

LE XI^{ème} ISVEE (Cairns, Australie 6-11 août 2006)

Le onzième Symposium d'épidémiologie et d'économie vétérinaires (ISVEE) s'est tenu du 6 au 11 août 2006 à Cairns en Australie.

Plus de 700 scientifiques en provenance de 51 pays participaient à ce Symposium.

Le programme très riche a permis la présentation de près de 500 communications orales et l'exposition de près de 350 communications affichées. Trois séances plénières ont été également organisées.

Une quinzaine de collègues français ont participé à ce congrès.

I - PRESENTATION GENERALE

Barbara Dufour

1. ORGANISATION GENERALE

L'organisation de ce symposium a été assurée avec une grande rigueur qui n'excluait pas la convivialité par une équipe animée par le Professeur John Edwards (Murdoch-Université à Perth) qui a remplacé en 2005 le Dr Chris Baldock décédé prématurément.

Le symposium s'est tenu dans le magnifique palais des congrès de Cairns. Sept salles fonctionnaient en parallèle et les posters, exposés chaque jour dans les vastes espaces de repos, étaient présentés (5 minutes par poster) chaque midi pendant la pause du déjeuner.

Le comité scientifique très largement représenté par l'Université Massey (Nouvelle-Zélande) était animé par Joanna McKenzie (Université Massey).

Un gros fascicule comprenant à la fois le programme et tous les résumés des communications orales et des posters a été remis aux participants en début de congrès. Par ailleurs, tous les participants ont également reçu un CD rom qui contient non seulement la totalité des actes du Symposium mais également, et ceci grâce à l'équipe de l'Université Massey sous la conduite du professeur Roger Morris, un des « pionniers » des ISVEE, l'ensemble des actes de tous les ISVEE précédents.



Ainsi, grâce à une petite base de données incorporée au CRrom, il est extrêmement aisé de recenser par auteur, mots-clés, etc. toutes les communications publiées depuis plus de 20 ans par les 11 ISVEE successifs. L'accès à cette base de données est également possible à partir du site de l'ISVEE auquel les personnes intéressées pourront facilement avoir accès grâce à un lien établi avec le site de l'AEEMA.

Comme chaque fois, les rencontres pendant les pauses café, les déjeuners et les diners ont été sans doute au moins aussi fructueuses que les séances en salle ou la lecture des affiches.

Le nouveau comité de l'ISVEE est présidé pour trois ans par le professeur John Edwards. Il aura comme principale tâche d'aider les collègues africains à préparer le XII^{ème} ISVEE qui se tiendra à Durban, Afrique du Sud, en août 2009.

2. ANALYSE DU PROGRAMME

2.1. LES PARTICIPANTS

Cinquante et un pays étaient représentés à ce symposium. Le tableau 1 donne l'origine géographique par continent des participants.

Tableau 1
Distribution par continent des présentations lors du XI^{ème} ISVEE

	Nombre de pays	Communications orales	Compcommunications affichées	Total
Afrique	5	15 (10*)	13 (6*)	28 (16*)
Amérique (Nord et sud)	10	120 (78*)	96 (65*)	216 (143*)
Asie	13	25 (8*)	21 (3*)	46 (11*)
Europe	20	203 (72*)	160 (44*)	363 (116*)
Océanie	3	125 (68*)	56 (35*)	181 (103*)
Total	51	488	346	834

* Les chiffres entre parenthèses indiquent le nombre de présentations effectuées par le pays le plus représenté de chaque groupe. Il s'agit du Kenya pour l'Afrique, des Etats-Unis pour l'Amérique, des Philippines pour l'Asie, du Royaume-Uni pour l'Europe et de l'Australie pour l'Océanie.

Malgré la localisation du congrès et la forte présence invitante, l'Europe arrive en tête du nombre de pays représentés ainsi que des présentations effectuées, grâce en particulier à la très forte présence britannique.



Les pays d'Asie et d'Amérique du Sud étaient également nombreux. Par contre, pour l'Afrique, seuls cinq pays ont participé ; il s'agit essentiellement de pays d'Afrique de l'Est (Kenya) et d'Afrique australe. Pour l'Océanie, en plus de l'Australie et de la Nouvelle-Zélande, Samoa était présent.

La lecture des colonnes 3, 4 et 5 du tableau 1 vient nuancer quelque peu l'impression de très large participation des pays. C'est ainsi que l'on constate que pour deux continents

(Amérique et Océanie), un seul pays a effectué plus de 50% du total des présentations !

Le tableau 2 qui présente le palmarès des pays en fonction du nombre de présentations effectuées précise cette constatation. On constate ainsi que 78% des présentations ont été réalisées par dix pays et que les quatre pays anglo-saxons (Etats-Unis, Royaume-Uni, Australie et Nouvelle-Zélande) ont effectué à eux seuls (439/834) plus de 50% des présentations !

La lecture du tableau 2 renseigne également sur la répartition par pays entre les communications orales et les affiches. Ainsi, on peut classer les pays en deux groupes : ceux pour lesquels le nombre de communications orales et le nombre d'affiches est à peu près équilibré (Etats-Unis, France, Danemark, Italie, Norvège) et ceux pour lesquels le nombre de communications orales est très largement supérieur à celui des affiches (Royaume-Uni, Australie, Nouvelle – Zélande, Canada, Pays-Bas).

2.2. LES THEMES

Le congrès était organisé en sept grands thèmes. Le tableau 3 présente ces thèmes.

