

IX^{ème} ISVEE A BRECKENRIDGE (5-12 août 2000)

Résumés de quelques sessions

SEANCES PLENIERES

Barbara Dufour et F. Moutou

Tous les matins l'ensemble des participants ont été réunis pour une session plénière d'environ une heure. Cinq thèmes choisis pour leur intérêt ou leur actualité ont ainsi été présentés.

□ **L'EPIDEMIOLOGIE ET L'ECONOMIE APPORTENT-ELLES UNE CONTRIBUTION SIGNIFICATIVE DANS LE CONTROLE DES MALADIES DES TROUPEAUX ?**
Perry B.

Alors que les pays en développement évoluent plutôt vers une décroissance du pouvoir central et des pouvoirs publics au profit de celui des producteurs, dans les pays développés, la définition des priorités ayant souvent été, au cours des dernières années, influencée par des « groupes de pression efficaces, des émotions viscérales ou des pressions politiques ou médiatiques », une culture de gestion du risque fondée sur la transparence et la compétence est en train d'émerger.

Ceci nécessite des informations claires sur la situation épidémiologique des maladies et sur les effets des différentes stratégies de lutte retenues.

Il est donc nécessaire que les systèmes de surveillance épidémiologique se développent et s'améliorent. Ceci passera probablement par :

- une décroissance des systèmes de surveillance passifs au profit de systèmes actifs,
- un développement des modèles permettant de simuler des résultats de choix d'options,
- le recours plus fréquent à des analyses économiques qui devront mieux prendre en compte les coûts indirects des maladies comme des luttés.

□ **LE COMMERCE INTERNATIONAL, LES MALADIES ANIMALES ET L'EPIDEMIOLOGIE VETERINAIRE.**
Zepeda C.

De tout temps le commerce a favorisé la diffusion des maladies. L'Office international des épizooties a été créé en 1924 pour permettre de mieux connaître la situation mondiale au regard des grandes maladies infectieuses. Depuis les accords du GATT, l'OIE a pris

une place essentielle dans la régulation des échanges d'animaux vivants ou de produits. Cette place est attestée par l'augmentation très importante du nombre de pays adhérents à l'OIE puisqu'en dix ans 41 pays supplémentaire ont adhéré à l'Office, faisant passer de 114 à 155 le nombre de pays membres de l'OIE.

En supplément des règles édictées par le Code zoosanitaire international, l'introduction de l'analyse de risque comme règle pouvant être utilisée pour le commerce a ouvert un champ nouveau pour les épidémiologistes.

La régionalisation est également un déficit important pour les épidémiologistes du monde entier qui se penchent aujourd'hui sur la confrontation des méthodes statistiques et pratiques permettant de garantir qu'une zone est indemne d'une maladie.

Les autres sessions plénières ont abordé des questions plus particulières ou un peu éloignées de nos préoccupations quotidiennes, mais tout à fait intéressantes.

□ **LE ROLE DE L'EPIDEMIOLOGIE DANS LA PREVENTION, LE DIAGNOSTIC ET LE CONTROLE DES MALADIES INFECTIEUSES DES PRODUCTIONS AQUICOLES.** *Hedrick R.*

Le conférencier a commencé par rappeler l'enjeu de l'océan et des eaux continentales dans l'alimentation humaine, ainsi que le triste constat de la « surpêche » généralisée de l'époque contemporaine. Dans les pays occidentaux, la pêche dite sportive est aussi une autre source de revenus non négligeable avec ses productions de poissons associées. Dans l'ouest des Etats-Unis, le chiffre d'affaire de la pêche sportive est supérieur à celui des productions piscicoles pour l'alimentation.

Dans le monde, les quatre principales productions, par ordre d'importance décroissant, sont : les carpes, les mollusques, les saumons et les crevettes. Aux Etats-Unis, le coût des maladies dans les élevages de saumon, de truite et de poisson chat (le « Channel Catfish » des Etats du Sud) représente 10 à 20 p. cent du coût de production. Le rôle de l'épidémiologie et des épidémiologistes dans la connaissance des facteurs

de risque, ou dans l'évaluation des tests diagnostiques appliqués à ces espèces et à leurs maladies pourrait être extrêmement bénéfique.

▣ **ROLE DE L'ÉPIDÉMIOLOGIE VÉTÉRINAIRE DANS L'ÉTUDE DES CHIENS ERRANTS ET DES CHATS HARETS.** *Slater M.*

Ces animaux domestiques retournés vivre libres à proximité ou non des activités humaines posent des problèmes de santé publique et de biodiversité particuliers. En effet, les méthodes d'approche et d'étude sont celles de la faune sauvage. Or, il s'agit d'animaux « domestiques ». La simple définition d'errant ou de haret n'est pas simple, car cet état peut être temporaire ou définitif, régulier ou inhabituel, et il faut, par exemple, combiner restriction de mouvement avec dépendance alimentaire pour espérer aboutir. Les implications de cette démarche se retrouvent dans le domaine du bien-être animal, thème abordé lors du

Symposium précédent, à Paris, mais pas ici. On comprend ce que cela signifie quand, dans une communication de la session « Santé publique et zoonoses », il a été rappelé que le contrôle de la rage canine au Népal, via le contrôle des chiens errants, se faisait par des campagnes d'empoisonnement à la strychnine.

▣ **MÉTHODE POUR DÉTECTER DES AGREGATS DANS LE TEMPS OU DANS L'ESPACE.** *Carpenter T.*

La dernière conférence a abordé un thème relativement spécialisé, celui des « agrégats » de cas, plus précisément, comment détecter les agrégats dans le temps et dans l'espace. L'idée était de lister tous les biais possibles pouvant permettre de trouver plutôt ce que l'on veut chercher que ce qui se passe réellement. Les outils informatiques actuels ne mettent pas les chercheurs à l'abri de ces dérives.

COMMUNICATIONS

PRESENTEES PAR DES SCIENTIFIQUES FRANÇAIS

▣ **SURVEILLANCE DES ALERTES SANITAIRES EN FRANCE.** *Dufour B. et La Vieille S. (AFSSA)*

Les nouvelles missions d'évaluation des risques sanitaires liés à l'aliment confiées à l'Agence de sécurité sanitaire des aliments par la loi du 1^{er} juillet 1998 conduisirent naturellement les dirigeants de cette agence à souhaiter disposer d'une information très rapide sur les alertes alimentaires menaçant la France. A cette fin, une cellule de suivi des alertes fut créée en août 1999. Pour monter cette cellule et la faire vivre, un médecin épidémiologiste a été recruté.

La cellule de suivi des alertes doit permettre d'assurer la surveillance des événements d'ordre sanitaire et nutritionnel susceptibles d'affecter la santé de la population française. Une alerte peut être définie comme « toute information concernant l'ensemble des secteurs de l'alimentation dont l'absence de traitement approprié peut nuire à la santé publique ».

L'objectif de ce nouveau réseau de surveillance est d'effectuer un suivi des alertes afin de mettre en évidence, à partir de statistiques descriptives, des menaces pour la santé ou des dysfonctionnements dans les circuits d'information. Le réseau centralise des alertes qui peuvent provenir de sources multiples : les administrations des ministères de tutelle de l'AFSSA (la Direction générale de l'alimentation, la Direction générale de la santé, la Direction générale de la concurrence, de la consommation et de la répression

des fraudes), des autres agences de sécurité sanitaire (l'Institut de veille sanitaire, l'Agence française de sécurité sanitaire des produits de santé...), des laboratoires de l'AFSSA ou de la Commission européenne (Direction générale XXIV par l'intermédiaire du réseau RAPEX). La cellule d'alerte peut être jointe à tout moment par ses correspondants, par l'intermédiaire d'une boîte aux lettres électronique, d'un téléphone et d'un télécopieur. Toutes les alertes reçues sont immédiatement entrées dans une base de données et une fiche synthétique et standardisée est réalisée. Cette fiche comprend le titre de l'alerte (principaux mots clés correspondant au type de produit et de contaminant en cause), le pays d'origine du produit, le pays européen signalant l'alerte (la circulation des produits étant libre dans l'Union européenne, tout produit contaminé pénétrant sur le territoire de l'Union présente *a priori* un danger pour la France), si des cas humains ont été ou non recensés, un bref résumé de l'alerte ainsi qu'un critère de priorité d'urgence. Cette fiche est immédiatement transmise aux personnes intéressées. Une synthèse mensuelle des résultats est également effectuée et diffusée.

▣ **SYSTÈME D'AIDE À LA DÉCISION POUR L'APPRECIATION DU RISQUE *SALMONELLA* DANS LES LOTS DE POULETS DE CHAIR.** *Rose N., Drouin*

**P., Mariani J.P., Toux J.Y., Rose V., Colin P.
(AFSSA Ploufragan)**

En raison des différents procédés de transformation des produits issus de la filière poulet de chair et des risques de contaminations croisées avec d'autres aliments, les produits alimentaires issus de la filière poulet de chair sont de plus en plus impliqués dans les toxi-infections alimentaires collectives dues à *Salmonella*. Les méthodes d'abattage favorisent la dissémination de *Salmonella* et la contamination des carcasses lorsqu'un lot contaminé est transformé sur la chaîne d'abattage. Afin de réduire le niveau de contamination des carcasses, il est important d'organiser la séquence d'abattage et d'orienter les lots contaminés vers la fin de journée d'abattage.

Un système d'aide à la décision a été construit pour estimer le risque de contamination du lot en fin de bande, sans réaliser de prélèvement bactériologique pour recherche de *Salmonella*. Ce système d'aide à la décision a été développé selon les données recueillies lors d'une enquête préalable [Rose *et al.*, 1999]. L'application a été développée sur Access 97TM (Microsoft WindowsTM). Deux étapes ont été incluses dans le modèle : (1) estimation de la probabilité de contamination du bâtiment avant la mise en place des poussins *via* une évaluation visuelle de la qualité du nettoyage, une évaluation bactériologique (boîtes contacts) de la qualité de la désinfection et des facteurs de risque de persistance de *Salmonella* dans le bâtiment après nettoyage et désinfection ; (2) estimation de la probabilité de contamination du lot en fin de bande (modèle logistique).

La validation du système d'aide à la décision a été réalisée grâce à une nouvelle enquête menée dans 60 élevages de poulets de chair issus de sept intégrateurs situés dans l'Ouest de la France. Les élevages ont été sélectionnés selon une hypothèse préalable sur le statut des élevages de ces intégrateurs au regard de *Salmonella* (résultats de l'enquête précédente) : 28 élevages tirés au sort parmi les exploitations dépendant de trois intégrateurs ayant une prévalence supposée faible, et 32 issus de quatre intégrateurs ayant une prévalence supposée forte. Le risque estimé par le modèle a été comparé au statut de ces élevages vis-à-vis de *Salmonella* (référence) apprécié par des prélèvements réalisés dans les poulaillers en fin de bande et analysés avec les méthodes bactériologiques classiques. Les sensibilité (95,7 p. cent), spécificité (64,3 p. cent), valeur prédictive positive (89,8 p. cent) et valeur prédictive négative (81,8 p. cent) ont été estimées en comparant le résultat des estimations à la référence.

**□ APPLICATION DE L'ANALYSE DES PROCESSUS PONCTUELS BIVARIÉS POUR DÉCRIRE LA DISTRIBUTION SPATIALE DE LA FIEVRE APHTEUSE.
Gerbier G., Chadoeuf J. (AFSSA DERNES)**

La fièvre aphteuse a été analysée dans de nombreux articles, mais peu d'attention a été portée à la dimension spatiale de cette maladie très contagieuse. Cependant, comme la contamination par voie aérienne est souvent suspectée, l'étude de la dimension spatiale est d'un grand intérêt. Dans le cas de cheptels bovins laitiers ou des porcins, la position des animaux peut être assimilée à un point qui correspond à la position de l'exploitation. Les méthodes d'analyse spatiale des processus ponctuels peuvent donc être utilisées. Le nombre moyen de cheptels infectés à une distance donnée d'un cheptel précédemment infecté est décrit en utilisant la fonction K bivariée [Lotwick et Silverman, 1982]. Nous avons ensuite développé une méthode pour décrire la probabilité d'infection d'un cheptel connaissant les positions des cheptels précédemment infectés. Cet outil est basé sur la dérivée de la fonction K. Cet outil a été testé sur les données de l'épizootie de FA de 1967-68 en Grande-Bretagne.

