

Amélioration des dispositifs de surveillance et de lutte contre le BTV-8

1 Introduction

Suite à l’incursion du BTV en Europe du Nord en 2006, de nombreux modèles ont été développés pour étudier la propagation de la FCO en Europe du Nord. Une synthèse systématique de la littérature sur les modèles à compartiments développés pour l’étude de la FCO en Europe (Courtejoie, Zanella, et Durand 2018) a mis en évidence la diversité dans les caractéristiques des modèles (type de modèle, échelle spatiale, modélisation du rôle des vecteurs, unité épidémiologique, processus de transmission) et le contexte des études (situation sanitaire, zone et période d’étude, espèces ciblées, sérotypes étudiés, espèces vectorielles incluses, mesures de gestion). Il existe une dichotomie entre les modèles déterministes, où les mêmes causes entraînent les mêmes effets, et les modèles stochastiques qui introduisent le hasard (et donc les probabilités) dans les processus d’évolution du modèle. Certains modèles, du fait de leur construction, n’étaient applicables qu’à un seul sérotype du BTV. D’autres, au contraire, étaient, soit génériques, soit offraient la possibilité de modifier des paramètres initiaux afin de spécifier les caractéristiques du sérotype étudié. On retrouvait le caractère générique de certains modèles dans les espèces de *Culicoides* vectrices envisagées, contrairement à d’autres qui n’envisageaient que certaines espèces spécifiques (généralement *C. imicola* et le complexe *Obsoletus*). Les espèces d’hôtes incluses dans le modèle variaient également : les bovins étaient systématiquement inclus mais complétés dans certains cas par les ovins, voire les caprins pour certains modèles. En fonction des objectifs des études, il pouvait être plus cohérent d’utiliser l’hôte (c.-à-d. les ruminants) comme unité du modèle à compartiment, plutôt que l’élevage. Enfin, certains intégraient la mise en place des mesures de contrôle lors de la détection du virus, alors que pour d’autres, l’utilisation de mesures de contrôle n’était pas intégrée.

Parmi ces modèles, celui développé par l’équipe Lucinda de l’université de Liverpool (Liverpool University Climate and Infectious Diseases of Animals) (Turner, Bowers, et Baylis 2012; Turner *et al.* 2019) se détachait de par ses caractéristiques. En effet, il s’agit d’un modèle stochastique, non spécifique à un certain sérotype, qui simule la propagation du virus via les mouvements commerciaux des hôtes et les vecteurs en Grande-Bretagne. Ce modèle permet d’évaluer l’efficacité de différentes mesures de contrôle de la propagation de l’épizootie. Nous avons développé une collaboration avec les concepteurs du modèle afin de l’adapter au système d’élevage et à la situation épidémiologique vis-à-vis de la FCO en France. Les objectifs de ce travail étaient (i) d’évaluer l’efficacité et l’impact des mesures de

Chapitre 3 : Amélioration des dispositifs de surveillance et de lutte contre le BTV-8

surveillance et de lutte contre la FCO en France mises en place en 2015 lors de la ré-émergence de la FCO et (ii) de les comparer à des mesures alternatives qui pourraient être appliquées en situation épizootique.

2 Matériel et Méthodes

2.1 Modèle de diffusion de la FCO

2.1.1 *Présentation du modèle original*

Le modèle de propagation de la FCO de l'Université de Liverpool est un modèle développé en langage C++. Il s'agit d'un modèle à compartiments qui décrit la diffusion de la FCO entre les exploitations britanniques, avec un pas de temps d'un jour, sur une année calendaire. Le modèle est clos : les importations et exportations de bovins ne sont pas incluses.

Au sein de chaque élevage, les animaux peuvent être dans quatre états épidémiologiques : sensibles, exposés (c.-à-d. infectés mais non infectieux), infectieux, ou rétablis (et immunisés). Le statut des animaux d'une exploitation détermine celui de l'exploitation et des vecteurs environnants (dans un rayon de 15 km – paramétrable en début de modélisation). Une exploitation peut donc être classée en sept catégories, décrites dans le Tableau 11. Les transitions entre ces états sont présentées sur la Figure 22.

Tableau 11 : Définitions des statuts possibles pour une exploitations dans le modèle.

Statut		Description	Spécification
S	Susceptible	L'exploitation ne comporte aucun animal infectieux mais peut contenir des animaux rétablis. Les vecteurs présents sont tous susceptibles.	Les animaux rétablis ont une immunité résiduelle. Ainsi les exploitations avec de tels animaux ont une susceptibilité réduite.
E	Exposée	L'exploitation possède au moins un animal exposé mais aucun infectieux (et éventuellement des animaux rétablis). Les vecteurs présents sont tous susceptibles.	Ce type d'exploitation présente un risque pour les autres exploitations uniquement via les mouvements d'animaux.
I	Infectieuse	L'exploitation possède au moins un animal infectieux. Les vecteurs présents sont en partie infectieux.	Ce type d'exploitation présente un risque pour les autres exploitations via les mouvements d'animaux ou de vecteurs.
D	Détectée	L'exploitation possède au moins un animal infectieux qui présente des signes cliniques. Les vecteurs présents sont en partie infectieux.	Ce type d'exploitation présente un risque pour les autres exploitations via les mouvements de vecteurs et d'animaux (en fonction des restrictions de mouvements appliquées).
T _{SE}	Temporaire entre S et E	L'exploitation était susceptible quand un animal exposé y a été introduit. L'exploitation deviendra exposée à la fin de la quarantaine de six jours, à moins qu'un événement n'arrive pendant cette période. Les vecteurs présents sont tous susceptibles.	Pas de mouvement d'animaux depuis ou vers l'exploitation.
T _{SI}	Temporaire entre S et I	L'exploitation était susceptible quand un animal infectieux y a été introduit. L'exploitation deviendra infectieuse à la fin de la quarantaine de six jours, à moins qu'un événement n'arrive pendant cette période. Les vecteurs présents sont en partie infectieux.	Pas de mouvement d'animaux depuis ou vers l'exploitation. Cependant, l'exploitation est à risque pour les autres exploitations par le mouvement de vecteurs.
T _{EI}	Temporaire entre E et I	L'exploitation était exposée quand un animal infectieux y a été introduit. L'exploitation deviendra infectieuse à la fin de la quarantaine de six jours, à moins qu'un événement n'arrive pendant cette période. Les vecteurs présents sont en partie infectieux.	Pas de mouvement d'animaux depuis ou vers l'exploitation. Cependant, l'exploitation est à risque pour les autres exploitations par le mouvement de vecteurs.

