

CONGRÈS ANNUEL DE LA SVEPM (SOCIETY FOR VETERINARY EPIDEMIOLOGY AND PREVENTIVE MEDICINE), 28 MARS - 30 MARS 2001, LEEUWHORST (PAYS-BAS)

R. Pouillot¹ et G. Gerbier¹

La SVEPM (« Society for Veterinary Epidemiology and Preventive Medicine ») est une association d'épidémiologie vétérinaire anglaise regroupant plus de 300 membres de 24 pays. Une fois par an, la SVEPM tient un congrès ouvert aux membres et aux non-membres. Ce congrès, tenu cette année pour la première fois hors du Royaume-Uni, constitue le plus important congrès d'épidémiologie vétérinaire européen.

Cent cinquante congressistes étaient présents. On notera la très faible représentation de la France (4 participants), et de l'Europe du Sud en général.

Vingt et une communications ont été présentées. Le congrès a été marqué par un nombre très important de communications basées sur la modélisation de la transmission des maladies animales. Selon un membre du comité scientifique, il ne s'agissait pas d'une volonté de la SVEPM : seule la qualité des présentations proposées sur ce thème en a été à l'origine. Une seconde catégorie de présentations fortement représentée portait sur l'utilisation de l'épidémiologie spatiale. Enfin, des études épidémiologiques plus « classiques » ont été présentées.

I - DYNAMIQUE DES MALADIES

Outre une session « Expert panel and debating group » animée par Stuart Reid (GB) le vendredi matin, une lecture plénière de Mart de Jong (Pays-Bas) portait sur le protocole et l'analyse des expérimentations de transmission des maladies.

Au Pays-Bas, la présence d'une ferme « sécurisée » permet d'évaluer les paramètres de transmission des diverses maladies animales (peste porcine classique, fièvre aphteuse, etc.). L'estimation des paramètres de transmission des maladies (coefficient de transmission β , temps moyen de guérison λ , nombre moyen de cas secondaires induits par un cas R_0 , etc.) est indispensable à toute modélisation déterministe ou stochastique de la diffusion d'une maladie dans un groupe d'animaux (bande, cheptel, territoire, etc.). On notera notamment que toute action permettant la réduction de ce facteur R_0 sous le seuil 1 (ce qui signifie que, en moyenne, moins d'un animal est infecté par un cas) permet d'éviter toute épizootie (modèle déterministe). Ces actions peuvent être la vaccination, le diagnostic et le retrait des animaux infectés, des mesures de prévention appliquée à l'échelle du cheptel, ou, selon certaines hypothèses, la baisse de la concentration animale. L'utilisation de ces modèles permet donc d'évaluer l'impact sanitaire et

économique des protocoles de détection, les impacts des mesures de prévention, des vaccinations, etc. des maladies transmissibles animales.

La variété des utilisations des modèles de dynamique d'infection a été démontrée lors de ce congrès. L'« école hollandaise » a en effet communiqué sur :

- La modélisation des performances d'un protocole de surveillance (Graat *et al.* « Design of surveillance programmes: an example with mathematical modelling »). Sur l'exemple de l'IBR, les auteurs ont évalué les performances de différentes stratégies de contrôle (telles que le nombre de tests annuels à réaliser selon le type d'élevage) sur la diffusion de la maladie dans le cheptel hollandais. Ce modèle montre que, selon les structures de contact entre les différents types de cheptel, il n'est pas possible d'éradiquer l'IBR des Pays-Bas sans réduire le taux de contacts entre les cheptels de type « marchands de bestiaux ». Des actions spécifiques doivent donc être menées sur ce type de cheptels.

¹ AFSSA, 23 avenue du Général de Gaulle, BP 19, 94701 Maisons-Alfort cedex, France ; r.pouillot@afssa.fr

- Un modèle identique, mais appliqué à la paratuberculose (Groenendaal *et al.* « Development of the Dutch Johne's disease control programme supported by a simulation model ») permet de faire une étude coût/bénéfice des différentes stratégies de lutte contre cette maladie. Ce modèle a montré que, aux Pays-Bas, l'éradication ne pouvait être conduite, avec les outils actuels, par un simple programme de type « test and slaughter ». Une augmentation des performances des tests utilisés permettrait une diminution plus rapide de la prévalence, mais cette stratégie ne semble pas économiquement intéressante. Seule l'application de mesures prophylactiques adéquates par les éleveurs (séparation des veaux à la naissance, utilisation de lait de remplacement, etc.) permettrait une réduction fiable de la prévalence, à un faible coût.
- Une étude portant sur le SDRP (Nodelijk *et al.*, « Population dynamics of porcine reproductive and respiratory syndrome virus (PRRSV) in breeding herds »), permet de préciser l'apport de la modélisation pour expliquer les profils d'infection intra et inter-troupeau. L'estimation des transmissions dans cette étude ne provient pas de données expérimentales, mais d'études longitudinales réalisées dans les principaux foyers néerlandais de SDRP. A partir de l'étude épidémiologique, l'estimation des paramètres de transmission de la maladie apporte un complément d'information intéressant. Le paramètre R_0 intra-troupeau a ainsi pu être quantifié (3.0, CI95%: 1.5-6.0) ; cette estimation signe la forte transmission de ce virus dans un cheptel porcin : 95-100% de seroprévalence peut être observé en fin de période. D'autres paramètres de transmission inter-troupeau sont également évalués dans l'étude. Ces évaluations vont permettre de construire le modèle correspondant, et de tester, par modélisation, l'impact de mesures prophylactiques.
- L'utilisation d'un « méta-modèle » par Vonk Noordegraaf *et al.* (« Sensitivity analysis by experimental design and metamodeling for 'InterIBR-endemic' ») a permis de présenter une technique de modélisation des résultats des modèles de dynamiques d'infection. Après utilisation du

modèle « InterIBR-endemic » élaboré par les néerlandais pour simuler la diffusion de l'IBR dans le pays, l'auteur a réalisé une analyse statistique d'un des paramètres de sortie du modèle (le pourcentage de cheptels atteints après 5 ans de vaccination), selon les paramètres d'entrée du modèle (2 valeurs par paramètre) à l'aide de régression linéaire et non-linéaire (régression logistique, régression Tobit). Ces outils d'étude de résultats de modélisation sont d'un intérêt certain, et devraient être appliqués systématiquement, notamment lors d'utilisation de modèles d'analyse de risque.

