

# Sommaire

|   |           |
|---|-----------|
| <b><i>Liste des Abréviations</i></b>  | <b>5</b>  |
| 1. Liste des acronymes  | 5         |
| 2. Liste des abréviations et notations  | 6         |
| <b><i>Synthèse Bibliographique</i></b>  | <b>7</b>  |
| <b>La fièvre catarrhale du mouton</b>   | <b>7</b>  |
| Tableau clinique  | 7         |
| Vecteurs  | 8         |
| Virus et virémie  | 9         |
| Vaccination   | 11        |
| La FCM en France durant la dernière décennie  | 11        |
| <b>La surveillance de la FCM en France continentale</b>   | <b>12</b> |
| Surveillance entomologique  | 13        |
| Surveillance clinique   | 15        |
| Surveillance sérologique  | 16        |
| <b><i>Évaluation quantitative du système de surveillance épidémiologique de la fièvre catarrhale du mouton en France continentale</i></b> | <b>18</b> |
| Résumé  | 18        |
| <b>Introduction</b>   | <b>19</b> |
| <b>Matériels et méthodes</b>  | <b>20</b> |
| Construction des modèles  | 20        |
| 1. Généralités  | 20        |
| Hypothèses initiales  | 20        |
| Période et zone considérées   | 21        |
| Identification des activités de surveillance de la FCM en 2005  | 21        |
| Période d'analyse (unité temporelle)  | 22        |
| Arbres de scénarios   | 23        |
| Prévalence design   | 24        |
| Prise en compte de la composante entomologique  | 25        |
| 2. Modélisation des SSCs  | 26        |
| SSC <sub>1</sub> : Surveillance passive   | 26        |
| Présentation de la SSC  | 26        |
| Conception de l'arbre de scénarios  | 27        |
| SSC <sub>2</sub> : Surveillance sérologique estivale  | 28        |
| Présentation de la SSC  | 28        |
| Conception de l'arbre de scénarios  | 29        |
| SSC <sub>3</sub> : Surveillance sérologique hivernale   | 30        |
| Présentation de la SSC  | 30        |
| Conception de l'arbre de scénarios  | 31        |
| 3. Calcul des sensibilités des composantes du système de surveillance   | 32        |
| 4. Calcul de la sensibilité globale du système de surveillance  | 33        |
| 5. Probabilité que la France continentale ait été indemne de FCM  | 34        |
| Recueil des données nécessaires   | 35        |
| 1. Effectifs  | 35        |
| 2. Données d'analyses   | 37        |
| 3. Opinions d'experts   | 38        |

|   |                  |
|---|------------------|
| <b>Résultats</b>                                    | <b>39</b>        |
| Sensibilités des composantes                        | 39               |
| Analyses de sensibilité des composantes             | 40               |
| Sensibilité du système de surveillance              | 41               |
| Impact des prévalences design utilisées             | 42               |
| Probabilité initiale d'infection (PriorPInf) neutre | 43               |
| <b>Discussion</b>                                   | <b>43</b>        |
| <b>Conclusion</b>                                   | <b>48</b>        |
| <b><i>Références bibliographiques</i></b>           | <b><i>50</i></b> |
| <b><i>Annexe I</i></b>                              | <b><i>53</i></b> |
| <b><i>Annexe II</i></b>                             | <b><i>54</i></b> |
| <b><i>Annexe III</i></b>                            | <b><i>55</i></b> |
| <b><i>Annexe IV</i></b>                             | <b><i>70</i></b> |
| <b><i>Annexe V</i></b>                              | <b><i>71</i></b> |

