%)
	Annuel	2 805 (1,1%)	1 073 (82%)	75 (100%)	3 953 (1,6%)
Centralité d'intermédiarité 'Betweenness'	Mensuel	55	295 (26%)	46 (65%)	396 (0,3%)
	Hebdomadaire	10	79 (8%)	24 (36%)	113 (0,2%)
Centralité d'intermédiarité 'Betweenness'	Annuel	1 766 (0,7%)	1 035 (79%)	75 (100%)	2 866 (1,2%)
	Mensuel	8	251 (23%)	40 (56%)	299 (0,2%)
Centralité d'intermédiarité 'Betweenness'	Hebdomadaire	1	59 (6%)	23 (35%)	82 (0,2%)

*pourcentage par catégorie ou global de nœuds évincés du réseau (moyennes pour les réseaux mensuels et hebdomadaires).

3.2.2.2 Les Communautés : cas des porcins

Une recherche de communautés (sous-groupes de nœuds au sein desquels les liens sont plus denses que dans le reste du réseau) a été réalisée dans le réseau d'échanges porcins à un mode réseau précédemment décrit mais aussi dans un réseau où les mouvements vers l'abattoir ont été inclus.

▲ Réseau avec abattoir :

45 communautés ont été mises en évidence comportant de 1 à 2 629 établissements ($Q_{max} = 0,58$). Six larges communautés contenaient plus de 1000 établissements et représentaient alors 91,2% des établissements (Tableau XVI). Ces communautés formaient des groupes localisés (4 regroupées en Bretagne) et se superposaient géographiquement en comparaison avec les GSCs du réseau d'échanges bovins largement répartis sur tout le territoire (Figure 21).

Tableau XVI : Nombre d'établissements et de liens au sein des communautés détectées dans les réseaux d'échanges de porcs avec et sans abattoirs au cours du 1^{er} semestre 2010.

Réseau incluant les abattoirs					
Communautés		Nombre d'établissements			Nombre de liens
Classées par taille	Abattoirs	Centres	Elevages	Total	
1	36	0	2593	2629	6183
2	10	0	2389	2399	6956
3	38	15	2197	2250	5352
4	8	1	2155	2164	7189
5	6	1	1946	1953	5729
6	19	2	1312	1333	3421
Autres				1230	16366
Total = 45				13958	51200
Réseau sans abattoir					
Communautés		Nombre d'établissements			Nombre de liens
Classées par taille	Abattoirs	Centres	Elevages	Total	
1	-	12	1845	1857	3890
2	-	1	1699	1700	3720
3	-	0	1148	1148	2828
4	-	0	1100	1100	2650
Autres				4376	8735
Total = 320				10181	21823

▲ Réseau sans abattoir :

320 communautés ont été mises en évidence comportant de 1 à 1857 établissements ($Q_{max} = 0,75$). Le détail est décrit dans les Tableau XVI et Tableau XVII. 57% des établissements composaient les quatre plus grandes communautés (>1000 nœuds). Les élevages engraisseurs et post-serveurs/engraisseurs étaient les plus nombreux dans les communautés, toutefois les communautés n'étaient pas semblables (test de Chi-deux d'homogénéité : $p < 0,0001$). Ces communautés étaient aussi spatialement regroupées (Figure 21).

Figure 21 : Distribution spatiale des communautés détectées les plus grandes (< 1000 nœuds) dans les réseaux d'échanges de porcs avec et sans abattoirs au cours du 1^{er} semestre 2010.

6 communautés pour le réseau avec abattoir à gauche et 4 communautés pour le réseau sans abattoir à droite.

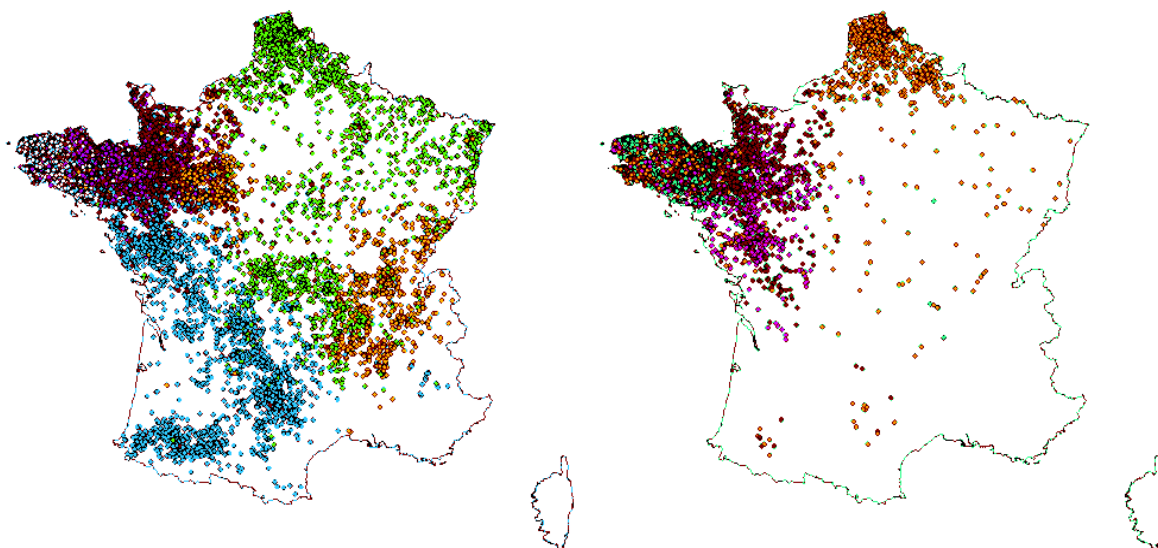


Tableau XVII : Elevages composant les plus grandes communautés détectées (<1000) dans le réseau d'échanges porcins sans abattoirs au cours du 1^{er} semestre 2010.

Nombre d'élevages impliqués : naisseurs (NA), naisseurs/post-sevreur (NA/PS), naisseur-engraisseurs (NE), post-sevreur (PS), post-sevreur/engraisseurs (PS/EN), engraisseurs (EN) et type inconnu (IN)

Communautés	NA	NA/PS	NE	PS	PS/EN	EN	IN	Total élevages
1	125	22	961	4	157	542	34	1845
2	68	14	931	3	178	464	41	1699
3	75	12	561	19	161	294	26	1148
4	30	8	548	5	58	444	7	1100

Le réseau **d'élevages bovins** montrait **une vulnérabilité constante** par sa typologie en réseau **scale-free** et avec l'existence des **GSCs**, structures à risque facilitant la diffusion de maladies. Le **réseau porcin**, également réseau **scale-free**, était **plus cloisonné** et apparaissait **moins vulnérable**.

Les **centres et les marchés** assuraient dans les deux réseaux la place **de hubs**, nœuds centraux sur lesquels il est intéressant en partie d'agir pour limiter la vulnérabilité du réseau.

4 DISCUSSION

4.1 LA POPULATION : ELEVAGES ET ETABLISSEMENTS HEBERGEANT DES ANIMAUX

Les élevages sont de façon générale largement repartis sur tout le territoire mais de façon hétérogène suivant les espèces. La filière porcine se démarque notamment par une forte densité dans le Grand Ouest et les Pyrénées-Atlantiques et peu d'élevages dans le reste de la France. Les petits ruminants sont, quant à eux, largement repartis sur le territoire avec beaucoup d'élevages à faible effectif mais des zones de plus forte activité existent toutefois dans les régions Poitou-Charentes, Centre et PACA. La filière bovine est l'activité majeure pour le pays et est répartie sur l'ensemble du territoire avec des zones plus marquées dans le Grand Ouest et le Centre.

Les activités de commerce à l'élevage (centres et marchés) et d'abattage sont réparties généralement selon les zones d'activités d'élevage (espèce et type de production).

Ces établissements formaient ainsi les points ou sommets du réseau d'élevages français et leur répartition, notamment leur densité dans certaines zones géographiques, informait sur le risque d'introduction de maladies.

4.2 CARACTERISTIQUES DES MOUVEMENTS D'ANIMAUX

Les informations issues d'interviews (résultats d'enquête) et de recherches bibliographiques n'ont pas permis de quantifier les flux de petits ruminants de façon exploitables mais ont cependant mis en évidence que les mouvements de petits ruminants entre établissements d'élevage étaient négligeables comparés aux mouvements vers les abattoirs. Aucun schéma consensuel de ces mouvements sur lequel appuyer le reste du projet n'a pu être construit.

En résumé, les flux de petits ruminants entre établissements d'élevage sont jugés très minoritaires vis à vis des animaux sortant pour la boucherie (reproducteurs de réforme ou animaux engraisés) ; estimation à environ 2% des flux généraux, le reste étant des flux de boucherie. Peu passent sur les marchés et les informations sont très variables pour les allotements. De plus, chaque filière et type de production ont leurs transferts propres qui restent de façon majoritaires cantonnés à leur bassin.

Le principal risque réside alors dans le croisement de ces flux entre les animaux d'élevage (petits ruminants mais également autres espèces) et ceux destinés à l'abattoir dans les marchés et les centres de rassemblement. Mais cela n'a pas pu être quantifié.

Par ailleurs, près d'un tiers des élevages de petits ruminants étaient de type ovin/caprin indéterminé, et certaines données d'effectifs étaient manquantes.

Les informations sur les bovins et les porcs ont été, quant à elles, largement étudiées. Après comparaison avec d'autres sources de données (Institut de l'élevage, FranceAgriMer, Ministère en charge de l'Agriculture), la fiabilité des données bovines était bonne, celle concernant les données porcines l'étaient un peu moins en termes d'effectifs d'animaux et de type de production. La base de données BDPORC est relativement récente (mise en route au cours de l'été 2009, arrêté rendant obligatoire les déclarations des éleveurs à la BDPORC datant du 20 Octobre 2010) et son exhaustivité doit être améliorée (Assemblée Générale de l'association BDPORC, 25 Mai 2011). Toutefois, initialement, cette base repose sur l'extension d'une base locale plus ancienne et exhaustive, gérant les élevages bretons (zone française la plus dense en élevages porcins). A ce titre, les données porcines collectées ont été jugées suffisamment précises pour mener l'étude.

Les flux étaient bien évidemment proportionnels à la population et en relation avec les caractéristiques des types de la production pour leur dynamique temporelle (saisonnalité plus marquée pour les bovins que pour les porcs). Même si les élevages de porcs sont regroupés géographiquement, les porcs (médiane=51km) voyageaient sur de plus longues distance que les bovins (médiane=33km) entre deux élevages. Par contre, dès qu'un bovin transitait par un opérateur commercial, il augmentait considérablement son trajet (médiane=80km). Toutefois, les distances parcourues par les porcins sont à interpréter avec précaution. Les distances individuelles n'ont pu être réellement calculées car les animaux chargés ou déchargés collectivement n'ont pu être suivis individuellement.

4.3 L'ANALYSE DE RESEAUX

Les réseaux obtenus étaient des réseaux de très grande taille surtout pour le réseau d'échange de bovins. Pour chacun, la plupart des élevages existant avait participé à un échange d'animaux d'élevage à élevage (92% pour les élevages bovins et 74% pour les élevages porcins). C'est pourquoi, cette première approche a été faite sur des réseaux simples (réseau sans lien multiple : un lien = au moins 1 mouvement entre deux exploitations) pour faciliter les calculs d'indicateurs. Ce choix semble cependant avoir peu d'incidence car sur l'année, 82% des liens étaient des mouvements uniques entre établissements pour le réseau d'échanges bovins et 95,5% pour le réseau porcin sur 6 mois.

L'intérêt de cette simplification a été également illustré par l'étude du réseau d'échanges porcins ; le réseau à deux modes était plus proche de la réalité mais les résultats des calculs des indicateurs du réseau à un mode recréé ont montré que l'approche à un mode était satisfaisante pour décrire le réseau de mouvements.

L'étude d'un réseau à deux modes a toutefois apporté des informations intéressantes sur les liens entre les élevages. Les tournées de collecte s'effectuaient notamment toujours approximativement dans en moyenne 3 élevages avec des maximums pouvant atteindre les 20 élevages. Une même tournée pouvait également concerner des transferts d'élevages à élevages mais aussi des envois à l'abattoir.

L'analyse de réseau offre un large panel d'outils pour étudier les réseaux d'élevages. Notre choix s'est porté avant tout sur l'étude de structures à risque simples, des sous-groupes d'établissements fortement connectés, les GSCs ou les communautés. La cohésion des établissements dans ces sous-groupes permet d'approcher un risque de vulnérabilité de diffusion de maladie. La prise en compte du sens des mouvements comme dans les GSCs précise toutefois mieux ce risque même si la chronologie n'est pas respectée mais seulement approchée par un découpage en mois et en semaine. Cette approche pourrait alors être couplée à d'autres outils comme la détection de clusters spatio-temporels ou par des simulations.

4.4 RESEAUX ET DIFFUSION DE MALADIE

Les caractéristiques « réseau » de structure renseignent sur la vulnérabilité structurale des réseaux d'échanges tout d'abord à travers leur typologie. Les deux réseaux d'échanges bovins et porcins ont été qualifiés de réseaux '*scale-free*'. Cette topologie pour des réseaux de mouvements d'animaux a été déjà décrite dans d'autres pays d'Europe ; par exemple, pour les bovins au Royaume-Uni (Christley, 2005; Volkova *et al.*, 2010a) et en Italie (Natale *et al.*, 2009) ou sur les porcs et bovins au Danemark (Bigras-Poulin *et al.*, 2006; Bigras-Poulin *et al.*, 2007) et en Suède (Nöremark *et al.*, 2011) mais également chez les petits ruminants au RU (Kiss *et al.*, 2006b; Volkova *et al.*, 2010b). Les caractéristiques des réseaux '*scale-free*' sont retrouvées selon les distributions typiques des degrés dont la fin de courbe tend à suivre une loi de puissance (beaucoup d'établissements avec peu de liens et un faible nombre avec la majorité des liens) et une « assortativité » négative. Cela confirmait une structure hiérarchique du réseau et la présence de « hubs », établissements centraux dans les échanges. Ce type de réseau a, en outre, comme propriétés de favoriser la diffusion de maladie et d'être sensible à des « attaques » ciblées plutôt qu'aléatoires (Albert *et al.*, 2000; Barabasi, 2009).

Cette robustesse signifie que le réseau conserve sa structure avec la majorité des liens si une attaque consiste à retirer des nœuds de façon aléatoire. Par contre, une attaque ciblée notamment parmi des nœuds fortement connectés, les hubs, déstructure plus facilement le réseau et limite cette cohésion.

L'existence dans le réseau bovin de GSCs avec une grande cohésion et une large répartition constante sur la quasi totalité du territoire français a démontré la grande vulnérabilité structurale de ce réseau pouvant favoriser la diffusion de maladie. Pour le réseau porcin, il n'y a pas eu de mise en évidence de structures telles que les « GSCs » mais plutôt des groupes individualisés avec des échanges plus denses, les « communautés ». Cette fragmentation du réseau porcin qui apparaissait également géographiquement concentrée, démontrait une vulnérabilité structurelle plus faible et moins largement répartie que celle du réseau bovin. Les communautés suggéraient plutôt l'organisation de filière en système intégré où les différents types de production étaient représentés. Toutefois, à l'intérieur de ces communautés, la structure hiérarchique descendante du système porcin pouvait favoriser la diffusion de la maladie (en particulier, si la maladie est introduite, chez des naisseurs).

Par ailleurs, naturellement, nous nous sommes intéressés aux centres de rassemblements et aux marchés par leur position dans les réseaux mais aussi l'influence d'une action (ou « attaque ») ciblées sur ces opérateurs.

Leurs rôles dans les réseaux est bien incontestablement celui de « hubs » ou d'intermédiaires incontournables dans de nombreux flux (Robinson and Christley, 2007). Ils interviennent plus systématiquement (en nombre d'animaux) dans les flux vers les abattoirs que dans les flux d'élevage à élevage (cela est également vrai pour les filières petits ruminants) et sont des points de départ et d'entrée aux exportations. A ce titre, les centres ont également des rôles importants de « hubs » au niveau international.

Toutefois, leur activité n'est cependant pas la même selon les filières considérées. Pour les porcins, les centres en plus faible nombre, ont plutôt des activités tournées essentiellement vers le commerce d'exportation que vers des échanges à l'intérieur du pays. Leur implication dans les réseaux d'échanges métropolitains n'est donc pas la même entre la filière bovine et porcine.

L'analyse dans le réseau bovin d'une attaque ciblée sur les opérateurs a permis de démontrer qu'une action générale sur l'ensemble de ces acteurs était nécessaire pour désorganiser et contrôler la vulnérabilité du réseau. Cette application systématique de mesures de lutte ou de prévention apparaît toutefois difficilement réalisable et sur du long terme, entrave lourdement le commerce.

Par contre, la suite de l'étude a permis de préciser ces actions en sélectionnant les nœuds selon leurs mesures de centralité au sein du réseau. Une pression de surveillance ou une limitation de mouvements temporaire sur un plus faible nombre d'établissements par rapport à un ciblage par catégorie d'activité peut suffire à déconnecter le réseau et donc à limiter un risque de large diffusion de maladie.

Bien sûr, pour cela il faut une action rapide puisque ces indicateurs se placent dans un réseau donné et que tout événement notable survenant par la suite (comme des mesures de prévention ou lutte suite à une épizootie imminente ou déclarée) recrée un nouveau réseau ; des établissements sont isolés, fermés, les réseaux commerciaux cessent leur activité ou se réorganisent.

5 CONCLUSION

Cette étude sur le réseau d'élevage français a permis de caractériser les profils d'élevage sur le territoire métropolitain. Au-delà des zones à fortes densités d'élevages ou activités d'échanges, l'étude structurale de ce réseau a contribué à qualifier sa vulnérabilité structurelle face à la diffusion de maladie.

Les résultats ont démontré une vulnérabilité constante du réseau d'élevages par le réseau d'échanges bovins via l'existence des GSCs, structures à risque facilitant la diffusion de maladies. Le réseau porcin étant plus cloisonné apparaissait moins vulnérable.

Toutefois, le fait de limiter l'importance des GSCs permet de diminuer un risque de large diffusion par le biais de mouvements d'animaux. Pour cela, l'étude a suggéré de cibler les mesures de lutte et de prévention sur un faible nombre d'établissements grâce à des indicateurs empruntés à la méthode d'analyse de réseaux sociaux. Une partie des marchands (centres et marchés) par leur fonctionnement de rassemblement et de redistribution d'animaux ont été naturellement visés. Ce ciblage permet de proposer une stratégie optimale pour le déploiement des ressources sans entraver trop lourdement les flux commerciaux.

Cette étude a été menée séparément dans les deux filières bovine et porcine et prioritairement sur les transferts entre élevages. Les filières des petits ruminants n'ont également pas été prises en compte. Au vu de l'existence d'élevages mixtes (n= 49 790) et des flux (déjà évoqués) vers les abattoirs qui croisent ceux vers les élevages, les liens au sein du réseau général d'élevages doivent être plus nombreux et la vulnérabilité face à la diffusion de maladie, déjà apportée par le réseau bovin ne peut que s'intensifier.

B / CARACTERISATION DES EPIZOOTIES DE FIEVRE APHTEUSE ET EVALUATION DE SCENARIOS D'INTERVENTION

1 INTRODUCTION

L'agriculture française occupe la 1^{re} place en Europe, avec 18 % de la production agricole européenne. Elle contribue à hauteur de 3,5 % du PIB national avec l'industrie agroalimentaire et emploie 3,3 % des actifs. La France exporte plus qu'elle n'importe, avec une balance commerciale excédentaire de plus de 9 milliards d'euros. Et parmi les grands secteurs (énergie, industrie,...), l'agroalimentaire est l'un des rares à conserver un solde commercial excédentaire (Données Agreste¹⁰). A ce titre, ce secteur (avec notamment l'élevage) demeure une branche importante de l'économie française.

Outre les pertes de production, l'impact économique de la FA pour la France est surtout lié aux mesures de gestion lors d'apparition de foyers ; aux coûts de mise en œuvre des mesures, aux restrictions commerciales et aux retombées indirectes de l'épizootie. Les entraves aux exportations sont maintenues jusqu'au recouvrement de statut indemne. Cette durée dépend des mesures de lutte utilisées qui, d'une part, maîtrisent l'épizootie (limitent la durée de propagation du virus) et d'autre part, peuvent imposer réglementairement un délai supplémentaire avant réouverture des marchés (de 3 à 6 mois avec l'emploi de la vaccination).

L'épizootie au Royaume-Uni en 2001 a rappelé brutalement et de façon sévère que la maladie pouvait ré-émerger en Europe dans un pays proche de la France et diffuser largement. Cette sévérité pose un certain nombre de questions quant à une diffusion possible en France, sur l'appréciation de la situation et sur la gestion de l'éradication de la maladie (Chmitelin and Moutou, 2002).

Cette épizootie a tout d'abord clairement mis en lumière les conséquences dramatiques d'une détection tardive et, par suite, l'importance d'une détection précoce grâce à un système sensible. La détection de la maladie repose en premier lieu sur la déclaration de cas suspects par les éleveurs et les vétérinaires. L'efficacité de ce réseau de surveillance a déjà été largement étudié (Doherr and Audige, 2001; Dufour *et al.*, 2006a) et ses limites mises en évidence, notamment quand les acteurs étaient moins vigilants ou en nombre insuffisant (Anderson, 2002). A l'heure où des études sont

¹⁰ Données Agreste (ministère de l'agriculture, France) disponibles sur : <http://agreste.agriculture.gouv.fr/>

menées en France sur la question du « maillage vétérinaire », sur la profession vétérinaire et l'exercice en milieu rural (Le Bail *et al.*, 2010), il est important de s'interroger sur l'organisation du système de surveillance passive et comprendre le rôle de chacun dans la détection de la maladie.

Par ailleurs, plusieurs études menées avant 2001 avaient montré que la stratégie purement sanitaire (abattage des troupeaux infectés) était en général et en moyenne économiquement la meilleure à l'échelle d'un pays fortement exportateur de produits agroalimentaires comme la France. Mais désormais l'abattage préventif et l'utilisation de la vaccination d'urgence sont deux outils de lutte d'emploi plus aisés qu'avant. Alors que l'abattage préventif a pu se révéler très efficace en France en 2001, son emploi nécessite néanmoins une mobilisation humaine et matérielle importante et provoque également une opposition croissante dans l'opinion publique. Le choix des mesures de lutte doit donc prendre en compte l'ensemble de ces contextes et être argumenté.

L'objectif de cette partie est de décrire la diffusion de FA dans le réseau d'élevage actuel, d'analyser l'impact de différentes structures de systèmes de surveillance sur cette diffusion et de comparer l'efficacité et les coûts des différentes stratégies de lutte envisageables. Pour cela, il a d'abord été nécessaire de développer un modèle de diffusion, modèle épidémiologique dynamique reposant sur la répartition géographique des élevages français et les flux des animaux.

L'exploitation du modèle de diffusion a fait l'objet d'une publication (Annexe 5) et d'un encadrement de stage de master 2:

- Rautureau S., Dufour B. and Durand B. Structuring the passive surveillance network improves epizootic detection and control efficacy: a simulation study on FMD in France. *Transboundary and Emerging Diseases*, on line, doi:10.1111/j.1865-1682.2011.01271.x .
- Rivière Julie : « Analyse de simulations d'épizooties de fièvre aphteuse dans le Grand Ouest de la France » (2011), Master 2, Surveillance épidémiologique des maladies humaines et animales, ENVA/Paris XI.

2 MATERIEL ET METHODE

2.1 DONNEES

2.1.1 Le réseau d'élevages

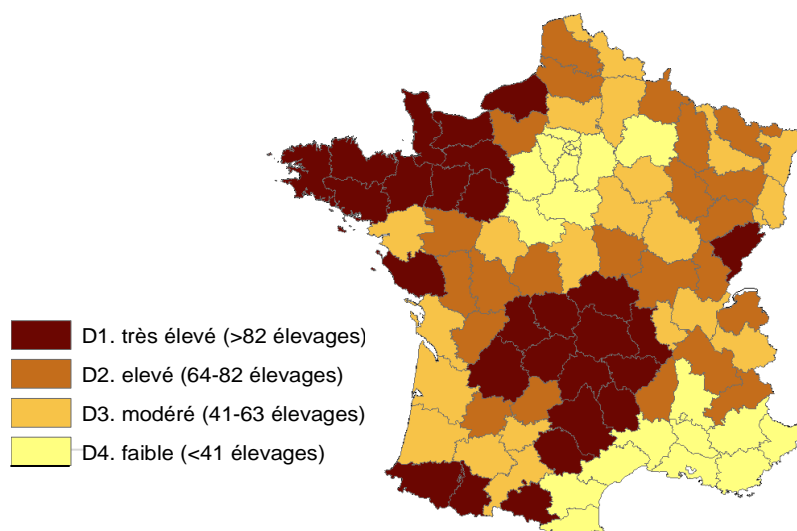
Les informations collectées pour caractériser le réseau d'élevages ont été utilisées pour alimenter le modèle de diffusion, à savoir, la population bovine, porcine et de petits ruminants et les mouvements de bovins et porcs entre établissements d'élevage (élevages, marchés, centres et abattoirs).

2.1.2 Le maillage vétérinaire

Les informations concernant les vétérinaires étaient issues de données datant de 2010, saisies au niveau local par les services vétérinaires via l'interface SIGAL (base de données du ministère chargé de l'Agriculture). Dans le listing, 6552 vétérinaires étaient inscrits à l'ordre des vétérinaires.

3392 cabinets vétérinaires différents étaient associés aux élevages de l'étude. Pour l'ensemble des départements métropolitains, le nombre moyen d'élevages par cabinet vétérinaire a été calculé ; nombre allant de 1 à 191 élevages. Quatre groupes de départements ont été définis selon les quartiles de la distribution (Figure 22).

Figure 22 : Nombre moyen d'élevages par cabinet vétérinaire dans les départements métropolitains.



2.1.3 Données économiques

L'étude a pris en compte trois catégories d'acteurs économiques ;

- l'Etat,
- le secteur de l'élevage ; élevages bovins et élevages porcins,
- le secteur de l'agro-alimentaire et de la transformation ; les abattoirs de bovins et de porcs.

Les coûts directs des mesures de lutte correspondaient aux coûts fixes (mobilisation de moyens humains et matériels) et aux coûts par animal (abattage d'un troupeau, vaccination et des mesures de surveillance active). Les coûts induits par ces mesures étaient également reliés aux coûts de séquestration d'une zone pour les établissements qui y sont situés.

Les conséquences économiques d'une épizootie ont été estimées en appliquant des coûts moyens au nombre d'animaux concernés par le poste économique.

2.1.3.1 Coût pour l'Etat

Lors d'une épizootie de FA, l'Etat participe financièrement à l'organisation et à la gestion de la lutte et indemnise les éleveurs dont les animaux ont été abattus dans le cadre des opérations de police sanitaire (A.M. du 30 septembre 2001¹¹, A.M. du 30 septembre 2004¹²). Les coûts ont été estimés d'après les données réglementaires citées qui fixent des montants pour chaque acte vétérinaire et des montants d'indemnisation et de renouvellement des animaux. Ces estimations ont été complétées par des coûts réels issus des bilans financiers de gestion de maladies soumises elles aussi à des mesures de police sanitaire telles que l'encéphalite spongiforme bovine, la fièvre catarrhale ovine, la tremblante pour les ruminants et la maladie d'Aujeszky pour les porcins [source DGAI, Rivière (2011)].

Les coûts pour l'Etat ont été divisés en quatre postes économiques (Tableau XVIII):

- Visites de surveillance et enquêtes : Ces visites correspondaient aux visites réalisées par un vétérinaire sanitaire soit lors d'une sollicitation de l'éleveur pour suspicion de FA soit pour une surveillance active dans les élevages du périmètre interdit ou dans ceux identifiés à risque par l'enquête épidémiologique.

¹¹ Arrêté ministériel du 30 mars 2001 modifié fixant les modalités de l'estimation des animaux abattus et des denrées et produits détruits sur ordre de l'administration

¹² Arrêté ministériel du 30 septembre 2004 relatif à la rémunération des vétérinaires sanitaires pour les opérations de police sanitaire

Tableau XVIII : Estimations des coûts moyens pour les postes économiques attribués à l'Etat lors d'une épizootie de FA en France

Postes	Description	Estimations
Visites de surveillance et enquêtes	Rémunération vétérinaire : visites des élevages foyers et séquestrés (surveillance passive + active)	80 € / élevage visité
Abattage (des foyers et préventif)	Indemnisation des éleveurs	2500 € / bovin
	+ Chantier d'abattage :	900 € / porc reproducteur
	Euthanasie, transport et destruction des carcasses, matériel et main d'œuvre nécessaire	450 € / porcelet 8-25kg 550 € / porc à l'engrais
	Nettoyage-désinfection	500 € / petit ruminant
Vaccination	Production, stockage, transport...	0,5 € / animal vacciné
	Acte de vaccination	5,3 € / animal vacciné
Levée des mesures	Dépistages sérologiques dans les élevages	15,38 € / animal prélevé

Les autres coûts ont été estimés à l'animal.

- Opérations d'abattage : Ce poste comprenait les opérations d'abattages des foyers mais également des élevages à risque abattus préventivement. Les coûts calculés pour le chantier d'abattage et le nettoyage-désinfection ont été estimés « à l'animal » et ajoutés à une valeur moyenne d'indemnisation des animaux.
- Poste vaccination : L'achat de doses de vaccin et l'approvisionnement sur le terrain ont été pris en compte (Leforban, 2002). Puis, ces coûts ont été ajoutés aux coûts de la visite et de l'acte vétérinaire de vaccination.
- Levée des mesures : Les coûts de ce poste correspondaient aux prélèvements et dépistages des animaux pour lever les zones de séquestration et recouvrir le statut indemne.

2.1.3.2 Coût pour le secteur de l'élevage

En raison de la mise en place du périmètre interdit et de la restriction de circulation des animaux et produits animaux, les éleveurs doivent faire face à des frais supplémentaires d'entretien pour les animaux qui n'ont pas pu sortir de l'élevage (alimentation, frais vétérinaires...) et à une perte de commercialisation de leurs produits, notamment le lait. Par ailleurs, les conséquences sur la production et la productivité des animaux (production laitière, fertilité...) ont été négligées en raison du caractère épizootique de la maladie et de la stratégie réglementaire d'abattage des animaux infectés.

Pour le secteur de l'élevage deux postes économiques ont été pris en compte (Tableau XIX) (Rivière, 2011):

- Coûts d'entretien journalier : Le coût unitaire d'entretien journalier supplémentaire pour des animaux séquestrés a été estimé à partir de l'étude de Cassagne (2002) et par des experts de la filière porcine dont Roxane Rossel (AREPSA-INPAQ, communication personnelle). Pour chaque élevage séquestré, le nombre d'animaux bloqués quotidiennement par les mesures réglementaires (animaux qui auraient dû sortir de l'élevage) a été calculé pour toute la durée de séquestration selon les données de mouvements disponibles (bovins et porcs). Ces données n'étant pas prises en compte pour les petits ruminants, ces coûts n'ont été évalués que pour les filières bovine et porcine.
- Pertes de commercialisation du lait : On a supposé que le lait n'était pas collecté dans les élevages séquestrés du périmètre interdit et dans les élevages séquestrés identifiés à risque. Seuls les coûts de la production laitière bovine ont été pris en compte.

Une vache produit en moyenne 6 300 litres de lait par an et le prix d'achat du lait à l'éleveur est de l'ordre de 300 euros les 1000l (CNIEL, FranceAgriMer).

Les pertes de commercialisation du lait ont été évaluées suivant le nombre de vaches laitières séquestrées-jours.

Tableau XIX : Estimations des coûts moyens pour les postes économiques attribués au secteur de l'élevage (bovin et porcin) lors d'une épizootie de FA en France

Description		Estimation
Coûts d'entretien journalier	Coût unitaire d'entretien supplémentaire pour des animaux séquestrés (animaux qui auraient dû sortir) par jour de séquestration	- bovins : 1,52€/bv/jour de blocage - porcins : 0,65€/pc/jour de blocage
Pertes de commercialisation du lait	Pertes moyennes par jour pour la non collecte de lait dans les élevages séquestrés	5€/vache laitière/jour de blocage

Les coûts totaux induits par les mesures de gestion d'épizooties de FA pour le secteur de l'élevage concernaient donc seulement les filières bovine et porcine.

2.1.3.3 Coût pour les abattoirs

Les industries agro-alimentaires telles que les abattoirs doivent faire face à une perte d'approvisionnement lors de la période de restriction des mouvements. De plus, si un abattoir se trouve dans le périmètre interdit, il est fermé jusqu'à la levée des mesures réglementaires (pas de

prise en compte de dérogations). Ces pertes d'exploitation pour les abattoirs (valorisation et bénéfices sur les carcasses achetées) ont été estimées par le calcul de la contribution à la marge de l'abattoir par animal, soit près de 20% de la valeur carcasse d'un animal (Tableau XX).

Ces pertes d'approvisionnement ont été calculées suivant le nombre d'animaux qui auraient dû sortir des élevages séquestrés à destination directe ou indirecte vers un abattoir au cours de la période de séquestration. Ce calcul a été effectué par filière animale, pour les bovins et les porcins (Rivière, 2011).

Tableau XX : Estimations des coûts moyens pour les postes économiques attribués pour les abattoirs lors d'une épizootie de FA en France

Poste	Description	Evaluation
Perte de marge pour les abattoirs	Coût unitaire, par animal séquestré qui aurait dû être envoyé à l'abattoir pendant la période de séquestration	Perte de marge pour : - abattoirs bovins : 220 €/ bovin - abattoirs porcins : 25 €/porc

2.2 CONSTRUCTION DU MODELE DE DIFFUSION

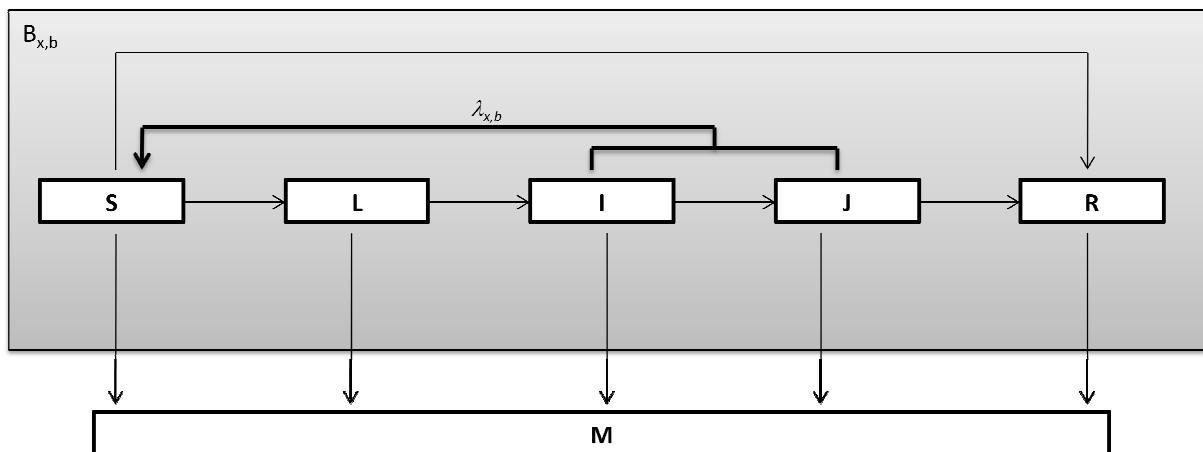
2.2.1 Description du modèle

L'étude a été fondée sur un modèle stochastique individu-centré en temps discret (le pas de temps étant la journée). L'unité épidémiologique était l'élevage composé de lots d'animaux représentant les différentes espèces sensibles que peuvent héberger un élevage : bovins, petits ruminants et porcs (noté bv, pr et pc). La structure du modèle est schématisée dans les Figure 23 et Figure 24 suivantes.

Figure 23 : Schéma de diffusion intra-lot

Le rectangle gris représente un lot mono-spécifiques dans un élevage.

Flèches fines = transition, flèche en gras = force de d'infection intra-lot.



Le modèle prend en compte la transmission intra-élevage du virus, que ce soit au sein d'un lot d'animaux d'une même espèce, entre des lots d'espèces différentes (un élevage étant considéré comme composé de lots mono spécifiques), ou à partir de l'environnement infectieux.

La maladie a été représentée en associant un état de santé à chaque animal d'un lot. Six états de santé ont été choisis de la façon suivante (Figure 23):

- Sensible ou sain (S) : L'animal n'est pas infecté et n'a jamais été en contact avec le virus,
- En latence (E) : L'animal a été contaminé mais ne présente pas de signes cliniques et n'excrète pas de virus,
- En excrétion sub-clinique (I) : L'animal est infectieux mais ne présente pas de signes cliniques,
- En phase clinique (J) : L'animal est infectieux et présente des signes cliniques,
- Immun/guéri (R) : L'animal est immun et possède une protection immunitaire naturelle ou induite par la vaccination. Bien que les animaux immuns puissent rester porteurs du virus, la fréquence de ce phénomène est considérée comme suffisamment faible pour qu'un animal dans l'état R ne soit plus considéré comme susceptible de transmettre l'infection. Par ailleurs, un animal dans l'état R ne peut pas être contaminé à nouveau.
- Abattu (M) : l'animal a été abattu suite à la détection de la maladie

A chaque pas de temps, la taille de chaque lot d'une espèce donnée b pour un élevage x est notée : $S_{x,b}$, $L_{x,i}$, $I_{x,b}$, $J_{x,b}$, $R_{x,b}$. De la même façon, le nombre d'animaux d'une espèce b d'un élevage x est noté $N_{x,b}$. La durée des différents états de santé (T_L , T_I , T_J) suit une distribution propre à chaque espèce.

2.2.1.1 Dynamique d'infection dans un élevage

Au sein de l'élevage x , les animaux d'une espèce donnée b sont exposés à trois types de forces d'infection (Figure 24) :

- Une force d'infection intra-lot noté $\lambda_{x,b}$,
- Des forces d'infection inter-lots provenant des autres espèces présentes dans l'élevage,
- Une force d'infection issue de l'environnement.

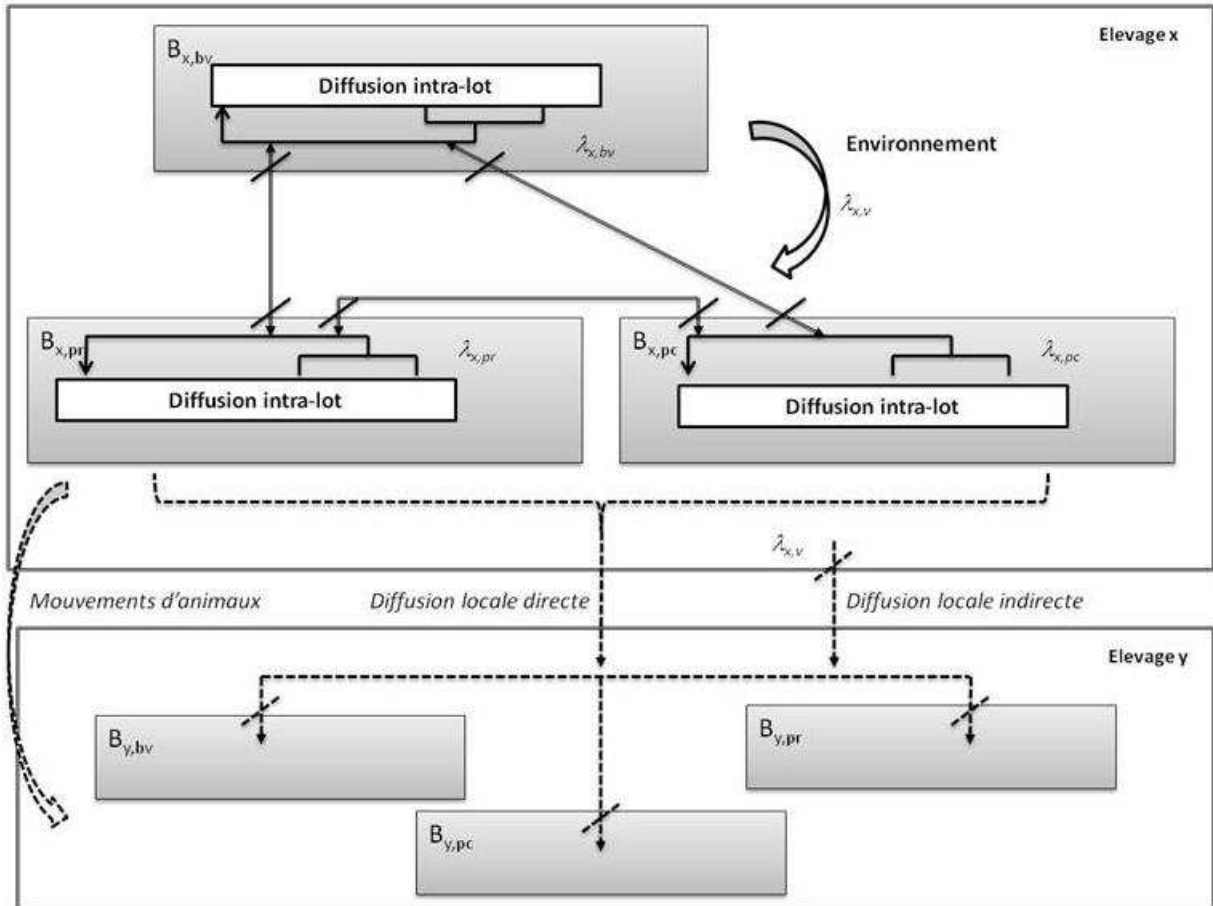
Les forces d'infection externes à un lot sont supposées atténuées par les pratiques propres à l'élevage de chaque espèce et notamment par des mesures de biosécurité. Ces paramètres spécifiques de chaque espèce b sont notés γ_b ($0 < \gamma_b < 1$).

La force d'infection entre le lot de l'espèce $b1$ vers l'espèce $b2$ est ensuite modélisée par une force d'infection intra-lot ($\lambda_{x,b1}$) diminuée sous l'action des deux facteurs de biosécurité (γ_{b1} et γ_{b2}).

De la même façon, la force d'infection environnementale appliquée vers le lot de l'espèce b résulte d'une fraction de la force d'infection de l'ensemble de l'élevage x noté $\lambda_{x,v}$ diminuée par les paramètres de biosécurité de l'espèce b (γ_b).

Figure 24 : Schéma du modèle de diffusion

Les rectangles gris représentent les lots mono spécifiques dans les élevages, les barres obliques les barrières de biosécurité. Flèches en trait continu = diffusion intra-élevage et flèches en pointillé = diffusion inter-élevage.



La probabilité d'infection résultante pour un animal donné d'une espèce b dans un élevage x à un pas de temps donné ($P_{x,b}^{wth}$) s'écrit alors de la façon suivante pour par exemple un animal de l'espèce bovine ($b = bv$) (la même équation pouvant s'écrire pour un petit ruminant ou pour un porc) :

$$P_{x,bv}^{wth} = 1 - e^{-\lambda_{x,bv} - (1-\gamma_{bv})[(1-\gamma_{pr})\lambda_{x,pr} + (1-\gamma_{pc})\lambda_{x,pc} + \lambda_{x,v}]}, \text{ où :}$$

- La force d'infection intra-lot est : $\lambda_{x,b} = \beta_b \frac{I_{x,b} + J_{x,b}}{N_{x,b}}$,

où β_b correspond au paramètre de transmission spécifique d'une espèce donnée.

- La force d'infection issue de l'environnement est : $\lambda_{x,v} = 1_{x,v}\beta_v$,
où β_v correspond au paramètre de transmission relatif à l'environnement de l'élevage,
 $1_{x,v} = 1$ si l'environnement de cette élevage est infectieux et 0 sinon.

L'environnement reste infectieux tant qu'un animal au moins est dans l'état de santé *I* ou *J*. Une fois que les animaux ne sont plus dans ces états de santé, l'environnement reste infectieux pendant un temps donné noté V_x .

Ainsi, la **transmission entre animaux d'un même lot**, au sein d'un même élevage, dépendait de la réceptivité et de la sensibilité de l'espèce, ainsi que de la proportion d'animaux déjà infectés.

Des facteurs **de biosécurité** spécifiques d'espèce limitaient la transmission d'un lot à un autre.

Enfin, l'**environnement** de l'élevage a été considéré comme infectieux pendant une durée fixe (tirée au sort pour chaque établissement), dès que l'établissement a hébergé des animaux dans un état infectieux.

2.2.1.2 Diffusion de l'infection entre élevages

Trois modes de diffusion entre élevages ont été pris en compte (Figure 24): la diffusion à distance par le commerce des animaux vivants, la diffusion locale par contacts directs entre élevages (contacts sur pâtures par exemple) et la diffusion locale correspondant à une transmission indirecte via des véhicules et matériel contaminés ou individus porteurs du virus (contacts par vecteur passif).

- Lors d'un **transfert d'un animal** d'un élevage à un autre, son état de santé est tiré au sort. La transmission à l'intérieur du camion n'a pas été prise en compte.

- La transmission locale directe et indirecte a été basée sur deux réseaux de contacts distincts, noté respectivement *D* et *I* :

- Les **contacts directs** formaient un réseau non orienté; les contacts ont été considérés comme allant dans les deux sens, le virus pouvait donc se transmettre d'un établissement *x* à *y* et inversement.
- Au contraire, les **contacts indirects** formaient un réseau orienté ; le virus était transporté par du matériel ou support contaminé d'un établissement vers un autre.

La probabilité d'infection via ces deux voies pour un animal d'espèce b d'un élevage x à un temps donnée ($P_{x,b}^{btw}$) s'écrivait alors ainsi, pour un animal de l'espèce bovine ($b = bv$) (la même équation pouvant s'écrire pour un petit ruminant ou pour un porc) :

$$P_{x,bv}^{btw} = 1 - e^{-(1-\gamma_{bv})[\sum_{y \in D_x} \varphi_y + \sum_{y \in I_x} \psi_y]}, \text{ où:}$$

- D_x représentait l'ensemble des voisins de l'élevage x (réseau D) avec lequel il pouvait avoir des contacts directs et φ_y était la force d'infection exercée sur l'établissement x par un de ses voisins y . Cette force correspondait à la somme des forces d'infection inter-lot et de l'environnement de l'établissement y :

$$\varphi_y = \lambda_{y,v} + \sum_b (1 - \gamma_b) \lambda_{y,b}$$

- I_x représentait l'ensemble des voisins de l'élevage x (réseau I) avec lequel il pouvait avoir des contacts indirects et ψ_y était la force d'infection exercée sur l'établissement x par un de ses voisins y . Cette force a été modélisée par une fraction de la force d'infection de l'environnement de l'établissement y atténuée par le passage de barrière de biosécurité de l'élevage (γ_v):

$$\psi_y = (1 - \gamma_v) \lambda_{y,v}.$$

La transmission inter-élevage peut se faire par **contagion locale** (directe ou indirecte) ou à **distance** (par mouvements des animaux).

Les **contacts à distance** ont été définis par les mouvements d'animaux, c'est-à-dire par leur transfert d'un établissement à un autre.

La **transmission locale directe** a été considérée comme issue des contacts entre animaux d'élevages différents, voisins représentés par un réseau de contact non orienté.

La **transmission locale indirecte** correspondait au transport du virus d'un élevage infecté à un élevage indemne par des personnes, des objets (véhicule de transport, matériel...) ou par des animaux des espèces non sensibles. Elle a été modélisée par le transfert de matériel infectieux de l'environnement vers des exploitations voisines représentées par un réseau de contacts orienté.

2.2.1.3 Surveillance et détection de la maladie

L'éleveur et le vétérinaire, les acteurs de la surveillance de la maladie détectent la maladie suivant les signes cliniques exprimés.

Les événements qui contribuent à donner l'alerte sont schématisés ainsi :

- L'éleveur observe des signes cliniques et décide d'appeler son vétérinaire
- Le vétérinaire reconnaît la FA et alerte les autorités
- Le cas suspect est confirmé par des analyses de laboratoire

Le diagnostic de laboratoire a été considéré comme parfait (sensibilité et spécificité égales à 1). Un délai de confirmation a été alloué pour la première suspicion. On a ensuite considéré que le signalement de cas cliniques suffisait pour confirmer un cas une fois l'épizootie déclarée.

Les probabilités d'occurrence des deux premiers événements ont été considérés comme spécifiques de chaque acteur (éleveur ou vétérinaire) et notamment de leur niveau de vigilance, noté W . Pour un acteur donné x , à un temps donné, la probabilité d'appeler son vétérinaire (pour un éleveur) ou de déclarer un cas suspect de FA (pour un vétérinaire) a été définie ainsi :

$$Q_x = 1 - e^{-W_x}$$

La vigilance ('*awareness*') d'un acteur a été représentée par une variable dynamique qui s'accroît quotidiennement selon le nombre d'observations de cas suspects faites pendant leur journée.

On a considéré qu'un éleveur était plutôt sensible au nombre de nouveaux cas observés par jour ; augmentation de sa vigilance selon l'incidence journalière. Le vétérinaire était, lui, plus influencé par le nombre de cas suspects totaux rencontrés ; augmentation de sa vigilance selon la prévalence journalière. Dans les deux cas, l'augmentation de leur vigilance dépendait des espèces observées et était potentialisée une fois l'épizootie déclarée. On a également considéré que la spécificité de la détection était parfaite (égale à 1) ; les faux positifs n'ont pas été pris en compte.

L'augmentation de la vigilance de l'acteur x en une journée a été modélisée comme suit :

• **Pour les éleveurs** : $\Delta W_x = \sum_{b \in B} [1_d \alpha_b^* + (1 - 1_d) \alpha_b] \Delta J_{x,b}$, où

$\Delta J_{x,b}$ est l'incidence journalière d'animaux en phase clinique ;

α_b et α_b^* représentaient les taux d'accroissement de leur vigilance induite par l'observation de nouveaux cas cliniques dans une espèce b donnée avant (α_b) et après (α_b^*) déclaration de l'épizootie;

et B représentait l'ensemble des espèces présentes dans l'exploitation ;

$1_d = 1$ si l'épizootie était déjà déclarée sinon $1_d = 0$.

• **Pour les vétérinaires** : $\Delta W_x = \sum_{b \in B} [1_d A_b^* + (1 - 1_d) A_b] \sum_{y \in V_x} J_{y,b}$, où

V_x représentait l'ensemble des exploitations visitées par le vétérinaire x dans une journée.

A_b et A_b^* correspondaient aux taux d'accroissement de la vigilance induite par l'observation de cas cliniques dans une espèce donnée b .

De la même façon, A_b représentait le taux avant déclaration de l'épizootie et A_b^* le taux pour le reste de l'épizootie.

Deux catégories d'acteurs ont été impliquées dans la surveillance animale, à savoir les **éleveurs** et les **vétérinaires**. La probabilité de détection clinique évoluait dans le temps en fonction du nombre de nouveaux cas dans l'élevage pour l'éleveur et du nombre total de cas vus par les vétérinaires lors des visites d'élevages. De plus, cette **vigilance** augmentait de façon significative une fois l'épizootie déclarée.

2.2.1.4 Mesures de contrôle

Les mesures réglementaires de contrôle ont été mises en place pour les foyers, les élevages voisins du périmètre interdit et les élevages identifiés à risque par l'enquête épidémiologique.

▪ Stratégie de lutte par défaut

Une fois un cas confirmé, les mesures d'abattage et de nettoyage-désinfection ont été implémentées dans les élevages infectés ; les animaux de ces élevages passaient dans l'état de santé M et l'environnement n'était plus infectieux ($1_{x,v}$ bascule sur 0).

Les élevages voisins des foyers (dans les 10km autour des élevages infectés) étaient séquestrés. La maîtrise de restriction de mouvements d'animaux a été modélisée par un paramètre d'efficacité δ_M . (probabilité qu'un mouvement d'animaux prévu n'ait pas lieu). L'implémentation des mesures de séquestration sur les contacts locaux a été modélisée par le retrait aléatoire de liens dans les réseaux de contacts directs et indirects selon des paramètres d'efficacité respectivement notés δ_D et δ_I .

L'enquête épidémiologique dans les foyers est réalisée suivant les différents réseaux de contacts : les mouvements (amont/aval), les contacts locaux directs et indirects (réseaux D et I). Des paramètres d'efficacité ont été associés à ces réseaux, représentant des probabilités d'identification des élevages à risque : θ_M pour la traçabilité des mouvements, et θ_D et θ_I pour l'identification des liens dans les réseaux D et I . Ces élevages identifiés à risque étaient séquestrés et visités par un vétérinaire.