La dynamique spatiale de la FA a évolué pendant cette épizootie. Il a en outre été possible de montrer que l'agrégation spatiale des foyers n'est pas claire tout au long de l'épizootie. Une grande variabilité du nombre de cheptels induits par un cheptel infecté est observée.

**□ MODELISATION DE L'EFFET DE LA TAILLE DES CHEPTELS SUR LA PROBABILITE D'INFECTION: APPLICATION A L'INFECTION PAR VOIE AERIENNE PAR LA VIRUS DE LA FIEVRE APHTEUSE.
Gerbier G., Pouillot R., Durand B., Moutou F. (AFSSA LERPAZ)**

L'effectif d'un cheptel a depuis longtemps été reconnu comme un facteur de risque. Dans de nombreuses occasions la taille du cheptel peut être reliée aux pratiques d'élevages ou à l'introduction d'animaux. En partant de l'étude de la fièvre aphteuse, nous avons développé un modèle basé sur la courbe dose-effet individuelle qui permet de calculer la courbe dose-effet au niveau du cheptel en prenant en compte l'effet de l'effectif. Ce modèle suggère que les gros cheptels sont infectés avec des doses plus faibles. Puisque la dose de virus reçue par voie aérienne dépend de la distance à la source, ceci montre qu'un gros cheptel loin d'une source peut avoir le même risque qu'un cheptel plus petit, mais plus proche. Ceci étend et dans une certaine mesure explique le modèle que Willeberg a présenté sur l'effet de la taille [1994]. Ces résultats peuvent être très utiles pour hiérarchiser les cheptels en fonction de leur risque d'infection pendant une épizootie. Comme les paramètres de la courbe dose-effet individuelle ne sont pas connus, une estimation quantitative du risque n'est pas possible. Par contre, un tri est possible puisque la courbe dose-effet est une fonction croissante. Nous proposons donc d'utiliser la quantité totale de virus reçue par l'ensemble des animaux pour effectuer ce tri.

WILLEBERG, P., GARDNER I.A., MORTENSEN S., MOUSING J. ~ Models of herd size in swine

diseases. *The Kenya veterinarian*, 1994, 18 (2) 189-191

□ **ANALYSE QUALITATIVE DU RISQUE D'INTRODUCTION DE LA FIEVRE APHTEUSE DEPUIS LA TRANSCAUCASIE VERS LA RUSSIE ET L'EUROPE. Moutou F., Dufour B. (AFSSA)**

La recrudescence de la fièvre aphteuse aux frontières sud-est de l'Europe, en partie liée à l'effondrement de l'URSS, a entraîné l'UE, l'OIE et la FAO à analyser le risque que cela pouvait représenter pour les pays européens voisins. La difficulté pour trouver des données quantitatives suffisantes et fiables a conduit à mener une analyse de risque qualitative, afin d'apporter une première réponse. Cette analyse s'appuie sur deux visites en Arménie, Azerbaïdjan et Géorgie, en 1999 et 2000 (4 semaines en tout). La méthodologie suivie est celle de C. Zépeda, justement présent au Symposium et avec qui nous avons pu en discuter. L'appréciation des risques d'introduction, d'exposition, combinée ensuite aux conséquences de la maladie dans une zone proche de la Russie, a permis de tester la méthode en vraie grandeur et d'apprécier ses intérêts comme ses limites.

□ **EVALUATION DE LA SENSIBILITE ET DE LA SPECIFICITE DE TESTS DE DIAGNOSTIC CORRELES EN L'ABSENCE DE TEST DE REFERENCE. Pouillot R., Gerbier R. (AFSSA)**

L'évaluation des valeurs des tests de diagnostic est un élément essentiel pour les actions de santé animale et de santé publique.

Les méthodes d'évaluation de la sensibilité et de la spécificité de tests de diagnostic nécessitent de connaître le statut infectieux (« infecté » ou « non-infecté ») des individus. Classiquement, un test de référence est appliqué en complément des tests à évaluer, le résultat de ce test permettant de définir ce statut. Ceci suppose que le test de référence a pour valeur de sensibilité et de spécificité 1. En pratique, il n'existe que très peu de maladies pour lesquelles un véritable test de référence est disponible. Or, si le test de référence n'a pas une valeur diagnostique parfaite, le statut sanitaire de certains animaux est erroné, ce qui a pour conséquence d'entraîner un biais dans l'estimation des valeurs diagnostiques des tests éprouvés.

De nouvelles méthodes statistiques permettent l'évaluation de tests en l'absence de test de référence (pour une revue dans le domaine vétérinaire, voir Enoe *et al.*, 2000). Cependant, ces nouvelles méthodes utilisent l'hypothèse d'indépendance des résultats des différents tests, conditionnellement au statut infectieux des animaux. Si les résultats sont corrélés, les estimations des valeurs diagnostiques des tests peuvent être biaisés.

Cette présentation propose un modèle de type bayésien, permettant de prendre en compte une éventuelle

corrélation entre les tests. Ce modèle a été appliqué à trois tests de diagnostic de la brucellose, d'après des données obtenues par Saegerman *et al.*, [1999].

Modèle bayésien classique, sans prise en compte de la corrélation (Modèle 1) : Dans ce modèle « classique » une variable latente d'allocation w est attribuée à chaque individu. Cette variable reflète le statut sanitaire de l'animal. Il s'agit d'une variable dite « latente », car elle n'est pas mesurée sur l'individu, mais l'on peut faire des inférences sur cette variable à partir des données.

Modèle bayésien avec prise en compte de la corrélation (Modèle 2) : Dans notre modèle, on considère que la corrélation est liée à la présence de sous-populations parmi les animaux infectés. Par exemple, il peut exister un groupe d'animaux infectés chroniquement, qui réagiront à l'ensemble des tests, et d'autres, infectés depuis peu de temps, ne réagissant qu'aux tests les plus sensibles. La présence de ces sous-populations peut être à l'origine de la corrélation observée.

Dans notre modèle, la variable w pourra prendre les valeurs 0 pour les animaux indemnes, 1, 2, ... jusqu'à k , selon le nombre de sous-groupes envisagés dans le modèle. Il faudra tester le modèle (un sous groupe, deux sous-groupes, ..., k) permettant le meilleur ajustement aux données.

Application : le modèle a été appliqué aux données obtenues par Saegerman *et al.* [1999]. Ces auteurs ont appliqué trois tests de diagnostic de la brucellose à deux populations : une population d'animaux provenant de cheptels infectés (statut individuel inconnu), et une population provenant de cheptels indemnes (animaux indemnes). Les données de cette dernière population permettront de fournir une quantité importante d'information dans notre modèle.

Discussion : Le modèle présenté ici est le premier modèle bayésien décrit permettant la prise en compte d'une éventuelle corrélation entre les résultats des tests diagnostiques, en l'absence de test de référence. Le développement de ce type de méthode dans le domaine vétérinaire semble essentiel, tant les méthodes classiques entraînent des estimations biaisées, très souvent contradictoires dans le domaine de la brucellose en particulier.

□ **EVALUATION DE LA SENSIBILITE ET DE LA SPECIFICITE CHEPTEL DE QUATRE STRATEGIES DE DIAGNOSTIC DE LA BRUCELLOSE BOVINE. Pouillot R., Gerbier G., Garin-Bastuji B. (AFSSA LERPAZ)**

Depuis 1990, un taux anormalement élevé de réactions sérologiques faussement positives en brucellose bovine est observé en Europe. Ces réactions semblent liées à l'infection des animaux par *Yersinia enterocolitica* O:9, une bactérie présentant des épitopes communs

avec *Brucella* sur le lipopolysaccharide (LPS). Comme tous les tests sérologiques de diagnostic de la brucellose sont fondés sur la détection de ce LPS, aucun ne peut être utilisé comme test de confirmation, suite à la découverte d'un résultat positif. En revanche, les tests de détection de la réponse cellulaire, tel que le test à la brucelline, sont fondés sur la détection d'antigènes protéiques, qui ne croisent pas avec *Y. enterocolitica* O:9. Ces tests peuvent être utilisés comme tests de confirmation de l'infection brucellique, suite à la découverte d'un résultat positif dans un cheptel. L'objectif de cette présentation était d'évaluer, à l'échelle du cheptel, la valeur diagnostique de quatre stratégies de diagnostic de la brucellose.

Les quatre stratégies sont :

- un test sérologique est appliqué à tous les animaux du cheptel. Le cheptel est considéré comme infecté si au moins un animal fournit une réponse positive (stratégie 0 de référence) ;
- un test allergique est appliqué à tous les animaux du cheptel. Le cheptel est considéré comme infecté si au moins un animal fournit une réponse positive (stratégie 1) ;
- un test sérologique est appliqué à tous les animaux du cheptel. Si au moins un animal fournit une réponse positive, celui-ci est testé, pour confirmation, à l'aide du test allergique. Le cheptel est considéré comme infecté si au moins un animal fournit une réponse positive au test allergique (stratégie 3) ;
- un test sérologique est appliqué à tous les animaux du cheptel. Si au moins un animal fournit une réponse positive, un certain nombre *n* d'animaux, incluant tous les animaux positifs au test sérologique, sont testés pour confirmation à l'aide du test allergique. Le cheptel est considéré comme infecté si au moins un animal fournit une réponse positive au test allergique (stratégie 4) ;

Il est possible, à l'aide de calculs de probabilité, d'évaluer les valeurs de sensibilité et de spécificité de ces quatre stratégies. On a émis ici l'hypothèse que les résultats aux tests étaient indépendants, conditionnellement au statut sanitaire des animaux.

Pour l'application numérique, les valeurs obtenues dans la présentation précédente ont été utilisées.

Les valeurs de sensibilité sont faibles, comparativement aux valeurs couramment admises en brucellose bovine : ceci est lié aux faibles valeurs de sensibilité individuelle obtenues en utilisant une méthode non biaisée d'évaluation des valeurs diagnostiques des tests.

La spécificité de la stratégie 0 et de la stratégie 1 ne permet pas son utilisation sur le terrain : 25 p. cent environ des cheptels seraient déclarés infectés. Il faut noter que ce chiffre est celui obtenu dans les régions fortement atteintes par le problème des RSFP.

La stratégie 3 permet d'obtenir une spécificité et une sensibilité intéressantes dès lors que plus de trois animaux sont infectés dans le cheptel, ce qui semble fréquemment le cas en brucellose bovine.

□ **RISQUE DE SURVENUE DE MAMMITE CLINIQUE DANS LES TROUPEAUX LAITIERS A FAIBLES TENEURS DU LAIT EN CELLULES SOMATIQUES.** *Beauveau F., Fourichon C., Seegers H. (UMR Ecole Vétérinaire de Nantes / INRA Gestion de la Santé Animale)*

Le but de cette étude a été de quantifier les relations entre la répartition des concentrations en cellules somatiques (CCS) individuelles (mesurées le jour du contrôle laitier) et l'incidence de mammite clinique au cours d'une période suivant ce contrôle laitier. Cette approche longitudinale a été utilisée sur des observations réalisées dans 121 troupeaux des Pays de la Loire (1995-1997). A chaque contrôle laitier, les proportions de vaches à CCS faibles (< 50 000 cellules/ml) et à CCS élevées (> 250 000 cellules/ml) ont été calculées. Les observations ont été classées en 4 catégories définies à partir de ces proportions. L'incidence des mammites cliniques au cours de l'intervalle entre le contrôle et le contrôle suivant a été calculée, en nombre de cas par jour d'exposition au risque. La relation entre le niveau de CCS dans le troupeau et l'incidence des cas cliniques a été étudiée par régression de Poisson, en ajustant sur le troupeau (effet aléatoire), le mois calendaire, l'année, la proportion de primipares, le niveau moyen de production laitière, la proportion de vaches au premier contrôle, le nombre de vêlages dans l'intervalle et l'incidence des mammites cliniques dans la période précédente. Dans les cas où très peu de vaches avaient des CCS élevées (> 250 000 cellules/ml), l'incidence des mammites cliniques était significativement plus élevée quand la proportion de vaches à faible CCS (< 50 000 cellules/ml) dépassait 50 p. cent que quand la plupart des vaches avaient des CCS modérées (50 000 à 250 000 cellules/ml). Les situations où une forte proportion de vaches traitées ont de faibles CCS sont donc apparues associées à un risque accru de survenue ultérieure de mammite clinique.