## Liste des Abréviations

### 1. Liste des acronymes

| Acronyme         | Signification   |
|------------------|---|
| AFSSA-LERPAZ     | Agence Française de Sécurité Sanitaire des Aliments - Laboratoire d'Etudes et de Recherches en Pathologie Animale et Zoonoses |
| APMS             | Arrêté Préfectoral de Mise sous Surveillance  |
| ARN              | Acide RiboNucléique   |
| BDNI             | Base de Données Nationale d'Identification bovine   |
| BTV              | BlueTongue Virus  |
| cELISA           | Test ELISA de compétition   |
| CIRAD            | Centre de Coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement   |
| DDSV             | Direction Départementale des Services Vétérinaires  |
| DGAL             | Direction Générale de l'Alimentation  |
| EDE              | Établissement Départemental de l'Élevage  |
| EDTA             | EthyleneDiamine Tetraacetic Acid  |
| EID Méditerranée | Entente Interdépartementale pour la Démoustication du littoral méditerranéen  |
| EIE              | Établissement Interdépartemental de l'Élevage   |
| ELISA            | Enzyme-Linked ImmunoSorbent Assay   |
| FAO              | Organisation des Nations Unies pour l'Alimentation et l'Agriculture   |
| FCM              | Fièvre Catarrhale du Mouton   |
| IC               | Intervalle de Confiance   |
| IDG              | ImmunoDiffusion en Gélose   |
| LNR              | Laboratoire National de Référence   |
| LR               | région Languedoc-Roussillon   |
| LVD              | Laboratoire Vétérinaire Départemental   |
| MAAPAR           | Ministère de l'Agriculture, de l'Alimentation, de la Pêche et des Affaires Rurales  |
| MAP              | Ministère de l'Agriculture et de la Pêche   |
| MRLC             | Maladies Réputées Légalement Contagieuses   |
| OIE              | Organisation Mondiale de la Santé Animale   |
| OMC              | Organisation Mondiale du Commerce   |
| PACA             | région Provence-Alpes-Côte d'Azur   |
| RT-PCR           | Reverse Transcription Polymerase Chain Reaction   |
| SCEES            | Service Central des Enquêtes et Études Statistiques   |
| SIG              | Systèmes d'Information Géographique   |
| SIGAL            | Système d'Information Généralisé de l'Alimentation  |
| ULP              | Université Louis Pasteur - Strasbourg   |

## 2. Liste des abréviations et notations

| Symbole                | Définition   |
|------------------------|--|
| CSe                    | Component Sensitivity  |
| CSeU                   | Component Unit Sensitivity   |
| EPI                    | Effective Probability of Infection   |
| P(S+/I+)               | Probability of a Surveillance positive outcome, given that Infection is present  |
| P(I-/S-)               | Probability of freedom from Infection, given that the Surveillance failed to detect it                                     |
| P <sub>ECV</sub>       | Probabilité qu'un Éleveur Consulte son Vétérinaire   |
| PFree                  | Probability of Freedom from infection  |
| PIntro                 | Probability of Introduction of infection   |
| P <sub>VEP</sub>       | Probabilité qu'un Vétérinaire Envoie des Prélèvements au laboratoire   |
| P*                     | Design prevalence, used for declaring the country as free from infection   |
| P <sub>H</sub> *       | Among-herd design prevalence   |
| P <sub>U</sub> *       | Within-herd design prevalence  |
| PriorPFree             | Probability of Freedom before taking into account surveillance results<br>( = 1 – PriorPInf )                              |
| PostPFree              | Probability of Freedom given the latest surveillance results ( = 1 – PostPInf )  |
| PrRep                  | SSC Reference Population Proportion  |
| PrSSC                  | SSC Proportion   |
| Pr <sub>1</sub>        | Proportion de troupeaux provenant de la Zone 1 parmi ceux testés par une SSC   |
| Pr <sub>AL</sub>       | Proportion d'animaux Allaitants parmi ceux testés par une SSC  |
| Pr <sub>OV</sub>       | Proportion de troupeaux Ovins parmi ceux testés par une SSC  |
| R                      | Adjusted Relative Risk of infection  |
| R <sub>1</sub>         | Risque ajusté d'infection dans la Zone 1 par rapport aux autres zones<br>(également noté R <sub>ZONE1</sub> dans le texte) |
| R <sub>OV</sub>        | Risque ajusté d'infection des Ovins par rapport aux bovins (également noté R <sub>ESPECEOV</sub> dans le texte)            |
| RR                     | Relative Risk of infection   |
| Se <sub>ELISA</sub>    | Sensibilité du test cELISA   |
| Se <sub>ELISAPCR</sub> | Sensibilité combinée des tests cELISA et RT-PCR  |
| SeH                    | Herd Sensitivity   |
| SeS                    | Species Sentivity  |
| SeU                    | Unit Sensitivity   |
| SeU'                   | Product of detection nodes probabilities for a single unit   |
| SeZ                    | Zone Sensitivity   |
| SR                     | Sensitivity Ratio  |
| SS                     | Surveillance System  |
| SSC                    | Surveillance System Component  |
| SSe                    | Surveillance System Sensitivity  |
| TP                     | Time Period of a single analysis   |