▪ Stratégies alternatives

En supplément de ces mesures, les mesures alternatives d'abattage préventif et de vaccination préventive en anneau ont été envisagées :

- **Abattage préventif** des élevages voisins et des élevages identifiés à risque par l'enquête épidémiologique suite à un contact local direct ou indirect : Tous les animaux de ces élevages passaient alors dans l'état de santé M.
- **Vaccination** dans le périmètre interdit : Seuls les animaux dans l'état S passaient dans l'état R (immuns). Un délai de transition fixé entre les deux états correspondait au délai pour induire une protection immunitaire après l'acte de vaccination. Cette mesure n'était applicable qu'après un délai donné correspondant au délai de production et de distribution sur le terrain des vaccins.

Pour appliquer l'ensemble de ces mesures de lutte, un niveau de ressource a été défini en termes de nombre maximum d'élevages abattus ou soumis à une enquête épidémiologique par département et par jour et, pour les vétérinaires un nombre maximal de visites d'élevage ou de vaccinations par jour. Si ces ressources étaient insuffisantes par rapport aux besoins, les mesures étaient reportées le jour suivant.

Le modèle peut simuler **plusieurs mesures de contrôle** en s'appuyant sur les **résultats de l'enquête épidémiologique**. Par ailleurs, l'efficacité des mesures de restriction de mouvements et de séquestration et les **ressources** pour la mise en place de mesures de lutte ont été prises en compte.

L'ensemble des paramètres est récapitulé dans le Tableau XXI.

Tableau XXI : Variables et hypothèses utilisées pour paramétrer le modèle de diffusion de FA.

Notation	Description des paramètres	Valeurs	Source
Etats d'infection			
		Loi de Poisson	(Mardones <i>et al.</i> , 2010)
$T_{L,b}$	Durée de la maladie dans le stade latent (L)	$\lambda_{T_{L,bv}}=3,59, \lambda_{T_{L,pr}}=4,79, \lambda_{T_{L,pc}}=3,07$	
$T_{I,b}$	Durée de la maladie dans le stade infectieux (I)	$\lambda_{T_{I,bv}}=2,04, \lambda_{T_{I,pr}}=2,16, \lambda_{T_{I,pc}}=2,27$	
$T_{J,b}$	Durée de la maladie dans le stade infectieux clinique (J)	$\lambda_{T_{J,bv}}=2,35, \lambda_{T_{J,pr}}=1,16, \lambda_{T_{J,pc}}=3,42$	
	Temps de transition de l'état S à R (pour une protection conférée par la vaccination)	7 jours	rapport AFSSA, 2009 ¹³
Transmission intra-élevage			
β_{bv} (lent/rapide)*	Paramètres de transmission intra-lot: Bovins	6/25	Opinion d'expert
β_{pr} (lent/rapide)*	Petits ruminants	2/8	Opinion d'expert
β_{pc} (lent/rapide)*	Porcins	10/15	Opinion d'expert
β_v (lent/rapide)*	Paramètre de transmission environnementale	0,01/0,004	
γ_{bv}	Paramètres de biosécurité : Bovins	0,75	(Thornley and France, 2009)
γ_{pr}	Petits ruminants	0,75	
γ_{pc}	Porcins	0,95	(Eble <i>et al.</i> , 2006)
γ_v	Elevage	0,95	
V_{max}	Durée de l'infectiosité de l'environnement (jours)	Loi de Poisson ($\lambda=15$)	(Bartley <i>et al.</i> , 2002) (McCull <i>et al.</i> , 1995)
Transmission inter-élevages			
-	Contact direct : kernel exponentiel	0,002	(Dommergues <i>et al.</i> , 2011)
-	Contacts indirects : nombre de contacts journaliers	Loi de Poisson ($\lambda=7$)	(Nielen <i>et al.</i> , 1996) (Ward <i>et al.</i> , 2009)
Mesures de contrôle			
θ_{M}	Efficacité de la traçabilité des mouvements	1	(Sanson <i>et al.</i> , 2006b)
θ_D	Efficacité de la traçabilité des contacts directs	0,95	(Ward <i>et al.</i> , 2009)
θ_I	Efficacité de la traçabilité des contacts indirects	0,50	
δ_{M}	Probabilité de succès des restrictions de mouvements	0,99	(Sanson <i>et al.</i> , 2006b)
δ_D	Probabilité de succès des restrictions des contacts directs entre élevages	0,95	(Ward <i>et al.</i> , 2009)
δ_I	Probabilité de succès des restrictions des contacts indirects entre élevages	0,90	

*Vitesse de diffusion (lent/rapide), propriété de la souche virale

¹³ Rapport « fièvre aphteuse », septembre 2009, AFSSA

2.2.2 Paramétrage du modèle

Les valeurs attribuées aux paramètres sont récapitulées dans les Tableau XXI, Tableau XXII et Tableau XXIII. Elles sont issues de la littérature ou de recueils d'avis d'experts. Plus spécifiquement, pour l'attribution des paramètres de transmission et de détection, une enquête selon la méthode DELPHI a été faite auprès d'experts composés d'épidémiologistes, de virologistes et de vétérinaires officiels ou de terrain spécialistes de la fièvre aphteuse et/ou en pratique de surveillance dans les élevages. Les participants ont été interrogés individuellement à deux reprises par consultation électronique : une première fois pour fournir des estimations et une deuxième fois pour réviser leurs estimations au vu des résultats (anonymes) des autres participants (Annexe 2).

2.2.2.1 Transmission au sein des élevages et entre les élevages

Pour chaque espèce considérée, les participants devaient proposer une estimation en réponse à : « *Combien de ses congénères, un animal infectieux contamine t'il en moyenne, dans une journée, dans un élevage 'moyen'?* ». Des mesures classiques d'élevage et les caractéristiques spécifiques des espèces en termes d'excrétion et de réceptivité devaient être prises en compte.

Les estimations demandées ont permis d'estimer β , le paramètre de transmission très dépendant de la souche virale, en tenant compte de la sensibilité et réceptivité des individus. Les participants devaient fixer leurs estimations dans une fourchette qui a été interprété comme des niveaux de virulence de la souche virale. La virulence désigne le caractère pathogène mais correspond également au degré de rapidité de multiplication d'un virus dans un organisme donné, donc à sa vitesse d'envahissement (sans forcément présumer de la gravité de la maladie) (Anderson and May, 1979).

Pour la suite de l'étude, la médiane des réponses (minimum et maximum) a été utilisée pour déterminer deux paramètres de transmission intra-espèce (*i.e.* intra-lot) β_{bv} , β_{pr} et β_{pc} , qui ont été assimilés à deux niveaux de **vitesse de diffusion de la maladie** : lent/rapide (Tableau XXI).

La survie du virus dans l'environnement extérieur a été estimée à en moyenne 15 jours (McColl *et al.*, 1995; Bartley *et al.*, 2002). La force d'infection exercée par l'environnement n'a pas été quantifiée dans la littérature et a donc dû être estimée. Nous avons considéré que cette force était au minimum égale à un log en dessous de la force d'infection exercée par un bovin dans un élevage « moyen » (n=60):

$$\beta_v = 0,1 \times \frac{\beta_{bv}}{60}$$

Il a été démontré expérimentalement que les séparations entre deux cases dans un élevage de porcs limitaient la transmission de la maladie d'une case à l'autre (Eble *et al.*, 2006; van Roermund *et al.*, 2010a), conclusion identique entre deux box pour les veaux (Bouma *et al.*, 2004). Le paramètre de biosécurité relatif à l'élevage de porc (γ_{pc}) a été estimé en faisant le rapport des paramètres de transmission, intra-case et inter-case définis par Eble *et al.*, (2006). De la même façon, le ratio des paramètres intra-troupeau et inter-troupeau définis par Thornley et France a été utilisé pour estimer le facteur de biosécurité propre à un atelier de bovins (γ_{bv}) (Thornley and France, 2009). Cette même valeur de biosécurité a été attribuée pour les ateliers de petits ruminants (γ_{pr}) et pour les ateliers de porcs plein air. Finalement, de façon arbitraire, car non renseignée dans la littérature, la valeur de biosécurité relative à l'élevage γ_v a été estimée à 0,95 ; la fraction résultante de la force d'infection de l'environnement sortant d'un élevage lors de contacts indirects est alors de 5%.

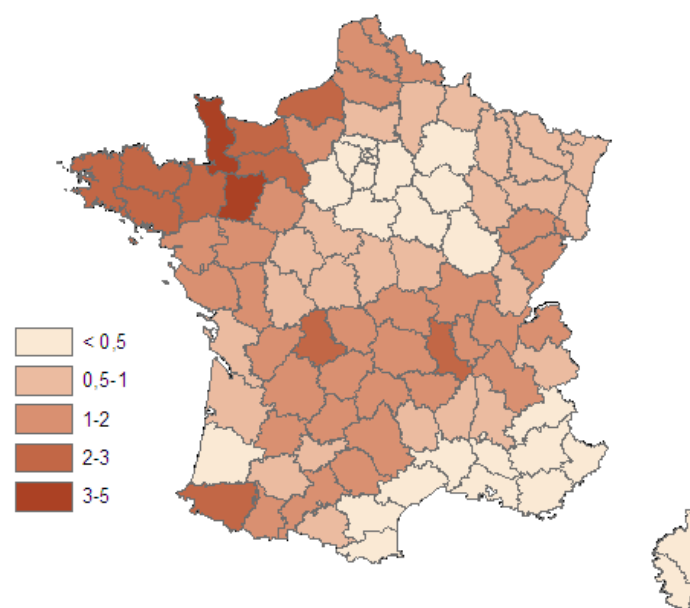
Les réseaux de contact locaux (D et I) ont été supposés fixes et tirés au sort au début de la série de simulations. Le réseau de contacts directs D est généré de façon à ce que la probabilité de contact décroisse avec la distance. Pour cela, un kernel exponentiel de paramètre $q=0,002$ (distance en mètres) a été utilisé (Keeling and Rohani, 2007) :

$$f(d) = e^{-qd}$$

Ainsi, le nombre moyen de voisins obtenu variait de 0,004 à 4,34 d'un département à un autre (Figure 25).

Figure 25 : Réseau de contacts directs entre exploitations

Répartition du nombre moyen de contacts directs par département.



Ces hypothèses sont confortées par l'étude menée par Dommergues *et al.* (2011) en Bourgogne, région où les élevages sont très morcelés avec de nombreuses pâtures ; en moyenne, un élevage avait de 0 à 15 voisins directs (médiane à 6).

Le réseau de contacts indirects I correspondait à tout individu qui entrait dans une exploitation. Cela incluait toutes personnes en rapport avec l'élevage dont d'autres éleveurs (pour de l'aide ou de l'échange de matériel), des techniciens, des négociants, le vétérinaire et les véhicules de livraison d'aliments ou d'enlèvement de cadavres,.....

Au Texas, le nombre de ces contacts a été estimé de 3 à 10 pour les ateliers bovins, environ de 5 pour les troupeaux de petits ruminants et de 10 pour les ateliers porcins (Ward *et al.*, 2009). Aux Pays-Bas, une valeur médiane de 5,7 contacts indirects est estimée pour un réseau de contact d'un rayon de 6 km (Nielen *et al.*, 1996).

Par conséquent, une valeur moyenne de 7 élevages voisins a été fixée pour ce réseau, valeur correspondant à un paramètre moyen d'une loi de distribution de Poisson. On a supposé que ces contacts n'étaient pas liés à la distance et ont donc été choisis aléatoirement dans un rayon de 20 km autour du troupeau, la probabilité de tirage étant uniforme en fonction de la distance.

2.2.2.2 Surveillance et détection

Comme pour les paramètres de transmission, l'estimation des probabilités de détection et d'alerte a été faite par recueil d'avis d'experts selon la méthode DELPHI (Annexe 2). Chaque expert devait déterminer la probabilité que l'éleveur détecte une anomalie dans son troupeau et appelle son vétérinaire et la probabilité que le vétérinaire reconnaisse la maladie et donne l'alerte. L'estimation devait être faite en tenant compte des caractéristiques intrinsèques de chaque espèce vis-à-vis de la FA mais aussi des spécificités d'élevages propres aux espèces, selon un nombre d'animaux en phase clinique présents dans des élevages « moyens ».

Pour chaque espèce, trois probabilités ont été demandées, ce, avant et après la déclaration de l'épizootie sur le territoire, correspondant à trois scénarios de niveau général de vigilance : bas, vraisemblable et élevé.

Les valeurs médianes des estimations ont été retenues et des taux d'accroissement de vigilance α et A ont été déduits selon la formule précédemment décrite : $Q_x = 1 - e^{-W_x}$ où la vigilance W est fonction des taux α et A et du nombre d'animaux vus par les différents acteurs (Tableau XXII).

Tableau XXII : Taux d'accroissement de vigilance ('awareness') pour les éleveurs et vétérinaires

« Vigilance » = taux d'accroissement de vigilance, déterminés selon trois niveaux : bas, vraisemblable (vrais.) et élevé

Espèce	« Vigilance » éleveur (α_b) (bas/vrais./élevé)	« Vigilance » vétérinaire (A_b) (bas/vrais./élevé)	« Vigilance » éleveur (α_b^*) (bas/vrais./élevé)	« Vigilance » vétérinaire (A_b^*) (bas/vrais./élevé)
	Pendant la phase silencieuse		Pendant l'épizootie	
Bovins	0,071/0,140/0,611	0,140/0,281/0,780	0,267/0,483/1,496	0,591/1,496/7,368
Porcins	0,023/0,051/0,131	0,075/0,160/0,695	0,098/0,284/0,960	0,446/0,915/3,627
Petits ruminants	0,004/0,015/0,037	0,026/0,075/0,158	0,058/0,160/0,334	0,295/0,637/1,381

Les experts ont estimé que la détection de la maladie était plus facile ou évidente dans un élevage de bovins que dans un troupeau de porcs ou de petits ruminants, que la maladie soit déjà présente ou non sur le territoire.

2.2.2.3 Mesures de contrôle

Le paramétrage des mesures de contrôle est présenté dans les Tableau XXI et Tableau XXIII.

■ Stratégie de lutte par défaut

La stratégie de référence était l'abattage seul des foyers et la surveillance des élevages voisins et identifiés à risque (stratégie noté SS, Tableau XXIV).

24h après confirmation de l'infection, les mesures d'abattage étaient mises en place suivies dans les 24 h suivantes d'un nettoyage désinfection.

Le jour de la confirmation du foyer, les mesures de restriction de mouvements et de surveillance dans la zone de 10 km étaient exécutées.

Le même jour, les enquêtes épidémiologiques étaient réalisées. Le traçage des mouvements consistait en la recherche des animaux entrés dans l'élevage infecté dans les 30 jours précédant la date présumée d'infection et la recherche des animaux sortis dans les 21 jours après cette date (AM du 22 mai 2006¹⁴ et NS du 10mars 2003¹⁵). Cette enquête a été considérée comme parfaite ($\theta_M=1$) car les mouvements sont habituellement notifiés. Par contre, l'efficacité de l'identification des contacts directs et indirects lors de l'enquête épidémiologique a été estimée respectivement à $\theta_D=0.95$ et $\theta_I=0.50$ (Sanson *et al.*, 2006b; Ward *et al.*, 2009).

¹⁴ Arrêté ministériel du 22 mai 2006 fixant des mesures techniques et administratives à la lutte contre la FA.

¹⁵ Note de service du ministère de l'Agriculture, DGAL/SDSPS/SDSSA/N2002-8050 du 10 mars 2003 portant sur le plan d'urgence contre la fièvre aphteuse.

Ces élevages identifiés par l'enquête épidémiologique étaient le jour même séquestrés et ciblés pour une surveillance et visite vétérinaire. Ils ont été ensuite maintenus séquestrés 14 jours pour les ateliers de bovins et de porcs et 21 jours si des petits ruminants étaient présents (AM du 22 mai 2006¹⁶, NS du 10 mars 2003¹⁷).

La maîtrise des mesures a été supposée presque totale pour la restriction de mouvements ($\delta_M=0.99$). Mais cette maîtrise apparaît plus difficile pour les restrictions d'échanges entre les contacts directs $\delta_D=0.95$ et plus spécifiquement pour les contacts indirects $\delta_I=0.90$ (Sanson *et al.*, 2006b; Ward *et al.*, 2009).

Tableau XXIII : Mesures recommandées ou réglementaires utilisées et ressources attribuées pour le paramétrage des mesures de lutte du modèle de diffusion FA

(AM du 22 mai 2006, NS du 10 mars 2003, rapport AFSSA, 2009¹⁸)

Mesures recommandées ou réglementaires	
Délai de confirmation après suspicion	24 heures
Rayon du périmètre interdit (zone de surveillance)	10 km
Délai d'abattage après confirmation d'un cas	24 heures
Délai de mise en place du nettoyage-désinfection après abattage du foyer	24 heures
Mise en place des mesures de séquestration dans la zone de surveillance	Dès confirmation
Durée de maintien de la zone de surveillance	30 jours
Réalisation de l'enquête épidémiologique	Dès confirmation
Par rapport à la date présumée d'infection :	
- Période requise pour la réalisation de l'enquête amont	30 jours avant
- Période requise pour la réalisation l'enquête aval	21 jours suivant
Durée de la quarantaine pour les élevages identifiés par l'enquête épidémiologique suite à une visite vétérinaire favorable :	
- ateliers de bovins et porcs	14 jours
- ateliers de petits ruminants	21 jours
Délai de mise en place de la vaccination	6 jours
Ressources attribuées	
Nombre d'élevages maximum abattus par jour et par département	3
Nombre d'élevages maximum désinfectés par jour et par département	3
Nombre d'enquêtes épidémiologiques maximum réalisées par jour et par département	5
Nombre maximal de visites ciblées réalisées par jour et par vétérinaire (hors suspicion)	5
Nombre maximal de vaccinations réalisées par jour et par vétérinaire	1000

¹⁶ Arrêté ministériel du 22 mai 2006 fixant des mesures techniques et administratives à la lutte contre la FA.

¹⁷ Note de service du ministère de l'Agriculture, DGAL/SDSPS/SDSSA/N2002-8050 du 10 mars 2003 portant sur le plan d'urgence contre la fièvre aphteuse.

¹⁸ Rapport « fièvre aphteuse », septembre 2009, AFSSA

▪ Stratégies alternatives

L'**abattage préventif** a été réalisé sur les élevages voisins dans un rayon de 1 km autour des foyers et pour les élevages contacts (directs et indirects) identifiés par l'enquête épidémiologique.

La **vaccination** a été réalisée dans la zone de 10km autour des foyers de manière centrifuge et ne débutait que 6 jours après la confirmation du 1^{er} foyer (rapport AFSSA, 2009¹⁹).

Six stratégies différentes ont été envisagées suite à la sollicitation d'experts (membres du groupe FA/ANSES) ; la stratégie de référence et des stratégies utilisant des mesures d'abattage préventif et/ou de la vaccination (Tableau XXIV) :

- Trois où le devenir des animaux était le même quelle que soit l'espèce dont la stratégie de référence SS,
- et trois distinguant les mesures appliquées d'un côté, aux bovins et aux porcs reproducteurs et d'un autre, aux petits ruminants et aux porcs à l'engrais.

On entend par « porcs à l'engrais » tout porc sevré ; des porcelets de 8 kg aux porcs charcutiers. Les porcs reproducteurs représentaient principalement les truies. Les porcelets sous leur mère étaient concernés par les mesures d'abattage et de surveillance appliquées en même temps que les truies.

Cette dichotomie a été réalisée pour séparer les animaux à plus grandes valeurs marchandes (bovins et les porcs reproducteurs) des autres animaux (petits ruminants et autres porcins), implication non négligeable en termes d'indemnisation des animaux en cas d'abattage et destruction.

Tableau XXIV : Stratégies de lutte utilisées dans l'exploitation du modèle de diffusion de FA

Stratégies :		Mesures selon les espèces	
		Bovins et Porcs reproducteurs	Petits ruminants et Porcs à l'engrais
▪ Stratégie sanitaire seule toute espèce	SS	Surveillance	Surveillance
▪ Abattage préventif toute espèce	AA	Abattage	Abattage
▪ Vaccination préventive toute espèce	VV	Vaccination	Vaccination
▪ Abattage préventif sélectif	SA	Surveillance	Abattage
▪ Vaccination préventive sélective	VS	Vaccination	Surveillance
▪ Abattage + Vaccination sélectifs	VA	Vaccination	Abattage

¹⁹ Rapport « fièvre aphteuse », septembre 2009, AFSSA

Pour la réalisation de toutes ces mesures, des ressources ont été fixées (Tableau XXIII):

- Pour un département donné et par jour, des maximums de 3 abattages et 3 nettoyages-désinfections et de 5 enquêtes épidémiologiques ont semblé raisonnables en moyenne et matériellement possibles. L'abattage des foyers demeurerait prioritaire sur les abattages préventifs.
- Pour un vétérinaire, des maximums de 5 visites d'élevage et une vaccination de 1000 animaux par jour ont été fixés.

2.3 EXPLOITATION

Le modèle générait des simulations débutant dès l'introduction du virus.

L'hypothèse principale de l'étude reposait sur le fait que la variabilité des effets et résultats était principalement liée au lieu et à la date d'introduction du virus. Pour pouvoir étudier les effets des autres variables (paramètres de surveillance, stratégies de lutte,...), les simulations ont été exécutées par groupes d'épizooties selon un lieu et une date d'introduction donnés.

Pour tenir compte de ces corrélations entre simulations, les analyses multivariées menées ont été réalisées en utilisant la méthode GEE (*'generalized estimating equations'*) (Liang and Zeger, 1986). Quand les variables explicatives étaient quantitatives, elles ont été dans un premier temps réparties en 4 classes. Lorsque la relation linéaire avec la variable d'intérêt était visuellement vérifiée, la variable était conservée sous forme quantitative. Pour calculer l'effet de ces variables quantitatives, l'écart d'accroissement choisi correspondait à l'écart interquartile (1^{er} quartile - 3^e quartile).

Une analyse de sensibilité a été effectuée afin de déterminer dans quelle mesure les résultats d'intérêt observés variaient selon d'autres paramètres notamment ceux décrivant la souche virale ou les caractéristiques du lieu d'introduction.

Lors des simulations, la structure de la population (liste et espèces présentes) et des mouvements d'animaux (bovins et porcs) utilisés était directement issue de la base (MySQL) récréée formant le réseau d'élevage français actuel.

Une simulation d'une épizootie était considérée comme complète quand tous les animaux vivants étaient dans les états de santé S ou R et qu'aucun foyer n'avait été reporté au cours des 30 derniers jours après le dernier nettoyage/désinfection.

Les simulations ont été arrêtées dès que plus de 2 000 foyers étaient reportés ou que la durée de l'épizootie excédait 6 mois. Ces limites faisaient référence à l'épisode britannique de 2001, épizootie exceptionnelle gérée avec une même stratégie de contrôle pendant ces 6 mois. Ces épizooties ont été qualifiées de « **non-maîtrisées** » en opposition aux épizooties « **maîtrisées** ». La « maîtrise » des épizooties a ainsi pu être étudiée.

Certaines épizooties peuvent passer inaperçues et ne jamais être reportées. Elles ont été qualifiées de « **silencieuses** » par opposition aux épizooties « **déclarées** » et la « non-déclaration » de ces épizooties a fait également l'objet de l'étude.

Le programme de simulation a été écrit en R et les résultats ont été analysés sous R (Collectif, 2009).

Principales caractéristiques du modèle

- Modèle stochastique compartimenté centré sur l'élevage avec une diffusion intra-troupeau et inter-espèce, pas de temps journalier.
- Simulations basées sur des données réelles d'élevages et de mouvements, d'où ont été définies les 3 voies de diffusion : locale directe et indirecte par des réseaux de contacts proches et à distance via le réseau de mouvements d'animaux.
- Modèle prenant en compte :
 - o la phase de diffusion silencieuse du virus,
 - o la vigilance des acteurs de la surveillance,
 - o les résultats de l'enquête épidémiologique,
 - o la maîtrise et les ressources pour la mise en place de mesures de lutte,
 - o la spécificité des différentes espèces sensibles pour la diffusion, la détection et la mise en place des mesures de lutte.

2.3.1 Etude de l'organisation du réseau de surveillance passif

En complément de l'éleveur et de son vétérinaire participant à la surveillance, un troisième acteur a été introduit ici. Le vétérinaire pouvait en cas de doute faire appel à un vétérinaire référent. L'objectif était d'étudier l'impact de l'organisation de cette surveillance sur la diffusion de la maladie.

Trois types de réseaux de surveillance passive ont été comparés:

- Réseau composé de l'éleveur et de son vétérinaire noté « **vétérinaire** ».

C'est le système actuellement mis en place en France. L'éleveur surveille son troupeau et le vétérinaire suit une clientèle composée de plusieurs troupeaux avec différentes espèces.

- Réseau composé de l'éleveur seul noté « **éleveur** ».

L'éleveur suit son troupeau mais est capable de faire un diagnostic et de donner l'alerte en cas de suspicion de FA. L'éleveur joue ici les deux rôles (éleveur et vétérinaire) mais sa surveillance se limite à ses animaux. Cela se passe comme s'il y avait pour chaque élevage un vétérinaire différent et non plus, les vétérinaires actuels avec une plus large clientèle.

- Réseau composé du réseau « vétérinaire » (éleveur + vétérinaire) avec en plus, un référent sur lequel le vétérinaire peut s'appuyer pour préciser son diagnostic, réseau noté « **référent** ».

Ce référent pourrait être en pratique un autre vétérinaire du département comme cela a déjà été mis en place pour la surveillance de l'encéphalite spongiforme bovine pendant les années 2000 ou être un expert national comme celui du LNR. Dans tous les cas, cet expert est sollicité par différents vétérinaires de terrain et a donc un recul plus large sur la situation.

Par ailleurs, on a supposé que la structure du réseau de surveillance n'induisait pas de délai supplémentaire à la mise en place des mesures de contrôle. Quelle que soit la composition du réseau, l'alerte est donnée le même jour par l'éleveur, le vétérinaire ou le référent.

Ces trois réseaux étaient différents par leur composition; chaque acteur supplémentaire ajoutait un point de vue (population d'animaux soumise à la surveillance) plus large sur la situation sanitaire (éleveur<vétérinaire<référent).

L'étude portait avant tout sur cette différence de point de vue entre acteur et sur l'impact d'une telle structure hiérarchique sur la détection de la maladie.

La simulation commençait à l'introduction du virus et seule la stratégie de lutte d'abattage sanitaire des foyers (SS) a été appliquée.

Les quatre niveaux de maillage vétérinaire (D1, D2, D3 et D4) en Figure 22 représentaient en fait plusieurs niveaux de supervision ou surveillance des élevages pour un vétérinaire.

Dans chacun de ces niveaux, 150 lieux et dates d'introduction ont été choisis aléatoirement. Ainsi, sur l'ensemble du territoire, 600 simulations avec points d'introduction différents ont été réalisées.

Pour chacune de ces introductions, 18 épizooties ont été générées en combinant :

- un type de réseau de surveillance passive : « éleveur », « vétérinaire » ou « référent »
- une vitesse de diffusion : lente ou rapide
- un niveau de vigilance des acteurs : bas, vraisemblable ou élevé

Ainsi, un total de 10 800 simulations ont été conduites.

L'impact de chacun de ces scénarios sur les caractéristiques d'une épizootie a été étudié avec notamment :

- La proportion d'épizooties silencieuses,
- La durée médiane de la phase silencieuse et nombre médian d'établissements infectés pendant cette phase,
- La proportion d'épizooties non maîtrisées,
- La durée et nombre médians d'établissements infectés et d'établissements déclarés en tant que foyers pour l'ensemble de l'épizootie,
- L'extension géographique avec le nombre médian de départements concernés par l'épizootie.

Pour chacun de ces indicateurs, des statistiques nationales pondérées ont été calculées, le poids étant le nombre d'élevages présents dans chaque groupe de niveau de maillage vétérinaire (D1, D2, D3 et D4). Les résultats obtenus avec le réseau de surveillance « vétérinaire » ont été comparés avec les deux autres réseaux proposés par différents tests statistiques :

- Tests de Chi-Deux de McNemar pour séries appariées pour les proportions d'épizooties silencieuses et non-maîtrisées.
- Tests de Chi-Deux de Wilcoxon pour séries appariées pour les autres indicateurs.

Une analyse multivariée a également été menée pour analyser les effets respectifs de chaque réseau de surveillance mais aussi des lieux d'introduction selon le maillage vétérinaire, des niveaux de vigilance et des vitesses de diffusion.

Les variables « non-détection » ou de « non-maîtrise », variables binaires ont été analysées avec un modèle logistique, les autres variables avec un modèle de Poisson, selon la méthode GEE.

2.3.2 Comparaison de stratégies de lutte fixes

Il s'agissait ici de décrire des séries d'épizooties simulées sur le territoire français, de prendre en compte l'effet des mesures de lutte, et d'estimer les coûts induits.

L'objectif était d'aboutir à un classement des stratégies de lutte en fonction de la maîtrise des épizooties et de leur ampleur (nombre de foyers et durée) et des coûts d'épizooties moyennes, ainsi que de leurs variabilités. Cela devait permettre aux décideurs de comparer les stratégies de lutte à la fois pour leurs performances moyennes (coûts, maîtrise et ampleur de l'épizootie), mais également pour la variabilité de ces performances.

Six stratégies ont été étudiées (Tableau XXIV), la stratégie de référence (SS) et des stratégies avec abattage préventif et/ou vaccination en distinguant ou pas les mesures selon les espèces :

- **SS** : Stratégie sanitaire seule toute espèce,
- **AA** : Abattage préventif toute espèce, 1km autour des foyers,
- **VV** : Vaccination préventive toute espèce, 10 km autour des foyers,
- **SA** : Abattage préventif sélectif des petits ruminants et des porcs à l'engrais, 1km autour des foyers,
- **VS** : Vaccination préventive sélective des bovins et des porcs reproducteurs, 10 km autour des foyers,
- **VA** : Vaccination préventive des bovins et des porcs reproducteurs, 10 km autour des foyers et abattage préventif des petits ruminants et des porcs à l'engrais, 1km autour des foyers.

Les points de départ de la maladie correspondaient aux 21 régions du territoire métropolitain. Au sein des régions, 50 lieux et dates d'introduction ont été choisis aléatoirement. Ainsi, sur l'ensemble du territoire, 1 050 points d'introduction différents ont été tirés au sort.

Le système de surveillance actuellement mis en place en France, le réseau composé de l'éleveur et de son vétérinaire (réseau « vétérinaire ») a été fixé avec le niveau de vigilance qualifié de « vraisemblable ».

Pour chacune des introductions, 24 épizooties ont été générées en combinant :

- les 6 stratégies de lutte : SS, AA, VV, SA, VS et VA (Tableau XXIV),
- deux vitesses de diffusion (lente ou rapide)
- deux niveaux de ressources : le niveau qualifié de « normal » fixé a priori (Tableau XXIII) et un niveau de ressources qualifié de « dégradé » correspondant à -30% des ressources normales.

Ainsi, un total de 25 200 simulations ont été conduites.

La simulation commençait à l'introduction du virus et la stratégie de lutte était supposée fixe tout au long du processus.

L'impact de chacun de ces scénarios sur les caractéristiques d'une épizootie et sur leur coût a été étudié.

De plus, des paramètres de profils de répartitions territoriales des élevages ont été introduits pour comparer ces effets. Ont été calculés au niveau départemental :

- la densité d'élevages
- la proportion d'élevages de petits ruminants
- la proportion d'élevages de porcs.

Les scénarios d'introduction ayant été stratifiés par région (50 simulations par région), des pondérations ont été appliquées pour calculer les différents indicateurs au niveau national. Le poids utilisé correspondait au nombre d'élevages de la région, rapporté au nombre total d'élevages pour l'ensemble des régions.

2.3.2.1 Caractérisation de la phase silencieuse

L'approche choisie a permis de caractériser les épizooties silencieuses puis parmi les épizooties déclarées de décrire les phases silencieuses en termes de nombre d'infectés et de durée.

La médiane, les quartiles, la moyenne et le maximum des valeurs et les distributions des variables a permis d'illustrer la variabilité de cette phase de diffusion. De plus, une comparaison entre le lieu d'introduction et le lieu de découverte de la maladie a été réalisée.

2.3.2.2 Maîtrise des épizooties

La maîtrise des épizooties a été caractérisée selon les différents scénarios pour analyser les effets respectifs de chaque mesure de lutte mais aussi de la vitesse de diffusion, du niveau de ressource et du profil d'élevage du lieu d'introduction de la maladie (densité d'élevage, proportions d'élevages de petits ruminants et de porcs).

Une analyse multivariée est venue appuyer ces résultats. La variable « non-maîtrise », variable binaire a été analysée avec un modèle logistique selon la méthode GEE.

De plus, une cartographie de la maîtrise des épizooties selon les régions d'introduction a été réalisée.

2.3.2.3 Dynamique temporelle de la diffusion de la maladie

La durée des épizooties maîtrisées a été ensuite étudiée. Des valeurs médianes et les quartiles ont été calculés pour les différents scénarios. Une analyse multivariée a complété l'analyse des effets respectifs de chaque mesure de lutte mais aussi de la vitesse de diffusion, du niveau de ressource et du profil d'élevage du lieu d'introduction de la maladie avec un modèle de Poisson selon la méthode GEE.

La durée moyenne de ces épizooties a été ensuite illustrée selon la région d'introduction.

Enfin, la dynamique des épizooties dans le temps a été représentée par des distributions de nombres d'infectés cumulés selon les différentes stratégies de lutte, les ressources et la vitesse de diffusion.

2.3.2.4 Dynamique spatiale de la diffusion de la maladie

L'ampleur des épizooties maîtrisées a été qualifiée en valeurs médianes (et quartiles) pour le nombre d'infectés et le nombre de foyers. Une analyse multivariée concernant le nombre de foyers a été menée avec les mêmes variables explicatives que pour la durée des épizooties. Le modèle était aussi un modèle de Poisson utilisé avec la méthode GEE.

Des cartes ont été réalisées, afin d'étudier la diffusion de la maladie et les distinctions territoriales à l'échelle régionale et également départementale.

Le nombre moyen de foyers pour toutes les épizooties maîtrisées a été illustré selon les régions d'introduction.

Les caractéristiques suivantes ont été représentées au niveau départemental pour des épizooties simulées à diffusion rapide et gérées par la stratégie d'abattage des foyers (SS) avec des ressources normales :

- La **probabilité de tirage au sort** : C'est la probabilité qu'une épizootie démarre dans le département. Cela correspond au ratio du nombre d'élevage dans le département sur la population totale française.
- La **probabilité d'atteinte** : Quel que soit le lieu d'introduction, c'est la proportion d'épizooties induisant au moins un foyer dans le département
- L'« **effet puits** » : Cela correspond à la proportion d'épizooties touchant un département alors que les épizooties n'ont pas débutées dans ce département.

Pour ces trois cartes, les départements sont répartis en 4 niveaux selon les quartiles des valeurs.

2.3.2.5 Comparaison économique

L'étude de niveau microéconomique proposée correspond à celle des coûts directs de l'impact de la maladie et des moyens de lutte, par opposition aux coûts indirects répercutés sur le reste de l'économie.

Les conséquences économiques directes d'épizooties de FA ont été évaluées à trois catégories d'acteurs : pour l'Etat, le secteur de l'élevage (bovin et porcin) et les abattoirs (bovins et porcins).

Ces conséquences économiques ont été estimées en appliquant des coûts moyens au nombre d'animaux concernés par chaque poste économique (Tableau XVIII, Tableau XIX et Tableau XX). Concernant les coûts pour le secteur de l'élevage, les simulations, réalisées avec un pas de temps journalier, ont permis de calculer le nombre d'animaux qui auraient dû sortir des élevages séquestrés et que les éleveurs ont dû nourrir en supplément. Egalement, pour chaque élevage séquestré, le nombre de bovins bloqués quotidiennement dont le lait ne pouvait être collecté a été calculé. De la même façon, pour le secteur des abattoirs, le nombre d'animaux qui aurait dû être amenés à un abattoir a été calculé, pour toute la durée de séquestration.

Les coûts pour les épizooties non maîtrisées ne pouvaient pas être directement calculés, la durée et le nombre de foyers finaux n'étant non connus. Il a été estimé que les épizooties non maîtrisées étaient des épizooties de large ampleur en termes de foyers et d'extension géographique. Les coûts pour de telles épizooties étaient donc très importants. Ainsi, il a été décidé d'attribuer un coût correspondant à l'arrondi supérieur du 99^e percentile des pertes induites par des épizooties maîtrisées (arrondi à la 100^{aine} de millions supérieure quand les valeurs étaient en 100^{aine} de millions et arrondi aux 50 millions supérieurs quand les valeurs étaient en 10^{aine} de millions).

Les pertes économiques pour les trois catégories d'acteurs ont été évaluées pour l'ensemble du territoire métropolitain français, quelle que soit la région d'introduction en appliquant les mêmes pondérations que pour l'analyse épidémiologique. Pour chaque secteur, les quartiles des valeurs et la médiane ont été calculés pour caractériser la dispersion et donc la variabilité des valeurs. Afin d'apporter des informations objectives aux décideurs, les coûts induits par les différentes stratégies de lutte envisageables ont été évalués au travers d'un coût moyen. Le nombre d'animaux abattus et vaccinés et la durée de séquestration ont été également présentés en valeur moyenne, correspondant à une valeur moyenne minimale car comprenant des épizooties non terminées (les valeurs pour les épizooties non maîtrisées correspondaient aux valeurs à l'arrêt des simulations).

Une analyse multivariée a été réalisée pour les trois catégories d'acteurs économiques de coûts pour étudier les effets respectifs de chaque mesure de lutte mais aussi de la vitesse de diffusion, du niveau de ressource et du profil d'élevage du lieu d'introduction de la maladie (modèles gaussiens avec une fonction de lien log, méthode GEE).

Une illustration cartographique des pertes selon les régions d'introduction a été réalisée.

3 RESULTATS

3.1 ETUDE DE L'ORGANISATION DU RESEAU DE SURVEILLANCE PASSIF

Les 10 800 simulations ont été générées en environ 8 jours et les principaux résultats sont compilés dans les Tableau XXV et Tableau XXVI.

Une petite proportion d'épizooties était restée silencieuse, la plupart lorsque la vitesse de diffusion était faible.

Pour l'ensemble du territoire, cela représentait entre 2,1% et 3,9% des épizooties (Tableau XXV) mais pouvait atteindre 15,3% pour des épizooties introduites en zone D4 et diffusant lentement (Tableau XXVI). Par contre, avec une vitesse de diffusion rapide, la proportion était beaucoup plus faible et variait de 0,6% à 1,3% sur l'ensemble du pays. Ces épizooties silencieuses ne concernaient qu'au maximum 2 établissements et la majorité d'entre elles (90,5% pour celle diffusant lentement et 97,6% pour celles diffusant rapidement) étaient restreintes à l'établissement de l'introduction du virus.

Tableau XXV : Caractéristiques des épizooties de FA simulées pour tout le territoire selon l'organisation du réseau de surveillance passive

Epizooties simulées sous 18 scénarios combinant un niveau de vigilance des acteurs, le type de réseau de surveillance étudié et la vitesse de diffusion du virus ; 600 simulations ont été réalisées par scénario. Valeurs médianes présentées en fonction des vitesses de diffusion (lent/rapide).

		Epizooties silencieuses (%)	Phase silencieuse		Epizooties déclarées			Epizooties non-maîtrisées (%)
			Nb élevages infectés	Durée (jours)	Nb foyers	Durée (jours)	Nb départements concernés	
Bas	éleveur	3,9/1,3	8/14	1/9	11/52	69/84	1/3	1,5/30,7
	vétérinaire	3,9/1,3	7/14	11/9	10/39	65/81	1/2	0,5/22,8
	référent	3,6/1,2	6/11	10/8	9/31	62/75	1/2	0,3/17,2
Vrais.	éleveur	3,3/1,3	6/11	9/8	8/23	59/71	1/2	0,3/12,7
	vétérinaire	3,3/1,3	6/10	9/8	8/23	58/69	1/2	0,3/11,6
	référent	3,1/1,1	4/8	9/8	7/19	56/67	1/2	0,3/9,4
Elevé	éleveur	2,2/0,8	4/8	7/6	5/12	50/58	1/1	0/2,5
	vétérinaire	2,2/0,8	4/8	7/6	5/12	50/58	1/1	0/1,8
	référent	2,1/0,6	4/7	7/6	5/11	49/57	1/1	0/1,5

Parmi les épizooties déclarées, la proportion d'épizooties non maîtrisées était assez basse quand les épizooties diffusaient lentement. Cela n'excédait pas les 1,5%.

Par contre, pour les épizooties diffusant rapidement, la proportion des épizooties non maîtrisées atteignait une valeur médiane de 30,7%, notamment avec un niveau de vigilance faible des acteurs et un réseau qui reposait seulement sur l'éleveur (réseau « éleveur ») (Tableau XXV).

Tableau XXVI : Caractéristiques des épizooties de FA simulées, par région d'introduction

Epizooties simulées sous 72 scénarios combinant un niveau de vigilance des acteurs, le type de réseau de surveillance étudié, la vitesse de diffusion du virus et un lieu d'introduction selon le niveau de maillage vétérinaire ; 150 simulations ont été réalisées par scénario.

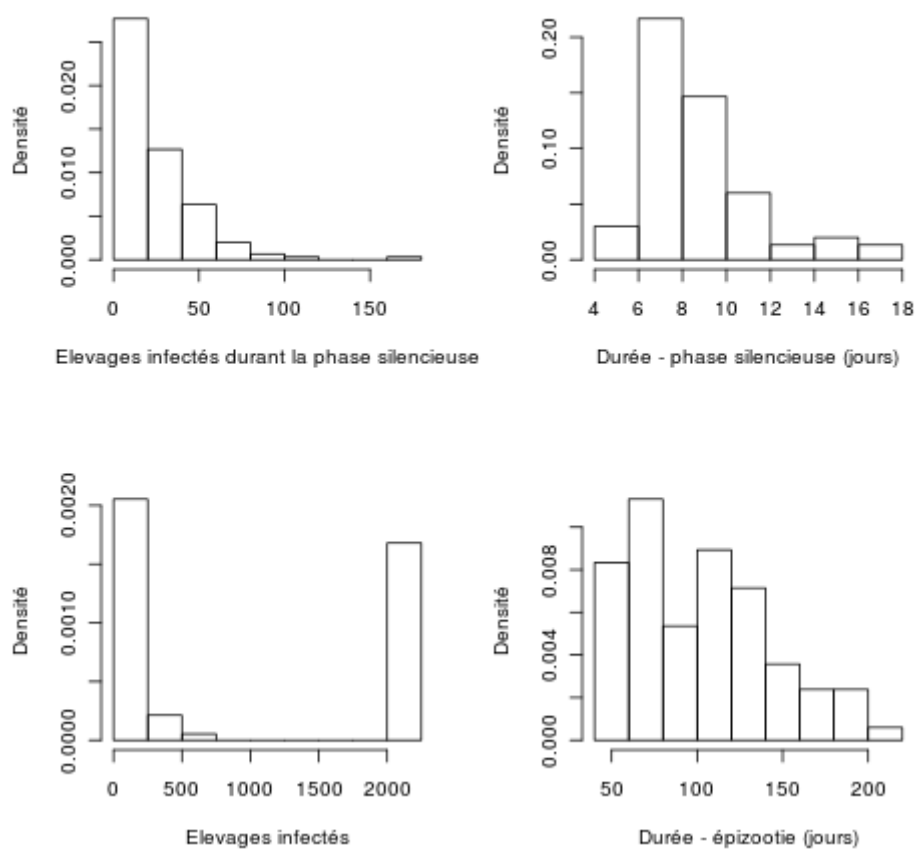
Valeurs médianes présentées en fonction des vitesses de diffusion (lent/rapide).

		Epizooties silencieuses		Epizooties déclarées				Epizooties non-maîtrisées (%)	
		(%)	Phase silencieuse	Phase d'épizootie					
			Nb élevages infectés	Durée (jours)	Nb foyers	Durée (jours)	Nb départements concernés		
Bas	D1	éleveur	1,3/0	10/18	11/9	14/161	74/100	1/3,5	2,7/44
		vétérinaire	1,3/0	10/18	10/8	13/81	68/89	1/3	0,7/36,7
		réfèrent	1,3/0	9/17	10/8	12/58	66/84	1/2,5	0,7/26,7
	D2	éleveur	2,7/0,7	6/12	12/10	8/40	65/84	1/2	0,7/26
		vétérinaire	2,7/0,7	6/12	12/10	9/32	65/79	1/2	0,7/14,7
		réfèrent	2/0,7	6/11	10/9	7/21	61/77	1/2	0/11,3
	D3	éleveur	8,7/4	6/11	11/9	7/18	60/73	1/2	0/10
		vétérinaire	8,7/4	6/10	10/9	7/18	59/71	1/2	0/4
		réfèrent	8/3,3	5/10	10/9	6/16	59/66	1/2	0/4,7
	D4	éleveur	15,3/6,7	4/7	14/9	5/14	64/75	1/2	0,7/10
		vétérinaire	15,3/6,7	4/7	14/12	5/13	62/74	1/2	0,7/5,3
		réfèrent	14,7/6,7	4/7	12/11	5/12	60/67	1/2	0/6,7
Vrais.	D1	éleveur	1,3/0	8/14	9/8	11/41	61/82	1/2	0,7/20,7
		vétérinaire	1,3/0	8/14	9/8	10/38	60/72	1/2	0,7/20
		réfèrent	1,3/0	7/13	9/7	9/31	58/71	1/2	0,7/15,3
	D2	éleveur	1,3/0,7	6/10	10/8	6/18	58/68	1/2	0/8
		vétérinaire	1,3/0,7	6/10	10/8	6/17	57/68	1/2	0/5,3
		réfèrent	0,7/0,7	6/9	9/8	6/16	56/65	1/2	0/6
	D3	éleveur	8/4	5/9	9/8	5/15	54/65	1/2	0/2
		vétérinaire	8/4	5/9	9/8	5/14	54/64	1/2	0/0,7
		réfèrent	7,3/3,3	4/8	9/8	4/12	52/61	1/2	0/1,3
	D4	éleveur	13,3/5,3	3/6	11/10	4/9	56/66	1/2	0/2,7
		vétérinaire	13,3/5,3	3/6	11/10	4/9	54/65	1/2	0/4,7
		réfèrent	13,3/5,3	3/5	11/10	3/7	52/62	1/1,5	0/1,3
Elevé	D1	éleveur	0,7/0	6/10	7/6	7/17	52/63	1/2	0/4,7
		vétérinaire	0,7/0	6/9	7/6	7/16	51/60	1/2	0/3,3
		réfèrent	0,7/0	6/9	7/6	7/16	51/59	1/1,5	0/2,6
	D2	éleveur	0,7/0,7	4/7	8/7	4/11	49/58	1/1	0/0,7
		vétérinaire	0,7/0,7	4/7	8/7	4/11	49/58	1/1	0/0,7
		réfèrent	0,7/0,7	3/5	7/6	4/9	48/57	1/1	0/0,7
	D3	éleveur	5,3/2	3/7	7/6	3/8	46/54	1/1	0/0
		vétérinaire	5,3/2	3/7	7/6	3/8	46/54	1/1	0/0
		réfèrent	5,3/1,3	3/6	6/6	3/8	46/53	1/1	0/0
	D4	éleveur	10,7/4,7	2/4	9/8	2/6	49/55	1/1	0/0,7
		vétérinaire	10,7/4,7	2/4	9/8	2/6	48/54	1/1	0/0,7
		réfèrent	10,7/3,3	2/4	8/8	2/5	48/54	1/1	0/0,7

Pour les épizooties démarrant en zone D1, la proportion des épizooties non maîtrisées atteignait les 44% (Tableau XXVI). Dans cette zone notamment, une forte variabilité a été observée ; la phase silencieuse durait entre 4 et 18 jours et concernait entre 2 et 263 élevages (Figure 26). Les épizooties duraient au total entre 48 jours et plus de 6 mois pour un nombre de foyers total de 2 à plus de 2000.

Figure 26 : Détail de résultats pour un jeu de simulations

Simulation avec introduction dans une région à forte densité d'élevage par vétérinaire (D1), avec un réseau de surveillance « éleveur », faible niveau de vigilance et un virus diffusant rapidement.



Selon le scénario, la durée médiane pour tout le territoire variait entre 49 et 84 alors que le nombre de foyers variait entre 5 et 52 pour les épizooties maîtrisées (Tableau XXV). En tenant compte des lieux d'introduction, la durée médiane était entre 46 et 100 jours pour 5 à 161 foyers déclarés (Tableau XXVI)

Pour la plupart des indicateurs, les résultats obtenus avec le réseau de surveillance « vétérinaire » apparaissent plus favorables que ceux avec le réseau formé par l'éleveur seul (« éleveur »).

La proportion d'épizooties maîtrisées était significativement plus élevée (test de Mc Nemar, $p < 0,0001$) et, la durée et le nombre d'élevages infectés pendant la phase silencieuse apparaissaient plus faibles (tests de Wilcoxon, $p < 0,0001$). De même, la durée totale de l'épizootie était plus courte et le nombre de foyers total plus bas (tests de Wilcoxon, $p < 0,0001$).

De la même façon, le réseau « référent » était significativement plus favorable que le réseau « vétérinaire » pour tous ces indicateurs (test de McNemar et tests de Wilcoxon, $p < 0,0001$)

L'analyse multivariée a confirmé ces résultats (Tableau XXVII). Le principal effet du type de réseau de surveillance portait sur la maîtrise d'une épizootie ; les épizooties étaient clairement mieux maîtrisées avec le réseau « référent » (odd-ratio [OR]=0,77) et moins bien avec le réseau « éleveur » (OR=1,49). Le type de réseau influait également sur le nombre total de foyers déclarés avec un ratio d'incidence de 0,87 et 1,15 pour le réseau « référent » et réseau « éleveur ». De façon moins marquée, l'organisation du réseau affectait la durée de l'épizootie et les caractéristiques de la phase silencieuse et la proportion d'épizooties silencieuses.

Le niveau général de vigilance avait aussi un impact sur les caractéristiques des épizooties (Tableau XXVII). Entre une vigilance « élevée » et une vigilance « vraisemblable », la probabilité qu'une épizootie ne soit pas maîtrisée était plus faible (OR=0,15, référence: « vraisemblable »), le nombre total de foyers était plus bas presque de moitié (IR=0,55) et la probabilité qu'une épizootie soit silencieuse était plus faible (OR=0,68). Au contraire, un niveau de vigilance « bas » était moins favorable ; proportion d'épizooties non maîtrisées plus haute (OR=2,75), nombre de foyers plus élevé (OR=1,43) et proportion d'épizooties silencieuses plus haute (OR=1,17).

Par ailleurs, la vitesse de diffusion du virus semblait être le paramètre ayant le plus grand impact sur les épizooties. A vitesse de diffusion « élevée », la probabilité de « non maîtrise » d'épizooties était nettement plus élevée (OR=45), le nombre total de foyers 3 fois plus grand (IR=2,92), la probabilité d'épizooties silencieuses nettement plus basse (OR=0,4).

Pour finir, le lieu d'introduction par rapport au maillage vétérinaire avait aussi une influence sur les épizooties. Plus le nombre d'élevages par vétérinaire diminuait (de D2 à D4), D1 étant la référence avec plus de 82 élevages en moyenne par vétérinaire, plus les caractéristiques étaient favorables. Ces effets étaient observés car le nombre d'élevages par vétérinaire était en fait fortement lié à la densité d'élevage.

Tableau XXVII : Résultats de l'analyse multivariée de séries de simulation FA : Impact de l'organisation du réseau de surveillance sur les caractéristiques des épizooties

Résultats montrant l'impact des caractéristiques d'épizootie selon le niveau de vigilance des acteurs, le type de réseau de surveillance étudiés ; la vitesse de diffusion du virus et un lieu d'introduction selon le niveau de maillage vétérinaire. Méthode GEE (Modèle de Poisson: *, modèle logistique: **).