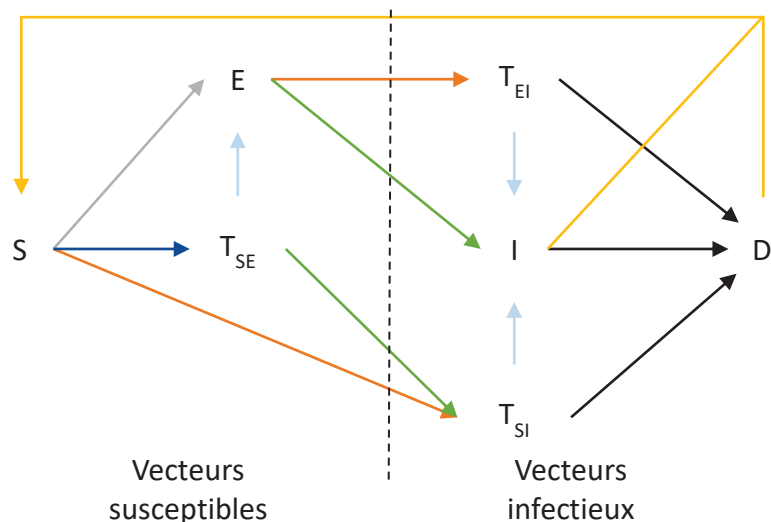


Figure 22: Statuts épidémiologiques possibles pour les exploitations et transitions entre ces statuts dans le modèle original décrivant la propagation de la FCO en Grande Bretagne (Turner, Bowers, et Baylis 2012). Les couleurs des flèches indiquent les raisons de changement de statut possible. Transitions de E à T_{EI} et de S à T_{SI} (orange) : introduction d'au moins un animal infectieux ; transition de S à T_{SE} (bleu foncé) : introduction d'au moins un animal exposé ; transition de S à E (gris) : infection d'au moins un animal par un vecteur infectieux ; transitions de E à I et de T_{SE} à T_{SI} (vert) : au moins un animal exposé devient infectieux ; transitions de T_{SE} à E, de T_{EI} à I et de T_{SI} à I (bleu clair) : la quarantaine de six jours est levée ; transitions de T_{EI}, I et T_{SI} vers D (noir) : détection d'au moins un cas ; transition de D vers S (jaune) : plus aucun animal n'est infectieux.

Dans le modèle, développé pour la filière bovine britannique, les statuts dit « temporaires » sont induits par la mise en place d'une quarantaine systématique des élevages bovins et ovins : aucun mouvement commercial n'est permis dans les six jours suivant un achat.

Les vecteurs à proximité des exploitations S, E et T_{SE} sont considérés comme non-infectieux. En effet, si l'exploitation est exposée par le mouvement d'un animal, il n'y a pas de vecteur infectieux sur place. D'autre part, si l'exploitation est exposée par le déplacement d'un vecteur infectieux, alors la proportion de vecteurs infectieux par rapport aux vecteurs déjà présents et non infectieux est très faible. Ainsi, ces exploitations ne présentent pas de risque pour les autres exploitations par mouvement de vecteurs, contrairement aux exploitations I, D, T_{SI} et T_{EI}.

En ce qui concerne les modalités de surveillance et de lutte, la probabilité de détection d'un animal infectieux est basée sur la probabilité qu'il développe des signes cliniques (surveillance événementielle) ; la surveillance programmée est absente des

Chapitre 3 : Amélioration des dispositifs de surveillance et de lutte contre le BTV-8

modalités de surveillance prévues par ce modèle. A la suite de la détection d'un animal, le statut de l'exploitation est changé en D (détectée) dans un délai (qui est paramétrable), et des zones de restriction de mouvements sont mises en place à l'instar de ce qui existe en France. Les restrictions de mouvements sont basées sur les textes réglementaire en vigueur au Royaume-Uni et simplifiées pour correspondre aux dispositifs en place dans le modèle (Department for Environment Food & Rural Affairs 2014). Les mouvements depuis une exploitation détectée (D) ou au statut temporaire (T_{SE} , T_{SI} ou T_{EI}) sont ainsi formellement interdits. Seuls les mouvements au sein d'une même zone ou vers une zone au risque plus important sont autorisés. Le modèle ne permet ni la levée des restrictions ou l'allègement des mesures de restriction de mouvement en période saisonnièrement indemne, ni le mouvement d'animaux exposés mais testés négativement. De plus, la vaccination peut être une solution mise en œuvre mais uniquement de manière indirecte. On peut en effet paramétrer un degré de susceptibilité pour chaque exploitation : 100 % correspondant alors à une population totalement naïve et 0 % à une population totalement immune (simulant ainsi l'effet de précédentes infections ou campagnes de vaccination). Cette vaccination ne peut cependant être mise en œuvre que de manière prédéfinie et dès le premier jour de modélisation, c'est-à-dire qu'aucune campagne de vaccination ne peut être mise en place au cours de la modélisation.

A chaque nouvel événement d'infection dans un élevage, un modèle intra-exploitation déterministe, basé sur un système d'équations différentielles ordinaires, est initié afin d'obtenir l'évolution de la prévalence dans l'élevage au cours du temps en fonction de la température. La température influence, en effet, l'activité des *Culicoides*, ce qui, au sein d'un élevage avec au moins un bovin infectieux, influence aussi la prévalence au sein de l'exploitation. Cette prévalence permet, par la suite, de déterminer deux probabilités d'importance majeure. La première correspond à la probabilité qu'un animal acheté depuis une exploitation infectée soit infectieux, et donc la probabilité que l'élevage qui achète le bovin soit exposé au virus. La seconde correspond à la probabilité qu'un vecteur présent dans une exploitation infectieuse soit lui-même infectieux et puisse infecter un hôte dans un élevage à proximité.

Les équations correspondant aux modèles de transmission intra-exploitation sont décrites dans (Turner *et al.* 2019) et celles pour le modèle inter-exploitation sont présentées dans le Tableau 13. Les paramètres des modèles sont listés dans les tableaux 13 et 14 (présentés dans la partie suivante, avec les valeurs des paramètres pour le modèle adapté et calibré au système d'élevage et à la situation épidémiologique vis-à-vis de la FCO en France).

2.1.2 *Adaptation du modèle au système d'élevage français*

Plusieurs modifications ont été apportées à ce modèle pour l'adapter au système d'élevage français ainsi qu'aux dispositifs de surveillance et de lutte présents sur le territoire. Ainsi, en France il n'existe pas de mesures contraignant les éleveurs à ne pas opérer de mouvements commerciaux après un achat. Par conséquent, tous les statuts présentés comme temporaires dans le §2.1.1 ont été supprimés pour obtenir une version simplifiée (Figure 23).

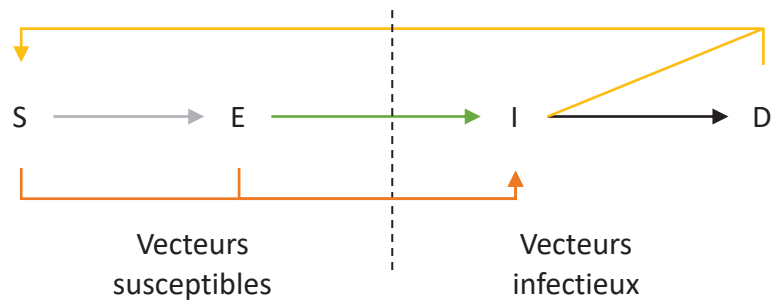


Figure 23: Statuts possibles pour les exploitations et les transitions possibles entre ces statuts dans le modèle adapté à la situation en France. Les couleurs des flèches indiquent les raisons de changement de statut possible : transitions de S et E vers I (orange) : introduction d'au moins un animal infectieux ; transition de S à E (gris) : infection d'au moins un animal par un vecteur infectieux ; transition de E à I (vert) : au moins un animal exposé devient infectieux ; transition de I à D (noir) : détection d'au moins un cas ; transitions de I et D vers S (jaune) : plus aucun animal n'est infectieux.

