INVESTIGATION D'UNE EPIZOOTIE D'IBR EN SAONE-ET-LOIRE A L'AIDE DE L'ALGORITHME DE DIJSKTRA*

Etienne Petit[1], **Elodie Pageot**[2] et **Jean-Paul Christophe**[2]

RESUME

A la suite de circulations virales importantes et inhabituelles d'IBR (Rhinotrachéite infectieuse bovine) au cours de l'été 2008 dans quelques secteurs de Saône-et-Loire, des investigations ont été menées par le GDS dans les élevages touchés pour tenter de comprendre comment le virus avait pu circuler entre les différents lots de ces élevages pendant la période de pâturage. Pour analyser ces observations on a fait appel à l'algorithme de Dijkstra qui est utilisé par les logiciels de navigation pour rechercher les itinéraires les plus courts dans un graphe composé de points, ici les lots contaminés, et de liens, ici les différents points de contact comme le voisinage de pré, les mouvements d'animaux, les interventions sur les animaux. L'enquête a recensé tous les points de contact déclarés par les éleveurs pour les lots contaminés et un programme développé sous Excel© a exploré tous les chemins possibles permettant d'expliquer la circulation du virus. Il ressort un taux d'explication de 35% des lots contaminés qui s'élève à 58% si on admet que la vaccination FCO faite le même jour par un même vétérinaire est un facteur de transmission possible entre deux lots. Une simulation sur la date de début de circulation dans les lots montre que le taux d'explication chute rapidement si on suppose que les circulations ont démarré après la mise à l'herbe. Cette observation amène à penser que le début de la circulation IBR était sans doute antérieure et non liée à une éventuelle réactivation virale qui aurait été provoquée par le passage du virus de la FCO qui a sévi sur ces secteurs lors de l'été 2008. Les limites de l'enquête et de la méthode utilisée sont discutées.

Mots-clés : IBR, épizootie, analyse des réseaux sociaux, Dijktra, Saône-et-Loire.

SUMMARY

Numerous and unusual IBR epizootics were reported in the Summer 2008 in some areas of Saône-et-Loire (France).This led to investigations by the GDS (Animal Health Farmers' Organization) in the affected herds to understand how the virus had succeeded in contaminating various sections of those herds while they were grazing. Dijsktra's algorithm was used to analyze those observations. It is based on navigation softwares designed to find the shortest ways from one point to another in a graph-in this case, the infected parts of the herds - and their links - the various transmission routes, such as proximity in the grazing areas, animals being moved and interventions on the animals. The investigation recorded all the transmission routes reported by cattle-breeders concerning the infected parts of their herds. Moreover, a software - developed with Excel - explored all the transmission routes that could account for the epizootic.

…/..

* Texte de la communication orale présentée au cours des Journées scientifiques AEEMA, 21 mai 2010

[1] FRGDS Bourgogne, 42, rue de Mulhouse, 21000 Dijon, France
[2] GDS 71, 1 route des Grands Crus, 71000 Macon Loche, France

…/..

The explanation rate of the contaminated part is of 35% and can rise up to 58% if one admits that the BTV vaccination is a way of transmission. A simulation on the date of the beginning of the epizootic shows that the epizootic may have started previously than the BTV epizootic and that it is not linked to an eventual viral reactivation which would have been provoked by the BTV epizootic, which started on those areas during Summer 2008. The investigation and the method boundaries are being debated in the document.

Keywords: IBR, Epizootic, Social network analysis, Dijsktra, Saône-et-Loire.

I - INTRODUCTION - OBJECTIFS

A l'automne 2008, le Groupement de défense sanitaire (GDS) de Saône-et-Loire a été alerté par un certain nombre de séroconversions vis-à-vis de la rhinotrachéite infectieuse bovine (IBR) dans des cheptels antérieurement séronégatifs ou qualifiés et situés dans quelques secteurs géographiques au sud du département. Ces alertes ont largement été confirmées par les contrôles de la campagne de prophylaxie 2008-2009 puisque plus de 3 300 bovins ont été trouvés nouvellement positifs à l'échelle de 49 communes. Ce phénomène dont l'ampleur semble sans précédent dans l'histoire de l'assainissement de l'IBR en France [Parcollet, 2004] a suscité beaucoup d'inquiétude et d'interrogations quant à son origine. Une hypothèse forte a été de lier cette épizootie d'IBR « sérologique » (aucun signe clinique constaté) à celle de fièvre catarrhale ovine (FCO) qui a sévi activement sur ces secteurs lors de l'été 2008 mais aussi à la vaccination contre la FCO mise en place en urgence à cette même époque. D'un côté, la FCO aurait pu « réactiver » les bovins infectés latents d'IBR [Thiry *et al.*, 1997] et, de l'autre côté, la vaccination aurait pu contribuer à la propagation de l'IBR [Markoschey et Beer, 2004] mais également à sa réactivation. Une enquête cas/témoins permettant de comparer des facteurs de risque entre lots contaminés et lots non contaminés a été envisagée [Toma *et al.*, 2001] mais non retenue car la grande majorité des lots des secteurs touchés ont été confrontés aux principaux facteurs de risque que sont le voisinage de lots infectés et la vaccination FCO. De plus, il est difficile de statuer sur la notion de lots épidémiologiques stables car les lots subissent de nombreux réallotements plus ou moins importants en cours de saison de pâture. Il fallait donc imaginer une méthode qui puisse prendre en compte cette complexité à la fois chronologique, géographique et constitutionnelle des lots. La méthode originale proposée s'appuie sur l'algorithme de Dijsktra, du nom de son auteur informaticien, qui sert d'outil d'aide à la navigation dans la théorie des graphes. Cette étude décrira rapidement le concept développé autour de cet algorithme, les principaux résultats observés sur l'épizootie d'IBR en Saône-et-Loire et les conclusions qui ont pu en être tirées, et discutera de l'intérêt et des limites de cette approche.