Variables	Description	Epizooties silencieuses**		Phase silencieuse				Phase d'épizootie				Epizooties non-maîtrisées **	
		OR [95% CI]	p-value	Elevages infectés*		Durée*		Foyers *		Durée*		OR [95% CI]	p-value
				IR [95% CI]	p-value	IR [95% CI]	p-value	IR [95% CI]	p-value	IR [95% CI]	p-value		
Organisation du réseau de surveillance passive	Eleveur	NS	> 0,05	1,01 [1,003-1,011]	0,0002	1,002 [1,001-1,003]	<0,0001	1,15 [1,10-1,20]	<0,0001	1,04 [1,03-1,05]	<0,0001	1,49 [1,29-1,72]	<0,0001
	Vétérinaire	<i>Classe de référence</i>		<i>Classe de référence</i>		<i>Classe de référence</i>		<i>Classe de référence</i>		<i>Classe de référence</i>		<i>Classe de référence</i>	
	Référent	0,90 [0,85-0,96]	0,0015	0,92 [0,91-0,93]	<0,0001	0,94 [0,93-0,94]	<0,0001	0,87 [0,84-0,90]	<0,0001	0,96 [0,95-0,96]	<0,0001	0,77 [0,65-0,91]	0,0021
	D1 : > 82 el.	<i>Classe de référence</i>		<i>Classe de référence</i>		<i>Classe de référence</i>		<i>Classe de référence</i>		<i>Classe de référence</i>		<i>Classe de référence</i>	
Niveau de maillage vétérinaire	D2 : 65-82 el.	NS	> 0,05	0,77 [0,65-0,93]	0,0061	1,39 [1,22-1,59]	<0,0001	0,70 [0,53-0,94]	0,017	0,92 [0,87-0,98]	0,0045	0,36 [0,22-0,60]	<0,0001
	D3 : 41-64 el.	NS	> 0,05	0,80 [0,65-0,97]	0,0244	1,27 [1,11-1,45]	0,0004	0,46 [0,35-0,61]	<0,0001	0,82 [0,78-0,87]	<0,0001	0,11 [0,05-0,21]	<0,0001
	D4 : < 41 el.	6,6 [1,3-33,1]	0,022	0,53 [0,43-0,65]	<0,0001	1,76 [1,54-2,01]	<0,0001	0,33 [0,23-0,47]	<0,0001	0,85 [0,80-0,90]	<0,0001	0,14 [0,07-0,26]	<0,0001
	Lente	<i>Classe de référence</i>		<i>Classe de référence</i>		<i>Classe de référence</i>		<i>Classe de référence</i>		<i>Classe de référence</i>		<i>Classe de référence</i>	
Niveau de vigilance des acteurs	Rapide	0,38 [0,26-0,57]	<0,0001	1,59 [1,52-1,67]	<0,0001	0,81 [0,79-0,83]	<0,0001	2,92 [2,66-3,22]	<0,0001	1,22 [1,19-1,24]	<0,0001	44,9 [17,1-117,8]	<0,0001
	Bas	1,17 [1,05-1,29]	0,0027	1,20 [1,17-1,23]	<0,0001	1,17 [1,15-1,19]	<0,0001	1,43 [1,31-1,55]	<0,0001	1,15 [1,13-1,17]	<0,0001	2,75 [2,24-3,38]	<0,0001
	Vrais.	<i>Classe de référence</i>		<i>Classe de référence</i>		<i>Classe de référence</i>		<i>Classe de référence</i>		<i>Classe de référence</i>		<i>Classe de référence</i>	
	Elevé	0,68 [0,56-0,83]	<0,0001	0,71 [0,69-0,73]	<0,0001	0,77 [0,75-0,79]	<0,0001	0,55 [0,51-0,59]	<0,0001	0,84 [0,83-0,85]	<0,0001	0,15 [0,08-0,28]	<0,0001

el. = élevage

Dans tous les cas, le réseau consistant en une **coopération entre l'éleveur et le vétérinaire** était toujours plus performant que celui avec l'éleveur seul. Et le réseau hiérarchique avec l'intervention d'un **vétérinaire référent** était à son tour plus **favorable** que celui avec l'éleveur et le vétérinaire. Dans chaque réseau, la valeur ajoutée d'un acteur supplémentaire avec un point de vue plus large a été démontré. Par ailleurs, un réseau de surveillance ne pouvait correctement fonctionner que si ses **acteurs** étaient suffisamment **sensibilisés et formés**.

De plus, l'étude démontrait que la **vitesse de diffusion** avait un **fort impact** sur le devenir des épizooties et que la stratégie de référence d'abattage des foyers n'était pas suffisante pour une maîtrise satisfaisante des épizooties.

3.2 COMPARAISON DE STRATEGIES DE LUTTE FIXES

Les 25 200 simulations ont été générées en environ un mois.

3.2.1 Phase de diffusion silencieuse de la maladie

Une faible proportion d'épizooties était restée silencieuse, la plupart de ces épizooties passant inaperçue lorsque la vitesse de diffusion était faible. Pour l'ensemble du territoire, cela représentait 0,3% d'épizooties avec un paramètre de diffusion rapide et 2,7% avec un paramètre de diffusion lente.

Pour les épizooties déclarées, les caractéristiques des phases silencieuses étaient assez proches (Tableau XXVIII, Figure 27 et Figure 28). La durée médiane était de 9 jours lorsque la diffusion du virus était lente et un peu plus courte, 8 jours lorsque la diffusion du virus était rapide.

La différence était un peu plus importante pour le nombre d'infectés en fin de phase silencieuse ; 5 infectés médians avec une diffusion lente et 10 infectés médians avec une diffusion rapide.

Tableau XXVIII : Caractéristiques des phases silencieuses d'épizooties de FA.

Valeurs exprimées en médiane [1^e quartile–3^e quartile], maximum (max.) et moyenne (moy.) pour les épizooties déclarées.

	Diffusion lente			Diffusion rapide		
	Médiane [Q1–Q3]	Max.	Moy.	Médiane [Q1–Q3]	Max.	Moy.
Durée (jours)	9 [8-12]	63	11,7	8 [7-11]	50	9,8
Nb d'infectés	5 [2-9]	48	6,2	10 [5-18]	159	11,8

Une large étendue a été observée avec des maxima pouvant atteindre 63 jours et 50 jours suivant la vitesse de diffusion lente et rapide et respectivement jusqu'à 48 et 159 infectés avant la découverte d'un premier foyer (Tableau XXVIII, Figure 27 et Figure 28).

Figure 27 : Distribution des durées de phase silencieuse de diffusion de FA

Durées des phases silencieuses pour des épizooties déclarées (jours), en pointillé avec le paramètre de diffusion lent et en gras avec le paramètre diffusion rapide.

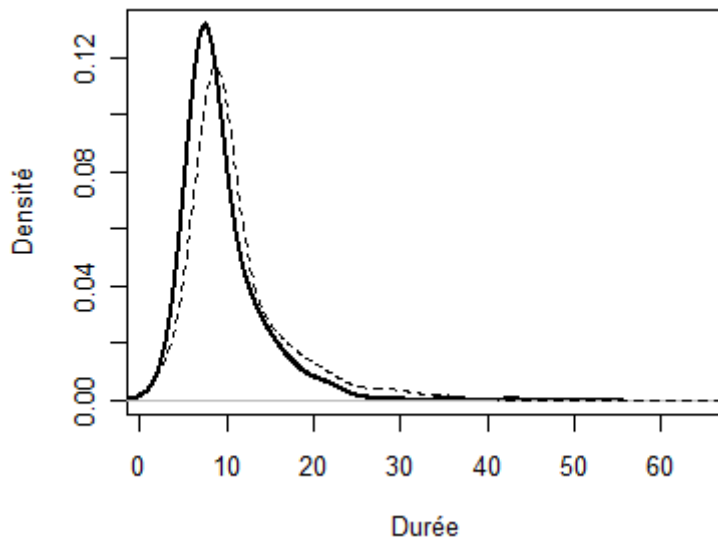
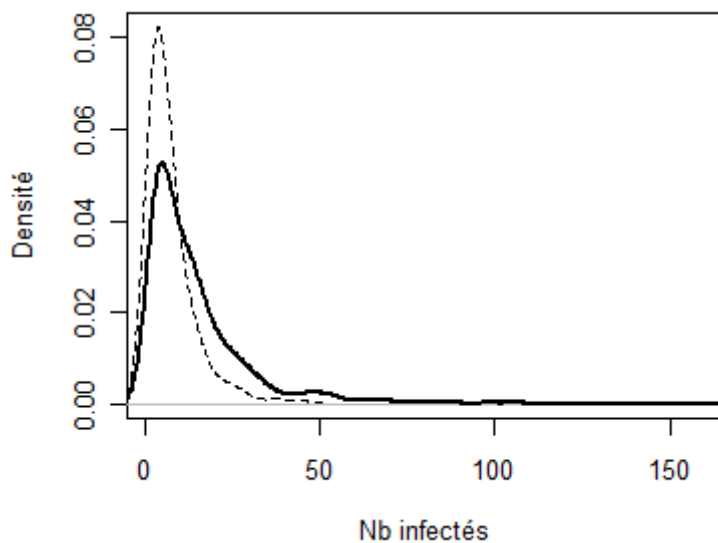


Figure 28 : Distribution du nombre d'infectés de la fin de la phase silencieuse de diffusion de FA

Nombre d'élevages infectés en fin de phase silencieuse pour des épizooties déclarées, en pointillé avec le paramètre diffusion lent et en gras avec le paramètre diffusion rapide.



Dans 95% des cas, la maladie était découverte dans le même département où elle avait été introduite (96,6% pour les épizooties à diffusion lente et 95,7% pour les épizooties à diffusion rapide). Dans 60% des cas, les élevages où l'alerte était donnée, correspondaient aux lieux d'introduction de la maladie (63,7% pour les épizooties à diffusion lente et 60,4% pour les épizooties à diffusion rapide).

De façon générale, la **maladie diffusait silencieusement** dans une zone plutôt restreinte au département d'introduction pendant environ une **10^{aine} de jours** en moyenne avant d'être détectée, même si des situations extrêmes étaient également observées.

Par contre, pendant cette période, le nombre d'élevages infectés pouvait fortement varier du simple au double (6 à 12 en moyenne), selon les caractéristiques de la **souche virale circulante** (vitesse de diffusion).

3.2.2 Maîtrise des épizooties

Pour rappel, les stratégies de lutte pouvaient être divisées suivant les mesures appliquées soit aux bovins et porcs reproducteurs soit aux petits ruminants et porcs à l'engrais (Tableau XXIV).

Parmi les épizooties déclarées, la proportion d'épizooties maîtrisées par les mesures de lutte était assez bonne pour des épizooties à diffusion lente (Tableau XXIX). Avec des ressources normales, seule la stratégie d'abattage préventif toute espèce (AA) ne maîtrisait pas l'ensemble des épizooties (99,8%). Avec des ressources dégradées (-30%), quelles que soient les mesures de lutte, la maîtrise des épizooties était supérieure à 99%. Seule la vaccination en anneau de l'ensemble des animaux (VV) permettait une maîtrise totale (100%).

Pour des épizooties à diffusion rapide, la maîtrise était moins aisée de l'ordre de 90% (Tableau XXIX). A nouveau, la vaccination en anneau de l'ensemble des animaux (VV) permettait une meilleure maîtrise (respectivement selon des ressources normales ou dégradées ; 98,1% et 91,1%). Les plus faibles taux de maîtrise correspondaient à la mise en place de la stratégie de référence d'abattage seul des foyers SS (89,9% avec des ressources normales et 86,2% avec des ressources dégradées) et à celle consistant à l'abattage préventif sélectif des petits ruminants et des porcs à l'engrais en complément SA (88,7% avec des ressources normales et 86,7% avec des ressources dégradées).

Tableau XXIX : Maîtrise d'épizooties de FA en France selon différentes stratégies de lutte.

Epizooties simulées sous 24 scénarios combinant une stratégie de lutte, un niveau de ressource et la vitesse de diffusion du virus. Résultats présentés pour les épizooties déclarées.

Stratégies :		Bv Pc repro.	Pr Pc eng.	Diffusion lente		Diffusion rapide	
				Ressource normale	Ressource dégradée	Ressource normale	Ressource dégradée
▪ Stratégie sanitaire seule	SS	Surv.	Surv.	100%	99%	89,9%	86,2%
▪ Abattage préventif	AA	Abat.	Abat.	99,8%	99%	91,4%	87%
▪ Vaccination préventive	VV	Vacc.	Vacc.	100%	100%	98,1%	91,1%
▪ Abattage préventif sélectif	SA	Surv.	Abat.	100%	99%	88,7%	86,7%
▪ Vaccination préventive sélective	VS	Vacc.	Surv.	100%	99,8%	93,5%	89,5%
▪ Abattage + Vaccination sélectifs	VA	Vacc.	Abat.	100%	99,8%	91,6%	90,2%

Surv. = surveillance, Abat. = abattage, Vacc. = vaccination.

Ces différences ont été confirmées en partie par l'analyse multivariée (Tableau XXX). Les effets de la densité d'élevages et de la proportion d'élevages de petits ruminants et de porcs au niveau départemental ont été également étudiés.

La vaccination, quelle que soit l'espèce, permettait significativement de mieux maîtriser les épizooties que la simple surveillance des animaux (OR de l'ordre de 0,6 - $p < 0,0001$).

Par contre, seul l'abattage préventif des bovins et porcs reproducteurs influençait le niveau de maîtrise des épizooties (OR=0,84 - $p=0,002$).

D'autres facteurs intervenaient dans la maîtrise des épizooties (Tableau XXX).

Tout d'abord, si les ressources étaient diminuées (-30%), alors la maîtrise était significativement plus mauvaise (OR = 1,66 - $p < 0,0001$).

Concernant les caractéristiques départementales de profil d'élevages, seule une forte densité (4^e classe, au-delà du 3^e quartile) limitait la diffusion de la maladie. Au dessous de ce seuil, cette mesure n'avait pas d'effet. Le type d'élevages avait peu d'influence.

Enfin, la vitesse de diffusion de l'épizootie avait un effet marqué sur la maîtrise (OR=31,5 - $p < 0,0001$).

Tableau XXX : Résultats de l'analyse multivariée concernant la maîtrise d'épizooties de FA.

Résultats montrant l'impact des caractéristiques d'épizootie selon la vitesse de diffusion, le niveau de ressource, les mesures appliquées aux bovins et porcs reproducteurs et aux petits ruminants et porcs à l'engrais et le profil d'élevage (densité, proportions de petits ruminants et de porcs).

Modèle logistique, méthode GEE.

Défaut de maîtrise des épizooties :		OR [95% CI]	p-value
Vitesse de diffusion	<i>Lente</i>	<i>Classe de référence</i>	
	Rapide	31,5 [15,6-63,7]	<0,0001
Ressource	<i>normale</i>	<i>Classe de référence</i>	
	dégradée	1,66 [1,48-1,86]	<0,0001
Lutte bv/pc repro	<i>Surveillance</i>	<i>Classe de référence</i>	
	Abattage	0,84 [0,75-0,94]	0,002
	Vaccination	0,65 [0,58-0,73]	<0,0001
Lutte pr/pc autre	<i>Surveillance</i>	<i>Classe de référence</i>	
	Abattage	NS	>0,05
	Vaccination	0,61 [0,53-0,71]	<0,0001
Densité d'élevage Nb/km²	[0 – 0,292]	<i>Classe de référence</i>	
]0,292 – 0,609]	NS	>0,05
]0,609 – 0,996]	NS	>0,05
]0,996 – 2,77]	12,9 [3,2-51,2]	0,0003
Proportion d'élevages petits ruminants	[0 – 0,343]	<i>Classe de référence</i>	
]0,343 – 0,456]	NS	>0,05
]0,456 – 0,561]	NS	>0,05
]0,561 – 1]	NS	>0,05
Proportion d'élevages de porcs	[0 – 0,0304]	<i>Classe de référence</i>	
]0,0304 – 0,0379]	1,92 [1,02-3,62]	0,04
]0,0379 – 0,0061]	NS	>0,05
]0,0061 – 1]	NS	>0,05

De façon générale, pour une gestion avec des ressources normales lors d'épizooties diffusant rapidement, si l'épizootie était introduite dans la moitié est du pays, la maîtrise des épizooties était toujours supérieure à 90% quelle que soit la méthode de lutte employée (Figure 29). Concernant la partie ouest du pays, le pourcentage de maîtrise variait plutôt de 70 à 90% voire 60% pour des introductions en Basse-Normandie.

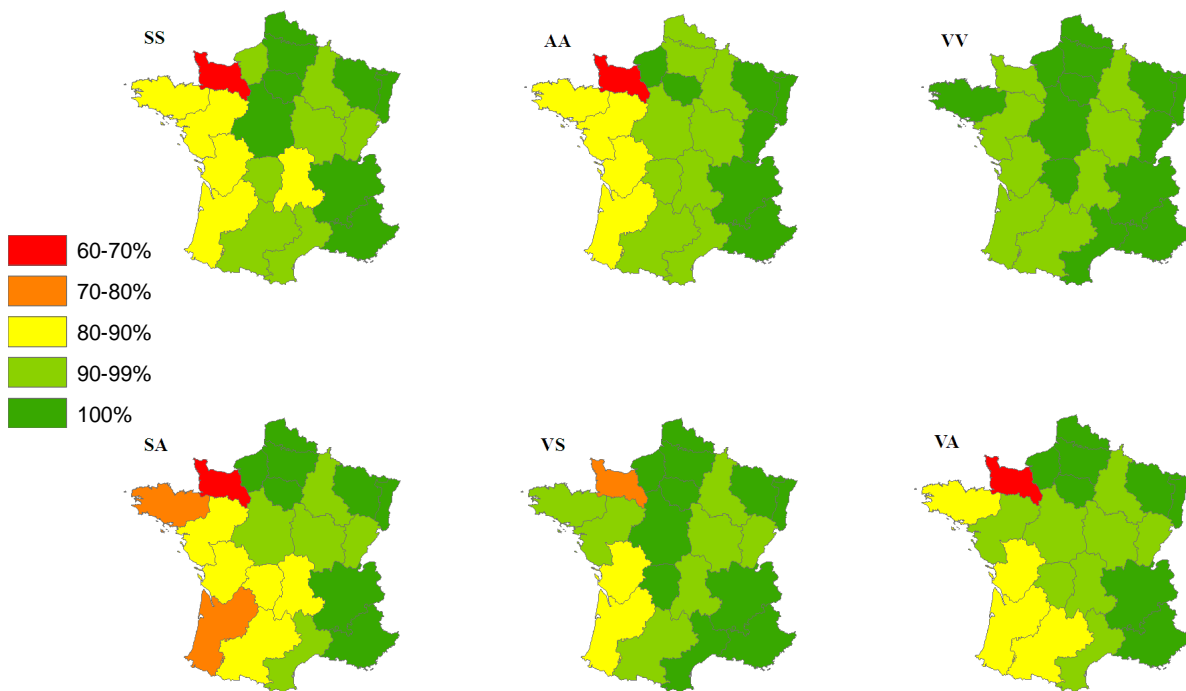
L'abattage préventif (AA) améliorerait la maîtrise des épizooties par rapport à la stratégie de référence en Haute-Normandie, Auvergne et Franche-Comté. Inversement, la stratégie SS suffisait pour les régions Nord-Pas-de-Calais, Picardie et Centre (Figure 29).

Seul l'emploi de la vaccination sur tous les animaux sensibles (VV) permettait une bonne maîtrise sur l'ensemble du territoire.

Figure 29 : Maîtrise des épizooties selon la région d'introduction de la maladie

Paramètres : ressource normale et vitesse de diffusion rapide.

Abattage des foyers seul (SS), abattage préventif toute espèce (AA), vaccination préventive toute espèce (VV), abattage préventif sélectif des petits ruminants et des porcs à l'engrais (SA), vaccination sélective des bovins et des porcs reproducteurs (VS) et vaccination des bovins et des porcs reproducteurs et abattage préventifs des petits ruminants et des porcs à l'engrais (VA).



Si la maladie diffusait rapidement, la **vaccination** apparaissait comme le meilleur moyen de **maîtrise d'une épizootie** par rapport l'abattage préventif d'animaux, qui en outre, était très dépendant des ressources disponibles (facteurs limitant également la maîtrise). La vaccination, surtout si elle était réalisée sur toutes les espèces, était efficace sur l'ensemble du territoire même dans les zones à **très forte densité d'élevage**, où le contrôle de la maladie était plus difficile.

Encore une fois, la maîtrise des épizooties était conditionnée par les caractéristiques de la **souche virale circulante**, l'efficacité des stratégies de lutte étant assez homogène lors d'une diffusion lente de la maladie.

3.2.3 Dynamique temporelle de la diffusion de la maladie

Si les épizooties étaient maîtrisées, la distinction entre stratégies de lutte était plutôt marquée par la durée de l'épizootie (délai jusqu'à la levée des mesures). La durée médiane était plus courte lorsque l'abattage préventif était réalisé que ce soit sur l'ensemble des animaux (AA) ou seulement sur les petits ruminants et porcs à l'engrais (SA) (Tableau XXXI et Tableau XXXII). Avec des ressources dégradées, l'abattage seul des foyers (SS) réduisait la durée de l'épizootie tout aussi bien que les stratégies avec abattages préventifs (AA et SA).

Par contre, l'emploi de la vaccination rallongeait systématiquement les délais, de l'ordre d'une 15^{aine} de jours (en valeurs médianes) avec une variabilité un peu plus grande (Tableau XXXI et Tableau XXXII).

Ces différences ont été également confirmées par l'analyse multivariée (Tableau XXXIII).

La vaccination allongeait bien la durée des épizooties (OR=1,06 et 1,07 pour respectivement la vaccination des bovins et des porcs reproducteurs et celle des petits ruminants et des porcs à l'engrais, $p < 0,0001$) (Tableau XXXIII). Par contre, l'abattage préventif des petits ruminants et des porcs à l'engrais augmentait également cette durée (légèrement moins que la vaccination) par rapport à la surveillance de ces animaux (OR=1,015 - $p = 0,003$). L'abattage des bovins et des porcs reproducteurs n'avait pas d'influence.

Le manque de ressources augmentait la durée de l'épizootie (OR= 1,056 - $p < 0,0001$).

De même, le profil d'élevage avec la densité d'élevage et la proportion de petits ruminants intervenaient légèrement mais significativement dans l'allongement de la durée de l'épizootie (OR=1,03 pour une augmentation de la densité de 0,7 élevages/km² et OR=1,07 pour une augmentation de 22% de la proportion d'ateliers de petits ruminants, $p < 0,0001$ pour les deux tests). Les petits ruminants expriment peu la maladie et sont moins facilement détectés comme infectés. Il y a donc en proportion moins de foyers de petits ruminants soumis à l'abattage, seule l'enquête épidémiologique permet de les identifier au mieux mais cela ralentit le contrôle de l'épizootie. Cette hypothèse peut expliquer l'influence défavorable sur la durée de l'épizootie à la fois de la proportion d'élevages de petits ruminants et le fait de les abattre préventivement.

Pour finir, l'allongement de la durée d'épizootie était significativement plus important avec une vitesse de diffusion rapide (OR=1,22 - $p < 0,0001$).

Tableau XXXI : Ampleurs médianes d'épizooties de FA en France selon les différentes stratégies de lutte avec des ressources normales.

Epizooties simulées sous 12 scénarios combinant une stratégie de lutte et la vitesse de diffusion du virus.

Valeurs exprimées en médianes [1^{er} et 3^e quartile] pour les épizooties déclarées et maîtrisées.

Stratégies :	Diffusion lente					Diffusion rapide		
	Bv Pc repro.	Pr Pc eng.	Durée d'épizootie (jours)	Nombre d'infectés	Nombre de foyers	Durée d'épizootie (jours)	Nombre d'infectés	Nombre de foyers
▪ Stratégie sanitaire seule	Surv.	Surv.	56 [48-68]	6 [3-13]	6 [3-13]	70 [56-88]	17 [6-38]	16 [6-38]
▪ Abattage préventif	Abat.	Abat.	52 [45-64]	6 [3-12]	3 [2-7]	60 [49-83]	13 [5-32]	8 [3-21]
▪ Vaccination préventive	Vacc.	Vacc.	66 [57-79]	6 [3-12]	6 [3-12]	76 [63-100]	18 [7-39]	17 [5-28]
▪ Abattage préventif sélectif	Surv.	Abat.	55 [47-67]	6 [3-13]	5 [2-11]	69 [53-93]	16 [6-38]	14 [5-33]
▪ Vaccination préventive sélective	Vacc.	Surv.	62 [55-71]	6 [3-13]	6 [3-12]	72 [60-91]	17 [7-39]	16 [6-38]
▪ Abattage + Vaccination sélectifs	Vacc.	Abat.	61 [54-71]	6 [3-13]	5 [2-11]	70 [58-94]	16 [6-39]	14 [5-34]

Surv. = surveillance, Abat. = abattage, Vacc. = vaccination sur les bovins et les porcs reproducteurs (Bv, Pc repro.) et sur les petits ruminants et porcs à l'engrais (Pr, Pc eng.)

Tableau XXXII : Ampleurs médianes d'épizooties de FA en France selon les différentes stratégies de lutte avec des ressources dégradées (-30%).

Epizooties simulées sous 12 scénarios combinant une stratégie de lutte et la vitesse de diffusion du virus.

Valeurs exprimées en médianes [1^{er} et 3^e quartile] pour les épizooties déclarées et maîtrisées.

Stratégies :	Diffusion lente					Diffusion rapide		
	Bv Pc repro.	Pr Pc eng.	Durée d'épizootie (jours)	Nombre d'infectés	Nombre de foyers	Durée d'épizootie (jours)	Nombre d'infectés	Nombre de foyers
▪ Stratégie sanitaire seule	Surv.	Surv.	56 [48-67]	6 [3-13]	6 [3-12]	69 [55-88]	16 [6-35]	16 [6-35]
▪ Abattage préventif	Abat.	Abat.	56 [46-71]	5 [3-12]	3 [2-8]	68 [51-104]	13 [5-28]	8 [3-21]
▪ Vaccination préventive	Vacc.	Vacc.	71 [60-86]	6 [3-13]	6 [3-12]	83 [67-106]	16 [6-38]	15 [5-35]
▪ Abattage préventif sélectif	Surv.	Abat.	55 [48-69]	6 [3-13]	5 [2-11]	71 [54-96]	16 [6-34]	14 [5-31]
▪ Vaccination préventive sélective	Vacc.	Surv.	66 [57-77]	6 [3-13]	6 [3-12]	75 [63-92]	16 [6-35]	15 [5-35]
▪ Abattage + Vaccination sélectifs	Vacc.	Abat.	65 [57-78]	6 [3-13]	5 [2-11]	77 [63-100]	16 [6-35]	14 [5-32]

Surv. = surveillance, Abat. = abattage, Vacc. = vaccination sur les bovins et les porcs reproducteurs (Bv, Pc repro.) et sur les petits ruminants et porcs à l'engrais (Pr, Pc eng.)

Tableau XXXIII : Résultats de l'analyse multivariée concernant la durée d'épizooties de FA

Résultats montrant l'impact des caractéristiques d'épizooties déclarées et maîtrisées selon la vitesse de diffusion, le niveau de ressource, les mesures appliquées aux bovins et porcs reproducteurs et aux petits ruminants et porcs à l'engrais et le profil d'élevage (densité, proportions de petits ruminants et de porcs).

Modèle GEE de type Poisson.

		OR [95% CI]	p-value
Durée d'épizooties			
Vitesse de diffusion	<i>Lente</i>	<i>Classe de référence</i>	
	Rapide	1,22 [1,20-1,24]	<0,0001
Ressource	<i>normale</i>	<i>Classe de référence</i>	
	dégradée	1,056 [1,049-1,060]	<0,0001
Lutte bv/pc repro.	<i>Surveillance</i>	<i>Classe de référence</i>	
	Abattage	NS	>0,05
	Vaccination	1,06 [1,05-1,07]	<0,0001
Lutte pr/pc eng.	<i>Surveillance</i>	<i>Classe de référence</i>	
	Abattage	1,015 [1,005-1,030]	0,003
	Vaccination	1,074 [1,064-1,080]	<0,0001
Densité d'élevage (nb/km²)		<i>Classe de référence</i>	
	+ 0,7	1,07 [1,06-1,08]	<0,0001
Proportion d'élevages petits ruminants		<i>Classe de référence</i>	
	+ 22%	1,03 [1,02-1,04]	<0,0001
Proportion d'élevages de porcs		<i>Classe de référence</i>	
	+ 3%	NS	>0,05

Bv/Pc repro. = bovins et porcs reproducteurs, Pr/Pc eng. = petits ruminants et porcs à l'engrais.

La durée des épizooties variait également selon le lieu d'introduction (Figure 30). Mais, quelle que soit la stratégie de lutte, la durée moyenne d'une épizootie était inférieure à 4 mois pour une gestion avec des ressources normales lors d'épizooties diffusant rapidement.

L'abattage préventif (AA) réduisait cette durée à 3 mois voire sous les 2 mois pour 5 régions d'introduction mais se distinguait par des durées plus longues pour les régions Bretagne, Basse-Normandie et Midi-Pyrénées par rapport à la stratégie de référence (SS).

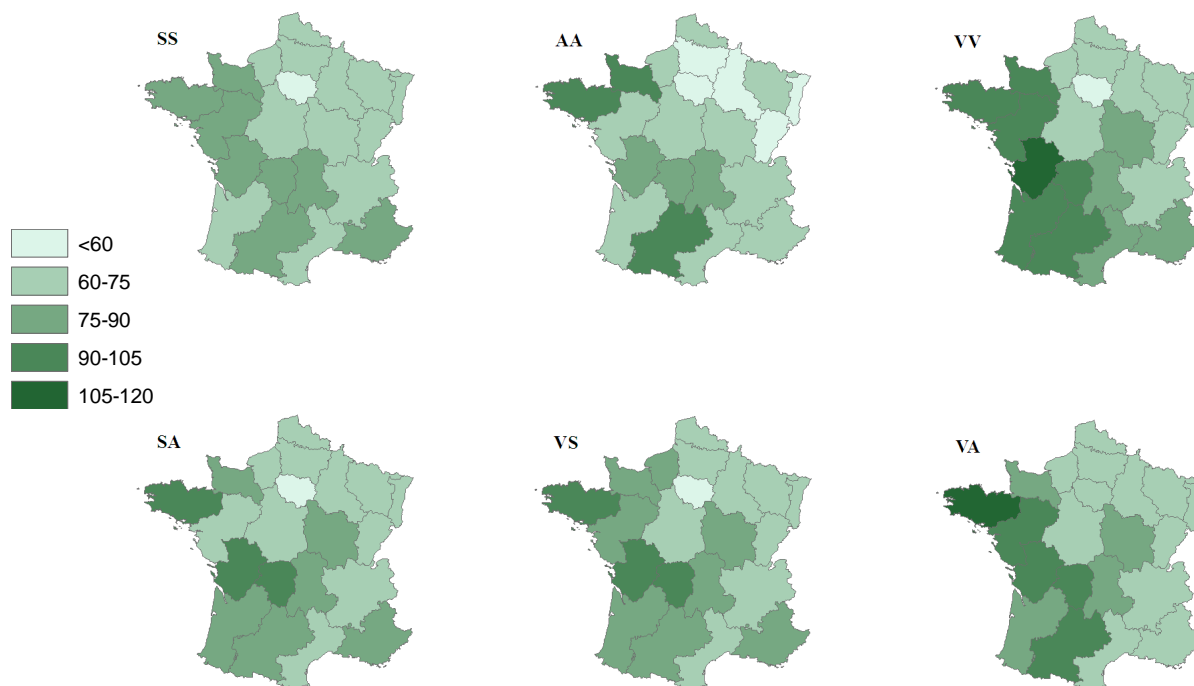
Par ailleurs, la durée des épizooties était, de façon générale, augmentée avec la vaccination notamment pour la partie ouest de la France.

Ces valeurs moyennes apparaissaient plus élevées que les valeurs médianes du Tableau XXXI et du Tableau XXXII. Cela démontre la dissymétrie de distribution des valeurs, déséquilibrée du côté des valeurs faibles.

Figure 30 : Durée moyenne d'épizooties de FA maîtrisées (jours) selon la région d'introduction

Paramètres : ressource normale et vitesse de diffusion rapide.

Abattage des foyers seul (SS), abattage préventif toute espèce (AA), vaccination préventive toute espèce (VV), abattage préventif sélectif des petits ruminants et des porcs à l'engrais (SA), vaccination sélective des bovins et des porcs reproducteurs (VS) et vaccination des bovins et des porcs reproducteurs et abattage préventifs des petits ruminants et des porcs à l'engrais (VA).



L'efficacité des stratégies de lutte évoluait avec le temps et en fonction des ressources employées et de la vitesse de diffusion (Figure 31 et Figure 32).

Ainsi, à diffusion lente, pour toutes les épizooties (maîtrisées ou pas), l'incidence cumulée moyenne du nombre d'infectés tendait autour de 10 en ressources normales pour toutes les stratégies. Par contre, en ressources dégradées, les courbes des stratégies SS, AA et SA tendait plutôt vers 30 infectés (Figure 31).

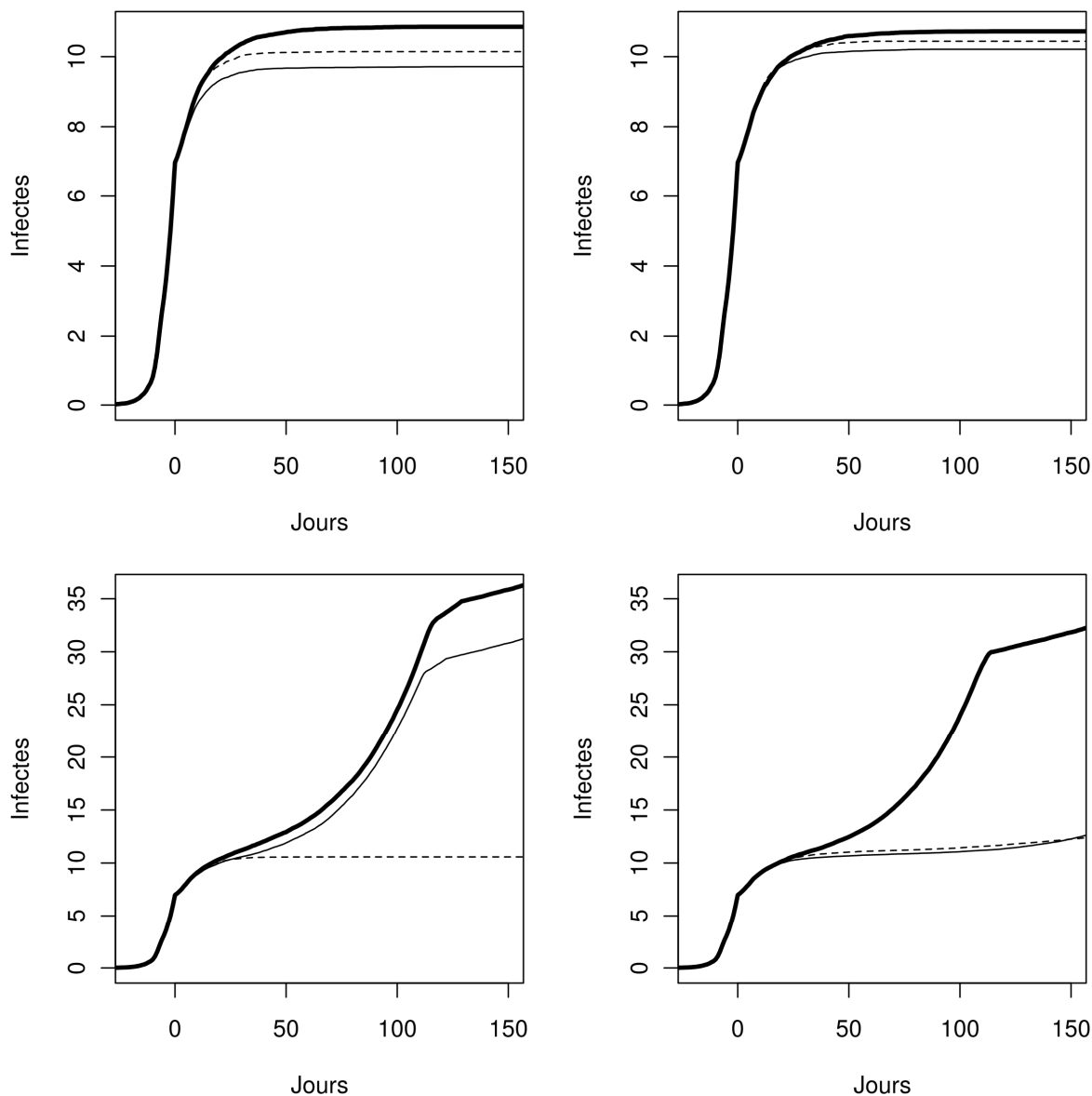
A partir d'environ 5 jours après la découverte de la maladie, la hiérarchie entre stratégies SS, AA et SA commençait à se former et à partir de 15 jours pour les stratégies VV, VS et VA, la vaccination n'intervenant qu'à partir du 7^e jour.

Avec des ressources normales, sur du plus long terme, l'abattage préventif et la vaccination (AA, VV et VA) se distinguait légèrement des autres stratégies par un nombre cumulé moyen plus faible d'élevages infectés.

Figure 31 : Incidence cumulée moyenne du nombre d'infectés durant les épizooties de FA selon les différentes stratégies de lutte pour des épizooties à diffusion lente

En haut = ressources normales, en bas = ressources dégradées

A gauche : en gras SS, en continu AA et en pointillé VV A droite : en gras SA, en continu VA et en pointillé VS



La distinction entre les stratégies était plus nette avec des ressources dégradées. La vaccination générale (VV) ou celle seule des bovins et des porcs reproducteurs (VS ou VA) permettait de façon marquée de réduire dans le temps le nombre d'infectés.

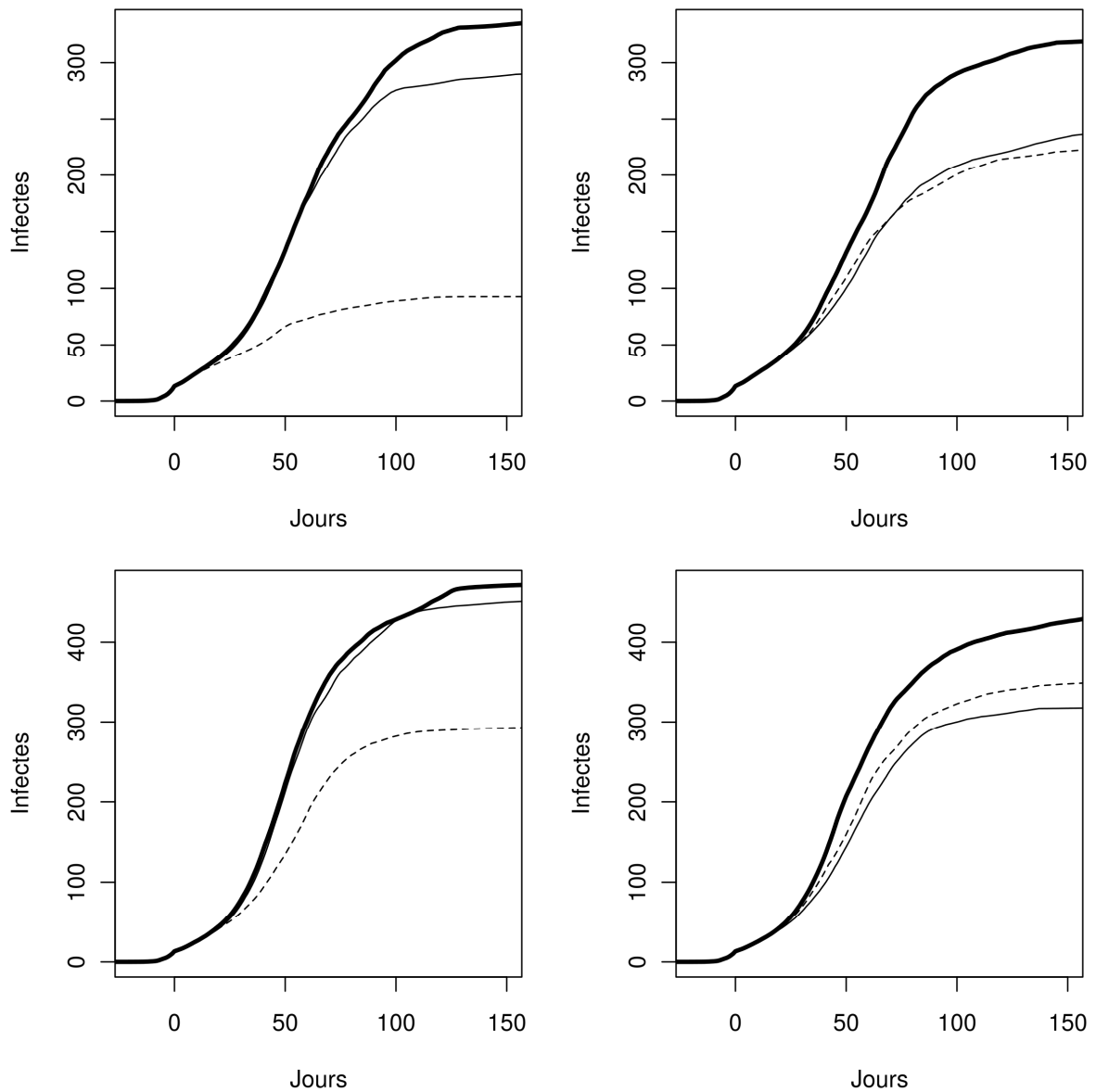
Pour les autres stratégies (SS, AA et SA), leurs limites dues aux ressources étaient remarquées avec des courbes montrant plusieurs phases ; à la découverte du premier foyer, la pente des courbes s'infléchit, les épizooties semblaient être en voie de maîtrise puis une 20^{aine} de jours suivants, les pentes ré-augmentent, les ressources étaient dépassées. La maîtrise des épizooties intervenait alors plus tard qu'avec des ressources normales.

Cette particularité de dépassement de ressources se retrouvait également mais légèrement en fin de courbe pour la stratégie de vaccination des bovins et porcs reproducteurs et d'abattage préventif des petits ruminants et porcs à l'engrais (VA) par rapport à la stratégie de vaccination seul des bovins et porcs reproducteurs (VS).

Figure 32 : Incidence cumulée moyenne du nombre d'infectés durant les épizooties de FA selon les différentes stratégies de lutte pour des épizooties à diffusion rapide

En haut = ressources normales, en bas = ressources dégradées

A gauche : en gras SS, en continu AA et en pointillé VV A droite : en gras SA, en continu VA et en pointillé VS



Avec une diffusion rapide, l'incidence cumulée moyenne du nombre d'élevages infectés était beaucoup plus élevée, de l'ordre de 300 à 400 élevages infectés. La distinction des stratégies se faisait plus clairement quelles que soient les ressources, notamment pour les stratégies SS, AA et SA avec un nombre cumulé moyen d'élevages infectés toujours plus élevé et pour la vaccination toute espèce (VV) un nombre toujours plus faible (Figure 32).

Les stratégies avec surveillance et abattages préventifs (SS, AA, SA) avaient rapidement une pente plus forte et se démarquaient dès 8-10 jours (plus tardivement qu'avec une diffusion lente) alors que celles avec vaccination (VV, VS, VA) mises en place à partir du 7^e jour se distinguaient plutôt à partir du 15^e jour.

Le dépassement de ressources était plus rapidement visible quelles que soient les ressources et la maîtrise des épizooties s'effectuait plus lentement. Le contrôle était toutefois meilleur avec des ressources normales.

Les épizooties étaient tout d'abord plus **longues** selon les caractéristiques de la **souche virale** (diffusion rapide) mais aussi le **profil d'élevage** (densité et présence de petits ruminants). Les mesures de **vaccination rallongeaient** significativement la durée des épizooties par rapport aux autres mesures notamment dans les zones à forte densité d'élevages. Les mesures **d'abattage préventif** avaient tendance à **réduire** ce délai mais cette performance était souvent **limitée par les moyens nécessaires** à la mise en place de la mesure.

Quelle que soit les caractéristiques de la souche, la distinction entre les performances des mesures qui peuvent être mises en place dès le début (surveillance et abattage), était mesurable à partir d'environ 8-15 jours.

3.2.4 Dynamique spatiale de la diffusion de la maladie

Parmi les épizooties maîtrisées, le nombre d'élevages infectés était, quelle soit la stratégie de lutte, sensiblement le même en valeur médiane de 6 à 16 selon la vitesse de diffusion respectivement lente et rapide (Tableau XXXI et Tableau XXXII). L'abattage préventif de l'ensemble des animaux (AA) se distinguait par une réduction du nombre de foyers en valeur médiane (les élevages étant abattus avant d'être éventuellement déclarés foyers).

En incluant les épizooties non-maîtrisées, les valeurs moyennes des nombres d'élevages infectés finaux des courbes précédentes (Figure 31 et Figure 32) étaient assez proches des valeurs médianes pour une diffusion lente de la maladie (respectivement 10 et 6). Par contre, les valeurs moyennes dépassaient les 300 élevages infectés contre 16 en médiane. En fait, beaucoup d'épizooties et notamment les épizooties maîtrisées, étaient de faible ampleur mais de larges extrêmes augmentaient notablement les valeurs moyennes.

Les différences entre stratégie de lutte ont été également confirmées en partie par l'analyse multivariée (Tableau XXXIV).

Toutes les mesures d'abattage préventif et de vaccination étaient significativement plus efficaces en termes de nombre de foyers par rapport à une simple surveillance des animaux ($p < 0,0001$). Toutefois, les abattages préventifs réduisaient plus sensiblement ce nombre (IR=0,72 pour les mesures sur les bovins et porcs reproducteurs et IR=0,89 pour les mesures sur les petits ruminants et porcs à l'engrais) que la vaccination (IR=0,94).

Les ressources n'intervenaient pas dans l'ampleur des épizooties maîtrisées en termes de foyers. Dans les courbes précédentes qui prenaient en compte l'ensemble des épizooties et notamment les non maîtrisées (Figure 31 et Figure 32), les ressources avaient un impact visible sur le contrôle de la maladie. Le dépassement des ressources retardait la maîtrise et mais influençait peu l'ampleur des épizooties maîtrisées.

Comme vu dans le Tableau XXXI et le Tableau XXXII, la vitesse de diffusion jouait toujours un rôle amplificateur des épizooties.

Parmi les profils d'élevage, seule la densité avait une influence sur le nombre de foyers. Ainsi, une augmentation de la densité de 0,7 élevages/km² multipliait par 1,2 le nombre de foyers ($p < 0,0001$).

Cette particularité est notamment illustrée par la Figure 33. En effet, un plus grand nombre moyen de foyers était de façon générale, observé dans l'ouest et le centre du pays.

Tableau XXXIV : Résultats de l'analyse multivariée concernant le nombre de foyers pour des épizooties de FA

Résultats montrant l'impact des caractéristiques d'épizooties déclarées et maîtrisées selon la vitesse de diffusion, le niveau de ressource, les mesures appliquées aux bovins et porcs reproducteurs et aux petits ruminants et porcs à l'engrais et le profil d'élevage (densité, proportions de petits ruminants et de porcs).

Modèle GEE de type Poisson

Nombre de foyers		IR [95% CI]	p-value
Vitesse de diffusion	<i>Lente</i>	<i>Classe de référence</i>	
	Rapide	2,89 [2,71-3,08]	<0,0001
Ressource	<i>normale</i>	<i>Classe de référence</i>	
	dégradée	NS	>0,05
Lutte bv/pc repro.	<i>Surveillance</i>	<i>Classe de référence</i>	
	Abattage	0,72 [0,69-0,75]	<0,0001
	Vaccination	0,94 [0,93-0,96]	<0,0001
Lutte pr/pc eng.	<i>Surveillance</i>	<i>Classe de référence</i>	
	Abattage	0,89 [0,87-0,92]	<0,0001
	Vaccination	0,94 [0,92-0,96]	<0,0001
Densité d'élevage (nb/km²)	+ 0,7	1,20 [1,16-1,25]	<0,0001
Proportion d'élevages petits ruminants	+ 22%	NS	> 0,05
Proportion d'élevages de porcs	+ 3%	NS	> 0,05

Bv/Pc repro. = bovins et porcs reproducteurs, Pr/Pc eng. = petits ruminants et porcs à l'engrais.

Le nombre moyen de foyers variait également selon la stratégie de lutte employée. La stratégie d'abattage préventif de toutes les espèces (AA) se distinguait nettement par un plus faible nombre de foyer notamment par rapport à la stratégie de référence (SS). Cette particularité était en partie expliquée par le fait que des élevages infectés sont abattus avant qu'ils soient reconnus comme foyers. Cette stratégie permettait de limiter le nombre de foyers moyen dans l'ensemble des régions à moins de 35.

Les stratégies avec vaccination (VV, VS et VA) quant à elles, impliquaient des valeurs moyennes de foyers pour des épizooties maîtrisées plus importante ; une plus grande partie des régions avait une moyenne de plus de 35 foyers.

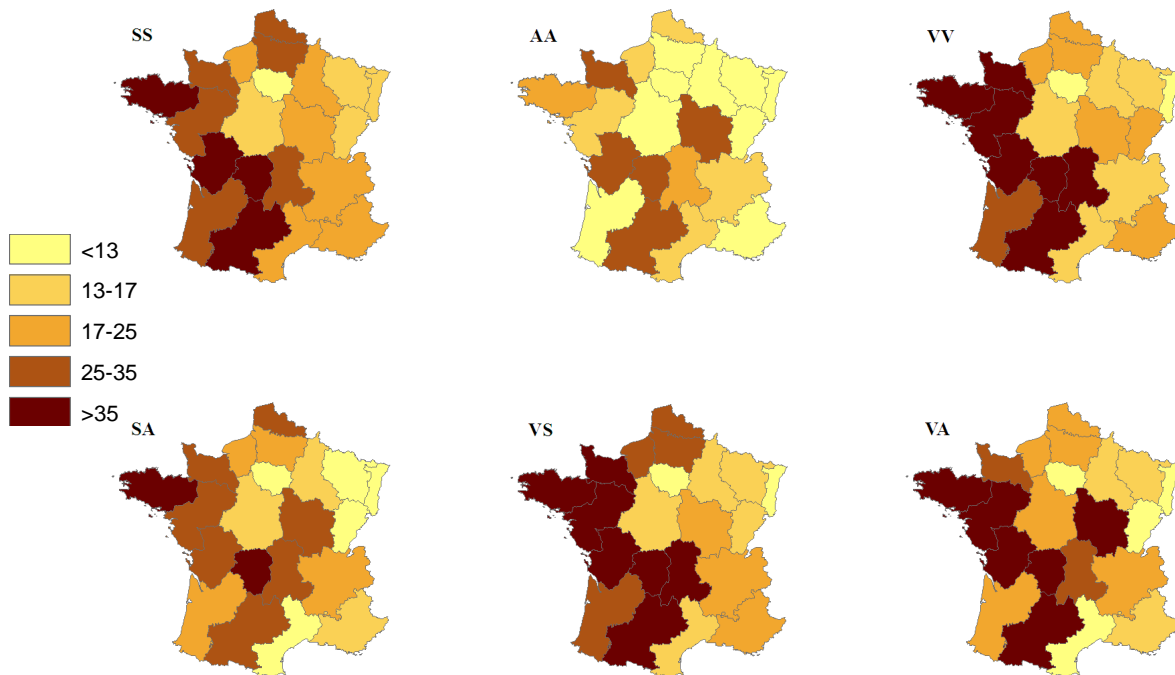
Avec l'emploi de la vaccination chez toutes les espèces (VV), les régions Bretagne, Basse-Normandie et Midi-Pyrénées qui se distinguaient déjà par des durées d'épizooties moyennes plus longues, avaient des nombres moyens de foyers au-delà de 35.

Encore une fois, ces valeurs moyennes étaient supérieures aux valeurs médianes.

Figure 33 : Nombre de foyers moyens de FA pour des épizooties maîtrisées selon la région d'introduction

Paramètres : ressource normale et vitesse de diffusion rapide.

Abattage des foyers seul (SS), abattage préventif toute espèce (AA), vaccination préventive toute espèce (VV), abattage préventif sélectif des petits ruminants et des porcs à l'engrais (SA), vaccination sélective des bovins et des porcs reproducteurs (VS) et vaccination des bovins et des porcs reproducteurs et abattage préventifs des petits ruminants et des porcs à l'engrais (VA).



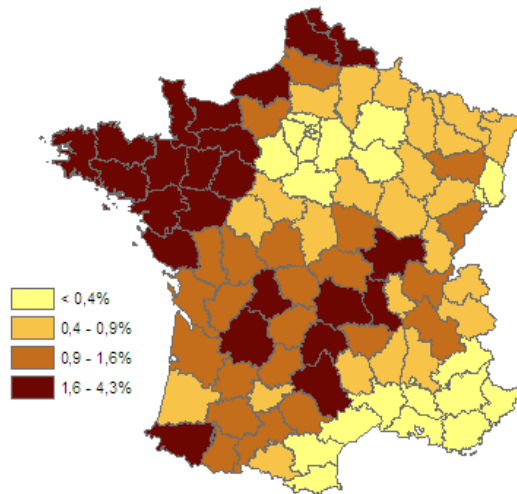
Concernant l'échelon départemental, quels que soient les facteurs pris en compte et le devenir des épizooties, 75% des épizooties ne s'étendaient pas à plus de 3 départements (50% sur 1 ou 2 départements).