## Synthèse Bibliographique

La recherche bibliographique réalisée dans le cadre de ce travail avait deux vocations principales : d'une part, procéder à une large revue de l'état actuel des connaissances sur la fièvre catarrhale du mouton (FCM) afin de pouvoir déterminer les caractéristiques et particularités de cette maladie qu'il sera important de considérer pour la modélisation de sa surveillance épidémiologique ; d'autre part connaître l'ensemble des activités de surveillance qui ont été historiquement menées en France continentale. Ce deuxième élément s'avérait pertinent ici tant que le territoire était supposé indemne d'infection (jusqu'en 2006) puisque la finalité de cette étude était d'évaluer la confiance dans le statut « indemne d'infection » que procurait cette surveillance.

### La fièvre catarrhale du mouton

La fièvre catarrhale du mouton, ou *bluetongue*, est une arbovirose non contagieuse transmise par des moucheron hématophages du genre *Culicoides* (*Diptera* : *Ceratopogonidae*). Cliniquement, cette maladie se manifeste essentiellement chez les ovins. Les bovins et les caprins sont eux aussi susceptibles d'être infectés, mais le plus souvent de façon inapparente (Lefèvre 2003). En France, elle est classée parmi les maladies réputées légalement contagieuses (MRLC) et à déclaration obligatoire.

La propagation de la maladie se fait ainsi soit par déplacement d'animaux infectés et/ou de leur semence, soit par le transport du moucheron infecté (parfois rendu possible sur de très grandes distances par des vents de vitesse moyenne, chauds et humides) (Baudoux *et al.* 2003).

Il n'existe actuellement aucun traitement efficace contre la FCM. La prophylaxie médicale réside dans la mise en place rapide d'une vaccination après identification du sérotype en cause. Les moyens de prophylaxie sanitaire employés consistent eux en des restrictions des mouvements d'animaux, de leurs semences et de leurs embryons, et en la désinsectisation des animaux et des bâtiments d'élevage. Ainsi la FCM peut-elle être à l'origine de pertes économiques importantes (Sailleau *et al.* 2006).

#### *Tableau clinique*

L'infection au virus de la FCM reste le plus souvent inapparente. Toutefois, chez les ovins la maladie peut être grave voire fatale. Selon les sérotypes, les souches, les vecteurs, et les races impliqués, tous les intermédiaires entre la forme aiguë et les formes inapparentes peuvent être observés (Zientara et Gourreau 2001). Les bovins ont ainsi montré qu'ils pouvaient développer davantage de signes cliniques lors de la récente épizootie à virus BTV8 dans le nord de l'Europe (voir *infra* ; Elbers *et al.* 2007). Mais les formes cliniques les plus sévères concernent très généralement des populations ovines naïves ou de races améliorées (notamment les mérinos). Chez les ovins, les taux de mortalité constatés sont en moyenne de 5 à 10 %, jusqu'à 20 % (Baudoux *et al.* 2003), les taux de morbidité de 10 à 50 % (Zientara 2006) et ceux de létalité en général entre 2 % et 30 %.