□ **EFFETS DES TROUBLES DE SANTE SUR LA CONSOMMATION ALIMENTAIRE ET LA PRODUCTION DES VACHES LAITIÈRES.** *Bareille N.^a, Faverdin P.^b, Beauveau F.^a (a)UMR Ecole Vétérinaire de Nantes/INRA Gestion de la Santé Animale ; (b)UMR Production du Lait INRA/ENSA de Rennes)*

L'objectif de cette étude a été de quantifier les effets conjoints des troubles de santé sur la production laitière et la consommation alimentaire des vaches. Les données utilisées étaient les relevés des troubles de santé et les performances journalières relevées sur 1 052 lactations concernant 551 vaches du domaine

INRA de Méjusseau de 1988 à 1998. La production laitière et la consommation alimentaire ont été analysées par modèle linéaire mixte, avec pour variables explicatives la vache, le rang et le stade de lactation, l'index lait et le niveau de production. Pour chaque trouble de santé, les pertes de production et les baisses de consommation ont été estimées en comparaison aux vaches non atteintes de ce trouble, de cinq jours avant le diagnostic jusqu'au maximum 140 jours de lactation. A court terme, les troubles digestifs diarrhéiques ou non, les acétonémies, les fièvres de lait et les mammites avec fièvre diminuaient fortement l'ingestion et la production. Evaluées sur la première moitié de la lactation, des pertes de production élevées et durables étaient consécutives aux mammites avec fièvre (-189 kg en 140 j), aux diarrhées (-138 kg en 140 j) et aux affections des jarrets (-109 kg en 126 j). Les baisses de consommation élevées et durables étaient liées aux troubles digestifs diarrhéiques (-93 kg en 140 j) ou non (-33 kg en 99 j), aux acétonémies (-59 kg en 140 j) et, de façon plus inattendue, aux vêlages très difficiles (-63 kg en 140 j). Les mammites n'engendraient pas de modification des quantités ingérées. Les baisses de consommation alimentaire étaient en moyenne (pondérée de la fréquence des troubles) de 0,5 kg de MS par kg de perte de production, avec cependant de fortes variations entre troubles de santé.

□ **ESTIMATION DES PERTES DE PRODUCTION LAITIÈRES ASSOCIÉES À LA TENEUR DU LAIT DE TANK EN CELLULES SOMATIQUES. Seegers H., Beaudeau F., Bareille N., Fourichon C. (UMR Ecole Vétérinaire de Nantes/INRA Gestion de la Santé Animale)**

L'objectif était d'évaluer les pertes de production associées aux infections subcliniques à partir de la concentration en cellules somatiques du lait de tank (CCSLT). Les résultats de contrôle laitier et les enregistrements de mammites cliniques effectués dans 177 troupeaux des Pays de la Loire pendant deux ans (1995/1997) ont été pris en compte. Les résultats individuels des contrôles précédés par un cas de mammite clinique de moins de 30 jours ont été exclus pour éviter d'intégrer ces phases pendant lesquelles le lait est en bonne partie non mis au tank. La CCSLT a été recalculée, à chaque contrôle laitier, à partir des résultats des animaux non exclus. Les pertes au niveau du troupeau ont été exprimées en cumulant les pertes au niveau de chaque vache ; ces pertes ayant été auparavant évaluées à partir des CCS individuelles, selon les relations établies par Hortet *et al.*, 1999. La prédiction de la perte pour le troupeau par la CCSLT a ensuite été recherchée par un modèle de régression

incluant la proportion de primipares et le stade moyen de lactation comme termes d'ajustement. En tendance générale, pour une proportion de primipares et un stade de lactation moyens (33,2 p. cent et 177 jours, respectivement), la perte était accrue d'un facteur 1,4 quand la CCSLT augmentait d'un facteur 2. Ceci correspondait à une perte estimée de 1,9 p. cent [intervalle de confiance 90 p. cent : 2,6 p. cent [1,5-4,4], 3,6 p. cent [2,1-6,2], 4,4 p. cent [2,6-7,5], 5,1 p. cent [3,0-8,6] et 5,6 p. cent [3,3-9,6] pour des valeurs de CCSLT(x1000 cellules/ml) de 100, 200, 300, 400 et 500, respectivement. Les relations observées sont proches de celles rapportées par DeGraves et Fetrow (1993) pour le troupeau. Il est donc proposé, pour estimer les pertes dues aux infections subcliniques, de retenir les valeurs proposées. En situation concrète, il faut y ajouter les pertes dues aux phases cliniques.

□ **FREQUENCES DES TROUBLES DE SANTE DANS DIFFERENTS SYSTEMES DE PRODUCTION BOVINS LAITIERS DES PAYS DE LA LOIRE. Fourichon C., Beaudeau F., Bareille N., Seegers H. (UMR Ecole Vétérinaire de Nantes / INRA Gestion de la Santé Animale)**

Les situations sanitaires ont été décrites dans 256 exploitations des Pays de la Loire. Les systèmes de production ont été classés selon la taille de l'atelier laitier, la spécialisation laitière de l'exploitation et l'intensification de la production laitière.

Les troubles de santé cliniques des vaches par ordre de fréquence décroissante (cas pour 100 ± écart-type) étaient : mammite 44,1 (± 25,3), boiterie 10,9 (± 11,3), rétention placentaire 8,8 (± 5,8), fièvre vitulaire 7,1 (± 6,0), vêlage difficile 6,6 (± 5,3), troubles digestifs 5,1 (± 8,6), métrite chronique 5,1 (± 7,5), troubles respiratoires 2,6 (± 10,7), avortement tardif 2,2 (± 1,8), cétose 2,1 (± 3,4), métrite aiguë 1,9 (± 2,7), déplacement de caillette 0,9 (± 1,5), avortement précoce 0,9 (± 1,4), acidose 0,6 (± 3,6). Les situations sanitaires ont été regroupées en 6 types : fréquences élevées pour la plupart des troubles (20 élevages), plusieurs troubles du péripartum fréquents (46), rétention placentaire et boiterie (29), fièvre vitulaire et peu d'autres troubles (30), mammite et peu d'autres troubles (22), et faibles fréquences pour tous les troubles (58).

Dans chaque système de production, une forte variabilité des fréquences est rencontrée. Les différentes situations sanitaires identifiées sont représentées dans tous les systèmes de production. Des marges de progrès existent pour une partie importante des exploitations dans tous les systèmes de production.

RESUME DE COMMUNICATIONS INTERESSANTES SUIVIES PAR DIFFERENTS SCIENTIFIQUES FRANÇAIS

I - SYNTHÈSE DE COMMUNICATIONS :

EPIDEMIOLOGIE DE *SALMONELLA* DANS LA FILIÈRE PORCINE

N. Rose

La session regroupant les communications sur l'épidémiologie de *Salmonella* en élevage et des conséquences en santé publique (« pre-harvest food safety : *Salmonella* ») s'est déroulée sur une journée et demie avec 18 communications. Les présentations ont traité majoritairement de l'épidémiologie de *Salmonella* dans la filière porcine, avec une large contribution des Danois.

1.1. METHODOLOGIE

Des éléments méthodologiques intéressants ont été apportés quant à la nécessité de disposer d'études descriptives prospectives préalablement à la mise en place d'enquêtes analytiques.

□ TEMPORAL PATTERNS OF *SALMONELLA ENTERICA* PREVALENCE AND SEROTYPES IN BREEDING AND GROWING SWINE POPULATIONS. *Davies et al.*, (10 août, 9.30-9.42, Peak 5)

Cette étude longitudinale a permis de déterminer la prévalence intra-troupeau et la distribution des sérotypes rencontrés, de façon dynamique dans le temps, au travers de l'étude de deux grands systèmes de production multi-sites (1500 et 3500 truies), aux Etats-Unis (Caroline du Nord). Elle se justifie d'autant plus que de nombreuses études transversales sont réalisées (études analytiques destinées à mettre en évidence des facteurs de risque) et pour lesquelles la variable à expliquer (présence de *Salmonella* dans l'élevage à l'instant *t* ou séropositivité d'un groupe d'animaux d'âge donné) est directement influencée par le protocole de prélèvements (catégorie d'animaux, période de prélèvement). Ces auteurs ont donc suivi ces deux systèmes de production et ont réalisé des prélèvements sériés sur cochettes, truies, charcutiers, depuis le sevrage jusqu'à la fin de la période d'engraissement. Leurs observations ont permis de montrer que le protocole de prélèvement (temps, lieux, catégorie d'animaux) influe directement sur le résultat des recherches et que le manque de sensibilité de la coproculture, souvent mis en avant dans les études transversales, est essentiellement dû à la dynamique de l'infection à *Salmonella* dans les élevages de porcs : variabilité de la prévalence d'excrétion dans le temps chez les animaux en croissance (prévalence la plus

élevée en fin d'engraissement), et variabilité en terme de distribution des sérotypes dans le temps.

□ EFFECT OF ANTIMICROBIAL USE PRIOR TO SAMPLE COLLECTION ON THE ISOLATION OF *SALMONELLA* IN FECAL SAMPLES FROM DAIRY CATTLE. *Kanistanon et al.*, (7 août, 17.25-17.37, Peak 5)

La recherche de *Salmonella* par coproculture peut aussi être influencée par l'éventuelle utilisation d'agents antimicrobiens chez les animaux objets du prélèvement. Cet aspect a été développé au cours d'une étude réalisée sur des vaches laitières.

Cette étude réalisée aux Etats-Unis (New-York) sur des vaches laitières a apporté des éléments méthodologiques intéressants quant à la réalisation d'études analytiques basées sur la coproculture. Les auteurs ont sélectionné des troupeaux ayant un historique de salmonellose clinique confirmée et ont effectué 15 prélèvements lors de chacune des trois visites mensuelles sur différentes catégories d'animaux (veaux avant sevrage, vaches malades, vaches en bonne santé deux semaines après vêlage, autres vaches en bonne santé). Un historique des traitements réalisés a été effectué pour chaque catégorie et un modèle logistique a permis de mettre en relation le traitement avec la présence de *Salmonella* dans l'échantillon. L'effet troupeau a été géré dans le modèle en incluant cette variable en tant qu'effet aléatoire. Les résultats ont montré un lien significatif, et parfois important, entre l'occurrence d'un traitement précédent et l'isolement de salmonelles (OR > 1). Les traitements antibiotiques ne semblent pas limiter la probabilité d'isolement de *Salmonella*, mais selon cette étude, en favoriser l'excrétion (résistance, modification de la flore favorisant l'excrétion ?).

1.2. EPIDEMIOLOGIE ANALYTIQUE DE *SALMONELLA* EN PRODUCTION PORCINE

□ HERD-LEVEL RISK FACTORS FOR SUB-CLINICAL *SALMONELLA*-INFECTION IN EUROPEAN SLAUGHTER PIG HERDS. *Lo Fo Wong et al.*, (7 août, 14.04-14.16, Peak 5)

Les Danois ont rapporté d'importants travaux sur les facteurs de risque de l'infection des porcs charcutiers (évaluation du statut par sérologie) et sur le rôle des

reproducteurs dans l'épidémiologie de *Salmonella* dans les élevages de porcs.