Les niveaux de précision et de granulosité des données sur les ovins en France ne sont pas aussi élevés que pour les bovins. En effet, en France, il n'existe pas d'équivalent à la BDNI pour les petits ruminants. Les seules données existantes correspondent au nombre d'ovins présents par an et par canton : en l'absence de données sur la taille et la localisation des élevages de petits ruminants et encore moins sur les mouvements inter-élevages, le modèle décrivant la situation en France était donc basé uniquement sur les données bovines.

Pour répondre aux objectifs de l'étude, il était nécessaire de prendre en compte la surveillance programmée dans le processus de détection des exploitations avec un ou plusieurs animaux infectieux. Pour cela, nous avons modifié la fonction déterminant la probabilité journalière de détection d'un élevage infectieux (D) :

$$D = 1 - \left((1 - P(SE)) \times (1 - P(SP)) \right)$$

Chapitre 3 : Amélioration des dispositifs de surveillance et de lutte contre le BTV-8

avec $P(SE)$ la probabilité qu'un bovin soit détecté grâce à la surveillance événementielle et $P(SP)$ la probabilité qu'il soit détecté dans le cadre de la surveillance programmée. On décompose les différents dispositifs de surveillance selon les équations suivantes.

$$P(SE) = 1 - (1 - d_I \times P_I(SC) \times Se)^H$$

$$P(SP) = 1 - (1 - d_I \times Se)^{H \times (1 - \sqrt[365]{P(E)})}$$

avec d_I la prévalence au sein de l'élevage, H sa taille, $P_I(SC)$ la proportion de bovins infectés montrant des signes cliniques, Se la sensibilité du test utilisé, et $P(E)$ (ou $P(E_d)$) la probabilité d'échantillonnage d'un bovin au moins une fois l'an, dans le cadre de la surveillance programmée avant (ou après) la primo-détection. Cette probabilité dépend de la prévalence limite visée par la surveillance programmée et conditionne le nombre de bovins échantillonnés au cours de la campagne de surveillance. La prévalence limite correspond à la plus faible prévalence que le dispositif de surveillance programmée est en capacité de détecter. Le Tableau 12 présente les modalités d'échantillonnage pour chaque prévalence limite utilisée dans les simulations, nécessaire au calcul de $P(E)$ et $P(E_d)$.

Les paramètres des modèles intra- et inter-exploitation et leurs valeurs par défaut sont décrits dans les tableaux 13 et 14.

Tableau 12 : Modalités d'échantillonnage pour différentes prévalences limites. Ces tailles d'échantillons ont été obtenues grâce au site Epitools (Sergent 2018).

Prévalence limite	Nombre de région à échantillonner (en 2015)	Nombre d'élevages par région	Nombre de bovins par élevage	Nombre total de bovins à échantillonner
20 %	14	15	30	6 300
5 %	14	60	30	25 200
1 %	14	314	30	131 880

Tableau 13 : Fonctions et paramètres nécessaires aux calculs de probabilités pour les transitions entre les statuts des exploitations (Turner, Bowers, et Baylis 2012).

Description	Valeurs des paramètres par défaut
<p>Probabilité de conversion (transition de E à I ; flèche verte sur la Figure 23)</p> $B_i = 1 - \exp\left(-\left(T_{exp}/\lambda_C\right)^{k_C}\right)$ <p>avec : T_{exp} le temps depuis l'exposition et λ_C, k_C les paramètres de la distribution de Weibull.</p>	<p>$\lambda_C=10, k_C=3$ (Anon 2008)</p>

<p>Probabilité de détection (transition de I à D) (flèche noire sur la Figure 23)</p> $D_i = 1 - \left((1 - d_I \times P_I(SC) \times Se)^H \times (1 - d_I \times Se)^{H \times (1 - \sqrt[3]{P(E)})} \right)$ <p>avec : d_I la prévalence au sein de l'élevage, H sa taille, $P_I(SC)$ la proportion de bovins infectés montrant des signes cliniques, Se la sensibilité du test utilisé, et $P(E)$ (ou $P(E_d)$) la probabilité qu'un bovin infecté soit dépisté au moins une fois l'an, dans le cadre de la surveillance programmée avant (ou après) la primo-détection.</p>	<p>$P_I(SC)=0,04$, $Se=0,878$, Les paramètres $P(E)$ et $P(E_d)$ diffèrent selon les scénarios testés (voir §2.2). BASE : $P(E)= 0,00065$, $P(E_d)= 0,0026$; PROG_5% : $P(E)= 0,0026$, $P(E_d)= 0,0026$; PROG_1% : $P(E)= 0,014$, $P(E_d)= 0,014$ (Anon 2008; Bournez <i>et al.</i> 2017; Bronner <i>et al.</i> 2018; Vandebussche <i>et al.</i> 2008)</p>
<p>Probabilité d'exposition par mouvement de vecteur infectieux (transition de S à E ; flèche grise sur la Figure 23)</p> $V_i = 1 - \prod_{j \in M} \left(1 - \min \left(1 - d_{Si} C_j(r, t) \beta_{vh} a_i(T) \right) \right)$ <p>avec : M l'ensemble des exploitations dans le périmètre de dispersion des vecteurs (<i>vecd1</i>), d_{Si} le degré de susceptibilité de l'exploitation i, $C_j(r, t)$ la capacité vectorielle de l'exploitation j, β_{vh} la probabilité de transmission du virus du vecteur à l'hôte lors d'une piqûre, et $a_i(T)$ le taux de piqûres dans l'exploitation i à la température T.</p>	<p>Les différents variables dont dépendent ces probabilités sont soit tirées de la modélisation en cours (p. ex. M, Z, H et n_{ij}), soit issues de fonctions annexes (p. ex. d_s), soit issues du modèles intra-exploitation présenté au §2.1.1 (p. ex. d_I, d_E).</p>
<p>Probabilité d'exposition par mouvement d'un animal exposé (transition de S à E ; flèche grise sur la Figure 23)</p> $E_i = 1 - \prod_{j \in Z} (1 - d_{Ej})^{n_{ij}}$ <p>avec : Z les exploitations effectuant une vente à l'exploitation i, d_{Ej} la proportion d'animaux exposés dans l'exploitation j, et n_{ij} le nombre d'animaux vendu de i à j.</p>	
<p>Probabilité d'infection par mouvement d'un animal infectieux (transition de S à I ; flèches orange sur la Figure 23)</p> $A_i = 1 - \prod_{j \in Z} (1 - d_{Ij})^{n_{ij}}$ <p>avec : Z les exploitations effectuant une vente à l'exploitation i, d_{Ij} la prévalence dans l'exploitation j, et n_{ij} le nombre d'animaux vendus de i à j.</p>	
<p>Degré de susceptibilité d'une exploitation</p> $d_{Si} = 1 - \left(1 - (d_{S0} - (F/H)) \right) \times \exp(- (T_{rem}/\lambda_I)^{k_I})$	<p>$\lambda_I=912,5$, $k_I=2$ (Turner, Bowers, et Baylis 2012)</p>

avec : d_{S0} le degrés de susceptibilité avant la dernière infection, F le nombre d'animaux infectés à la dernière exposition, T_{rem} le temps depuis la rémission de l'exploitation.	
Distance quotidienne maximale de vol actif du vecteur (km)	$vecd1 = 15$ (Turner, Bowers, et Baylis 2012)
Proportion d'hôtes exposés dans une exploitation au statut E	$v_1=0,01$ (Turner, Bowers, et Baylis 2012)

Tableau 14 : Fonctions et paramètres nécessaires au modèle intra-exploitation (Turner et al. 2019).