II - METHODE

1. L'ALGORITHME DE DIJSKTRA ET SON UTILISATION EN EPIDEMIOLOGIE

L'algorithme de Dijsktra est issu de la théorie des graphes [Wikipedia, 2009] et permet de déterminer l'itinéraire le plus court reliant deux nœuds (ou sommets) d'un même graphe constitué par un réseau de nœuds et de segments (ou arêtes) les reliant ayant chacun une distance connue. C'est un algorithme largement utilisé en navigation routière mais aussi en informatique pour optimiser l'acheminement des paquets de données sur un réseau. Son utilisation nécessite de connaître la description du réseau (nœuds et segments qui les unissent et distances qui les séparent) et deux nœuds du graphe que l'on cherche à relier par le chemin le plus court. Pour cette étude, l'algorithme a été utilisé pour rechercher le trajet le plus court qui pouvait relier chaque paire de lots de bovins contaminés. Par trajet, on entend tous les moyens possibles de transmission de l'agent infectieux, ici le virus de l'IBR, entre deux lots. L'IBR est une maladie contagieuse transmissible essentiellement par contamination directe (mufle à mufle ou contact sexuel), mais la transmission est également possible par contage aérien sur de courtes distances et par contacts indirects [Thiry, 1997].

Les possibilités retenues pour cette étude ont été le mélange de deux lots A et B, le transfert d'un ou plusieurs bovins d'un lot A vers un lot B, un voisinage de pré entre le lot A et le lot B, un contact indirect entre le lot A et le lot B : intervention avec le même intervenant le même jour mais pas sur le même site, utilisation partagée d'un couloir de contention ou d'un véhicule de transport des animaux. La « distance » associée à chaque mode de transmission est fixée arbitrairement et est corrélée à la transmissibilité supposée de chaque mode envisagé. Un allotement assurera une transmissibilité aisée (distance courte fixée à 1) alors qu'un contact indirect présentera une distance plus longue (ici fixée à 1 000, car la distance associée aux différents modes de transmission a été placée sur une échelle logarithmique). Le tableau 1 indique les distances retenues pour chaque mode de contact et l'orientation du trajet.

Tableau 1

« Distances » arbitrairement définies pour chaque mode de transmission du virus

Mode de transmission	Distance affectée	Trajet orienté
Mélange d'animaux	1	Non
Introduction d'animaux	2	Oui
Voisinage avec contact direct possible	10	Non
Voisinage sans contact direct possible	20	Non
Contacts indirects : utilisation d'un même parc de contention le même jour, vaccination faite le même jour par le même vétérinaire,…	1 000	Non

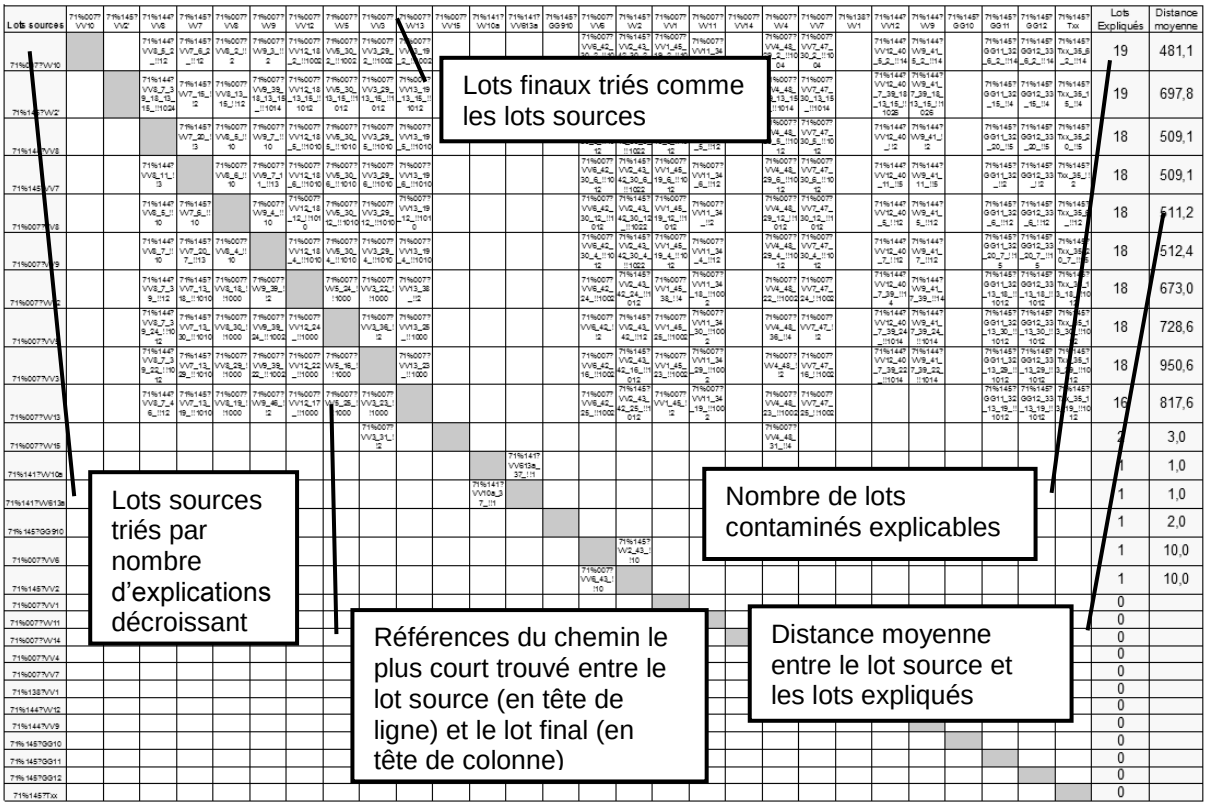
Pour identifier un trajet entre deux lots, des contraintes de temps et d'orientation ont été intégrées dans l'algorithme : par exemple pour qu'un lot A puisse contaminer le lot B en passant par le lot C, il faut que la contamination de C par A précède celle de B par C. De même, un animal transféré d'un lot A vers un lot B pourra expliquer une contamination de A vers B mais pas une contamination de B vers A. L'algorithme complété par ces contraintes a été programmé sous Microsoft Excel. A partir d'un fichier décrivant tous les liens connus entre les différents lots contaminés, le programme recherche le chemin le plus court respectant les contraintes de chronologie et d'orientation entre chaque paire de lots contaminés.

