

CREATION DE BASES DE DONNEES POUR L'ENSEIGNEMENT DE L'EPIDEMIOLOGIE VETERINAIRE*

J. Casal¹, E. Mateu¹ et M. Martin¹

RESUME : Nous décrivons un programme qui permet de créer deux bases de données pour pratiquer la démarche épidémiologique avec Epi-Info. Les deux fichiers contiennent des données d'une enquête épidémiologique fictive sur une épizootie d'une maladie également fictive des bovins. Le premier fichier contient les données des fermes et le deuxième un échantillon de vaches de chaque ferme. On décrit aussi l'utilisation qu'on peut faire des bases de données avec les étudiants aussi bien avant l'obtention du diplôme qu'après.

SUMMARY : The present report describes a software aimed to the creation of databases for the teaching of epidemiological analysis using Epi-Info. The programme generates two files containing the data of an hypothetical epidemiologic survey of a fictional disease of bovines. The first file gather data about farms and the second deals with individuals. The use of this programme for epidemiology teaching is described.



I - INTRODUCTION

Les enquêtes et études analytiques sont une des parties centrales de l'épidémiologie. L'enseignement de ces matières à besoin de logiciels pour l'analyse statistique des données obtenues dans ces études. Pourtant, il est difficile de trouver des bases de données réelles qui soient suffisamment appropriées pour leur usage dans les classes. D'habitude, les bases de données que nous pouvons obtenir dans les travaux de recherche sont trop spécifiques et elles intéressent peu les étudiants ; d'autre part, elles ne permettent pas de travailler tous les aspects qu'il faut aborder dans les cours (différent types de variables, relations entre variables, etc.). Une solution possible à ce problème serait de modifier les bases de données pour les adapter, mais c'est lourd, et cela représente un problème qui peut provoquer la confusion

des étudiants à cause de l'introduction de données modifiées dans un contexte de données réelles. Il y a quelques années, nous avons réalisé un programme destiné à être utilisé dans les cours d'épidémiologie vétérinaire et qui permettait la création d'une base de données sur une maladie fictive du porc [Casal *et al.*, 1996]. Ce programme permettait de préfigurer plusieurs situations épidémiologiques et, en conséquence, facilitait l'étude de différentes techniques d'analyse épidémiologique. Dans ce travail, nous présentons un nouveau programme qui permet la génération des données épidémiologiques, destinées à l'analyse avec Epi-Info, sur un hypothétique syndrome reproductif d'étiologie virale chez les bovins.

* Communication affichée, Journées de l'AEEMA, 18-19 mai 2000

¹ Unitat de Patologia Infecciosa i Epidemiologia, Departament de Patologia i Producció Animals, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra, Espagne
Tél. : 34 93 581 10 47 - E-mail : Jordi.casal@uab.es

II - MATÉRIEL ET MÉTHODES

1. LA MALADIE

Le programme permet de créer des bases de données sur un syndrome fictif qui affecte la reproduction du bovin. Cette maladie est dénommée syndrome MAMI bovin, correspondant à l'acronyme de Mort-né, Avortement, Mortalité embryonnaire et Infertilité. Le scénario épidémiologique est celui d'une nouvelle maladie sur laquelle on effectue une étude transversale pour déterminer les facteurs de risque de l'infection et leur impact sur les productions. Le syndrome est d'origine virale et on a considéré l'existence de trois sérotypes de l'hypothétique virus agent de la maladie, ayant chacun un pouvoir pathogène différent.

2. L'ENQUETE EPIDEMIOLOGIQUE

Le programme crée deux bases de données, l'une qui considère la ferme comme unité épidémiologique, l'autre qui contient les données individuelles pour un échantillonnage d'animaux présents dans les fermes.

Pour l'étude des fermes, on a considéré un total de 40 variables qui peuvent avoir une influence sur les causes possibles, les effets sur la production, les mesures de contrôle et d'autres problèmes pathologiques comme le stade d'infection pour les virus de la rhino-trachéite infectieuse bovine (IBR) et la diarrhée virale des bovins (BVD) (figure 1). La deuxième base inclut neuf variables en rapport avec les animaux et elle peut se combiner avec la première base.

