

## ETUDE DE LA DIFFUSION SILENCIEUSE DE LA FIEVRE APHTEUSE DANS LE RESEAU D'ELEVAGES FRANÇAIS \*

Séverine Rautureau <sup>1</sup>, Barbara Dufour <sup>2</sup> et Benoît Durand <sup>1</sup>

### RESUME

L'objectif de ce travail était de fournir des données nécessaires à une analyse de réseau et de constituer un modèle de diffusion de la fièvre aphteuse dans le réseau d'élevages français. L'analyse a porté plus précisément sur la diffusion silencieuse du virus avant la découverte du premier foyer.

Pour cela, une première partie a consisté à collecter les données d'élevages disponibles notamment les données d'échanges (réelles pour les bovins) puis de proposer un protocole d'estimation de la diffusion silencieuse d'une épizootie, en termes de nombre d'élevages infectés et d'extension géographique. Le modèle proposé prend en compte la diffusion locale et la diffusion à distance *via* les mouvements d'animaux.

Les travaux ont été illustrés par une comparaison de deux lieux d'introduction différents de la maladie, la Bretagne et la région PACA ; l'intensité et la rapidité de la phase silencieuse sont plus importantes lors d'introduction en Bretagne, région à plus fortes densités d'élevage et activités en matière de mouvement.

**Mots-clés** : Fièvre aphteuse, épidémiologie, modélisation, simulation.

### SUMMARY

This study was designed to supply data for an analysis of the network of French livestock and to build a model of spread of foot-and-mouth disease in that network. The analysis focused specifically on the initial spread, prior to the detection of the disease.

The first part consisted in collecting available data on livestock, particularly on livestock movements (recorded for cattle) and then to elaborate an evaluation of the initial spread of the disease, in terms of number of infected holdings and geographical extension. This model took into account the local spread as well as the remote spread associated with the movements of animals.

The study was illustrated by a comparison of two areas where the disease was introduced: Brittany and the French southeastern Mediterranean coast area. The intensity and the period of the initial spread were more important in Brittany, a region with high breeding density and higher movement activity.

**Keywords** : Foot-and-mouth disease, Epidemiology, Modeling, Simulation.



\* Texte de la communication orale présentée au cours des Journées scientifiques AEEMA-AESA, 4-5 juin 2009

<sup>1</sup> Afssa-LERPAZ - Unité d'épidémiologie (EPI), 23 avenue du Général de Gaulle, 94706 Maisons-Alfort Cedex, France

<sup>2</sup> ENVA - Unité de recherche d'épidémiologie des maladies animales infectieuses (EPIMAI), 7 avenue du Général De Gaulle, 94704 Maisons-Alfort, France

---

## I - INTRODUCTION

---

L'épizootie de fièvre aphteuse du Royaume-Uni en 2001 a été extrêmement sévère et la diffusion silencieuse de la maladie a surpris par son ampleur. Son extension fulgurante montre à quel point cette phase est une caractéristique épidémiologique fondamentale de la maladie à prendre en compte lors de la mise en œuvre de la lutte. Ainsi, cette étude s'est intéressée à la diffusion silencieuse en cas d'épizootie en France et essentiellement aux interactions entre la maladie et la

population animale, avant l'identification du premier foyer.

Par ailleurs, depuis 2001, la France a renforcé considérablement son processus de maîtrise de la traçabilité des animaux : les mouvements d'animaux sont désormais enregistrés et les recensements des exploitations d'élevages mieux renseignés. La trame de la structure de l'élevage français a donc pu servir de base à l'étude.

---

## II - CONTEXTE

---

Lors de la découverte du premier foyer d'une épizootie de fièvre aphteuse, le nombre d'autres élevages (et de régions) contaminés mais qui n'ont pas encore été identifiés, reste une inconnue importante. Les enquêtes épidémiologiques initiales visent à estimer le plus rapidement possible ce nombre, qui influence fortement le choix de la stratégie de lutte. Cette situation est le résultat d'une phase de diffusion silencieuse du virus, après qu'il ait été introduit dans un ou plusieurs élevages. Deux mécanismes différents sous-tendent cette diffusion silencieuse, selon l'échelle géographique concernée : la diffusion « locale » autour de foyers par contacts directs ou indirects entre troupeaux, ou bien *via* des flux locaux d'animaux, et la diffusion « distante », essentiellement due aux flux d'animaux sur de longues distances.

La rapidité et l'ampleur de la diffusion silencieuse sont non seulement fonction de la rapidité de chacun de ces deux mécanismes, pris séparément, mais dépendent aussi de leur interaction. En effet, la diffusion locale augmente la probabilité qu'un des foyers au moins soit à l'origine d'un transport d'animaux sortant de la zone touchée. Par ailleurs, la diffusion à distance permet à l'épizootie de coloniser des zones indemnes, où elle pourra se propager plus rapidement. La phase de diffusion silencieuse du virus s'arrête avec la découverte du premier foyer. Le nombre d'élevages (et de régions) contaminés à ce moment va donc dépendre, en plus de la rapidité de diffusion, de la durée de cette phase.

La fièvre aphteuse est une des maladies les plus souvent étudiées. Les modèles de diffusion utilisés correspondent soit à des situations données (épizooties passées [Keeling *et al.*, 2001 ; Fergusson *et al.*, 2001], région géographique restreinte [Bates *et al.*, 2003 (1)(2) ; Garner *et al.*, 2005] et sur un réseau d'élevage recomposé [Durand *et al.*, 2000]), soit à des études sur des voies de diffusion particulières [Gerber, 2000 ; Gloster *et al.*, 2006]. A chaque fois, les conclusions de ces études montrent que l'efficacité des méthodes de lutte est fonction de l'état des lieux lors de la découverte d'un foyer ; étendue et types d'élevages précédemment infectés. Cette diffusion silencieuse avant la découverte de la maladie (et donc avant la mise en place des mesures de lutte dont l'interdiction des mouvements) a été paradoxalement peu étudiée [Durand *et al.*, 2000 ; Green *et al.*, 2006]. De ce fait, le poids des différentes voies de propagation (locale/à distance) est mal connu. En parallèle, les études sur l'organisation et les relations entre élevages qui consistent à estimer la vulnérabilité du réseau d'animaux face à une épizootie, connaissent un fort intérêt [Webb, 2005] mais sont rarement jointes à des modèles de diffusion de maladie [Kao *et al.*, 2006 ; Ortiz *et al.*, 2006].