Quel que soit le lieu d'introduction, les départements les plus fréquemment atteints par une épizootie (au moins un foyer) étaient les départements du Grand-Ouest et du Centre-Ouest (Figure 34). La comparaison entre cette probabilité d'atteinte et la probabilité qu'une épizootie démarre dans un département montrait que les départements ayant un grand nombre d'élevages étaient également ceux ayant le plus souvent des foyers si une épizootie démarrait n'importe où sur le territoire (Figure 34).

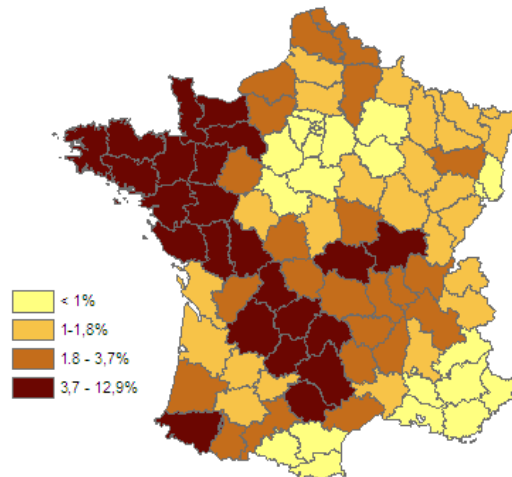
Figure 34 : Implication des départements dans la diffusion d'épizooties de FA en France.

Départements classés par quartile. Paramètres : ressource normale, vitesse de diffusion rapide et stratégie de lutte SS.

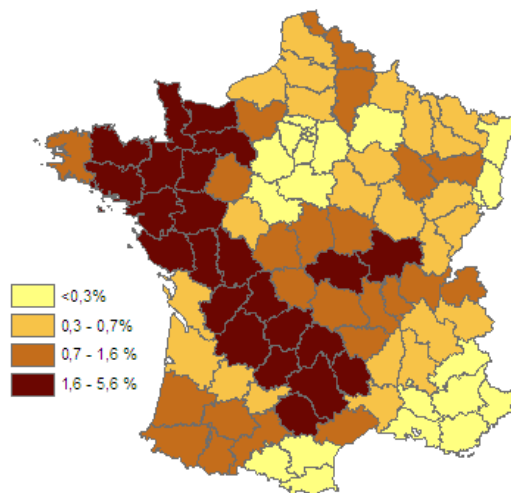
Probabilité de tirage au sort
= % d'élevages présents



Probabilité d'atteinte
= % d'épizooties induisant au moins 1 foyer



Effet « puits »
= % d'épizooties n'ayant pas débutées dans le département mais s'y propageant



Si les épizooties sortaient de leur département d'origine, les épizooties se propageaient préférentiellement vers les départements du Grand Ouest et une partie du Centre Ouest (effet « puits », Figure 34). Ces départements étaient relativement groupés formant une diagonale partant de la Normandie et Bretagne jusqu'aux départements du nord des Midi-Pyrénées. La plupart de ces départements était les mêmes que ceux les plus souvent atteints.

La plupart du temps, les épizooties restaient **circonscrites à 2-3 départements** (taille d'une région) et concernaient plus fortement les zones où la **densité d'élevage** était importante, que la maladie y ait été introduite ou pas.

Concernant les stratégies de lutte, les mesures **d'abattage préventif et de vaccination réduisaient le nombre de foyers** par rapport à la stratégie sanitaire de référence. Toutefois, abattre préventivement apparaissait plus optimal en termes de réduction de nombre de foyers même si la mesure restait dépendante des ressources allouées et de plus, masquait la réalité de diffusion de la maladie (abattage anticipé d'élevages infectés pas encore déclarés foyers).

L'ampleur des épizooties maîtrisées restait en **nombre de foyers et en durée raisonnable** comparé à l'épisode de 2001 au Royaume-Uni mais cela demeurait très **dépendant de la souche virale** sévissant et de la **zone d'introduction de la maladie**. Cependant, les distributions des valeurs observées montraient de **larges étendues** avec des extrêmes très grands relevant les résultats moyens. De plus, la **variabilité** de ces valeurs pouvait être également assez importante.

En termes de stratégies de lutte, l'emploi de la vaccination allongeait, en général, la durée des épizooties et réduisait moins nettement le nombre de foyers par rapport aux mesures d'abattage préventif. Toutefois, la vaccination permettait de maîtriser la maladie dans la plupart des situations (quelles que soient la région d'introduction, les ressources en place et même la souche virale sévissant). De plus, cette mesure était nettement moins sensible aux moyens disponibles pour sa mise en place contrairement aux abattages.

3.2.5 Comparaison économique

Les pertes économiques ont été évaluées à trois catégories d'acteurs ; l'Etat, le secteur de l'élevage (bovin et porcin) et le secteur des abattoirs (bovins et porcins).

➤ Coûts pour l'Etat :

Le coût majoré attribué à toutes les épizooties non maîtrisées a été fixé à 200 000 000 euros (100^{aine} de millions supérieure correspondant au 99^e percentile des coûts calculés pour les épizooties maîtrisées pour l'ensemble du territoire).

La répartition des coûts médians induits pour l'Etat est décrite dans le Tableau XXXV.

Les distributions de coûts étaient assez proches d'un niveau de ressource à un autre. Quelle que soit la vitesse de diffusion (lente/rapide), la stratégie de référence SS apparaissait moins coûteuse (de l'ordre de 2 à 6 millions d'euros en coûts médians) et la stratégie d'abattage préventif toute espèce AA plus coûteuse (de l'ordre de 4 à 12 millions d'euros). Pour les autres stratégies, les distributions des coûts semblaient assez proches. En fait, seule la stratégie AA se distinguait réellement en termes de dispersion et variabilité avec un écart interquartile d'environ 9 millions d'euros pour une diffusion lente et 35-40 millions d'euros pour une diffusion rapide alors que pour les autres stratégies cet écart était de l'ordre de 4-5 millions d'euros pour une diffusion lente et 15-20 millions d'euros pour une diffusion rapide.

Tableau XXXV : Coûts médians induits pour l'Etat pour des épizooties de FA

Epizooties simulées selon 6 stratégies de lutte.

Valeurs exprimées en médianes [1^{er} et 3^e quartile] pour les épizooties déclarées, en millions d'euros.

Stratégies :		Diffusion lente		Diffusion rapide	
		Ressource normale	Ressource dégradée	Ressource normale	Ressource dégradée
▪ Stratégie sanitaire seule	SS	1,7 [0,6-3,7]	1,8 [0,6-3,7]	5,7 [1,9-14,6]	6,1 [2-16,3]
▪ Abattage préventif	AA	4,1 [1,9-10,3]	4,5 [1,9-10,9]	11,1 [3,9-40,1]	13,6 [4-45,1]
▪ Vaccination préventive	VV	2,4 [1,1-4,7]	2,4 [1,1-5]	7,4 [2,6-17,6]	7,1 [2,6-17,7]
▪ Abattage préventif sélectif	SA	2,2 [0,8-5,1]	2,1 [0,8-5,2]	7,7 [2,2-25,2]	7,7 [2,2-25,5]
▪ Vaccination préventive sélective	VS	2,2 [0,9-4,5]	2,2 [0,9-4,7]	6,5 [2,4-16,4]	6,6 [2,4-17,6]
▪ Abattage + Vaccination sélectifs	VA	2,6 [1,1-5,9]	2,6 [1,1-6]	8,1 [2,6-23,9]	8,1 [2,6-24,2]

Cette particularité de la stratégie d'abattage préventif AA se retrouvait également dans le calcul des coûts moyens (Tableau XXXVI et Tableau XXXVII). Ceci était, tout d'abord, expliqué par le nombre d'animaux abattus, les coûts dus à la gestion des opérations d'abattage (dont l'indemnisation) représentant près de 1000 euros par animal (alors que la vaccination induisait des coûts moyens de 18 euros par animal).

Quelles que soient la vitesse de diffusion et les ressources, les stratégies de surveillance et de vaccination (SS, VS et VV) apparaissaient les moins coûteuses en moyenne. La hiérarchie entre ces stratégies variait avec des coûts imputables à l'abattage des animaux et à la vaccination des animaux qui se compensaient. La stratégie VV s'imposait plus nettement lors de diffusion rapide et d'une gestion avec des ressources normales ; le nombre d'animaux moyens abattus était limité mais un grand nombre moyens d'animaux vaccinés était alors nécessaire.

Tableau XXXVI : Coûts moyens induits pour l'Etat et nombres d'animaux moyens abattus et vaccinés par stratégie de lutte pour toutes épizooties gérées avec des ressources normales.

Epizooties simulées selon 6 stratégies de lutte.

Valeurs calculées pour toutes épizooties déclarées correspondant aux valeurs moyennes minimales.

Stratégies :		Diffusion lente			Diffusion rapide		
		Coûts (millions d'euros)	Nb animaux abattus	Nb animaux vaccinés	Coûts (millions d'euros)	Nb animaux abattus	Nb animaux vaccinés
▪ Stratégie sanitaire seule	SS	2,6	1 861	0	19,9	13 875	0
▪ Abattage préventif	AA	7	4 733	0	30,1	23 309	0
▪ Vaccination préventive	VV	3,3	1 681	61 442	15,5	10 285	242 630
▪ Abattage préventif sélectif	SA	3,8	4 291	0	24,5	24 812	0
▪ Vaccination préventive sélective	VS	3	1 763	40 808	18,3	14 532	125 107
▪ Abattage + Vaccination sélectifs	VA	4,1	4 115	39 355	24,5	26 958	124 651

Tableau XXXVII : Coûts moyens induits pour l'Etat et nombres d'animaux moyens abattus et vaccinés par stratégie de lutte pour toutes épizooties gérées avec des ressources dégradées.

Epizooties simulées selon 6 stratégies de lutte.

Valeurs calculées pour toutes épizooties déclarées correspondant aux valeurs moyennes minimales.

Stratégies :		Diffusion lente			Diffusion rapide		
		Coûts (millions d'euros)	Nb animaux abattus	Nb animaux vaccinés	Coûts (millions d'euros)	Nb animaux abattus	Nb animaux vaccinés
▪ Stratégie sanitaire seule	SS	3,7	2 159	0	24,4	13 021	0
▪ Abattage préventif	AA	8,7	5 537	0	33,6	21 414	0
▪ Vaccination préventive	VV	3,5	1 795	62 285	21	12 982	61 442
▪ Abattage préventif sélectif	SA	4,9	4 664	0	27,3	20 681	0
▪ Vaccination préventive sélective	VS	3,3	1 953	41 400	21,2	13 498	40 808
▪ Abattage + Vaccination sélectifs	VA	4,4	4 321	39 668	23,7	21 813	39 355

Ces différences ont été également confirmées par l'analyse multivariée (Tableau XXXVIII).

La vaccination des animaux réduisait bien les coûts pour l'Etat (OR=0,915 et 0,882 pour respectivement la vaccination des bovins et porcs reproducteurs et des petits ruminants et porcs à l'engrais, $p < 0,0001$) et l'abattage augmentait ces coûts (OR=1,14 quelles soient les espèces abattues, $p < 0,0001$).

Le niveau de ressource influençait également sur les coûts ; une diminution des ressources augmentait les coûts (OR= 1,16, $p > 0,0001$).

Par ailleurs, ces coûts augmentaient aussi avec la densité d'élevage. De même, ces coûts étaient accentués quand les proportions d'ateliers de petits ruminants et de porcs dans le département d'introduction de la maladie augmentaient respectivement de 22% et 3% (écarts inter-quartiles).

Tableau XXXVIII : Résultats de l'analyse multivariée concernant les coûts induits pour l'Etat par des épizooties de FA

Résultats montrant l'impact des caractéristiques d'épizooties déclarées selon la vitesse de diffusion, le niveau de ressource, les mesures appliquées aux bovins et porcs reproducteurs et aux petits ruminants et porcs à l'engrais et le profil d'élevage (densité, proportions de petits ruminants et de porcs).

Modèle GEE de type Gaussien.

		OR [95% CI]	p-value
Ressource	<i>normale</i>		<i>Classe de référence</i>
	dégradée	1,16 [1,11- 1,21]	<0,0001
Vitesse de diffusion	<i>Lente</i>		<i>Classe de référence</i>
	Rapide	4,92 [4,04- 6,01]	<0,0001
Lutte bv/pc repro	<i>Surveillance</i>		<i>Classe de référence</i>
	Abattage	1,14 [1,09- 1,21]	<0,0001
	Vaccination	0,915 [0,875-0,957]	<0,0001
Lutte pr/pc eng.	<i>Surveillance</i>		<i>Classe de référence</i>
	Abattage	1,14 [1,08- 1,20]	<0,0001
	Vaccination	0,882 [0,826-0,942]	<0,0001
Densité d'élevage (nb/km²)			<i>Classe de référence</i>
	+ 0,7	1,97 [1,77-2,20]	<0,0001
Proportion d'élevages petits ruminants			<i>Classe de référence</i>
	+ 22%	1,36 [1,06-1,75]	0,01545
Proportion d'élevages de porcs			<i>Classe de référence</i>
	+ 3%	1,18 [1,09-1,28]	<0,0001

Bv/Pc repro. = bovins et porcs reproducteurs, Pr/Pc eng. = petits ruminants et porcs à l'engrais.

En effet, les coûts variaient selon le lieu d'introduction de la maladie et la stratégie de lutte (Figure 35).

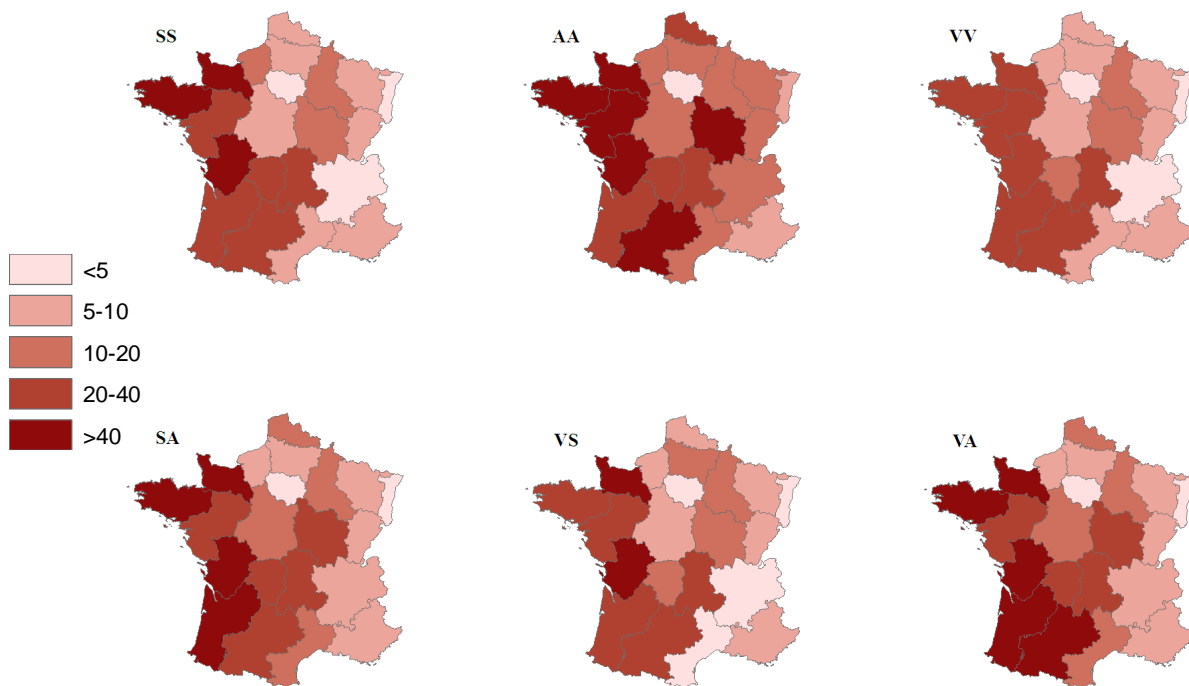
De façon générale, les coûts moyens étaient toujours plus élevés sur la partie ouest de la France (> à 20 millions d'euros). La vaccination de toutes les espèces (VV) permettait de diminuer les coûts globalement pour toutes les régions et notamment pour les régions avec des coûts dépassant sinon les 40 millions d'euros, comme par exemple la Basse-Normandie, le Poitou-Charentes.

Figure 35 : Coûts moyens induits pour l'Etat selon la région d'introduction et les différentes stratégies de lutte.

Coûts moyens en millions d'euros pour toutes les épizooties déclarées.

Paramètres : ressource normale et vitesse de diffusion rapide.

Abattage des foyers seul (SS), abattage préventif toute espèce (AA), vaccination préventive toute espèce (VV), abattage préventif sélectif des petits ruminants et des porcs à l'engrais (SA), vaccination sélective des bovins et des porcs reproducteurs (VS) et vaccination des bovins et des porcs reproducteurs et abattage préventifs des petits ruminants et des porcs à l'engrais (VA).



La vaccination (VV) était la stratégie optimale pour notamment les régions d'introduction située à l'ouest (Figure 36). Toutefois la stratégie de référence (SS) était également la meilleure pour un bon nombre de régions essentiellement à l'est. La stratégie intermédiaire (VS) était aussi intéressante en termes de coûts moyens contrairement aux stratégies avec des abattages préventifs (AA, SA et AV).

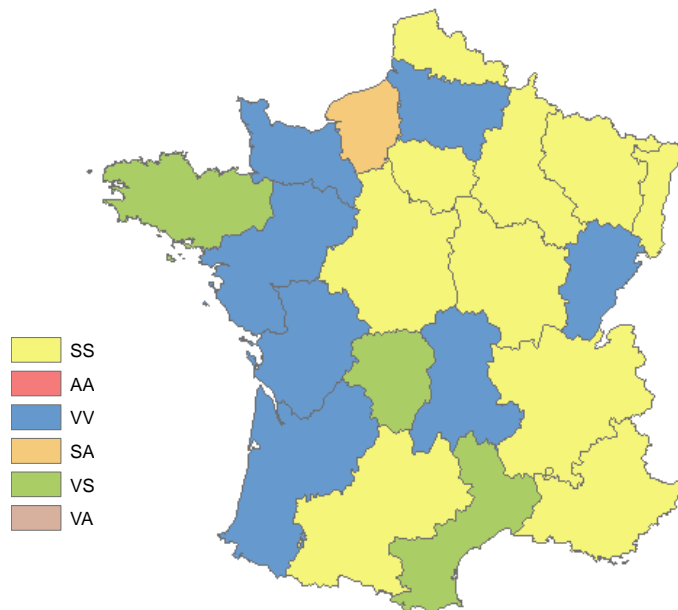
De façon générale, quand la stratégie de référence SS était optimale, les autres stratégies comprenant la surveillance et de la vaccination étaient assez proches (VS, VV) (Annexe 3). Et quand la stratégie de vaccination toute espèce (VV) était optimale, elle l'était de façon marquée, notamment dans les régions à forte densité (Basse-Normandie, Pays de la Loire,...)

Seule la Haute-Normandie avait pour stratégie optimale une stratégie avec des abattages préventifs mis en place sur petits ruminants et les porcs à l'engrais.

Figure 36 : Stratégie optimale pour chaque région d'introduction pour l'Etat (coûts moyens induits)

Paramètres : ressource normale et vitesse de diffusion rapide.

Abattage des foyers seul (SS), abattage préventif toute espèce (AA), vaccination préventive toute espèce (VV), abattage préventif sélectif des petits ruminants et des porcs à l'engrais (SA), vaccination sélective des bovins et des porcs reproducteurs (VS) et vaccination des bovins et des porcs reproducteurs et abattage préventifs des petits ruminants et des porcs à l'engrais (VA).



Pour l'Etat, les stratégies optimales en termes de coûts étaient plutôt des stratégies de **surveillance et de vaccination** pour l'ensemble du territoire.

La **vaccination générale** de toutes les espèces (VV) était d'autant plus optimale pour des épizooties démarrant dans des régions à **forte densité** d'élevage et quand la maladie diffusait rapidement, sinon une **vaccination limitée** (VS) ou une **simple surveillance** (SS) pouvait être économiquement **satisfaisantes**.

Les caractéristiques de la souche virale sévissant jouaient un rôle important sur les coûts des stratégies de lutte.

➤ **Coûts pour le secteur de l'élevage :**

Le coût majoré attribué à toutes les épizooties non maîtrisées a été fixé à 200 000 000 euros (100^{aine} de millions supérieure correspondant au 99^e percentile des coûts calculés pour les épizooties maîtrisées pour l'ensemble du territoire).

Les différences abattage/vaccination entre les coûts pour le secteur de l'élevage étaient moins marquées que les coûts pour l'Etat pour une diffusion lente de la maladie (Tableau XXXIX) ; les coûts médians étaient assez proches d'une stratégie à l'autre, de l'ordre de 1,5 millions d'euros.

A diffusion rapide, c'était plus contrasté avec des coûts médians autour de 5 millions d'euros sauf la stratégie d'abattage préventif de toutes les espèces (AA) avec des pertes de l'ordre de 3 millions d'euros. En effet, quelles que soient les ressources, la stratégie AA avait un coût médian moins élevé et de façon plus nette lors de diffusion rapide de la maladie. La stratégie (VV) apparaissait la plus coûteuse mais avec une variabilité plus grande (sauf avec ressources dégradées et une diffusion rapide).

Tableau XXXIX : Coûts médians induits pour le secteur de l'élevage (bovin et porc) par stratégie de lutte pour toutes épizooties de FA.

Epizooties simulées selon 6 stratégies de lutte.

Valeurs exprimées en médianes [1^{er} et 3^e quartile] pour les épizooties déclarées, en millions d'euros.

		Diffusion lente		Diffusion rapide	
		Ressource normale	Ressource dégradée	Ressource normale	Ressource dégradée
▪ Stratégie sanitaire seule	SS	1,5 [0,6-3,7]	1,5 [0,6-3,7]	4,6 [1,4-13,9]	4,9 [1,4-15,4]
▪ Abattage préventif	AA	1,2 [0,5-2,8]	1,3 [0,5-3,4]	2,8 [0,9-13,2]	3,8 [1-23,5]
▪ Vaccination préventive	VV	1,8 [0,7-4,6]	2,1 [0,8-5,3]	5,4 [1,5-15,4]	6,4 [1,8-20,6]
▪ Abattage préventif sélectif	SA	1,4 [0,5-3,5]	1,4 [0,5-3,6]	4,6 [1,4-18,4]	5 [1,4-24,2]
▪ Vaccination préventive sélective	VS	1,6 [0,7-4,1]	1,8 [0,7-4,7]	5,1 [1,4-13,9]	5,7 [1,6-16,1]
▪ Abattage + Vaccination sélectifs	VA	1,6 [0,7-4]	1,8 [0,7-4,5]	4,9 [1,5-16,2]	5,5 [1,5-18,1]

La présentation en coûts moyens ne confirmait pas les observations avec les coûts médians (Tableau XL et Tableau XLI). La hiérarchie des stratégies optimales était différente et variable selon les ressources disponibles et la vitesse de diffusion de la maladie.

A diffusion lente de la maladie, les coûts moyens étaient assez proches de l'ordre 3 millions d'euros. Avec des ressources normales, les mesures de surveillance SS et d'abattage AA étaient optimales alors qu'avec des ressources dégradées, les mesures de vaccination VV et VS étaient plus favorables que celles d'abattage.

En diffusion rapide, les mesures de vaccination (VV, VS) étaient économiquement optimales, de façon nette pour la vaccination toutes espèces (VV) avec des ressources normales et pour la vaccination sélective des bovins et des porcs reproducteurs (VS) avec des ressources moindres.

Encore une fois, la distribution des valeurs était dissymétrique et expliquait ces différences avec les coûts médians.

Tableau XL : Coûts moyens induits pour le secteur de l'élevage (bovin et porc) et nombre moyen d'élevages séquestrés et durée moyenne de séquestration par stratégie de lutte gérée avec des ressources normales.

Epizooties simulées selon 6 stratégies de lutte.

Valeurs calculées pour toutes épizooties déclarées correspondant aux valeurs moyennes minimales.

		Diffusion lente			Diffusion rapide		
Stratégies :		Coûts (millions en euros)	Séquestration Nb élevages	Durée (j)	Coûts (millions en euros)	Séquestration Nb élevages	Durée (j)
▪ Stratégie sanitaire seule	SS	2,4	814	47	18,7	2 652	82
▪ Abattage préventif	AA	2,5	696	45	19,8	2 225	78
▪ Vaccination préventive	VV	3,1	797	56	14,5	2 412	74
▪ Abattage préventif sélectif	SA	2,6	782	47	21,7	2 539	87
▪ Vaccination préventive sélective	VS	2,6	808	51	16,9	2 558	78
▪ Abattage + Vaccination sélectifs	VA	2,7	781	51	28,8	2 607	83

Tableau XLI : Coûts moyens induits pour le secteur de l'élevage (bovin et porc) et nombre moyen d'élevages séquestrés et durée moyenne de séquestration par stratégie de lutte gérée avec des ressources dégradées.

Epizooties simulées selon 6 stratégies de lutte.

Valeurs calculées pour toutes épizooties déclarées correspondant aux valeurs moyennes minimales.

		Diffusion lente			Diffusion rapide		
Stratégies :		Coûts (millions en euros)	Séquestration Nb élevages	Durée (j)	Coûts (millions en euros)	Séquestration Nb élevages	
▪ Stratégie sanitaire seule	SS	3,5	857	49	23,5	2 660	90
▪ Abattage préventif	AA	4,1	756	52	25,5	2 594	95
▪ Vaccination préventive	VV	3,6	809	61	22,5	2 795	92
▪ Abattage préventif sélectif	SA	4	828	50	25,7	2 594	94
▪ Vaccination préventive sélective	VS	3,2	819	55	19,8	2 667	87
▪ Abattage + Vaccination sélectifs	VA	3,5	788	56	22,2	2 615	90

Ces coûts moyens étaient en relation avec un nombre élevé d'élevages séquestrés et/ou un temps de séquestration moyen long.

Les coûts moyens imputés à la filière bovine correspondaient à 80-90% des coûts moyens totaux.

Les effets des différentes variables ont été étudiés par une analyse multivariée (Tableau XLII).

Les mesures de lutte avaient en fait peu d'effet sur les coûts induits pour le secteur de l'élevage. Seul l'abattage des petits ruminants et des porcs à l'engrais augmentait ce coût (OR= 1,12- p=0,0009).

Par contre, le fait d'être en ressources dégradées influait bien sûr ce coût (OR= 1,23- p<0,0001).

Concernant le profil d'élevage, une augmentation de la proportion d'élevages de porcs augmentait aussi les coûts (OR = 1,23 pour une augmentation de 2%, p<0,0001).

A nouveau, la vitesse de diffusion avait un effet marqué sur les coûts (OR = 5,7- p<0,0001).

Tableau XLII : Résultats de l'analyse multivariée concernant les coûts induits par des épizooties de FA pour le secteur de l'élevage (bovin et porc).

Résultats montrant l'impact des caractéristiques d'épizooties déclarées selon la vitesse de diffusion, le niveau de ressource, les mesures appliquées aux bovins et porcs reproducteurs et aux petits ruminants et porcs à l'engrais et le profil d'élevage (densité, proportions de petits ruminants et de porcs).

Modèle GEE de type Gaussien.

Coûts « Elevages »		OR [95% CI]	p-value
Ressource	<i>normale</i>		<i>Classe de référence</i>
	dégradée	1,23 [1,15-1,32]	<0,0001
Vitesse de diffusion	<i>Lente</i>		<i>Classe de référence</i>
	Rapide	5,70 [4,40-7,38]	<0,0001
Lutte bv/pc repro.	<i>Surveillance</i>		<i>Classe de référence</i>
	Abattage	NS	> 0,05
	Vaccination	NS	> 0,05
Lutte pr/pc eng.	<i>Surveillance</i>		<i>Classe de référence</i>
	Abattage	1,12 [1,05-1,20]	0,0009
	Vaccination	NS	>0,05
Densité d'élevage (nb/km ²)	+ 0,7	NS	>0,05
Proportion d'élevages petits ruminants	+ 22%	NS	>0,05
Proportion d'élevages de porcs	+ 3%	1,23 [1,11-1,36]	<0,0001

Bv/Pc repro. = bovins et porcs reproducteurs, Pr/Pc eng. = petits ruminants et porcs à l'engrais.

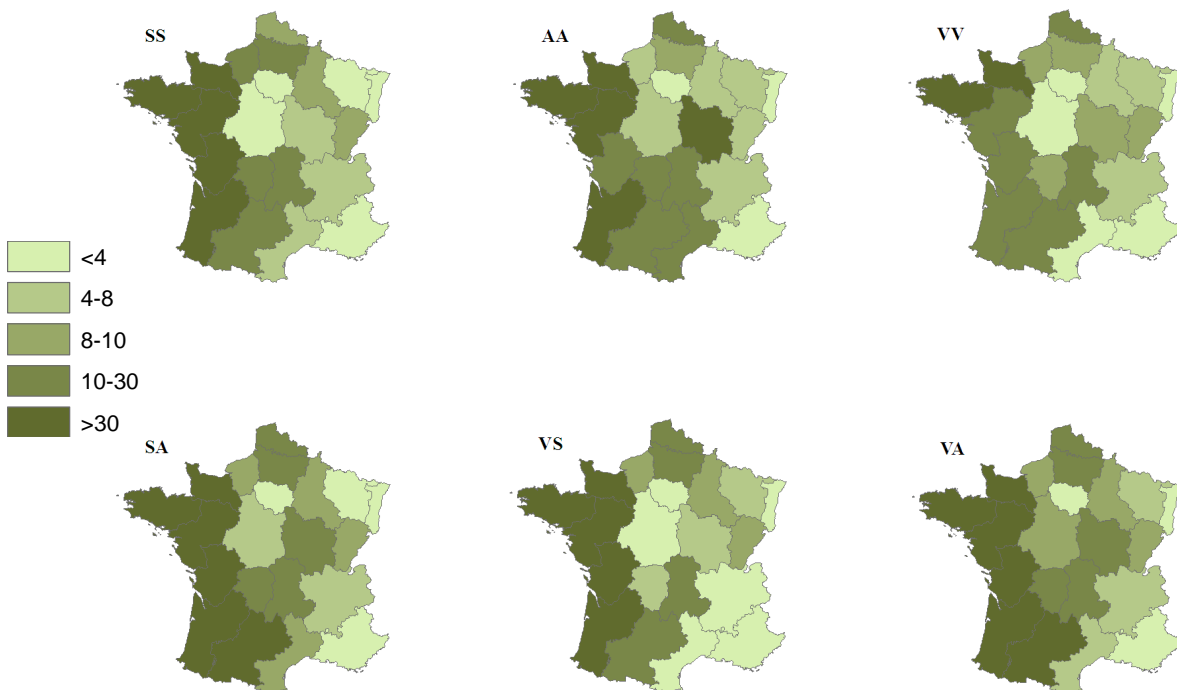
Des variations de coûts moyens étaient également observées selon la stratégie de lutte et la région d'introduction (Figure 37). Encore une fois, les coûts moyens étaient plus élevés à l'Ouest de la France (>10 millions d'euros).

Figure 37 : Coûts moyens induits pour le secteur de l'élevage selon la région d'introduction et les différentes stratégies de lutte.

Coûts moyens en millions d'euros pour toutes les épizooties déclarées.

Paramètres : ressource normale et vitesse de diffusion rapide.

Abattage des foyers seul (SS), abattage préventif toute espèce (AA), vaccination préventive toute espèce (VV), abattage préventif sélectif des petits ruminants et des porcs à l'engrais (SA), vaccination sélective des bovins et des porcs reproducteurs (VS) et vaccination des bovins et des porcs reproducteurs et abattage préventifs des petits ruminants et des porcs à l'engrais (VA).



Cette fois, parmi les stratégies optimales en termes de coûts induits pour le secteur de l'élevage, on retrouvait des stratégies avec abattage AA et SA en plus des autres stratégies avec vaccination et de surveillance (SS, VV et SV).

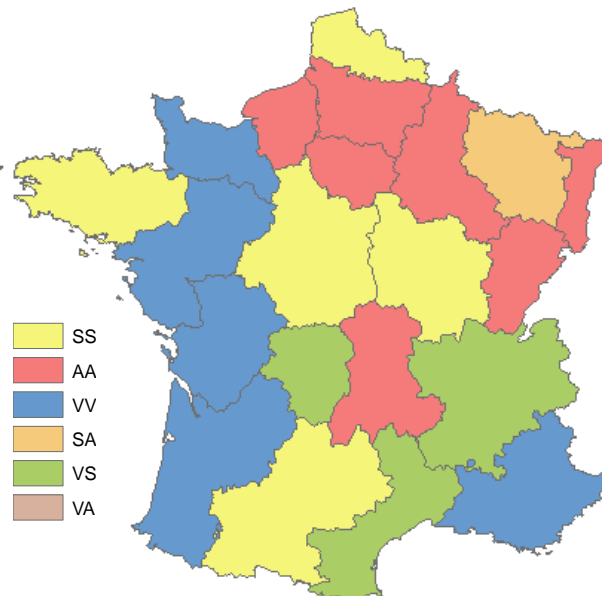
Ainsi, pour les régions de l'ouest, la vaccination de toutes les espèces (VV) restait optimale. Par contre, en Bretagne, la stratégie la moins coûteuse pour le secteur de l'élevage était la stratégie de référence SS, tout comme dans d'autres régions telle que le Centre, la Bourgogne, le Nord-Pas-de-Calais et Midi-Pyrénées.

Sauf pour les régions à faible densité d'élevages, les stratégies optimales se démarquaient nettement des autres stratégies (Annexe 3). Ainsi, alors que pour toute la façade ouest, la stratégie optimale était la vaccination générale (VV), en Bretagne la stratégie de référence se démarquait comme stratégie optimale suivie de la stratégie de vaccination sélective des bovins et porcs reproducteurs (VS).

Figure 38 : Stratégie optimale pour chaque région d'introduction pour le secteur de l'élevage (bovin et porc) (coûts moyens induits)

Paramètres : ressource normale et vitesse de diffusion rapide.

Abattage des foyers seul (SS), abattage préventif toute espèce (AA), vaccination préventive toute espèce (VV), abattage préventif sélectif des petits ruminants et des porcs à l'engrais (SA), vaccination sélective des bovins et des porcs reproducteurs (VS) et vaccination des bovins et des porcs reproducteurs et abattage préventifs des petits ruminants et des porcs à l'engrais (VA).



Comme l'analyse multivariée a pu le montrer, les mesures de lutte avaient en fait peu d'influence sur les coûts induits pour le secteur de l'élevage, à part l'abattage des petits ruminants et des porcs à l'engrais.

Toutefois, des différences dans les distributions des valeurs et des disparités au niveau régional ont été constatées. Ces coûts étaient, en réalité, surtout en relation avec le contrôle des épizooties variant avec les **ressources** et les **caractéristiques de la souche** sévissant.

➤ Coûts pour les abattoirs :

Le coût majoré attribué à toutes les épizooties non maîtrisées a été fixé à 50 000 000 euros (50^{aine} de millions supérieure correspondant au 99^e percentile des coûts calculés pour les épizooties maîtrisées pour l'ensemble du territoire).

Les coûts médians induits pour les établissements d'abattage étaient plutôt de l'ordre 500 000 euros pour une diffusion lente et 1 500 000 pour une diffusion rapide (Tableau XLIII).

Comme pour le secteur de l'élevage, la stratégie AA apparaissait être la stratégie la moins coûteuse dans tous les cas de figure et VV la plus coûteuse en coûts médians. Les coûts étaient, tout de même, assez proches d'une stratégie à l'autre et les écarts interquartiles homogènes.

Tableau XLIII : Coûts médians induits pour le secteur « abattoir » (bovin et porc) par stratégie de lutte pour toutes épizooties de FA.

Epizooties simulées selon 6 stratégies de lutte.

Valeurs exprimées en médianes [1^{er} et 3^e quartile] pour les épizooties déclarées, en millions d'euros.

Stratégies :		Diffusion lente		Diffusion rapide	
		Ressource normale	Ressource dégradée	Ressource normale	Ressource dégradée
▪ Stratégie sanitaire seule	SS	0,48 [0,16-1,5]	0,5 [0,15-1,5]	1,5 [0,36-5,6]	1,7 [0,36-5,6]
▪ Abattage préventif	AA	0,37 [0,12-1,3]	0,43 [0,13-1,5]	1 [0,25-5,1]	1,4 [0,26-8,8]
▪ Vaccination préventive	VV	0,56 [0,18-1,9]	0,63 [0,18-2,1]	1,6 [0,36-5,9]	2 [0,41-7,7]
▪ Abattage préventif sélectif	SA	0,44 [0,14-1,5]	0,47 [0,14-1,6]	1,5 [0,33-6,8]	1,6 [0,34-8,3]
▪ Vaccination préventive sélective	VS	0,53 [0,17-1,7]	0,57 [0,17-1,9]	1,6 [0,39-5,8]	1,8 [0,4-6,6]
▪ Abattage + Vaccination sélectifs	VA	0,49 [0,15-1,7]	0,54 [0,16-1,9]	1,5 [0,34-6,5]	1,7 [0,36-7,5]

Avec les coûts moyens, la hiérarchie des stratégies optimales n'était qu'en partie confirmée.

La stratégie d'abattage de toutes les espèces (AA) était la moins coûteuse lors de diffusion lente et avec des ressources normales (Tableau XLIV). Avec les mêmes ressources, à diffusion rapide, c'était la vaccination (VV) qui apparaissait la plus économique.

Sinon, avec des ressources dégradées, les stratégies avec des mesures différentes selon les espèces (VS et VA) s'avéraient les moins coûteuses.

Tableau XLIV : Coûts moyens induits pour le secteur « abattoir » (bovin et porc) par stratégie de lutte pour toutes épizooties de FA.

Valeurs calculées pour toutes épizooties déclarées correspondant aux valeurs moyennes minimales.

Stratégies :		Diffusion lente		Diffusion rapide	
		Ressource normale	Ressource dégradée	Ressource normale	Ressource dégradée
▪ Stratégie sanitaire seule	SS	1,02	1,31	5,4	6,55
▪ Abattage préventif	AA	0,94	1,35	5,17	6,55
▪ Vaccination préventive	VV	1,25	1,41	4,82	6,13
▪ Abattage préventif sélectif	SA	1,06	1,37	6,11	7,07
▪ Vaccination préventive sélective	VS	1,08	1,29	5,12	5,71
▪ Abattage + Vaccination sélectifs	VA	1,08	1,24	5,88	5,97

L'analyse multivariée a permis de clarifier ces résultats (Tableau XLV).

Les mesures de lutte (abattage et vaccination) des bovins et porcs charcutiers diminuaient toutes les deux les coûts induits pour le secteur de l'abattage (respectivement OR=0,94, p=0,03 et OR=0,004, p=0,004). Par contre, seul l'abattage des petits ruminants et des porcs à l'engrais avait une influence sur les coûts mais cette fois avec une tendance à l'augmentation (OR=1,06, p=0,04). Cela concordait avec le Tableau XLIV où la stratégie SA était la plus coûteuse. Toutefois, les valeurs pour l'abattage des animaux étaient en limite du seuil de significativité de 5% et les OR très proche de 1.

Par contre, les ressources influent sur les coûts (OR=1,15, p<0,0001).

La densité d'élevage et la proportion de porcs avaient également un effet d'augmentation des coûts. Et encore une fois, la vitesse de diffusion rapide augmentait nettement les coûts, de 4,5 par rapport à une diffusion lente ($p < 0,0001$).

Tableau XLV : Résultats de l'analyse multivariée concernant les coûts induits par des épizooties de FA pour le secteur « abattoir »

Résultats montrant l'impact des caractéristiques d'épizooties déclarées selon la vitesse de diffusion, le niveau de ressource, les mesures appliquées aux bovins et porcs reproducteurs et aux petits ruminants et porcs à l'engrais et le profil d'élevage (densité, proportions de petits ruminants et de porcs).

Modèle GEE de type Gaussien.

Coûts « Abattoirs »		OR [95% CI]	p-value
Vitesse de diffusion	Lente	Classe de référence	
	Rapide	4,5 [3,8-5,4]	<0,0001
Ressource	normale	Classe de référence	
	dégradée	1,15 [1,09- 1,21]	<0,0001
Lutte bv/pc repro	Surveillance	Classe de référence	
	Abattage	0,94 [0,88-0,99]	0,03
	Vaccination	0,93 [0,89-0,98]	0,004
Lutte pr/pc autre	Surveillance	Classe de référence	
	Abattage	1,06 [1- 1,12]	0,04
	Vaccination	NS	>0,05
Densité d'élevage (nb/km ²)	+ 0,7	2,1[1,8-2,3]	<0,0001
Proportion d'élevages petits ruminants	+ 22%	NS	>0,05
Proportion d'élevages de porcs	+ 3%	1,22 [1,12-1,33]	<0,0001

A nouveau, les coûts moyens les plus importants étaient induits dans la région de l'Ouest (> à 4 millions d'euros) pour une diffusion rapide et des ressources normales (Figure 39).

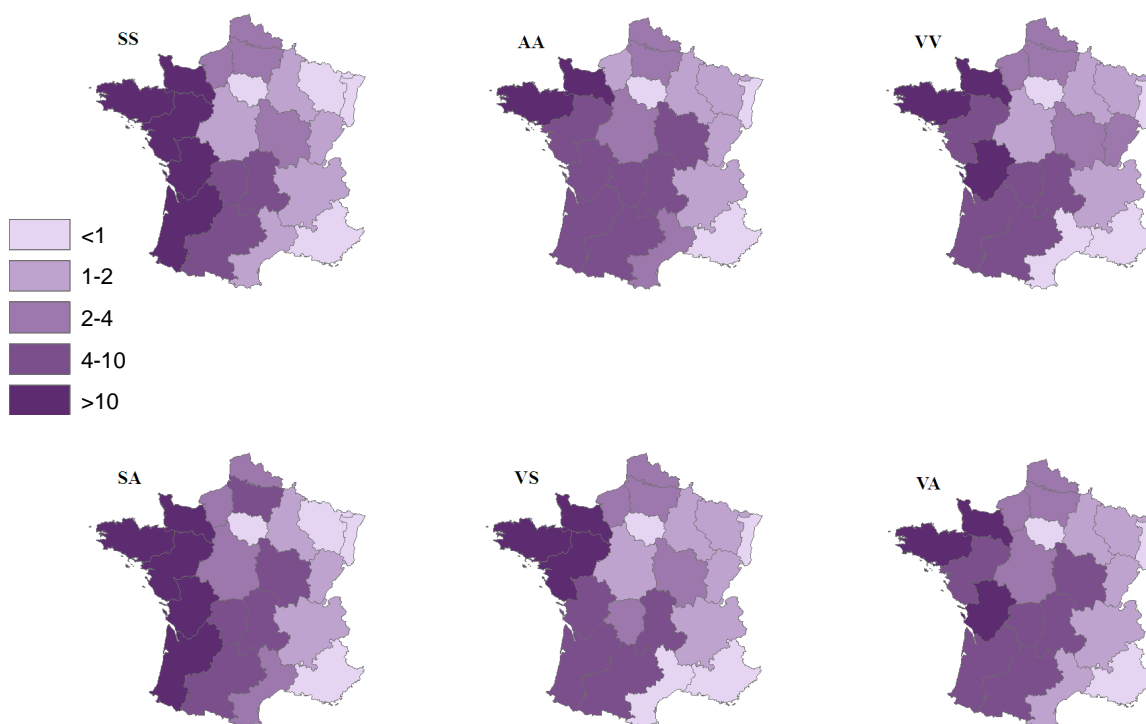
Dans ces mêmes régions, les stratégies d'abattage (AA) et de vaccination (VV, VS et VA) apparaissaient moins onéreuses que les stratégies SS et SA. Pour la partie est du pays, les différences étaient moins marquées.

Figure 39 : Coûts moyens induits pour le secteur « abattoir » (bovin et porc) selon la région d'introduction et les différentes stratégies de lutte.

Coûts moyens en millions d'euros pour toutes les épizooties déclarées.

Paramètres : ressource normale et vitesse de diffusion rapide.

Abattage des foyers seul (SS), abattage préventif toute espèce (AA), vaccination préventive toute espèce (VV), abattage préventif sélectif des petits ruminants et des porcs à l'engrais (SA), vaccination sélective des bovins et des porcs reproducteurs (VS) et vaccination des bovins et des porcs reproducteurs et abattage préventifs des petits ruminants et des porcs à l'engrais (VA).



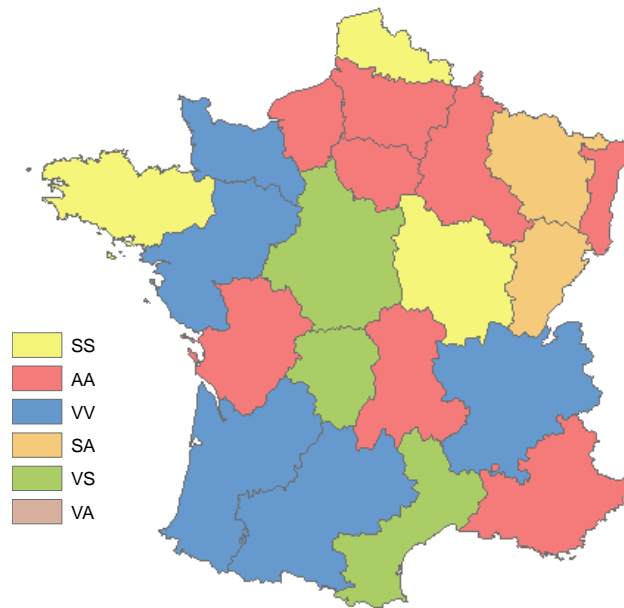
Comme pour le secteur de l'élevage, les 5 stratégies SS, AA, VV, SA et VS pouvaient être optimales selon la région d'introduction considérée. La stratégie d'abattage préventif et de vaccination VA n'était jamais la stratégie la plus économique.

La vaccination VV restait la stratégie optimale pour les régions de l'Ouest, sauf, à nouveau pour la Bretagne (plutôt SS) et cette fois-ci également pour le Poitou-Charentes (plutôt AA). La stratégie d'abattage préventif de tous les animaux (AA) demeurait encore très présente dans 8 régions sur les 21. Toutefois, ici, les différences de coûts entre les stratégies étaient moins marquées même dans les régions à forte densité (Annexe 3).

Figure 40 : Stratégie optimale pour chaque région d'introduction pour le secteur « abattoir » (bovin et porc) (coûts moyens induits)

Paramètres : ressource normale et vitesse de diffusion rapide.

Abattage des foyers seul (SS), abattage préventif toute espèce (AA), vaccination préventive toute espèce (VV), abattage préventif sélectif des petits ruminants et des porcs à l'engrais (SA), vaccination sélective des bovins et des porcs reproducteurs (VS) et vaccination des bovins et des porcs reproducteurs et abattage préventifs des petits ruminants et des porcs à l'engrais (VA).



Comme pour le secteur de l'élevage, proposer une **hiérarchie de stratégie optimale** en termes de coûts induits pour le secteur des abattoirs était **difficile**.

D'après l'analyse multivariée, les mesures de lutte avaient bien des influences sur les coûts, mais cela ne permettait pas de réaliser un classement : vacciner ou abattre les bovins et les porcs reproducteurs avait le même effet de réduire les coûts et l'abattage des petits ruminants les augmentait que légèrement.

Encore une fois, ce sont surtout les **caractéristiques d'élevages** (densité et proportion de porcs) et celles de la **souche sévissant** qui influent sur ces coûts.

➤ Synthèse des résultats

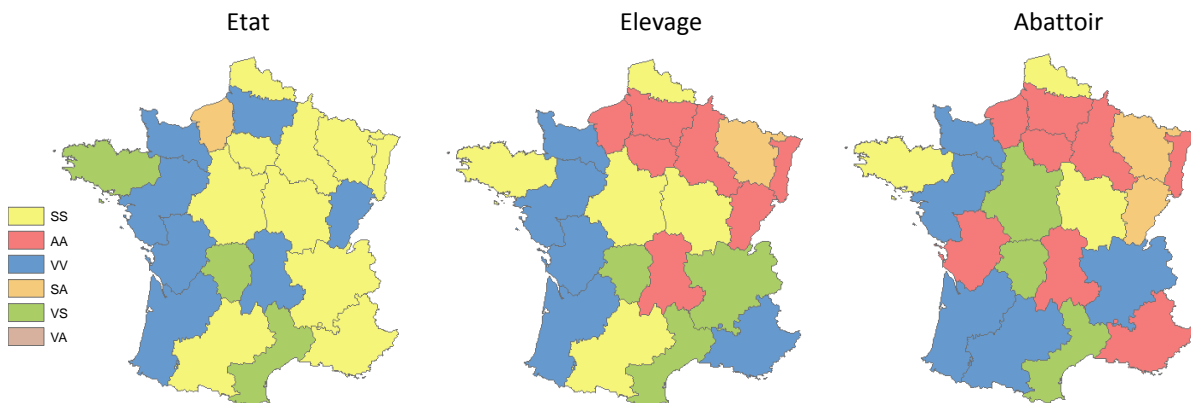
Les avantages d'une stratégies de lutte ont été traduits en termes de maîtrise, de réduction de durée et de nombre de foyers.

Ainsi pour pouvoir comparer les stratégies de lutte, il faut mettre en parallèle, son efficacité (maîtrise, ampleur) et ses coûts (Tableau XLVI). Les Figure 36, Figure 38 et Figure 40 illustrant les stratégies optimales dans chaque région pour chaque secteur ont été regroupées en Figure 41.

Figure 41 : Stratégies optimales en termes de coûts moyens induits pour les différents secteurs par des épizooties de FA

Paramètres : ressource normale et vitesse de diffusion rapide.

Abattage des foyers seul (SS), abattage préventif toute espèce (AA), vaccination préventive toute espèce (VV), abattage préventif sélectif des petits ruminants et des porcs à l'engrais (SA), vaccination sélective des bovins et des porcs reproducteurs (VS) et vaccination des bovins et des porcs reproducteurs et abattage préventifs des petits ruminants et des porcs à l'engrais (VA).



Les mesures économiquement optimales étaient donc différentes d'un secteur à un autre ; avec d'un côté, les coûts pour l'Etat et de l'autre les pertes pour l'élevage et les abattoirs. Les coûts pour l'Etat étaient beaucoup plus dépendants des mesures de lutte : indemnisation des animaux, achat du vaccin et mise en œuvre,...alors que les pertes pour l'élevage et abattoirs étaient, en réalité, plus en relation avec la diffusion la maladie et le lieu où elle sévissait.

Dans le Tableau XLVI synthétique réalisé pour une diffusion rapide de la maladie et des ressources normales, la vaccination apparaissait comme la stratégie économiquement optimale pour tous les secteurs. De plus, la vaccination présentait la durée de séquestration la plus courte en valeurs moyenne. Cela s'expliquait par le fait que cette stratégie maîtrisait mieux les épizooties contrairement aux autres stratégies. Les durées des épizooties maîtrisées étant, dans la majorité des cas, plus courtes que celles des non maîtrisées. La vaccination entraînait donc peu d'épizooties extrêmement longues et donc son handicap de rallonger les épizooties était effacé par ces valeurs moyennes.

Tableau XLVI : Synthèse d'efficacité et d'efficience des différentes stratégies de lutte

Paramètres : ressource normale et vitesse de diffusion rapide.

Valeurs moyennes calculées pour toutes les épizooties déclarées.

Les valeurs pour les nombres d'animaux et la séquestration sont des valeurs moyennes minimales car les valeurs pour les épizooties non maîtrisées correspondent aux valeurs à l'arrêt des simulations.