Cette étude se justifie par le risque représenté par les animaux porteurs de salmonelles à l'abattoir pouvant conduire à une contamination des produits. L'objectif a été de rechercher les conditions qui président à l'augmentation du risque d'introduction, puis de dissémination de *Salmonella* dans les élevages de porcs. Cinq pays européens ont contribué à ce travail : Allemagne, Danemark, Grèce, Pays-Bas, Suède. Le statut des élevages a été apprécié par le pourcentage de porcs dans le troupeau ayant des anticorps anti-*Salmonella* (antigènes O), selon la technique ELISA danoise, et hollandaise pour les Pays-Bas (les deux techniques ont été calibrées pour rendre leurs résultats comparables). Dans chaque pays 60 troupeaux ont été sélectionnés et 50 prises de sang en fin d'engraissement ont été réalisées dans chaque élevage. Les résultats ont été exprimés en p. cent DO d'un contrôle positif et un échantillon a été déclaré positif au delà de 40 p. cent de la DO du témoin positif. La variable à expliquer a été définie comme le pourcentage d'échantillons positifs par élevage et a été modélisée par la procédure GENMOD de SAS en corrigeant la sur-dispersion avec l'option P-Scale (effet troupeau). Les variables potentiellement explicatives ont été sélectionnées en forçant les variables PAYS, ALIMENTATION dans le modèle. Au total, les données de 358 élevages ont été obtenues. Les résultats ont montré le rôle du type d'aliment (granulé, sec) en tant que facteur de risque par rapport à un aliment non granulé (sec ou humide). Les auteurs précisent que le traitement thermique subi par les aliments granulés ne réduirait pas (ou peu) le niveau de contamination de ces aliments et que la présentation « granulé sec » favoriserait la multiplication de *Salmonella* dans le tube digestif des porcs par modification de la flore. L'adjonction de lactosérum dans l'alimentation s'est révélée être un facteur protecteur. Le manque d'hygiène influence la proportion d'animaux séropositifs (absence de lavage des mains de l'éleveur, mélanges de lots associés à l'absence de sas sanitaire). Les origines multiples (> trois élevages fournissant les animaux à engraisser) et les contacts entre animaux (contacts entre cases) augmentent aussi le risque. Cette étude est intéressante pour le facteur alimentaire et modifie l'opposition classique (sec/humide) pour un effet de la présentation de l'aliment (granulé sec/non granulé sec ou humide). L'acidification de l'aliment est mise en évidence ici mais, *via* l'adjonction spécifique de lactosérum (les autres acidifications de l'eau ou de l'aliment n'ont pas d'effet significatif). Des réserves peuvent être émises quant à la possibilité d'évaluer avec précision certains facteurs comme le lavage des mains de l'éleveur, les contacts entre animaux ou encore les origines des porcs dans le cadre de cette étude réalisée dans cinq pays aux systèmes de production très différents. Des simplifications et des regroupements de variable ont été visiblement nécessaires et c'est assez regrettable pour la précision obtenue concernant certains facteurs de risque

(association conduite en bande et présence d'un sas sanitaire, mélange au sein de la même variable du nombre d'origines et du type de système d'élevage : naisseur-engraisseur ou engraisseur strict).

□ **THE INFLUENCE OF ANALYSIS ON THE OUTCOME OF A RISK FACTOR STUDY. Lo Fo Wong et al., (9 août, 11.12-11.24, Peak 5).**

Les mêmes auteurs ont présenté une seconde communication d'intérêt méthodologique où ils comparent différents types de modélisation pour estimer les facteurs de risque sur ces mêmes données.

Deux méthodes ont été comparées : modélisation de la proportion d'échantillons séropositifs par troupeau (retenue dans la présentation précédente) et modélisation à l'échelle du troupeau avec comme variable à expliquer : élevage positif/négatif, définie en fonction de plusieurs seuils (au moins un prélèvement positif, au moins deux, etc.). Des facteurs de risque sont retrouvés avec l'une ou l'autre des deux méthodes : facteurs alimentaires, nombre d'élevages fournisseurs, utilisation de lactosérum, conduite en bande. Les auteurs soulignent que le fait de les retrouver systématiquement, quelle que soit la méthode d'analyse, plaide en faveur de leur authenticité. D'autres facteurs ont été trouvés seulement avec un modèle particulier (contacts entre animaux de cases adjacentes, paille utilisée en tant que litière, lavage des mains, acidification de l'eau ou de l'aliment). Les auteurs semblent choisir le modèle sur les proportions d'échantillons positifs parce que statistiquement plus puissant. Cependant, cette plus grande puissance statistique n'est-elle pas la conséquence que l'analyse est réalisée au niveau du prélèvement individuel et non de l'élevage (avec prise en compte de l'effet élevage par maîtrise de la sur-dispersion), alors qu'aucune variable n'est mesurée à l'échelon de l'individu et qu'il s'agit au final d'une interprétation en terme de facteurs de risque d'élevages.

□ **SOW AND FINISHER-LEVEL RISK FACTORS FOR SALMONELLA-SEROPOSITIVITY IN FINISHING PIGS. Dahl et al., (10 août, 10.04-10.16, Peak 5)**

Une autre étude Danoise s'est intéressée au rôle possible des truies et des porcelets dans le jeune âge vis-à-vis de la séropositivité des charcutiers en fin d'engraissement.

L'intérêt de cette étude repose sur les résultats précédents, à savoir que l'alimentation des charcutiers influe sur leur statut en fin d'engraissement. Cependant, aucune étude n'a montré l'importance du statut des porcelets après sevrage et n'a essayé d'identifier des facteurs de risque pour les truies en raison d'une forte collinéarité dans les élevages naisseurs-engraisseurs entre l'alimentation des truies et l'alimentation des produits. L'idée a ici été de constituer l'échantillon en séparant les troupeaux de

naisseurs spécialisés des engraisseurs. 69 élevages naisseurs approvisionnant 119 engraisseurs ont été tirés au sort. La variable à expliquer est le statut sérologique du porc à l'engrais (unité d'analyse individuelle) et l'interprétation des facteurs de risque se fait au plan de l'élevage en corrigeant la sur-dispersion avec la méthode de Williams (régression logistique). En raison d'une collinéarité forte entre les facteurs alimentaires de la mère et le statut bactériologique vis-à-vis de *Salmonella* des porcelets en post-sevrage (coproculture), deux modèles différents ont été construits avec l'une ou l'autre des variables. Un troisième modèle a été construit en utilisant la fonctionnalité MIWin et en construisant un modèle à effet aléatoire multi-niveaux (prise en compte de l'effet troupeau, date de prélèvement, effet individuel, effet troupeau de truies et des interactions entre le troupeau de truies et le type d'alimentation des truies ou des charcutiers). Les résultats de ces trois modèles concordent globalement et permettent de mettre en évidence en tant que facteur de risque le statut des porcelets en post-sevrage (excréteurs) et le type d'alimentation des truies qui est un facteur de risque aussi important (calcul d'un ratio étiologique) que le type d'alimentation des charcutiers. Ces résultats très intéressants mettent en avant la nécessité d'agir au plan du troupeau de reproducteurs pour limiter le risque *Salmonella* dans la filière porcine.

1.3. CONSEQUENCES ET GESTION DU RISQUE *SALMONELLA*

□ PRODUCTION RESULTS IN RELATION TO *SALMONELLA* ADVISORY VISIT OF SLAUGHTER PIGS IN DENMARK : Jensen et al., (7 août, 14.38-14.50, Peak 5)

Trois critères ont été mesurés au cours de cette étude : indice de conversion alimentaire moyen, GMQ moyen et p. cent de pertes (mortalité + saisies). Une enquête cas/témoin a été mise en place où 22 cas (niveau 2 et 3) ont été comparés à 26 témoins (niveau 1). Les indices de production ont été comparés dans ces élevages du 1er janvier 96 au 30 septembre 1998. Les interventions proposées (élevages de niveau 2 et 3) ont été enregistrées au cours de ces visites. Pour l'indice de conversion alimentaire et le GMQ, ces deux variables à expliquer étant quantitatives, des modèles de régression linéaire multiples avec mesures répétées (temps) et corrélation identique entre les observations d'une même strate, ont été construits (procédure MIXED). Pour les pertes, une proportion a été construite (p. cent de pertes par rapport au nombre de porcs de l'élevage) et elle a été modélisée (régression logistique) selon la procédure GENMOD avec gestion des mesures répétées de la même manière que précédemment. La principale mesure d'intervention appliquée est l'acidification de l'eau et de l'aliment. Cependant, seuls 50 p. cent des élevages de niveau 2 et 3 ont appliqué les mesures préconisées. Parmi ceux les ayant appliquées, 77 p. cent sont passés du niveau 2 ou 3 au

niveau 1 (baisse de la prévalence intra-troupeau), mais 23 p. cent restent très positifs malgré les mesures d'intervention. Les différents modèles ont montré une réduction significative de l'indice de conversion alimentaire après la visite (revient au niveau des témoins), ainsi qu'une augmentation du GMQ. Cependant, aucun effet sur les taux de pertes n'a été montré. Ces mesures semblent bénéfiques (réduction de la séroprévalence *Salmonella* et amélioration des performances), mais l'effet aurait peut-être été plus prononcé si seuls des élevages ayant effectivement appliqué les mesures avaient été inclus dans l'enquête.

□ *SALMONELLA* CONTROL IN THE PORK SUPPLY CHAIN. Van der Gaag et al., (7 août, 14.55-15.07, Peak 5).

La mise en place de mesures de contrôle et stratégies de prévention peut être modélisée et l'effet sur la prévalence d'infection à *Salmonella* ainsi que le coût des mesures mises en place peut être évalué.

L'objet de cette présentation est l'utilisation de la modélisation en tant qu'outil permettant d'évaluer l'effet et le coût de mesures mises en place afin de réduire la prévalence d'infection à *Salmonella*. Le modèle est développé pour *Salmonella* Typhimurium, il inclue les étapes de naissance, transport des porcelets, engraissement, transport des charcutiers et abattage ainsi que les facteurs de risque importants pour l'introduction et la diffusion intra-troupeau de *Salmonella*. Il s'agit d'un modèle stochastique de type chaîne de Markov combinée avec une simulation Monte Carlo. La durée du pas de temps est d'une semaine pour toutes les étapes de production et d'une heure pour l'abattage. L'unité de base du troupeau simulé est de 100 porcs et ils peuvent être classés en tant que susceptibles, infectés et excréteurs, porteurs non excréteurs, post-infectieux et immunisés ou morts. Ce modèle, en cours de constitution, permet d'évaluer dans le temps l'effet de stratégies de contrôle sur l'infection d'un groupe d'animaux ainsi que la distribution du pourcentage d'animaux infectés. Au cours d'une prochaine étape, une validation du modèle sera entreprise et les conséquences économiques seront ajoutées.

1.4. CONCLUSION

Ce congrès a ainsi été l'objet de présentations très intéressantes concernant l'épidémiologie de *Salmonella* dans la filière porcine. Ces communications ont apporté des éléments épidémiologiques nouveaux ainsi que des avancées méthodologiques, tant dans la conception des protocoles que dans les méthodes d'analyse permettant de prendre en compte la spécificité des enquêtes réalisées dans les élevages porcins où doivent être gérés des effets troupeau ou bande avec souvent obtention de données individuelles.

II - LA PESTE PORCINE CLASSIQUE

Véronique Chevalier

La peste porcine classique ne cesse d'être une maladie d'actualité malgré les importants moyens de lutte mis en place, notamment par la Communauté européenne. Les dernières épizooties ont été meurtrières – 10 millions de porcs abattus aux Pays-Bas en 1997-1998- et catastrophiques d'un point de vue économique : 10,7 et 21,4 millions d'Euros ont été respectivement dépensés pour éliminer les foyers apparus en Belgique (1993) et en Allemagne (1994) ; plus d'un milliard d'Euros ont été dépensés aux Pays-Bas.... Beaucoup plus récemment, et pour nous rappeler que la plus grande vigilance est de rigueur, un foyer, le premier en 14 ans, s'est déclaré en Grande-Bretagne, le 8 Août 2000. Au 31 Août, selon le dernier rapport du MAFF (Ministry of Agriculture, Fisheries and Food), 11 000 porcs ont déjà été abattus ; cinq élevages ont été officiellement déclarés infectés et 23 élevages sont encore sous surveillance.

Dix sept communications relatives à la PPC ont été présentées. Plusieurs axes de recherche ont été abordés :

- introduction du virus,
- dissémination intra et inter troupeaux,
- mesures de lutte,
- présence de la PPC en Allemagne.