Finalement, peu d'auteurs se sont intéressés à une diffusion d'ensemble de la maladie sur le réseau d'élevages en France et reposant sur un modèle proche de la réalité [Le Menach *et al.*, 2005].

### III - MATERIELS ET METHODES

#### 1. MODELE DE DIFFUSION DE LA MALADIE

L'étude est fondée sur un modèle individu-centré en temps discret (le pas de temps étant la journée), utilisé pour simuler la dynamique induite par les interactions entre la population animale (l'unité étant un élevage) et la maladie qui évolue et se propage dans et entre les élevages. Le modèle a été construit en séparant la dynamique de l'infection (en simulant la diffusion « libre » de la maladie) de l'aspect « surveillance passive de la maladie/découverte du 1<sup>er</sup> foyer ».

##### 1.1. DYNAMIQUE DE L'INFECTION DANS UN ELEVAGE

La maladie a été représentée en associant à chaque élevage un état de santé. Les états de santé diffèrent entre eux selon la présence (ou pas) du virus ou le fait que l'élevage soit (ou pas) susceptible de transmettre l'infection. Il a été choisi de classer un élevage de la façon suivante, comme :

- Sensible (S) : L'élevage n'est pas infecté, le virus ne circule pas dans l'élevage ;
- En latence (E) : Le virus est présent chez quelques animaux (celui ou ceux qui ont introduit le virus) mais l'élevage n'est pas encore considéré comme susceptible de transmettre l'infection ;
- En excrétion (I) : Une proportion importante des animaux hébergent le virus, et l'élevage est susceptible de transmettre l'infection soit par la vente d'animaux soit par contact. La proportion d'animaux hébergeant le virus est notée  $\pi_e$  où e est l'une des quatre espèces possibles (bovine, ovine, caprine et/ou porcine). Cette proportion correspond à une prévalence instantanée moyenne de l'infection par le virus ;
- Immun (R) : La majorité des animaux sont immuns et le virus ne circule plus dans l'élevage. Bien que les animaux immuns puissent rester porteurs du virus, la fréquence de ce phénomène est considérée comme suffisamment faible pour qu'un élevage dans l'état R ne soit plus considéré comme susceptible de transmettre l'infection. Par ailleurs, l'hypothèse qu'un élevage dans l'état R ne

peut pas être contaminé à nouveau est faite.

Dans chaque état, le nombre d'élevages de chaque espèce est représenté par les variables d'état S(t), E(t), I(t) et R(t).

La transition S-E correspond à l'infection d'élevages indemnes. Elle est décrite plus bas. Les transitions E-I et I-R sont modélisées en supposant des temps de résidence fixes spécifiques d'espèce dans les états E et I. Ces paramètres représentent les caractéristiques de la souche virale incriminée combinées à celles de l'espèce/hôte.

##### 1.2. DIFFUSION DE L'INFECTION ENTRE ELEVAGES

Deux modes de diffusion entre élevages ont été pris en compte : la diffusion « locale » par contact entre élevages et la diffusion « distante » par le commerce des animaux vivants.

###### 1.2.1. Diffusion locale

###### ➤ Diffusion locale directe

Elle correspond à un contact direct entre animaux d'élevages différents : exploitations voisines ou parc contigus, partage de pâtures,...

Sont considérées à risque ou exposées toutes exploitations présentes dans un rayon  $r_d$  autour d'une exploitation qui se trouve dans l'état I. Cette diffusion est donc densité dépendante. L'occurrence des contacts est modélisée par une probabilité journalière de contact local direct notée  $p_d$ . Finalement, lorsqu'un contact se produit, l'infection est transmise à l'élevage sain par l'élevage atteint selon une probabilité d'infection qui dépend de la prévalence instantanée de l'infection dans l'élevage atteint ( $\pi_e$ ) et d'un coefficient de transmission noté  $\beta_d$ , suivant la formule :

$$P_D = 1 - e^{-\beta_d \sum_e 1_e \pi_e} \quad (1)$$

Où :

- $e$  est l'une des quatre espèces étudiées
- $1_e$  vaut 1 si l'élevage qui se trouve dans l'état I contient des animaux de l'espèce e et 0 sinon.

### ➤ Diffusion locale indirecte

Elle correspond au transport du virus d'un élevage infecté à un élevage indemne par les animaux des espèces non sensibles, des personnes ou des objets (moyens de transport, matériel en commun,...).

De la même façon que pour les contacts directs, on suppose que les exploitations exposées sont celles qui se situent dans un rayon déterminé, noté  $r_i$  autour de l'exploitation qui se trouve dans l'état I. Cependant, on fait l'hypothèse que, parmi ces exploitations exposées, le nombre d'exploitations pour lesquelles un contact indirect a lieu en une journée suit une loi de Poisson de paramètre  $\lambda_i$ . Comme pour la diffusion locale directe, lorsqu'un contact se produit, l'infection est transmise à l'élevage sain par l'élevage atteint selon une probabilité d'infection qui dépend de  $\pi_e$  et d'un coefficient de transmission, ici  $\beta_i$  (formule (1)). Il est à noter que la diffusion locale indirecte résulte d'un tirage au sort quotidien et se distingue donc de la diffusion locale directe, densité-dépendante.

#### 1.2.2. Diffusion par mouvements d'animaux

Cette diffusion, qualifiée de diffusion « distante », est assurée par l'intermédiaire de mouvements d'animaux ; un mouvement est défini comme un transfert à une date donnée d'un ou plusieurs animaux d'un élevage à un autre.

Pour un élevage dans l'état I, la probabilité d'infecter l'élevage destinataire des animaux lors d'un mouvement,  $P_F$ , correspond à la probabilité qu'un animal transféré au moins soit porteur du virus. Cette probabilité repose donc sur  $\pi_e$ , la prévalence instantanée de l'infection dans les élevages I, suivant la formule :

$$P_F = 1 - \prod_e (1 - \pi_e)^{n_e},$$

où  $n_e$  est le nombre d'animaux transférés appartenant à l'espèce e.