Stratégies :		Coûts Etat	Coûts Elevage	Coûts Abattoir	Nb animaux		Séquestration		Maîtrise des épizooties
					abattus	vaccinés	Nb élevages	Durée (j)	
▪ Stratégie sanitaire seule	SS	19,9	18,7	5,4	13 875	0	2 652	82	89,9%
▪ Abattage préventif	AA	30,1	19,8	5,2	23 309	0	2 225	78	91,4%
▪ Vaccination préventive	VV	15,5	14,5	4,8	10 285	242 630	2 412	74	98,1%
▪ Abattage préventif sélectif	SA	24,5	21,7	6,1	24 812	0	2 539	87	88,7%
▪ Vaccination préventive sélective	VS	18,3	16,9	5,1	14 532	125 107	2 558	78	93,5%
▪ Abattage + Vaccination sélectifs	VA	24,5	28,8	5,9	26 958	124 651	2 607	83	91,6%

4 DISCUSSION

L'application de la modélisation a permis de disposer d'un outil d'évaluation de l'importance (durée, nombre de foyers, ampleur géographique,...) d'épizooties de FA et de l'impact des systèmes de surveillance et des stratégies de contrôles si une épizootie devait se déclarer en France.

4.1 LE MODELE DE DIFFUSION

La plupart des modèles déjà existants font l'hypothèse que la maladie se propage si rapidement entre exploitations qu'une approche de transmission intra-troupeau n'est pas nécessaire. En revanche, le modèle utilisé, ici, prend bien en compte explicitement cette diffusion intra-troupeau et plus précisément la diffusion à l'intérieur d'un lot monospécifique et entre les lots au sein d'un élevage. De cette façon, l'hétérogénéité de l'infectiosité selon la taille des lots et les espèces présentes est directement prise en compte tout comme certains auteurs l'ont abordée (Keeling *et al.*, 2001; Backer *et al.*, 2009b). Le modèle proposé par Keeling traduit cette hétérogénéité avec deux paramètres spécifiques à l'espèce présente dans l'élevage ; la sensibilité et la transmissibilité calculées d'après des épizooties passées. Ici, les paramètres de transmission de l'étude ont été fixés à dire d'experts. Pour ceux correspondant à une vitesse de diffusion rapide, les résultats de la consultation d'experts conduisaient à un R0 de 110 pour les bovins et de 85 pour les porcs. Les chiffres sont compatibles avec les données expérimentales d'Orsel *et al.* (2009) qui sont 176,65[80,31-388,24] pour une vache laitière et 30,74[11,09-85,17] pour des porcelets. Par contre, les durées de résidence dans chacun des états L, I, J ont été déterminées suite à une méta-analyse de données provenant d'essais expérimentaux (Mardones *et al.*, 2010).

Des études expérimentales (Bouma *et al.*, 2004; Eble *et al.*, 2006) mais aussi d'après l'épizootie de 2001 montrent l'importance des barrières de biosécurité et leur effet protecteur dans la diffusion locale par contact (Honhold, 2006). Les forces d'infection ont donc été, à ce titre, modulées par ces facteurs. Ainsi, les pratiques d'élevage spécifiques aux porcs qui sont élevés majoritairement en bâtiment ont bien été prises en compte les distinguant ainsi de celles des ruminants.

Ainsi, avec l'introduction des données du réseau d'élevage (population et mouvements), le modèle prend bien en compte les spécificités réelles des différentes espèces sensibles pour la diffusion mais également en termes de détection et d'application de mesures de lutte.

Toutefois, l'absence de données concernant les mouvements des petits ruminants est relativement pénalisante dans cette étude et induit probablement une sous-estimation de la diffusion réelle du virus et des coûts pour le secteur de l'élevage et pour les abattoirs.

Enfin, la réorganisation des flux d'animaux lors de la mise en place du périmètre interdit n'a pas été prise en compte, ainsi que d'éventuelles dérogations concernant les mouvements ou la réalisation d'abattages « bien-être » d'animaux ne pouvant être gardés dans les élevages séquestrés.

Les résultats des simulations ont montré une variabilité importante. L'appariement des simulations d'épizooties par un même lieu et date d'introduction permettait d'y pallier en partie.

Les conclusions apportées par exploitation du modèle ainsi créé ont permis d'apporter des informations et des pistes de réflexions en matière de surveillance et de lutte contre la FA.

4.2 LA PHASE SILENCIEUSE

Tout d'abord, la phase silencieuse et la situation à la découverte du premier foyer ont été étudiées. De façon générale, la maladie diffusait silencieusement dans une zone plutôt restreinte au département d'introduction pendant environ une 10^{aine} de jours en moyenne avant d'être détectée.

Des études précédentes ont démontré que le nombre d'élevages contaminés, l'extension géographique et la durée de cette phase influençaient le devenir des épizooties. Toutefois, les travaux effectués ici démontrent que, quels que soient les dispositifs de surveillance mis en place, cette phase est de même ampleur. Les caractéristiques de cette phase sont en fait très tributaires des caractéristiques de la souche virale et du profil d'élevage du lieu où la maladie était introduite.

Cette particularité est valable pour l'ensemble de la diffusion d'une épizootie.

En effet, toutes les conclusions obtenues ont montré le rôle important joué par les caractéristiques intrinsèques de la maladie et dans une moindre mesure de la densité ou de la composition des élevages, paramètres ne pouvant être contrôlés. Le fait de sélectionner deux valeurs pour le paramètre de diffusion a permis d'avoir deux approches une pessimiste, une optimiste. Certains résultats par exemple pouvaient se voir multiplier, selon ces valeurs, par 30 comme pour la maîtrise des épizooties ou doubler comme le nombre de foyers.

Toutefois, les travaux se sont attachés à évaluer l'impact de paramètres qui sont plus sujets à être contrôlés par les autorités sanitaires : le système de surveillance, les stratégies de lutte et les ressources allouées.

4.3 L'ORGANISATION DU SYSTEME DE SURVEILLANCE PASSIVE

L'impact de la composition et l'organisation du réseau de surveillance passive sur la diffusion et le contrôle de la maladie ont été étudiées. Dans tous les cas, le réseau consistant en une coopération entre l'éleveur et le vétérinaire était toujours plus performant que celui avec l'éleveur seul. Mais le réseau hiérarchique avec la consultation d'un vétérinaire référent l'était encore plus.

Tout d'abord, la comparaison du réseau avec le vétérinaire avec celui avec l'éleveur seul a montré la valeur ajoutée des vétérinaires dans la détection de la maladie. En effet dans le réseau « éleveur », l'éleveur jouait également le rôle du vétérinaire mais son point de vue était limité à son élevage. Pour le réseau avec le vétérinaire, le point de vue du vétérinaire était plus large car il suivait l'ensemble des animaux de sa clientèle ce qui lui permettait de détecter plus rapidement la maladie parmi les différents cas qu'il pouvait voir dans des troupeaux distincts. De la même façon, les améliorations apportées par le vétérinaire référent illustraient également cette valeur ajoutée d'avoir un point de vue plus large. Le référent avait plus une perspective d'ensemble de la situation car avait des retours de différents vétérinaires de terrain. De plus, ce référent n'intervenait que si le vétérinaire sanitaire ne reconnaissait pas immédiatement la maladie, il augmentait donc nécessairement la sensibilité du système de surveillance.

Comme il a été déjà évoqué, l'impact du système de surveillance agissait surtout après la découverte du 1^{er} foyer en assurant une détection plus rapide des élevages infectés. En effet, après la déclaration de l'épizootie, tous nouveaux cas identifiés précocement permettaient la mise en œuvre plus précoce de l'enquête épidémiologique avec le traçage des mouvements et l'identification des élevages contacts et donc l'identification plus rapide des élevages à risque. Cette meilleure détection précoce des élevages infectés induisait un effet « boule de neige » aboutissant à une réduction de l'ampleur des épizooties.

Par ailleurs, dans notre modèle, un réseau de surveillance ne pouvait correctement fonctionner que si ses acteurs étaient suffisamment sensibilisés et formés.

4.4 LA COMPARAISON DE STRATEGIES DE LUTTE

Lors de l'étude de l'impact de l'organisation des systèmes de surveillance sur la dynamique épizootique, on a pu déjà constater que la stratégie de référence d'abattage seul des foyers n'était pas suffisante. Les différents moyens de lutte envisageables (surveillance, abattage et vaccination) ont été combinés pour former différentes stratégies de lutte et être comparés à la stratégie de référence en termes d'ampleur et de coûts.

Des stratégies avec les animaux à plus forte valeur économique (bovins et porcs reproducteurs) ont été distinguées afin de créer des solutions alternatives aux stratégies générales. N'ont été retenues que les stratégies favorables au maintien en vie de ces animaux.

Pour la réalisation de cette analyse, la maîtrise et l'ampleur des épizooties (durée et nombre de foyers) ont été évaluées. La comparaison des stratégies de lutte en termes de maîtrise (contrôle de l'épizootie en moins de 6 mois ou avant d'atteindre 2000 foyers) a révélé que la vaccination permettait quelque soit la situation de contrôler au mieux les épizooties. Cette stratégie était également moins sensible aux moyens disponibles pour sa mise en place contrairement aux abattages. Toutefois, la vaccination allongeait la durée des épizooties et réduisait moins nettement le nombre de foyers par rapport aux mesures d'abattage préventif. Toutefois, pour une diffusion lente de la maladie, toutes les stratégies avaient le même niveau d'efficacité en termes de maîtrise.

Une fois les épizooties maîtrisées, le nombre de foyers et la durée des épizooties étaient limités et plutôt dépendants comme déjà évoqué, de la souche virale sévissant et de la zone d'introduction de la maladie.

Cette notion de maîtrise n'a jamais été réellement abordée dans la littérature. Les limites fixées (2000 foyers et 6 mois) étant assez larges (en cohérence avec l'épisode britannique de 2001), cela représentait une bonne approche pour caractériser les épizooties non maîtrisables. Il est toutefois à espérer que, les décideurs pouvant se rendre compte de la situation, changeraient de stratégie de lutte avant ce stade. Cette notion de maîtrise est un bon indicateur de l'efficacité des mesures de lutte. En effet, le nombre de foyers, comme on a pu le voir est souvent un chiffre artificiel notamment lors de la mise en place d'abattages préventifs. La durée quand à elle est surtout déterminante pour les coûts induits.

Toutefois, dans de nombreuses études, l'efficacité est appréciée selon la réduction du nombre de foyers et de la durée des épizooties. Ainsi, parmi leur comparaison de stratégie de gestion lors d'épizooties survenant en Espagne, Martinez-Lopez *et al.* ont montré que l'implémentation de stratégies de lutte alternatives tels que l'abattage des élevages voisins dans un rayon de 1 km ou la vaccination dans un rayon 3 km autour de l'élevage infecté permettaient de réduire significativement le nombre d'élevages infectés par rapport à la stratégie de référence (Martinez-Lopez *et al.*, 2010).

L'étude menée par Le Menach *et al.* pour des épizooties sévissant en France, amenait aux mêmes conclusions. La stratégie de référence d'abattage seul des foyers apparaissait souvent comme insuffisante. Toutefois les stratégies d'abattage et de vaccination avaient à la fois une forte efficacité en termes de réduction du nombre d'élevages infectés, foyers et en termes de durées des épizooties (Le Menach *et al.*, 2005). Après avoir testé différents rayons de vaccination (3, 5 et 10 km), les auteurs concluaient à un rayon optimal de 5 km comme bon compromis entre la réduction de l'ampleur des épizooties et la bonne réalisation de cette mesure (logistique et moyens) avec un maximum de 60% des animaux à vacciner dans le périmètre d'intervention.

Par ailleurs, les auteurs présentaient une carte des zones à risque de diffusion du virus (Figure 8) qu'il est possible de mettre en parallèle avec la Figure 34. Les zones d'élevages présentées comme à risque élevé de diffusion du virus se retrouvaient être les départements ayant une forte probabilité d'atteinte. Ces cartes résumaient les effets de plusieurs paramètres de densité et de proximité des élevages et de capacité de transmission du virus. Les mesures et leurs périmètres de mise en place devaient alors varier selon la localisation du foyer (Le Menach *et al.*, 2005).

Plus spécifiquement, Durand et Mahul avaient comparé les différentes stratégies de contrôle pour des épizooties sévissant en Bretagne et en région PACA (Durand and Mahul, 1999). Ces deux régions se distinguaient par la structuration spatiale de leur réseau d'élevages (densité d'élevage et de population différente). En région PACA, les résultats épidémiologiques étaient similaires quelle que soit la stratégie de lutte, par contre, en Bretagne, l'abattage préventif s'était révélé plus performant en termes de durée et nombre de foyers. Ces résultats sont corroborés par les résultats médians de notre étude.

Pour conclure, on peut dire que la vaccination apparait être la stratégie de « sûreté » par rapport aux autres stratégies pour maîtriser une épizootie quel que soit sa nature et son lieu d'introduction. Toutefois, le choix n'en est pas simple. Comme toute mesure de gestion, il faut envisager la faisabilité de cette mesure (ressources et moyens) et bien réfléchir à sa mise en œuvre. Même si la vaccination était moins sensible à un déficit de ressources que l'abattage préventif dans l'étude, cette mesure demande une logistique particulière et en premier lieu la fabrication d'un vaccin protecteur optimal dans de meilleurs délais. De plus, toute intervention dans des élevages proches de foyers peut être un risque de diffusion de la maladie. A ce titre, la vaccination est la mesure qui fait intervenir le plus de personnes sur un plus grand nombre d'élevages.

Le coût de ces situations épidémiologiques a été évalué et a permis de comparer les coûts directs induits pour l'Etat et les secteurs de l'élevage et des abattoirs (bovins et porcs). Pour l'ensemble des résultats, une dissymétrie des distributions a été observée ainsi qu'une large étendue des valeurs ne permettant pas de statuer avec des valeurs moyennes sur une hiérarchie claire des stratégies de lutte qui soit valide pour l'ensemble des acteurs.

Pour les coûts induits pour l'Etat, une dichotomie entre stratégies existe cependant. La vaccination générale de toutes les espèces (VV) est apparue comme la stratégie la plus économique pour des épizooties démarrant dans des régions à forte densité d'élevage suivie par la stratégie de vaccination limitée aux bovins et porcs reproducteurs (VS) et la stratégie de simple surveillance (SS).

La détermination de la stratégie la plus optimale pour les secteurs de l'élevage et des abattoirs s'est avérée moins évidente, ces coûts étant finalement peu dépendants des stratégies de lutte. En effet, tout comme la maîtrise et l'ampleur, les coûts induits étaient, tout d'abord, très dépendants des caractéristiques de la souche virale circulante et du lieu d'introduction de la maladie. De plus, les coûts pour ces secteurs sont directement induits par les mesures de séquestration. Ils sont alors à mettre en relation avec le nombre d'établissements impliqués et à la durée de séquestration. Par ailleurs, les abattoirs appartiennent la plupart du temps à des groupes industriels. L'impact d'une épizootie sera donc différent selon l'activité du groupe et la répartition géographique des abattoirs d'un même groupe (Rivière, 2011). Il faut ajouter que, pour ces secteurs, les coûts touchant les petits ruminants n'ont pas été introduits.

Mahul et Durand (1999), dans leur étude en France, avaient montré que la densité animale de la région touchée était un déterminant important pour le choix d'une stratégie de contrôle optimale.

La stratégie vaccinale était une solution économiquement optimale dans les zones à forte densité, mais pas dans les zones peu denses, pour lesquelles une stratégie d'abattage serait davantage conseillée. En effet, dans les zones à forte densité, des capacités d'abattage limitées peuvent être insuffisantes pour endiguer la diffusion virale.

Mais, les résultats obtenus sont à moduler selon le type de pertes étudiées. La même étude et des précédentes ont démontré que les restrictions commerciales imposées par les autres pays et les pertes à l'export ne feraient pas toujours de la vaccination une stratégie économiquement optimale (Berentsen *et al.*, 1992; Mahul and Durand, 1999; Garner *et al.*, 2002). Pour Mahul et Durand, une fois pris en compte les autres secteurs économiques français, que ce soit à l'échelle régionale ou nationale, il ressortait que la meilleure stratégie en termes de réduction des conséquences économiques était l'abattage des troupeaux infectés et des troupeaux en contact. La vaccination d'urgence n'avait d'intérêt que si les autorités n'arrivaient pas à contrôler l'épizootie qui diffuse dans une région de forte densité d'élevage (Mahul and Durand, 1999).

Effectivement, les pertes induites par une épizootie doivent être quantifiées d'une part par les coûts des mesures de lutte et d'autre part par le délai entre la découverte du premier foyer et le recouvrement du statut indemne rétablissant tout commerce entre exploitations et pays.

Dans notre étude, les pertes n'ont été évaluées que pour la période de restriction des mouvements, c'est-à-dire de la détection du premier foyer à la levée des mesures réglementaires (l'étude n'a pas porté jusqu'au recouvrement du statut indemne).

De plus, la croissance des animaux et les méthodes d'élevage sont telles que les animaux ne peuvent être séquestrés sur du long terme sans conséquences notables sur leur santé et leur bien-être notamment en filière porcine. Aucune dérogation aux restrictions de mouvements n'a été prise en compte pour cette situation, ni la redistribution des flux d'animaux suite à la mise en place du périmètre interdit et ni l'utilisation éventuelle de certains abattoirs des zones de séquestration pour la réalisation de ces abattages « bien-être ». De même, il a été estimé que le lait produit dans les élevages séquestrés était détruit et donc non valorisé comme cela pourrait être le cas après traitement thermique. Les coûts ont été également estimés par filière animale, sans prendre en compte dans le détail le type de production de chaque élevage ou ni les catégories d'animaux (seulement en partie dans la filière porc).

Enfin, les prix étaient supposés être fixes pendant toute la période d'étude, le modèle ne prenant pas en compte l'effet d'une épizootie sur les modifications des prix du marché.

Outre une étude économique poussée, la durée de restriction de commercialisation peut permettre également d'appréhender les coûts indirects des restrictions de marchés. Les pertes indirectes dues à cet embargo ont été chiffrées en moyenne 30 millions d'euros par semaine pour la France (Toma *et al.*, 2010). Ainsi, l'emploi de la vaccination, hormis le fait de rallonger les délais de durée d'épizooties, induirait des surcoûts relatifs aux pertes engendrées suite aux 3 mois supplémentaires imposés pour le recouvrement de statut indemne. Par ailleurs, si pour retrouver ce statut plus rapidement, la stratégie de vaccination suppressive était choisie (abattage des animaux vaccinés), il faudrait ajouter alors les coûts d'abattage qui pourraient s'élever rapidement.

Les résultats de cette étude de comparaison de stratégies de lutte étaient tout de même intéressants car démontraient les particularités induites par chaque mesure variant selon la région concernée et selon l'acteur considéré.

5 CONCLUSION

Dans la majorité des cas, les épizooties simulées au sein du réseau d'élevages français ont pu être contenues et restreintes en durée et en étendue. Toutefois, à chaque fois, le rôle important des composantes intrinsèques de la maladie comme la vitesse de diffusion a été mis en évidence, caractéristique propre du virus, qui ne peut malheureusement pas être contrôlée.

Cependant, les résultats obtenus fournissent des éléments de réflexion aux autorités sanitaires pour améliorer la surveillance et la gestion de la maladie.

La présence des vétérinaires praticiens sur le terrain et le maintien d'un maillage ou réseau pour la surveillance de la maladie mais aussi pour son contrôle apparaissent fondamentaux. En matière de lutte, la stratégie strictement sanitaire ne suffit pas pour maîtriser au mieux la maladie. La vaccination apparaît comme la stratégie de « sureté » en termes de maîtrise et de mise en œuvre par rapport à l'abattage préventif mais cette stratégie peut être superflue dans des zones à faible densité d'élevages et ne paraît pas aussi optimale en termes de coûts selon les types de pertes pris en compte et le secteur pour lequel ces pertes sont calculées.

3^{EME} PARTIE :

DISCUSSION GENERALE

La FA a depuis longtemps fait l'objet de beaucoup d'attentions et demeure en épidémiologie la maladie « archétype » de l'épizootie redoutée en santé animale tant par ses propriétés de diffusion (forte contagiosité, diffusion à distance et locale par contacts directs et indirects) que, pour les pays européens, à cause du succès de la lutte collective, la maladie ayant été éradiquée aux bouts d'efforts considérables au cours du XX^e siècle. En effet, en combinant des mesures de police sanitaire et de vaccination, la France notamment, a éliminé la maladie de son territoire. Elle tente désormais d'éviter sa réintroduction. Car la FA entraînerait non seulement sur le cheptel, désormais « naïf », des pertes de productions, mais elle contrarierait également le commerce international, entraînant de lourdes pertes économiques pour le pays.

Ainsi, l'épizootie au Royaume-Uni en 2001 a rappelé de façon brutale et sévère que la maladie pouvait ré-émerger en Europe et plus particulièrement en Europe de l'Ouest où le risque d'introduction était estimé quasi-nul par les spécialistes²⁰, qui attendaient la maladie plus sur le front Est (en Thrace par la Turquie, la Bulgarie ou la Grèce). Cet événement a alerté les gestionnaires de risque, rappelant qu'au-delà des mesures préventives pour éviter la réintroduction de la maladie, il fallait rester vigilant et être prêt à intervenir. Par ailleurs, le panel de mesures de lutte désormais à disposition et envisageable (abattage des foyers, abattages préventifs et vaccination préventive ou suppressive) diversifie les stratégies de lutte possibles, mais complexifie également le choix pour les décideurs en matière de maîtrise de la maladie et de contrôle des autres impacts ; économiques, sociales et politiques. Pour cela, les gestionnaires doivent pouvoir s'appuyer sur des critères factuels tout au long de l'épizootie en suivant un schéma décisionnel.

Elaborer un outil d'aide à la décision en matière de stratégie de contrôle en maladies infectieuses animales requiert une approche pluridisciplinaire incluant des domaines variés d'expertise (vétérinaire, épidémiologique, économique,...). La première étape consiste à produire des informations sur la propagation de l'agent pathogène, une compréhension de la maladie avec l'identification des facteurs d'introduction, de diffusion et de persistance et une analyse de son contrôle (comparaison des scénarios d'intervention, estimations des coûts alors induits).

²⁰ Rapport de la session du groupe de recherche du comité technique permanent, EuFMD, 5-8 septembre 2000, Bulgarie.

Dans l'ensemble des travaux présentés dans cette thèse, la méthodologie pour initier le processus d'élaboration d'un outil d'aide à la décision a été cohérente et adaptée à la problématique abordée. Le projet a, tout d'abord, débuté par l'étude de l'environnement de diffusion de la maladie : les connaissances apportées sur l'organisation de l'élevage français ont permis d'aller jusqu'à l'évaluation de la vulnérabilité structurale du réseau d'élevage face à diffusion de maladie. Puis ce réseau d'élevage réel a permis de modéliser les différentes voies de diffusion de la maladie (à distance par les mouvements et localement par la proximité géographique) et ainsi de simuler la diffusion de la maladie. Enfin, le modèle de diffusion construit a été utilisé pour étudier les questions posées par la surveillance et la lutte contre la maladie, à savoir l'impact de l'organisation de système de surveillance et des stratégies de lutte (épidémiologique et économique) sur la dynamique épizootique.

Les résultats ainsi obtenus et présentés fournissent des éléments de réflexions aux autorités sanitaires chargées de la maîtrise et de la gestion de ce risque.

La première partie de l'étude a apporté des éléments d'interrelation entre structure d'élevages et diffusion de la maladie en caractérisant les profils d'élevage sur le territoire métropolitain français et en qualifiant la vulnérabilité structurelle de cette organisation face à la diffusion de maladies.

La France est un pays agricole où l'élevage tient une place importante. Le quasi totalité du territoire est concernée par la production animale. La filière bovine est l'activité majeure du pays et se répartit sur l'ensemble du pays avec des concentrations plus importantes dans le Grand Ouest et le Centre. Les élevages de petits ruminants se distinguent par un nombre élevé d'élevages à faibles effectifs mais avec des zones de plus forte activité dans les régions Poitou-Charentes, Centre et PACA. Et enfin, la filière porcine est plus concentrée avec des fortes densités dans le Grand Ouest et les Pyrénées-Atlantiques et peu d'élevages dans le reste de la France.

Cette répartition des élevages et de leur densité avec également celles les opérateurs commerciaux (centres et marchés) suggèrent déjà des variations géographiques du risque vis-à-vis d'introduction de maladies. Ces établissements sont également reliés entre eux par des mouvements d'animaux, voie principale de diffusion de toute maladie infectieuse. L'étude structurale du réseau d'élevage ainsi formé a permis de qualifier sa vulnérabilité structurelle face à la diffusion de maladie.

Les résultats de l'étude ont démontré une vulnérabilité constante du réseau d'élevages par le réseau d'échanges bovins via l'existence de structures à risque facilitant la diffusion de maladies. Le réseau porcin par sa compartimentation et sa localisation concentrée paraissait moins contribuer à cette vulnérabilité. Toutefois, à l'intérieur de la filière, la structure hiérarchique du système porcin pourrait favoriser la diffusion de la maladie (en particulier si la maladie est introduite chez des élevages « naisseurs »).

Par ailleurs, les centres de rassemblements et les marchés par leur fonctionnement de regroupement et de redistribution d'animaux paraissaient avoir une position centrale dans le commerce d'animaux. Leur rôle dans les réseaux a bien été confirmé : ce sont des intermédiaires incontournables dans de nombreux flux ou « hubs ». Ils interviennent plus systématiquement dans les flux vers les abattoirs que dans les flux d'élevage à élevage mais sont aussi des points de départ et d'entrée lors d'exportations et d'importations. A ce titre, les centres jouent également des rôles importants au niveau international. Toutefois, leur activité n'est cependant pas la même selon les filières considérées. Elle est moindre dans la filière porcine, essentiellement tournée vers le commerce d'exportation.

La méthode d'analyse de réseau propose des actions pour contrôler cette vulnérabilité avec comme principe de fragmenter le réseau en enlevant des nœuds dont notamment les « hubs », nœuds centraux. En pratique, cela reviendrait à maintenir en quarantaine des établissements ou à renforcer les mesures de biosécurité pour éviter que les flux se croisent au sein de ces établissements et les isoler de tous contacts avec d'autres établissements. Notre étude a permis de suggérer un ciblage des mesures de lutte et de prévention sur un faible nombre d'établissements (<1%) grâce à des indicateurs de centralité. Une partie des marchands (centres et marchés) ont été naturellement visés. Ce ciblage permet de proposer une stratégie optimale pour le déploiement de mesures en tenant compte des ressources et sans entraver trop lourdement les flux commerciaux.

Le renforcement du processus d'identification des animaux et de maîtrise de la traçabilité s'est traduit par l'inventaire des établissements d'élevage et des animaux et par l'enregistrement de leurs mouvements entre ces exploitations. Il a permis de recueillir des informations fort utiles dans la surveillance et gestion de maladies infectieuses. Ce processus doit pouvoir se poursuivre activement dans l'ensemble des filières de production. En effet, dans l'étude du réseau d'élevage et comme pour le reste du projet, les mouvements des petits ruminants n'ont pas été pris en compte. Même si les mouvements de petits ruminants d'élevage à élevage ont été jugés faibles par des spécialistes, cette absence de données a été relativement pénalisante tant pour l'étude de la vulnérabilité que pour l'estimation de la diffusion réelle du virus et des coûts induits. De nombreux élevages possèdent des

ateliers d'espèces différentes et beaucoup de flux d'animaux sont susceptibles de se croiser, notamment via les opérateurs. Il a été, par ailleurs, démontré dans notre étude qu'une augmentation de la proportion d'élevages de petits ruminants rallongeait la durée des épizooties et augmentait les coûts induits pour l'Etat. La vulnérabilité du réseau d'élevage face à la diffusion de maladie ne peut alors qu'être intensifiée par ces pratiques.

Si une surveillance ciblée sur des établissements à forte activité est envisageable, les voies de transmission de maladie (autres contacts) via les pratiques d'élevage ne sont maîtrisables que par une vigilance et l'application de mesures de prévention de base : limiter les contacts directs entre animaux d'origine et/ou de statuts différents, renforcer les mesures de biosécurité à l'entrée des établissements. Les mesures de biosécurité ne doivent pas se cantonner à l'introduction d'un animal mais aussi à toute source de diffusion directe ou indirecte. Un élevage ayant une activité importante ou des contacts importants devra se protéger plus intensément pour « s'isoler » du réseau et ainsi « abaisser » cette vulnérabilité.

Par contre, l'organisation spatiale des élevages et la répartition des espèces demeurent des paramètres incontrôlables. Ils peuvent cependant apporter des informations sur la diffusion de la maladie ou aider à la décision pour orienter la lutte contre l'épizootie.

La surveillance et la lutte contre la FA doivent prendre en compte les disparités régionales et s'organiser avec ce profil d'élevage français bien particulier.

Une bonne gestion passe tout d'abord par des ressources suffisantes sur le terrain.

En tout premier lieu, ceci concerne les acteurs du réseau de surveillance passive, les éleveurs et les vétérinaires. A l'heure où des études sont menées en France sur la question de l'exercice de la profession vétérinaire en milieu rural, le rôle du vétérinaire dans la surveillance mais aussi dans la lutte contre les épizooties a été clairement redémontré ici. Ce n'est pas seulement son action propre mais sa coopération avec les éleveurs dont il suit régulièrement les animaux qui apporte l'efficacité à ce réseau de surveillance. En effet, le point de vue du vétérinaire est plus large que celui de l'éleveur, il suit l'ensemble des animaux de sa clientèle ce qui lui permet de détecter plus rapidement la maladie. De la même façon, un praticien référent avec une vue d'ensemble de la situation et des retours des différents vétérinaires de terrain apporterait des améliorations au système de surveillance. De plus, cette meilleure détection précoce des élevages infectés induit un effet « boule de neige » aboutissant à une réduction de l'ampleur des épizooties.

Avant toute mise en place de mesures de gestion, il faut envisager la faisabilité de ces mesures (ressources et moyens) et bien réfléchir à leur mise en œuvre. Il a pu être démontré dans ce travail, que les ressources peuvent être déterminantes notamment lors d'abattage et d'élimination des animaux. Ces opérations sont, en effet, très chronophages et mobilisent longtemps le faible nombre de personnes compétentes dédiées à ces actions. Un dépassement de ressources peut, à lui seul, ralentir et mettre en péril les actions menées.

Cependant, de façon générale, la question de ressources n'a de sens que si ces acteurs sont suffisamment sensibilisés et formés. La sensibilisation a été abordée dans l'étude par le niveau de vigilance des acteurs de la surveillance mais cela concerne bien évidemment tous les acteurs assurant la gestion de l'épizootie. Cette sensibilisation passe par de l'information mais aussi par de l'entraînement en s'exerçant à répondre à des cas rencontrés : reconnaître des anomalies dans son cheptel pour l'éleveur, reconnaître la maladie, mener correctement l'enquête épidémiologique, estimer au mieux la situation pour pouvoir au mieux appliquer des mesures efficaces. La sensibilisation permet également une prévention de l'introduction de la maladie, par exemple par le rappel du maintien de mesures de biosécurité convenables.

La majorité des épizooties simulées au sein du réseau d'élevages français pour ce travail ont pu être contrôlées et restreintes en durée et en étendue. Le rôle important des composantes intrinsèques de la maladie comme la vitesse de diffusion a été mis en évidence. Ces caractéristiques propres au virus ne peuvent malheureusement pas être contrôlées.

Les résultats présentés par région d'introduction ont montré des variabilités dans l'efficacité des mesures de lutte. Cette efficacité a été évaluée classiquement en termes de nombre de foyers et de durée mais également par la « maîtrise » des stratégies de lutte, indicateur novateur, correspondant aux contrôles des épizooties dans un délai et une ampleur limites maximales envisageables.

Pour une diffusion lente de la maladie, toutes les stratégies ont le même niveau d'efficacité en termes de maîtrise. Par contre, pour une diffusion rapide de la maladie, la stratégie strictement sanitaire notamment, ne suffit pas toujours pour maîtriser au mieux la maladie.

Ainsi, la vaccination est apparue comme la stratégie de « sûreté » en termes de maîtrise alors que la stratégie avec abattage préventif est plutôt une stratégie du « pari » que l'épizootie soit limitée (nombre d'établissements infectés) et que son contrôle soit ainsi plus rapide (durée d'épizootie plus courte).

Pour les coûts induits pour l'Etat, la stratégie de référence (sans vaccination ni abattage préventif), la stratégie de vaccination générale de toutes les espèces ou seulement des bovins et des porcs reproducteurs se présentent, selon la densité d'élevage, comme les stratégies les plus économiques.

La détermination de la stratégie optimale pour les secteurs de l'élevage et des abattoirs s'est avérée moins évidente, ces coûts étant finalement peu dépendants des stratégies de lutte.

Les résultats obtenus ont démontré l'absence d'une seule stratégie étant à la fois, la plus efficace et économiquement optimale. La nature de la stratégie optimale varie selon la région concernée et selon l'acteur considéré. Cette absence de résultats univoque pointe la nécessité d'adapter une stratégie de contrôle au contexte local mais complexifie la prise de décision.

L'application des mesures de contrôle n'est pas un processus statique et doit d'évoluer en fonction de l'évolution de la situation épidémiologique. L'hypothèse que la stratégie de lutte soit fixe et qu'elle ne change pas au cours du temps n'est, bien sûr, pas valide dans la pratique. Le gestionnaire de crise pilote un dispositif d'intervention, doté d'un volume de ressources limité, qui lui permet à la fois d'appréhender la situation épidémiologique et d'agir sur cette situation en implémentant une stratégie de contrôle. Une étude dynamique comme celle menée par Ge *et al.* (2010) a permis d'évaluer les coûts de façon plus réaliste. Ces auteurs ont démontré que des mesures de contrôle flexibles étaient plus performantes que des mesures de contrôle statiques. Combinée à la diversité des stratégies de lutte envisageables, cette nécessité d'adapter dynamiquement la stratégie de contrôle à l'évolution de la situation épidémiologique rend complexe le pilotage au jour le jour du dispositif d'intervention.

De plus, aux arguments épidémiologiques et économiques étudiés ici, s'ajoutent pour les décideurs d'autres critères à prendre en compte. Aujourd'hui, dans un pays comme la France, les conséquences d'une épizootie de FA sont représentées par les pertes directes et les coûts induits calculés ici, mais également par de plus larges pertes macroéconomiques et un fort impact social et politique. Les éleveurs en sont les premières victimes : certains dont les élevages sont infectés qui malgré les indemnités légales subissent des pertes de revenus, une mise en péril de leur exploitation, un choc psychologique,... et les autres éleveurs devant assurer des surcoûts et des manques à gagner. Toute la filière est également touchée, des négociants aux fabricants d'aliments jusqu'aux transformateurs et détaillants. La mise en place d'un embargo commercial (animaux vivants et produits) entraîne un déséquilibre des marchés et une perte de confiance des partenaires commerciaux et des consommateurs, même en absence de risque avéré pour la santé, que les animaux soient vaccinés ou non. Et il ne faut pas oublier non plus l'opposition croissante de l'opinion publique face aux abattages massifs.

Tous ces critères sont autant de domaines à explorer afin de finaliser un véritable d'outil d'aide à la décision. Les travaux présentés ici ont permis de constituer une base de travail et de proposer des pistes de réflexions nécessaires.

CONCLUSION GENERALE

Si la fièvre aphteuse n'est que rarement mortelle, elle n'en est pas moins grave par les importantes pertes économiques directes ou indirectes qu'elle entraîne dans les pays développés. Si l'on ajoute à cela son extrême contagiosité, on comprend pourquoi elle est une des maladies animales les plus redoutées.

Les mouvements d'animaux et de personnes de plus en plus importants en volume et en intensité à l'échelle du globe augmentent fortement la probabilité d'une introduction accidentelle du virus malgré les contrôles sanitaires stricts sur le territoire mais également sa diffusion à travers le réseau d'élevages français.

Le projet s'est appuyé sur un réseau d'élevage réel et sur la modélisation pour explorer la flexibilité des stratégies possibles pour la surveillance et le contrôle d'épizootie de FA.

Les résultats obtenus ont démontré l'absence d'une stratégie unique optimale à la fois sur le plan épidémiologique et économique. La nature de cette stratégie varie selon la région concernée et selon l'acteur considéré. Cette absence de résultats univoque pointe la nécessité d'adapter une stratégie de contrôle au contexte local. Les données collectées, la construction spécifique d'un modèle de diffusion et de gestion de la maladie et les résultats obtenus ont permis de créer un outil de réflexion pour aider à la décision et mais également un outil d'entraînement et de formation collective pour se préparer à cette gestion de crise. Car, la gravité de la maladie ne s'évalue pas seulement en termes de santé animale mais également par son impact économique et social et ses entraves au commerce international des animaux et de leurs produits.

La menace reste présente et les deux foyers survenus en août 2007 en Grande-Bretagne viennent rappeler que cette maladie peut en permanence redevenir d'actualité. Il importe donc, pour les gestionnaires mais aussi pour tous les acteurs de la surveillance et de la lutte contre la FA, de se préparer au mieux à intervenir et de rester vigilant.

REFERENCES

- Abdalla, A., Beare, S., Cao, L., Garner, G., Heaney, A., 2005. Foot and Mouth Disease : Evaluating alternatives for controlling a possible outbreak in Australia. ABARE e-Report 05.6. Bureau of Agricultural and Resource Economics, Australia., Canberra, p. 28.
- Albert, R., Jeong, H., Barabasi, A.L., 2000. Error and attack tolerance of complex networks. *Nature* **406**, 378-382.
- Alexandersen, S., Quan, M., Murphy, C., Knight, J., Zhang, Z., 2003a. Studies of quantitative parameters of virus excretion and transmission in pigs and cattle experimentally infected with foot-and-mouth disease virus. *J Comp Pathol* **129**, 268-282.
- Alexandersen, S., Zhang, Z., Donaldson, A.I., 2002. Aspects of the persistence of foot-and-mouth disease virus in animals--the carrier problem. *Microbes Infect* **4**, 1099-1110.
- Alexandersen, S., Zhang, Z., Donaldson, A.I., Garland, A.J., 2003b. The pathogenesis and diagnosis of foot-and-mouth disease. *J Comp Pathol* **129**, 1-36.
- Ammendrup, S., Barcos, L.O., 2006. The implementation of traceability systems. *Rev Sci Tech* **25**, 763-773.
- Anderson, I., 2002. Foot and mouth disease 2001: lessons to be learned inquiry report. London: The Stationery Office.
- Anderson, R.M., May, R.M., 1979. Population biology of infectious diseases: Part I. *Nature* **280**, 361-367.
- Anderson, R.M., May, R.M., 1991. Infectious diseases of humans: dynamics and control. Oxford University Press, Oxford New York.
- Anonyme, 2011. Lessons from an epidemic. *Nature* **411**.
- Backer, J.A., Bergevoet, R.H.M., J., H., Bondt, N., A., 2009. Vaccination against Foot-and-Mouth Disease : differentiating strategies and their epidemiological and economic consequences. Wageningen UR, Wageningen.
- Bailey, C., Convery, I., Mort, M., Baxter, J., 2006. Different public health geographies of the 2001 foot and mouth disease epidemic: 'citizen' versus 'professional' epidemiology. *Health & Place* **12**, 157-166.
- Barabasi, A.L., 2009. Scale-free networks: a decade and beyond. *Science* **325**, 412-413.
- Barabasi, A.L., Albert, R., 1999. Emergence of scaling in random networks. *Science* **286**, 509-512.
- Barnett, P., Garland, A.J., Kitching, R.P., Schermbrucker, C.G., 2002. Aspects of emergency vaccination against foot-and-mouth disease. *Comp Immunol Microbiol Infect Dis* **25**, 345-364.
- Bartley, L.M., Donnelly, C.A., Anderson, R.M., 2002. Review of foot-and-mouth disease virus survival in animal excretions and on fomites. *Vet Rec* **151**, 667-669.
- Batagelj, V., Mrvar, A., 1998. Pajek - Program for Large Network Analysis. *Connections* **21**, 47-57.
- Bates, T.W., Carpenter, T.E., Thurmond, M.C., 2003a. Benefit-cost analysis of vaccination and preemptive slaughter as a means of eradicating foot-and-mouth disease. *Am J Vet Res* **64**, 805-812.
- Bates, T.W., Thurmond, M.C., Carpenter, T.E., 2003b. Description of an epidemic simulation model for use in evaluating strategies to control an outbreak of foot-and-mouth disease. *Am J Vet Res* **64**, 195-204.
- Bates, T.W., Thurmond, M.C., Carpenter, T.E., 2003c. Results of epidemic simulation modeling to evaluate strategies to control an outbreak of foot-and-mouth disease. *Am J Vet Res* **64**, 205-210.
- Bates, T.W., Thurmond, M.C., Hietala, S.K., Venkateswaran, K.S., Wilson, T.M., Colston, B.W., Jr., Trebes, J.E., Milanovich, F.P., 2003d. Surveillance for detection of foot-and-mouth disease. *J Am Vet Med Assoc* **223**, 609-614.

- Berentsen, P.B.M., Dijkhuizen, A.A., Oskam, A.J., 1992. A dynamic model for cost-benefit analyses of foot-and-mouth disease control strategies. *Prev. Vet. Med.* **12**, 229-243.
- Bigras-Poulin, M., Barfod, K., Mortensen, S., Greiner, M., 2007. Relationship of trade patterns of the Danish swine industry animal movements network to potential disease spread. *Prev Vet Med* **80**, 143-165.
- Bigras-Poulin, M., Thompson, R.A., Chriel, M., Mortensen, S., Greiner, M., 2006. Network analysis of Danish cattle industry trade patterns as an evaluation of risk potential for disease spread. *Prev Vet Med* **76**, 11-39.
- Boender, G.J., van Roermund, H.J., de Jong, M.C., Hagenaars, T.J., 2010. Transmission risks and control of foot-and-mouth disease in The Netherlands: spatial patterns. *Epidemics* **2**, 36-47.
- Borgatti, S.P., Everett, M.G., 1997. Network analysis of 2-mode data. *Social Networks* **19**, 243-269.
- Bouma, A., Dekker, A., de Jong, M.C., 2004. No foot-and-mouth disease virus transmission between individually housed calves. *Vet Microbiol* **98**, 29-36.
- Bouma, A., Elbers, A.R., Dekker, A., de Koeijer, A., Bartels, C., Vellema, P., van der Wal, P., van Rooij, E.M., Pluimers, F.H., de Jong, M.C., 2003. The foot-and-mouth disease epidemic in The Netherlands in 2001. *Prev Vet Med* **57**, 155-166.
- Brennan, M.L., Kemp, R., Christley, R.M., 2008. Direct and indirect contacts between cattle farms in north-west England. *Prev Vet Med* **84**, 242-260.
- Carpenter, T.E., O'Brien, J.M., Hagerman, A.D., McCarl, B.A., 2011. Epidemic and economic impacts of delayed detection of foot-and-mouth disease: a case study of a simulated outbreak in California. *J Vet Diagn Invest* **23**, 26-33.
- Cassagne, M.H., 2002. Managing compensation for economic losses in areas surrounding foot and mouth disease outbreaks: the response of France. *Rev Sci Tech* **21**, 823-829, 815-822.
- Chmitelin, I., Moutou, F., 2002. Foot and mouth disease: lessons to be learned from the experience of France. *Rev Sci Tech* **21**, 731-737, 723-730.
- Christley, R.M., French, N.P., 2003. Small-world topology of UK racing: the potential for rapid spread of infectious agents. *Equine Vet J* **35**, 586-589.
- Christley, R.M., Robinson, S.E., Lysons, R., French, N., 2005. Network analysis of cattle movement in Great Britain. *Proc. Soc. Vet. Epidemiol. Prev. Med*, 234-243.
- Clauset, A., Newman, M.E., Moore, C., 2004. Finding community structure in very large networks. *Phys Rev E Stat Nonlin Soft Matter Phys* **70**, 066111.
- Clauset, A., Shalizi, C.R., Newman, M.E.J., 2009. Power-Law Distributions in Empirical Data. *SIAM Review* **51**, 661-703.
- Collectif, 2009. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing Vienna, Austria.
- Di Nardo, A., Knowles, N.J., Paton, D.J., 2011. Combining livestock trade patterns with phylogenetics to help understand the spread of foot and mouth disease in sub-Saharan Africa, the Middle East and Southeast Asia. *Rev Sci Tech* **30**, 63-85.
- Doherr, M.G., Audige, L., 2001. Monitoring and surveillance for rare health-related events: a review from the veterinary perspective. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci* **356**, 1097-1106.
- Dommergues, L., Rautureau, S., Petit, E., Dufour, B., 2011. Network of contacts between cattle herds in a French area affected by bovine tuberculosis in 2010. *en cours de soumission*.
- Donaldson, A.I., 1997. Risks of spreading foot and mouth disease through milk and dairy products. *Rev Sci Tech* **16**, 117-124.
- Donaldson, A.I., Alexandersen, S., 2002. Predicting the spread of foot and mouth disease by airborne virus. *Rev Sci Tech* **21**, 569-575.
- Donaldson, A.I., Alexandersen, S., Sorensen, J.H., Mikkelsen, T., 2001. Relative risks of the uncontrollable (airborne) spread of FMD by different species. *Vet Rec* **148**, 602-604.
- Dube, C., Ribble, C., Kelton, D., McNab, B., 2009. A review of network analysis terminology and its application to foot-and-mouth disease modelling and policy development. *Transbound Emerg Dis* **56**, 73-85.

- Dufour, B., Hendriks, P., Toma, B., 2006. The design and establishment of epidemiological surveillance systems for high-risk diseases in developed countries. *Rev Sci Tech* **25**, 187-198.
- Dunn, C.S., Donaldson, A.I., 1997. Natural adaptation to pigs of a Taiwanese isolate of foot-and-mouth disease virus. *Vet Rec* **141**, 174-175.
- Durand, B., Mahul, O., 1999. An extended state-transition model for foot-and-mouth disease epidemics in France. *Prev Vet Med* **47**, 121-139.
- Eble, P., de Koeijer, A., Bouma, A., Stegeman, A., Dekker, A., 2006. Quantification of within- and between-pen transmission of Foot-and-Mouth disease virus in pigs. *Vet Res* **37**, 647-654.
- Ferguson, N.M., Donnelly, C.A., Anderson, R.M., 2001. The Foot-and-Mouth Epidemic in Great Britain: Pattern of Spread and Impact of Interventions. *Science* **292**, 1155-1160.
- Fevre, E.M., Bronsvoort, B.M., Hamilton, K.A., Cleaveland, S., 2006. Animal movements and the spread of infectious diseases. *Trends Microbiol* **14**, 125-131.
- Franks, J., Lowe, P., Phillipson, J., Scott, C., 2003. The impact of foot and mouth disease on farm businesses in Cumbria. *Land Use Policy* **20**, 159-168.
- Freeman, L.C., 1978/1979. Centrality in social networks, conceptual clarification. *Soc. Networks* **1**, 215-239.
- Garner, M.G., Beckett, S.D., 2005. Modelling the spread of foot-and-mouth disease in Australia. *Aust Vet J* **83**, 758-766.
- Garner, M.G., Fisher, B.S., Murray, J.G., 2002. Economic aspects of foot and mouth disease: perspectives of a free country, Australia. *Rev Sci Tech* **21**, 625-635.
- Ge, L., Mourits, M.C., Kristensen, A.R., Huirne, R.B., 2010. A modelling approach to support dynamic decision-making in the control of FMD epidemics. *Prev Vet Med* **95**, 167-174.
- Gibbens, J.C., Wilesmith, J.W., Sharpe, C.E., Mansley, L.M., Michalopoulou, E., Ryan, J.B.M., Hudson, M., 2001. Descriptive epidemiology of the 2001 foot-and-mouth disease epidemic in Great Britain: the first five months. *Vet Rec.* **149**, 729-743.
- Gloster, J., Jones, A., Redington, A., Burgin, L., Sorensen, J.H., Turner, R., Dillon, M., Hullinger, P., Simpson, M., Astrup, P., Garner, G., Stewart, P., D'Amours, R., Sellers, R., Paton, D., 2010. Airborne spread of foot-and-mouth disease--model intercomparison. *Vet J* **183**, 278-286.
- Green, D.M., Kiss, I.Z., Kao, R.R., 2006. Modelling the initial spread of foot-and-mouth disease through animal movements. *Proc Biol Sci* **273**, 2729-2735.
- Grisot, P., 2007. Réorganisation de l'encadrement des programmes de sélection ovin français suite aux nouvelles dispositions de la loi d'orientation agricole 2006. Ecole Sup-Agro., Montpellier, p. 162.
- Harvey, N., Reeves, A., Schoenbaum, M.A., Zagmutt-Vergara, F.J., Dube, C., Hill, A.E., Corso, B.A., McNab, W.B., Cartwright, C.I., Salman, M.D., 2007. The North American Animal Disease Spread Model: a simulation model to assist decision making in evaluating animal disease incursions. *Prev Vet Med* **82**, 176-197.
- Haydon, D.T., Kao, R.R., Kitching, R.P., 2004. The UK foot-and-mouth disease outbreak - the aftermath. *Nat Rev Microbiol* **2**, 675-681.
- Honhold, N., 2006. The impact of farm gate biosecurity on the transmission of FMD in UK in 2001. Session of the Research Group of the Standing Technical Committee of EuFMD. Paphos, Cyprus.
- Honhold, N., Taylor, N.M., Wingfield, A., Einshoj, P., Middlemiss, C., Eppink, L., Wroth, R., Mansley, L.M., 2004. Evaluation of the application of veterinary judgement in the pre-emptive cull of contiguous premises during the epidemic of foot-and-mouth disease in Cumbria in 2001. *Vet Rec* **155**, 349-355.
- Horst, H.S., Dijkhuizen, A.A., Huirne, R.B., Meuwissen, M.P., 1999. Monte Carlo simulation of virus introduction into the Netherlands. *Prev Vet Med* **41**, 209-229.
- James, A.D., Rushton, J., 2002. The economics of foot and mouth disease. *Rev Sci Tech* **21**, 637-644.
- Kao, R.R., Danon, L., Green, D.M., Kiss, I.Z., 2006. Demographic structure and pathogen dynamics on the network of livestock movements in Great Britain. *Proc Biol Sci* **273**, 1999-2007.

- Keeling, M., 2005a. The implications of network structure for epidemic dynamics. *Theor Popul Biol* **67**, 1-8.
- Keeling, M., Rohani, P., 2007. Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals. Princeton University Press.
- Keeling, M.J., 2005b. Models of foot-and-mouth disease. *Proc Biol Sci* **272**, 1195-1202.
- Keeling, M.J., Woolhouse, M.E., Shaw, D.J., Matthews, L., Chase-Topping, M., Haydon, D.T., Cornell, S.J., Kappey, J., Wilesmith, J., Grenfell, B.T., 2001. Dynamics of the 2001 UK foot and mouth epidemic: stochastic dispersal in a heterogeneous landscape. *Science* **294**, 813-817.
- Kiss, I.Z., Green, D.M., Kao, R.R., 2006a. Infectious disease control using contact tracing in random and scale-free networks. *J R Soc Interface* **3**, 55-62.
- Kiss, I.Z., Green, D.M., Kao, R.R., 2006b. The network of sheep movements within Great Britain: Network properties and their implications for infectious disease spread. *J R Soc Interface* **3**, 669-677.
- Kitching, R.P., Hutber, A.M., Thrusfield, M.V., 2005. A review of foot-and-mouth disease with special consideration for the clinical and epidemiological factors relevant to predictive modelling of the disease. *Vet J* **169**, 197-209.
- Kitching, R.P., Thrusfield, M.V., Taylor, N.M., 2006. Use and abuse of mathematical models: an illustration from the 2001 foot and mouth disease epidemic in the United Kingdom. *Rev Sci Tech* **25**, 293-311.
- Kobayashi, M., Carpenter, T.E., Dickey, B.F., Howitt, R.E., 2007a. A dynamic, optimal disease control model for foot-and-mouth-disease: II. Model results and policy implications. *Prev Vet Med* **79**, 274-286.
- Kobayashi, M., Carpenter, T.E., Dickey, B.F., Howitt, R.E., 2007b. A dynamic, optimal disease control model for foot-and-mouth disease: I. Model description. *Prev Vet Med* **79**, 257-273.
- Le Bail, P., Le Bourdais, G., Repiquet, D., Viau, C., 2010. Rapport sur la profession vétérinaire et l'exercice en milieu rural. GCAAER, French ministry of agriculture.
- Le Menach, A., Legrand, J., Grais, R.F., Viboud, C., Valleron, A.J., Flahault, A., 2005. Modeling spatial and temporal transmission of foot-and-mouth disease in France: identification of high-risk areas. *Vet Res* **36**, 699-712.
- Leforban, Y., 2002. How predictable were the outbreaks of foot and mouth disease in Europe in 2001 and is vaccination the answer? *Rev Sci Tech* **21**, 549-556, 539-547.
- Leforban, Y., Gerbier, G., 2002. Review of the status of foot and mouth disease and approach to control/eradication in Europe and Central Asia. *Rev Sci Tech* **21**, 477-492.
- Liang, K., Zeger, S., 1986. Longitudinal data analysis using generalized linear models. *Biometrika* **73**, 13-22.
- Mahul, O., Durand, B., 1999. Simulated economic consequences of foot-and-mouth disease epidemics and their public control in France. *Prev Vet Med* **47**, 23-38.
- Mardones, F., Perez, A., Sanchez, J., Alkhamis, M., Carpenter, T., 2010. Parameterization of the duration of infection stages of serotype O foot-and-mouth disease virus: an analytical review and meta-analysis with application to simulation models. *Vet Res* **41**, 45.
- Martinez-Lopez, B., Perez, A.M., Sanchez-Vizcaino, J.M., 2009a. Combined application of social network and cluster detection analyses for temporal-spatial characterization of animal movements in Salamanca, Spain. *Prev Vet Med* **91**, 29-38.
- Martinez-Lopez, B., Perez, A.M., Sanchez-Vizcaino, J.M., 2009b. Social network analysis. Review of general concepts and use in preventive veterinary medicine. *Transbound Emerg Dis* **56**, 109-120.
- Martinez-Lopez, B., Perez, A.M., Sanchez-Vizcaino, J.M., 2010. A simulation model for the potential spread of foot-and-mouth disease in the Castile and Leon region of Spain. *Prev Vet Med* **96**, 19-29.
- McColl, K.A., Westbury, H.A., Kitching, R.P., Lewis, V.M., 1995. The persistence of foot-and-mouth disease virus on wool. *Aust Vet J* **72**, 286-292.