Description	Valeurs des paramètres par défaut
<p>Ratio vecteurs/hôtes</p> $m(t, T) = \exp(b_0 + p_1 \sin(\theta(t - \psi_1)) + p_2 \sin(2\theta(t - \psi_2)) + cT)$ <p>avec : b_0 la valeur zéro du ratio vecteurs/hôtes, p_1 et p_2 les amplitudes de la dynamique vectorielle, c l'influence de la température, θ la variable de paramétrisation d'un cycle annuel, ψ_1 et ψ_2 les variables de décalage temporel, t le temps et T la température.</p>	$b_0=0, p_1=10,59, p_2=3,71, c=0,07, \theta=0,0172, \psi_1=128,4, \psi_2=81,7$ (Turner et al. 2019)
<p>Taux de piqûres</p> $a(T) = \max(0, a_1 T(T - a_3)(a_4 - T))^{1/a_2}$ <p>avec : a_1 et a_2 les paramètres temporels du taux de piqûre, a_3 et a_4 les bornes thermiques inférieure et supérieure.</p>	$a_1=0,0002, a_2=2,7, a_3=3,7, a_4=41,9$ (Gubbins et al. 2008; Mullens et al. 2004)
<p>Incubation extrinsèque</p> $v(T) = \max(0, v_1(T - v_2))$ <p>avec : v_1 la dépendance thermique de l'incubation extrinsèque, et v_2 le seuil thermique d'inactivité vectorielle.</p>	$v_1=0,019, v_2=13,34$ (Gubbins et al. 2008; Mullens et al. 2004; Turner et al. 2019)
<p>Taux de mortalité des vecteurs</p> $\mu(T) = \mu_1 \exp(\mu_2 T)$ <p>avec : μ_1 et μ_2 les paramètres de dépendance thermique de la mortalité vectorielle.</p>	$\mu_1=0,009, \mu_2=0,16$ (Gubbins et al. 2008)
<p>Capacité vectorielle</p> $C(r, t) = \sum_{i=0}^{t-1} \left(\frac{\omega(i)}{4\pi D(t-i)} \times \exp\left(\frac{-r^2}{4D(t-i)} - \sum_{j=3}^{t-1} \mu_j \right) \right)$ <p>avec : μ_j le taux de mortalité des vecteurs, $\omega(i)$ le nombre de vecteur, et D le paramètre de diffusion vectorielle.</p>	$D=0,531$ (Kluiters, Swales, et Baylis 2015)

Taux d'incubation des hôtes	$c_c=1/7$ (Turner <i>et al.</i> 2019)
Taux de rémission des hôtes	$r_c=1/20,6$ (Turner <i>et al.</i> 2019)
Probabilité de transmission du virus du vecteur à l'hôte lors d'une piqûre	$\beta_{vh}=0,9$ (Gubbins <i>et al.</i> 2008; Baylis, O'Connell, et Mellor 2008)

2.2 Modalités de surveillance et de contrôle simulées dans le modèle

Pour le dispositif de surveillance programmée, différentes valeurs de prévalence limite ont été testées : 20 % (ce qui correspondait à la surveillance en place en 2015 avant la réémergence de la FCO – scénario BASE), 5 % (PROG_5%) et 1 % (PROG_1%) avec un degré de certitude de 95 %, sur la base d'un quadrillage géographique de 45 x 45 km. Ces modalités de surveillance programmée étaient appliquées dès le début de la simulation, pour décrire le système de surveillance en place avant la détection du premier cas sur le territoire (c.-à-d. avant la primo-détection). Après la primo-détection, un renforcement de la surveillance programmée était simulé dans le scénario BASE par le passage à une prévalence limite de 5 % avec un degré de certitude de 95 %, sur la base d'un quadrillage géographique de 45 x 45 km (Bournez, Sailleau, *et al.* 2018). Ce renforcement de la surveillance programmée permettait de simuler les enquêtes épidémiologiques mises en place en septembre-octobre 2015 pour évaluer l'étendue de l'épizootie. Pour les scénarios PROG_5% et PROG_1%, la surveillance était maintenue à 5 % et 1 %, respectivement après la primo-détection.

Afin d'évaluer l'impact des mesures de restriction de mouvements sur la diffusion de la maladie, nous avons testé différentes combinaisons de rayons pour les zones de restriction :

- un PI de 20 km autour du foyer, une ZP de 80 km autour du PI et une ZS de 50 km autour de la ZP (scénario BASE) ;
- un PI de 20 km autour du foyer et une ZR unique de 130 km autour du PI (ZR_130km) ;
- uniquement un PI de 20 km autour du foyer (ZR_Absence).

La première combinaison correspondait aux mesures mises en place lors de la réémergence de la FCO en septembre 2015. Le deuxième correspond aux mesures appliquées après la fusion des ZP et ZS en octobre 2015. La troisième correspond à une mesure visant à ne pénaliser que les exploitations les plus proches des foyers. Ainsi, les exploitations en dehors des PI sont totalement libres d'effectuer leurs mouvements commerciaux.

Chapitre 3 : Amélioration des dispositifs de surveillance et de lutte contre le BTV-8

Enfin, une dernière combinaison de mesures a été testée pour évaluer l'impact des concomitants d'une surveillance importante (avec une prévalence limite de 1 %) et d'une zone unique de 20 km autour des foyers (PI). Cette combinaison correspond donc à une fusion des combinaisons PROG_1% et ZR_Absence (et sera noté PROG_1%_ZR_Absence).

Pour comparer les différentes modalités de surveillance et de lutte, huit indicateurs ont été calculés à partir de chaque simulation :

- le délai, en jours, entre l'introduction de la maladie et la primo-détection (ci-après délai de primo-détection) ;
- le nombre d'élevages infectieux à la primo-détection ;
- la taille de la ZI, estimée en département-jour. Ainsi, 30 jours avec 10 départements en ZI correspondait à 300 département-jours en ZI.
- la distance maximale (en km) du front de propagation du virus sur l'ensemble de la simulation (c.-à-d. la distance maximale parcourue par le virus depuis sa mise en circulation) ;
- le nombre d'élevages dont au moins un mouvement a été annulé par les restrictions de mouvements au cours de la simulation ;
- la proportion de mouvements commerciaux annulés du fait de la mise en place des zones de restriction de mouvements au cours de la simulation ;
- le nombre d'élevages infectés au cours de la simulation ;
- la proportion d'exploitations détectées parmi celles infectées au 31/12 (en fin de simulation).

Dans les six scénarios simulés, aucune mesure de lutte entomologique n'était mise en place. Ainsi, la propagation de la maladie par la diffusion de vecteurs infectieux était possible dans chacun des six scénarios.