### ➤ Diffusion par regroupement d'animaux

On entend par allotement tout rassemblement temporaire d'animaux provenant d'origines différentes qu'ils soient déchargés ou non. Cela va de l'allotement dans les camions aux passages par des centres d'allotement ou des marchés avec déchargement et parage des

animaux. Cette pratique de rassemblement temporaire induit des contacts entre animaux susceptibles de transmettre la maladie. C'est pourquoi, cette diffusion est identifiée et prise en compte.

Un lot est défini par un ensemble de mouvements se produisant le même jour avec allotement des animaux ; les animaux concernés par ces mouvements issus d'élevages indemnes sont alors considérés comme potentiellement exposés si l'un des mouvements est issu d'un élevage dans l'état I. Mais tous ne le sont pas nécessairement : lorsqu'un mouvement d'animaux passe par un marché ou un centre d'allotement, les animaux concernés n'entrent pas tous en contact avec l'ensemble des animaux présents mais avec une partie d'entre eux seulement.

Tout comme pour la diffusion locale, la diffusion par allotement est modélisée en s'intéressant d'abord à une probabilité de contact, puis à la probabilité d'infection. Au sein d'un lot, on suppose que le nombre de contacts entre un mouvement donné et d'autres mouvements suit une loi de Poisson de paramètre  $\lambda_i$ . Lorsqu'un contact se produit, l'infection peut être transmise d'un mouvement à l'autre selon une probabilité construite de façon identique à la probabilité de transmission par contact direct (formule (1)).

L'ensemble des paramètres est récapitulé dans le tableau 1.

## 2. EXPLOITATION DU MODELE

### 2.1. STRATEGIE D'EXPLOITATION DU MODELE

L'objectif de l'exploitation du modèle était de pouvoir faire varier les paramètres ; caractéristique « souche », région d'introduction, types d'élevage et espèce présentes. Cela a été illustré par une comparaison dans deux régions d'introduction possible du virus et très différentes : la Bretagne (grande région d'élevage de bovins et de porcins) et la région PACA (région d'élevage de petits ruminants), l'élevage de départ étant tiré au sort parmi ceux recevant un animal dans le listing des mouvements.

L'exploitation du modèle a été faite par simulation de Monte-Carlo. L'analyse de la diffusion de la maladie (circulation virale) a été découplée de celle de l'identification de la maladie pour pouvoir étudier sa phase silencieuse.

**Tableau 1**  
**Récapitulatif des paramètres du modèle**

Sigle	Définition	Valeur
<b>Paramètres d'espèces</b>		
$T_{E, BV}$	<b>Bovins :</b> Temps de résidence dans l'état E	5 jours
$T_{I, BV}$	Temps de résidence dans l'état I	7 jours
$T_{E, OV} = T_{E, CP}$	<b>Petits ruminants :</b> Temps de résidence dans l'état E	5 jours
$T_{I, OV} = T_{I, CP}$	Temps de résidence dans l'état I	15 jours
$\pi_{BV}$	Proportion de bovins hébergeant le virus dans un troupeau	0,8
$\pi_{OV} = \pi_{CP}$	Proportion de petits ruminants hébergeant le virus dans un troupeau	0,2
<b>Paramètres de diffusion</b>		
$r_d$	Rayon d'action pour la contamination locale directe	1 km
$r_i$	Rayon d'action pour la contamination locale indirecte	10 km
$P_d$	Probabilité de contact direct entre élevages proches	0,2
$\lambda_i$	Paramètre de la loi de Poisson permettant le tirage au sort du nombre d'élevages lors de contact indirect	0,5
$\lambda_l$	Paramètre de la loi de Poisson permettant le tirage au sort du nombre de mouvement-contact dans un lot	10
$\beta_d$	Coefficient de transmission pour la contamination locale directe	2
$\beta_i$	Coefficient de transmission pour la contamination locale indirecte	0,5
<b>Paramètres de surveillance passive</b>		
$\delta_{BV}$	Probabilité journalière de détection des signes cliniques chez les bovins	1,49%
$\delta_{OV} = \delta_{CP}$	Probabilité journalière de détection des signes cliniques chez les petits ruminants	0,34%

## 2.2. ESTIMATION DE LA PHASE SILENCIEUSE DE LA MALADIE

L'approche choisie permet de déduire de la dynamique de l'infection simulée des distributions de durée et d'amplitude moyenne de la phase silencieuse de l'épizootie.

Les états fixés pour représenter la maladie traduisent également le fait que les animaux de l'élevage présentent (ou pas) des signes cliniques et les paramètres caractérisant les états recouvrent la notion de sévérité de ces signes. Ainsi, une exploitation dans l'état I (phase d'excrétion) correspond à un élevage avec des animaux en phase clinique, phase de l'expression des symptômes. Or, la surveillance de la maladie est fondée sur la reconnaissance de cette clinique, surveillance passive exercée par un réseau d'alerte. Il est à noter que cette surveillance passive est dépendante du niveau de formation et de sensibilisation à la maladie des acteurs du réseau, et de leur volonté de coopérer au réseau d'alerte.

On modélise cette surveillance passive par la probabilité journalière de détection des signes cliniques, lorsqu'un élevage se trouve dans l'état I, pour l'espèce e. Cette probabilité  $\delta_e$

correspond donc au fait que, lorsqu'un élevage est dans l'état I, une alerte soit déclenchée.

On note  $T_S$  la variable aléatoire « durée de la phase silencieuse de l'épizootie », qui correspond à la durée de l'intervalle de temps entre l'introduction du virus et l'identification du premier foyer par la surveillance passive. Si l'on suppose les probabilités journalières de détection indépendantes entre elles (d'un pas de temps sur l'autre et d'un élevage infecté à l'autre), la fonction de répartition de  $T_S$  s'exprime en fonction de  $\delta_e$  et de la dynamique du nombre d'élevages dans l'état I,  $I(t)$  suivant la formule :

$$P(T_S < \tau) = 1 - \prod_{t \leq \tau} (1 - \delta_e)^{I_e(t)}$$

Où  $I_e(t)$  est le nombre d'élevages hébergeant des animaux de l'espèce e qui se trouvent dans l'état I au pas de temps t.