2.1. INTRODUCTION DANS L'ELEVAGE

□ **FACTORS ASSOCIATED WITH INTRODUCTION OF CLASSICAL SWINE FEVER VIRUS (CSFV) IN PIGS HERDS IN THE CENTRAL AREA OF THE 1997-1998 EPIDEMIC IN THE NETHERLANDS. *Elbers A. R. W., Stegeman J. A. et De Jong M. C. M. (Mercredi 9 août, peak 4)***

La contamination de voisinage se définit comme la transmission du virus de la PPC par un élevage source à un élevage cible situé dans un rayon d'un km de l'élevage source, sans qu'aucune voie de contamination précise n'ait pu être identifiée.

Il est scientifiquement admis que près de 50 p. cent des nouveaux foyers de PPC lors d'une épizootie restent d'origine inconnue, ou ne sont que partiellement expliqués par cette notion de contamination de voisinage.

Le but de cette communication était d'avancer de nouvelles hypothèses quant aux facteurs de risque associés à l'introduction du virus de la PPC dans une exploitation.

Dans leur étude cas/témoins réalisée sur 98 élevages à la suite de l'épizootie de 1997-1998 aux Pays-Bas, les auteurs ont montré que :

- La présence de certains facteurs est associée à l'augmentation du risque d'introduction de la PPC dans un élevage. Ces facteurs sont :
 - présence d'autres espèces dans l'élevage,
 - accès des visiteurs aux porcs sans qu'ils aient à porter de surbottes ni de vêtement protecteur,
 - utilisation par le chauffeur du camion transportant les porcs à l'abattoir, de ses propres bottes au lieu de celles de l'élevage,
 - taille des élevages : moyens (500-1000 porcs) et gros (>1000) sont plus à risque que les petits (<500).
 - après abattage, nettoyage en haute-pression des locaux d'un foyer situé à moins de 250m.
- La présence de certains facteurs était associée à la diminution du risque d'introduction de la PPC dans un élevage. Ces facteurs sont :
 - plus de 30 ans d'expérience dans l'élevage de porcs,
 - mesures additionnelles de nettoyage des camions de transport des porcs avant leur entrée dans l'exploitation.
- Aucune association n'a été trouvée entre la présence -ou la présence accentuée- dans un élevage, d'oiseaux, de chats ou de rats, et l'augmentation du risque d'introduction de la PPC dans cet élevage.

Cependant, et comme le précisent les auteurs, ces résultats sont à interpréter avec précaution. En effet, plusieurs biais sont à prendre en considération :

- cette étude a été réalisée sur la base de questionnaires traitant des mesures d'hygiène et de conduite d'élevage : les réponses ont pu être influencées par le « socialement acceptable » ;
- les cas étaient des élevages ayant été infectés, et il est évident que les réponses de ceux-ci ont été également influencées, dans un sens ou dans un autre : culpabilité ou volonté de faire avancer les choses...

2.2. INTRODUCTION DANS UNE ZONE

□ **AN APPROACH FOR QUANTITATIVE RISK ANALYSIS OF CONTAGIOUS ANIMAL DISEASE INTRODUCTION INTO DENSELY POPULATED LIVESTOCK AREAS OF THE EUROPEAN UNION. *De Vos C. J. et Saatkamp H. W. (Vendredi 11 août, Coppertop)***

Les zones à forte densité animale se sont largement développées au cours des 10 dernières années.

Cependant, de récentes épizooties de PPC dans ces zones ont montré leur vulnérabilité face à des maladies hautement contagieuses telles que la PPC ou la fièvre aphteuse.

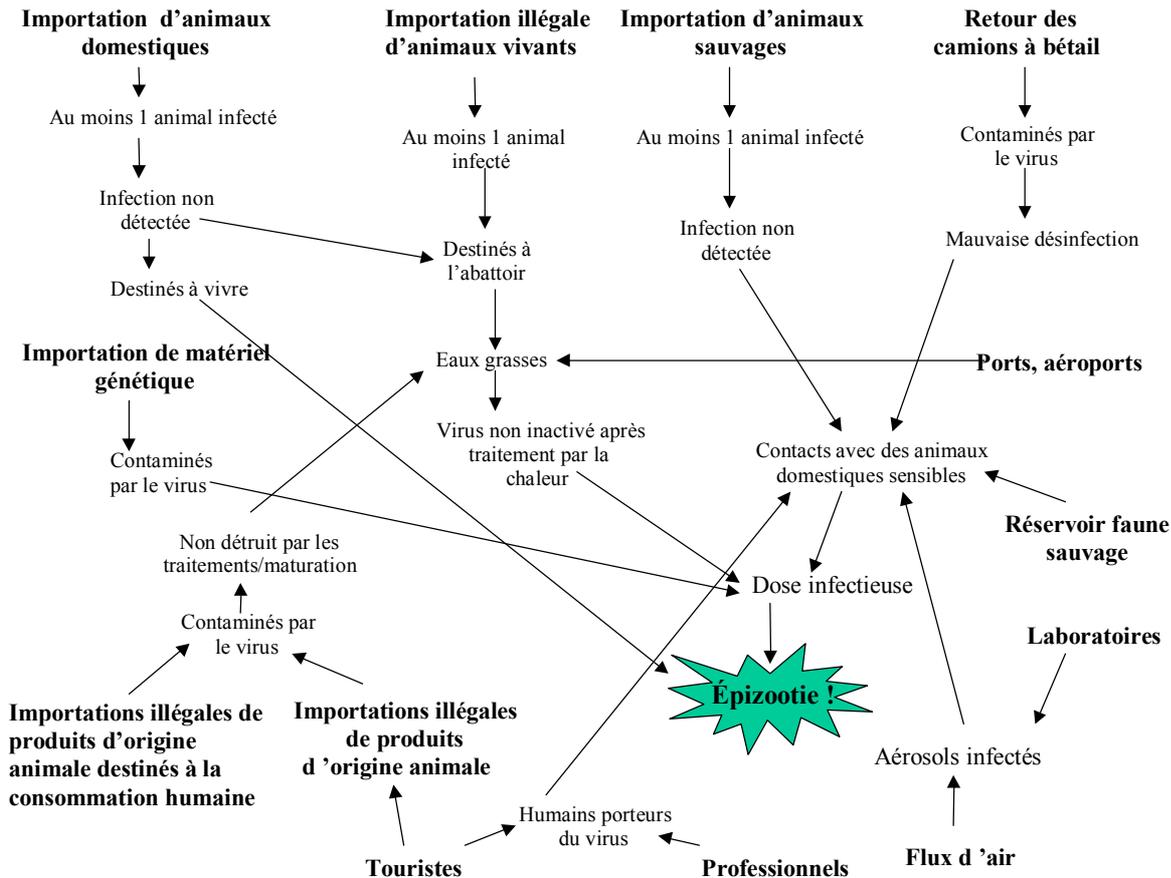
Le réseau des différentes voies d'introduction des virus PPC ou FA dans une zone donnée a été mis au point (figure 1). A chaque événement est attribuée une probabilité de survenue. L'événement de départ (en

gras) ne constitue un risque que s'il provient d'une zone infectée.

Ce réseau est utilisé pour quantifier la contribution de chaque voie au risque d'introduction des virus dans la zone. Un modèle est en cours de développement pour effectuer ces calculs. Il sera ensuite utilisé pour évaluer l'efficacité des mesures visant à réduire le risque d'introduction de ces virus dans une zone donnée.

FIGURE 1

Réseau des différentes voies d'introduction des virus PPC et FA dans une zone donnée



2.3. DISSEMINATION

□ **AIRBORNE TRANSMISSION OF CLASSICAL SWINE FEVER VIRUS IS POSSIBLE UNDER EXPERIMENTAL CONDITIONS.** Dewulf J., Laevens H., Koenen F., Mintiens K. et De Kruif A. (Mercredi 9 août, peak 4)

La transmission inter-troupeaux de la PPC par voie aérienne est suspectée dans la mesure où près de 50 p. cent des nouvelles infections lors de l'épizootie néerlandaise de 1997-1998 restent d'origine inconnue ; de plus, il a été montré que le risque d'infection d'un élevage cible par un élevage source est négativement corrélé à la distance entre ces deux élevages [Koenen et al, 1996 ; Staubach et al., 1997].

En infectant expérimentalement des porcs dans des compartiments plus ou moins éloignés les uns des autres, les auteurs ont montré que la transmission de la PPC par voie aérienne est possible lorsque les animaux se trouvent dans un même compartiment, mais que cette possibilité diminue très rapidement s'ils se trouvent dans deux compartiments contigus, et devient réellement minime lorsque ces deux compartiments ne sont pas contigus.

A l'opposé de la fièvre aphteuse, la transmission aérienne inter-troupeaux de la PPC semble alors peu probable. Cependant, dans une zone de forte densité peuplée d'animaux sensibles, même une voie de transmission d'importance mineure peut avoir des conséquences majeures.

Références

KOENEN F. *et al.* ~ Epidemiological characteristics of an outbreak of classical swine fever in a area of high pig density. *Vet. Rec.*, 1996, **139**, 367-371.

STAUBACH C. *et al.* ~ Risk analysis and local spread mechanisms of classical swine fever. In the proceedings of the 8th ISVEE. Paris, 1997, 06.12.1-06.12.3.

❑ ESTIMATION OF THE LIKEHOOD FOR NEIGHBOURHOOD INFECTIONS DURING CLASSICAL SWINE FEVER EPIDEMIC BASED ON A SPATIAL RISK ASSESSMENT OF REAL OUTBREAK DATA. *Mintiens K., Laevens H., Deluyker H., Dewulf J., Koenen F., et De Kruif A. (Mercredi 9 août, peak 4)*

Il a été montré, suite à l'épizootie Hollandaise de PPC, que l'abattage préventif - abattage des élevages se trouvant à moins d'un kilomètre d'un élevage infecté - reste le moyen le plus efficace pour lutter contre la PPC en zone de forte densité. Néanmoins, l'abattage de milliers de porcs, finalement non infectés pour la plupart, coûte très cher et fait l'objet de nombreuses critiques. Evaluer la probabilité d'infection d'un élevage par un élevage voisin permettrait de réduire le nombre de troupeaux abattus « à tort » et ainsi de réduire les coûts de lutte contre la PPC.

Les auteurs ont utilisé pour cela les données fournies par l'épizootie Belge de 1994. Les données climatiques des zones concernées ont été fournies par l'Institut météorologique royal belge. Enfin, quatre paramètres spatiaux ont été calculés pour estimer la distribution spatiale des troupeaux d'une zone donnée d'un km de rayon.

En appliquant deux méthodes d'analyse statistique (régression logistique et modèle mixte non linéaire), les auteurs ont identifié les facteurs de risque associés à la transmission du virus par le voisinage.

Sont positivement corrélées au risque d'infection de voisinage :

- la densité d'élevage,
- la taille des élevages.

Par contre, en accord avec de précédentes études [Koenen *et al.*, 1996 ; Staubach *et al.*, 1997], la distance inter-élevages est négativement corrélée à ce risque.

Enfin, le fait qu'un élevage se trouve « sous le vent », augmente significativement la probabilité d'introduction du virus dans cet élevage. Ce dernier résultat corroborerait l'hypothèse d'une possibilité de transmission aérienne de la PPC d'un élevage à un autre.

Références

KOENEN F. *et al.* ~ Epidemiological characteristics of an outbreak of classical swine fever in an area of high pig density. *Vet. Rec.*, 1996, **139**, 367-371.

STAUBACH C. *et al.* ~ Risk analysis and local spread mechanisms of classical swine fever. In the proceedings of the 8th ISVEE. Paris, 1997, 06.12.1-06.12.3.

❑ RATE OF INTER-HERD TRANSMISSION OF CLASSICAL SWINE FEVER VIRUS BY DIFFERENT TYPES OF CONTACT. *Stegeman J. A., Elbers A. R. W., et De Jong M. C. M. (Jeudi 10 août, peak 6-8)*

A partir des données provenant de l'épizootie hollandaise, les auteurs ont quantifié le taux de transmission du virus pour différents types de contacts susceptibles de transmettre l'infection d'un élevage à un autre.

La probabilité de transmission pour un contact donné est ensuite : $1 - e^{-\lambda}$ où λ est le taux de transmission d'un élevage à un autre pour ce contact.