A partir de ces indicateurs et des modalités de surveillance et de contrôle simulées dans les différents modèles, une estimation du coût a été faite. Pour cela, le coût de la surveillance de chaque simulation a été calculé en se basant sur le nombre d'élevages à visiter, de prélèvements et d'analyses ELISA à effectuer en fonction de la prévalence limite et le nombre de jours pendant lesquels ces prévalences limites étaient en vigueur. Pour calculer le coût des dépistages pré-mouvements, nous avons utilisé le nombre d'élevages ayant eu au moins un mouvement annulé pour estimer le nombre de visites, et le nombre de mouvements annulés pour estimer le nombre de prélèvements et d'analyses Rt-PCR, effectués dans ce cadre. En utilisant les tarifs unitaires de 2016 pour ces opérations, une estimation du coût total de ces dispositifs de surveillance et de lutte a été obtenue pour chaque simulation.

Chapitre 3 : Amélioration des dispositifs de surveillance et de lutte contre le BTV-8

2.3 Données utilisées et implémentation du modèle

Les données sur la taille et la commune de localisation des élevages ainsi que l'ensemble des mouvements commerciaux entre les élevages ont été extraites de la BDNI pour l'année 2013 ; année pour laquelle aucun événement sanitaire ou climatique majeur n'a affecté la population bovine au niveau national. Ces données sont décrites dans le chap.1§3.1.1.

En France, les informations sur la localisation exacte (c.-à-d. les coordonnées géographiques) des exploitations agricoles ne sont pas centralisées. Afin de pouvoir simuler la diffusion de la maladie entre les élevages, nous avons attribué aléatoirement à chaque élevage des coordonnées de latitude et de longitude au sein de leur commune d'appartenance à l'aide du logiciel R et du package sp (Bivand, Pebesma, et Gomez-Rubio 2013; Pebesma et Bivand 2005).

Pour chaque élevage, les températures quotidiennes moyennes de l'air pour 2013, obtenues de Météo France, ont été attribuées à chaque élevage, comme décrit au chap.2§2.1.

Pour initier la diffusion de la FCO sur le territoire, un bovin infectieux était introduit dans trente élevages sélectionnés aléatoirement dans l'Allier à la date du 01/05, ce qui correspond au début de la période vectorielle comme simulée par le ratio hôte-vecteur (Tableau 14). Dix simulations ont été réalisées pour chaque scénario, en faisant varier les élevages d'introduction au sein du département à chaque simulation. Le choix de dix simulations est lié aux limites imposées par le temps de chaque simulation.

Par ailleurs, il a été supposé dans le modèle qu'une partie de la population bovine n'était pas sensible au virus de la FCO considérée comme non susceptible dans les simulations. En effet, à l'hiver 2014-2015, du fait des campagnes de vaccination obligatoire puis volontaire, et de la circulation à bas bruit de la FCO, il a été établi que la séroprévalence individuelle était de 31 % en métropole (Courtejoie, Durand, *et al.* 2018). Ainsi, lors des simulations, 31 % de la population bovine de chaque élevage a été considérée comme non sensible au virus introduit.

3 Résultats

3.1 Description du jeu de données

En France continentale en 2013, la population bovine était composée de 9 711 781 bovins répartis dans 191 187 exploitations, 28 044 communes et 94 départements. Au niveau départemental, 76 248 [26 102 ; 160 800] (valeur médiane [1^{er} ; 3^{ème} quartile]) bovins

Chapitre 3 : Amélioration des dispositifs de surveillance et de lutte contre le BTV-8

étaient répartis entre 1 660 [581 ; 3 214] exploitations. Au niveau communal, 177 [62 ; 425] bovins étaient dispatchés dans 4 [2 ; 8] élevages distincts. La taille médiane des élevages de bovins sur cette période était de 39 [12 ; 73] bovins.

3.2 Efficacité des mesures de surveillance et de lutte dans le modèle BASE

Dans le scénario BASE (Tableau 15), qui correspond au plus proche à la situation au moment de la réémergence du BTV-8 en 2015, le délai de primo-détection était de 65 jours [58 ; 74] (valeur médiane [1^{er} ; 3^{ème} quartile]). Les mesures de lutte simulées dans le modèle ont entraîné la mise en place d'une ZR de 27 123 département-jours [26 350 ; 27 361], ce qui correspond à 40 départements en ZR pendant 186 jours (entre la date de détection et le 31/12). Ces mesures de restriction ont causé l'annulation de 9,3 % [9,1 ; 9,5] des mouvements commerciaux prévus, impactant 45 242 élevages [44 696 ; 47 931]. Au cours de l'épizootie, le virus s'est diffusé jusqu'à 108 km [101 ; 195] des exploitations initialement infectées, 6 961 [6 791 ; 7 058] élevages ont été infectés au cours de la simulation, et 89,8 % [89,4 ; 90,3] des élevages infectés au 31 décembre ont été détectés.

3.3 Comparaison de l'efficacité de mesures de surveillance alternatives

Cinq indicateurs étaient différents dans les scénarios alternatifs (PROG_5% et PROG_1%) par rapport au scénario de base (BASE) (Tableau 15). Tout d'abord, l'intensification de la surveillance programmée dans le scénario PROG_5% a diminué le délai de primo-détection à 35 jours ainsi que le nombre d'élevages infectés à la primo-détection à 34 exploitations. Ces diminutions étaient encore plus marquées pour le scénario PROG_1%, avec une primo-détection à 11 jours avec 30 exploitations infectées, correspondant aux 30 exploitations où un animal infectieux a été introduit lors de la simulation. Ainsi, dans ce scénario, la primo-détection de la maladie avait systématiquement lieu avant que d'autres exploitations n'aient été infectées.

La proportion de mouvements annulés à cause des restrictions de mouvements a augmenté de manière graduée entre les scénarios BASE, PROG_5% et PROG_1%, passant de 9,3 % à 10,6 % puis à 11,0 %. Le nombre d'élevage touchés par les restrictions de mouvements n'était différent du scénario BASE que pour le scénario PROG_1% avec 48 103 élevages impactés contre 45 242. Pourtant, aucune différence significative de taille de ZI entre les trois scénarios n'a été observée.

Dans les deux scénarios de surveillance alternative, le nombre d'exploitations infectées au cours de la simulation était uniformément diminué par rapport au scénario BASE. Enfin, la distance maximale du front de propagation ainsi que la proportion d'élevages détectés au 31/12, ne présentaient pas de modifications significatives.

Tableau 15 : Indicateurs de performance et d'impact des mesures de surveillance vis-à-vis de la FCO.

Indicateurs	Scénario BASE	Scénario PROG_5%	Scénario PROG_1%
Prévalence limite de la surveillance programmée avant et après la primo-détection	20 % et 5 %	5 % et 5 %	1 % et 1 %
Rayons des zones de restrictions (en km)	PI = 20, ZP = 80, ZS = 50	PI = 20, ZP = 80, ZS = 50	PI = 20, ZP = 80, ZS = 50
Délai entre l'exposition et la primo-détection (en j)	65 [58 ; 74]	35 [15 ; 57]	11 [7 ; 13]
Nombre d'élevages infectés à la primo-détection	147 [78 ; 324]	34 [30 ; 62]	30 [30 ; 30]
Nombre de départements-jours en ZI	27 123 [26 350 ; 27 361]	26 455 [26 192 ; 27 097]	26 044 [25 762 ; 26 242]
Distance maximale du front de propagation (en km)	108 [101 ; 195]	116 [98 ; 212]	103 [98 ; 109]
Nombre d'élevages impactés par les restrictions	45 242 [44 696 ; 47 931]	46 845 [46 220 ; 48 314]	48 103 [47 942 ; 48 417]
Proportion de mouvements annulés	0,093 [0,091 ; 0,095]	0,106 [0,095 ; 0,110]	0,110 [0,110 ; 0,111]
Nombre d'exploitations infectées au 31/12	6 961 [6 791 ; 7 058]	6 578 [6 310 ; 6 808]	6 622 [6 513 ; 6 770]
Proportion de détection au 31/12	0,898 [0,894 ; 0,903]	0,898 [0,894 ; 0,900]	0,899 [0,897 ; 0,901]

3.4 Comparaison de l'efficacité des mesures de lutte

Le Tableau 16 présente les résultats des scénarios ZR_130km et ZR_Absence en regard des résultats du scénario BASE. Dans ces trois scénarios, les mesures de surveillance simulées étaient les mêmes que dans le scénario BASE ; par conséquent, le délai de primo-détection et le nombre d'élevages infectés à la primo-détection sont similaires.