L'espérance de  $T_S$  correspond alors à la durée moyenne de la période silencieuse, pour l'épizootie considérée et peut s'exprimer par la formule :

$$E(T_S) = \sum_{0 \leq t < \infty} t P(T_S = t)$$

On peut finalement s'intéresser à la variable aléatoire  $N_S$  « nombre d'élevages contaminés au cours de la phase silencieuse de l'épizootie ». Si on note  $N(t)$  le nombre d'élevages qui ont été infectés jusqu'au pas de temps  $t$  ( $N(t) = E(t) + I(t) + R(t)$ ), l'espérance de  $N_S$  peut s'exprimer par la formule :

$$E(N_S) = \sum_{0 \leq t \leq \infty} N(t) P(T_S = t)$$

Sa fonction de répartition est calculée en se basant sur celle de  $T_S$  :

$$P(N_S < n) = \sum_{N(t) < n} P(T_S = t)$$

Une approche analogue est mise en œuvre pour la variable aléatoire « nombre de départements contaminés au cours de la phase silencieuse de l'épizootie ».

### 3. DONNEES/DETERMINATION DES PARAMETRES

Toutes les populations de bovins, ovins, caprins et porcins françaises ont été considérées dans le modèle comme entièrement sensibles. Mais dans cette première étude, la collecte de données n'a porté que sur les ruminants ; les données sur les porcs n'ayant pas été disponibles. Les informations utilisées sont issues de la base de données nationale d'identification (BDNI) gérée par le ministère de l'agriculture. Les données ont été traitées sous Access® et par un système de gestion de base de données client/serveur PostgreSQL et ont été illustrées grâce à l'utilisation du logiciel Arcview®.

#### 3.1. LA POPULATION

Les données sur les élevages de bovins correspondaient à un état des exploitations bovines au 1er janvier 2006 de la base informatique BDNI. Celles utilisées dans un premier temps pour les petits ruminants (ovins et caprins) étaient issues d'une extraction de la BDNI comprenant le recensement 2006 des élevages. Grâce à leur code d'exploitation (code EDE), les ateliers des différentes espèces ont pu être regroupés par établissement et être ensuite localisés au niveau de la commune. Le géo-référencement communal des élevages a été utilisé pour générer de façon aléatoire une position précise (latitude-longitude) au sein de la commune concernée. Les distances entre les structures ont ensuite été déduites.

#### 3.2. LES MOUVEMENTS D'ANIMAUX

##### ➤ Les bovins

Les informations portant sur les flux de bovins ont été recueillies pour l'année 2005 d'après les données de la base informatique BDNI, correspondant pour chaque bovin à des périodes de détention dans chacun des élevages. Cette année a été choisie car non soumise aux restrictions de mouvements dues à la fièvre catarrhale. L'objectif a été alors de reconstituer les mouvements d'élevage à élevage, comme définis plus haut (flux de bovins entre exploitations à un jour donné). L'ensemble des transferts de chaque bovin entre exploitations, leur carrière, a été reconstitué en s'appuyant sur les dates de sortie et d'entrée ; 3 515 696 carrières. La compilation de ces carrières a permis d'obtenir les mouvements d'une exploitation à une autre.

Pour définir un lot, un critère de tri des mouvements a été fixé permettant de sélectionner de façon raisonnable des allotements potentiels. Ainsi, tout mouvement comportant deux origines ou deux destinations différentes et cinq animaux est considéré comme un point de départ d'allotement. Puis tous autres mouvements effectués le même jour, liés aux exploitations concernées par la sélection, ont été regroupés pour former un lot.

##### ➤ Les ovins et caprins

L'information sur l'intégralité des flux n'existe pas actuellement. La base de données informatique est en cours d'élaboration. La collecte de certaines informations pour les petits ruminants a conduit à réaliser une enquête auprès d'experts de la filière.

#### 3.3. LA MALADIE ET LA SURVEILLANCE PASSIVE

Les paramètres relatifs à la maladie ont été choisis grâce aux informations disponibles dans la littérature et sur des épizooties passées et sont présentés dans le tableau 1. Concernant la surveillance passive, la probabilité cumulée qu'un élevage infecté soit identifié en tant que foyer au cours du stade I est fixée à 10% pour les élevages bovins et à 5% pour les élevages de petits ruminants.

---

## IV - RESULTATS

---

### 1. POPULATION ET MOUVEMENTS D'ANIMAUX

#### 1.1. LA POPULATION

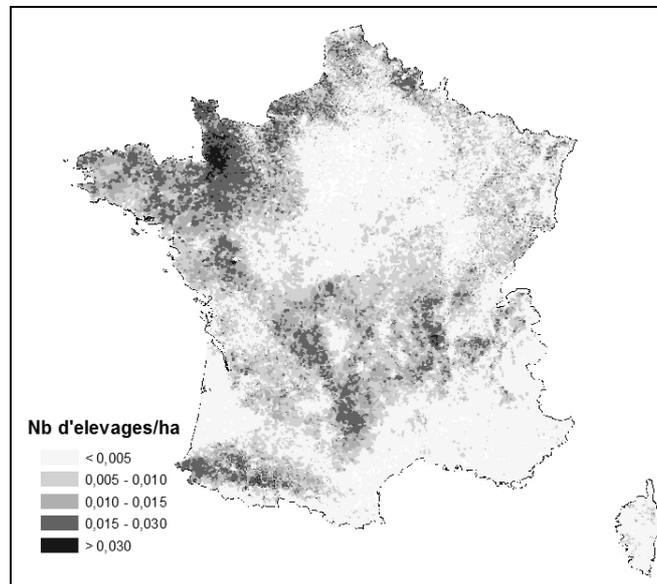
Trois cent soixante sept mille cinquante six exploitations ont été répertoriées et géo-référencées dont 243 873 ateliers bovins et 160 343 ateliers de petits ruminants.

La représentation géographique des élevages a été faite par exploitation et non par nombre d'animaux sous forme de densité fixée à la commune (figure 1). De façon générale, les élevages étaient plutôt implantés dans le grand-ouest (Bretagne/Normandie), la région centre et au sud-ouest autour des Pyrénées.

**Figure 1**

**Répartition spatiale des cheptels de ruminants.**

Densité des élevages.



#### 1.2. LES MOUVEMENTS A DISTANCE

Les informations issues d'interviews (résultats d'enquête) et de recherches bibliographiques n'ont pas permis d'établir de façon exploitable les flux de petits ruminants et cette partie nécessite une nouvelle synthèse.