Tableau 2
Palmarès des premiers pays en fonction du nombre de leurs présentations au XI^{ème} ISVEE

	Nombre de communications orales présentées	Nombre de communications affichées présentées	Total des présentations
1-Etats-Unis	78	65	143
2-Royaume-Uni	72	44	116
3-Australie	68	35	103
4-Nouvelle-Zélande	56	21	77
5-France	23	24	47
5-Danemark	23	24	47
7-Canada	32	14	46
8-Pays-Bas	26	13	39
9-Italie	9	10	19
10-Norvège	10	6	16
TOTAL	397	256	653

Tableau 3
Nombre de communications par thème pour le XI^{ème} ISVEE

Thèmes	Nombre de communications orales	Nombre d'affiches	Total
1 : Epidémiologie des animaux aquatiques	46	12	58
2 : Distribution et causes des maladies	91	61	152
3 : Actions en santé animale	80	78	158
4 : Outils et formation pour les épidémiologistes	71	79	150
5 : Evaluation des maladies animales	68	40	108
5 : Problèmes liés aux maladies émergentes	66	26	92
7 : Sécurité alimentaire et zoonoses	66	50	116
Total	488	346	834

Le thème 1 : « **Epidémiologie des animaux aquatiques** » était le thème comprenant le moins de communications ; c'était cependant la première fois qu'il était assez étoffé pour qu'une véritable session de plusieurs jours soit organisée.

Le thème 2 : « **Distribution et causes des maladies** » comprenait toutes les communications relatives aux facteurs de risque des maladies d'élevage et à certaines maladies infectieuses. Les communications étaient regroupées par type de production (porc, bovins laitiers, production ovine, faune sauvage et animaux de compagnie).

Le thème comprenant le plus grand nombre de communications était : « **Actions en santé animale** » (thème 3). Dans ce thème sont regroupées des communications concernant l'intervention en situation d'urgence, les interventions dans le cadre du commerce international, la lutte contre les maladies (sous-thème le plus important), la formation du public et la protection animale.

Le thème 4 : « **Outils et formation pour les épidémiologistes** » comprenait six sous-thèmes : les outils statistiques, la modélisation, les tests de diagnostic, les systèmes d'information géographique, l'économie de la santé et la formation.

Le thème 5 : « **Evaluation des maladies animales** » correspondait en fait aux

méthodes et outils d'aide à la décision sanitaire. Il comprenait trois sous-thèmes : le premier regroupant 50% des communications portait sur la surveillance épidémiologique, le deuxième sur la hiérarchisation des maladies et les méthodes de choix des priorités, et le troisième sur l'analyse de risque.

Le thème 6 : « **Problèmes liés aux maladies émergentes** » comprenait des communications réparties en deux grands sous-thèmes : faune sauvage et influenza aviaire ainsi que quelques communications sur diverses maladies essentiellement vectorielles comme la fièvre de la vallée du Rift, le West-Nile ou la fièvre catarrhale ovine.

Pour la première fois un thème complet (étalé sur les cinq journées du congrès) a été consacré à la « **Sécurité alimentaire et zoonoses** » (thème 7). Il comprenait six petits sous-thèmes : l'évaluation de la sécurité alimentaire, les salmonelles, les campylobacters, les *E. coli*, les outils épidémiologiques et l'antibiorésistance.

Le tableau 4 présente, pour quelques sujets spécifiques, le nombre de communications orales effectuées. Il apparaît que, lors ce XI^{ème} ISVEE, les maladies infectieuses ont occupé une place importante parmi les communications orales. La surveillance épidémiologique a également été particulièrement développée.

Tableau 4

Nombre de communications orales présentées sur certains sujets au cours du XI^{ème} ISVEE

Sujet	Nombre de communications orales
Surveillance épidémiologique	30*
Fièvre aphteuse	28
Influenza aviaire	24**
Economie de la santé	19
Analyse de risque (hors sécurité alimentaire)	17
Paratuberculose	12
Tuberculose	10
ESST (ESB et tremblante)	10
Antibio-résistance	8
Salmonellose (hors sécurité alimentaire)	7
Mammites	4

* Ainsi qu'une table ronde de trois heures ** Ainsi qu'une séance plénière de 45 minutes

2.3. LA PRESENCE FRANÇAISE

Malgré la distance entre l'Australie et l'Europe, seize Français ont participé à ce Symposium.

Le tableau 5 présente les organismes de provenance des Français présents à l'ISVEE

Tableau 5
Organismes de provenance des scientifiques français au XI^{ème} ISVEE

Organisme	Nombre de participants
Afssa (Lerpaz, Lyon et Ploufragan)	4
CIRAD Emvt	3
ENV (Alfort et Nantes)	5
IFREMER	2
INRA	1
VSF	1
TOTAL	16

3. BILAN ET EVOLUTION PAR RAPPORT AUX ISVEE PRECEDENTS

Une nouvelle fois, l'ISVEE a été fortement marqué par la présence des grandes Universités anglo-saxonnes. Les américains arrivent comme d'habitude en tête des participations.

Les britanniques se placent en deuxième position, ce qui n'est guère étonnant compte tenu, d'une part, de leur participation, habituellement forte, aux ISVEE et, d'autre part, des liens privilégiés avec le pays invitant.

Comme d'habitude, le pays organisant le symposium (Australie) a présenté un nombre de communications élevé.