Par la suite, à partir d'une matrice 2 x 2 présentant pour chaque lot contaminé (figurant en tête de ligne, voir tableau 2) l'ensemble des lots ayant pu être contaminés par ce lot source, le programme établit le palmarès des lots sources en fonction de leur nombre de lots contaminés explicables. Ce palmarès tient compte également de la distance moyenne

calculée entre chaque source et ses foyers secondaires. Le lot en tête du palmarès est donc celui qui est capable d'expliquer un maximum de foyers secondaires en utilisant les voies de contamination les plus directes. Il est donc le candidat le plus vraisemblable pour être le foyer index de l'ensemble des lots contaminés en lien direct ou indirect avec lui.

Tableau 2

Exemple du tableau établissant le palmarès des pourcentages explicables pour chaque lot



Le pourcentage maximal de foyers explicables par une seule source, appelé par la suite « pourcentage explicable » fournit aussi un indicateur de la vraisemblance des hypothèses posées sur les liens. Sa variation obtenue par un jeu de simulations en fonction des hypothèses testées permet d'apprécier la vraisemblance des différentes hypothèses. Ainsi, le programme peut procéder à la recherche de « liens manquants » qui sont d'éventuels liens entre lots qui n'ont pas été relevés par l'enquête mais qui amélioreraient sensiblement le pourcentage explicable si on les considère comme existants. Dans le même esprit, le programme peut rechercher des « chaînons manquants » qui sont des lots non reconnus comme foyers mais connus en lien avec au moins deux autres foyers, et qui amélioreraient sensiblement le pourcentage explicable si on venait à les considérer comme foyers. D'autres hypothèses peuvent être testées sur les liens comme par exemple leur absence d'efficacité (cas des liens indirects), ou une date de début ou de fin d'activité des liens ou des foyers.

2. L'ENQUETE EN ELEVAGE

L'enquête en élevage avait deux objectifs :

1. Décrire les éventuelles manifestations cliniques et les circonstances associées à la séroconversion observée dans les élevages touchés ;
2. Décrire tous les lots contaminés de ces élevages et tous les liens (mouvements, composition, voisinage, contacts indirects) qu'ils ont pu avoir avec d'autres lots, contaminés ou non.

Elle s'est déroulée au cours de l'été 2009 et a été réalisée par une même technicienne. Les données recueillies sur les liens ont été compilées sur un même fichier Excel© sous une forme exploitable par le programme, c'est-à-dire que chaque lot était défini par :

1. Sa référence,
2. La date de début d'activité de la circulation virale (a priori celle de constitution du lot),
3. La date de fin d'activité de la circulation virale (a priori inconnue, donc considérée comme pérenne ou la fin de constitution du lot).

De même, chaque lien était défini par :

1. La référence du lot A,
2. La référence du lot B,
3. La nature du lien (allotement, introduction, voisinage, contact indirect),
4. La distance associée au lien,
5. L'orientation éventuelle du lien (seules les introductions sont orientées),
6. La date de début d'activité du lien,
7. La date de fin d'activité du lien.

3. LE TRAITEMENT INFORMATIQUE

Le programme traitant les données a été réalisé sous Excel. Pour un jeu de données comportant d'un côté la liste des foyers et de l'autre la liste des liens tels que décrits ci-dessus, le programme produit :

1. Un tableau de contingence des lots foyers ordonnancé dans l'ordre du palmarès et fournissant la description des chemins les plus courts trouvés entre chaque paire de lot (*cf*. tableau 2) ;
2. Un tableau de contingence indiquant le nombre de liens actifs entre le lot situé en tête de ligne et chaque lot situé en tête de colonne (*cf*. tableau 3) ;