Cependant, les données des flux à distance de bovins ont pu être intégrées, à savoir :

- 1 968 103 mouvements d'élevage à élevage (flux journaliers) ont été reconstitués pour l'année 2005 correspondant à 3 168 383 bovins. 191 367 exploitations étaient concernées par des sorties d'animaux vers d'autres élevages (78%) et 131 765 par des introductions (54%).

- 57 052 lots ont été reconstitués pour un total de mouvements inclus dans les lots de 1 542 237 soit 78 % des mouvements, proportion stable sur l'année. Cela correspondait à 2 251 257 animaux allotés transférés, soit 71% des animaux transférés d'une exploitation à une autre.

- Il est ressorti également que l'activité majeure des mouvements de bovins (seuls ou en lot) se situait plutôt dans le grand ouest (Bretagne/Normandie). La région Bretagne se distinguait aussi par un nombre de bovins introduits dans cette région supérieur au nombre de bovins sortant de la région.

- Sur tout le territoire, la proportion des mouvements intra-départementaux dépassait rarement les 20% et signe des pratiques commerciales plus larges que le cadre départemental. En effet, la moyenne des distances des mouvements était de 163 km et 88% de ces flux se faisaient sur une distance de plus de 10 km. On a constaté également que les mouvements des animaux en lot correspondaient à des flux sur de plus longues distances que ceux des animaux non allotés : environ 75% des mouvements d'animaux non allotés couvraient une distance inférieure à 60 km alors que 75% des mouvements d'animaux allotés se faisaient sur une distance supérieure à 60 km.
- La variation saisonnière était la même quel que soit le type de mouvement ou le type d'exploitation ; pics au printemps et en automne et creux en été.

## 2. EXPLOITATION DU MODELE

L'exploitation du modèle a consisté à étudier la diffusion silencieuse et la probabilité de détection de la maladie lors d'introduction du virus dans deux régions différentes ; la Bretagne et la région PACA.

Les simulations se sont déroulées pendant une durée maximale de huit semaines et ont été

arrêtées lorsque le nombre d'élevages infectés a dépassé 1 000. Pour chacune des deux régions, 50 simulations ont été effectuées.

Les flux des petits ruminants n'ont pas été inclus dans la dynamique de diffusion à distance.

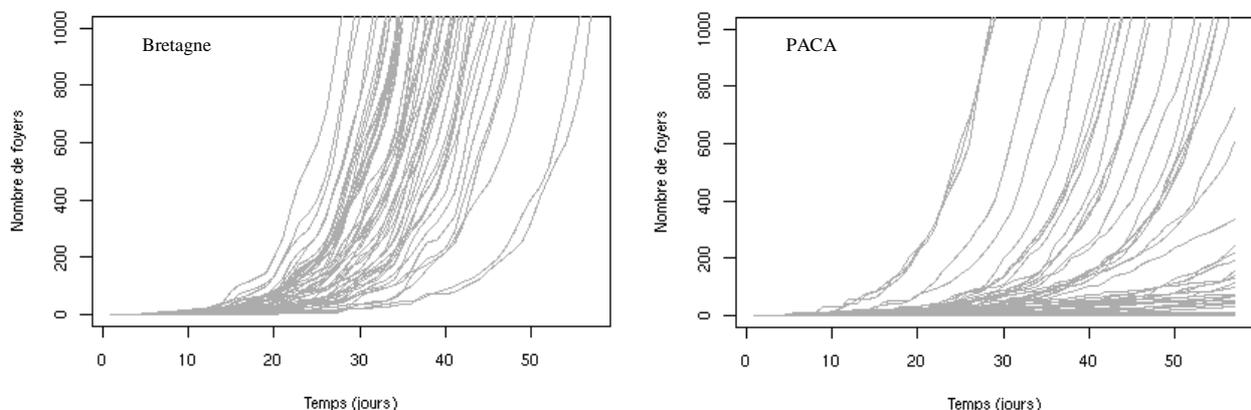
### 2.1. PROFILS DE LA DIFFUSION

Le profil des séries de simulations était différent selon la région d'introduction (figure 2). On a observé une augmentation rapide du nombre de foyers entre 20 et 40 jours après l'introduction du virus pour toutes les épidémies démarrant en Bretagne ; toutes atteignaient plus de 1 000 foyers avant la fin de la période simulée (huit semaines). Pour les épidémies démarrant en PACA, l'évolution était plus disparate en matière de rapidité et d'ampleur de diffusion.

A la fin du temps de la période simulée, pour les épidémies démarrant en Bretagne, il restait toujours un ou plusieurs foyers susceptibles de transmettre le virus (i.e. dans les états E ou I). Inversement, pour les épidémies démarrant dans la région PACA, 12% des simulations (6/50) se soldaient par un assainissement (tous les foyers étant dans l'état R avant les 8 semaines) avec un foyer unique pour cinq épidémies et huit foyers pour la dernière.

Figure 2

### Fonctions de distribution du nombre de foyers. Série de 50 simulations.



## 2.2. DUREE DE LA PHASE SILENCIEUSE

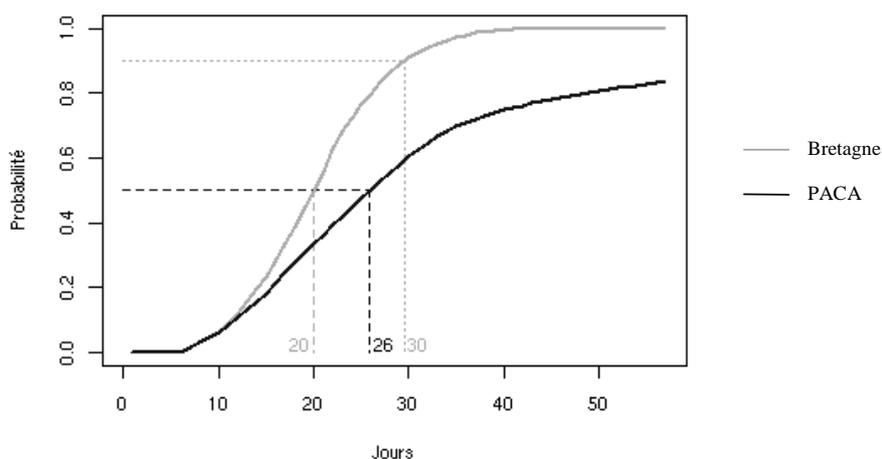
Là aussi, les résultats de la simulation ont montré que les épizooties démarrant en Bretagne se caractérisaient par une détection plus précoce et donc une phase silencieuse

plus courte que celles démarrant en PACA (figure 3) ; la durée moyenne de la phase silencieuse était de 20 jours pour une épizootie démarrant en Bretagne et de 29 jours en région PACA.