En combinant ces taux de transmission, la fréquence de survenue de ces contacts, et le nombre d'élevages concernés par chacun de ces contacts, on peut estimer la part de chacune de ces voies de transmission au cours de l'épizootie de 97-98.

La connaissance de ces différentes contributions pourrait aider à orienter les mesures de lutte en cas de prochaine épizootie.

2.4. MESURES DE LUTTE

❑ ECONOMIC COMPARISON OF TWO DIFFERENT EMERGENCY VACCINATION STRATEGIES WITH A MARKER VACCINE IN A SIMULATION OF THE DUTCH CSF EPIDEMIC IN 1997-1998. *Mangen M.-J.J., Nielen M., Jalvingh A. M., Dijkhuizen A. A. (Lundi 7 août, peak 9-10)*

La vaccination contre la PPC est interdite au sein de la Communauté européenne, et la vaccination d'urgence n'est autorisée qu'en cas d'échec des mesures de lutte prévues. Cependant, avec l'arrivée imminente des vaccins marqueurs qui permettront de différencier sérologiquement les animaux vaccinés des animaux infectés, la question de la vaccination d'urgence comme mesure de lutte va être à nouveau posée.

En utilisant un modèle de simulation existant [Jalvingh *et al.*, 1999] et en le couplant à un modèle économique (EpiLoss), les auteurs ont analysé les résultats épidémiologiques et économiques de l'application, lors de l'épizootie hollandaise de 1997-1998, de deux stratégies de vaccination d'urgence différentes. La première stratégie consiste en la vaccination des élevages menacés pour réduire le risque de dissémination et différer leur abattage. Cela permet de

ne pas saturer les capacités de destruction d'un pays (ce qui fut le cas aux Pays-Bas). Tous les porcs de tous les élevages vaccinés doivent être finalement abattus avant qu'une région ne soit de nouveau déclarée indemne.

La deuxième stratégie ne diffère de la première que par le fait que la viande des cochons vaccinés peut être vendue dans la Communauté après la levée de la zone de surveillance. Elle économise donc le coût de l'abattage et de la destruction des carcasses.

Les auteurs ont comparé ces résultats à un scénario d'abattage préventif sur un km de rayon autour des élevages infectés simulé par Nielen (Nielen *et al.*, 1999), ce scénario étant considéré comme la situation optimale que l'on aurait pu obtenir aux Pays-Bas compte tenu des mesures applicables à ce moment.

Les deux stratégies donnent de meilleurs résultats que le scénario d'abattage préventif tant d'un point de vue économique que du point de vue épidémiologique (durée de l'épizootie réduite et nombre d'élevages infectés plus faible).

Ce travail donne donc une bonne approche de ce qu'aurait pu être l'épizootie hollandaise si une mesure de vaccination préventive avait été appliquée et ouvre de nouvelles perspectives de lutte pour les années à venir.

Références

NIELEN M. *et al.* ~ Spatial and stochastic simulation to evaluate the impact of events and control measures on the 1997/1998 classical swine fever epidemic in the Netherlands. II. Comparison of strategies. *Prev. Vet. Med.*, 1999, 42, 297-317.

JALVINGH A. W. *et al.* ~ Spatial and stochastic simulation to evaluate the impact of events and control measures on the 1997/1998 classical swine fever epidemic in the Netherlands. I. Description of simulation model. *Prev. Vet. Med.*, 1999, 42, 271-295.

❑ **ASSESSING THE EFFECT OF CONTROL MEASURES APPLIED TO THE 1997/98 CLASSICAL SWINE FEVER EPIDEMIC IN THE NETHERLANDS- A SURVIVAL ANALYSIS.** Benard H. J., Stärk K.D.C., Morris R.S., Pfeiffer D.U. et Moser H. (Mercredi 9 août, peak 4)

Le but de ce travail était de caractériser l'évolution de l'épizootie Hollandaise en relation avec l'application des mesures de lutte. Une analyse de survie ainsi que le modèle de Cox ont été utilisés.

Les facteurs ayant une influence significative sur le risque instantané d'infection sont :

- nombre de passages, par mois, de camions transportant les porcs à l'abattoir, cet abattage visant à conserver le bien-être animal (les élevages n'ayant plus le droit de vendre des animaux, les porcheries sont très rapidement saturées) ;

- rapport nombre de truies / nombre de truies + porcs à l'engrais (mixte *versus* engraisseur, naisseur *versus* engraisseurs).

Par contre, le ratio « nombre de troupeaux abattus préventivement/nombre de troupeaux infectés » est un facteur protecteur. D'autres auteurs sont arrivés à la même conclusion : l'abattage préventif est indispensable si l'on veut juguler une épizootie de PPC en zone de forte densité [Elbers *et al.*, 1998 ; Saatkamp *et al.*, 1996].

Enfin, et assez paradoxalement en regard d'autres études, la densité animale (# porcs/km²) n'est pas un facteur de risque (non significatif). Cependant, Stegeman *et al.* [1998] ont montré que la dissémination de voisinage avait joué un rôle particulièrement important lors de cette épizootie, et que l'on avait donc tout intérêt, lorsqu'une telle épizootie se déclarait en zone de forte densité à « diluer » la population animale de manière à réduire significativement ce risque de propagation locale.

Références

ELBERS A.R.W. *et al.* ~ Effectiveness of preventive culling of pig herds during the Dutch CSF epidemic in 1997. In: Proceedings of the 15th IPVS Congress, 1998, Birmingham, p.271.

SAATKAMP, H.W. *et al.* ~ Simulations studies on the epidemiological impact of national identification and recording systems on the control of classical swine fever in Belgium. *Prev. Med. Vet.*, 1996, 26, 119-132.

STEGEMAN, A. *et al.* ~ Transmission of classical swine fever virus within herd during the 1997-1998 epidemic in the Netherlands. *Prev. Vet. Med.*, 1998, 42, 201-218.

2.5. PRESENCE DE PPC EN ALLEMAGNE

❑ **CLASSICAL SWINE FEVER AMONG WILD-BOAR. EXPERIENCES OF LARGE-SCALE SURVEILLANCE IN GERMANY.** Kramer M., Fiedler J., Teuffert J., Selhorst T. et Schlüter H. (Vendredi 11 août, peak 6-8)

Pour certains pays, et notamment l'Allemagne, la présence de la PPC chez les sangliers est un obstacle important à la lutte contre la PPC.

Ces dix dernières années, 471 foyers de PPC sont apparus, et 52 p. cent ont été épidémiologiquement reliés à la présence de sangliers.

Des mesures de surveillance ont été mises en place; ainsi, près de 100 p. cent des sangliers tués ou trouvés morts sont testés sérologiquement et virologiquement. Cela a permis une première évaluation numérique et spatiale de la distribution de la PPC chez les sangliers en Allemagne.

De 1995 à 1998, 1 144 cas ont été reportés, répartis sur 6 länder.

Le fait est que de petits foyers apparaissent régulièrement, et dans différentes régions. Les raisons de cette dissémination demeurent inconnues. Certains foyers ont tendance à rester très localisés, d'autres à migrer.

La population des sangliers ne cesse d'augmenter, et d'autres études, notamment à un niveau régional, seraient nécessaires à la prise de décisions quant à d'éventuelles mesures de lutte.

□ **EPIDEMIOLOGICAL OUTBREAK INVESTIGATIONS IN CLASSICAL SWINE FEVER OUTBREAKS IN GERMANY. Kramer M., Teuffert J., et Schlüter H. (Lundi 7 août, peak 4)**

Dans le cadre du programme de lutte contre la PPC en Allemagne, une équipe du FRCVDA (Federal Research Centre for Virus Disease of Animals) est chargée d'enquêter sur les épizooties de PPC se déclarant dans des zones à haut risque de propagation.

Un questionnaire a été mis au point pour permettre la collecte d'un maximum d'informations concernant l'origine et l'évolution de l'épizootie. Les enquêtes se divisent en 5 étapes :

- enquête et questionnaire dans chaque foyer, incluant visite de la ferme et des environs,
- interrogatoires des voisins et de tous les contacts de ces foyers, vétérinaires, équarrisseurs, sociétés de vente d'aliments...
- vérification croisée des données récoltées,
- vérifications des données par une nouvelle visite en cas de non concordance des réponses,
- émission d'hypothèses concernant l'origine du virus et de son éventuelle propagation dans la zone.

Entre 1993 et 1999, 53 foyers ont ainsi été étudiés. Les résultats sont présentés dans le tableau I.

TABLEAU I
Résultats d'enquête sur 53 foyers de PPC en Allemagne entre 1993 et 1999

Origine de l'infection	Origine supposée 24h après confirmation de l'infection	Origine supposée après enquête
Inconnue	33 (62,3%)	12 (22,6%)
Contact avec personnes, véhicule ou voisinage	9 (17%)	20 (37,7%)
Mouvement d'animaux	5 (9,4%)	5 (9,4%)
Consommation de déchets	4 (7,5%)	8 (15,1%)
Contacts avec des sangliers	1 (1,9%)	8 (15,1%)
Autres	1 (1,9%)	0

Bien que la proportion d'origines inconnues diminue après investigation, 22,6 p. cent des foyers restent d'origine incertaine. Plusieurs explications peuvent être avancées :

- les signes cliniques sont souvent frustes, et le début de la maladie passe souvent inaperçu : impossible alors de relier l'apparition des symptômes à tel ou tel événement ;
- les sociétés d'équarrissage et d'alimentation sont souvent incapables de fournir des données précises quant à leurs déplacements et leurs livraisons ;
- enfin, les éleveurs hésitent souvent à donner de réelles informations. Il semble à ce propos que les éleveurs soient plus disposés à coopérer au début d'une procédure de lutte, et que l'on aurait tout intérêt, par conséquent, à démarrer ce genre d'enquête le plus tôt possible, voire dès qu'il y a suspicion.

2.6. CONCLUSION

Malgré de nombreuses études menées notamment à partir des données hollandaises, beaucoup d'inconnues persistent quant à l'introduction et à la dissémination de la PPC dans une zone donnée.

Qu'en est-il réellement de cette propagation dite « de voisinage » ?

Les zones à forte densité sont-elles réellement plus à risque que les autres ? D'un point de vue introduction ? D'un point de vue propagation ?

Les mesures de lutte applicables actuellement sont-elles adaptées à ces zones ?

L'abattage préventif est-il indispensable ? Sur quel périmètre ?

Peut-on envisager d'autres mesures dont le coût serait moindre, comme la vaccination d'urgence par exemple ?

Compte tenu du manque de données de terrain et/ou expérimentales, il semble que les modèles de simulation soient, à l'heure actuelle, l'outil indispensable pour essayer de répondre à toutes ces interrogations.

III - LES SYSTEMES D'ANALYSE SPATIALE

G. Gerbier

L'émergence des systèmes d'informations géographiques (SIG) avait été un des faits marquants du VIII^{ème} ISVEE à Paris. Cette année, l'accent a plus été mis sur l'analyse spatiale que sur les SIG. Ceci s'est traduit par la tenue d'un parcours de quatre jours intitulé « Méthodes spatiales et spatio-temporelles dans les analyses épidémiologiques » organisé par D. Pfeiffer (Collège Vétérinaire de Londres) et par 29 présentations relatives à l'analyse spatiale pendant le colloque.

L'analyse spatiale peut être aisément scindée en trois groupes : la visualisation, l'analyse exploratoire et la modélisation. Cette année un nombre relativement importants de modèles spatiaux a été présenté. Dans certains cas, l'utilisation des outils de statistiques spatiales n'ont fait que confirmer des connaissances déjà établies, mais il a été souligné que la prise en compte de l'autocorrélation spatiale – le fait que des individus proches dans l'espace se ressemblent – permettait dans de nombreux cas d'améliorer les prédictions.

Cette augmentation du nombre de travaux relatifs à la dimension spatiale en épidémiologie et l'émergence du secteur de l'épidémiologie spatiale peut s'expliquer par l'apparition de logiciels performants dédiés à ce type d'analyse. Durant le parcours, une attention particulière a été donnée aux logiciels SpatialStat (module de Splu), Idrisi (analyse des images rasters), SpaceStat et SaTScan (recherche d'agrégats spatiaux et temporels). ArcView était utilisé comme SIG.