- La modélisation de la dynamique d'infection est aussi sous-jacente dans la présentation de Velthuis *et al.*, « Experimental design to test if vaccination reduces the transmission of *Actinobacillus pleuropneumoniae* ». Le protocole est original : les infections sont proches des conditions de terrain, puisque les animaux inoculés contaminent des animaux sains, puis sont retirés du protocole, et seule la contamination des infectés secondaires est évaluée sur des animaux vaccinés. C'est, de plus, la première fois que des essais d'évaluation de vaccins concernant des maladies infectieuses sont réalisés en condition expérimentales. L'estimation des paramètres de transmission entre animaux témoins et vaccinés est ensuite réalisée, à partir des observations expérimentales, par un modèle de type GLM.

Les représentants du Royaume-Uni travaillent sur la modélisation de la dynamique intra-cheptel de la tremblante, à l'aide d'un modèle prenant en compte transmission maternelle et transmission horizontale (Hagenaars *et al.*, « The transmission dynamics of scrapie: analyses using mathematical models »). Le modèle déterministe présenté permet de reproduire la cinétique de la prévalence intra-cheptel observée en Angleterre. Cependant, selon l'auteur, le nombre d'inconnues dans la transmission de cette maladie demande une collecte encore importante de données de terrain.

II - EPIDEMIOLOGIE SPATIALE

Trois présentations orales et sept posters ont porté sur l'épidémiologie spatiale. Contrairement à ce qu'on a pu observer dans le passé, ces travaux ne sont plus des applications descriptives des Systèmes d'Information Géographiques (SIG) mais s'attachent à utiliser des outils analytiques. Le travail de Mintiens *et al.* (« Prediction of the likelihood of spread of classical swine fever virus through neighbourhood infection for

different regions in Belgium ») s'appuie sur une analyse des foyers de PPC apparus en Belgique en 1994. La densité lissée de cheptels porcins dans un rayon d'un kilomètre autour d'un foyer est le meilleur prédicteur de la propagation de la PPC. Ceci permet ensuite de dresser une carte de risque de propagation lié au voisinage.

Les statistiques spatiales ponctuelles ont été utilisées par Manelli *et al.* (« Use of spatial statistics and GIS to study the distribution of the seropositivity for *Rickettsia conorii* in dogs in Piemonte »). L'objectif est de s'intéresser au lien entre l'apparition de cas humains de « Mediterranean spotted fever » (MSF) (fièvre boutonneuse) et l'existence de chiens séropositifs à MSF. La position des chiens séropositifs et la localisation des deux foyers de MSF humains sont trouvées significativement associées par les auteurs. Ces conclusions doivent être modulées par le fait que l'hétérogénéité spatiale de la répartition de la population humaine n'est pas prise en compte dans l'analyse. Ceci illustre bien la difficulté d'analyser le processus infectieux en tenant compte des répartitions spatiales des deux populations humaines et animales.

Parmi les posters dans le cadre de l'épidémiologie spatiale, trois sujets intéressants méritent d'être mentionnés:

- la prédiction de densité et de la production animale via un SIG (Chilonda, « Quantitative characterisation of livestock production systems of Sub-saharan Africa by GIS and livestock modelling »);
- la recherche de regroupement de cas (McCarthy, « The use of space time cluster in the investigation of equine grass sickness »);
- la cartographie des maladies (Berke, « Disease maps: displaying spatial epidemiological data »).

Outre ces deux domaines (modélisation et épidémiologie spatiale), il a été constaté un niveau scientifique très élevé des présentations entrant dans le domaine plus classique de l'épidémiologie, associant systématiquement une collecte importante de données et un modèle statistique solide et adéquat. Citons l'utilisation de modèles de données de survie pour l'estimation des facteurs de risque de pica dans les élevages de poules (Pötzch *et al.*, « Multivariate techniques used in a cross-sectional study of feather pecking and vent pecking in laying hens in alternative systems »), ou encore l'analyse en composante principale pour la description des symptômes de la fièvre de la côte Est (Rowlands, « Application of principal component analysis for classifying East Coast Fever reactions in Cattle challenged with *Theileria parva* »).

Les comptes rendus de ce congrès sont complets (il est demandé pour chaque présentation une dizaine de pages). L'ensemble de ces présentations seront bientôt disponibles sur le site de la SVEPM à l'adresse URL suivante: <http://www.vie.gla.ac.uk/svepm/>

En conclusion, ce congrès est d'une très grande richesse et d'un intérêt certain pour tout épidémiologiste intéressé par les techniques modernes d'analyse de données et de modélisation. La faible participation des européens du Sud à ce type de congrès pourrait être dommageable pour les échanges futurs dans ces domaines, et nous vous incitons à suivre le prochain congrès qui aura lieu début Avril 2001 à Cambridge.