Chez les ovins, la durée de la période d'incubation est en moyenne de deux à huit jours (jusqu'à dix-huit jours maximum). Les animaux présentent ensuite une forte hyperthermie (jusqu'à 42°C) ainsi qu'une anorexie et de l'abattement pendant quatre à huit jours (Baudoux *et al.* 2003 ; Zientara 2006). Dans les 24 à 48 heures après le début de la fièvre, des

complications congestives, œdémateuses et hémorragiques peuvent apparaître : congestion et hémorragie des muqueuses buccales accompagnées d'hypersalivation, évoluant rapidement vers l'ulcération (en particulier des gencives, lèvres et museau) ; œdèmes des lèvres, de l'auge et de la langue, pouvant s'étendre à l'ensemble de la tête ; la langue peut devenir cyanosée, d'où le nom anglais de la maladie. L'anorexie devient alors totale, l'animal peut perdre de 30 à 40 % de son poids en quelques jours (Zientara *et al.* 2002). À partir du sixième jour, les animaux les plus affectés peuvent souffrir de boiterie suite à des arthrites. Une congestion puis une ulcération du bourrelet coronaire peuvent entraîner une chute de celui-ci. Dans les situations les plus extrêmes, la congestion de la peau peut se généraliser et entraîner une chute de la laine. Parallèlement à ces signes cliniques, une atteinte musculaire avec myosite dégénérative et des complications pulmonaires (toux) ou digestives (diarrhées sanguinolentes) sont décrites. Des avortements sont parfois constatés. Chez les races les plus sensibles, les animaux peuvent mourir dans les 24 à 48 heures après l'apparition des signes cliniques. Dans les autres cas de mortalité, le décès survient en général dix à douze jours après le début de la maladie. Si au contraire l'animal résiste, la convalescence commence vers le quinzième jour et s'avère très longue. À l'autopsie, la présence d'œdèmes dans la plupart des tissus et de pétéchies ou d'ecchymoses au niveau des muqueuses du tractus digestif et génito-urinaires est observée, ainsi que des œdèmes et des hémorragies dans les poumons. L'hémorragie de la paroi artérielle à la base de l'artère pulmonaire constitue d'ailleurs un signe pathognomonique de la FCM.

Chez les bovins et les caprins, l'infection se limite généralement à une simple hyperthermie transitoire, rarement une dyspnée ou une hypersalivation. En raison de son passage par voie transplacentaire, le virus peut tout de même provoquer des avortements et des mortinatalités, ainsi que des malformations congénitales.

Par ailleurs, des espèces sauvages africaines (buffles, grands koudous, impalas, springboks, etc...) et nord-américaines (cerfs, muets, wapitis, etc...) ont été trouvées porteuses d'anticorps contre le virus de la FCM, sans aucun signe clinique apparent. Des cerfs ont également présenté des séroconversions élevées en 2003 en Corse. Le rôle épidémiologique de ces espèces reste très mal connu (Lefèvre 2003).

Du point de vue des activités de surveillance clinique et du diagnostic différentiel, la FCM peut donc être confondue principalement avec l'ecthyma contagieux (mais celui-ci ne provoque pas d'œdèmes), la fièvre aphteuse (où les lésions buccales et podales sont toutefois moins prononcées et moins œdémateuses), la nécrobacillose, et certaines allergies dues à des piqûres d'insectes (Zientara *et al.* 2002 ; Baudoux *et al.* 2003 ; Sailleau *et al.* 2006), ainsi qu'avec la peste des petits ruminants pour ce qui est des pays tropicaux (mais celle-ci touche davantage les caprins et les diarrhées y sont bien plus courantes). Pour les bovins, puisque la maladie est bien souvent inapparente, le seul diagnostic différentiel est celui concernant les causes d'avortement et de malformations congénitales. Il peut très rarement être effectué quand des bovins manifestent la forme aiguë de la maladie.