Pour ce qui est de la taille de la ZI, seul le scénario ZR_Absence obtenait des résultats différents du scénario BASE, avec une ZI de 32 205 départements-jours soit une ZR de 12 départements en moyenne pendant les 191 jours avec restrictions de mouvements. L'absence de frontière entre ZP et ZS dans le scénario ZR_130km a entraîné une diminution de la proportion de mouvements annulés et une augmentation de la distance du front de propagation du virus. L'absence totale de ZR dans le scénario ZR_Absence a entraîné des modifications encore plus marquées pour ces deux critères. Le nombre d'élevages impactés par les restrictions de mouvements n'était, quant à lui, pas significativement différent entre

Chapitre 3 : Amélioration des dispositifs de surveillance et de lutte contre le BTV-8

le scénario BASE et le scénario ZR_130km mais diminuait drastiquement dans le scénario ZR_Absence.

De même, le nombre d'exploitations ayant été infecté est resté inchangé pour le scénario ZR_130km mais a augmenté significativement dans le scénario ZR_Absence. Enfin, une diminution importante de la proportion d'élevages détectés au 31/12 a été observée pour le scénario ZR_130km, et une diminution de moindre envergure dans le scénario ZR_Absence.

Tableau 16 : Indicateurs de performance et d'impact des mesures de contrôle vis-à-vis de la FCO.

Indicateurs	Scénario BASE	Scénario ZR_130km	Scénario ZR_Absence
Prévalence limite de la surveillance programmée avant et après la primo-détection	20 % et 5 %	20 % et 5 %	20 % et 5 %
Rayons des zones de restrictions (en km)	PI = 20, ZP = 80, ZS = 50	PI = 20, ZR = 130	PI = 20
Délai entre l'exposition et la primo-détection (en j)	65 [58 ; 74]	65 [62 ; 68]	70 [63 ; 75]
Nombre d'élevages infectés à la primo-détection	147 [78 ; 324]	128 [90 ; 177]	213 [99 ; 422]
Nombre de départements-jours en ZI	27 123 [26 350 ; 27 361]	26 921 [25 651 ; 27 640]	32 205 [31 825 ; 32 657]
Distance maximale du front de propagation (en km)	108 [101 ; 195]	172 [109 ; 301]	286 [113 ; 370]
Nombre d'élevages impactés à cause des restrictions	45 242 [44 696 ; 47 931]	44 295 [43 389 ; 46 514]	22 151 [18 509 ; 28 023]
Proportion de mouvements annulés	0,093 [0,091 ; 0,095]	0,086 [0,083 ; 0,090]	0,036 [0,032 ; 0,046]
Nombre d'exploitations infectées au 31/12	6 961 [6 791 ; 7 058]	6 958 [6 604 ; 8 130]	7 785 [6 846 ; 9 160]
Proportion de détection au 31/12	0,898 [0,894 ; 0,903]	0,891 [0,887 ; 0,895]	0,894 [0,884 ; 0,897]

3.5 Comparaison de l'efficacité des mesures de surveillance et de lutte alternatives

Parmi les critères évalués, seule la proportion de détection au 31/12 n'est pas significativement modifiée par la mise en place d'une surveillance accrue et d'une seule zone de restriction (PI de 20 km autour des foyers) (Tableau 17). Le délai entre l'exposition et la primo-détection, le nombre d'élevages infectés à la primo-détection, ainsi que le nombre d'exploitations infectées au 31/12 étaient fortement diminués comme on l'observait déjà dans le scénario PROG_1%. Le nombre d'élevages impactés par les restrictions et la

Chapitre 3 : Amélioration des dispositifs de surveillance et de lutte contre le BTV-8

proportion de mouvements annulés se trouvaient aussi fortement diminués par rapport au scénario BASE, comme observé dans le scénario ZR_Absence. Comme observé dans le scénario ZR_Absence, le nombre de département-jours en ZI était lui aussi augmenté. La distance maximale du front de propagation était plus faible que dans le scénario BASE, de la même manière que pour le scénario PROG_1%.

Tableau 17 : Indicateurs de performance et d'impact des mesures de surveillance et de contrôle vis-à-vis de la FCO.

Indicateurs	Scénario BASE	Scénario PROG_1%_ZR_Absence
Prévalence limite de la surveillance programmée avant et après la primo-détection	20 % et 5 %	1 % et 1 %
Rayons des zones de restrictions (en km)	PI = 20, ZP = 80, ZS = 50	PI = 20
Délai entre l'exposition et la primo-détection (en j)	65 [58 ; 74]	11 [8 ; 15]
Nombre d'élevages infectés à la primo-détection	147 [78 ; 324]	30 [30 ; 30]
Nombre de départements-jours en ZI	27 123 [26 350 ; 27 361]	32 521 [32 490 ; 32 548]
Distance maximale du front de propagation (en km)	108 [101 ; 195]	100 [97 ; 104]
Nombre d'élevages impactés à cause des restrictions	45 242 [44 696 ; 47 931]	18 225 [17 649 ; 18 336]
Proportion de mouvements annulés	0,093 [0,091 ; 0,095]	0,032 [0,031 ; 0,032]
Nombre d'exploitations infectées au 31/12	6 961 [6 791 ; 7 058]	6 352 [6 218 ; 6 406]
Proportion de détection au 31/12	0,898 [0,894 ; 0,903]	0,899 [0,892 ; 0,903]

3.7 Comparatif des coûts des différentes combinaisons de surveillance et de lutte

Le Tableau 18 présente les coûts estimés de la surveillance programmée, des dépistages pré-mouvements, ainsi que la somme de ces coûts pour chaque scénario testés. Ainsi, comme attendu, le coût de la surveillance programmée était similaire dans les scénarios BASE, ZR_130km et ZR_Absence. En effet, dans ces trois scénarios, la surveillance programmée suivait des protocoles identiques. Le coût de la surveillance programmée dans le scénario PROG_5% était plus cher que dans les trois scénarios précédents. Enfin les scénarios PROG_1% et PROG_1%_ZR_Absence ont eu un coût de la surveillance programmée quasi identique et très supérieur aux autres scénarios.