- Morris, R.S., Wilesmith, J.W., Stern, M.W., Sanson, R.L., Stevenson, M.A., 2001. Predictive spatial modelling of alternative control strategies for the foot-and-mouth disease epidemic in Great Britain, 2001. *Vet Rec* **149**, 137-144.
- Natale, F., Giovannini, A., Savini, L., Palma, D., Possenti, L., Fiore, G., Calistri, P., 2009. Network analysis of Italian cattle trade patterns and evaluation of risks for potential disease spread. *Prev Vet Med* **92**, 341-350.
- Newman, M.E., 2006. Modularity and community structure in networks. *Proc Natl Acad Sci U S A* **103**, 8577-8582.
- Newman, M.E., Girvan, M., 2004. Finding and evaluating community structure in networks. *Phys Rev E Stat Nonlin Soft Matter Phys* **69**, 026113.
- Newman, M.E.J., 2005. Random graphs as models of networks. Handbook of Graphs and Networks. Wiley-VCH Verlag GmbH & Co. KGaA, pp. 35-68.
- Nielen, M., Jalvingh, A.W., Horst, H.S., Dijkhuizen, A.A., Maurice, H., Schut, B.H., van Wuijckhuise, L.A., de Jong, M.F., 1996. Quantification of contacts between Dutch farms to assess the potential risk of foot-and-mouth disease spread. *Preventive Veterinary Medicine* **28**, 143-158.
- Noremark, M., Hakansson, N., Lewerin, S.S., Lindberg, A., Jonsson, A., 2011. Network analysis of cattle and pig movements in Sweden: measures relevant for disease control and risk based surveillance. *Prev Vet Med* **99**, 78-90.
- OCDE, 2007. Groupe de travail des politiques et des marchés agricoles ; Incidences des flambées épizootiques et des nouvelles pratiques de lutte sur les marchés et les échanges agricoles, document de référence et revue bibliographique. OCDE, Direction des échanges et de l'agriculture. Comité de l'agriculture., p. 72.
- OIE, 2002. Foot and mouth disease: facing the new dilemmas. *Revue Scientifique et Technique*. OIE, Paris, p. 902.
- OIE, 2009. Terrestrial Animal Health Code Office Internationale des Epizooties, Paris,OIE (ed.).
- Orsel, K., Bouma, A., Dekker, A., Stegeman, J.A., de Jong, M.C., 2009. Foot and mouth disease virus transmission during the incubation period of the disease in piglets, lambs, calves, and dairy cows. *Prev Vet Med* **88**, 158-163.
- Ortiz-Pelaez, A., Pfeiffer, D.U., Soares-Magalhaes, R.J., Guitian, F.J., 2006. Use of social network analysis to characterize the pattern of animal movements in the initial phases of the 2001 foot and mouth disease (FMD) epidemic in the UK. *Prev Vet Med* **76**, 40-55.
- Otte, M.J., Chilonda, P., 2000. Livestock information, sector analysis and policy branch, animal production and health division. FAO, Rome, Italy.
- Pastor-Satorras, R., Vespignani, A., 2001. Epidemic spreading in scale-free networks. *Phys Rev Lett* **86**, 3200-3203.
- Perez, A.M., Ward, M.P., Carpenter, T.E., 2004. Control of a foot-and-mouth disease epidemic in Argentina. *Prev Vet Med* **65**, 217-226.
- Pritchett, G.T., D.Johnson, K., 2005. Animal Disease Economic Impacts: A Survey of Literature and Typology of Research Approaches. *International Food and Agribusiness Management Review* **8**, 23-45.
- Rautureau, S., 2008. Etude de la diffusion silencieuse de la fièvre aphteuse dans un réseau d'élevages. Master: Surveillance épidémiologique des maladies humaines et animales. Paris-Sud XI, Paris XII, p. 48.
- Rivière, J., 2011. Analyse de simulations d'épizootie de fièvre aphteuse dans le Grand Ouest de la France., Master: Surveillance épidémiologique des maladies humaines et animales. Paris-Sud XI, Paris XII, p. 72.
- Robinson, S.E., Christley, R.M., 2007. Exploring the role of auction markets in cattle movements within Great Britain. *Prev Vet Med* **81**, 21-37.
- Rushton, J., Thornton, P.K., Otte, M.J., 1999. Methods of economic impact assessment. *Rev Sci Tech* **18**, 315-342.

- Rweyemamu, M., Roeder, P., Mackay, D., Sumption, K., Brownlie, J., Leforban, Y., Valarcher, J.F., Knowles, N.J., Saraiva, V., 2008. Epidemiological patterns of foot-and-mouth disease worldwide. *Transbound Emerg Dis* **55**, 57-72.
- Sabidussi, G., 1966. The centrality of a graph. *Psychometrika* **31**, 581-603.
- Sanson, R.L., Stevenson, M.A., Mackereth, G.F., Moles-Benfell, N., 2006. The development of an InterSpread plus parameter set to simulate the spread of FMD in New Zealand. 11th International Symposium on Veterinary Epidemiology and Economics, Cairns, Australia.
- Schoenbaum, M.A., Terry Disney, W., 2003. Modeling alternative mitigation strategies for a hypothetical outbreak of foot-and-mouth disease in the United States. *Prev Vet Med* **58**, 25-52.
- Senturk, B., Yalcin, C., 2008. Production losses due to endemic foot-and-mouth disease in cattle in Turkey. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences* **38(6)**, 433-440.
- Shirley, M.D.F., Rushton, S.P., 2005. The impacts of network topology on disease spread. *Ecological Complexity* **2**, 287-299.
- Thompson, D., Muriel, P., Russell, D., Osborne, P., Bromley, A., Rowland, M., Creigh-Tyte, S., Brown, C., 2002. Economic costs of the foot and mouth disease outbreak in the United Kingdom in 2001. *Rev Sci Tech* **21**, 675-687.
- Thornley, J.H., France, J., 2009. Modelling foot and mouth disease. *Prev Vet Med* **89**, 139-154.
- Tildesley, M.J., Deardon, R., Savill, N.J., Bessell, P.R., Brooks, S.P., Woolhouse, M.E., Grenfell, B.T., Keeling, M.J., 2008. Accuracy of models for the 2001 foot-and-mouth epidemic. *Proc Biol Sci* **275**, 1459-1468.
- Toma, B., Dufour, B., al., 2010. La fièvre aphteuse, Polycopié des Unités de maladies contagieuses des écoles vétérinaires françaises. In: Merial (Ed.), Lyon, p. 55
- Toma, B., Moutou, F., Dufour, B., 2001. Un nouveau concept sanitaire : l'abattage préventif. *Epidemiologie et santé animale* **40**, 101-110.
- Toma, B., Moutou, F., Dufour, B., Durand, B., 2002. Ring vaccination against foot-and-mouth disease. *Comp Immunol Microbiol Infect Dis* **25**, 365-372.
- Tomassen, F.H., de Koeijer, A., Mourits, M.C., Dekker, A., Bouma, A., Huirne, R.B., 2002. A decision-tree to optimise control measures during the early stage of a foot-and-mouth disease epidemic. *Prev Vet Med* **54**, 301-324.
- Vallat, F., 2001. [Epizootics in France from 1700 to 1850: a clinical inventory of cattle and sheep]. *Hist Soc Rurales*, 67-104.
- van Roermund, H.J., Eble, P.L., de Jong, M.C., Dekker, A., 2010. No between-pen transmission of foot-and-mouth disease virus in vaccinated pigs. *Vaccine* **28**, 4452-4461.
- Volkova, V.V., Howey, R., Savill, N.J., Woolhouse, M.E., 2010a. Potential for transmission of infections in networks of cattle farms. *Epidemics* **2**, 116-122.
- Volkova, V.V., Howey, R., Savill, N.J., Woolhouse, M.E., 2010b. Sheep movement networks and the transmission of infectious diseases. *PLoS One* **5**, e11185.
- Ward, M.P., Highfield, L.D., Vongseng, P., Graeme Garner, M., 2009. Simulation of foot-and-mouth disease spread within an integrated livestock system in Texas, USA. *Prev Vet Med* **88**, 286-297.
- Wasserman, S.F., K., 1994. Social Network Analysis : Methods and Applications. Cambridge University Press Cambridge.
- Webb, C.R., 2005. Farm animal networks: unraveling the contact structure of the British sheep population. *Prev Vet Med* **68**, 3-17.
- Webb, C.R., 2006. Investigating the potential spread of infectious diseases of sheep via agricultural shows in Great Britain. *Epidemiol Infect* **134**, 31-40.
- Yang, P.C., Chu, R.M., Chung, W.B., Sung, H.T., 1999. Epidemiological characteristics and financial costs of the 1997 foot-and-mouth disease epidemic in Taiwan. *Vet Rec* **145**, 731-734.
- Yoon, H., Wee, S.H., Stevenson, M.A., O'Leary, B.D., Morris, R.S., Hwang, I.J., Park, C.K., Stern, M.W., 2006. Simulation analyses to evaluate alternative control strategies for the 2002 foot-and-mouth disease outbreak in the Republic of Korea. *Prev Vet Med* **74**, 212-225.

ANNEXES

Annexe 1 : Indicateurs d'analyse de réseau et diffusion de maladie.

Annexe 2 : Questionnaire pour le paramétrage d'un modèle de diffusion de la Fièvre Aphteuse.

Annexe 3 : Coûts moyens des épizooties de FA selon la région d'introduction de la maladie

Annexe 4 : Article 1, Vulnerability of animal Trade networks to the spread of infectious disease: A methodological approach applied to evaluation and emergency control strategies in cattle, France, 2005.

Annexe 5 : Article 2 , Structuring the passive surveillance network improves epizootic detection and control efficacy: a simulation study on FMD in France

Annexe 6 : Article 3, Structural vulnerability of the French swine industry trade network to the spread of infectious diseases

Annexe 1 : Indicateurs d'analyse de réseau et diffusion de maladie.

Notion	Indicateurs		Définitions	Implication en épidémiologie
cohésion	density	densité	Proportion entre les contacts existants observés et l'ensemble des contacts possibles du réseau	Un réseau dense a de nombreuses connexions et est donc plus vulnérable à la diffusion de maladie.
<i>cohesion centralité</i>	Degree in/out degree	degré	Nombre de liens adjacents à un nœud. in-degré = nombre de liens entrant out-degré = nombre de liens sortant.	= nombre de mouvements d'entrée et de sortie, activité commerciale directe de l'exploitation. Un établissement a haute centralité (= ' hub ') sera à la fois plus vulnérable mais aussi facilitera la diffusion de la maladie par une dispersion plus large.
centralité	<ul style="list-style-type: none"> ▪ farness ▪ the average path length ▪ diameter 	<ul style="list-style-type: none"> ▪ Eloignement ▪ Distance moyenne ▪ Diamètre 	<ul style="list-style-type: none"> ▪ = la somme des distances géodésiques distance géodésique =longueur du plus court chemin reliant deux acteurs. ▪ moyenne de ces plus courts chemins. ▪ chemin le plus long 	Informe de la distance (nombre de mouvements et d'exploitation intermédiaire) entre deux exploitations. Ces indicateurs sont en relation avec la vitesse de diffusion d'une maladie.
centralité	closeness	proximité	Inverse de l'éloignement	Permet de mesurer la capacité d'autonomie ou d'indépendance des acteurs
centralité	Betweeness	intermediarité	Proportion de chemins (les plus courts) sur lequel se trouve le nœud étudié	Un établissement a haute centralité (= ' hub ') sera à la fois plus vulnérable mais aussi facilitera la diffusion de la maladie ; carrefour commercial incontournable mais capacité de contrôler cette circulation.
cohésion	Strong/ weak component (SC/WC)	Composant fortement/faiblement connecté	Un WC est un sous-réseau pour lequel un chemin existe entre chaque paire de nœud qu'elle que soit la direction des liens. Au contraire, un SC est un sous-réseau où la direction des liens est prise en compte.	= structures vulnérables face à la diffusion de maladie. ▪Les WC renseignent sur la fragmentation du réseau ; détection d'établissements isolés. ▪Les SC renforcent cette notion de cohésion, étudiés aussi comme prédicteurs de la taille finale d'une épizootie.
cohesion connexion	Clustering coefficient (CC)	Coefficient de clustering	Probabilité que les voisins d'un nœud soient connectés entre eux.	Détermine la cohésion entre un établissement et les établissements en lien direct, favorise la diffusion.
centralité	Ingoing/outgoing infection chain	Chaîne d'infection entrante/sortante	identifie le nombre de nœuds connectés à un nœud incluant les nœuds adjacents et tous les autres nœuds sur les chemins menant à ce nœuds.	= nombre d'établissements connectés à une exploitation incluant les contacts directs (adjacents) et indirects (tous les chemins menant à cette exploitation) en tenant compte de la chronologie des contacts ; identifie les établissements à risque avec le plus de contacts.

Annexe 3 : Coûts moyens des épizooties de FA selon la région d'introduction de la maladie

	Coût Moyens pour l'Etat						Coût Moyens pour le secteur de l'élevage						Coûts moyens pour le secteur des abattoirs					
	SS	AA	VV	SA	VS	VA	SS	AA	VV	SA	VS	VA	SS	AA	VV	SA	VS	VA
Alsace	3,2	7,9	3,4	3,7	3,6	3,8	2,8	2,2	2,4	2,9	2,6	2,5	0,77	0,60	0,62	0,71	0,68	0,64
Aquitaine	38,4	39,5	21,6	49,4	34,8	41,9	36,3	31,4	17,9	44,6	31,9	36,4	10,3	8,1	5,3	11,6	9,1	9,7
Auvergne	28,5	39	23,3	32,9	33,1	28	26,2	18,9	19,2	28,1	24,9	21	7	4,5	5,4	6,8	6,4	5,5
Bourgogne	12,8	42,6	15,2	24,6	14,1	23,4	7	39,1	8,1	18,5	7,9	18,6	2,6	7,7	3	5,3	2,9	4,6
Bretagne	41,8	60,9	38,1	67	37,5	68	45,3	52,5	50,9	64,8	48,4	70,8	16,5	17,2	23,7	21,8	20,1	23,4
Centre	5,8	17,6	6,5	11,4	6,4	15,8	2,1	7,7	2,4	7,7	2,3	9,1	1	2,4	1,1	2,6	1	3,5
Champagne-Ardenne	11,1	18	11,5	11,9	11,9	12,2	8	7	8	8,2	8,4	8,5	1,9	1,6	1,9	1,8	2	1,8
Franche-Comté	7,7	13,6	6,9	7,9	8,3	8,3	8,9	5,6	8,7	8,7	9,2	8,2	1,9	1,8	2,7	1,7	1,9	1,7
Ile-de-France	1,6	3	2,1	2,5	2	3	1	0,58	1,3	1,1	1,2	2,2	0,41	0,31	0,37	0,41	0,44	0,47
Languedoc Roussillon	9,5	17,6	6,2	13,9	4,9	10,4	6,7	11,9	3	10	2,7	5,8	1,8	2,5	0,85	2,5	0,72	1,6
Limousin	24,2	39,1	19,8	37,8	19,6	27,7	16,1	11,3	8,8	26,3	7,2	11,6	6	4,3	4,2	8,8	3,8	5
Lorraine	5,6	15,1	6,7	6,2	6,6	7,5	3,9	4,1	4,5	3,8	4,3	4,5	0,97	1,2	1	0,96	1	1,2
Midi-Pyrénées	24,9	46,4	27,5	39,1	25,9	49,8	20,4	26,6	20,4	31,6	22,6	37	5,6	6,1	5,1	8,6	6,5	9,9
Nord-Pas-de-Calais	8,6	23,6	9,8	12,5	9,9	13,3	9,6	12,8	10,5	11,2	10,6	11,4	2,4	3,2	3	2,9	2,7	3
Basse-Normandie	80,2	90,6	36,8	70,1	63,5	70,6	82,9	97,5	60,4	75,6	76,8	76,6	20,8	22,2	15,6	18,5	19	19,1
Haute-Normandie	10,3	16,3	8,5	7,7	8,5	8,9	11,9	7,4	8,5	8,9	8,7	8	3	1,7	2,8	2,5	2,6	2,5
Pays-de-la-Loire	36,5	46,3	25,9	36,8	31,3	34,9	43,4	34,3	27,5	37,8	36,7	40,6	13	9,9	9,5	11,6	11	9,7
Picardie	9,4	15,2	9,3	10	10,9	10	12,9	8,5	9,5	14,7	11,7	11	3,4	2	2,5	4,2	3,9	3,7
Poitou-Charentes	47,6	57,9	34,4	54,6	41	63,3	41,3	28,8	25,7	43,3	31,2	45,8	11,9	8,8	10,8	12,8	9,9	14,2
PACA	5,6	9,1	6	8,7	5,7	8,6	0,59	0,52	0,50	0,60	0,59	0,57	0,10	0,09	0,09	0,10	0,10	0,11
Rhône-Alpes	3,9	10,4	4,3	5,3	3,9	5,5	4,9	5,7	4,3	5,7	4	5,2	1,6	2	1,3	1,9	1,3	1,8

Annexe 4 : Article 1, Vulnerability of animal Trade networks to the spread of infectious disease: A methodological approach applied to evaluation and emergency control strategies in cattle, France, 2005.

ORIGINAL ARTICLE

Vulnerability of Animal Trade Networks to The Spread of Infectious Diseases: A Methodological Approach Applied to Evaluation and Emergency Control Strategies in Cattle, France, 2005

S. Rautureau¹, B. Dufou² and B. Durand¹¹ Epidemiology unit EPI, French agency for food, environmental and occupational health safety (ANSES), Maisons-Alfort Cedex, France² Epidemiology unit EPIMA, Alfort National Veterinary School (ENVA), Maisons-Alfort Cedex, France**Keywords:**

network analysis; cattle; trade; France

Correspondence:

S. Rautureau, EPI, French agency for food, environmental and occupational health safety (ANSES), 94706 Maisons-Alfort Cedex, France. Tel.: 33 (0) 1 49 77 13 00; Fax: 33 (0) 1 49 77 22 57; E-mail: severine.rautureau@anses.fr

Received for publication August 17, 2010

doi:10.1111/j.1865-1682.2010.01187.x

Summary

Besides farming, trade of livestock is a major component of agricultural economy. However, the networks generated by live animal movements are the major support for the propagation of infectious agents between farms, and their structure strongly affects how fast a disease may spread. Structural characteristics may thus be indicators of network vulnerability to the spread of infectious disease. The method proposed here is based upon the analysis of specific subnetworks: the giant strongly connected components (GSCs). Their existence, size and geographic extent are used to assess network vulnerability. Their disappearance when targeted nodes are removed allows studying how network vulnerability may be controlled under emergency conditions. The method was applied to the cattle trade network in France, 2005. Giant strongly connected components were present and widely spread all over the country in yearly, monthly and weekly networks. Among several tested approaches, the most efficient way to make GSCs disappear was based on the ranking of nodes by decreasing betweenness centrality (the proportion of shortest paths between nodes on which a specific node lies). Giant strongly connected components disappearance was obtained after removal of <1% of network nodes. Under emergency conditions, suspending animal trade activities in a small subset of holdings may thus allow to control the spread of an infectious disease through the animal trade network. Nodes representing markets and dealers were widely affected by these simulated control measures. This confirms their importance as 'hubs' for infectious diseases spread. Besides emergency conditions, specific sensitization and preventive measures should be dedicated to this population.

Introduction

In recent years, the growth of international transportation coupled with an increase in animal protein consumption has induced an increase in global trade, in particular for livestock. Live animal movements represent major risks for transboundary diseases spread (Fèvre et al., 2006), leading countries to apply protective trade regulations that in turn reduce trade opportunities and investments in the livestock sector. Even if trade rules are still based on bilateral agree-

ments between countries, international regulations exist to mitigate these risks. Countries are indeed encouraged to base their sanitary measures on international standards harmonized with the application of Sanitary and Phyto-Sanitary agreement (SPS) of the World Trade Organization (WTO). SPS agreement has been designed to suggest preventive measures of member states without hindering global trade more than necessary. The international standards relating to animal health were developed by the World Organization for Animal Health (OIE) and are stated in

the terrestrial animal health code (OIE, 2009). Once the corresponding measures are implemented in national regulations, trade between transboundary disease-free countries is considered to present a low risk. However, events following the introduction of foot-and-mouth disease (FMD) into United Kingdom (UK) in 2001 or classical swine fever epidemic in the Netherlands and Germany in 2003 clearly demonstrated that trade with disease-free countries is not 'risk-free' (Thomson et al., 2004). These events also underlined the vulnerability of national trade networks to the spread of an infectious disease.

Besides, the existence of an efficient identification and traceability system of holdings and of animals is a major prerequisite for the implementation of surveillance and control procedures prescribed by the OIE terrestrial animal health code (Ammendrup and Barcos, 2006). The routine recording procedures of these identification and traceability systems provide rich data sets to study disease spread through animal movements.

Social network analysis (SNA) concepts and methods have been used to study the dynamics of human and animal diseases propagated by travel (Liljeros et al., 2003; Hufnagel et al., 2004) or trade (Shirley and Rushton, 2005; Kiss et al., 2006a). Social network analysis is based on the study of the relationships among social entities and on the patterns and implications of these relationships (Wasserman, 1994). Social network analysis has developed indicators of the centrality for nodes or for their relationship, and methods for the identification of cohesive structures (groups or individual clusters).

This approach has been introduced in veterinary epidemiology studies only recently (reviewed by Dube et al., 2009 or Martinez-Lopez et al., 2009). Livestock movements have been analysed to evaluate the potential transmission of an infectious disease through the contact network or to assess the impact of livestock movement regulations. The live animal trade can be represented by a network where the holdings are represented by nodes and the animal movements between these holdings are represented by links. Animal movements along the network links can be considered as paths for the diffusion of a disease. Disease spread is therefore dependent on the structure of the network and network topology may reveal the existence of holding groups particularly exposed to infection. Bell et al., (1999) defined these latter holdings as 'vulnerable' entities. Within a network, the vulnerability would be a measure of the likelihood for an individual to become infected. By identifying individuals by high vulnerability, SNA can enhance targeted surveillance and prevention programmes.

This node-level definition may be generalized at the network level, considering that a trade network is vulnerable to the spread of infectious diseases if (i) live animal

movements through this network may lead the disease to spread very fast inside a country (in particular before the identification of the first case) and (ii) human and material resources would become quickly insufficient to control the epidemic with the usual control measures.

In this context, network connectedness determines how fast and widely an infection may spread, and the existence of large connected components (beyond a certain size) could be the basis of network vulnerability. Social network analysis distinguishes two kinds of connected components: weakly and strongly connected components. Weakly connected components (WCs) are subnetworks for which a path exists between any pair of nodes, whatever the link direction. These WCs can be interpreted as independent subnetworks as in a given network, no connection exists between two WCs. Strongly connected components (SCs) are subnetworks for which every node can be reached from every other node via one (or several) directed path(s). They can be interpreted as areas of a network where connectedness is particularly high. A disease introduced into any holding of a SC can potentially reach any other holding in that SC. In a real network, a large connected component often emerges, known as the 'giant strong component' (GSC). Calculation of GSC size in animal movement network may then be used to estimate potential epidemic sizes. Indeed, previous studies have analysed in this way the network of cattle and sheep movements in Great Britain (GB) (Christley et al., 2005; Robinson et al., 2007) and Scotland (Volkova et al., 2010a,b). The size of the GSC was compared with the size of simulated FMD epidemics by Kao et al., (2006) for the GB livestock network and by Kiss et al., (2006b) for the GB sheep network. These studies concluded that GSC size was a good predictor to assess the potential epidemic size.

Besides these model-based and disease-specific studies of animal trade networks vulnerability, the proposed approach is an alternative approach defining and using general SNA indicators (i.e. model- and disease independent). The objectives were (i) to evaluate the vulnerability of animal trade networks to infectious diseases using SNA indicators, especially GSC characteristics, and (ii) to define network-based targeting procedures that could be used to reduce network vulnerability, in preventive or emergency control measures. Cattle movement between French holdings were studied at different time scales: yearly, monthly and weekly movements as an application.

Materials and Methods

Network construction

Cattle movement data were obtained from the National Bovine Database of Identification (BDNI) which is managed by the French Ministry of Agriculture. Animal births

and deaths are recorded in this database, as well as imports, exports, movements to slaughterhouses or to rendering plants, and movements between holdings. Three kinds of holdings were distinguished: farms, markets and dealers. Markets and dealers are collectively named 'trade operators'. Each movement was described by a date, the unique identification code of the animal and the identification codes of the origin and destination holdings. Individual cattle movements registered during year 2005 were selected for the study. This year was chosen as the most recent year for cattle trade under 'standard' conditions, i.e. before movement limitations owing to bluetongue epizootic (applied by the end of 2006).

For a given time period, a network representing cattle trade was built representing as a node each holding involved in any movement during the period. All of the movements between two specific holdings during the time period were then consolidated into a single arc. Births, imports, exports and movements to slaughterhouses or to rendering plants were not taken into account. Sixty-five oriented networks were constructed for three different time scales: the year (1 yearly network), the month (12 monthly networks) and the week (52 weekly networks).

Network description

For each network, several descriptive parameters (Wasserman, 1994) were calculated: the size (number of nodes), the number of links, the average degree (the degree of a node is the number of nodes to which it is directly linked), the average path length (the average number of links along the shortest paths or geodesic between all pairs of nodes), the diameter (the longest of geodesic length), the clustering coefficient (proportion of neighbours of a node that are linked to each other) and the assortativity (correlation between the degrees of linked nodes). For each network, a power-law distribution as $P(k) \sim k^{-\gamma}$ was fit from the node degree distribution. Estimating the parameters of a power-law distribution is complex as, most of the time, only the tail of the observed distribution follows a power-law. As large fluctuations occur in the tail of power-law distributions, it is difficult to identify the range over which power-law behaviour holds. We used the approach proposed by Clauset et al. (2009) that combines a maximum-likelihood estimator of the scaling exponent (γ) with the Kolmogorov-Smirnov statistic for determining the threshold above which the power-law behaviour holds.

Strong component analysis

The number of weakly and strongly connected components (WC and SC) and the size of the two largest WC

and SC were determined. Both sizes were compared to qualify the largest WC (or the largest SC) as the 'giant' weakly (or strongly) connected component. These components were computed for the yearly network, for the 12 monthly networks and for the 52 weekly networks. The spatial extent of the GSCs was determined, and descriptive parameters were computed (size, number of links, average degree, average path length, diameter, clustering coefficient and assortativity). The composition of GSCs by type of holding was determined (proportion of farms, markets and dealers). For the yearly network, the distributions of the three main centrality measures were computed for each holding type: degree, betweenness [the frequency according to which a node is on the shortest path between any pair of nodes (Freeman, 1978/1979)] and closeness [a measure of how closely a node is connected to any other node (Sabidussi, 1966)].

Finally, for each network, four targeted node removal procedures were tested to determine the most efficient way leading to GSC disappearance. Giant strongly connected components disappearance was defined by the fact that, after node removal, the size of the largest SC had fallen below a predefined threshold. This threshold was set to the maximal size of the second largest SC observed in the yearly, monthly and weekly networks (before any node removal). The first node removal procedure was based on holding type: the sizes of the largest SCs were computed after the removal of markets, dealers or both. The three other procedures used centrality measures: degree, betweenness and closeness. For a given centrality measure, nodes with the highest value were removed; the centrality measure was then recalculated after removal, as well as the size of the SCs. These operations were repeated until GSC disappearance.

Network analyses were performed using the Pajek Programme for Large Network Analysis (v1.25; <http://pajek.imfm.si/doku.php?id=pajek>) (Batagelj and Mrvar, 1998) and the Igraph package (v 0.5.2, <http://igraph.sourceforge.net>) for R software (2009).

Results

Cattle trade data

A total number of 265 298 holdings were registered in France in 2005, corresponding to 263 907 farms, 1315 dealers and 76 markets. Highest densities were located in Brittany and in the centre of the country (Fig. 1). Cattle holdings housed 27 445 081 animals, of which approximately one-third (36%) moved in 2005 between two holdings or more. Half of these animals moved only once during 2005 (47%), the average number of movements per animal being 1.8 (range: 1–24). Eighteen millions

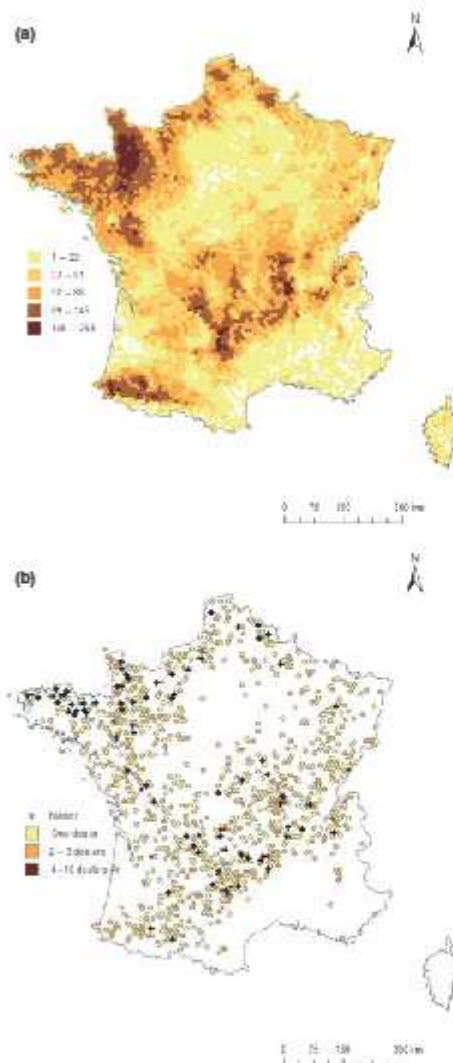


Fig. 1. Spatial density of farms (a) and of trade operators (b), France 2005.

individual movements ($n = 18\,277\,519$) were recorded during 2005, with peaks in spring and autumn. Approximately half of these individual movements ($n = 8\,138\,047$, 44.5%) were imports, exports or movements to slaughterhouses or rendering plants. The remaining

were movements between French farms and trade operators, corresponding to 5 028 522 distinct animals. A minority of movements occurred between trade operators (18%), while the majority occurred from or to a farm (82%). Among these movements, direct farm to farm movements were less frequent than indirect movements; farmers bought or sold their animals to trade operators in 57% and 75% of cases, respectively (Table 1). Individual movements covered a median distance of 35 km. Movements from or to farms were significantly shorter (median distance, 33 km) than movements between trade operators (median distance, 80 km; Wilcoxon's test: $P < 0.0001$).

Network characteristics

The annual network was composed of 244 097 nodes linked by 1 416 208 arcs (Table 2). On average, half of the corresponding holdings also participated in the monthly networks (with 15% of the arcs) and 20% participated in the weekly networks (with 4% of the arcs). All of the trade operators (1315 dealers and 76 markets) were included in the annual network, as well as 92% of the farms ($n = 242\,706$). Most of the trade operators were also involved in the monthly networks (85% of the dealers and 93% of the markets on average) and in the weekly networks (76% of the dealers and 86% of the markets on average), while the proportion was lower for farms (49% for monthly networks and 20% for weekly networks on average).

Networks fragmentation was low: in each of the studied networks, the largest weak component included >70% of the nodes. The sizes of the other weak components appeared significantly lower (<226 nodes) than the largest one. Whatever the time scale, a given pair of connected nodes was separated by approximately five arcs, corresponding to four intermediary nodes. Holdings were therefore linked on average by five animal movements, through four holdings. The longest of these paths (i.e. network diameter) varied between 14 arcs (weekly and monthly networks) and 27 arcs (yearly network) (Table 2).

In the annual network, node degree ranged between 1 and 14 600 with an average value of 11.6 (median: 5). The tail of the degree distribution appeared linear on a log-log scale (Fig. 2a) with a power-law exponent γ of 2.15, for the nodes with the highest degree values (degree ≥ 150). Although the degree values were smaller in monthly and weekly networks (Table 2) than in the yearly network estimates of power-law exponent were similar both for monthly networks (median value, 2.58; range, 2.15–2.74) and for weekly networks (median value, 2.56; range, 1.82–2.88).

Table 1. Number of animals moving between French holdings in 2005

Origins	Destinations				Total of origins
	Farms (% total origin)	Dealers (% total origin)	Markets (% total origin)	Others* (% total origin)	
Farms	1 541 940 (14)	3 930 589 (34)	796 973 (7)	5 147 622 (45)	11 417 124 (100)
Dealers	1 595 402 (30)	884 412 (16.5)	453 391 (8.5)	2 427 938 (45)	5 361 143 (100)
Markets	429 183 (33.5)	507 582 (40)	NA (-)	340 537 (26.5)	1 277 302 (100)
Import*	121 627 (55)	38 512 (17)	26 938 (12)	34 873 (16)	221 950 (100)
Total of destinations	3 688 152 (20)	5 361 095 (29)	1 277 302 (7)	7 950 970 (44)	18 277 519 (100)

*Exports, slaughterhouses and rendering plants.

Table 2. Descriptive parameters for yearly, monthly and weekly cattle trade networks in France, 2005

	Annual network	Monthly networks mean data [range]	Weekly networks mean data [range]
Size	244 097	126 613 [106 141-139 650]	49 246 [33 848-59 675]
Farms	242 706	125 427 [104 976-138 473]	48 179 [32 920-58 605]
Dealers	1315	1115 [1091-1145]	1001 [865-1042]
Markets	76	71 [67-75]	66 [57-73]
Links	1 416 208	212 497 [168 423-245 560]	59 933 [35 984-73 401]
Average degree	11.60	3.35 [3.17-3.55]	2.43 [2.13-2.52]
Average path length	4.52	4.97 [4.82-5.04]	5.59 [5.3-6.83]
Diameter	27	17 [14-22]	16 [14-20]
Clustering coefficient	0.005	0.004 [0.0032-0.0042]	0.004 [0.0034-0.0053]
Assortativity	-0.13	-0.19 [-0.22 to -0.16]	-0.20 [-0.24 to -0.16]
Weak components			
Number	1229	2 110 [1785-2626]	2318 [1440-3046]
Largest size (%)	240 894 (99%)	121 832 (96.2%) [102 095 (95.4%)-134 886 (96.7%)]	43 956 (89.2%) [26 749 (79%)-53 535 (91.5%)]
2nd largest size	85	124 [8-226]	35 [12-78]
Strong components			
Number	1259	362 [268-477]	125 [86-178]
Largest size (%)	108 904 (45%)	10 277 (8.1%) [7254 (6.8%)-12 652 (9.2%)]	2115 (4.3%) [885 (2.6%)-2657(4.8%)]
2nd largest size	9	7 [5-14]	9 [4-51]

Whatever the time scale, low and similar values of the global clustering coefficient were obtained (Table 2). In the yearly network, local clustering coefficient appeared inversely linked to the node degree: its value decreased linearly when node degree increased (Fig. 2b), the lowest clustering values being observed in nodes with the highest degree.

Finally, networks were assortative (assortativity < 0) whatever the time scale (Table 2): nodes were more often linked to nodes with a different degree than to nodes with a similar degree.

Strong components analysis

A large strong component was observed in each of the studied network. In the yearly network, this component

included 45% of network nodes, this proportion being lower in the monthly (mean proportion: 8%) and weekly networks (mean proportion: 4%). However, the size of the other strong components was always $<10^{-3}$ lower (range 4-51 nodes) than the size of the largest strong component (Table 2). The latter was therefore considered as the GSCs. Giant strongly connected components were widely spread in the country, as shown in Fig. 3 for the smallest and largest GSC in the monthly networks (July: 7254 nodes; November: 12 652 nodes), as well as for the smallest and largest GSC in the weekly networks (week 33: 1200 nodes; week 47: 2657 nodes).

Even if GSCs were mainly composed of farms, trade operators were markedly overrepresented in these subnetworks. In the yearly network, the proportion of holdings

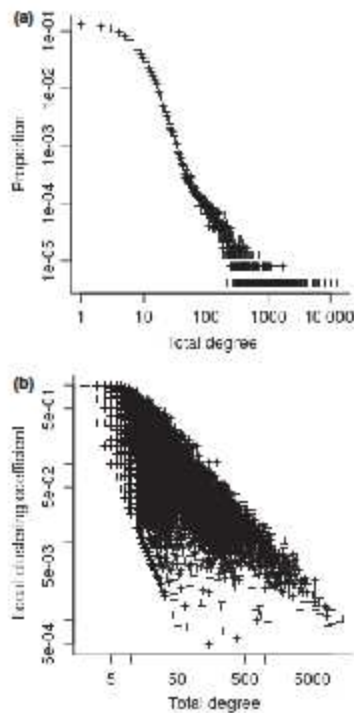


Fig. 2. Distribution of nodes degree (a) and of local clustering coefficient (b) according to node degree in the yearly network of cattle movements, France, 2005.

involved in the GSC was 2.2 times higher for trade operators than for farms. This contrast was stronger in monthly and weekly networks with ratios of 12 and 22, respectively (Table 3). The degree, betweenness and closeness centrality appeared markedly higher in dealers and markets than in farms (Fig. 4).

Among 56 809 holdings participating in any of the 12 monthly GSCs, 932 appeared every month and were mainly trade operators ($n = 610$, 65%). Similarly, 34,564 holdings were involved in any of the 52 weekly GSCs. Forty-three holdings appeared every week, of which 42 were trade operators.

The characteristics of the GSCs (average degree, average path length, diameter and assortativity) appeared close to those of the corresponding global networks. The clustering coefficient was, however, one log higher (Table 3).

Removing the trade operators from the yearly network did not induced GSC disappearance. After node removal,

the size of the largest strong component was reduced to 36% (41 588 nodes) of its initial size, but the GSC was still present. This node removal procedure based on holding type was successful in monthly and weekly networks, for which removing all of the trade operators always led to GSC disappearance (Table 4). This disappearance was not obtained if a single category of trade operators (markets or dealers) was removed from the network, even for the weekly scale time.

The maximal size of the second largest SC (whatever the network) observed in the studied networks was 51. This limit was used to stop the node removal procedure when targeting was based upon a centrality measure. Depending on the centrality measure, this procedure led to the removal of thousands nodes in the annual network (representing 1–2% of its size) and tens to hundreds nodes in weekly and monthly networks (representing 0.2–0.3% of their sizes) (Table 4). The betweenness centrality was the most efficient targeting measure, for which the number of removed nodes was the lowest 2866 nodes in the yearly network and, on average, 299 nodes in monthly networks and 82 nodes in weekly networks (Table 4). The proportion of removed nodes was much higher for trade operators than for farms (Table 4), particularly for markets.

Discussion

Animal movements form networks linking holdings. And SNA method can supply general indicators to evaluate network vulnerability to infectious diseases. As an example, the vulnerability of the French cattle trade network was studied at three different time scales: the year (one network), the month (12 networks) and the week (52 networks). The yearly time scale aimed at studying the vulnerability of the network to non-notifiable diseases: once introduced the pathogen agent would spread freely across the network. The monthly and weekly time scales were studied to focus on notifiable diseases, assuming that the epidemic would spread during 1 week or 1 month before the identification of the first infected premise.

For each of the 65 studied networks, the node degree distributions were evaluated and appeared heavy tailed, suggesting a scale-free structure. Many real networks (even if they have a different nature) have this structure, characterized by the fact that most of the nodes have only few neighbours, whereas few nodes (the so-called hubs) have many neighbours. This characteristic emerges when network growth is driven by preferential attachment: when a node is added to the network (here: when a holding buys or sells animals), it tends to connect itself to the most connected nodes (for us: a holding tends to buy or sell animals to the holdings that buy or sell animals to many other holdings). Similarly, local clustering coeffi-

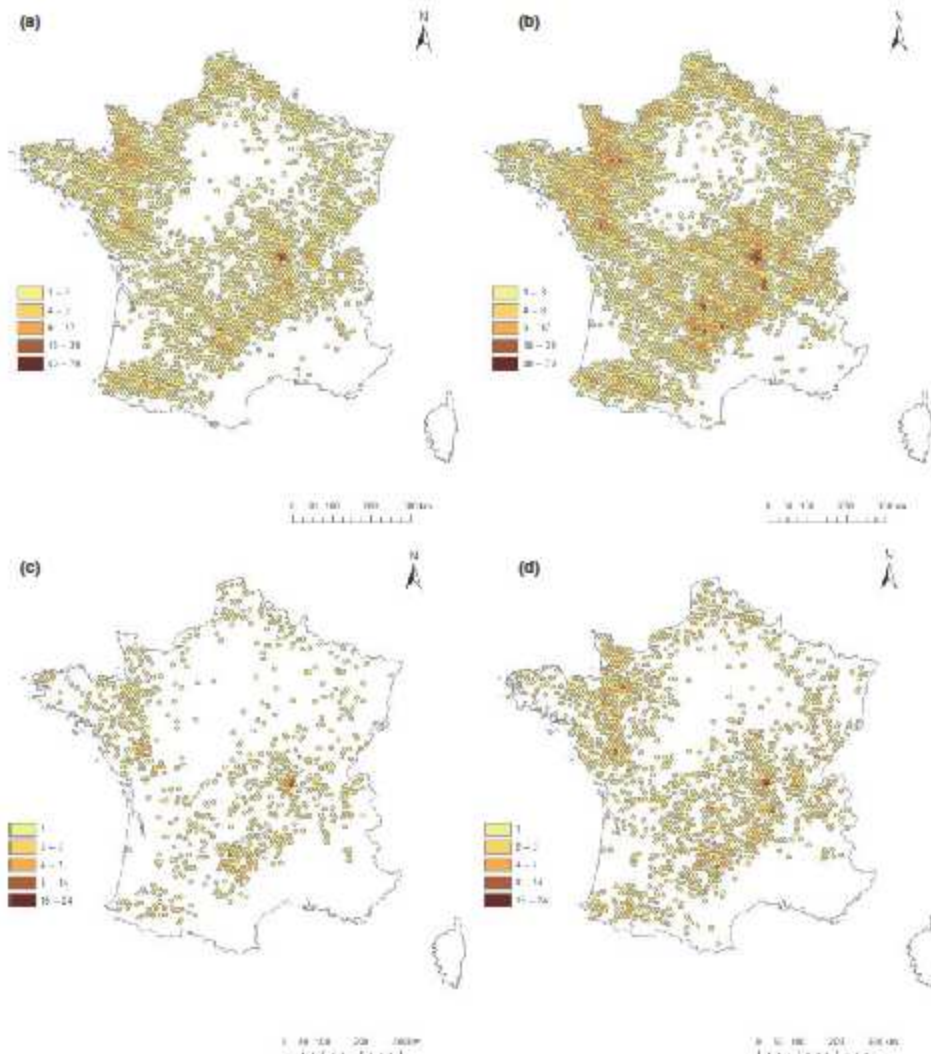


Fig. 3. Spatial density of holdings belonging to the giant strong component (GSC) for the monthly and weekly cattle trade networks with the smallest [July (a), 33th week (c)] and largest [November (b), 47th week (d)] GSC, in France, 2005.

cents seemed inversely linked to node degrees, with a roughly linear relationship on a log-log scale. Low degree nodes are involved in dense subgraphs, which are connected to each other by high degree nodes. Scale-free structure has been observed in various real networks

studied in sociology (Wasserman, 1994), computer science (Pastor-Satorras and Vespignani, 2001) or biology (Jeong et al., 2000). Theoretical studies have shown that the initial spread of a disease in scale-free networks is much faster than in random networks and the disease is

Table 3. Descriptive parameters for the giant strong components of the yearly, monthly and weekly cattle trade networks in France, 2005

	Annual network	Monthly networks mean data [range]	Weekly networks mean data [range]
Size	108 904	10 277 [7254–12 652]	2115 [885–2657]
Farms	107 539	9245 [6277–11 622]	1430 [524–1885]
Dealers	1289	964 [908–1008]	633 [320–714]
Markets	76	69 [65–73]	52 [39–60]
Links	804 331	39 592 [29 726–47 581]	7417 [2655–9485]
Average degree	11.60	3.35 [3.17–3.55]	2.43 [2.13–2.52]
Average path length	4.44	4.74 [4.6–4.82]	5.07 [4.84–6.24]
Diameter	20	16 [13–20]	14 [12–19]
Clustering coefficient	$1.06 \cdot 10^{-2}$	0.03 [0.025–0.043]	0.06 [0.045–0.1]
Assortativity	-0.14	-0.18 [-0.19 to -0.16]	-0.21[-0.25 to -0.18]

detected at a later stage (Kiss et al., 2006a). Pastor-Satorras and Vespignani (2001), concluded that scale-free graph networks were prone to the spreading and the persistence of infections, whatever spreading rate the epidemic agents possess. Therefore, in a scale-free network and if no control measure is applied, any infectious agent will spread and provoke a huge epidemic, even if its contagiousness level is low (Barabasi, 2009). In each of the 65 studied networks, the assortativity coefficient had a negative value, as already observed in the GB sheep net-

works studied in 2003–2004 (Kiss et al., 2006b). Disassortativity is also a property of scale-free network that confirms their hierarchic structure and the presence of 'hubs'. In hierarchic structures, infection propagates from higher to lower degree nodes. Hubs, highly connected, are crossroads that maintain the overall connectedness of the networks. Hubs are therefore quickly infected and the spread subsequently affects holdings with a smaller degree (May and Lloyd, 2001; Cohen et al., 2003; Barthelemy et al., 2004; Shirley and Rushton, 2005b).

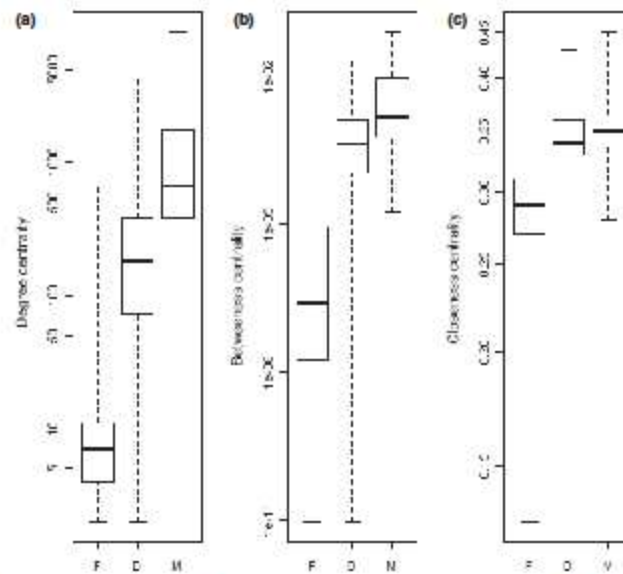
**Fig. 4.** Distribution of degree (a), betweenness (b) and closeness (c) centrality measures in holdings belonging to the giant strong component of the yearly cattle trade, according to the holding type (F, farms; D, dealers; M, markets), France, 2005.

Table 4. Number of node removals allowing to obtain the disappearance of the giant strong component in yearly, monthly and weekly cattle trade networks, France, 2005

Node removal targeting procedure	Time scale	Number of removed nodes (% ^a)			
		Farms	Dealers	Markets	Total
Holding type ^b	Monthly	–	964 (96)	69 (97)	1033 (0.8)
	Weekly	–	633 (63)	52 (79)	685 (1.4)
Degree centrality ^c	Yearly	2322 (1.0)	1113 (85)	75 (100)	3510 (1.4)
	Monthly	3	351 (31)	48 (68)	403 (0.3)
Closeness centrality ^c	Weekly	–	83 (8)	29 (44)	113 (0.2)
	Yearly	2805 (1.1)	1073 (82)	75 (100)	3953 (1.6)
Betweenness centrality ^c	Monthly	55	295 (26)	46 (65)	396 (0.3)
	Weekly	10	79 (8)	24 (36)	113 (0.2)
	Yearly	1766 (0.7)	1035 (79)	75 (100)	2866 (1.2)
	Monthly	8	251 (23)	40 (56)	299 (0.2)
	Weekly	1	59 (6)	23 (35)	82 (0.2)

^aGlobal and holding category-specific percentages of nodes removed from the network (average values are given for monthly and weekly networks).

^bRemoval of nodes representing trade operators (this procedure failed for the yearly network).

^cThe node with the highest centrality measure is repeatedly removed until the size of the largest strong component falls below 51 nodes (maximal size of the 2nd largest strong component in the studied networks).

In our study, numerical analysis of the distribution tails resulted in homogeneous estimates of the power-law exponent γ , particularly for the weekly and monthly networks (range: 2–3). Natale et al., (2009) observed for the Italian cattle trade an estimate of the power-law exponent of 2.26 for the year 2007 and Christley et al., (2005) an exponent of 2.1 for the GB cattle network in 2005. In Denmark, studies conducted between autumn 2002 and spring 2003, resulted in estimates of 2 and 1.46 for the in- and out-degree distribution in cattle movement network (Bigras-Poulin et al., 2006). In this country and for the same period, a further study resulted in estimates of 0.6 and 2.3 for the in- and out-degree in swine movement network (Bigras-Poulin et al., 2007). Other authors have observed heavy-tailed degree distributions in animal trade networks such as cattle (Volkova et al., 2010a) and sheep (Volkova et al., 2010b) movements in Scotland or sheep movements in GB (Kiss et al., 2006b).

Whatever the time scale, the average path length we observed between two nodes was approximately of five arcs. For GB sheep movements (Kiss et al., 2006b), the average path length was higher than the French cattle movements as it ranged from 7.7 to 12.3 between period of high activity (September) to low activity (May). Theoretical studies have shown that this measure is correlated with the time to reach the epidemic size (Shirley and Rushton, 2005b). Therefore, the low values we observed suggest that, whatever the time scale, an epidemic would spread quickly across the network.

Besides global network properties such as a scale-free structure, we studied the SC, as indicators of network vulnerability to disease spread. Giant strongly connected

component emerged in each of the 65 studied networks: whatever the time scale, a large subset of holdings existed and were continually linked and widely spread all over the country. The size of GSCs in annual sheep and cattle networks of Scottish farms in the studies of Volkova et al. (2010a,b) represented on average 50% of the farms. For GB cattle livestock networks (Christley et al., 2005; Kao et al., 2006), the GSC was also geographically spread, which increases the risk of large epidemics. However, building the networks consists in aggregating into a single arc the movements between pairs of holdings during a given time period. The relative chronology of movements is not taken into account, whereas it would play an important role in a real epidemic. So the size and geographic extent of these GSCs should not be interpreted as estimates of the size and spatial extent of an average epidemic. Giant strongly connected components rather represent a structural risk, and their constant presence, combined with the scale-free structure of the network, indicates a structural vulnerability of the French cattle trade to infectious disease spread.

A corollary to this result is that network vulnerability may be controlled by focusing control or preventive measures on the holdings that play the role of hubs and ensure the overall cohesion of animal trade network. Giant strongly connected components as scale-free networks are known to have a great robustness, i.e. a great tolerance against random failures (Albert et al., 2000). However, scale-free networks quickly break into many isolated fragments when nodes are not removed randomly but according to a targeting procedure based on network topology (Albert et al., 2000; Callaway et al., 2000; Cohen

et al., 2001; Crucitti et al., 2004). These structural properties can be used to target control measures and decrease the connectedness of the network.