### *Vecteurs*

Les vecteurs de la FCM sont des *Culicoides*, diptères mesurant de un à trois millimètres, et dont les espèces sont identifiées à partir de leurs dessins alaires. Il en existe plus de 1400 répertoriées (Zientara *et al.* 2002). En Europe, le vecteur traditionnellement impliqué est *C. imicola*, une espèce longtemps réputée pour être tropicale mais qui a depuis montré sa capacité à résister à de faibles températures et à ce qu'une population puisse être pérennisée d'une année à une autre. Seules les femelles de *C. imicola* sont hématophages, les mâles se nourrissant de nectar de fleurs. Leur activité est crépusculaire ou nocturne, et elles sont

amenées à piquer généralement tous les deux à trois jours (Baudoux *et al.* 2003). Une seule piqûre de *Culicoides* infecté suffit pour qu'un animal soit contaminé par le virus.

La longévité des adultes est estimée à entre dix et vingt jours, jusqu'à cinquante. Leur capacité vectorielle est très dépendante des facteurs environnementaux. Pour *C. imicola*, de basses températures entraînent une baisse du taux d'infection, de la virogénèse, de la fréquence des repas et repoussent la date de la première piqûre infectante. À l'inverse, des températures élevées augmentent ces paramètres et rapprochent la date de la première piqûre infectante. Si les basses températures ralentissent le cycle de développement des vecteurs, des températures trop élevées augmentent le taux de mortalité, mais dans des conditions intermédiaires le taux de survie dépend essentiellement de l'humidité (le taux de survie journalier pour *C. imicola* est d'environ 0,7). L'activité des *C. imicola* semble au final maximale autour de 24°C, ils ne sont en général pas actifs au-dessous de 13°C ni au-dessus de 35°C (CIRAD 2007). Selon Sellers et Mellor, la persistance de l'infection dans la population de *C. imicola* est déterminée par : une moyenne des températures journalières maximales du mois le plus froid au-dessous de 12,5°C ; au moins 45 % de jours avec des températures maximales supérieures à 13°C ; moins de dix jours consécutifs avec des températures maximales inférieures à 13°C (Sellers et Mellor 1993).

Ainsi, en zone tempérée, la période d'abondance du vecteur correspond à la fin de l'été et au début de l'automne, entraînant des manifestations cliniques de la FCM généralement constatées d'août à octobre/novembre (Baudoux *et al.* 2003). L'abondance s'exprime particulièrement après des précipitations importantes car celles-ci favorisent la multiplication du vecteur, les pupes étant dispersées en cas de fortes pluies (Sailleau *et al.* 2006).

La dispersion active des *Culicoides* est très limitée, de l'ordre de quelques centaines de mètres. En revanche, leur dispersion par les vents peut aller de quelques dizaines à plusieurs centaines de kilomètres. C'est vraisemblablement de cette manière que *C. imicola* est arrivé en Corse depuis la Sardaigne (il fut détecté en Corse pour la première fois en 2000). En effet, la capacité de dispersion terrestre du vecteur et de dispersion au-dessus des mers n'est pas du tout la même en raison de la différence des obstacles rencontrés et du fait que les *Culicoides* ne survivent pas à de hautes altitudes (très rarement au-dessus de 800 mètres).

Enfin, peu de moyens existent pour lutter efficacement contre ce vecteur pour le moment. Les bains et douches insecticides en pour-on peuvent réduire les piqûres mais les *Culicoides* semblent se nourrir en grande proportion sur le ventre des animaux. L'association de bovins au côté des ovins constitue finalement un moyen de baisser l'infection chez les espèces sensibles, en raison de la préférence trophique des *Culicoides* plus forte pour les bovins, puis les chevaux et seulement après les ovins.

### *Virus et virémie*

Le virus de la FCM est un virus de la famille des *Reoviridae* et du genre *Orbivirus* (au même titre notamment que le virus de la peste équine dont il est très proche et que celui de la maladie hémorragique enzootique des cervidés). Il s'agit d'un virus nu composé de deux capsides. La capside externe est constituée exclusivement des protéines structurales VP2 et VP5. La première (VP2) détermine la variabilité antigénique des vingt-quatre sérotypes de la FCM. La protéine structurale VP7, qui fait elle partie de la capside interne, est conservée pour tous les sérotypes et est donc celle visée pour le diagnostic de groupe (Zientara 2006).