Contrairement au coût de la surveillance programmée, aucune similitude n'est observable entre les différents scénarios concernant le coût des dépistages pré-mouvements. En effet, celui-ci dépend de différents facteurs liés d'une part aux dispositifs de lutte mis en place (nombre et dimensions des ZR) mais aussi de la date de primo-détection d'autre part. Cependant, la mise en place de mesures de lutte alternatives (comme dans les scénarios ZR_130km, ZR_Absence et PROG_1%_ZR_Absence, était associée avec un coût moins élevé pour les dépistages pré-mouvement, par rapport aux scénarios avec un PI, une ZP et une ZS (comme les scénarios BASE PROG_5% et PROG_1%).

Ainsi, le coût total estimé des dispositifs de surveillance et de lutte pour les six scénarios testés est très différent et varie entre 2,5 M€ (pour le scénario ZR_Absence) et 8,2 M€ (pour le scénario PROG_1%).

Tableau 18 : Coûts des différents dispositifs pour les scénarios testés.

Scénario	Coût de la surveillance programmée (k€)	Coût des dépistages pré-mouvements (k€)	Coût total (k€)
BASE	229 [222 ; 234]	5 366 [5 247 ; 5 481]	5 593 [5 470 ; 5 717]
PROG_5%	371 [371 ; 371]	6 058 [5 443 ; 6 256]	6 429 [5 814 ; 6 626]
PROG_1%	1 941 [1 941 ; 1 941]	6 306 [6 265 ; 6 333]	8 247 [8 206 ; 8 274]
ZR_130km	229 [227 ; 231]	4 967 [4 809 ; 5 175]	5 194 [5 039 ; 5 423]
ZR_Absence	226 [222 ; 231]	2 258 [1 967 ; 2 820]	2 506 [2 195 ; 3 044]
PROG_1%_ZR_Absence	1 941 [1 941 ; 1 941]	1 953 [1 927 ; 1 979]	3 894 [3 868 ; 3 920]

4 Discussion

Dans ce chapitre, nous avons adapté un modèle de propagation du BTV initialement développé pour le Royaume-Uni pour analyser l'impact de changements dans les dispositifs de surveillance et de lutte vis-à-vis de la FCO en France en situation épizootique. Le modèle a

Chapitre 3 : Amélioration des dispositifs de surveillance et de lutte contre le BTV-8

été modifié pour tenir compte des spécificités dans les pratiques d'élevages en France et calibré avec des données d'élevages issues de la BDNI. Cependant, plusieurs limites concernant l'adaptation du modèle sont à souligner.

Le modèle inclut uniquement les données concernant la filière bovine, du fait de l'absence de données de traçabilité des petits ruminants en France. En effet, il n'existe pas de système d'identification systématique et de suivi des petits ruminants au niveau de l'élevage. Les seules données disponibles sont les données issues de recensements départementaux. Par conséquent, la simulation de la diffusion de la FCO en France se trouve privée des hôtes ovins et caprins qui auraient agi (i) comme un réservoir pour la propagation du virus *via* les *Culicoides* et (ii) comme propagateur actif *via* les mouvements commerciaux. Même si le système de la BDNI est un outil d'une redoutable précision, il n'est pourtant pas exempt de défauts. Les données concernant les intermédiaires comme les marchés ou les marchands de bestiaux n'étaient pas disponibles. La modélisation de la diffusion du BTV est donc moins représentative que dans la réalité puisqu'il manque de nombreux points de rencontre d'animaux, qui pourraient augmenter de manière significative la propagation du virus.

Le modèle adapté à la situation en France est basé sur la dynamique des populations de *Culicoides* établis dans le modèle original à partir de données de la littérature. Nous avons mis en évidence dans le chapitre 2 que l'abondance de *Culicoides* en France continentale variait fortement en amplitude et saisonnalité entre les différentes zones d'échantillonnage. Toutefois, la prise en compte de cette diversité n'a pas pu être réalisée dans le cadre de ce travail et par conséquent la dynamique des populations de culicoïdes suivait la même forme sur l'ensemble du territoire tout en étant néanmoins calibrée par les données de températures à l'échelle locale. La prise en compte de la diversité dans les courbes de dynamique des vecteurs permettrait une évaluation plus fine du ratio hôte-vecteur et par conséquent de la probabilité d'exposition des élevages à la FCO.

En tant que modèle clos, les exportations et les importations n'ont pas été introduites dans la modélisation de la diffusion de la FCO. Ainsi, les mouvements vers l'étranger, qui ont été impactés par les mesures de restriction de mouvements dans la réalité, n'ont pas été simulés dans le cadre de la modélisation. Le modèle actuel ne permet donc pas d'évaluer l'impact des différentes mesures de lutte sur ce type de mouvements commerciaux. Dans le modèle, les modalités de lutte contre la propagation du virus étaient très restrictives puisqu'aucun mouvement n'était autorisé depuis la ZS ou la ZP vers la ZI (alors que sur le terrain, les éleveurs avaient la possibilité de déplacer un bovin suite à une analyse Rt-PCR négative). De plus, il n'a pas été possible de simuler l'influence des ZSI, mises en place lors de l'hiver 2015-2016, sur les mouvements.

Chapitre 3 : Amélioration des dispositifs de surveillance et de lutte contre le BTV-8

Les exploitations qui ont servi de points de départ de la diffusion de la FCO sur le territoire ont été choisies de manière aléatoire dans le département de l'Allier à chaque simulation. Ceci a permis d'ajouter de la variabilité aux résultats, en plus de la stochasticité de l'occurrence des événements de transmission du virus au sein du modèle lui-même. C'est dans ce département que le BTV-8 a été détecté lors de sa réémergence en septembre 2015. L'introduction du virus a été réalisée à la date du 01/05 pour concorder avec l'activité vectorielle supposée des vecteurs dans ce département. En effet, l'étude présentée au chapitre 2 a permis de mettre en évidence que cette date correspondait au milieu de la phase ascendante de la dynamique des espèces de *Culicoides* (c.-à-d. entre le début de la période d'activité et le pic d'activité vectorielle) pour ces départements (zones vectorielles 3-2 et 3-3 du chap.2§3.3). D'autres simulations démarrant dans d'autres régions permettraient d'étudier la variabilité des résultats liée au point de départ de la diffusion du virus.

Bien que le scénario BASE reprenne des éléments de surveillance et de contrôle de la FCO mis en place lors de l'épizootie de 2015, les paramètres de diffusion du virus n'ont pas été optimisés de telle sorte que les simulations obtenues correspondent à la situation fin 2015 en France. En effet, parmi les huit indicateurs calculés pour évaluer les scénarios, six ne sont pas calculables à partir de la situation française à la fin de l'année 2015. Pour le délai de primo-détection, il faudrait connaître la date d'introduction du virus. La prévalence à la primo-détection, le nombre d'exploitations infectées et la proportion d'élevages détectés au 31 décembre ne peuvent quant à elles être estimées puisque le nombre d'exploitations infectées par le virus, n'est connu que par le biais des détections. De même, la proportion de mouvements annulés et le nombre d'élevages impactés par les restrictions de mouvements, ne sont pas estimables directement. En effet, les travaux du chap.1§3.2.2 démontrent que le nombre de ventes n'était pas significativement différent au cours des saisons de production avec ou sans circulation de la FCO. Cette absence de modification globale n'est pourtant pas sans avoir causé des désordres temporaires concernant les ventes de bovins en France. Toutefois, concernant les deux indicateurs restants, la taille de la ZI en 2015 était de 29 454 département-jours, et la distance maximale parcourus par le virus au 31 décembre 2015 depuis les premières exploitations détectées était d'environ 200 km. Ceci s'explique par le fait que la FCO n'a été détectée qu'en septembre, entraînant la mise en ZR de 56 départements au 31 décembre 2015. La distance importante parcourus par le virus en 2015 peut s'expliquer par le fait que le virus aurait diffusé sans être détecté avant la primo-détection de septembre. Cependant, comme le but de ce modèle n'était pas de reproduire de manière identique la situation de 2015 afin d'en expliquer les mécanismes, ces différences avec la situation observée en France en 2015 ne sont pas dommageables.