Figure 3

### Fonction de répartition de la durée de la phase silencieuse.

Les valeurs de la médiane et du percentile 90% sont affichées.



Pour la région PACA, le 90<sup>ème</sup> percentile était supérieur à 56 jours (huit semaines) : la probabilité que la période silencieuse dure moins de 56 jours était de 83%. Ainsi, dans cette région, 17% des épizooties avaient une phase silencieuse de plus de huit semaines.

## 2.3. AMPLEUR DE LA PHASE SILENCIEUSE

Les résultats des simulations ont montré également que la répartition du nombre d'élevages infectés le jour de la découverte du premier foyer était très variable (figure 4). Il y avait en moyenne 56 élevages infectés lorsque l'épizootie démarrait en Bretagne contre 31 lorsqu'elle démarrait en PACA. Dans une situation favorable (10<sup>ème</sup> percentile), six foyers secondaires auraient été consécutifs à une introduction du virus en Bretagne et un seul à une introduction en PACA. Inversement, dans une situation beaucoup moins favorable, le nombre d'élevages infectés le jour de la découverte du premier foyer aurait été de 134 si l'épizootie démarrait en Bretagne et de 81 si elle avait démarré en PACA. D'une façon générale, le nombre d'élevages infectés au cours de la phase silencieuse était plus important lors d'une introduction de la FA en

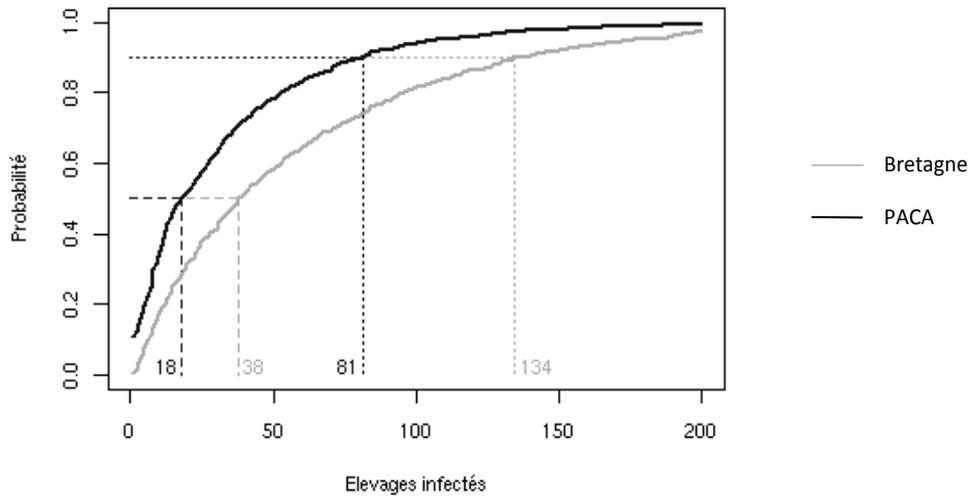
région bretonne qu'en région PACA. Cependant, quelle que soit la région d'introduction, la probabilité que ce nombre d'élevages dépasse 200 était très faible.

Outre par le nombre de foyers secondaires, l'ampleur de la diffusion silencieuse pouvait aussi se mesurer par son extension géographique. Dans ce cas, on a constaté que le nombre de départements concernés était assez proche pour les deux régions d'introduction (figure 5). La moyenne des départements touchés à l'issue de la phase silencieuse était de six pour une épizootie démarrant en Bretagne et quatre si elle avait démarré en PACA. Dans 25% des cas, les foyers des deux régions seraient restés limités à un seul département. Au 90<sup>ème</sup> percentile (situation peu favorable), 18 départements étaient infectés lorsque l'épizootie démarrait en Bretagne et 15 lorsqu'elle avait démarré en PACA.

L'introduction du virus en Bretagne a abouti donc à un nombre de foyers plus grand que si cette introduction avait eu lieu dans la région PACA, mais cependant sans que la dispersion de ces cas n'ait été nettement plus importante.

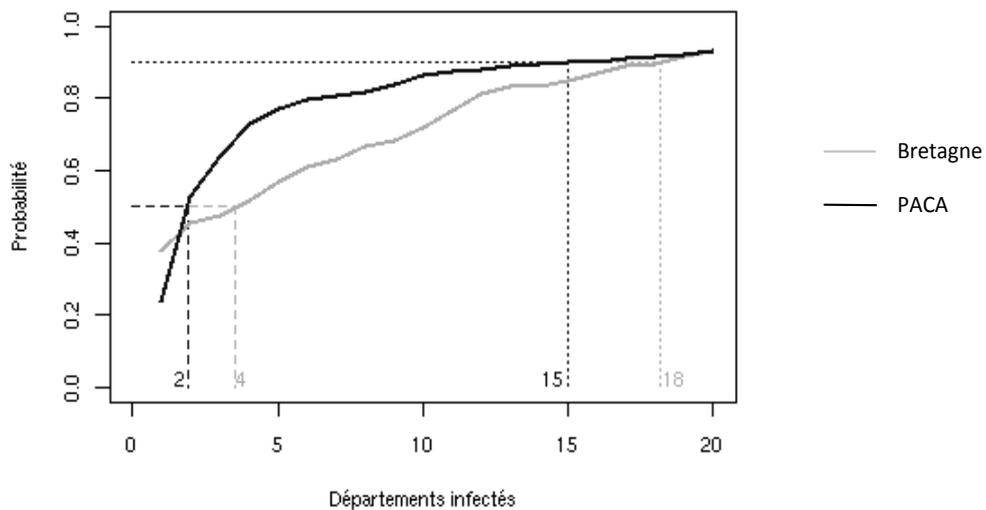
**Figure 4**  
**Fonction de répartition du nombre d'élevages infectés le jour de la découverte du premier foyer.**

Les valeurs de la médiane et du percentile 90% sont affichées.