La matière virulente est le sang, et le virus n'est pas retrouvé ni dans le jetage, ni dans la salive, ni dans les lésions buccales, etc... On ne le retrouve pas non plus dans le milieu extérieur. Il peut seulement être retrouvé dans le sperme en période de virémie (Baudoux *et al.* 2003).

Cette période de virémie est comprise entre une et deux semaines pour les ovins. Le sang est virulent entre le troisième et le dixième jour d'infection, avec un pic vers le sixième ou septième jour (CIRAD 2007). Au-delà, soit l'animal décède, soit il survit mais l'on ne retrouve alors plus, ou très rarement, de virus (Zientara 2006). Cependant, l'infection peut persister jusqu'à 55 jours chez les ovins et environ 100 jours chez les bovins (Baudoux *et al.* 2003). Aux fins du code sanitaire pour les animaux terrestres de l'OIE, cette période d'infectiosité est ainsi fixée à 60 jours (OIE 2006). Cette possible persistance chez les bovins constitue le mécanisme de survie du virus durant l'hiver (phénomène d'*overwintering*) dans les régions où l'hiver est trop rigoureux pour permettre aux vecteurs de survivre toute l'année. Les bovins infectés *in utero* jouent alors bien souvent le rôle de réservoir, entretenant le cycle de vie du virus jusqu'à la reprise de l'activité vectorielle au printemps. À cette période (avril pour *C. imicola*, mars pour les autres espèces traditionnelles d'Europe), les densités de vecteurs commencent à augmenter et ces derniers se nourrissant avant tout sur les bovins, ils se contaminent. Ce n'est que plus tard, quand les densités de vecteurs deviennent trop importantes, qu'ils commencent à se nourrir sur des ovins (voir *supra*). Une densité minimale de bovins semble donc être nécessaire au déroulement de ce cycle et l'infection ne peut se maintenir qu'en zone d'élevage (Baudoux *et al.* 2003).

### *Tests diagnostiques*

Le diagnostic du seul point de vue clinique étant extrêmement délicat, voire quasi impossible chez les bovins et les caprins, il est indispensable pour confirmer tout cas de fièvre catarrhale du mouton d'avoir recours à des tests diagnostiques après avoir prélevé les animaux suspectés. Le diagnostic de laboratoire peut consister à la mise en évidence directe ou indirecte de l'agent de la FCM. Dans le premier cas, l'analyse peut résider en un diagnostic de mise en évidence du virus ou de son génome. Le virus peut alors être isolé par passage sur œufs embryonnés ou sur cultures cellulaires. Après isolement, le typage peut être réalisé par neutralisation virale sur cultures de cellules (Baudoux *et al.* 2003 ; Sailleau *et al.* 2006). Le délai de résultat de ces outils conventionnels étant de quinze jours minimum, il est en général fait recours au diagnostic moléculaire par RT-PCR (amplification génique, réalisée sur extraction d'ARN) qui permet d'obtenir un résultat en 24 heures (pour un diagnostic de groupe). Le typage peut lui être réalisé par séroneutralisation virale ou par RT-PCR spécifique de type. Cette dernière est utilisée pour les cinq sérotypes (1, 2, 4, 9 et 16) du bassin méditerranéen et pour celui du nord de l'Europe, le sérotype 8 (Zientara *et al.* 2006). Le laboratoire national de référence (LNR) en France pour les analyses virologiques de la FCM est l'AFSSA-LERPAZ.