Le modèle a mis en évidence une diminution du délai de primo-détection et de la proportion d'exploitations infectées dans les scénarios avec une surveillance programmée

Chapitre 3 : Amélioration des dispositifs de surveillance et de lutte contre le BTV-8

basée sur une prévalence limite de 5 % (PROG_5%) et 1 % (PROG_1%). Il est à noter que la différence d'élevages infectés à la détection est négligeable entre les niveaux de seuil de prévalence de 5 % et 1 % (en considérant 30 élevages infectés lors de l'émergence de la maladie), ce qui suggère un effet limité d'un niveau de surveillance trop élevé. Cette étude a montré qu'en dépit d'une détection plus précoce, la taille de la ZI, ainsi que la proportion d'élevages détectés au 31/12, sont restées sensiblement égales aux valeurs obtenues avec le scénario de base, ce qui signifie qu'il n'y a pas d'effet du niveau de surveillance sur la transmission du virus entre élevages. Les simulations ont montré que le niveau de surveillance programmée de 1 % permettait de réduire le front de propagation. Ces résultats nécessiteraient toutefois d'être vérifiés par de nouvelles simulations initiées dans d'autres départements, afin de mesurer l'importance des conditions initiales sur les résultats du modèle. Le coût du dispositif de surveillance programmée permettant une détection d'une prévalence seuil de 20 %, puis intensifié avec une prévalence limite de 5 % après la primo-détection (comme dans les scénarios BASE, ZR_130km et ZR_Absence) a été évalué à 229 k€. Le coût un peu moins important observé pour le scénario ZR_Absence (226 k€) est dû à une primo-détection plus tardive et donc une intensification de la surveillance programmée plus tardive. Le renforcement de la surveillance à une prévalence seuil de 20 % à 5 % (dans le scénario PROG_5%) entraîne quelques bénéfices pour un coût total de 371 k€, tandis qu'une prévalence seuil de 1 % (dans les scénarios PROG_1% et PROG_1%_ZR_Absence) entraînerait un coût substantiel de 1,9 M€. Le coût très élevé de ces mesures de surveillance, dans le cas où elles sont associées à des mesures de lutte identique à celles du scénario BASE, apporte des bénéfices sanitaires qui apparaissent limités en regard des critères utilisés.

Concernant les mesures de lutte, nos résultats de simulation ont montré que le choix du rayon des zones de restriction autour des foyers a un impact marqué sur la diffusion de la FCO et les conséquences pour les éleveurs. Mécaniquement, le choix des rayons de chaque zone de restriction a modifié la taille de la ZI, avec des conséquences sur la proportion de mouvements annulés. En comparaison avec le modèle de base, dans le scénario ZR_130km, la présence uniquement d'un PI et d'une ZR de 130 km (non divisées en ZP et ZS) a permis à tous les mouvements prévus au sein de la ZR d'être réalisés, diminuant ainsi la proportion de mouvements annulés par rapport au scénario de base (même si le nombre d'élevages impactés par les restrictions étaient similaires dans les deux scénarios). La proportion de mouvements annulés a été plus fortement diminuée dans les scénarios ZR_Absence et PROG_1%_ZR_Absence, car en dehors du PI les élevages n'étaient pas impactés par les restrictions de mouvements. Les mouvements de bovins étant plus souvent autorisés dans les scénarios de lutte alternatifs que dans le scénario de base, la distance maximale du front de propagation s'est trouvée nécessairement augmentée, ainsi que la proportion d'élevages infectés dans le scénario ZR_Absence, soulignant les limites en matière de lutte de ce

Chapitre 3 : Amélioration des dispositifs de surveillance et de lutte contre le BTV-8

scénario. Ainsi, le coût des dépistages pré-mouvements était plus faible pour le scénario ZR_130km du fait du plus faible nombre de mouvements annulés, et diminué de manière encore plus drastique dans le scénario ZR_Absence. Concernant le scénario PROG_1%_ZR_Absence, celui-ci réunit les points forts liés à la fois à une surveillance programmée intensive (comme dans le scénario PROG_1%) et à l'absence de zone de restriction (comme dans le scénario ZR_Absence). De plus, le fait d'allier la suppression de la ZR à une surveillance programmée intensive, a permis de réduire encore plus le coût des dépistages pré-mouvements. Ainsi, avec le coût de la surveillance programmée le plus élevé parmi les six scénarios (avec le scénario PROG_1%) et le plus faible des coûts pour les dépistages pré-mouvements, le scénario PROG_1%_ZR_Absence est le deuxième moins cher des scénarios que nous avons testés.

En conclusion, les résultats issus de la comparaison de scénarios de lutte alternatifs ont mis en évidence que les diamètres des zones de restriction avaient eu un effet significatif sur la diffusion de la maladie ainsi que sur les mouvements de bovins pour les exploitants : un nombre élevé de zones de restriction et des zones de grandes tailles, entraînaient une diffusion à moins grande échelle de la maladie, ainsi qu'une augmentation du nombre d'exploitations soumises aux restrictions de mouvements. Ainsi, en 2015-2016, les mesures de lutte ont entraîné une diminution significative et anormale des ventes et exportations de génisses et broutards au niveau national et plus particulièrement pour les exploitations dans le périmètre des différentes zones de restriction (chapitre 1§3.3). Dans le cadre d'une lutte contre une maladie réglementée, le gestionnaire doit trouver le bon compromis entre mettre en place une ZR suffisamment grande pour limiter la diffusion de la maladie et maintenir une ZI couvrant la plus large aire géographique pour ne pas trop impacter la filière. Des simulations complémentaires, prenant en compte une combinaison de mesures de restriction et la vaccination, sont nécessaires pour aider le gestionnaire du risque dans le choix des mesures de lutte. En effet, des travaux récents ont montré qu'environ 41 % des doses vaccinales distribuées en 2008 avaient été distribuées à des animaux déjà immuns (du fait de la circulation antérieure du virus), et qu'une zone tampon de vaccination aurait alors permis de limiter l'expansion du virus et de réduire le nombre d'exploitations infectées en 2008 (Courtejoie, Cauchemez, *et al.* 2019). Cependant, la lutte contre une maladie vectorielle enzootique, en vue de l'établissement d'une zone indemne (voire du rétablissement du statut officiellement indemne) par l'utilisation de la vaccination, est un problème multifactoriel complexe. L'utilisation du modèle de diffusion de la maladie et la possibilité de tester de nombreuses modalités de vaccination, permettrait d'apporter une réponse la plus complète possible. Une amélioration substantielle de ce modèle serait l'incorporation des exportations dans le modèle afin de en compte l'impact économique d'une épizootie pour les exploitations dont l'exportation est l'activité principale.