Ce domaine est en plein essor, mais il est possible que l'existence de nombreux logiciels différents, et souvent très coûteux, soit un frein à son développement. En tout état de cause, ce type d'approche nécessite souvent un grand nombre de données qui doivent être de bonne qualité.

Quatre sessions du Symposium ont été consacrées à l'analyse spatiale et au SIG :

- spatial analysis methods and GIS,
- spatial analysis: poultry diseases and environmental monitoring,
- spatial analysis: tuberculosis and wildlife,
- spatial analysis: zoonoses and diseases of cattle.

Les quatre présentations suivantes sont des illustrations de ce qui peut être fait en analyse spatiale : rechercher des agrégats (Stevenson, Doherr, French) ou calculer des paramètres de diffusion spatiale.

□ **SPATIAL AND SPATIO-TEMPORAL METHODS OF EPIDEMIOLOGICAL ANALYSIS : EXPERIENCE WITH A VERY LARGE DATA SET.** *Stevenson M.A., Morris R.S., Wilesmith J.W., Pfeiffer D.U. (Mardi 8 août Peak 1-3 et Vendredi 11 août Peak 11-12)*

□ **SPATIAL CLUSTERING OF SWISS BOVINE SPONGIFORM : ENCEPHALOPATHY (BSE) CASES.** *Doherr M.G., Heim Dand Vandeveld M. (Mercredi 9 août Peak 1-3)*

Ces deux présentations ont toutes les deux pour objectif d'analyser la répartition spatiale des cas d'ESB respectivement au Royaume-Uni et en Suisse.

Ces analyses ont débuté par la constatation que, visuellement, certains foyers d'ESB apparus semblent regroupés. Pour tester cette hypothèse, les auteurs ont d'abord collecté l'ensemble des informations relatives, d'une part, à la position des cheptels bovins et, d'autre part, à l'infection par l'ESB. L'information sur la répartition de la population animale est cruciale car elle permet d'éliminer les artefacts liés à l'hétérogénéité de la densité animale. Le logiciel Satscan est ensuite utilisé pour détecter les agrégats significatifs.

Doherr souligne que cette approche n'est qu'une première étape qui permet de focaliser les recherches sur ces zones dans le but de comprendre la cause de ce regroupement.

□ **A RE-ANALYSIS OF THE START OF THE UNITED KINGDOM 1967-8 FOOT-AND-MOUTH DISEASE EPIDEMIC TO CALCULATE TRANSMISSION PROBABILITIES.** *Sanson R.L., Morris R.S., Wilesmith J.W., MacKay D.K.J. (Mardi 8 août Peak 1-3)*

Cette étude est une très bonne illustration de l'utilisation des SIG et de l'analyse spatiale. Les épizooties de fièvre aphteuse sont souvent bien décrites, mais les informations sur les cheptels indemnes sont souvent parcellaires. Les positions des

cheptels indemnes étant inconnues, les auteurs proposent de simuler ces données dans chacune des paroisses infectées.

□ **THE USE OF K-FUNCTION ANALYSIS TO DETECT AND DESCRIBE : SPACE-TIME CLUSTERING OF ANIMAL DISEASES.** French N.P., Clough H.E., Berriatua E., McCarthy H.E., Proudman C.J., Hillyer M.H. (Vendredi 11 août Peak 11-12)

Outre la complexité de certains modèles, un des problèmes majeurs des statistiques spatiales est l'existence d'effet de bord. De nombreux auteurs ont donc proposé des estimateurs prenant en compte ce biais. La fonction $K(t)$ est un de ces estimateurs. Elle mesure le nombre de points situés à une distance minimale t . Elle permet en outre de tester l'hypothèse d'une répartition uniforme dans l'espace (indépendance spatiale). Cette présentation généralise l'utilisation de la fonction K au cas des agrégats dans l'espace et dans le temps. Dans ce cadre, la fonction K n'est plus une courbe, mais une surface.

IV - ANALYSE DE RISQUE POUR DECLARER UNE ZONE INDEMNÉ

R. Pouillot

La validité de la certification « indemne d'une maladie » d'un territoire est un domaine de l'épidémiologie des maladies animales devenu essentiel au regard de la mondialisation des échanges.

□ **MODÈLE BAYÉSIEN HIÉRARCHIQUE POUR LA CERTIFICATION DANS PAYS COMME « INDEMNÉ » D'UNE MALADIE ANIMALE.** Suess E.A., Gardner I.A., Johnson W.O. (Mercredi 9 août, peak 5)

Les auteurs ont développé un modèle bayésien dont le paramètre d'intérêt est la distribution *a posteriori* de la probabilité d'infection de la zone, à partir des résultats d'un test de dépistage réalisé sur un échantillon de la population animale. Ce modèle prend en compte la sensibilité et la spécificité des tests, la proportion *a priori* de cheptels infectés, la prévalence intra-cheptel (variable selon les cheptels selon une loi de distribution définie *a priori*), et, ce qui est novateur dans le domaine, la corrélation entre les différents tests appliqués. Une méthode de « Gibbs Sampling » est utilisée pour l'estimation de la probabilité d'infection *a posteriori* de la zone.

Cette approche est extrêmement intéressante dans ce domaine, puisqu'elle permet de prendre en considération une probabilité *a priori* d'infection de la zone, préalable à la réalisation de l'étude. En effet, les méthodes classiques, ne prenant pas en compte ce paramètre, ne considèrent pas le passé de la maladie dans la zone. Cependant, le défaut de ces modèles vient de la subjectivité de cette distribution *a priori*, ou tout au moins de l'absence de méthode standardisée pour son évaluation.

Les instances internationales devraient développer ce type de méthode rapidement, car il sera de plus en plus difficile d'imposer le même plan d'échantillonnage dans des zones indemnes depuis plusieurs années et dans des zones en cours de qualification.

□ **EVALUATION DES PLANS DE SURVEILLANCE A L'ECHELLE DES CHEPTELS PAR SIMULATION STOCHASTIQUE.** Audigé L., Doherr M, Hauser R, Wagner D, Salman M. (Mercredi 9 août, peak 5)

Les auteurs présentent un modèle similaire. Trois étapes sont ici modélisées :

1. le spécificité et la sensibilité du test diagnostique à l'échelle du cheptel sont tout d'abord évalués à partir des lois de distributions de la sensibilité et de la spécificité individuelle des tests, la prévalence intra-cheptel, la taille du cheptel, le nombre d'animaux testés et le nombre limite d'animaux positifs acceptés dans le cheptel ;
2. le rapport de vraisemblance obtenu après l'obtention du nombre de cheptels positifs est calculé en considérant la zone indemne ;
3. la combinaison de ce rapport et de la probabilité *a priori* d'infection permet d'évaluer la probabilité *a posteriori* d'infection de la zone.

Les mêmes remarques que pour la présentation précédente peuvent être faites. Ces approches permettent d'intégrer toute l'incertitude présente à tous les niveaux de réalisation du plan de dépistage dans le résultat final. La même remarque concernant la subjectivité de la probabilité *a priori* d'infection a été notée lors de la discussion.

V - METHODES : L'ANALYSE BAYESIENNE

R. Pouillot

La statistique bayésienne a fait son apparition dans le domaine de la médecine vétérinaire lors du VIII^{ème} ISVEE, à Paris. Brièvement, ce type de modèle permet d'actualiser une distribution *a priori* de paramètres à partir d'observations, par l'utilisation du théorème de Bayes. M. Chriel avait adapté au domaine de la médecine vétérinaire un article de P. Joseph, présentant un modèle bayésien permettant l'évaluation de tests diagnostiques en l'absence de test de référence. Ce modèle était sur-paramétré (cinq paramètres estimés pour quatre degrés de liberté), ce qui obligeait à utiliser des lois de distributions *a priori* très informatives : cet *a priori* pouvant être fortement subjectif, ce type de modélisation a été fortement critiqué.

Cette année, deux auteurs ont utilisés ce modèle de Joseph.

□ **USING GIBBS SAMPLING TO EVALUATE THE RISK OF EMBRYONIC DEATH IN THE ABSENCE OF A GOLD STANDARD.** *Bigras-Poulin M., Descoteaux L., Carrière P., Van Den Wijngaard C. (Mercredi 9 août, Peak11-12)*

Les auteurs évaluent trois tests de diagnostic de gestation (détection de chaleur, test de progestérone et ultrasons). Après avoir constaté la présence d'interactions dans les résultats des trois tests, les auteurs notent très justement que l'utilisation de la méthode de maximum de vraisemblance (type Hui et Walter, 1980) est inadéquate. Ils utilisent donc la méthode bayésienne de Joseph (1 test/1 population) sur chacun des trois tests séparément, en prenant des lois *a priori* soit informative (dire d'expert), soit non-informative (loi uniforme). L'utilisation de lois non-informatives aboutit à des conclusions erronées au regard des connaissances dans le domaine. Les auteurs concluent que la méthode n'est pas adaptée à leur problème.

□ **A BAYESIAN APPROACH TO ESTIMATING THE PERFORMANCE OF A BOVINE VIRUS DIARRHOEA VIRUS (BVDV) ANTIBODY ELISA BULK TANK MILK TEST.** *Valle P.S., Martin S.W., Skjerve E. (Jeudi 10 août, Peak1-3)*

Les auteurs utilisent la méthode de Joseph (1 test/1 population) pour évaluer un test sur lait de mélange de diagnostic de BVD. Les auteurs concluent que la méthode bayésienne n'est pas performante. En réalité, les auteurs utilisent des lois *a priori* très fortement informatives, que leurs données ne permettent pas de rectifier.

Outre ces modèles, dit « non identifiables », tout à fait discutables si les distributions *a priori* ne sont pas

solidement établies, des modèles identifiables utilisant des données provenant de plusieurs populations, ou plus de trois tests, ont été développés. Outre notre modèle (cf. supra), on notera le modèle des deux communications suivantes.

□ **CORRELATION-ADJUSTED ESTIMATION OF SENSITIVITY AND SPECIFICITY OF TWO DIAGNOSTIC TESTS.** *Georgiadis M.P., Johnson W.O., Gardner I.A., Singh R. (Jeudi 10 août, Peak 1-3).*

Les auteurs ont élaboré un modèle permettant d'évaluer les performances de deux tests de diagnostics, d'après les résultats obtenus dans deux populations présentant des taux de prévalence différents, lorsque les tests sont corrélés. Malheureusement, si la présentation montrait des résultats intéressants, le modèle n'a pas été clairement défini, et le résumé, d'une page, ne le décrit pas plus. Des contacts ont cependant été pris avec l'auteur principal afin qu'il nous fasse parvenir l'article correspondant.

Outre l'utilisation de cet outil dans le domaine de l'évaluation de tests diagnostiques, une présentation comparait l'outil de statistique Bayésienne aux méthodes conventionnelles.

□ **APPLICATION OF BAYESIAN TECHNIQUES TO VETERINARY EPIDEMIOLOGICAL DATA: A COMPARISON WITH CONVENTIONAL METHODS.** *Innocent G.T., Reid S.W.J. (Vendredi 11 août, Peak 9-10)*

L'auteur a comparé les résultats d'un modèle de régression logistique obtenus à l'aide de méthodes classiques et à l'aide d'inférence bayésienne (logiciel Winbugs). Les auteurs obtiennent des résultats tout à fait comparables, mais notent que le modèle bayésien est moins sensible au faible nombre de données et aux modèles déséquilibrés. Notamment, l'inférence bayésienne permet de prendre très facilement en compte l'existence de données manquantes.

En conclusion, cet outil est appelé à se développer dans certains domaines de la médecine vétérinaire (au sens large), en raison de sa grande souplesse. Comme toute méthode statistique, elle doit être utilisée à bon escient, en pleine connaissance des lois la régissant. L'utilisation abusive de ces méthodes (comme dans la présentation **1988-1998: Efficacy of residues surveillance in Italy evaluated by means of a Bayesian approach** Weiss C., Conte A., Giovannini A., Podaliri-Vulpiani M., Scortichini G., (Vendredi 11 août Peak 9-10), ou l'utilisation de modèles non identifiables peut discréditer à tort cette méthode.