Parmi les nombreuses techniques sérologiques permettant de mettre en évidence des anticorps dirigés contre le virus de la FCM, seules deux sont recommandées par l'OIE (OIE 2004) : l'immunodiffusion en gélose (IDG) et surtout l'ELISA de compétition (cELISA). Cette dernière est majoritairement utilisée et fournit des résultats dans la journée. Ces méthodes ne permettent toutefois qu'un diagnostic de groupe (reconnaissance d'antigènes communs aux vingt-quatre sérotypes) et elles s'avèrent moins sensibles que la RT-PCR. Les anticorps contre l'agent de la FCM apparaissent une dizaine de jours après les premiers symptômes (Ministère de l'agriculture et de la pêche [MAP] 2005<sup>a</sup>). Dans des régions où une vaccination est mise en place, il n'est pas possible de distinguer les anticorps postinfectieux des anticorps postvaccinaux. En revanche, il est possible de différencier dans certains cas les souches vaccinales des souches sauvages, par PCR notamment, comme ce fut le cas après l'épizootie de BTV2 en Corse en 2000 et 2001 (Bréard *et al.* 2004 ; Zientara *et al.* 2002). Pour finir, la séroneutralisation sur culture de cellules permet quant à elle d'identifier le ou les



sérotype(s) contre lesquels sont dirigés les anticorps, mais il existe de nombreuses réactions croisées. Le LNR pour les analyses sérologiques est le CIRAD.

### *Vaccination*

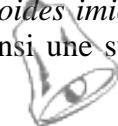
La vaccination reste le meilleur moyen de lutter contre cette maladie. La vaccination contre un sérotype n'entraîne pas de protection croisée contre les autres, elle doit donc être ciblée. Elle n'est pas réalisée sur les femelles gravides car elle présente des effets tératogènes. D'autres risques sont particulièrement liés à l'utilisation de vaccins vivants : une atténuation insuffisante ou un retour à la virulence après passage par les vecteurs ; un réassortiment génique avec le virus sauvage ; la virémie provoquée chez les animaux implique que les souches vaccinales peuvent être transmises à d'autres animaux par les *Culicoides* ; une contamination virale de la semence (Zientara 2006). Des vaccins inactivés, lorsqu'ils sont disponibles, permettent de conférer une plus grande innocuité mais nécessitent plusieurs injections, tandis que les vaccins vivants entraînent une protection rapide par une meilleure sollicitation de l'immunité cellulaire, en une seule injection (Sailleau *et al.* 2006). Par ailleurs, les vaccins pentavalents présentent eux un risque d'introduction sur un territoire de sérotypes exotiques. Enfin, l'immunité induite par la vaccination persistant environ douze mois, le renouvellement annuel de cette dernière est nécessaire dans les zones où un risque subsiste.

### *La FCM en France durant la dernière décennie*

Après près de vingt ans sans que la FCM n'ait été observée en Europe, celle-ci a fait sa réapparition dans le bassin méditerranéen en 1998 (Mellor et Wittmann 2002). La France a alors été vite concernée puisqu'en l'an 2000, 49 foyers de FCM dus au sérotype 2 furent signalés en Corse. Lors de cette première apparition en Corse, les symptômes observés s'avouèrent particulièrement variables d'une exploitation à une autre, allant de formes aiguës à de moins sévères, voire frustrées (Zientara *et al.* 2000). Dès sa détection, les services vétérinaires français ont décrété la mise en place d'une prophylaxie médicale avec un vaccin vivant, administré à l'ensemble des ovins sauf les femelles gravides, béliers et animaux de moins de six mois, en une seule injection, au cours de l'hiver 2000-2001 (Zientara *et al.* 2002). Après une absence de cas clinique durant l'hiver et le printemps 2001, la FCM est réapparue début juillet et a touché 335 foyers en 2001 (Zientara *et al.* 2001). Le sérotype 2 était toujours celui en cause, les isolats corses de 2000 et 2001 s'étant révélés identiques. Après deux campagnes hivernales de vaccination à l'aide de ce vaccin atténué monovalent, plus aucun foyer imputable à ce sérotype n'a été observé en Corse, bien que sa circulation ait été encore mise en évidence en 2002.