Tableau 3

Exemple du tableau indiquant le nombre de liens entre chaque paire de lots

		20 du 1-4-2008 au 10-1 2009	3 du 1-4-2008 au 31-12-2008	3 du 15-3-2008 au 28-12-2008	17 du 1-4-2008 au 15-11-2008	3 du 1-4-2008 au 1-9-2008	4 du 1-1-2008 au 31-12-2008	3 du 1-4-2008 au 15-12-2008	1 du 6-9-2008 au 15-12-2008	7 du 1-8-2008 au 1-11-2008	8 du 1-8-2008 au 1-11-2008	1 du 1-8-2008 au 20-2-2009	
	Foyer	**71%007?VV8**	**71%007?VV13**	**71%007?VV5**	**71%145?VV7**	**71%007?VV12**	**71%007?VV3**	**71%144?VV8**	**71%144?VV9**	**71%145?GG11**	**71%145?GG12**	**71%145?Txx**	**liens foyers**
20 du 1-4-2008 au 10-1-2009	**71%007?VV8**		2	1	4	2	1	2					10
3 du 1-4-2008 au 31-12-2008	**71%007?VV13**	2		1		2	1						6
3 du 15-3-2008 au 28-12-2008	**71%007?VV5**	1	1			1	3						6
17 du 1-4-2008 au 15-11-2008	**71%145?VV7**	4						1					6
3 du 1-4-2008 au 1-9-2008	**71%007?VV12**	2	3	1			1						5
4 du 1-1-2008 au 31-12-2008	**71%007?VV3**	1	1	2		1							5
3 du 1-4-2008 au 15-12-2008	**71%144?VV8**	2			1				1				5

Nombre total de liens recensés entre le lot source et les autres lots

X

5 du 15-4-2008 au 25-12-2008	**71%138?VV1**												0
1 du 6-9-2008 au 15-12-2008	**71%144?VV12**												0
1 du 6-9-2008 au 15-12-2008	**71%144?VV9**												0
7 du 1-8-2008 au 1-11-2008	**71%145?GG11**												0
8 du 1-8-2008 au 1-11-2008	**71%145?GG12**												0
1 du 1-8-2008 au 20-2-2009	**71%145?Txx**												0

3. Ce même tableau de contingence avec le tracé des itinéraires à partir d'un même lot source (coloré en rouge). Chaque flèche indique le chemin retenu par l'algorithme entre deux lots. Dans la case de contingence, le programme fait apparaître les caractéristiques du lien retenu (nature du lien et dates d'activité, *cf*. tableau 4) ;

4. Différents tableaux exposant les résultats des différentes simulations (recherche de chaînon manquant, lien manquant, scénarios divers). Les résultats s'articulent essentiellement autour du maximum explicable et de la moyenne des parcours retenus par l'algorithme, qui sont des indicateurs relatifs de la vraisemblance des hypothèses testées.

Tableau 4

Exemple du tableau indiquant le trajet le plus court identifié entre deux lots

Chaque flèche indique le sens de la contamination (lot A en abscisse ou en colonne vers lot B respectivement en colonne ou en abscisse).

Dans la case de contingence entre A et B se trouve le nombre de liens du lot A vers le lot B, suivi de la description du lien retenu par l'algorithme pour obtenir le chemin le plus court entre A et B.

		20 du 1-4-2008 au 10-1-2009	3 du 1-4-2008 au 31-12-2008	3 du 15-3-2008 au 28-12-2008	17 du 1-4-2008 au 15-11-2008	3 du 1-4-2008 au 1-9-2008	4 du 1-1-2008 au 31-12-2008	3 du 1-4-2008 au 15-12-2008	6 du 20-9-2007 au 1-4-2008	1 du 15-10-2008 au 10-1-2009	16 du 1-4-2008 au 31-12-2008	2 du 15-4-2008 au 15-10-2008	1 du 15-9-2008 au 15-12-2008	1 du 1-9-2008 au 15-12-2008
	Foyer	**71%007?VV8**	**71%007?VV13**	**71%007?VV5**	**71%145?VV7**	**71%007?VV12**	**71%007?VV3**	**71%144?VV8**	**71%007?VV10**	**71%007?VV7**	**71%007?VV9**	**71%007?VV15**	**71%007?VV6**	**71%141?VV10a**
20 du 1-4-2008 au 10-1-2009	**71%007?VV8**		2	1	4	2	1	2		1	1			
3 du 1-4-2008 au 31-12-2008	**71%007?VV13**	2		1		2	1				1			
3 du 15-3-2008 au 28-12-2008	**71%007?VV5**	1 ! VFCOV?S du 19-6-2008	1			1	3			1			1 ! introduction du 15-9-2008	
17 du 1-4-2008 au 15-11-2008	**71%145?VV7**	4						1		2				
3 du 1-4-2008 au 1-9-2008	**71%007?VV12**	2	3	1			1				1			
4 du 1-1-2008 au 31-12-2008	**71%007?VV3**	1	1	2		1								
3 du 1-4-2008 au 15-12-2008	**71%144?VV8**	2			1						2			
6 du 20-9-2007 au 1-4-2008	**71%007?VV10**	1 ! introduction du 1-4-2008									1			
1 du 15-10-2008 au 10-1-2009	**71%007?VV7**	1			2									
16 du 1-4-2008 au 31-12-2008	**71%007?VV9**	1						2						
2 du 15-4-2008 au 15-10-2008	**71%007?VV15**						1							
1 du 15-9-2008 au 15-12-2008	**71%007?VV6**													
1 du 1-9-2008 au 15-12-2008	**71%141?VV10a**													
2 du 1-9-2008 au 15-12-2008	**71%141?VV613a**													1
16 du 20-2-2008 au 24-4-2008	**71%145?GG10**	2												
16 du 15-11-2007 au 20-2-2008	**71%145?GG910**													
4 du 20-2-2008 au 10-10-2008	**71%145?VV2**												2 ! Voisinage du 15-9-2008 au 10-10-2008	
1 du 21-4-2008 au 15-11-2008	**71%145?VV2'**				1									

III - RESULTATS

1. L'ENQUETE

Quatre secteurs comportant les communes les plus touchées ont été retenus pour l'enquête qui a concerné 53 élevages.