Il est à noter que la présence française (16 personnes), et ceci malgré l'éloignement géographique, a été peu différente de celle des autres ISVEE (22 personnes à Breckenridge en 2000 et 15 à Vina del Mar en 2003). Par ailleurs, le nombre de présentations réalisées par les français est élevé et signe le dynamisme de l'épidémiologie française puisque, ainsi que l'indique le tableau 2, la France arrive, ex aequo avec le Danemark, en 5^{ème} position du nombre des présentations.

Si les grands thèmes des sessions n'ont pas été radicalement différents de ceux des ISVEE précédents, on note tout de même quelques évolutions intéressantes au sein même de ces thèmes.

- Ainsi, le nombre de communications consacrées aux maladies infectieuses est encore en progression par rapport aux ISVEE précédents, au détriment des communications sur l'épidémiologie des maladies d'élevage. Au sein de cet ensemble, l'influenza aviaire et la fièvre aphteuse ont largement dominé. Mais l'intérêt pour les maladies émergentes, notamment vectorielles, ne se dément pas. Enfin, les communications relatives aux ESST ont été assez peu nombreuses par rapport aux symposiums antérieurs.
- La surveillance épidémiologique des maladies continue de constituer un des axes forts des ISVEE. A l'intérieur de ce thème, notons une augmentation du nombre de communications consacrées à la méthodologie (choix des priorités, évaluation des réseaux).
- Les outils (statistiques et informatiques) ont également, comme à l'habitude, constitué un des temps forts du symposium. Les modèles présentés sont toutefois, exceptés certains, moins ambitieux et sans doute un peu plus opérationnels que lors des précédents symposiums. Une large partie a également été consacrée aux systèmes d'information géographique. Ce sujet est incontestablement en développement.

- Y compris dans le champ spécifique de la sécurité des aliments, l'analyse de risque a fait l'objet d'un nombre assez réduit de communications. Le développement attendu de ce secteur ne s'est pas réellement confirmé à Cairns.
- Enfin, l'épidémiologie participative qui avait paru en plein essor à Vina del Mar n'a fait l'objet que d'un très petit nombre de présentation à Cairns.

Au bilan, ce symposium, remarquablement organisé, a été l'occasion d'affirmer une nouvelle fois le dynamisme de l'épidémiologie vétérinaire au plan international. La tendance dominante de ce congrès restera le retour (déjà amorcé lors du Xème ISVEE) de l'importance de l'épidémiologie des maladies infectieuses.

II - LES SESSIONS PLENIERES

B. Toma et S. Zientara



Trois conférences plénières ont été présentées à l'ISVEE XI, par Preben Willeberg, Bryan Eaton et Roger Morris.

1) La première, pendant la séance inaugurale, avait un titre légèrement ésotérique : « *From Venn to now: Science and Application* ». Elle a permis à Willeberg, en partant du diagramme de Venn (correspondant à des cercles se recoupant partiellement) qui avait été au centre de sa communication à la réunion de Reading, 1976, de rappeler en introduction les 24 communications présentées par lui aux congrès ISVEE de 1976 à 2003 (dont huit à l'ISVEE de Paris), puis de situer l'objectif de son propos, à savoir la relation entre la science et ses applications. Celle-ci semble reposer sur une apparente contradiction entre :

« *Les activités de lutte contre les maladies animales, c'est-à-dire la gestion du risque, doivent avoir un fondement scientifique* ». (OMC-SPS ; OIE ; UE) et,

« *L'évaluation du risque doit être conduite indépendamment de la gestion du risque* » (UE, EFSA, Danemark).

Willeberg a ensuite illustré la relation entre science et applications (en l'occurrence, l'épidémiologie et la lutte contre les maladies animales) en traitant successivement cinq exemples :

- L'influenza aviaire à virus hautement pathogène H5N1 au Danemark,
- La modélisation dans la fièvre aphteuse,
- Les nouvelles structures de recherche,
- La surveillance active de la BSE et enfin,
- Le dépistage de la trichinellose.

Il a pu, chemin faisant, décocher un certain nombre de flèches meurtrières, parmi lesquelles on peut citer :

➤ **Pour la fièvre aphteuse**, les affirmations de l'article récemment paru dans la revue de l'OIE sous la signature de Kitching, Thrusfield et Taylor :

« *Au Royaume-Uni, la détection rapide et l'abattage habituels des animaux infectés ont été complétés par une politique d'abattage fondée sur des modèles prédictifs non validés.*

Un mauvais modèle est comme une mauvaise radiographie, car il conduit inévitablement à des conclusions erronées et à une mauvaise décision d'action.

L'utilisation la plus appropriée des modèles est celle d'outils entre les épizooties, en vue d'effectuer une analyse rétrospective

d'épizooties réelles, afin de mieux comprendre leur déroulement.

Des scénarios hypothétiques peuvent alors être modélisés pour étudier les mérites respectifs de différentes stratégies dans diverses situations ... à utiliser en harmonie avec l'expérience et la prudence vétérinaires – et non pas à leur place.

L'expérience du Royaume-Uni fournit un avertissement salutaire sur la façon dont les modèles peuvent être utilisés de façon abusive pour un opportunisme scientifique » ;

➤ **Pour la BSE :**

Le « coût » de la détection d'un cas de BSE par dépistage à l'abattoir du Danemark en 2003 : 10 millions d'euros !

« Il est toujours plus difficile de réduire une activité de surveillance plutôt que de la commencer ».

« Les coûts associés à une surveillance active exhaustive deviennent excessifs et disproportionnés ».