FIGURE 1

Exemple d'un registre de la base de données MamiBov1.rec

SYNDROME MAMI BOVIN			
Nombre de REFERENCE :	1	Date	24/ 6/99
Nombre de VACHES	114		
REGION	N		
Propriétaire travaille ou seulement salariés	P		
Animaux en Cubicles ou cours	P		
Rations	N	Type d'alimentation	N
Salle de Vêlages	N		
Pourcentage de sperme des coopératives du pays:		Coopérative 1	26
	Coopérat.2	Coopérat.3	20 54
		Coopérat 4	0
		Autres	0
Données sur la production			
Production laitière (Kg)	6049	Durée de lactation	306
Intervalle entre vêlages	367	Anoestrus(%)	6,0
Succès première IA	60	Succès seconde IA	50
Répétitions	47	Pourcent. cyclicité	37
Endométrites	36	Rétention placentaire	21
Avortements	9	Mortalité néonatale	4
Repos pour reproduc.	33		
Données sur la maladie			
Prévalence (%) :	33,92		
Virus SIB1 -	Virus SIB2 -	Virus SIB3 +	
Date début maladie:	18/ 9/98	Date finale	
Vacciné dans l'exploitation?	N	Fréquence vaccination	0
Date initiale de vaccination			
Autres mesures de contrôle: Sacrifice	No		
Séropositives à BVD (%)	67,1	Séropositives à IBR (%)	29,3
Il existe des données sur les animaux ?	N		

3. LE PROGRAMME

Il est écrit en QuickBasic et génère les deux fichiers de bases de données en format Epi-Info (format. *rec*). Les variables discrètes ont été produites par la méthode Montecarlo, les variables continues ont été créées selon une distribution normale, excepté le nombre d'animaux des troupeaux qui suit une distribution normale mais modifiée selon une distribution uniforme accotée.

Un menu initial permet de changer les caractéristiques des bases de données qui seront créées : le nombre total de registres de la base de données, le nombre d'animaux de chaque ferme à inclure dans la seconde base de données et leurs caractéristiques. On peut accéder aussi à d'autres menus qui permettent de modifier les relations entre variables, ce qui permet à son tour de modifier la présentation épidémiologique de la maladie, et donc de créer différentes bases de données, non seulement pour les données mais aussi pour les relations entre les variables.

Neuf de ces relations sont des facteurs qui peuvent être mis en relation avec la prévalence de l'infection dans les fermes affectées. Par exemple, on peut vérifier si la taille des troupeaux a une influence ou si le fait que le propriétaire des animaux travaille à la ferme a un quelconque rapport avec la prévalence de l'infection dans le troupeau. Sept des relations qui peuvent être modifiées concernent la présence ou non de la maladie dans les fermes (figure 2). Neuf autres variables sont des paramètres de production qui peuvent s'altérer selon l'infection.

Nous pouvons également établir des relations entre les différentes variables témoignant de la prévalence, de la présence ou de l'absence de la maladie, ce qui permet de créer des phénomènes de confusion épidémiologique très utiles en vue d'une analyse plus approfondie. Dix autres variables sont en relation avec la présence des virus IBR et BVD dans la ferme (relation avec la taille des troupeaux, les productions et le syndrome Mami bovin). Finalement, on peut changer la sensibilité et la spécificité des épreuves diagnostiques du syndrome.

FIGURE 2

Exemple de menu pour mettre en relation ou non la prévalence, la présence ou l'absence du syndrome avec quelques variables

*** Variables qui peuvent être mises en rapport avec la prévalence ***	
2.- Nombre de vaches (0-Non / 1-Oui)	1
3.- Propriétaire ou seulement salariés (0-Non / 1-Oui)	1
4.- Cubiculum ou cours (0-No / 1-cubicles / 2-cours)	1
5.- Type d'alimentation (0-Non / 1-Oui)	1
6.- Supplément à la ration (0-No / 1-Si, basse / 2-Si, haute)	1
7.- Salle de vêlages (0-No / 1-Si)	1
8.- Région (0-Non / 1-Oui)	1
9.- Vaccination des vaches (0-Non / 1-Oui)	1
10.- S'il y a vaccination: fréquence annuelle (1 / 2)	1
*** Variables qui peuvent être mises en rapport avec la présence de MAMI ***	
11.- Nombre de vaches (0-Non / 1-Oui)	1
12.- Région (0-Non / 1-Oui)	1
13.- Coopérative 1 de sperme (0-Non / 1-Oui)	1
14.- Coopérative 2 de sperme (0-Non / 1-Oui)	1
15.- Autres coopératives (0-Non / 1-Oui)	1
16.- Vaccination préalable (0-Non / 1-Oui)	1
17.- Nombre de vaccinations annuelles (0 / 1 / 2)	1
Appuyez sur la touche correspondante ou <Enter>	

III - RESULTATS ET DISCUSSION

Les bases de données permettent de travailler à différents niveaux selon la complexité des relations établies entre les variables et la profondeur de l'analyse épidémiologique. Nous présentons ici deux exemples possibles de ces bases de données.