Aucun élevage n'a signalé de manifestation clinique particulière qui aurait pu évoquer le passage du virus de l'IBR.

Le tableau 5 présente un bilan des lots et des liens recensés sur chaque secteur.

Chaque élevage enquêté compte en moyenne trois à quatre lots contaminés et environ 30 liens sur ses lots, dont 10 avec des lots d'un autre élevage. Deux liens sur trois entre élevages sont des liens de voisinage alors que ce sont surtout des liens indirects qui unissent les lots au sein d'un même élevage.

Tableau 5

Lots et liens relevés par l'enquête pour chaque secteur

Secteur enquêté	Amanzé	Melay-Chenay	St-Bonnet La-Mouche	St-Edmond St-Maurice	Total	Moyenne par élevage
Elevages enquêtés	5	20	13	15	53	
Lots contaminés	28	53	36	80	197	3,7
Nombre moyen de nouveaux positifs par lot	5,4	5,5	8,2	6,2	6,3	23,3
Nombre minimal de nouveaux positifs par lot	1	1	1	1	1	
Nombre maximal de nouveaux positifs par lot	20	20	33	29	33	
Lots non contaminés en liens avec des lots contaminés	8	30	11	46	95	1,8
Nombre de liens	91	455	271	791	1608	30,3
• dont intracheptel	58	307	147	552	1064	20,1
➢ dont mouvements	29	61	11	45	146	2,8
➢ dont voisinage	3	65	27	131	226	4,3
➢ dont indirects	26	181	109	376	692	13,1
• dont intercheptel	33	148	124	239	544	10,3
➢ dont mouvements	3	0	1	11	15	0,3
➢ dont voisinage	30	71	90	165	356	6,7
➢ dont indirects	0	77	33	63	173	3,3

2. LES MAXIMA EXPLICABLES

Pour chaque secteur, le tableau 6 fournit le nombre maximal de lots contaminés explicables par une même source, ainsi que la « distance » moyenne des parcours retenus par l'algorithme et également le nombre de foyers capables de fournir le même nombre d'explications. Le pourcentage maximal explicable correspond au rapport du nombre maximal explicable + 1 (le lot source s'ajoute aux lots explicables par lui-même) rapporté au nombre total de lots contaminés.

Selon les secteurs enquêtés, le pourcentage maximal explicable varie de 24 à 86%. Le nombre de sources pouvant expliquer ces maxima semble évoluer en sens inverse. Ainsi, sur Melay-Chenay, aucun lot source ne parvient à expliquer plus de 12 autres sur les 53 restants, mais 15 lots parviennent à ce taux d'explications, alors que sur St-Bonnet – La-Mouche, seuls trois lots parviennent à expliquer 30 autres lots sur les 35 restants.

Tableau 6

Nombre maximal de foyers explicables par une seule source pour chaque secteur

Secteur enquêté	Amanzé	Melay-Chenay	St-Bonnet La-Mouche	St-Edmond St-Maurice	Total
Lots contaminés	28	54	36	80	198
Nombre maximal de lots explicables par une seule source	19	12	30	50	111
% maximal explicable	71%	24%	86%	64%	58%
Distance moyenne la plus courte	481	107	393	882	
Nombre de lots pouvant expliquer le maximum	2	15	3	12	32
Nombre de lots sans aucun lien ne pouvant les expliquer (%)	6	1	5	13	25
% non explicable	21%	2%	14%	16%	13%

La distance moyenne des plus courts chemins explicables excède largement la valeur 100 (sauf pour Chenay). Cela indique que les contacts indirects, dont la distance est fixée arbitrairement à 1000, sont incontournables pour parvenir à toucher le maximum de foyers.

Par ailleurs, un certain nombre de lots n'ont aucun lien avec aucun des autres foyers enquêtés. Sur le secteur de St-Bonnet – La-Mouche, les cinq lots inexplicables sont totalement isolés des autres. En moyenne, 13% des lots sont complètement isolés des autres lots enquêtés.

3. LES SIMULATIONS

3.1. SANS LES CONTACTS INDIRECTS LIES A LA VACCINATION FCO

Le tableau 7 fournit les mêmes indicateurs que le tableau 6, mais après avoir retiré tous les contacts indirects des liens possibles entre les foyers.

Globalement, on constate une chute de 23% du maximum explicable. Seul le secteur de Melay-Chenay échappe à ce constat.

3.2. AVEC UNIQUEMENT LES CONTACTS INDIRECTS LIES A LA VACCINATION FCO

Le tableau 8 fournit les mêmes indicateurs que le tableau 6, mais en ne prenant en compte que les contacts indirects entre les foyers.