➤ Enfin, **pour la trichinellose** au Danemark et dans l'Union européenne, il a utilisé l'expression de « mafia » des spécialistes de la trichinellose qui a réussi à imposer des modalités de surveillance tout à fait disproportionnées par rapport au risque.

Ainsi, au Danemark, le dernier cas de trichinellose chez le porc a été trouvé en 1930. Ceci n'a pas empêché de contrôler entre 1992 et 2001 ... 233 millions de porcs, sans trouver un seul résultat positif ! Ce qui conduit Willeberg à affirmer :

« Le risque de trichinellose chez le porc danois est négligeable : moins de 2 pour 100 millions de carcasses. La surveillance d'un risque négligeable devrait être effectuée en appliquant des règles fondées sur le risque, de proportionnalité et d'adhésion aux principes bayésiens ».

Parmi les conclusions générales de P. Willeberg, on peut retenir :

« Une bonne gestion du risque dépend d'une coopération et d'un dialogue ouvert entre évaluateurs du risque et gestionnaires du risque.

Les systèmes de surveillance devraient être élaborés et évalués par des groupes comprenant des spécialistes de la maladie,

des gestionnaires du risque et des épidémiologistes.

La logique bayésienne appliquée à la surveillance est encore mal comprise et mal acceptée par les collègues des autres champs disciplinaires.

Les modèles prédictifs devraient être utilisés comme aide à la décision pour une bonne gestion du risque, et non pas comme des diktats ! ».

2) Le jeudi 8 août, en séance plénière, Bryan Eaton du laboratoire de santé animale du CSIRO à Geelong en Australie, a présenté une conférence particulièrement claire et illustrée sur « *Les évolutions du diagnostic moléculaire et les conséquences pour l'épidémiologiste* ». Pour illustrer son propos, il a pris l'exemple des virus à ARN. Les génomes de ces virus présentent des taux de mutation 100 à 10 000 fois plus élevés que ceux des virus à ADN. Cette plasticité génomique est telle que les taux de mutation induits lors de la réplication sont à la limite du seuil tolérable au-dessus duquel les mutations deviennent létales. Ainsi, dans un animal infecté, les virus à ARN sont présents en tant que quasi-espèce c'est-à-dire d'un ensemble de particules virales dont chacune a un génome qui présente des mutations nucléotidiques. Les techniques qui sont actuellement en cours de développement reposent sur les méthodes de « puces à ADN » (dépôt sur de petites surfaces de séquences génétiques avec lesquelles s'hybrident les séquences génomiques des agents pathogènes recherchés). Ainsi, en quelques heures et simultanément, peut être étudiée une population d'ARN messagers transcrits dans une cellule infectée (étude du transcriptome). Ces nanotechnologies s'avèrent aussi utiles pour étudier les phénomènes de réassortiment ou pour effectuer le génotypage des souches virales ou bactériennes. Il est probable que dans quelques années, le prix des équipements, pour l'instant fort onéreux, aura diminué ; les « puces » seront disponibles pour les laboratoires de diagnostic qui devront disposer d'une importante logistique informatique.

3) Enfin Roger Morris a présenté une synthèse actualisée des connaissances sur la panzootie due au virus influenza aviaire H₅N₁HP.

III - QUELQUES COMMUNICATIONS MARQUANTES

La fièvre aphteuse

S. Zientara

Au cours de ce congrès, de nombreuses communications ont porté sur la fièvre aphteuse : 10 dans le domaine de la modélisation, 5 sur l'analyse de risque et 14 sur la surveillance, notamment en Asie du sud-est. La situation épidémiologique de la fièvre aphteuse en Asie du sud-est (Laos, Cambodge, Myanmar, Vietnam, Thaïlande, Malaisie) a été présentée ainsi que les stratégies de lutte et les méthodes de surveillance. L'objectif recherché par les autorités vétérinaires de cette région du monde est l'éradication pour 2020 de la fièvre aphteuse et des sous types O, A et Asia 1 qui y circulent (communication d'Abila Ronello).

➤ Une communication intéressante a été présentée par **Wilna Vosloo** de l'Institut d'Onderstepoort en Afrique du Sud. Cette virologue a présenté l'épidémiologie de la fièvre aphteuse qui, compte tenu du nombre de sérotypes présents sur ce continent (6 sur les 7 connus) et du nombre d'espèces sauvages et domestiques infectées, s'avère complexe. Elle a plus particulièrement insisté sur le rôle du buffle africain (*Syncerus caffer*) chez lequel le virus peut persister plusieurs années. Elle a montré que les souches de virus de sérotypes O, SAT 1, 2 et 3 pouvaient être respectivement génotypées en 8, 6, 14 et 6 topotypes. Ces différences génétiques s'accompagnent de variations antigéniques qui sont susceptibles d'être à l'origine d'échecs vaccinaux entre souches d'un même sérotype.

➤ Une autre communication intéressante fut présentée par **Karin Orsel** de l'Université d'Utrecht aux Pays-Bas sur la différence d'excrétion virale entre les veaux et les vaches laitières. Après infection expérimentale par voie intra-nasale avec la souche de sérotype O isolée aux Pays-Bas en 2001, les veaux ont présenté des infections asymptomatiques ou sub-cliniques alors que les vaches adultes ont manifesté un tableau clinique caractéristique de la fièvre aphteuse. Ces résultats confirment les observations rapportées par les vétérinaires lors de l'épizootie de 2001. Par

ailleurs, l'excrétion virale quotidienne entre les deux groupes s'est avérée significativement différente et plus importante chez les vaches.