1. ETUDIANTS AVANT L'OBTENTION DU DIPLOME

L'épidémiologie est une matière de deuxième année des études vétérinaires de Barcelone. L'objectif pour ces étudiants est de se familiariser avec l'Epi-Info et d'être capables de conduire une analyse épidémiologique simple dans laquelle on peut répondre aux questions les plus importantes: pourquoi certaines fermes sont affectées et d'autres non? (transmission de la maladie entre les fermes); pourquoi ne sont-elles pas toutes affectées de la même façon? (facteurs de transmission dans la ferme); comment la maladie affecte-t-elle la production? D'autre part, on peut étudier les systèmes simples d'analyse stratifiée pour le contrôle de la confusion.

Ces travaux pratiques se déroulent sur 8 heures distribuées en quatre sessions de deux heures chacune. Dans la première session, on introduit le logiciel Analysis de l'Epi-Info, et on décrit la maladie et les variables contenues dans l'enquête. La seconde session est consacrée à l'initiation de la démarche épidémiologique: quels sont nos objectifs, comme doit-on aborder la base de données, etc. Dans la deuxième partie de cette session, on commence l'analyse épidémiologique. La troisième session est purement d'analyse épidémiologique. Les étudiants doivent terminer leur travail analytique et déterminer quelles sont les relations entre les variables et comment ces relations peuvent affecter le comportement de la maladie. Avant

de commencer, les étudiants doivent répondre à quelques questions sur la maladie et ils doivent présenter leurs réponses par écrit au professeur avant la session suivante. Dans la quatrième et dernière session, les étudiants doivent présenter leurs résultats et discuter avec leurs camarades et avec leur professeur de leurs hypothèses pour expliquer l'épidémiologie de la maladie.

2. ETUDIANTS AYANT OBTENU LE DIPLOME

Le programme permet un travail plus approfondi dans lequel on peut inclure différents systèmes de contrôle de la confusion épidémiologique, les relations entre les deux bases de données, l'exportation des résultats d'autres logiciels, etc. Ces études sont complétées par des discussions sur les mesures de contrôle appropriées à chacun des cas possibles de transmission entre fermes et à l'intérieur de la ferme.

Quelle que soit la situation, il existe une distribution plus libre du travail, mais les principaux points d'analyse restent les relations de confusion et la manipulation des variables qui devront être recodifiées (par exemple, la valorisation du rôle des coopératives chargées de l'insémination artificielle dans la diffusion de la maladie dans le temps et dans l'espace). A ce niveau on peut aussi travailler avec la seconde base de données, et approfondir l'utilisation de l'Epi-Info (programmes Check, Merge, création de programmes PGM, etc.).

La capacité du programme à produire des bases de données similaires, mais avec des variations qui simulent la variabilité biologique, permet à chaque étudiant, à ce niveau de travail, d'avoir ses propres données. Cela permet d'établir diverses situations qui stimulent la discussion.

IV - CONCLUSION

L'analyse épidémiologique est une partie très importante de l'épidémiologie et il est nécessaire que les étudiants la connaissent. Pourtant, la principale difficulté pratique de son enseignement est de pouvoir disposer de bases de données qui soient utilisables en classe. Le programme

MAMI permet de travailler sur une maladie fictive sans avoir les restrictions dues à l'épidémiologie d'une maladie concrète. De cette façon, l'enseignement des techniques d'analyse peut s'adapter dans chaque cas aux besoins des étudiants.

V - BIBLIOGRAPHIE

CASAL J. MARTIN M., MATEU E. ~ Teaching Veterinary Epidemiology : INFAME, a versatile simulator and data generator of a hypothetical swine disease outbreak. *J. Vet. Med. Educ.*, 1996, **23**, 39-42.



REMERCIEMENTS

A nos étudiants qui ont subi cette expérience, pour leur collaboration et les commentaires qu'ils ont apportés. A Lorena Ruano pour la révision du manuscrit.