We studied four targeting procedures either based upon holding type (farm, dealer or market) or on node centrality measures. The efficacy of these targeting procedures was evaluated and compared. Giant strongly connected component disappearance was chosen as an indicator whether network vulnerability was under control. Studying the effect of trade operator removal on the GSCs was a natural choice because of their important presence in GSCs. The high values of their centrality measures also suggest that many of the trade operators could play the role of 'hubs'. Removing all of the dealers and markets led to GSC disappearance in monthly and weekly networks only. Removing only one type of trade operators (dealers or markets) never led to GSC disappearance. Targeting procedures based on centrality measures appeared more efficient as the removal of <1% of nodes always led to GSC disappearance. Among the removed nodes, markets (and, to a lesser extent, dealers) were markedly over-represented. Past studies already demonstrated the role of markets in disease spread. In livestock movements in GB (Kao et al., 2006; Kiss et al., 2006b; Robinson and Christley, 2007), markets were also identified as hubs. Ortiz-Pelaez et al., (2006) characterized markets and their high betweenness centrality as key factors in the evolution of the initial phases of the foot-and-mouth outbreak in the United Kingdom in 2001.

Previous studies in GB livestock movement networks have already demonstrated that targeting on high connected nodes or links reduced the size of the GSC and limited the extent of a possible epidemic (Kao et al., 2006; Kiss et al., 2006b). The efficacy of targeted control procedures of disease spread in networks has been also studied *in silico* for hypothetical diseases, either highly infectious (Natale et al., 2009) or endemic (Volkova et al., 2010a,b). These studies showed that a target of 1–20% of nodes to be removed was efficient for controlling disease spread. By comparison, the lower proportions we obtained are disease independent and could thus be used, whatever the disease, to optimize both preventive and emergency control measures. Suspending animal trade activities in a smallest subset of holdings may thus allow to control the spread of an infectious disease through the animal trade network.

In conclusion, the proposed alternative approach (country- and disease independent) based upon general indicators derived from SNA has allowed to characterize vulnerability of live animal trade networks to infectious diseases and to evaluate targeted procedures that could be used, in prevention or control measures, for reducing network vulnerability. This approach is illustrated by the

French cattle trade network and showed that, even on a weekly time scale, a structural vulnerability of this network to infectious disease spread constantly exists. The scale-free structure of the network leads to propose focusing control and preventive measures on hubs. These are mainly (but not only) trade operators. Specific preventive measures should be dedicated to this population, especially the sensitization to biosecurity measures.

References

- Albert, R., H. Jeong, and A.L. Barabasi, 2000: Error and attack tolerance of complex networks. *Nature* 406, 378–382.
- Ammendrup, S., and L.O. Barco, 2006: The implementation of traceability systems. *Rev. Sci. Tech. Off. Int. Epizoot.* 25, 763–773.
- Anonymous, 2009: *R: A Language and Environment for Statistical Computing*, p. 409. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.
- Barabasi, A.L., 2009: Scale-free networks: a decade and beyond. *Science* 325, 412–413.
- Barthelemy, M., A. Barrat, R. Pastor-Satorras, and A. Vespignani, 2004: Velocity and hierarchical spread of epidemic outbreaks in scale-free networks. *Phys. Rev. Lett.* 92, 178701.
- Batagelj, V., and A. Mrvar, 1998: Pajek – program for large network analysis. *Comazions* 21, 47–57.
- Bell, D.C., J.S. Atkinson, and J.W. Carlson, 1999: Centrality measures for disease transmission networks. *Soc. Networks* 21, 1–21.
- Bigras-Poulin, M., R.A. Thompson, M. Chriel, S. Mortensen, and M. Greiner, 2006: Network analysis of Danish cattle industry trade patterns as an evaluation of risk potential for disease spread. *Prev. Vet. Med.* 76, 11–39.
- Bigras-Poulin, M., K. Barford, S. Mortensen, and M. Greiner, 2007: Relationship of trade patterns of the Danish swine industry animal movements network to potential disease spread. *Prev. Vet. Med.* 80, 143–165.
- Callaway, D.S., M.E. Newman, S.H. Strogatz, and D.J. Watts, 2000: Network robustness and fragility: percolation on random graphs. *Phys. Rev. Lett.* 85, 5468–5471.
- Christley, R.M., S.E. Robinson, R. Lysons, and N. French, 2005: Network analysis of cattle movement in Great Britain. *Proceedings SVEPM Nairn, Scotland*, 234–243.
- Gausset, A., C.R. Shalizi, and M.E.J. Newman, 2009: Power-law distributions in empirical data. *SIAM Review* 51, 661–703.
- Cohen, R., K. Erez, D. ben-Avraham, and S. Havlin, 2001: Breakdown of the Internet under Intentional Attack. *Phys. Rev. Lett.* 86, 3682.
- Cohen, R., S. Havlin, and D. ben-Avraham, 2003: Efficient immunization strategies for computer networks and populations. *Phys. Rev. Lett.* 91, 247901.
- Crucitti, P., V. Latora, M. Marchiori, and A. Rapisarda, 2004: Error and attack tolerance of complex networks. *Physica A* 340, 388–394.

- Dube, C., C. Ribble, D. Kelton, and B. McNab, 2009: A review of network analysis terminology and its application to foot-and-mouth disease modelling and policy development. *J. Transbound. Emerg. Dis.* 56, 75–85.
- Fèvre, E.M., B.M.d.C. Bronsvoort, K.A. Hamilton, and S. Cleaveland, 2006: Animal movements and the spread of infectious diseases. *Trends Microbiol.* 14, 125–131.
- Freeman, L.C., 1978/1979: Centrality in social networks, conceptual clarification. *Soc. Networks* 1, 215–239.
- Hufnagel, L., D. Brockmann, and T. Geisel, 2004: Forecast and control of epidemics in a globalized world. *Proc. Natl. Acad. Sci. U S A* 101, 15124–15129.
- Jeong, H., B. Tombor, R. Albert, Z.N. Oltvai, and A.L. Barabasi, 2000: The large-scale organization of metabolic networks. *Nature* 407, 651–654.
- Kao, R.R., L. Danon, D.M. Green, and L.Z. Kiss, 2006: Demographic structure and pathogen dynamics on the network of livestock movements in Great Britain. *Proc. Biol. Sci.* 273, 1999–2007.
- Kiss, I.Z., D.M. Green, and R.R. Kao, 2006a: Infectious disease control using contact tracing in random and scale-free networks. *J. R. Soc. Interface* 3, 55–62.
- Kiss, I.Z., D.M. Green, and R.R. Kao, 2006b: The network of sheep movements within Great Britain: network properties and their implications for infectious disease spread. *J. R. Soc. Interface* 3, 669–677.
- Liljeros, F., C.R. Edling, and L.A. Nunes Amaral, 2003: Sexual networks: implications for the transmission of sexually transmitted infections. *Microbes Infect.* 5, 189–196.
- Martinez-Lopez, B., A.M. Perez, and J.M. Sanchez-Vizcaino, 2009: Social network analysis. Review of general concepts and use in preventive veterinary medicine. *J. Transbound. Emerg. Dis.* 56, 109–120.
- May, R.M., and A.L. Lloyd, 2001: Infection dynamics on scale-free networks. *Phys. Rev. E* 64, 066112.
- Natale, F., A. Giovannini, L. Savini, D. Palma, I. Possenti, G. Fiore, and P. Calistri, 2009: Network analysis of Italian cattle trade patterns and evaluation of risks for potential disease spread. *Prev. Vet. Med.* 92, 341–350.
- OIE, 2009: *Terrestrial Animal Health Code*, 18th edn. Office International des Epizooties, Paris.
- Ortiz-Pelaez, A., D.U. Pfeiffer, R.I. Soares-Magalhaes, and F.J. Gutiérrez, 2006: Use of social network analysis to characterize the pattern of animal movements in the initial phases of the 2001 foot and mouth disease (FMD) epidemic in the UK. *Prev. Vet. Med.* 76, 40–55.
- Pastor-Satorras, R., and A. Vespignani, 2001: Epidemic spreading in scale-free networks. *Phys. Rev. Lett* 86, 3200–3203.
- Robinson, S.E., and R.M. Christley, 2007: Exploring the role of auction markets in cattle movements within Great Britain. *Prev. Vet. Med.* 81, 21–37.
- Robinson, S.E., M.G. Everett, and R.M. Christley, 2007: Recent network evolution increases the potential for large epidemics in the British cattle population. *J. R. Soc. Interface* 4, 669–674.
- Sabidussi, G., 1966: The centrality of a graph. *Psychometrika* 31, 581–603.
- Shirley, M.D., and S.P. Rushton, 2005a: Where diseases and networks collide: lessons to be learnt from a study of the 2001 foot-and-mouth disease epidemic. *Epidemiol. Infect.* 133, 1023–1032.
- Shirley, M.D.F., and S.P. Rushton, 2005b: The impacts of network topology on disease spread. *Ecol. Complex.* 2, 287–299.
- Thomson, G.R., E.N. Tambi, S.K. Hargreaves, T.J. Leyland, A.P. Catley, G.G.M. Van 'T Klooster, and M.-L. Penrith, 2004: International trade in livestock and livestock products: the need for a commodity-based approach. *Vet. Rec.* 155, 429–433.
- Volkova, V.V., R. Howey, N.J. Savill, and M.E.J. Woolhouse, 2010a: Potential for transmission of infections in networks of cattle farms. *Epidemics* 2, 116–122.
- Volkova, V.V., R. Howey, N.J. Savill, and M.E.J. Woolhouse, 2010b: Sheep movement networks and the transmission of infectious diseases. *PLoS ONE* 5, e11185.
- Wasserman, S.F. K., 1994: *Social Network Analysis: Methods and Applications*, p. 825. Cambridge University Press, Cambridge.

Annexe 5 : Article 2 , Structuring the passive surveillance network improves epizootic detection and control efficacy: a simulation study on FMD in France

Transboundary and Emerging Diseases

Transboundary and Emerging Diseases

ORIGINAL ARTICLE

Structuring the Passive Surveillance Network Improves Epizootic Detection and Control Efficacy: A Simulation Study on Foot-and-Mouth Disease in France

S. Rautureau¹, B. Dufour² and B. Durand¹

¹ EPI, French Agency for Food, Environmental and Occupational Health Safety (ANSES), Maisons-Alfort, France

² EPIMAI, Alfort National Veterinary School (ENVA), Maisons-Alfort, France

Keywords:

passive surveillance; awareness; foot-and-mouth disease; modeling

Correspondence:

Séverine Rautureau, Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail (Anses), Laboratoire de santé animale, unité d'épidémiologie, 23 Avenue du Général de Gaulle, 94706 Maisons Alfort Cedex, France. Tel.: +33(0)1 49 77 27 59; Fax: +xx xxx xxx; E-mail: Severine.rautureau@anses.fr

Received for publication July 18, 2011

doi:10.1111/j.1865-1682.2011.01271.x

Summary

Rapid detection of infection is critical to the containment and control of contagious pathogens. Passive surveillance, based on the detection of clinical signs through farmers' observations and subsequent veterinarian notification, is the primary means of initially detecting an epizootic and for implementing control measures. The objective of this study was to analyse how the composition and structure of passive surveillance networks may impact epizootic spread and control. Three compositions of passive surveillance network were considered: (i) A veterinarian-based surveillance network composed of farmers and veterinarians (the common passive surveillance network where each veterinarian follows up a group of holdings), (ii) a farmer-based surveillance network composed of farmers only (the farmer plays the same role as in the preceding network as well as that of the veterinarian but his point of view is limited to his animals) and (iii) a hierarchical surveillance network composed of farmers, veterinarians and district-level veterinarian specialists (in case of doubt, the local veterinarian calls the specialist veterinarian). We compared the efficacy of these different network types where actors have successively a structurally wider perspective than the preceding ones using a specific stochastic model for the spread of foot-and-mouth disease (FMD). The model was forced by actual data to generate realistic simulated FMD epizootics in France. Our results show that maintaining the presence of field veterinarians following-up several holdings in breeding areas is fundamental and adding veterinarian specialists to passive surveillance networks could greatly enhance surveillance network efficacy.

Introduction

Early and accurate detection of new outbreaks of livestock diseases is an essential prerequisite to their effective containment and control. Events following the introduction of foot-and-mouth disease (FMD) into United Kingdom in 2001, or of the classical swine fever epidemic in the Netherlands and Germany in 2003, clearly demonstrated the weaknesses of existing disease surveillance systems and the difficulties in controlling these major epizootic diseases. Since these events, and partly because of them, there has been a widespread reappraisal of how such outbreaks might be better handled in the future. Livestock density, early/late detection, animal movements and con-

trol measure efficacy have been identified as factors in the magnitude of epidemics. At an international level, organizations such as the OIE (World Organisation for Animal Health) and the Food and Agriculture Organization (FAO) have also strengthened their own early warning capacities to better respond to the needs of member states with regard to disease emergencies.

Livestock owners and private veterinary practitioners in individual countries are at the frontline of these surveillance activities (Doherr and Audige, 2001; Dufour et al., 2006). It is widely recognized that they play a key role in the initial detection of disease, in particular for notifiable contagious animal diseases such as FMD (Moutou et al., 1997), avian influenza and classical swine fever.

This passive surveillance strategy, based on the detection of clinical signs through farmers' observations and subsequent veterinarian notification, can be an effective mean of early detection. During FMD epizootics that occurred between 1992 and 2003 in areas officially considered free of FMD, 53% of the outbreaks were discovered as a result of a farmer alerting a private veterinarian or the authorities (McLaws and Ribble, 2007). The benefits of passive surveillance are that it covers the entire susceptible animal population under owner or veterinary observation and costs little (Doherr and Audige, 2001; Dufour and Hendrikx, 2009). The role of passive surveillance is not limited to initial detection but persists throughout epizootic control. Private veterinarians played a large role in controlling the 1967–1968 FMD outbreak in United Kingdom, in which they detected 21% of the cases in cattle and pigs (Hugh-Jones, 1976). Nevertheless, farmers or veterinarians may fail to recognize the clinical signs because of either poor awareness or lack of experience with the disease (Bates et al., 2003b).

A passive surveillance system relies on a pyramid of surveillance actors in which each plays a specific role. First, the livestock owners take care of their animals. Their point of view is limited to these animals only, and they detect changes in their clinical state. Their vigilance and awareness may then lead them to seek assistance and alert their veterinarian. The private veterinarians have a wider point of view on a potential epizootic as they follow several animal holdings in the same area. They can either make a diagnosis or decide to perform further analyses. They may then enlist the help of a third entity: a specialized veterinarian or a laboratory, who interacts with several other veterinarians and whose perspective is accordingly wider. For it to be effective, every actor of this pyramid must have adequate disease awareness and be prepared to act. For example, it has been pointed out that, compared to their involvement in the 1967–1968 epizootic, the role of private veterinarians during the 2001 FMD epizootic had been diminished especially by their reduced everyday presence on farms (Anderson, 2002). This, and the corresponding lower efficiency of passive surveillance, must be linked to lower numbers of rural veterinarians in most developed countries (Le Bail et al., 2010) and to difficulties in maintaining adequate disease awareness level among these field actors.

Despite the recognized importance of passive surveillance in epizootic detection, little has been published in the scientific literature on the organization of these networks (Doherr and Audige, 2001; McLaws and Ribble, 2007; McLaws et al., 2007) or on how their structure impacts outbreak detection. More generally, little is known about the efficacy of existing control measures.

If field data from previous epizootics are not to be neglected, they do not allow the impacts of surveillance network structure to be studied. Thus, a model is required to address these questions. Previous FMD models have attempted to study the effects of various control strategies for decision making (Bates et al., 2003a; Keeling et al., 2003; Kobayashi et al., 2007) or emergency preparedness. These include the InterSpread model (Sansou et al., 2006), NAADSM (Harvey et al., 2007) and the Aus-Spread model (Garner and Lack, 1995), which have generally addressed FMD control strategies and economics. However, these models do not explicitly represent or take into account the structure and functioning of passive surveillance networks. Instead, disease reporting probability was modelled as a function of the number of infected animals that were detected as being clinically sick or as a function of the time after the disease had been introduced into the herd. Although some models distinguish different time steps (InterSpread, Sansou et al., 2006) or different actors (NAADSM, Harvey et al., 2007) in the disease detection process, neither actor awareness nor the dynamics of this awareness (according to daily field observations) were specifically represented.

The objective of our work here was to explore the functioning and organization of passive surveillance networks, to determine whether these network characteristics impact epizootic spread or control measure efficacy. We compared the efficacy of several passive surveillance networks in simulated FMD epizootics, using a specific stochastic FMD spread model. Epizootic detection by animal keepers and veterinarians was explicitly represented in this model by a time-varying, actor-specific awareness level, the dynamics of which depended on the actor's field observations. This model was forced by actual data (holdings, animal movements and veterinary network) to generate realistic simulated FMD epidemics in France.

Materials and Methods

Data

The descriptions (location, number of cattle, small ruminants and pigs) of French holdings ($n = 390\,565$ holdings, including farms, markets, dealers and slaughterhouses) and animal movement data were obtained from the BDNI database of the French ministry of agriculture (National Bovine Database of Identification) for ruminant data and from the BDporc database managed by swine industry professionals (National Swine Database of Identification) for swine data. Data on the movements of small ruminants were not available. For each farm, the identifier of the veterinary practitioner was obtained from the ministry of agriculture ($n = 3392$ veterinarians). Ninety-six French districts were classified according to the average numbers

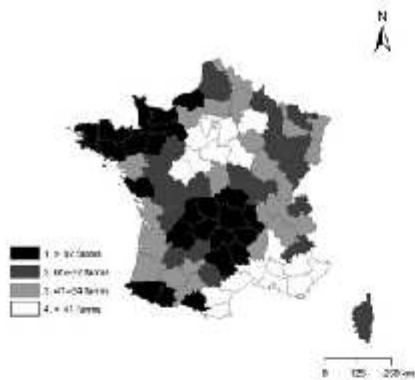


Fig. 1. Average number of farm per veterinarian in French districts.

of farms per veterinarian. This number varied between 1 and 191. Four classes were considered using quartile values (Fig. 1), denoted below D1, D2, D3 and D4.

Model description

A stochastic state transition model of FMD epizootics was used with a daily time step (Fig. 2). The basic unit was the holding, consisting of mono-specific animal batches:

cattle, small ruminants and swine. Five individual exclusive health states were considered: exposed and susceptible (denoted S), infected but not infectious (denoted L), subclinically infectious (denoted I), clinically infectious (denoted J) and removed or recovered (denoted R). Inside a holding, we assumed that animals of a given specie batch were exposed to three forces of infection: the within-batch force of infection, the between-batch force of infection and the environmental force of infection. The latter two forces were based upon the within-batch force of infection and decreased according to species-specific biosecurity parameters, which were the levels of separation between species in usual farm organization and management.

Three modes of transmission between holdings were still considered for each of the specie batch; live animal movements; direct transmission by contacts between herds; and indirect transmission by contaminated vehicles, materials or fomites. The health state of animals moving from one holding to another was assumed to be random. The direct between-herd force of infection was based on the within-holding between-batch force of infection, whereas the indirect between-herd force of infection was based on the environmental force of infection (see Supporting Information for a formal description).

Three categories of actors were assumed to be involved in disease surveillance: the farmer who manages the herds

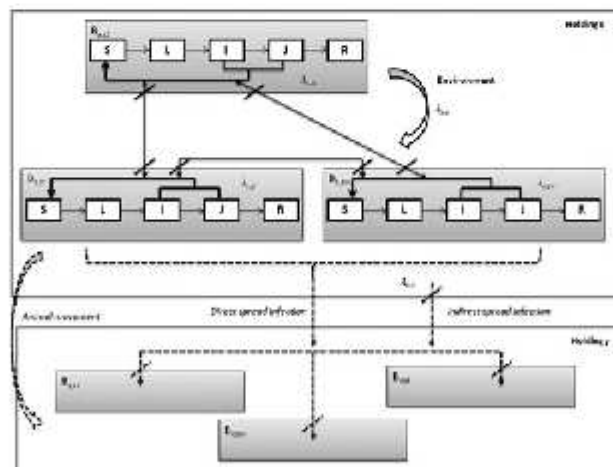


Fig. 2. Stochastic holding-based foot-and-mouth disease model: in each specie batch (b), animals were dispatched in health states. Forces of infection were calculated according to the number of infectious animals (in states I and J) and the environment infectiousness. Continuous lines show the within-holding disease spread, and dotted lines show the between-holding disease spread. Forces of infection are modulated by biosecurity barriers for transmission between species (skewed sticks).

within a holding, the local veterinarian responsible for several holdings in a given area and a specialized veterinarian who assists the local veterinarians make diagnostic decisions. Passive surveillance is based on the detection of clinical signs. Two events contribute to a disease report: (i) the farmer observes clinical signs and decides whether it is necessary to call the veterinarian, (ii) the veterinarian recognizes the disease and reports a suspected FMD case to the authorities. The probabilities of these events occurring were modelled according to an actor-specific awareness level. Actor awareness was represented by a dynamic variable that increased daily, according to the observations of the actor during the day and became stronger once the epizootic had been declared.

The main features of standard FMD epizootic control were incorporated into the model. These include confirming the first suspected cases with a laboratory test; implementing epidemiological surveys in confirmed outbreaks (identification of the so-called 'dangerous' contacts according to inward and outward animal movements and to identified direct and indirect contacts); depopulation and disinfection in confirmed outbreaks; implementing a restricted movement area; quarantining the dangerous contacts and having a veterinarian monitor the status of the quarantined animals.

Parameter values were fixed for each of the considered species and based on literature values or on expert opinions (see Supporting Information). In particular, transmission and detection parameters were estimated using the Delphi method (Linstone and Turoff, 1975).

Model exploitation

Three types of passive surveillance networks were considered:

- 1 A veterinarian-based surveillance network composed of farmers and veterinarians. This is the most common passive surveillance network, and each veterinarian follows up a group of holdings. When a farmer detects clinical signs in his herd, he notifies the veterinarian. The veterinary practitioner diagnoses the disease and informs the authorities.
- 2 A farmer-based surveillance network composed of farmers only. The farmer plays the same role as in the preceding network as well as that of the veterinarian. The farmer detects clinical signs in his herd, diagnoses the disease and informs the authorities, but, for this, his point of view is limited to his own animals (the network thus works as if each farmer had his own veterinarian, whose practice would be limited to a single herd).
- 3 A hierarchical surveillance network composed of farmers, veterinarians and district-level veterinarian specialists. This network is organized as the veterinar-

ian-based network except that, in case of doubt, the local veterinarian calls the specialist veterinarian who performs a second diagnostic.

It was assumed that the structure of the surveillance network did not induce any delay in the implementation of control measures: Whatever the surveillance network, decisions were assumed to be made (by the farmer, by the field veterinarian or by the specialized veterinarian) during a single day. In case of outbreak identification by the surveillance network, control measures (e.g. stamping-out) were assumed implemented the next day.

The D1, D2, D3 and D4 district groups represented several levels of farm supervisory for the veterinarian classified according to the average number of holdings per veterinarian.

In each district group, the initially infected premises consisted of 150 randomly selected holdings for which the virus introduction dates were also randomly selected. Thus, we defined six hundred FMD introduction locations, each with a specific date. For each of these, we simulated 18 epizootics that combined:

- 1 one passive surveillance network type (farmer-based, veterinarian-based or hierarchical),
- 2 one FMDV strain virulence ('weak' or 'high') and
- 3 one general level of actor awareness ('low', 'most likely' or 'high').

Thus, we ran a total number of 10 800 simulations in this manner. In these simulations, the population structure (the list of holdings and the number of animals in these holdings for each susceptible species) and animal movements (for cattle and pigs) were externally forced by actual data obtained from a MySQL database containing the bovine and swine identification data. A simulated epizootic was considered complete when all animals were in S or R health states, and no newly infected premises had been reported during the 30 days after the last holding disinfection. Simulations were stopped if there were more than 2000 reported outbreaks or if epizootic duration was >6 months. These epizootics were termed below 'uncontrolled' epizootics, as opposed to 'controlled' epizootics. Finally, epizootics may never be reported if they remain limited to one or two holdings. These were termed below 'undetected' epizootics.

Using simulation results, we quantified the extent to which the epizootic characteristics were impacted by each of the following: passive surveillance network type, FMDV strain virulence, actor awareness level and the district group (D1, D2, D3 or D4) in which FMD had been introduced. Several indicators were analysed:

- 1 proportion of undetected epizootics,
- 2 median number of days before the first infected premise detection (silent spread period) and median number of infected holdings when this first detection occurs,

- 3 median epizootic duration and median number of infected holdings,
- 4 geographical extension (median number of affected districts),
- 5 proportion of uncontrolled epizootics.

For each of these indicators, we calculated weighted statistics for France, with the weights being the number of holdings in each of four district groups (D1, D2, D3 and D4).

Results obtained with the veterinarian-based surveillance network were compared with those obtained with two other passive surveillance networks using McNemar's paired tests (the proportion of undetected epizootics and the proportion of uncontrolled epizootics among controlled ones). Wilcoxon's paired tests were used to compare results for the duration of the silent spread period and the number of infected holdings at the end of this period according to network type. Wilcoxon's paired tests were also used to compare the durations and numbers of reported infected premises for the detected and controlled epizootics.

We performed a multivariate analysis to analyse the respective effects of the surveillance network type, the district group where FMD had been introduced (D1, D2, D3 or D4), the general level of actor awareness ('low', 'most likely' and 'high') and FMDV virulence ('weak' or 'high'). Several dependent variables were studied: whether the epizootic was detected or not (binary variable, logistic

model); whether the epizootic was controlled or not (binary variable, logistic model); the duration of the silent spread period (Poisson model); and the number of infected holdings at the end of this period (i.e. when the first infected premise is reported, Poisson model). For detected and controlled epizootics, the dependent variables were epizootic duration (from the report of the first infected premise to the end of the epidemic) and the number of infected premises reported (Poisson models). To account for correlations between simulations that started at the same dates and places, data were analysed using generalized estimating equations with an exchangeable correlation structure (Liang and Zeger, 1986).

The simulation program was written in R, and the results were analysed using R (Anonymous, 2009).

Results

We performed a total of 10 800 simulations (approximately 8 days of computation time) (Tables 1 and 2). A small proportion of epizootics remained undetected, most of these occurred when FMD strain virulence was 'weak'. For these scenarios in France, the weighted median of the proportion of undetected epizootics varied between 2.1% and 3.9% (Table 1) but reached 15.3% when a weakly virulent epizootic started in a D4 district group holding (Table 2). When FMD strain virulence was high, the proportion of undetected epizootics was lower than when the

Table 1. Characteristics of simulated FMD epidemics in France under 18 scenarios; Simulated FMD epidemics in France under 18 scenarios combining the general level of actor awareness (lw: low; lk: most likely; hg: high), passive surveillance network type (frm: farmers only; vet: farmers and field veterinarians; spe: farmers, field veterinarians and district-level veterinarian specialists) and FMD strain virulence (weak/high). Six hundred simulations were performed per scenario. Paired values are weighted median representing the results obtained with either weak or high strain virulence

	Undetected epizootics (weak/high) (%)	Detected epizootics (weak/high)					
		Silent spread period			Epizootic period		
		Infected holdings	Duration (days)	Reported infected premises	Duration (days)	Number of affected districts	Uncontrolled epizootics (%)
lw							
frm	3.9/1.3	8/14	1/9	11/52	69/84	1/3	1.5/30.7
vet	3.9/1.3	7/14	11/9	10/39	65/81	1/2	0.5/22.8
spe	3.6/1.2	6/11	10/8	9/31	62/75	1/2	0.3/17.2
lk							
frm	3.3/1.3	6/11	9/8	8/23	59/71	1/2	0.3/12.7
vet	3.3/1.3	6/10	9/8	8/23	58/69	1/2	0.3/11.6
spe	3.1/1.1	4/8	9/8	7/19	56/67	1/2	0.3/9.4
hg							
frm	2.2/0.8	4/8	7/6	5/12	50/58	1/1	0/2.5
vet	2.2/0.8	4/8	7/6	5/12	50/58	1/1	0/1.8
spe	2.1/0.6	4/7	7/6	5/11	49/57	1/1	0/1.5

FMD, foot-and-mouth disease.

Table 2. Characteristics of simulated FMD epidemics in France under 72 scenarios; Simulated FMD epidemics in France under 72 scenarios combining the general level of actor awareness (lw, lw: low; lk: most likely; hg: high), passive surveillance network type (Frm: farmers only; Vet: farmers and field veterinarians; Spe: farmers, field veterinarians and district-level veterinarian specialists), FMD strain virulence (weak/high) and the district group where the epizootic was started (defined according to the holding-to-veterinarian ratio, D1: >82, D2: 65–82, D3: 41–64 and D4: <41). One hundred and fifty simulations were performed per scenario. Paired values are weighted median representing the results obtained with either weak or high strain virulence

	Undetected epizootics (%)	Detected epizootics					Uncontrolled epizootics (%)
		Silent spread period		Reported infected premises	Epizootic period		
		Infected holdings	Duration (days)			Duration (days)	Number of affected districts
lw							
D1							
Frm	1.3/0	10/18	11/9	14/161	74/100	1/3.5	2.7/44
Vet	1.3/0	10/18	10/8	13/81	68/89	1/3	0.7/36.7
Spe	1.3/0	9/17	10/8	12/58	66/84	1/2.5	0.7/26.7
D2							
Frm	2.7/0.7	6/12	12/10	8/40	65/84	1/2	0.7/26
Vet	2.7/0.7	6/12	12/10	9/32	65/79	1/2	0.7/14.7
Spe	2/0.7	6/11	10/9	7/21	61/77	1/2	0/11.3
D3							
Frm	8.7/4	6/11	11/9	7/18	60/73	1/2	0/10
Vet	8.7/4	6/10	10/9	7/18	59/71	1/2	0/4
Spe	8/3.3	5/10	10/9	6/16	59/66	1/2	0/4.7
D4							
Frm	15.3/6.7	4/7	14/9	5/14	64/75	1/2	0.7/10
Vet	15.3/6.7	4/7	14/12	5/13	62/74	1/2	0.7/5.3
Spe	14.7/6.7	4/7	12/11	5/12	60/67	1/2	0/6.7
lk							
D1							
Frm	1.3/0	8/14	9/8	11/41	61/82	1/2	0.7/20.7
Vet	1.3/0	8/14	9/8	10/38	60/72	1/2	0.7/20
Spe	1.3/0	7/13	9/7	9/31	58/71	1/2	0.7/15.3
D2							
Frm	1.3/0.7	6/10	10/8	6/18	58/68	1/2	0/8
Vet	1.3/0.7	6/10	10/8	6/17	57/68	1/2	0/5.3
Spe	0.7/0.7	6/9	9/8	6/16	56/65	1/2	0/6
D3							
Frm	8/4	5/9	9/8	5/15	54/65	1/2	0/2
Vet	8/4	5/9	9/8	5/14	54/64	1/2	0/0.7
Spe	7.3/3.3	4/8	9/8	4/12	52/61	1/2	0/1.3
D4							
Frm	13.3/5.3	3/6	11/10	4/9	56/66	1/2	0/2.7
Vet	13.3/5.3	3/6	11/10	4/9	54/65	1/2	0/4.7
Spe	13.3/5.3	3/5	11/10	3/7	52/62	1/1.5	0/1.3
hg							
D1							
Frm	0.7/0	6/10	7/6	7/17	52/63	1/2	0/4.7
Vet	0.7/0	6/9	7/6	7/16	51/60	1/2	0/3.3
Spe	0.7/0	6/9	7/6	7/16	51/59	1/1.5	0/2.6
D2							
Frm	0.7/0.7	4/7	8/7	4/11	49/58	1/1	0/0.7
Vet	0.7/0.7	4/7	8/7	4/11	49/58	1/1	0/0.7
Spe	0.7/0.7	3/5	7/6	4/9	48/57	1/1	0/0.7

Table 2. (Continued)

	Undetected epizootics (%)	Detected epizootics						
		Silent spread period			Reported infected premises	Epizootic period		Uncontrolled epizootics (%)
		Infected holdings	Duration (days)	Duration (days)		Number of affected districts		
D3								
Fm	5.3/2	3/7	7/6	3/8	46/54	1/1	0/0	
Vet	5.3/2	3/7	7/6	3/8	46/54	1/1	0/0	
Spe	5.3/1.3	3/6	6/6	3/8	46/53	1/1	0/0	
D4								
Fm	10.7/4.7	2/4	9/8	2/6	49/55	1/1	0/0.7	
Vet	10.7/4.7	2/4	9/8	2/6	49/54	1/1	0/0.7	
Spe	10.7/3.3	2/4	8/8	2/5	49/54	1/1	0/0.7	

FMD, foot-and-mouth disease.

virulence was weak, with weighted median for the entire country between 0.6% and 1.3%, depending on the scenario (Table 1). Undetected epizootics affected a maximum number of two holdings, although the great majority of them (90.5% for a weakly virulent strain and 97.6% for a highly virulent strain) were restricted to the initially infected holding.

Among detected epizootics, the proportion of uncontrolled epizootics was low when strain virulence was weak, as the weighted median for the entire country did not exceed 1.5% (Table 1). This proportion was higher when strain virulence was also high and had a weighted median of 30.7% for France when actor awareness was low and the surveillance network was farmer-based (Table 1). When the epizootic started in the D1 district group, the proportion of uncontrolled epizootics reached 44% (Table 2). In this latter group of simulations (but also in other groups), large variabilities were observed. The duration of the silent spread period varied between 4 and 18 days and consisted of between 2 and 263 infected holdings at the end of those periods (Fig. 3). The duration of the whole epizootic varied between 48 days and >6 months, in which the total number of reported infected holdings varied between 2 and >2000 (Fig. 3). Depending on the scenario, the weighted median for the duration of an epizootic for the entire country varied between 49 and 84 days, whereas the weighted median for the number of reported infected holdings varied between 5 and 52 (Table 1). When we considered the individual district group where the epizootic had started, the median values for epizootic duration varied between 46 days and 100 days depending on the scenario and between 5 and 161 for the total number of reported infected holdings (Table 2).

For most of the indicators, results obtained with the veterinarian-based surveillance network appeared to be

more favourable than those obtained with the farmer-based surveillance networks (Tables 1 and 2). The proportion of controlled epizootics was significantly higher with the veterinarian-based surveillance network (McNemar's paired test, $P < 0.0001$), whereas the duration of the silent spread period was significantly shorter and the number of infected premises at the end of that period was significantly lower (Wilcoxon's paired tests, $P < 0.0001$) than for the farmer-based network. For controlled epizootics in veterinarian-based network, the duration was shorter and the total number of reported infected premises was lower than for the farmer-based network (Wilcoxon's paired tests, $P < 0.0001$).

Similarly, in most simulation groups and for most of the indicators, results obtained with the hierarchical surveillance network appeared to be more favourable than those obtained with the veterinarian-based surveillance networks (Tables 1 and 2). The proportion of controlled epizootics was significantly higher with the hierarchical surveillance network (McNemar's paired test, $P = 0.0001$), whereas the duration of the silent spread period was significantly shorter and the number of infected premises at the end of that period was significantly lower (Wilcoxon's paired tests, $P < 0.0001$). For controlled epizootics in the hierarchical network, the duration was shorter and the total number of reported infected premises was lower than for the veterinarian-based network (Wilcoxon's paired tests, $P < 0.0001$).

Multivariate analysis confirmed these results (Table 3). The main effect of the type of surveillance network was on the probability of an epizootic to become out of control. This probability was clearly the lowest with the hierarchical surveillance network [odds ratio (OR) = 0.77, reference: veterinarian-based network] and highest with the farmer-based network (OR = 1.49). The type of

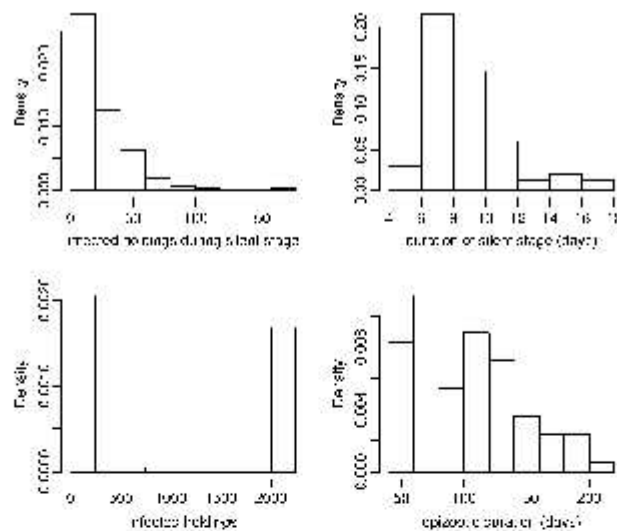


Fig. 3. Detail features for the simulation set with introduction in the high-density holding level per veterinarian (level 1), with the farmer network, surveillance, a low awareness level and a fast disease spread.

surveillance network also affected the total number of reported infected premises, with incidence ratios (IR) of 0.87 and 1.15 for the hierarchical and farmer-based surveillance networks, respectively (reference: veterinarian-based network). The type of surveillance network also significantly but weakly affected epizootic duration, the silent spread period and the proportion of undetected epizootics (Table 3).

The general level of actor awareness also significantly affected epizootic characteristics (Table 3). For scenarios with 'high' actor awareness compared with 'most likely', the probability of an epizootic becoming uncontrolled was significantly lower (OR = 0.15, reference: 'most likely'), the total number of reported infected premises was lower by approximately one-half (IR = 0.55) and the probability of an epizootic remaining undetected was also lower (OR = 0.68). In contrast, 'low' actor awareness, compared with 'most likely', increased the probability that an epizootic would become uncontrolled (OR = 2.75), led to a 1.5-fold higher total number of reported infected premises (OR = 1.43) and increased the probability that an epidemic would remain undetected (OR = 1.17).

Other than the substantial impacts of the surveillance network type, FMDV strain virulence appeared to be the most influential parameter, which was expected (Table 3). When strain virulence was 'high', the probability of an epidemic becoming out of control was much higher

(OR = 45), the total number of reported infected premises was three times higher (IR = 2.92) and the probability of an epizootic remaining undetected was considerably lower (OR = 0.4).

Finally, as expected, the district group (D1, D2, D3 or D4) in which FMD was introduced also impacted epizootic characteristics. We used group D1 as the reference group (>82 farms per veterinarian). From group D2 (65–82 farms per veterinarian) to group D4 (<41 farms per veterinarian), there were progressive decreases in the probability that an epizootic would become uncontrolled, the duration of the epizootic and the total number of reported infected premises (Table 3).

Discussion

We have explored how the composition and organization of passive surveillance networks impacted the spread and control of simulated FMD epizootics. Compared with the farmer-only surveillance network, the veterinarian-based surveillance network consisting of cooperating farmers and veterinarians was more favourable in all cases for any of the epizootic indicators. However, it was not as favourable as the hierarchical surveillance network in which specialized veterinarians help the field veterinarians.

The improved efficiency of the veterinarian-based surveillance network compared with the farmer-based

Table 3. Multivariate analysis of simulated FMD epidemics in France performed using generalized estimating equations (ref. = reference class). Results show the impacts on epidemic characteristics of the general level of actor awareness, passive surveillance network type, RMD strain virulence and district group where the epidemic started

Variable	Description	Silent spread period						Epidemic period							
		Undetected epidemic*			Reported infected premises †			Uncontrolled epidemics*			Uncontrolled epidemics*				
		OR (95% CI)	P-value	IR (95% CI)	Duration†	P-value	IR (95% CI)	P-value	IR (95% CI)	Duration†	P-value	IR (95% CI)	P-value	OR (95% CI)	P-value
Composition and organization of passive surveillance network	Frm: farmers only	-	NS	1.01 (1.003-1.011)	0.0002	1.002 (1.001-1.003)	<0.0001	1.15 (1.10-1.20)	<0.0001	1.04 (1.03-1.05)	<0.0001	1.49 (1.29-1.72)	<0.0001	1.49 (1.29-1.72)	<0.0001
	Vet: farmers and field veterinarians	Ref.	-	Ref.	-	Ref.	-	Ref.	-	Ref.	-	Ref.	-	Ref.	-
	Spe: farmers, field veterinarians and specialized veterinarian	0.90 (0.85-0.96)	0.0015	0.92 (0.91-0.93)	<0.0001	0.94 (0.93-0.94)	<0.0001	0.87 (0.84-0.90)	<0.0001	0.96 (0.95-0.96)	<0.0001	0.77 (0.65-0.91)	0.0021	0.77 (0.65-0.91)	0.0021
	District group from which the epidemic starts	Ref.	-	Ref.	-	Ref.	-	Ref.	-	Ref.	-	Ref.	-	Ref.	-
FMDV strain virulence	D1: >62 farms per veterinarian	Ref.	-	Ref.	-	Ref.	-	Ref.	-	Ref.	-	Ref.	-	Ref.	-
	D2: 65-82 farms per veterinarian	-	NS	0.77 (0.65-0.93)	0.0061	1.39 (1.22-1.59)	<0.0001	0.70 (0.53-0.94)	0.017	0.92 (0.81-0.98)	0.0045	0.36 (0.22-0.60)	<0.0001	0.36 (0.22-0.60)	<0.0001
	D3: 4-14 farms per veterinarian	-	NS	0.80 (0.65-0.97)	0.0244	1.27 (1.11-1.45)	0.0004	0.46 (0.35-0.61)	<0.0001	0.82 (0.78-0.87)	<0.0001	0.11 (0.05-0.21)	<0.0001	0.11 (0.05-0.21)	<0.0001
	D4: <41 farms per veterinarian	6.61 (1.32-33.09)	0.022	0.53 (0.43-0.65)	<0.0001	1.76 (1.54-2.01)	<0.0001	0.33 (0.23-0.47)	<0.0001	0.85 (0.80-0.90)	<0.0001	0.14 (0.07-0.26)	<0.0001	0.14 (0.07-0.26)	<0.0001
General level of actors' awareness	Weak	Ref.	-	Ref.	-	Ref.	-	Ref.	-	Ref.	-	Ref.	-	Ref.	-
	High	0.38 (0.26-0.57)	<0.0001	1.59 (1.52-1.67)	<0.0001	0.81 (0.79-0.83)	<0.0001	2.92 (2.66-3.22)	<0.0001	1.22 (1.19-1.24)	<0.0001	44.92 (17.13-117.84)	<0.0001	44.92 (17.13-117.84)	<0.0001
General level of actors' awareness	Low	1.17 (1.05-1.29)	0.0027	1.20 (1.17-1.23)	<0.0001	1.17 (1.15-1.19)	<0.0001	1.43 (1.31-1.55)	<0.0001	1.15 (1.13-1.17)	<0.0001	2.75 (2.24-3.38)	<0.0001	2.75 (2.24-3.38)	<0.0001
	Most likely High	0.68 (0.56-0.83)	<0.0001	0.71 (0.69-0.73)	<0.0001	0.77 (0.75-0.79)	<0.0001	0.55 (0.51-0.59)	<0.0001	0.84 (0.83-0.85)	<0.0001	0.15 (0.08-0.26)	<0.0001	0.15 (0.08-0.26)	<0.0001

RMD, foot-and-mouth disease; IR, incidence ratio; OR, odd ratio.

*Logistic models; †Poisson models.

network clearly illustrates the added value of veterinarians in detecting infectious disease. In particular, this highlights the importance of the wider point of view of the veterinarian. In the farmer-only surveillance network, the farmer plays the role of the veterinarian for his own herd, but in this role, his point of view is limited to his own herd. In the veterinarian-based surveillance network, the veterinarian's point of view is wider and encompasses a large set of herds. This allows him to detect the disease faster, from several clinical cases possibly seen in several distinct herds. Similarly, the enhancements we observed in the hierarchical surveillance network scenarios illustrate the added value of having district-level specialized veterinarians in the network. These actors have a still broader structural perspective than that of a field veterinarian as their view includes multiple veterinary practices rather than the single practice of the field veterinarian's point of view. Moreover, as specialized veterinarians only intervene when the field veterinarian has not immediately recognized the disease, they necessarily increase the sensitivity of the whole system. The level of improvement observed in our simulations suggests that specialized veterinarians would be a valuable enhancement to usual FMD surveillance networks.

Unexpectedly, our results also showed that the composition and organization of the passive surveillance network had only a minor impact on the duration of the silent spread period. Indeed, detection delays were short regardless of the surveillance network type (median range: 6–14 days). The impact of the surveillance network type was mainly evident after the first report of an infected premise and was likely due to faster detection of subsequently infected premises. Indeed, after the beginning of the epizootic, if additional infected premises are identified earlier on the basis of clinical signs, then animal movements and contacts can be traced earlier and infected at-risk herds will be detected earlier. Thus, early identification of infected premises induces non-linear effects on epizootic characteristics.

In this study, we used an original model of FMD spreading that was forced by actual data about holdings, animal movements and actors of passive surveillance networks. These data covered the entire French territory, including backyard herds or flocks. Therefore, the links among modelled entities in the animal trade networks, contact networks and surveillance networks were representative of actual field conditions, especially for trade between holdings and for the role of each actor (herds, dealers and markets).

Only the mandatory FMD control measures were implemented in the model and were based upon the stamping-out of infected animals on infected premises. Other measures such as vaccination or pre-emptive

depopulation may be used if necessary. In a forthcoming study, the model will be extended with these control measures and used to compare the cost and efficacy of alternative control strategies in varying contexts (e.g. according to holding density). Indeed, results show that mandatory control measures did not always control the epizootics, especially if the virus was introduced in districts where the number of holdings per veterinarian is high (e.g. group D1). This result suggests the importance of increasing the deployment of rural veterinarian practitioners in breeding areas, although the high density of holdings in the D1 group could also partially explain why D1 epizootics were not always controlled.

Most of FMD modelling studies assume that within-farm transmission occurs rapidly compared with between-farm transmission, and thus, do not take within-farm transmission into account. Our model explicitly represents the spread within and between animal batches inside holdings. Therefore, the heterogeneity of farm infectiousness according to their size and species composition was directly taken into account as reported by Backer et al. (2009). Keeling et al. (2001) modelled farm heterogeneity by allowing farm-specific parameters (susceptibility and transmissibility) to vary with the type and number of livestock. In our study, species-specific transmission parameters were fixed according to expert opinions, whereas the durations of the L, I and J states were determined according to a meta-analysis of data from experimental infections (Mardones et al., 2010). For the highly virulent strain, the corresponding animal-level basic reproduction rates (R_0) are 110 for cattle and 85 for swine. These figures agree with estimates obtained by Omid et al. (2009) from experimental data: 176.65 for dairy cows (80.31–388.24) and 30.74 for piglets (11.09–85.17).

Model exploitation demonstrated considerable variability among simulations. However, conclusions about the impacts of the composition and organization of passive surveillance networks were consistent, as the same trends were observed in most of the scenarios. In particular, the same trends were observed for all intrinsic disease parameter values, such as FMDV strain virulence, which cannot be controlled by animal health authorities. Two assessments of virulence level (weak and high) allow representing optimistic and pessimistic scenarios (minimal and maximal spread rate).

Besides these parameters, others may be more or less subject to control by animal health authorities. For example, the general level of actor awareness may be enhanced through sensitization campaigns. In addition, the composition and organization of the passive surveillance network is under direct control of animal health authorities. Of course, cost-benefit assessments of having district-level specialized veterinarians should be required. This plan has

already existed temporally in France for BSE clinic surveillance and had been mainly efficient during the epidemic. But our study suggests improving the efficacy of passive surveillance networks by maintaining above all the presence of field veterinarians in breeding area for FMD surveillance. This deployment of aware resource appears simply fundamental whatever the disease for implementing surveillance and control in animal health sector in the context of veterinarian depopulation in rural areas of most developed countries.

Acknowledgements

The authors would like to thank the ministry of agriculture (MAAPART) and BDporc for making holdings and animal movement data available. We are also thankful to the following scientists and veterinarians for their excellent help and expert opinion: Dr Boisseleau, Dr Collin, Dr Gourreau, Dr Mourrierras, Dr Moutou, Dr LeForban, Prof. Toma, Dr Villaggi, Dr Zanella and Dr Zientara.

References

- Anderson, I., 2002: *Foot and Mouth Disease 2001: Lessons to be Learned Inquiry Report*. The Stationery Office, London.
- Anonymous, 2009: *R: A Language and Environment for Statistical Computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.
- Backer, J. A., R. H. M. Bergevoet, T. J. Hagenaars, N. Bondt, H. A. Nodelijk, C. P. A. van Wagenberg, and H. J. W. van Roermund, 2009: *Vaccination Against Foot-and-Mouth Disease Differentiating Strategies and Their Epidemiological and Economic Consequences*. Wageningen UR, Wageningen.
- Bates, T. W., M. C. Thurmond, and T. E. Carpenter, 2003a: Description of an epidemic simulation model for use in evaluating strategies to control an outbreak of foot-and-mouth disease. *Am. J. Vet. Res.* 64, 195–204.
- Bates, T. W., M. C. Thurmond, S. K. Hietala, K. S. Venkateswaran, T. M. Wilson, B. W. Colston Jr, J. E. Trebes, and F. P. Milanovich, 2003b: Surveillance for detection of foot-and-mouth disease. *J. Am. Vet. Med. Assoc.* 223, 609–614.
- Doherr, M. G., and L. Audige, 2001: Monitoring and surveillance for rare health-related events: a review from the veterinary perspective. *Philos. Trans. R. Soc. Lond. B Biol. Sci.* 356, 1097–1106.
- Dufour, B., and P. Hendriks, 2009: *Epidemiological Surveillance in Animal Health*, 2nd edn. OIE, Paris.
- Dufour, B., P. Hendriks, and B. Toma, 2006: [The design and establishment of epidemiological surveillance systems for high-risk diseases in developed countries]. *Rev. Sci. Tech.* 25, 187–198.
- Garner, M. G., and M. B. Lack, 1995: An evaluation of alternate control strategies for foot-and-mouth disease in Australia: a regional approach. *Prev. Vet. Med.* 23, 9–32.
- Harvey, N., A. Reeves, M. A. Schoenbaum, F. J. Zagmutt-Vergara, C. Dube, A. E. Hill, B. A. Corso, W. B. McNab, C. I. Cartwright, and M. D. Salman, 2007: The North American Animal Disease Spread Model: a simulation model to assist decision making in evaluating animal disease incursions. *Prev. Vet. Med.* 82, 176–197.
- Hugh-Jones, M. E., 1976: Epidemiological studies on the 1967–1968 foot-and-mouth disease epidemic: the reporting of suspected disease. *J. Hyg. (Lond)* 77, 299–306.
- Keeling, M. J., M. E. Woolhouse, D. J. Shaw, L. Matthews, M. Chase-Topping, D. T. Haydon, S. J. Cornell, J. Kappey, J. Wilesmith, and B. T. Grenfell, 2001: Dynamics of the 2001 UK foot and mouth epidemic: stochastic dispersal in a heterogeneous landscape. *Science* 294, 813–817.
- Keeling, M. J., M. E. Woolhouse, R. M. May, G. Davies, and B. T. Grenfell, 2003: Modelling vaccination strategies against foot-and-mouth disease. *Nature* 421, 136–142.
- Kobayashi, M., T. E. Carpenter, B. F. Dickey, and R. E. Hewitt, 2007: A dynamic, optimal disease control model for foot-and-mouth disease: I. Model description. *Prev. Vet. Med.* 79, 257–273.
- Le Bail, P., G. Le Bourdais, D. Repiquet, and C. Viau, 2010: *Rapport sur la profession vétérinaire et l'exercice en milieu rural*. GCAAER, French ministry of agriculture, Paris.
- Liang, K., and S. Zeger, 1986: Longitudinal data analysis using generalized linear models. *Biometrika* 73, 13–22.
- Linstone, H., and M. Turoff, 1975: *Introduction to The Delphi Method: Techniques and Applications*. Addison-Wesley Publishing Company, Reading.
- Mardones, F., A. Perez, J. Sanchez, M. Alkhamis, and T. Carpenter, 2010: Parameterization of the duration of infection stages of serotype O foot-and-mouth disease virus: an analytical review and meta-analysis with application to simulation models. *Vet. Res.* 41, 45.
- McLaws, M., and C. Ribble, 2007: Description of recent foot and mouth disease outbreaks in nonendemic areas: exploring the relationship between early detection and epidemic size. *Can. Vet. J.* 48, 1051–1062.
- McLaws, M., C. Ribble, C. Stephen, B. McNab, and P. R. Barrios, 2007: Reporting of suspect cases of foot-and-mouth disease during the 2001 epidemic in the UK, and the herd sensitivity and herd specificity of clinical diagnosis. *Prev. Vet. Med.* 78, 12–23.
- Moutou, F., B. Dufour, and M. Savey, 1997: Evaluation of the French foot-and-mouth disease epidemiovigilance network. Proceedings of the 8th International Symposium on Veterinary Epidemiology and Economics, Paris, France, July 8–14.
- Orsel, K., A. Bouma, A. Dekker, J. A. Stegeman, and M. C. de Jong, 2009: Foot and mouth disease virus transmission during the incubation period of the disease in piglets, lambs, calves, and dairy cows. *Prev. Vet. Med.* 88, 158–163.
- Sanson, R. L., M. A. Stevenson, G. F. Mackereth, and N. Moles-Benfell, 2006: The development of an InterSpread plus parameter set to simulate the spread of FMD in New

Zealand. Proceedings of the 11th International Symposium on Veterinary Epidemiology and Economics, Cairns, Australia, August 6–11.