Ces différences sont pour l'instant inexplicables. Parmi les nombreuses communications sur la fièvre aphteuse, l'une a porté sur la quantification du risque de transmission du virus de la fièvre aphteuse par des animaux « porteurs sains ». Un porteur sain est défini comme un animal chez lequel le virus peut être retrouvé plus de 28 jours après l'infection. Arjan Stegeman et son équipe du CIDC de Lelystad aux Pays-Bas ont étudié les données de la littérature qui décrivent des infections expérimentales. Aucune des nombreuses infections expérimentales permettant d'étudier la transmission éventuelle du virus d'un porteur sain à un animal susceptible, n'a permis de mettre en évidence une transmission entre bovins. Le taux de transmission a été estimé à 0,113 (0,000 - 0,308) par animal porteur sain par mois à des animaux réceptifs « non bovins » (porcs, moutons ou buffles) et à 0,008 (0,000-0,042) par animal porteur sain par mois à des bovins.

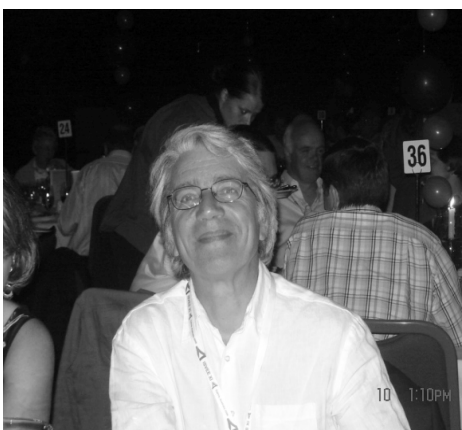
➤ Différents travaux, notamment américains, ont porté sur la modélisation des épizooties de fièvre aphteuse à un niveau régional, national et même planétaire ! mais la valeur des résultats obtenus s'est souvent avérée décevante.

La faune sauvage

François Moutou

Plusieurs sessions ont concerné des aspects variés de maladies et de cycles épidémiologiques impliquant des espèces de la faune sauvage dans de nombreux pays.

➤ C'est ainsi qu'une série de communications a traité d'un problème pas toujours très connu, celui du déclin général constaté à la surface de la planète des espèces d'Amphibiens (Batraciens). Le sujet peut sembler anecdotique, mais ces animaux, aquatiques sous forme de larves (têtards), respirant à l'air libre adultes, mais dont la peau est très sensible à de nombreuses agressions chimiques, représentent de fait d'excellents indicateurs de la qualité de notre environnement. Plusieurs des communications qui leur ont été consacrées ont été bien documentées, en développant des méthodologies assez sophistiquées associées à un gros travail de terrain. Les modèles épidémiologiques ainsi constitués pourraient sans doute être étendus à d'autres situations. Un des agents pathogènes le plus souvent incriminé est un champignon (*Batrachochytrium dendrobatidis*), manifestement favorisé dans sa pathogénicité par des facteurs environnementaux. Les conférenciers traitant de ce sujet étaient majoritairement issus des Etats-Unis d'Amérique, d'Australie et de Nouvelle-Zélande, mais le phénomène est mondial.



➤ Un autre groupe d'espèces animales largement présent dans le congrès a été celui des chauves-souris. L'Australie, avec la découverte successive du virus Hendra et du sérotype 7 de Lyssavirus, était bien placée pour en parler. Les épidémiologistes

australiens ont également été très présents lors des épisodes liés au virus Nipah en Malaisie, puis pendant l'épidémie de SRAS, autour des foyers en Chine du sud.

Comme les grandes chauves-souris frugivores du genre *Pteropus*, les roussettes ou renards volants, sont manifestement impliquées dans plusieurs de ces épidémies ou de ces épizooties, un travail intéressant, présenté lors du congrès, a été celui consistant à mieux comprendre leurs déplacements. La question associée était de savoir si des déplacements sur de longues distances pouvaient expliquer l'émergence de ces épisodes ou si d'autres facteurs de risque étaient à prendre en compte.

Il existe quatre espèces de *Pteropus* en Australie, majoritairement présentes au nord et à l'est de l'île. Certaines ont des répartitions qui englobent également la Nouvelle-Guinée et certaines îles de la Sonde. Des animaux ont été identifiés et suivis le long de grands déplacements, parfois effectués sur de courtes durées. Effectivement, certains individus traversent de larges bras de mer et peuvent passer d'une île à l'autre, d'Indonésie ou de Papouasie-Nouvelle-Guinée à l'Australie. Les implications épidémiologiques sont réelles. Dans le cas du premier foyer de virus Nipah, en Malaisie, des incendies de forêts importants sur les grands îles indonésiennes avaient été évoqués pour suggérer une migration massive de roussettes vers des forêts plus calmes et l'arrivée consécutive du virus en Asie continentale. Les données virologiques penchent plutôt dans le sens d'une présence antérieure du virus sur place. L'industrialisation récente de l'élevage en Asie du sud-est, également associée à de larges déboisements, explique sans doute mieux ce qui s'est passé. Les élevages de porcs dits « intégrés » associent souvent des piscicultures et des vergers. Les déchets des uns suppléent la nourriture des autres. Comme la forêt a disparu entre temps, les vergers deviennent des lieux d'alimentation et de concentration des chauves-souris. On peut alors supposer que leur présence, leurs déjections, ont permis aux virus de passer vers les porcs, élevés juste en dessous des arbres. Un argument qui plaide en la faveur d'une présence antérieure du virus sur le continent vient néanmoins de l'identification récente de nouvelles souches de virus Nipah au Bangladesh, pays où les

élevages de porcs n'existent pas. Une transmission directe chauve-souris → homme est donc possible. En Malaisie, la mise en place des nouveaux élevages intégrés a permis une révélation assez brutale d'un phénomène pré-existant, mais non encore repéré.