Tableau 7

Nombre maximal de foyers explicables par une seule source pour chaque secteur après retrait des contacts indirects

Secteur enquêté	Amanzé	Melay-Chenay	St-Bonnet La-Mouche	St-Edmond St-Maurice	Total
Lots contaminés	28	54	36	80	198
Nombre maximal de lots explicables par une seule source	10	11	20	24	65
% explicable	39%	22%	58%	31%	35%
Distance moyenne la plus courte	10	24	24	28	
Nombre de lots pouvant expliquer le maximum	1	5	12	2	20
Nombre de lots sans aucun lien ne pouvant les expliquer (%)	8	1	10	23	42
% non explicable	29%	2%	28%	29%	21%

Tableau 8

Nombre maximal de foyers explicables par une seule source pour chaque secteur en ne prenant en compte que les contacts indirects

Secteur enquêté	Amanzé	Melay-Chenay	St-Bonnet La-Mouche	St-Edmond St-Maurice	Total
Lots contaminés	28	53	36	80	197
Nombre maximal de lots explicables par une seule source	4	6	5	11	26
% explicable	18%	13%	17%	15%	15%
Distance moyenne la plus courte	1 000	1 000	1 000	1 364	
Nombre de lots pouvant expliquer le maximum	5	7	6	6	24
Nombre de lots sans aucun lien pouvant les expliquer (%)	23	29	9	33	94
% non explicable	82%	55%	25%	41%	48%

Seuls 15% des lots contaminés seraient explicables par une seule source si on considère une transmission possible uniquement par les contacts indirects, en l'occurrence la vaccination contre la FCO réalisée le même jour par un même opérateur. Par ailleurs, 48% des lots n'ont aucun contact indirect avec les autres lots.

3.3. RECHERCHE DES LIENS ET CHAINONS MANQUANTS

La recherche de liens manquants et de chaînons manquants n'a pas fourni de nouveaux éléments permettant d'améliorer significativement le pourcentage d'explications.

3.4. SIMULATIONS SUR LES DATES DE DEBUT D'ACTIVITE DES FOYERS

La date de début de circulation virale dans les lots contaminés n'est a priori pas connue. Par défaut, les circulations sont considérées comme actives dès la constitution des lots à la mise à l'herbe. La simulation a consisté à repousser artificiellement cette date de quinzaine en quinzaine, et à voir l'évolution du maximum explicable. Les figures 1 à 4 présentent ces évolutions.

Figures 1 à 4

Simulations sur les dates de début d'activité des lots contaminés

Figure 1 : Amanzé

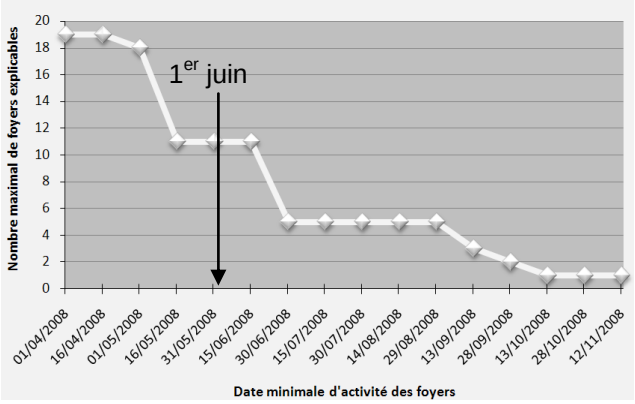


Figure 2 : Melay / Chenay

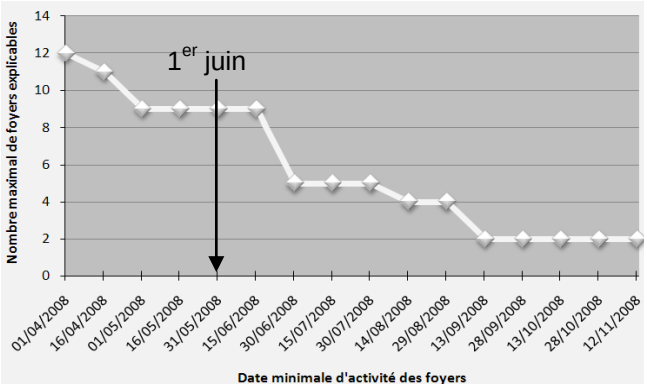


Figure 3 : St Bonnet de Joux

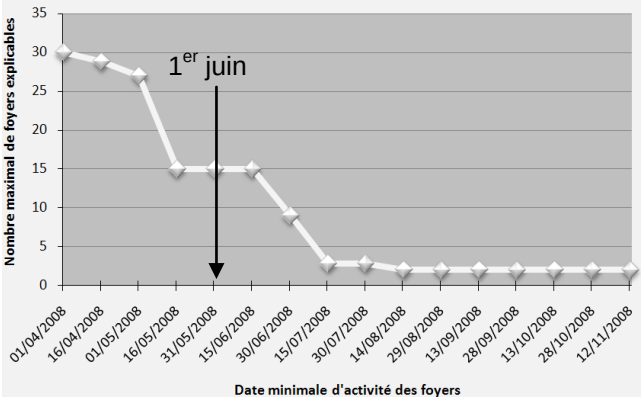
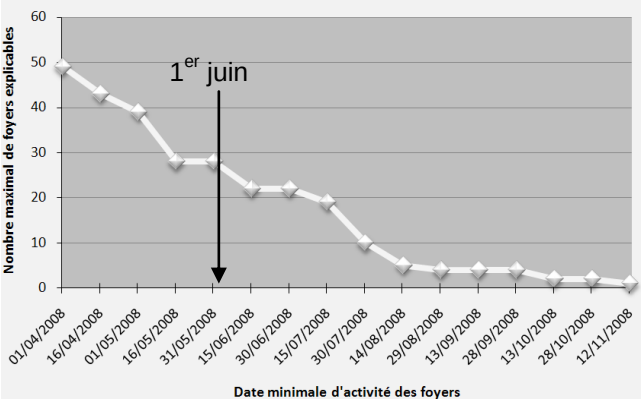