Supporting Information

Additional supporting information may be found in the online version of this article. A formal description of the model structure is presented.

Table S1. Variables and assumptions used to parameterize the FMD spread in France on the simulation model

(weak: weakly virulent FMD strain, high: highly virulent FMD strain).

Table S2. Increase in the actor awareness level provoked by the observation of clinical signs in an animal (farmers: incidence, veterinarians: prevalence).

Please note: Wiley-Blackwell is not responsible for the content or functionality of any supporting materials supplied by the authors. Any queries (other than missing material) should be directed to the corresponding author for the article.

Annexe 6 : Article 3, Structural vulnerability of the French swine industry trade network to the spread of infectious diseases

Séverine Rautureau^{*1}, Barbara Dufour², Benoit Durand¹.

¹ Epidemiology unit (EPI), French Agency for Food, Environmental and Occupational Health & Safety (ANSES), Maisons-Alfort, France.

² Epidemiology unit (EPIMAI) Alfort National Veterinary School (ENVA), *Maisons-Alfort, France.*

Animal Journal

Accepté définitivement le 28 novembre 2011

Abstract

The networks generated by live animal movements are the principal vector for the propagation of infectious agents between farms, and their topology strongly affects how fast a disease may spread. The structural characteristics of networks may thus provide indicators of network vulnerability to the spread of infectious disease. This study applied social network analysis (SNA) methods to describe the French swine trade network. Initial analysis involved calculating several parameters to characterize networks and then identifying high risk sub-groups of holdings for different time scales. Holding-specific centrality measurements ('degree', 'betweenness' and 'ingoing infection chain') which summarize the place and the role of holdings in the network, were compared according to the production type. In addition, network components and communities, areas where connectedness is particularly high and could influence the speed and the extent of a disease, were identified and analyzed.

Dealer holdings stood out because of their high centrality values suggesting that these holdings may control the flow of animals in part of the network. Herds with growing units had higher values for degree and betweenness centrality, representing central positions for both spreading and receiving disease, whereas herds with finishing units had higher values for in-degree and ingoing infection chain centrality values and appeared more vulnerable with many contacts through live animal movements and thus at potentially higher risk for introduction of contagious diseases. This reflects the dynamics of the swine trade with downward movements along the production chain. But the significant heterogeneity of farms with several production units did not reveal any particular type of production for targeting disease surveillance or control.

Besides, no giant strong connected component (GSC) was observed, the network being rather organized according to communities of small or medium size (<20% of network size). Because of this fragmentation, the swine trade network appeared less structurally vulnerable than ruminant trade networks. This fragmentation is explained by the hierarchical structure, which thus limits the structural vulnerability of the global trade network. However, inside communities, the hierarchical structure of the swine production system would favour the spread of an infectious agent (especially if introduced in breeding herds).

Keywords: network analysis, swine, trade, France

1. Introduction

Many diseases are susceptible to being spread by movements between holdings, and past events such as foot-and-mouth disease in the United Kingdom (2001) or classical swine fever in the Netherlands (2003) have clearly demonstrated that live animal movements represent a major risk for the transboundary spread of disease (Fèvre *et al.*, 2006). European Union legislation requires identification and registration for cattle, pigs, sheep and goats. Since Regulation (EC) No. 1760/2000 of the European parliament, France, like most Member States, has considerably enhanced cattle industry traceability and extended this measure to all animal productions.

The mandatory system encompasses birth to retail with large amounts of data collected. Traceability becomes a tool which may be used to carry out surveillance, prevention or control of animal disease (Ammendrup and Barcos, 2006). For example, national cattle trade data have been widely studied using network analysis methods (SNA) for the characterization of trade organization and the detection of communities to qualify their vulnerability structure and to target surveillance (Christley, 2005; Bigras-Poulin *et al.*, 2006; Natale *et al.*, 2009; Rautureau *et al.*, 2010; Nöremark *et al.*, 2011). Fewer studies were dedicated to the pig trade network (Bigras-Poulin *et al.*, 2007; Martinez-Lopez *et al.*, 2009a; Lentz *et al.*, 2011; Nöremark *et al.*, 2011).

SNA based on the study of the relationships among social entities (Wasserman, 1994), has developed indicators of centrality for nodes (units of interest) or for their relationship (called links), and methods for the identification of cohesive structures (groups or individual clusters). This approach has been introduced in veterinary epidemiology studies only recently (reviewed by (Dube *et al.*, 2009) or (Martinez-Lopez *et al.*, 2009b)).

Livestock movements have been analyzed thus in several studies to evaluate the potential transmission of an infectious disease through the contact network, or to assess the impact of livestock movement regulations. The live animal trade can be represented by a network where the holdings are represented by nodes and the animal movements between these holdings are represented by links (namely arcs as direction is taken account). Animal movements along the network links can be considered as paths for the diffusion of a disease. Disease spread is therefore dependent on the structure of the network and network topology may reveal the existence of holdings or groups particularly exposed to infection, defined as 'vulnerable' entities (Bell *et al.*, 1999). Within a network, the vulnerability would be a measure of the likelihood for an individual to become infected. By identifying individuals with high vulnerability, SNA can enhance targeted surveillance and prevention programmes.

This node-level definition may be generalized at the network level, considering that a trade network is vulnerable to the spread of infectious diseases if (i) live animal movements through this network may lead the disease to spread very fast inside a country (in particular before the identification of the first case) and (ii) human and material resources would quickly become insufficient to control the epidemic with the usual control measures. In this context, network connectedness determines how fast and widely an infection may spread, and the existence of large connected components (beyond a certain size) is the basis of network vulnerability.

Swine traceability records have recently become as systematic and detailed as cattle data. While cattle movement registration is individual, swine movement records are collective, e.g. by epidemiological unit, or animal batch. Moreover, swine husbandry differs from cattle husbandry. The pig industry has a pyramidal structure with movements predominantly going downward through the system; from nucleus herds to multiplier herds, from multiplier herds to production herds and then from breeding units to growing units and from growing to finishing units.

One question of interest is whether these structural differences between cattle and swine trade networks can be measured. As one means of addressing this question, we computed current network analysis parameters. The network type commonly studied for network analysis is a one-mode network. A one-mode network is composed of a set of similar nodes (Figure 1); contacts between nodes (individuals) are considered equivalent and each node can have links to any other node. However farm animal movements (especially swine movements) often occur by animal batches, moved from one holding to another one in a given truck. The truck may then play an epidemiological role and support the transmission of an infectious agent. The movements of animal batches performed by a single truck during a single day will be termed below « round ». But rounds must be considered as a different class of nodes than holdings. Such a network is called an affiliation or a two-mode network where nodes are partitioned in two mutually exclusive sets such that there are no links between nodes within a given set (Figure 1). Two-mode networks are built with one set of nodes and one set of events such that the adjacency matrix is given by nodes x events, rather than nodes x nodes as for one-mode networks (Borgatti and Everett, 1997).

The objective of the study was to evaluate the vulnerability of the French swine trade networks to infectious diseases using network analysis indicators. The methodology described above was applied to swine movements between French holdings by studying different networks and different time scales: 6-month, monthly and weekly movements. Two types of networks (two-mode and one-mode networks) were built and examined to compare them and ascertain which type provided the best information. Besides, the similarity to cattle trade networks was discussed.

2. Materials and Methods

2.1. Data source

French swine movement data were obtained from the National Swine Database of Identification (BDporc) recognised by the French Ministry of Agriculture and managed by swine industry professionals. Systematic recording of swine movements started in France in January 2010, and the dataset corresponding to the first six months of 2010 was used. Movements of pigs, as well as information related to livestock holdings, are registered. The database contains the production type and approximate number of animals kept on each farm based on self-reporting by the farmer. One agricultural enterprise can have several units operating under a unique identification number.

Movements of pigs are reported at group level by animal batches and not at individual level.

Reporting for a specified shipment (incoming or outgoing) includes the date of the event, the number of the round and the holding of origin (or of destination). An animal shipment was defined as a batch of animals gathered or dispatched simultaneously by a given transport vehicle. Holdings with incoming shipments “receive” pigs, whereas holdings with outgoing shipments “dispatch” pigs. These operations of loading and unloading (outgoing and incoming shipments) by a given truck in a given day is termed “round”. Each round is identified by a unique numbering system. Only records of complete rounds with at least one outgoing shipment and one incoming shipment were included in the study.

Three kinds of holdings were distinguished: farms, dealers (trade operators), and slaughterhouses. Pig farms were classified as belonging to one of the following six categories: (1) breeding, (2) farrow-to-grow, (3) farrow-to-finish (4) growing, (5) grow-to-finish and (6) finishing herd.

Using the information on reported movements by type of animal, numbers of rounds and numbers of animals moved between the different holding types (farms, dealers and slaughterhouses) were compiled. The Euclidean distance between the origin and destination holdings was calculated. Zero distances indicated swine transferring between two units in the same holding.

2.2. Network analysis

Networks representing the swine trade were built that included each holding involved in any movement during the period. Imports and exports were not taken into account.

Two-mode oriented networks and one-mode oriented networks were constructed for three different time scales: the global period (6-month network), the month (6-monthly networks) and the week (26-weekly networks). All of the movements between two specific holdings during the time period were then condensed into a single arc. Initial analysis involved calculating several parameters to characterize networks and then identifying components or communities of nodes for different time scales (Table 1). Once sub-groups had been identified within networks, they were extracted and described.

▪ Network constructions

Movements to slaughterhouses were not taken into account. Although these movements were numerous it can be assumed that they represented little or no risk for the transmission of swine diseases to other swine. An affiliation network was built with one set of nodes (holdings) and one set of events (rounds) (Borgatti and Everett, 1997).

To build one-mode networks with a set of equal nodes (holdings), network data was altered (Figure 1). Outgoing and incoming shipment movements were ranked by date/hour. Movements involved in a round were replaced by direct movements between holdings. We assumed that animals unloaded at a holding could have had contacts with all of the animals loaded previously during the round. Therefore holdings where animals had been unloaded during a given round were linked to each of the holdings where animals had been loaded before, during the same round.

▪ Network description

The networks were analysed separately and then compared. We first compiled descriptive parameters for all networks and then analysed them to detect significant connected components (Table 1).

First, several descriptive parameters (Wasserman, 1994) were calculated for all networks: the size (number of nodes and the number of links), the average degree (average number of nodes directly linked to a node), the average path length (the average number of links along the shortest paths – or geodesics – between all pairs of nodes), the diameter (the longest geodesic).

For each global network, a power law distribution using as $P(k) \sim k^{-\gamma}$ was fitted from distribution of node degree (denoted k). Estimating the parameters of a power-law distribution is complex as, most of the time, only the tail of the observed distribution follows a power law. As large fluctuations occur in the tail of power-law distributions it is difficult to identify the range over which power-law behaviour holds. We used the approach proposed by (Clauset *et al.*, 2009) that combines a maximum-likelihood estimator of the scaling exponent (γ) with the Kolmogorov-Smirnov statistic for determining the threshold above which the power-law behaviour holds.

Some measurements have different meanings depending on network type and some have no meaning in two-mode networks (Table1). Thus the following indicators were calculated only for one-mode networks: the clustering coefficient (proportion of neighbours of a node that are linked to each other), and the assortativity (correlation between the degrees of linked nodes).

For the 6-month one-mode network, the distributions of the three main centrality measurements were computed for each holding type: degree, in-degree (number of different holdings from which a holding receives animals) and betweenness [the frequency at to which a node is on the shortest path between any pair of nodes (Freeman, 1978/1979)]. Moreover, a new measurement proposed by (Nöremark *et al.*, 2011) was calculated, the ingoing infection chain, which identifies the number of holdings that are connected to one holding taking into account the order of the movements (Nöremark *et al.*, 2011). The order in which contacts occur is important, as animals leaving a holding prior to introduction of infection do not constitute a risk for the spread of disease.

Finally, weakly and strongly connected components were studied in the one-mode and two-mode networks. Weakly connected components (WC) are sub-networks for which a path exists between any pair of nodes, whatever the link direction. These WCs can be interpreted as independent sub-networks since in a given network, no connection exists between two WCs. Strongly connected components (SC) are sub-networks for which every node can be reached from every other node via one (or several) directed path(s). They can be interpreted as areas of a network where connectedness is particularly high. A disease introduced into any holding of an SC can potentially reach any other holding in that SC (Rautureau *et al.*, 2010). Calculation of GSC size in animal movement networks may then be used to estimate potential epidemic sizes (Christley, 2005; Robinson and Christley, 2007; Volkova *et al.*, 2010b; Volkova *et al.*, 2010c). The number of WCs and SCs and the size of the two largest WCs and SCs were determined. Both sizes were compared to qualify the largest WCs (or the largest SCs) as ‘giant’ weak (or strong) components (GWCs or GSCs).

▪ Network communities

Many networks can be divided into communities. A community (or module) is defined as a subset of nodes in which there are significantly more edges than expected by chance. Community detection is characterized by the modularity function Q introduced by Newman (Newman, 2006), which scores the quality of a partition. The objective is to maximize the function Q , defined as $Q = (\text{number of edges within communities}) - (\text{expected number of those edges})$.

We used the “greedy algorithms” method proposed by Newman (Clauset *et al.*, 2004; Newman, 2004) which can only be applied on one-mode networks. We therefore identified communities in the global one-mode network with and without movements to a slaughterhouse. The spatial extent of the largest communities and the composition of these communities by type of holdings (proportion of farm productions and dealers) were determined.

Network analyses were performed using the Igraph package (v 0.5.2, <http://igraph.sourceforge.net>) for R software (2009).

3. Results

3.1. Swine trade data

Available data comprised all French swine trade information with about 23,084 pig holdings and their links in the pork production chain (breeders to slaughterhouses). Swine holding density was clearly concentrated in the west of France: in Brittany, the primary region of French pork production, and in the south west, near the Pyrenees (Figure 2).

During the 6-month study period, 155,154 shipment round connections between 13,968 holdings (13,809 farms, 19 dealer holdings and 140 slaughterhouses) were recorded. Rounds could involve animals of several production types, as shown in Table 2, where movements are presented in detail. The network was shown to have many intense flows as seen from the ratio of number of pigs moved over number of movements (78.1 animals). 78.3% of incoming pig shipments (75.4% of animals) were movements to slaughterhouses. 84% of rounds made by a truck consisted solely or partly of these movements. Differences of animal numbers between outgoing and incoming shipments for the transfers by dealer holdings correspond to export movements. Thus, dealer holdings were the primary gateway for export animals in comparison with animals which would leave farms directly.

Average distance of an animal movement was 82.5 kilometres (median distance 55 km and range 0.1 to 793 km); to slaughterhouses it was 86.4 km (median distance 58.4 km and range 0.1 to 725 km), which was significantly higher than to holdings, 75.2 km (median distance 51 km and range 0.1 to 793 km; Wilcoxon test: $p < 0.0001$).

3.2. Network characteristics

▪ Comparison between two-mode and one-mode networks

The two-mode global network contained 10,181 holdings linked by 24,835 rounds with 71,197 arcs. On average, 60% of holdings participated in the monthly (with 16.5% of rounds and arcs) and 21% in the weekly networks (with 3.8% of rounds and arcs) (Table 3). A holding took part in approximately 7 rounds (average degree of holdings) during the 6-month period study and between one and two rounds for monthly and weekly networks. Whatever the time scale, a round concerned on average 2.8 holdings (average degree of rounds).

In the same way, the 10,181 holdings of the global one-mode network were linked by 22,231 arcs whereas 60% of holdings participated in the monthly networks with 33% of the arcs and 21% also participated in the weekly networks with 8.8% of the arcs (Table 4). A holding had on average 4.4 different contact holdings (average degree) with which it exchanged animals during the 6-month period study and on average 2.47 and 1.82 contacts respectively in monthly and weekly networks.

The degree distributions of holdings for global one-mode and two-mode networks had similar curves and the tail distribution seemed linear on a log-log scale with respectively a power law exponent γ of 2.6 and 3.1 for the nodes with the degree above 7 and 8, respectively (Figure 3).

Irrespective of the network type, distance indicator measurements decreased with the time scale; a given pair of connected holdings was separated by approximately 2 animal movements (average path length), *i.e.* there was one intermediary holding. In one-mode networks, there were from 2.55 arcs (in 6-month network) to 1.2 arcs (on average in weekly networks) between two holdings (Table 4) and in two-mode networks from 2.75 (*i.e.* 5.5/2) to 0.86 (*i.e.* 1.89/2) arcs (Table 3). The diameter (the longest geodesic between holdings) also decreased from 10 arcs (global network) to an average of 4 arcs (weekly networks) in one-mode networks (Table 4). In two-mode networks, the diameter varied from 13 (*i.e.* 26/2) arcs to an average of 4 (*i.e.* 8/2) arcs (Table 3).

Global and monthly networks were less fragmented, the largest WC including >70% of the nodes whereas the weekly network fragmentation was higher, with the largest WC including only 14.6% of the holdings. On the other hand, no large strong components were observed, the size of strong components being in any case very low (approximately 30 holdings for global networks and fewer than 5 holdings on average for monthly and weekly networks).

▪ Specific one-mode network characteristics (Table 4)

The global clustering coefficients in monthly and weekly one-mode networks were low and of the same order of magnitude as those for a random network (Newman, 2005). A higher value was obtained for the 6-month network. In this latter case, the local clustering coefficient appeared inversely linked to the node degree (Figure 4). The assortativity of networks was negative indicating that networks were disassortative : nodes were more often linked to nodes with different degrees than to nodes with similar degrees.

Centrality values (degree, betweenness, in-degree and ingoing infection chain) appeared significantly higher for dealer holdings than for farms (Figure 5) (Wilcoxon test: $p=0.018$ for betweenness centrality and $p<0.0001$ for the other centrality values). There were also significant differences between types of swine unit (Kruskal-Wallis test: $p<0.0001$); considerable heterogeneity was observed within types of holdings (Figure 5). For example, degree centrality for farrow-to-finish herds ranged from 1 to 126 (median: 3) and ingoing infection chain centrality for finishing herds ranged from 1 to 573 (median: 4). However, herds with growing units had higher values for degree and betweenness centrality, representing central positions for both spreading and receiving disease, whereas herds with finishing units had higher values for in-degree and ingoing infection chain centrality values, indicators of vulnerability.

3.3. Modularity analysis

▪ Networks including movements to slaughterhouses

Forty five communities were identified ($Q_{max} = 0.58$). The number of holdings forming a community varied between 1 and 2,629. Seven large communities contained about or more than 1000 holdings representing 98% of all holdings (Table 5). They were mostly spatially clustered. A number overlapped and shared their whole area as in Brittany (four out of seven) but communities could be located over several regions (Figure 6).

▪ Network excluding movements to slaughterhouses

Three hundred and twenty communities were identified ($Q_{max} = 0.76$). The number of holdings forming a community varied between 1 and 1,857. Communities are described in detail in Table 5. Within these 320 communities, 57% of the holdings were part of the four largest communities (>1000 holdings). Although finishing herds and grow-to-finish herds mostly belonged to communities (on average 30% and 51% of holdings respectively), holdings distribution by type was significantly different among communities (Pearson's chi-square test: $p<0.0001$). However, three communities were clearly spatially clustered in Brittany, the fourth being in the north of France (Figure 6).

4. Discussion

The swine industry forms a complex network spread heterogeneously across the country, with holdings being dynamically linked by animal movements. This network was studied at three different time scales to explore structural vulnerability to the spread of any disease.

▪ One-mode and two-mode networks

The French swine trade was described first by links between two sets of nodes at different levels of analysis: actors (holdings) and events (rounds). Data such as these involve two levels of analysis; i.e. two modes. Two-mode data offer some very interesting analytic possibilities for gaining greater understanding. Thus, holdings involved in swine trade were concerned by about seven rounds during the 6-month period study. And a round connected each time on average from two to three holdings. While rich in their data content, the two-mode networks are however difficult to interpret and little work has been done concerning animal trade movements with this approach (Robinson and Christley, 2007). A common strategy in such cases is to examine instead a one-mode "projection" of the network onto either the holdings or the gathering rounds. For this purpose, we altered the two-mode network to a one-mode one keeping the same sequence of outgoing and incoming shipments. The results obtained were close to those from two-mode networks. We could thus continue the network analysis with a wider range of network methods and indicators.

Moreover, the dataset used for this study reflects trade activity for only 6 months, as registration has only recently been made mandatory. The observation period and the lack of precision or error-rate due to self-reporting could introduce some bias in the analysis. The 6-month period was however compatible with a complete cycle of swine production.

▪ Scale-free structure

The node degree distributions were evaluated and appeared heavy-tailed suggesting a scale-free structure. Moreover, the correlation between local clustering coefficients and node degrees confirmed as well as the disassortativity (assortativity <0), the scale-free structure and the presence of hubs. Theoretical studies have shown that the scale-free structure of networks can influence the speed and the extent of a disease that would spread via network links (Kiss *et al.*, 2006a) (Pastor-Satorras and Vespignani, 2001). Heterogeneity in the distribution of links within a network is a key factor and reveals the presence of central individuals (hubs) that are the most likely to spread a disease and that could be targeted by control measures.

The French swine trade network had the same topology as animal trade networks described elsewhere in Europe (Christley, 2005; Bigras-Poulin *et al.*, 2006; Kiss *et al.*, 2006b; Bigras-Poulin *et al.*, 2007; Natale *et al.*, 2009; Volkova *et al.*, 2010a, b).

■ Vulnerability to disease spread

No vulnerable structures emerged as GSCs. However, giant weak component (GWCs) were identified and the swine network was well connected. Unlike SCs, WCs are sub-networks for which a link exists between any pair of nodes, whatever the link direction. These WCs are considered as independent sub-networks and show that the swine network was well connected but in a rather hierarchical fashion. We therefore focussed our attention on the community structure of the networks and associated values such as modularity. Community structures in networks are natural divisions of network nodes into densely connected subgroups. Identification of communities in the swine trade network demonstrated that holdings were preferentially linked. In the analysis of network data, many methods have been proposed for finding communities but few have been proposed for determining whether the distribution breakdown found is statistically significant or a result of chance. With the method used here, the significance of community structure can be effectively quantified by measuring its robustness to small perturbations in network structure (Karrer *et al.*, 2008), using the modularity Q . In principle, the maximum value of the modularity is $Q_{max} = 1$ and such a network could be considered as highly modular. Nevertheless, it is lower for most real networks (Good *et al.*, 2010) and modularity can be considered to be high from 0.5 (Clauset *et al.*, 2004). Here the modularity tended to 0.6 for networks including slaughterhouses ($Q=0.75$ for networks excluding slaughterhouses). Most large communities (> 1000 holdings) overlapped and shared their whole area namely in Brittany (four out of seven). For the German trade network over a period of two and a half years, modularity was found to be 0.717 and the nine largest communities (> 660 holdings) were also spatially clustered but covered the entire country (Lentz *et al.*, 2011). The groups of holdings represented by communities suggest groups in an integrated system or, for networks including slaughterhouses, the supply-pool of slaughterhouses. With another approach using a combination of SNA and cluster analysis, the holding pool representing pork industry activities has also been identified as made up of temporal-spatial clusters of holdings at risk for the introduction of disease by animal shipments in Spain (Martinez-Lopez *et al.*, 2009a).

Farms with growing units (unit in the middle of the production chain) appeared more central (betweenness value) and herds with finishing units more vulnerable (in-degree and ingoing infection chain values). Holdings were very close with only on average one intermediary holding between a given pair of connected holdings (deducted from the average path length). The low values suggest first that epidemic would spread quickly across the network. Secondly, this reflects the dynamic nature of the swine industry with downward movements through the pyramidal structure where all holdings could play a role in disease spread along the production process. The scale-free structure and holdings with high centrality values allow us to assume that these holdings may control flows in part of the network, maintain connectivity and promote dynamic dissemination. Here, dealers stood out as having high centrality values. However, centrality values for given types of farms were close to one other and considerable heterogeneity was observed. Thus some holdings should certainly be targeted, as for example sow pool herds where sows are inseminated in a central unit and farrow in satellite herds or, inversely, finishing herds, which collect piglets from numerous breeding herds. But because of the trend of French herds to integrate several production units, no production types could be suggested for targeting.

■ Comparison with the French ruminant trade network.

Some characteristics of the network were remarkably different compared with cattle or sheep movement networks. In the French cattle trade network was more disassortative (-0.18 versus -0.14 in monthly networks) and centrality measurements of dealer and market appeared markedly higher than those in the French swine trade network (Rautureau *et al.*, 2010). Here, dealer holdings had higher centrality values than the other holdings but represented 0.19% of the population compared with 0.54% for the cattle population (Rautureau *et al.*, 2010). Moreover, dealer holdings in the swine trade seem to be dedicated to animal export. Thus dealers definitely play a role as hubs at the level of international trade but they do not take part in national movements in the same way as described in cattle and sheep networks (Robinson and Christley, 2007). Besides, no giant strong components (GSCs) was found out in swine networks. In the French cattle trade network, GSC emerged whatever the time scale, a large subset of holdings existed and were continually linked and widely spread all over the country. GSCs included, 45% of network nodes in the yearly network (i.e. 108 904 holdings), and on average, 8% in the monthly networks (10 277 holdings) and 4% weekly networks (2 115 holdings) (Rautureau *et al.*, 2010). GSCs are considered as areas where connectedness is particularly high. Thus a disease introduced

into any holding in the sub-network can potentially reach any other holding in the same sub-network. Large detected communities in the swine trade network can be also interpreted as structural risk but they demonstrated only that holdings were preferentially linked (holdings are not all linked).

For these reasons, the swine trade network thus appeared less structurally vulnerable than ruminant trade networks.

▪ Comparison with other countries

In fact, the swine trade is a specific trade network and should be compared above all with other swine movement networks. The characteristics of the French monthly swine trade network are similar to those of the Swedish monthly swine trade network (Nöremark *et al.*, 2011) (density, clustering coefficient and assortativity). The Danish swine industry network was described as being strongly heterogeneous within and between farms (Bigras-Poulin *et al.*, 2007). Nöremark *et al.* also found associations between in-degree or ingoing infection chain centrality and production type by classifying the herds according to production type “highest in the pyramid”.

Our study applied an alternative method defining and using general SNA indicators (i.e., model- and disease-independent) to characterize animal trade network vulnerability to disease spread and tested this approach in two different network types. To a certain extent, the observed communities can be considered as risk structures. However, because of this fragmentation, the swine trade network appeared less structurally vulnerable than ruminant trade networks. This fragmentation is explained by the hierarchical structure, which thus limits the structural vulnerability of the global trade network. However, within communities, the hierarchical structure of the swine production system would favour the spread of an infectious agent (especially if introduced in breeding unit herds).

Acknowledgments

The authors would like to thank members of BDporc for making holdings and animal movement data available. We are also grateful to Maria Nöremark (National Veterinary Institute, Sweden) and Nina Håkansson (University of Skövde, Sweden) for providing computing support for calculation of the ingoing infection chain centrality.

Reference

- Ammendrup S and Barcos LO 2006. The implementation of traceability systems. *Rev Sci Tech* 25, 763-773.
- Anonymous 2009. {R: A language and environment for statistical computing}. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.
- Bell DC, Atkinson JS and Carlson JW 1999. Centrality measures for disease transmission networks. *Social Networks* 21, 1-21.
- Bigras-Poulin M, Barfod K, Mortensen S and Greiner M 2007. Relationship of trade patterns of the Danish swine industry animal movements network to potential disease spread. *Preventive Veterinary Medicine* 80, 143-165.
- Bigras-Poulin M, Thompson RA, Chriel M, Mortensen S and Greiner M 2006. Network analysis of Danish cattle industry trade patterns as an evaluation of risk potential for disease spread. *Prev Vet Med* 76, 11-39.
- Borgatti SP and Everett MG 1997. Network analysis of 2-mode data. *Social Networks* 19, 243-269.
- Christley RM, Robinson, S.E., Lysons, R., French, N. 2005. Network analysis of cattle movement in Great Britain. *Proc. Soc. Vet. Epidemiol. Prev. Med*, 234-243.
- Clauset A, Newman ME and Moore C 2004. Finding community structure in very large networks. *Phys Rev E Stat Nonlin Soft Matter Phys* 70, 066111.
- Clauset A, Shalizi CR and Newman MEJ 2009. Power-Law Distributions in Empirical Data. *SIAM Review* 51, 661-703.
- Dube C, Ribble C, Kelton D and McNab B 2009. A review of network analysis terminology and its application to foot-and-mouth disease modelling and policy development. *Transbound Emerg Dis* 56, 73-85.
- Fèvre EM, Bronsvoort BMdC, Hamilton KA and Cleaveland S 2006. Animal movements and the spread of infectious diseases. *Trends in Microbiology* 14, 125-131.
- Freeman LC 1978/1979. Centrality in social networks, conceptual clarification. *Soc. Networks* 1, 215-239.
- Karrer B, Levina E and Newman ME 2008. Robustness of community structure in networks. *Phys Rev E Stat Nonlin Soft Matter Phys* 77, 046119.
- Kiss IZ, Green DM and Kao RR 2006a. Infectious disease control using contact tracing in random and scale-free networks. *J R Soc Interface* 3, 55-62.

- Kiss IZ, Green DM and Kao RR 2006b. The network of sheep movements within Great Britain: Network properties and their implications for infectious disease spread. *J R Soc Interface* 3, 669-677.
- Lentz HH, Konschake M, Teske K, Kasper M, Rother B, Carmanns R, Petersen B, Conraths FJ and Selhorst T 2011. Trade communities and their spatial patterns in the German pork production network. *Prev Vet Med* 98, 176-181.
- Martinez-Lopez B, Perez AM and Sanchez-Vizcaino JM 2009a. Combined application of social network and cluster detection analyses for temporal-spatial characterization of animal movements in Salamanca, Spain. *Prev Vet Med* 91, 29-38.
- Martinez-Lopez B, Perez AM and Sanchez-Vizcaino JM 2009b. Social network analysis. Review of general concepts and use in preventive veterinary medicine. *Transbound Emerg Dis* 56, 109-120.
- Natale F, Giovannini A, Savini L, Palma D, Possenti L, Fiore G and Calistri P 2009. Network analysis of Italian cattle trade patterns and evaluation of risks for potential disease spread. *Prev Vet Med* 92, 341-350.
- Newman ME 2002. Assortative mixing in networks. *Phys Rev Lett* 89, 208701.
- Newman ME 2004. Fast algorithm for detecting community structure in networks. *Phys Rev E Stat Nonlin Soft Matter Phys* 69, 066133.
- Newman ME 2006. Modularity and community structure in networks. *Proc Natl Acad Sci U S A* 103, 8577-8582.
- Newman MEJ 2005. Random graphs as models of networks. In *Handbook of Graphs and Networks*, pp. 35-68, Wiley-VCH Verlag GmbH & Co. KGaA.
- Nöremark M, Hakansson N, Lewerin SS, Lindberg A and Jonsson A 2011. Network analysis of cattle and pig movements in Sweden: measures relevant for disease control and risk based surveillance. *Prev Vet Med* 99, 78-90.
- Pastor-Satorras R and Vespignani A 2001. Epidemic spreading in scale-free networks. *Phys Rev Lett* 86, 3200-3203.
- Rautureau S, Dufour B and Durand B 2010. Vulnerability of Animal Trade Networks to The Spread of Infectious Diseases: A Methodological Approach Applied to Evaluation and Emergency Control Strategies in Cattle, France, 2005. *Transbound Emerg Dis*.
- Robinson SE and Christley RM 2007. Exploring the role of auction markets in cattle movements within Great Britain. *Prev Vet Med* 81, 21-37.
- Volkova VV, Howey R, Savill NJ and Woolhouse ME 2010a. Sheep movement networks and the transmission of infectious diseases. *PLoS One* 5, e11185.
- Volkova VV, Howey R, Savill NJ and Woolhouse ME 2010b. Potential for transmission of infections in networks of cattle farms. *Epidemics* 2, 116-122.
- Wasserman SF, K. 1994. *Social Network Analysis : Methods and Applications*. Cambridge University Press, Cambridge.
- Watts DJ and Strogatz SH 1998. Collective dynamics of 'small-world' networks. *Nature* 393, 440-442.

Tables

Table 1: Network analysis glossary of terms interpreted in the context of livestock movement

Name	Definition	Reference
Density	Proportion of contacts that could possibly occur in the network compared with those that are actually observed in the network	For one-mode networks (Wasserman, 1994) For two-mode networks (Borgatti and Everett, 1997)
Degree In-degree	In one-mode networks, the degree of a holding is equal to the number of its direct neighbours. The in-degree is defined as the number of holdings from which animals move onto a particular holding. In two-mode networks, the degree of a holding is the number of shipment rounds in which it takes part (rate of participation) and the degree of a shipment round reflects the number of holdings where animals were loaded.	For one-mode networks (Freeman, 1978/1979) For two-mode networks (Borgatti and Everett, 1997)
Strong and weak components (SC/WC)	Strong components are sections of the network where every holding can be reached from every other holding via directed paths, whereas weak components are sections of the network which are linked, but not every farm can be reached from every other farm.	(Christley, 2005; Robinson and Christley, 2007)
Clustering coefficient (CC)	The amount of interrelationship that exist between all the nodes and one specific node indicated complicated partnership trade patterns because it implied that when two business partners sent animals to a third location they were also linked by an animal movement.	(Watts and Strogatz, 1998)
Shortest path length Diameter	The shortest path length or geodesic distance is the smallest number of links represented by animal movement sets required to travel from holding A to holding B. The diameter is the longest geodesic distance. Distance measurements of two-mode networks with links between rounds and holdings must be divided by two to be compared to one-mode measurements.	(Watts and Strogatz, 1998) (Borgatti and Everett, 1997)
Assortativity	Preference of nodes to attach to others that are similar degree. Negative assortativity is dissortativity ; high degree nodes tend to attach to low degree nodes.	(Newman, 2002)
Community	Subset of nodes in which there are significantly more links than expected by chance; group of preferentially linked holdings.	(Newman, 2006)
Betweenness	Proportion of geodesic distances (represented by animal movement sets) between all pairs of holdings (excluding node A) that pass through node A.	(Freeman, 1978/1979)
Ingoing infection chain	The ingoing infection chain measures all direct and indirect contacts through movements onto a holding. The sequence by which the movements occur is taken into account.	(Nöremark <i>et al.</i> , 2011)

Table 2. Number of animal movements and of animals moving between French holdings from January to June 2010 according to outgoing and incoming shipments.

		Outgoing shipments			Incoming shipments		
		Rounds	Movements	Animals	Rounds	Movements	Animals
Farms	Piglets	21,381	26,023	3,720,098	17,470	19,549	3,669,858
	Fat pigs	116,104	157,810	11,845,976	225	236	9,114
	Breeding pigs	5,065	7,117	144,245	4,985	15,587	144,139
	Culled pigs	20,391	39,682	207,574	299	478	5,245
Dealer Holdings	Piglets	59	66	6,956	164	177	14,842
	Fat pigs	109	110	7,974	479	482	28,020
	Breeding pigs	9	9	35	66	66	401
	Culled pigs	13	13	511	1,547	1,558	27,644
Slaughterhouses	Piglets	-	-	-	3,889	3,897	47,068
	Fat pigs	-	-	-	115,504	115,527	11,756,771
	Culled pigs	-	-	-	18,534	18,534	173,441
Total (distinct)		155,154	230,830	15,933,369	155,154	176,091	15,876,543

Piglet = just weaned pig. Fat pig = pig from fattening structure. Breeding pig = sow and boar. Culled pig = retired breeding pig

Table 3. Descriptive parameters for two-mode 6-month, monthly and weekly swine trade networks in France, 2010.

	6-month network	Monthly networks mean data [range]	Weekly networks mean data [range]
Size			
Holdings	10,181	6,002 [5,713-6,390]	2,153 [1,824-2,408]
Rounds	24,835	4,103 [3,821-4,503]	955 [784-1,052]
Links	71,197	11, 755 [10,753-13,090]	2,737 [2,253-3,068]
Average degree			
Holdings	6.99	1.96 [1.87-2.05]	1.27 [1.24-1.30]
Rounds	2.87	2.86 [2.81-2.91]	2.87 [2.74-2.96]
Density	$1.408 \cdot 10^{-4}$	$2.388 \cdot 10^{-4}$ [$2.275 \cdot 10^{-4}$ - $2.463 \cdot 10^{-4}$]	$6.680 \cdot 10^{-4}$ [$6.056 \cdot 10^{-4}$ - $7.888 \cdot 10^{-4}$]
Av. path length	5.49	3.08 [2.89-3.47]	1.89 [1.71-2.13]
Diameter	26	13 [12-15]	8 [6-11]
Weak components			
Number	217	533 [478-598]	495 [433-542]
Largest size			
Holdings (%)	9,523 (93.5%)	4,479 (74.6%) [4,076 (71.3%) - 5,046 (79%)]	314 (14.6%) [105 (4.2%) - 646 (27.5%)]
Rounds (%)	23,498 (94.6%)	2,932 (71.5%) [2,566 (66.6%) - 3,421 (76%)]	120 (12.6%) [28 (2.9%) - 251 (24.2%)]
2 nd largest size			
Holdings	10	56 [26-100]	106 [46-197]
Rounds	81	38 [13-72]	36 [11-72]
Strong components			
Number	388	173 [164-184]	57 [44-72]
Largest size			
Holdings (%)	35 (0.34%)	5 (0.08%) [2 (0.03%) - 8 (0.14%)]	2 (0.09%) [1 (0.05%) - 4 (0.19%)]
Rounds (%)	211 (0.85%)	14 (0.34%) [7 (0.18%) - 21 (0.55%)]	4 (0.42%) [2 (0.20%) - 6 (0.66%)]
2 nd largest size			
Holdings	4	2 [2-2]	2 [1-3]
Rounds	54	10 [5-13]	3[2-5]

Table 4. Descriptive parameters for one-mode 6-month, monthly and weekly swine trade networks in France, 2010.

	6-month network	Monthly networks mean data [range]	Weekly networks mean data [range]
Size	10,181	6,002 [5,712-6,391]	2,152 [1,824-2,408]
Links	22,231	7,432 [6,902-8,143]	1,957 [1,563-2,208]
Average degree	4.37	2.47 [2.41-2.57]	1.82 [1.71-1.93]
Density	$2.145 \cdot 10^{-4}$	$2.063 \cdot 10^{-4}$ [$1.994 \cdot 10^{-4}$ - $2.116 \cdot 10^{-4}$]	$4.236 \cdot 10^{-4}$ [$3.809 \cdot 10^{-4}$ - $4.630 \cdot 10^{-4}$]
Av. path length	2.55	1.72 [1.65-1.86]	1.20 [1.11-1.32]
Diameter	10	6 [6-7]	4 [3-5]
Clustering coefficient	0.01685	0.00910 [0.00835-0.0108]	0.00936 [0.00372-0.02368]
Assortativity	-0.15424	-0.14416 [-0.12806 to -0.16327]	-0.15520 [-0.12072 to -0.18529]
Weak components			
Number	217	532 [478-598]	495 [433-557]
Largest size (%)	9,523 (93.5%)	4,487 (74.8%) [4,075 (71.3%) - 5,046 (79%)]	314 (14.6%) [105 (4.9%) - 646 (27.5%)]
2 nd largest size	27	56 [33-100]	106 [46-197]
Strong components			
Number	80	29 [23-34]	8 [4-13]
Largest size (%)	30 (0.29%)	5 (0.08%) [3 (0.05%) - 7 (0.14%)]	2 (0.09%) [2 (0.08%) - 4 (0.19%)]
2 nd largest size	5	3 [2-3]	2 [2-3]

Table 5: Number of holdings and number of trade connections within trade communities in 6-month networks, one including slaughterhouses and one excluding slaughterhouses, France 2010.

6-month network including slaughterhouses						
Communities ranked by decreasing size	Slaughterhouse	Number of holdings			Total	Number of links
		Dealer	Farm			
1	36	0	2,593		2,629	6,183
2	10	0	2,389		2,399	6,956
3	38	15	2,197		2,250	5,352
4	8	1	2,155		2,164	7,189
5	6	1	1,946		1,953	5,729
6	19	2	1,312		1,333	3,421
7	5	0	930		935	2,441
Others (nodes<80)					295	13,925
Total=45					13,958	51,200
6-month network excluding slaughterhouses						
Communities ranked by decreasing size	Slaughterhouse	Number of holdings			Total	Number of links
		Dealer	Farm			
1	-	12	1,845		1,857	3,890
2	-	1	1,699		1,700	3,720
3	-	0	1,148		1,148	2,828
4	-	0	1,100		1,100	2,650
Others (nodes<480)					4,376	8,735
Total=320					10,181	21,823

Figures

Figure 1: Network types; (a) two-mode network: two sets of nodes (H=holdings and R=round), (b) one-mode network: one set of nodes (H=holdings). Two mode-networks were transformed into one-mode networks by replacing movements involved in a round by direct movements between holdings. The figure indicates the chronology of truck collection.

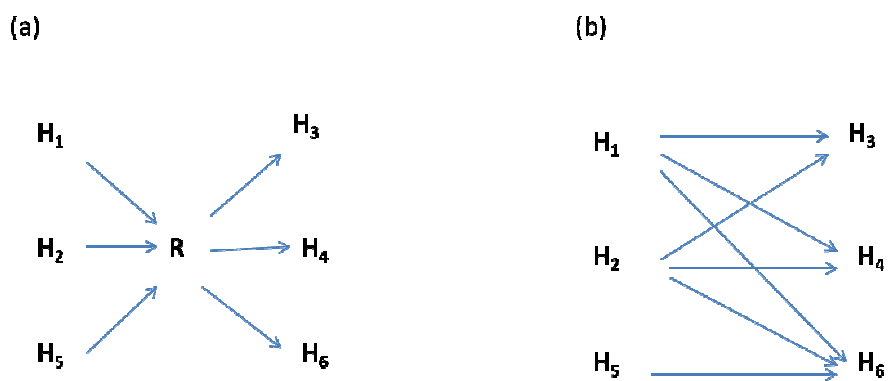


Figure 2: Spatial density of swine farms, France, 2010.
Density: number of holdings per 10km-diameter hexagon.

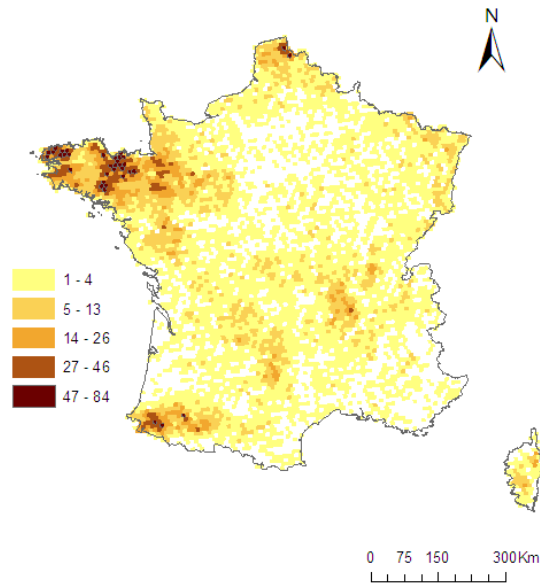


Figure 3: Distribution of holding degrees in the 6-month one-mode (left) and two-mode (right) networks of swine movements, France 2010.

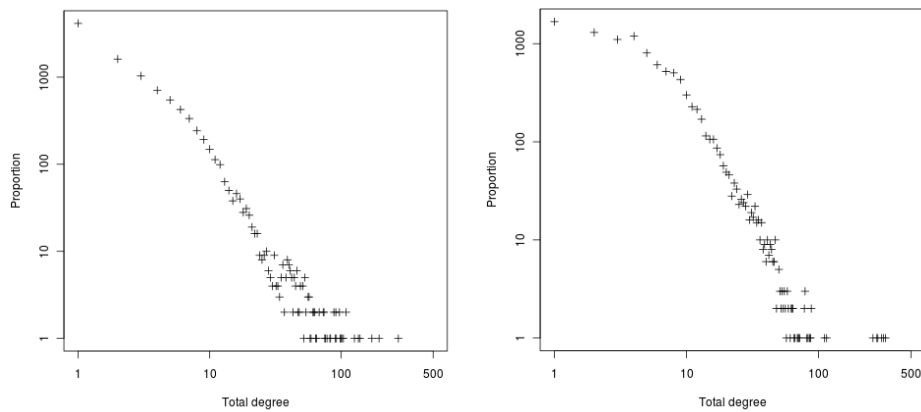


Figure 4. Distribution of local clustering coefficients according to node degree in the 6-month one-mode network of swine movements, France 2010.

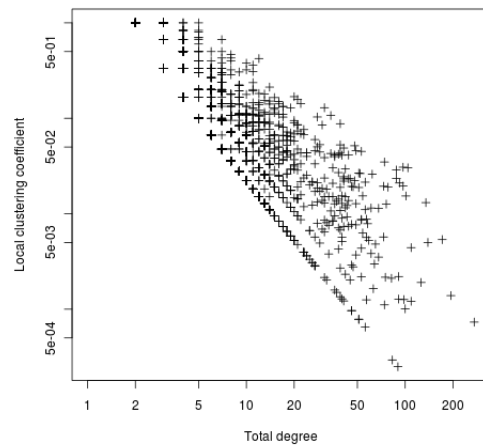


Figure 5: Distribution of degree, betweenness, in-degree and ingoing chain infection centrality in holdings involved in the 6-month one-mode network of swine movements, France, 2010. (Dealer holdings: DH, breeding: BB, farrow-to-grow: BG, farrow-to-finish: BF, growing: GG, grow-to-finish: GF and **finishing** herd: FF).

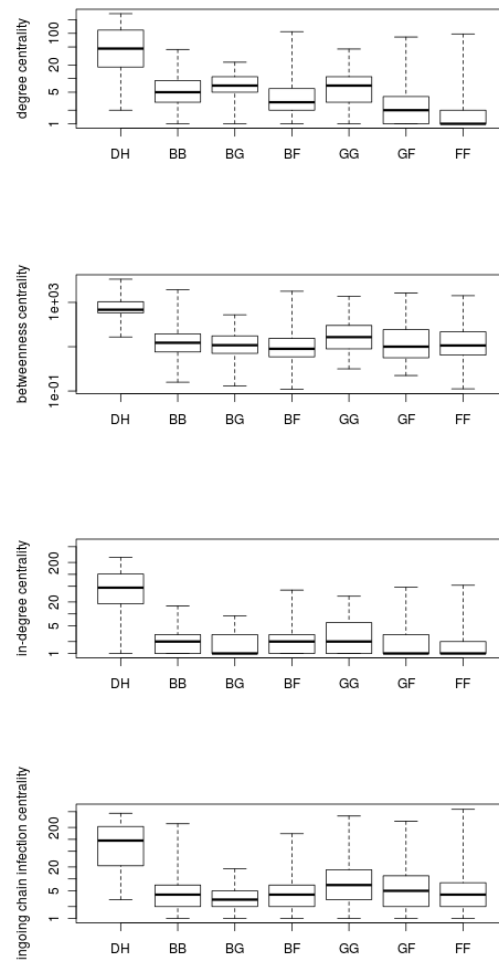
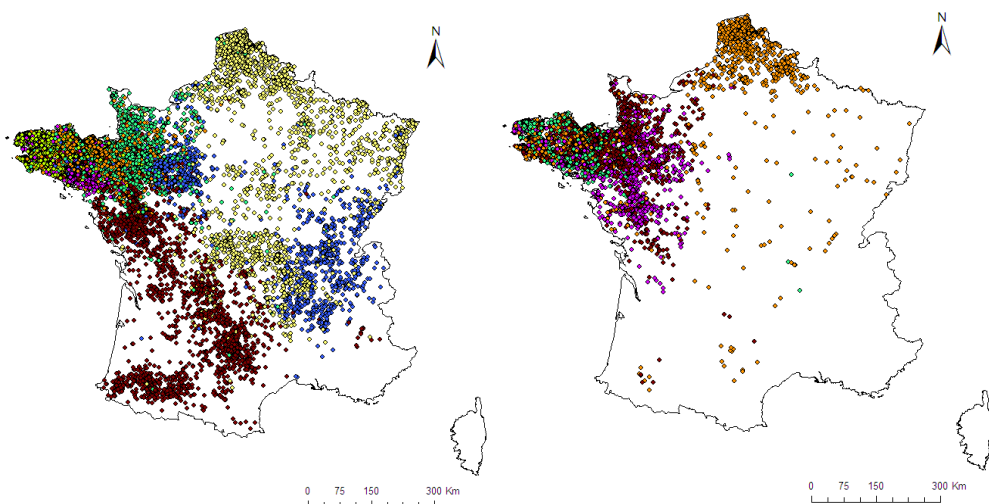


Figure 6: Spatial distribution of the largest communities (>1000 holdings) of the 6-month swine trade network including slaughterhouses, France, 2010; 7 large communities in networks including slaughterhouses (left) and 4 large communities in networks excluding slaughterhouses (right).



RESUME : SIMULATIONS D'ÉPIZOOTIES DE FIEVRE APTEUSE ET AIDE A LA DECISION ; APPROCHES EPIDEMIOLOGIQUE ET ECONOMIQUE.

L'épizootie de fièvre aphteuse de 2001 telle qu'elle s'est déroulée en Grande-Bretagne a montré les limites de certains des systèmes de surveillance, d'intervention, d'anticipation et d'aide à la décision actuellement en place. Parallèlement, l'assouplissement des modalités d'utilisation de la vaccination a enrichi la palette des outils utilisables par le gestionnaire de risque. Une réévaluation pour la France a semblé ainsi opportune.

Pour cela, le projet de recherche s'est proposé tout d'abord d'étudier l'organisation des différentes filières d'animaux de rente en France. L'analyse du réseau d'élevages français par la méthode d'analyse des réseaux sociaux a permis de caractériser les relations entre établissements et d'estimer une vulnérabilité structurale constante face à la diffusion de maladies apportées essentiellement par le réseau d'échanges bovins.

Dans une deuxième partie, la diffusion de la maladie dans ce réseau d'élevages a été étudiée en s'appuyant sur des simulations générées par un modèle spécifiquement construit. L'efficacité et les coûts de différentes stratégies de lutte envisageables (combinaisons d'abattage sanitaire, abattage préventif et vaccination) ont été ensuite comparés. Les résultats obtenus ont montré l'absence d'une stratégie unique optimale à la fois sur le plan épidémiologique et économique et la nécessité de s'adapter au contexte local. En effet, la nature de la stratégie optimale varie selon la région concernée et l'acteur considéré.

Ces travaux ont permis de créer un outil de réflexion pour aider à la décision, mais également un outil d'entraînement et de formation collective pour se préparer à une telle gestion de crise.

Mots clés : Fièvre aphteuse, Diffusion de maladie, Analyse de réseaux sociaux, Modélisation, Analyse coût/efficacité.

SUMMARY: SIMULATIONS OF FOOT-AND-MOUTH DISEASE AND DECISION-MAKING PROCESS; EPIDEMIOLOGICAL AND ECONOMICAL APPROACHES.

The 2001 Foot-and-mouth disease epizootic in the United Kingdom has illustrated limits in some established surveillance, control, anticipation and decision-making systems. At the same time, the relaxation of vaccination procedures has enhanced the set of usable tools by risk managers. A reassessment in France seemed needed.

For this purpose, the research project firstly proposed to study the organization of the different livestock industries in France. The analysis of French holding network by using the method of social network analysis has led to characterize the relationships between holdings and to determine a constant structural vulnerability to diseases spread especially due to bovine trade network.

Secondly, the disease spread in the holding network has been studied with simulations generated by a specifically built model. The cost-effectiveness of different control strategies (combining infected herd depopulation, pre-emptive culling and vaccination) were then compared. Results showed that no single epidemiological and economical optimal strategy existed and local context must be taken into account. Indeed, the cost-effective strategy changed according to the concerned area and the considered players.

This research work allowed creating a thinking tool for decision-making but also a training tool for crisis management preparation.

Key words: Foot-and-mouth disease, Disease spreading, Modeling, Social network analysis, Cost-effectiveness analysis.