➤ Le virus Hendra a fait l'objet d'une communication. A ce jour, six épisodes ont été diagnostiqués, tous en Australie, le dernier en 2006. Cela ne concerne que les hommes (deux décès) et les chevaux. Ce qui est étonnant, c'est le fait que si les roussettes sont bien le réservoir du virus et si elles portent bien des anticorps, il n'a encore jamais été possible d'isoler de l'une d'entre elles une seule souche virale. Un modèle de type métapopulation peut être compatible avec cette constatation.

➤ Le coronavirus responsable du SRAS a aussi fait l'objet de plusieurs enquêtes. Après

la mise en évidence de souches très proches de celles responsables de la maladie humaine chez des civettes asiatiques (*Paguma larvata*), de nouvelles investigations ont permis d'isoler des virus « SRAS-like » chez des chauves-souris. Il reste à comprendre le passage du virus des chauves-souris à l'homme, direct ou indirect et l'évolution du virus d'une forme peu ou non pathogène, à une forme pathogène et épidémique.

Certainement, les chiroptères, peu étudiés jusqu'ici et encore mal connus, représentent un immense champ d'investigation. L'analyse des phénomènes récents, parfois fortement médiatisés, révèle néanmoins souvent le caractère limité du phénomène, des concours de circonstances souvent assez rares et surtout de profonds changements apportés par l'homme à son environnement, au détriment de tous. Les modèles épidémiologiques associés n'en demeurent pas moins très riches d'enseignement.

Modélisation

Eric Etter

➤ Une présentation sujette à caution fut exposée par le très charismatique **Roger Morris** qui usant de son aura essaya de tordre le cou à l'approche quantitative de l'analyse de risque et en particulier l'approche stochastique itérative. Sa démonstration est plus que discutable mais soulève néanmoins la question de la comparaison entre les approches qualitatives et quantitatives. En effet, avec l'approche qualitative la combinaison (multiplication) d'événements de probabilité modéré donne un événement résultant avec une occurrence modérée ; par contre, en analyse quantitative, combiner de nombreux événements modérés entre eux amène à obtenir un événement résultant d'occurrence faible voire négligeable. Or, il apparaît que de manière probabiliste, la réalisation de deux événements successivement a forcément une probabilité de survenue inférieure à la probabilité de survenue de chacun des événements pris séparément. Si c'est une chaîne relativement longue d'événements qui doivent se succéder pour obtenir par exemple l'introduction d'un danger, il apparaît donc que même si chaque événement à une probabilité moyenne de survenue le fait qu'ils surviennent

les uns après les autres sans rupture de cette chaîne événementielle est alors de moins en moins probable et ceci d'autant plus que la chaîne est longue. Une autre façon d'appréhender ce phénomène est l'approche bayésienne. Un autre point soulevé par Morris fut l'inutilité ou le caractère discutable des simulations type Monte Carlo. Pour cela, il prit l'exemple d'une combinaison de lois rectangulaires. L'exemple est mathématiquement parlant mais, dans la réalité, les lois rectangulaires sont très peu usitées puisque ne s'appliquant pas à des phénomènes biologiques que ce soit pour modéliser leur variabilité ou leur incertitude, ni à des processus modélisant le hasard (processus binomial, hypergéométrique, ou de Poisson). Toutefois, cette critique permet d'analyser de façon plus circonspecte certains travaux se targuant d'un vernis quantitatif stochastique mais qui effectivement n'apportent rien de plus qu'une approche déterministe.

➤ Un outil fort intéressant fut présenté par l'équipe australienne des Services Vétérinaires

de Santé Animale (**Evan Sergeant** et **Angus Cameron**). En alternative à l'approche stochastique itérative de l'analyse de risque nécessitant des logiciels de simulation tel que @RISK® et des approches complexes utilisant des lois de distributions pour modéliser l'incertitude, la variabilité et le hasard, Sergeant propose une interface web permettant la construction d'arbres événementiels combinée au logiciel R® (freeware) qui permet d'évaluer ces arbres. Ainsi, une quantification de la confiance dans ces scénarios permet une évaluation des systèmes de surveillance permettant de détecter une maladie ou de démontrer son absence.

Cet outil est disponible gratuitement sur le site internet suivant :

<http://www.ausvet.com.au/freedom/>

➤ L'une des rares présentations d'analyse quantitative du risque propose une approche très didactique du risque d'introduction de la fièvre aphteuse en Espagne (**Beatriz Martínez-López**). A partir d'un modèle événementiel simple dans sa structure, l'accent fut mis sur la complexité du pays et de la maladie. Ainsi, sont d'abord pris en compte les différentes voies d'introduction, les différentes espèces affectées, la prévalence mondiale élevée de la maladie et son aire d'extension ainsi que la résistance du virus et son importante excrétion combinée à sa haute contagiosité. Par ailleurs, furent également intégrés dans le modèle la production et le commerce extérieur de l'Espagne, sa législation mais également sa climatologie et sa géographie ainsi que les différentes densités humaines et animales régionales sans oublier la particularité du détroit de Gibraltar, son flux saisonnier de vacanciers allant ou revenant d'Afrique et son lot de commerce illégal. Il en résulte que le risque principal provient de l'introduction d'animaux vivants en Espagne, suivi du risque d'introduction de produits carnés par le détroit de Gibraltar. Enfin, malgré leur faible poids dans les échanges (<10%) le commerce de viande ovine et caprine représente également un risque important d'introduction de la FA.