**Figure 5**  
**Fonction de répartition du nombre de départements infectés le jour de la découverte du premier foyer.**

Les valeurs de la médiane et du percentile 90% sont affichées.



---

## V - DISCUSSION

---

### 1. LES DONNEES

Les données d'élevage utilisées, sans analyse approfondie, apportent déjà des informations : les régions d'élevage se distinguent, bien sûr, par leur densité et pour leur taux de mouvements entre élevages mais aussi par des mouvements d'entrée d'animaux dans le département plus nombreux que ceux de sortie. Les transferts se font sur de grandes distances, souvent hors du département d'origine, et de façon largement majoritaire avec des animaux en lot.

Les données de mouvements de bovins sont cependant partielles. Elles ont été récoltées sur une année et nous ne nous sommes intéressés qu'aux mouvements d'élevage à élevage. Bien sûr, il existe d'autres mouvements qui peuvent interagir ; les mouvements vers l'équarrissage, l'abattoir, l'exportation et importation, et d'autres mouvements temporaires comme les estives, la participation à des manifestations, la fête de l'Aïd ...

Le critère choisi de tri des mouvements pour identifier des allotements (et donc des lots) a été fondé sur le nombre d'élevages, d'origines ou destinations, et un nombre d'animaux. Les passages par les centres d'allotement ou par des marchés sont également enregistrés dans la BDNI mais sur une base différente de celle enregistrant les mouvements d'élevage à élevage. Leur contenu est en cours d'étude et non validé pour le moment. Dans un premier temps, il a donc été décidé d'estimer ces rassemblements par formation de lots qui informent sur la notion de contact entre animaux, indépendamment finalement du mode de commerce. Cette estimation est à comparer avec les données de l'Office de l'élevage (Office de l'élevage, 2008) : 32% de parts de marché dans le commerce de bovins sont générées par des organisations commerciales (large répartition géographique), 52% par des négociants (rayon d'action départemental) et le reste (16%), se gère en direct de propriétaire à propriétaire. Pour les opérateurs commerciaux (les deux premiers, 85% de la gestion du commerce), les transferts d'animaux se font préférentiellement par regroupement (allotement) d'animaux. Dans l'étude, l'estimation des mouvements avec animaux allotés représentait 78% des mouvements et 71% des animaux, sur une distance supérieure à 60 km (médiane de

121km et moyenne de 191km) ce qui montre bien l'activité des organisations commerciales. Ces résultats corroborent les données de l'Office de l'élevage.

L'étude n'a porté que sur les ruminants et de façon majoritaire sur les bovins. Les données bovines sont les seules renseignées. Les porcs n'ont pas été intégrés car la base de données n'était pas accessible au moment de l'étude. Pour les petits ruminants, la base n'est pas encore effective et un recueil d'avis d'experts est en cours pour estimer ces flux. La première information unanime sur les petits ruminants indique que ces mouvements d'élevage à élevage seraient très minoritaires par rapport à ceux des animaux de boucherie. Malgré ce manque de données, il apparaissait important d'inclure d'ores et déjà les populations ovines et caprines dans l'étude, contrairement aux porcs car le mode d'élevage des petits ruminants (ouvert et moins intégré) leur fait jouer un rôle important dans la diffusion locale.

### 2. LE MODELE ET SON EXPLOITATION

La dynamique de diffusion de la maladie a été décomposée en trois temps : l'exposition, le contact et l'infection suite au contact. Ce découpage permet de traduire et de faire le lien avec le recueil d'informations sur le terrain lors d'épizootie et permettra par la suite de simuler la conduite d'enquêtes épidémiologiques (qui facilitent l'identification des contacts mais bien sûr pas de la transmission du virus). Il est à noter également que seuls deux modes de diffusion ont été étudiés et qu'il n'a pas été tenu compte des autres mouvements d'animaux (autres que d'élevage à élevage).

La comparaison d'introduction de la maladie dans les deux régions Bretagne et PACA a mis en évidence certains points ; une introduction en Bretagne présente une diffusion silencieuse de la maladie plus rapide et plus importante en terme de foyers. La détection est alors plus rapide (cette phase silencieuse est plus courte). La détection peut être corrélée au nombre d'élevages infectés qui ne peuvent au bout d'un certain temps passer inaperçus. Par contre, il n'y a pas de différence nette dans la dispersion géographique suivant les deux lieux d'introduction.

Les deux régions ont été choisies pour leur densité d'élevages différente. Par ailleurs, en Bretagne, non seulement le cheptel est très important mais de surcroît les mouvements entre exploitations sont très nombreux. Cette exploitation du modèle de diffusion illustre une influence de la densité (ayant un rôle dans la contagion locale) et des flux d'animaux dans la diffusion de la maladie. Les simulations devraient pouvoir préciser le poids relatif de chaque dynamique de diffusion et étudier l'influence de l'espèce et du type de production.

Enfin, l'illustration de l'exploitation du modèle démontre les larges potentiels d'analyse en matière d'identification de type d'élevages ou de zones à risque et de définition de voies préférentielles de circulation de l'épizootie. L'étude va également intégrer toutes les données disponibles sur les petits ruminants, les porcs et les opérateurs commerciaux. Ces travaux doivent pouvoir aboutir à une analyse de la structure du réseau d'échanges d'animaux vivants, plus poussée, et permettant d'étudier la façon selon laquelle l'évolution de cette structure modifierait la diffusion silencieuse d'une épizootie de fièvre aphteuse.

Le modèle ainsi créé a, *in fine*, pour objectif d'étudier le coût et l'efficacité des moyens de lutte. Il conviendra alors après avoir précisément décrit les mesures de lutte en

question et leurs conséquences (vaccination péri-focale, abattage préventif...) d'évaluer leur coût et de comparer l'efficacité des différentes stratégies de lutte par rapport à ces coûts. Cette approche de connexion entre l'épidémiologie et l'économie est couramment effectuée ; les résultats du modèle épidémiologique étant utilisés comme entrées pour l'étude économique dans des études aussi bien rétrospectives que prospectives pour ce qui concerne la fièvre aphteuse [Bates *et al.* (3), 2003 ; Abdalla *et al.*, 2005 ; Yoon *et al.*, 2006 ; Mahul *et al.*, 2000 ; Harvey *et al.*, 2007].