Figure 4 : St Edmond / St Maurice



On constate que tous les maxima explicables chutent rapidement si on repousse la date de début de circulation. On peut interpréter ce phénomène en considérant que la circulation virale devait être précoce et active dès la mise à l'herbe, voire avant, faute de quoi on expliquerait difficilement les contaminations ultérieures. Cette observation vient à l'encontre de l'hypothèse posée d'une réactivation virale provoquée par la FCO qui s'est manifestée en fin de printemps et début d'été.

IV - DISCUSSION

1. RESULTATS

L'analyse des maxima explicables montre une certaine variabilité selon les secteurs. Par ailleurs, l'analyse du réseau de liens montre 13% des foyers complètement isolés et dénués de contact avec les autres foyers. En moyenne, le maximum explicable à partir d'une seule source par secteur atteint 58% des lots, ce qui paraît assez peu au regard d'une hypothèse considérant une source unique. Le cas de Melay-Chenay est encore plus marqué dans ce sens.

Plusieurs hypothèses peuvent être envisagées pour expliquer ce phénomène. Les circulations virales sont liées à plusieurs sources comme semble le montrer leur localisation multiple à l'échelle du département. Il ne s'agirait donc pas d'un phénomène lié à une seule source mais multicentrique et ce constat écarte l'hypothèse d'une nouvelle souche plus transmissible qui aurait été introduite récemment sur un des secteurs touchés. Une autre explication pourrait être l'antériorité du début des circulations virales à la saison étudiée. En effet les questionnaires ont porté exclusivement sur la période de mise à l'herbe des bovins, visant ainsi les contaminations au pré. Ce faisant, la période d'hivernage précédant le pâturage n'a pas été investiguée, ni même celle lui faisant suite. Or l'évolution hebdomadaire des résultats de la prophylaxie de l'IBR montrait une différence significative au début du printemps 2008 entre les secteurs touchés et le reste du département, comme si les circulations virales avaient débuté à la fin de l'hiver. Cette observation porte malheureusement sur un nombre limité de cheptels réalisant tardivement leur prophylaxie et peu représentatifs de l'ensemble des élevages. Les simulations sur les dates de début d'activité des foyers montrent également que les maxima explicables chutent considérablement si on considère que la circulation virale a commencé après la mise à l'herbe. Ces éléments corroborent l'idée que la circulation virale de l'IBR était plutôt précoce et qu'elle ne semble pas liée aux manifestations cliniques de la FCO qui ont démarré en mai-juin 2008. Une nouvelle analyse mériterait d'être portée à l'échelle des élevages et non des lots en considérant que le virus a pu circuler librement au sein des élevages touchés (notamment pendant l'hivernage) et que les contacts avec les autres élevages proviennent des contacts entre leurs lots au pré. Dans ce cas, il faudrait considérer comme sources probables les élevages détenant déjà

d'anciens « positifs » et ayant eu des nouveaux « positifs » et vérifier s'ils parviennent à expliquer l'ensemble des élevages anciennement « négatifs » ayant présenté une circulation virale.

La chute relativement conséquente de 23% des maxima explicables si on retire la possibilité de transmission par les contacts indirects liés à la vaccination FCO semble impliquer une part de responsabilité de cette vaccination mais elle ne saurait en aucun cas l'incriminer totalement, puisque 35% des lots peuvent trouver une explication par un lien avec un autre lot contaminé, en l'absence de lien par la vaccination. Dans le même sens, 48% des lots contaminés n'ont aucun contact indirect avec d'autres. Il faut donc imaginer une combinaison des modes de transmission, dont une partie provient peut-être des contacts indirects, pour parvenir à un taux d'explication important.

Par ailleurs, la contamination par voisinage paraît assez peu fréquente

Au final, les hypothèses initialement émises associant la FCO comme facteur de réactivation de l'IBR ou la vaccination FCO comme facteur de dissémination de l'IBR s'avèrent assez peu confortées par ces observations. On peut néanmoins évoquer un rôle sans doute favorisant mais non déterminant de la vaccination, qui a pu jouer un rôle de stress par la contention des animaux ou la réaction vaccinale, et un rôle de transmission soit par l'utilisation dans la même journée d'un même parc de contention, soit par un portage passif sur des aiguilles non changées entre les bovins [Markoschey et Beer, 2004].