➤ De l'intérêt de déclarer les mortalités ou les cas de maladies auprès des services vétérinaires (**Sarah Palmer**). La sous-déclaration a été mise en évidence en Australie, mais quelle est l'ampleur du

phénomène et quelles en sont les causes ? Voilà les questions auxquelles cette étude s'est attaquée. Cette étude socio-psychologique menée par une équipe de l'université de Murdoch (Australie de l'Ouest) permet de mettre en exergue l'insuffisance de l'approche purement « sciences biologiques » et de la nécessaire complémentarité des sciences humaines dans le domaine de l'épidémiologie (surveillance, risque...). A partir d'une double approche, questionnaire détaillé et entretiens approfondis, les auteurs ont montré comment les comportements résultent d'attitudes dictées par des convictions. Le rôle de la perception des risques et du contrôle a été souligné. L'étude n'est malheureusement pas finie et son traitement statistique reste à faire.

➤ Liée à l'apparition du danger, l'évaluation du risque par les décideurs doit permettre de comparer le risque apprécié au risque acceptable. Ce dernier résulte d'une construction sociétale à laquelle s'ajoutent des considérations politico-économiques. Un fort décalage entre le risque apprécié et le risque acceptable, une incertitude non négligeable ainsi que des phénomènes d'amplification liés à une force sociale et culturelle débouchent sur ce qu'on appelle une « Crise ». La communication qui doit exister tout au long d'une analyse de risque peut, selon (**Patricia El-Hinnawy**), permettre de survivre à une « Crise ». Voici les dix commandements qu'il propose :

Respecter l'existant sans réinventer la roue.

Vous partirez, ils resteront : pensez aux conséquences (autres que sanitaires) de vos propositions après leur mise en application.

Vous n'êtes ni une île ni le seul arbre de la forêt : il faut intégrer dans un contexte mondialisé les cultures et les contextes particuliers.

Le message épidémiologique doit s'ajuster au contexte socio-économique.

La rumeur étouffe toujours la vérité : il faut rendre publiques les informations sur la situation de crise et son évolution le plus tôt possible.

Vous pourrez cacher la vérité, mais pas longtemps : avec les moyens de communication et d'information actuels, il est illusoire de vouloir cacher la vérité.

Ne mentez jamais au public à propos de l'urgence : question de survie politique ou scientifique...

Communiquez à partir d'en haut...et faites-vous des alliés qui vous relayeront auprès des journalistes.

Faites court : la concision paye toujours plus que les circonvolutions ou explications complexes qui peuvent se présenter comme une forme de « langue de bois ».

N'hésitez pas à emprunter : comment ont réagi d'autres décideurs, conseillers, dans des situations similaires ?

➤ Une présentation (**Victoria Bridges**) a proposé une appréciation qualitative du risque d'émergence et de diffusion d'une maladie infectieuse en se basant sur un exemple appliqué à l'industrie de l'aquaculture. Malheureusement, elle ne présente rien d'innovant. Son « outil » n'est que l'application de la méthode proposée par l'OIE. Ainsi, la distinction pour l'émergence d'une maladie de l'évolution de la maladie, des voies d'introduction, de sa diffusion et la prise en compte de l'environnement biologique, abiotique (climat...), humain et économique reflète parfaitement la définition du danger, l'appréciation de l'émission, de l'exposition et des conséquences en particulier socio-économiques. La qualification des niveaux de risque n'a rien d'innovant non plus. Finalement, plutôt qu'un outil, cette présentation est une bonne description et illustration de l'analyse qualitative du risque.

➤ Une application de l'appréciation quantitative du risque de diffusion de la fièvre aphteuse par aérosols a été proposée

(**Graeme Garner**). Cette appréciation, en tenant compte de l'émission du virus et de ses potentialités de survie, a intégré trois modules de transmission : la transmission intra ferme, le module de transport (par le vent en prenant en compte la dispersion) et un module d'exposition (qui utilise soit une méthode binomiale soit une méthode bayésienne). Le résultat a permis l'élaboration de cartes de prédiction, ainsi que de prédictions de variations saisonnières pouvant être proposées aux décideurs pour les aider dans la gestion du risque lié à la fièvre aphteuse. Les probabilités résultantes doivent cependant être considérées de façon plus relative qu'absolue car elles reflètent une grande incertitude. Les modèles ne proposent ainsi une distinction qu'entre trois niveaux de risque (>50%, 20-50%, <20%).

➤ Une méthode intéressante a été proposée (**Koens Mintiens**) pour calculer la taille d'échantillon nécessaire pour déclarer une zone indemne d'une maladie en utilisant un test de diagnostic aux performances incertaines et en ayant une incertitude sur la présence effective de la maladie. Cette méthode utilise une approche stochastique itérative en modélisant la sensibilité, la prévalence du test et la prévalence au moyen de lois Béta. Elle a été développée à partir du logiciel S-plus et est adaptée aux populations infinies. En effet, elle est basée sur le processus binomial (taille d'échantillon $< 1/10 \times$ taille de la population). Une procédure pour les populations finies basée sur le processus hypergéométrique doit maintenant être développée.