VI - EPIDEMIOLOGIE ET ECONOMIE

DES INFECTIONS INTRAMAMMAIRES EN TROUPEAUX BOVINS LAITIERS

F. Beaudeau

Les communications orales et posters relatifs aux infections intramammaires étaient au nombre de 15. Les thèmes abordés concernaient :

- la fréquence de ces infections [Fourichon *et al.* ; Kelton *et al.*];
- leurs effets zootechniques (sur la production laitière et l'ingestion des vaches) (Bareille *et al.* ; Seegers *et al.*);
- les facteurs de risque associés, avec une attention particulière portée à l'étude du risque de mammite clinique associé aux faibles concentrations du lait en cellules somatiques [Beaudeau *et al.* ; Menzies *et al.* ; Peeler *et al.*, a, b ; Rupp *et al.*];
- la valeur informative de certains outils de diagnostic disponibles et les possibilités d'amélioration [Djabri *et al.* ; Fitzpatrick *et al.* ; Sol *et al.* ; Zadocks *et al.*, a];
- l'étude par modélisation de la sensibilité des quartiers à l'infection par *Str. uberis* après (i) infection préalable par le même agent pathogène suivie de guérison [Zadocks *et al.*, b], (ii) après utilisation d'un vaccin destiné à prévenir l'infection par *E. coli* [Green *et al.*].

Les infections intramammaires constituent actuellement le trouble de santé le plus fréquent dans les élevages bovins laitiers français (médiane de 40 mammites cliniques pour 100 vaches/année, 254 élevages bovins laitiers des Pays de la Loire, Fourichon *et al.*).

Leur impact sur les performances zootechniques est important (au niveau individuel, 190 kg de lait en moins sur 140j suite à la survenue d'une mammite clinique avec atteinte de l'état général, Bareille *et al.* ; au niveau troupeau, réduction de la production laitière de 3,6 p. cent et 5,1 p. cent pour des niveaux de concentrations en cellules somatiques du lait de tank de 200 000 et 400 000 cellules/ml, en référence à un niveau de 50 000 cellules/ml, Seegers *et al.*).

Les résultats présentés relatifs au risque de mammite clinique (MC) associé à de faibles concentrations du lait en cellules somatiques (CCS), sont apparus contradictoires. Au niveau individuel, Peeler *et al.*, b rapportent un risque accru de MC sévère pour des CCS < 40 000 cellules/ml, en comparaison à des CCS de 100 000 cellules/ml, alors que l'étude de Rupp *et al.* montre un accroissement du risque de MC en deuxième lactation avec l'augmentation de la valeur moyenne des CCS de la première lactation. Au niveau troupeau, une proportion élevée (>50 p. cent) de CCS faibles (< 50 000 cellules/ml) apparaît associée à un risque

accru de MC (Beaudeau *et al.*). Les résultats de Peeler et Beaudeau sont en accord avec la plupart des travaux expérimentaux antérieurs qui suggèrent que de faibles élévations de CCS associées à des infections à agents pathogènes mineurs pourraient intervenir dans les mécanismes de protection contre de nouvelles infections. Cependant, de faibles CCS mesurées en conditions d'élevage pourraient également refléter une meilleure aptitude des vaches à résister aux infections (critères de morphologie de la mamelle et du trayon), ce qui pourrait expliquer l'effet opposé rapporté par Rupp *et al.*

Pour le diagnostic des mammites cliniques, une étude britannique (Fitzpatrick *et al.*) a montré l'intérêt potentiel du dosage de protéines de l'inflammation, notamment de la sérum amyloïde A (SAA) (à partir d'un prélèvement de lait de quartier) : la concentration en SAA est significativement plus élevée dans le lait des quartiers atteints que dans celui des quartiers bactériologiquement négatifs. Le typage moléculaire des souches bactériennes (pour *S. aureus* notamment) apparaît également comme une voie d'avenir pour (i) mieux connaître les caractéristiques écologiques de l'agent, et donc (ii) identifier les sources et les voies de contamination des vaches (Zadocks *et al.*, a). De plus, si une association existe entre type de souche isolée et sévérité des signes cliniques, les auteurs soulignent l'intérêt du typage pour prédire la probabilité de guérison après traitement.

Par ailleurs, dans le cas d'examen bactériologique du lait de quartier de vaches atteintes de mammite subclinique, la congélation de l'échantillon, puis son incubation à 37°C avant la mise en culture standard, en complément d'une mise en culture standard de l'échantillon du lait frais, permet d'obtenir un pourcentage d'isolement plus élevé des agents pathogènes majeurs, notamment *Staphylococcus aureus* (Sol *et al.*).

En ce qui concerne la dynamique des infections dues à des agents pathogènes à réservoir environnemental (*E. coli* et *Str. uberis*), l'étude de Zadocks *et al.*, b montre un accroissement de la sensibilité à l'infection par *Str. uberis* des quartiers préalablement infectés par cet agent puis guéris, en comparaison aux quartiers sans historique d'infection par cet agent. De plus, le nombre d'infections existantes par *Str. uberis* apparaît un bon prédicteur du nombre de nouvelles infections dues à cet agent. Les auteurs formulent, au vu de ces résultats, deux hypothèses : (i) la contagion serait une composante importante de la dynamique de ces infections (modèle de type Reed-Frost) ; (ii) le nombre d'infections existantes serait un marqueur de la charge environnementale en *Str. uberis*. Les résultats issus du

modèle théorique élaboré par Green *et al.* suggèrent quant à eux une augmentation du nombre d'infections à *Str. uberis*, concomitante à une diminution de celles à

E. coli, suite à la vaccination dirigée contre *E. coli*. Les auteurs soulignent cependant le caractère préliminaire de leur étude.

VII - MALADIES DES POISSONS : SURVEILLANCE ET CONTROLE

C. Michel

La session de surveillance et de contrôle des maladies aquacoles a été ouverte par une présentation de la filière la plus importante et la plus active aux Etats-Unis, celle du poisson-chat *Ictalurus punctatus* (« channel catfish »), qui représente maintenant quelques 300 000 tonnes par an. Essentiellement menée en étang, cette activité se heurte surtout à des infections bactériennes ayant quelque rapport avec la qualité de l'environnement, de sorte que l'approche écopathologique serait sans doute une des mieux appropriées. L'aquaculture offre une forte diversité de contextes socio-économiques et zootechniques. Des exemples d'application des mesures prônées par les organismes internationaux, ainsi que des obstacles auxquels elles peuvent se heurter, ont été présentés à l'échelle du Maryland [D. Travis] et pour l'ensemble des pays membres du NACA, un réseau de surveillance sanitaire des animaux aquatiques couvrant toute la zone du sud-est asiatique et du Pacifique [M. Reantaso]. L'analyse de risque, à défaut d'avoir encore été appliquée largement, suscite des réflexions théoriques

et des interrogations qu'une conférence internationale, tenue à l'OIE en février dernier et dont les conclusions ont été présentées, avait justement contribué à répertorier.

La dernière partie consacrée aux espèces aquatiques portait sur des entités pathologiques à la résolution desquelles l'épidémiologie peut contribuer, qu'il s'agisse d'agents dont l'expression est dépendante de paramètres extérieurs, comme *Aeromonas salmonicida* et les virus de poissons-chats, ou de syndromes d'étiologie complexe et encore mal résolue comme les déformations mandibulaires affectant les saumons du Chili. Au cours du déjeuner séparant les deux sessions, un petit groupe d'ichtyopathologistes s'est accordé pour rendre effective la création d'une association internationale spécialement dédiée à l'épidémiologie aquatique. Il semble que dans un premier temps les réunions de cette future association doivent s'envisager en association avec celles de l'ISVEE ou de grandes manifestations comparables.

VIII - PATHOLOGIE DE LA FAUNE SAUVAGE

C. Michel

Une grande session consacrée aux recherches épidémiologiques dans les faunes sauvages a apporté d'abondantes données dans le domaine de la tuberculose. Les techniques de caractérisation moléculaire sont bien utiles pour déterminer et suivre l'origine et l'évolution des enzooties, comme on a pu le faire pour celle des buffles du Parc Kruger (Kenya), dont le foyer initial paraît être un troupeau domestique. A l'inverse, les programmes d'éradication butent un peu partout dans le monde sur des réservoirs de populations sauvages dont les plus notables sont les blaireaux (Royaume-Uni), les opossums (Nouvelle Zélande) ou les cervidés (Michigan). Les programmes de lutte par éradication de ces populations-réservoirs sont très soigneusement évalués. Les conclusions ne sont pas toujours optimistes, et le recours à la vaccination pourrait constituer un complément intéressant

(opossums). La situation paraît plus défavorable encore dans le cas de la peste porcine classique, dont l'impact chez les sangliers tend à augmenter en Europe.

Des exposés ponctuels ont porté sur l'évolution de l'infection à virus hémorragique volontairement introduite chez les lapins de Nouvelle Zélande, sur l'incidence de la sparganose (cestodose larvaire) des porcs de Floride, l'inventaire parasitaire des renards de Pologne, ainsi que sur la modélisation : une méthode de modélisation à l'étude vise à prédire les zones à risque brucellique représenté par les cerfs wapitis du parc de Yellowstone en fonction de l'enneigement, tandis que l'exemple de l'échinococcose et de sa prévalence chez le renard et les campagnols suggère une supériorité des modèles de distribution spatiale hétérogène sur les modèles de distribution uniforme.

IX - ANALYSE DE RISQUE

C. Michel

□ ANALYSE DE RISQUE APPLIQUEE AUX MALADIES, AU CONTROLE SANITAIRE ET A L'IMPORTATION

L'analyse de risque est en plein développement. Si les termes de l'agrément SPS l'ont d'abord désignée pour pouvoir étayer les décisions d'importation sur des mesures scientifiquement justifiées, la méthode, en s'affermissant au fil des études, s'ouvre désormais aux problématiques les plus larges. Les exemples présentés, mettant en œuvre des analyses de risque qualitatives et quantitatives, portaient sur des cas de figure très dissemblables. Les résultats obtenus, parfois simplement destinés à vérifier si des mesures nouvelles ou appliquées de longue date à ces cas d'espèce constituent une réponse pertinente, ne laissent pas d'être impressionnants, parfois même surprenants. Au reste, les données s'accumulent, les limites et les incertitudes se trouvent de mieux en mieux cernées, et compte tenu du remarquable potentiel d'analyse en retour et d'auto-évaluation du « risk assessment » il est raisonnable d'en attendre des avancées majeures dans les temps à venir. Quelques exposés critiques sont venus émailler les sessions, mettant l'accent sur les contraintes ou les insuffisances qu'il reste à surmonter, qu'il s'agisse de l'impact des techniques d'approche ou de la difficile intégration des composantes sociales et économiques à une démarche fondamentalement scientifique.

□ ANALYSE DE RISQUE APPLIQUEE EN HYGIENE ALIMENTAIRE

Comme pour les contrôles sanitaires, mais avec déjà une tradition mieux ancrée et un recours prépondérant à la quantification reflétant le souci prioritaire des autorités sanitaires pour la santé des consommateurs, des exemples particuliers d'application d'analyse de risque ont été développés. Certains sont déjà bien liés aux prises de mesures et à l'évaluation de leurs effets (salmonelloses, colibacilloses, campylobactériose), d'autres dépendent encore d'un contexte mouvant et cherchent surtout à affiner leurs méthodes (cas de la BSE dont l'application des techniques de surveillance active vient modifier la perception), d'autres enfin aboutissent à un constat plus réservé sur la valeur des données utilisables à l'heure actuelle (surveillance des résistances aux antibiotiques). Un essai d'élargissement à l'évaluation des résidus de médicaments vétérinaires dans l'environnement mérite mention, car il s'agit d'une question sur laquelle les réglementations ont pris la science de court. Des exposés théoriques ou de remise en question sont également venus enrichir la session. A. Vicari s'est montré partisan d'une révision des principes de l'identification du risque accordant la priorité à l'épidémiologie et aux données biomédicales, face à la dominance des modèles mathématiques. Signalons enfin la présentation d'un site dédié au thème de la session, qui vient d'être ouvert sur Internet et ambitionne de devenir une sorte de forum [www.foodriskclearinghouse.umd.edu].