2. METHODE

Bien qu'elle ait été conçue sans les apports de l'analyse des réseaux sociaux, la méthode originale proposée dans cette étude s'en approche grandement puisqu'elle s'appuie sur la connaissance d'un réseau de foyers et des liens qui les unissent. L'indicateur du maximum explicable correspond à la centralité d'intermédiarité maximale et permet de rechercher la plus forte racine du réseau [Mercklé, 2004 ; Wikipedia, 2010]. Cet indicateur perd néanmoins de sa pertinence en cas d'épizootie multicentrique comme cela semble être le cas ici, notamment dans le cas de Melay-Chenay. Dans le cas d'une épizootie liée à un seul cas index, cet indicateur sera élevé et le nombre de racines équivalentes sera faible (exemple de St-Bonnet-la-Mouche) et la vraisemblance des explications sera assez forte. Dans le cas d'une épizootie multicentrique, il paraît difficile de retracer l'histoire de chaque circulation surtout s'il y a beaucoup de connections entre les différents réseaux. On peut néanmoins repérer les différentes composantes connexes [Mercklé, 2004] qui peuvent représenter des sous-réseaux correspondant à une circulation virale. On peut également identifier les foyers complètement isolés et qui échappent à toute explication par contamination externe. Ces foyers méritent sans doute une investigation particulière qui pourra apporter un éclairage sur l'origine des contaminations dans leur cas précis en étant débarrassé d'une contamination éventuellement liée à un lien connu.

Un intérêt de cette méthode est de ne s'intéresser qu'au réseau d'élevages ou de lots parcouru par le virus, ce qui réduit considérablement le nombre d'élevages et liens à investiguer et limite l'enquête aux élevages touchés, souvent plus motivés pour y participer. L'analyse des réseaux sociaux nécessite souvent une analyse plus exhaustive beaucoup plus lourde et limitant de ce fait la taille du réseau à investiguer.

L'intérêt et l'originalité de cette approche tiennent aussi dans la prise en compte de la chronologie des liens, qui ne semble pas encore très développée en analyse des réseaux sociaux. De nouveaux indicateurs prenant en compte la chronologie mériteraient d'être définis. Cette prise en compte permet d'essayer de reconstituer l'histoire du virus et de proposer des scénarios cohérents avec les informations recueillies. De ce fait, la méthode utilisée s'apparente plus à une investigation de nature policière qu'aux méthodes statistiques traditionnelles de l'épidémiologie. Ses résultats sont donc difficilement interprétables sur le plan quantitatif et ses conclusions tiennent plus de la présomption que de la démonstration. Elle permet néanmoins d'explorer une réalité souvent très complexe et d'exploiter toutes les informations recueillies dans les enquêtes épidémiologiques visant à identifier un cas index. En effet, chaque lien entre deux entités peut être intégré à la liste des liens quelle que soit sa nature et considéré plus ou moins favorablement avec la distance qu'on lui affecte, voire supprimé par simulation. Les différentes simulations permettent de tester des hypothèses et de se forger une opinion sur leur vraisemblance.

V - CONCLUSION

La méthode proposée ici avec l'algorithme de Dijsktra offre une méthode exploratoire prenant en compte la dimension chronologique des liens. De ce fait, elle est complémentaire à l'analyse des réseaux sociaux qui s'intéresse plus à la structure des réseaux. Cette méthode convient mieux pour investiguer une épizootie ne comportant qu'un seul cas index et retracer l'histoire à partir de ce cas. Dans l'épizootie présente qui semble multicentrique, elle a permis de réfuter certaines hypothèses posées sur les circulations d'IBR observées en Saône-et-Loire, et notamment l'hypothèse d'une réactivation virale liée au passage de la FCO. Cette conclusion a été hélas confortée par le renouvellement des circulations virales en 2009 dans des secteurs voisins de ceux atteints en 2008, alors que la FCO ne se manifestait plus. De même, l'étude montre que les contacts indirects liés à la vaccination contre la FCO réalisée à l'été 2008 semblent jouer un rôle réel mais limité dans la propagation du virus. Malheureusement, la méthode ne fournit pas d'autres explications plausibles et l'origine du phénomène reste inexpliquée, d'autant qu'il paraît multicentrique. Il est probable que la promiscuité des élevages au pré avec de nombreux contacts directs ou indirects constitue un facteur favorisant la dissémination et il pourrait être intéressant de comparer la structure des liens de ces élevages avec ceux d'autres secteurs non atteints. Néanmoins, ce facteur de risque ne saurait expliquer à lui seul la recrudescence des circulations virales d'IBR. D'autres hypothèses méritent d'être formulées sur ce phénomène et investiguées avec des outils comme celui proposé ici ou, plus largement, l'analyse des réseaux sociaux.

BIBLIOGRAPHIE

Markoschey B., Beer M. - Assesment of the risk of transmission of vaccine viruses by using insufficiently cleaned injection devices. *In* Veterinary Record, 2004, **155**, 563-564.

Mercklé P. - Les origines de l'analyse des réseaux sociaux. *In* CNED / ens-Ish, site : http://www.er.uqam.ca/nobel/k14461/FICHIERS/merckle%202003.pdf , 2003-2004, 1-20.

Parcollet P. - Contamination de sept élevages bovins par l'IBR. *In* Bulletin des G.T.V, 2004, **23**, 295-299.

Thiry E., Lemaire M., Schynts F. - La rhinotrachéite infectieuse bovine : caractéristiques du virus, l'infection et ses manifestations cliniques. *In* Bulletin des G.T.V., 1997, **97-4,** 7-16.

Toma B. *et al*. - Le dépistage des maladies infectieuses animales. *In* : Epidémiologie appliquée à la lutte contre les maladies transmissibles majeures. A.E.E.M.A. (Ed), 2001, 2ème Ed, 696 p.

Wikipedia - Algorithme de Dijstra. *In* site http://fr.wikipedia.org/wiki/Algorithme_de_Dijkstra, 2009.

Wikipedia - Analysecv des réseaux sociaux. *In* site : http://fr.wikipedia.org/wiki/Analyse_des_réseaux_sociaux, 2010.