Antibiorésistance

Didier Calavas

➤ Une équipe écossaise (**Lai Jyh-Mirnl et al.**) a recherché la résistance à 10 antibiotiques chez des isolats de *S Typhimurium* provenant de prélèvement humains (n=3000) et vétérinaires (n=2500) recueillis en cours d'une période de 10 ans. La tendance temporelle de la prévalence de la résistance semble évoluer de manière synchrone entre les populations animale et humaine. Par exemple, la résistance à

l'ampicilline a connu un pic entre les années 1990 et 2004, synchrone chez l'homme et l'animal, les auteurs parlant « d'épidémie de résistance », pour revenir en 2004 au niveau de résistance de 1990. Selon les antibiotiques, la prévalence de la résistance est supérieure chez l'animal (gentamycine) ou chez l'homme (acide nalidixique, ciprofloxacine). Ce jeu de données ne permet pas de mettre en évidence un rôle des bactéries d'origine animale dans le

développement de résistance chez les bactéries isolées chez l'homme.

➤ Une équipe américaine (**David Dargatz et al.**) a enquêté en 2002 auprès de 1013 éleveurs de bovins laitiers (fermes de plus de 30 vaches) de 21 Etats des Etats-Unis sur les maladies les plus fréquentes rencontrées chez les génisses non sevrées, les génisses sevrées et les vaches adultes, ainsi que sur les traitements antibiotiques de première intention utilisés. Il s'agit donc d'une enquête déclarative et qualitative, donc d'une portée limitée, mais qui fournit néanmoins des premiers chiffres sur l'utilisation des antibiotiques dans ce type d'élevage aux Etats-Unis. Il est intéressant de noter que des antibiotiques sont utilisés chez la génisse non sevrée dans 78% des cas de maladie respiratoire et 60% des cas de maladie digestive (respectivement 87 et 88% chez les génisses sevrées). Chez la vache adulte, 95% des mammites et 90% des boiteries (!) font l'objet d'un traitement antibiotique. Par ailleurs, 55% des éleveurs utilisent des lactoreplaceurs médicamenteux (avec oxytétracycline avec ou sans néomycine, décoquinat, chortétracycline) et 17% un aliment génisse croissance complétement en antibiotiques.



➤ Les additifs ont été interdits dans l'alimentation des porcs au Danemark en 1999. De 1999 à 2004 la consommation d'antibiotiques vétérinaires a augmenté de 70% dans ce pays. Comme 80% des antibiotiques vétérinaires sont destinés aux porcs, il y a eu une augmentation importante de la consommation d'antibiotiques dans cette espèce. Les auteurs ont analysé l'évolution de la susceptibilité à la tétracycline de 1307 souches de *S. Typhimurium* isolées de porcs en 2003 et 2004 et ont étudié les relations de

cette susceptibilité au niveau des élevages avec les prescriptions de tétracyclines au cours de l'année précédente, traduites en « defined animal daily doses per kg animal » (toutes les prescriptions d'antibiotiques sont collectées au niveau de chaque exploitation et rassemblées dans une base de données nationale). La résistance aux tétracyclines de *S. Typhimurium* a globalement augmenté avec la quantité de tétracyclines utilisées. L'évolution de la prévalence des différents lysotypes de *S. Typhimurium* et de leur résistance a été variable entre 1997 et 2004. Le phage DT12 a vu sa prévalence divisée par deux au cours de la période et sa résistance aux tétracyclines est restée à un faible niveau (de l'ordre de 20%), alors que la consommation de tétracyclines avait plus que doublé au cours de la période. En revanche, la prévalence des lysotypes DT120 et DT170 a augmenté et leur résistance également, passant de 0% de résistance en 1997 à environ 60% en 2004. L'augmentation de résistance observée globalement n'est donc pas due à l'acquisition de résistances par les lysotypes les plus présents au début de la période d'étude, mais par la diffusion de nouveaux lysotypes acquérant progressivement une résistance aux tétracyclines. Cette étude (**Hanne-Dorthe Emborg et al.**) souligne la nécessité, d'une part, de disposer de données fiables à la fois sur la production (nombre d'animaux, poids, etc.), sur la consommation d'antibiotiques (pour pouvoir définir les quantités consommées par kg d'animal produit) et sur les bactéries d'intérêt et, d'autre part, de mettre en oeuvre une approche statistique sophistiquée (modèle linéaire généralisé avec la ferme en variable aléatoire), pour mettre en relation de manière pertinente l'utilisation d'antibiotiques et la résistance à ces antibiotiques.

➤ De nombreux pays, dont la France, ont mis en place un système de suivi global de la consommation des antibiotiques vétérinaires, que l'on tente ensuite de mettre en relation avec l'usage qui en est fait (**Claire Chauvin et al.**). Cependant, ce type de suivi connaît des limites importantes, en particulier car les médicaments ne sont pas spécifiques d'une espèce, et que les modalités d'usage peuvent varier considérablement. Cela nécessite donc la mise en place d'études plus fines, pour analyser précisément la relation entre utilisation des antibiotiques et résistance, ce qui a été fait en France pour les volailles, en fonction du type de production, de l'âge des

animaux, etc. Par exemple, si on rapporte la consommation de macrolides en quantité d'antibiotique rapportée au kilo d'animal produit, on constate que la consommation est stable ; or la durée de traitement a augmenté, de même que le nombre de traitements. La

stabilité de la consommation rapportée au kilo s'explique par le fait que les animaux sont traités de plus en plus jeunes, à un poids plus faible. Et donc la proportion d'animaux traités augmente, ce qui en terme de pression de sélection n'est pas du tout pareil.