En résumé, outre l'étude de la phase silencieuse, ce modèle de diffusion réaliste de la fièvre aphteuse peut permettre à travers des scénarios simulés :

- De réaliser une analyse de réseau du système d'élevage français et la caractérisation de sa vulnérabilité structurelle (répartition et flux d'animaux) face à la diffusion de la maladie : caractérisation des voies de diffusion, définition de zone à risque....
- D'actualiser et affiner la comparaison des moyens de lutte selon leur coût et leur efficacité (en termes de durée) et la variabilité de ces performances.

---

## VI - CONCLUSION

---

Le modèle de diffusion établi repose sur des données françaises d'élevage réelles. L'exploitation du modèle a permis dans un premier temps de définir une estimation de la phase silencieuse de la maladie, en termes de nombre d'élevages infectés et d'extension géographique pour des critères d'introduction fixés. Ainsi, les travaux ont été illustrés par une comparaison sur deux lieux d'introduction différents, la Bretagne et la région PACA ; en cas d'émergence de la fièvre aphteuse en Bretagne, région à plus forte densité

d'élevages et d'intensité de mouvements d'animaux élevée, la phase silencieuse est plus courte mais plus sévère en termes de foyers que dans une région comme PACA.

Cette étude apporte donc les premiers éléments pour étudier l'interrelation entre structure d'élevages et diffusion de la maladie. Ce projet devrait conduire à une analyse de structure du réseau plus approfondie et vers une étude plus large de comparaison des moyens de lutte et d'aide à la décision.

---

**BIBLIOGRAPHIE**

---

- Abdalla A., Beare S., Cao L., Garner G., Heaney A. - Foot and Mouth Disease : Evaluating alternatives for controlling a possible outbreak in Australia, ABARE e-Report 05.6, Australian, Bureau of Agricultural and Resource Economics, 2005, 28p.
- Bates T.W., Thurmond M.C., Carpenter T.E. - Description of an epidemic simulation model for use in evaluating strategies to control an outbreak of foot-and-mouth disease. *AJVR*, 2003 (1), **64**(2), 195-204.
- Bates T.W., Thurmond M.C., Carpenter T.E. - Results of epidemic simulation modelling to evaluate strategies to control an outbreak of foot-and-mouth disease. *AJVR*, 2003 (2), **64**(2), 205-210.
- Bates T.W., Carpenter T.E., Thurmond M.C. - Benefit-cost analysis of vaccination and pre-emptive slaughter as a means of eradicating foot-and-mouth disease. *AJVR*, 2003 (3), **64**(7), 805-812.
- Durand B., Mahul O. - An extended state-transition model for foot-and-mouth diseases epidemics in France. *Prev. Vet. Med.*, 2000, **47**, 121-139.
- Ferguson N.M., Donnelly C., Anderson R. M. - The foot-and-mouth epidemic in Great Britain: pattern of spread and impact of interventions. *Science*, 2001, **292**, 1115-1160.
- Garner M.G., Beckett S.D. - Modelling the spread of foot-and-mouth disease in Australia. *Aus. Vet. Journal*, 2005, **83**(12), 758-766.
- Gerbier G. - Evaluation de la diffusion spatiale de la fièvre aphteuse dans des zones à forte densité animale. Thèse, Université Paris XI, 2000, 202 p.
- Gloster J., Sellers R., Webster H., Valarcher J.-F.. Assessing the risk of airborne spread of foot-and-mouth disease - Case study. *Weather*, 2006, **61**, 137-142.
- Green D.M., Kiss I.Z., Kao R.R. - Modelling the initial spread of foot and mouth disease through animal movements. *Proc. R. Soc. B*, 2006, **273**, 2729-2735.
- Harvey N., Reeves A., Schoenbaum M.A., Zagmutt-Vergar, Dubé C., Hill A.E *et al.* - The North American Animal Disease Spread Model: A simulation model to assist decision making in evaluating animal disease incursions. *Prev. Vet. Med.*, 2007, **82**, 176-197.
- Kao R.R., Danon L., Green D.M, Kiss I.Z. - Demographic structure and pathogen dynamics on the network of livestock movements in Great Britain. *Proc. R. Soc. B*. doi:10.1098/rspb, 2006, 3505.
- Keeling M.J., Woolhouse M.E.J. - Dynamics of the 2001 UK foot and mouth epidemic; stochastic dispersal in a heterogeneous landscape. *Science*, 2001, **294**, 813-817.
- Keeling MJ. - Models of foot-and-mouth disease. *Proc. R. Soc. B.*, 2005, **272**, 1195-1202.
- Kitching RP, Thrusfield MV, Taylor NM. - Use and abuse of mathematical models: an illustration from the 2001 foot and mouth disease epidemic in the United Kingdom. *Rev. Sci. Tech. Off. Int. Epiz.*, 2006, **25** (1), 293-312.
- Le Menach A., Legrand J., Grais R.F., Vibaoud C., Valleron A.J., Flahault A. - Modelling spatial and temporal transmission of foot and mouth disease in France: identification of high-risk areas. *Vet. Res.*, 2005, **36**, 699-712.
- Mahul O, Durand B, - Simulated economic consequences of foot-and-mouth diseases epidemics and their public control in France. *Prev. Vet. Med.*, 2000, **47**, 23-38.
- Ortiz-Pelaez A., Pfeiffer D.U., Soares-Magalhaes R.J., Guitian F.J. - Use of social network analysis to characterize the pattern of animal movements in the initial phases of the 2001 foot and mouth disease (FMD) epidemic in the UK. *Prev. Vet. Med.*, 2006, **76**, 40-55.
- Webb CR. - Farm animal networks: unravelling the contact structure of british sheep population. *Prev. Vet. Med.*, 2005, **68**, 3-17.
- Yoon H., Wee S.H., Stevenson M.A., O'Leary B.D., Morris R.S., Hwang I.J. *et al.* - Simulation analyses to evaluate alternative control strategies for the 2002 foot-and-mouth disease outbreak in the republic of Korea. *Prev. Med. Vet.*, 2006, **74**, 212-225.