Toutefois, la Corse a depuis connu deux autres épizooties, une à virus BTV4 qui fut la cause de 29 foyers en 2003, et l'autre à BTV16 en 2004 (25 foyers). La vaccination annuelle des ovins organisée depuis l'hiver 2000-2001 à l'aide de vaccins vivants atténués puis de vaccins inactivés a cependant permis l'éradication des foyers cliniques, l'identification du dernier foyer en date remontant à début 2005. Elle n'a toutefois pas été sans incident, puisqu'en décembre 2004, la campagne de vaccination dut être interrompue, suite à l'apparition de signes cliniques évocateurs de la maladie chez des ovins vaccinés (Sailleau *et al.* 2006). Il semblerait en effet que l'épizootie de BTV16 de 2004 ait été due à une mauvaise atténuation du vaccin utilisé.

Par ailleurs, aucune de ces quatre épizooties ne provoqua de manifestation chez des bovins ni chez des caprins et toutes semblaient trouver leur origine en Sardaigne. Cette présence de FCM en Corse, avec une abondance du vecteur avéré *Culicoides imicola*, a fait craindre aux autorités françaises une dispersion jusqu'au continent et ainsi une surveillance



épidémiologique y est également en place depuis 2002, en particulier sur le littoral méditerranéen.

Mais à la surprise de l'ensemble des autorités vétérinaires européennes, la FCM est apparue pour la première fois dans le nord de l'Europe au cours de l'été 2006. Cette épizootie, dont l'épicentre se situait dans la région frontalière entre les Pays-Bas, l'Allemagne et la Belgique, s'est ensuite étendue dans ces trois pays et a également atteint le nord de la France et le Luxembourg. Elle s'est avérée autant inattendue que particulière sous bien des aspects : tout d'abord, la zone géographique touchée est située à des latitudes jamais atteintes par la FCM (52°N), beaucoup plus au nord que l'aire considérée à risque (bassin méditerranéen). Ensuite, le sérotype impliqué est le BTV8, sérotype exotique jamais isolé en Europe auparavant, ni dans les pays du pourtour méditerranéen, ce qui a conduit à ce que l'origine de cette introduction reste inconnue (Zientara *et al.* 2006). Le BTV8 est simplement présent en Afrique subsaharienne, mais les signes cliniques qu'il y provoque sont observés chez des ovins, tandis qu'en Europe les bovins exprimèrent cette fois quasiment autant de signes cliniques que les ovins, avec une gravité inhabituelle, et un taux de morbidité allant jusqu'à 30 % (Zientara *et al.* 2006 ; Elbers *et al.* 2007). Enfin, *Culicoides imicola* n'a jamais été retrouvé à des latitudes si élevées, ce qui a soulevé la question de savoir quelle autre espèce de *Culicoides* avait pu dans ce cas transmettre l'infection. Il semble en effet que des conditions climatiques particulièrement favorables aient amené des vecteurs à devenir compétents et *C. dewulfi* et *C. obsoletus/C. scoticus* ont désormais été identifiés (Mehlhorn *et al.* 2007 ; Meiswinkel ; Meiswinkel *et al.*).

À l'heure actuelle, en parallèle à cette épizootie au nord du pays, la présence du sérotype 1, qui a un très fort pouvoir de dispersion, en Sardaigne depuis 2006 renforce les craintes de réapparition de la FCM en Corse, mais également de son introduction sur le littoral.

## **La surveillance de la FCM en France continentale**

Les activités de surveillance épidémiologique de la FCM sur la zone continentale française, et plus particulièrement sur le pourtour méditerranéen, ont débuté en 2001, après l'apparition de foyers de FCM en Corse en 2000. Elles sont toutefois organisées de manière structurée depuis 2002, et s'articulent autour de trois axes distincts mais indissociables : la surveillance clinique, la surveillance sérologique, et la surveillance entomologique.

L'année 2002 a en fait correspondu à la première année d'un programme de trois ans présenté par la France à l'Union Européenne, visant l'éradication de la FCM, et qui fut prolongé les années suivantes. Ce programme prévoyait dans un premier temps le maintien du statut « indemne » en France continentale.

En cas de foyer de FCM, une zone de protection est établie dans un rayon de 100 kilomètres autour de toute exploitation infectée et une zone de surveillance d'au moins 50 kilomètres de diamètre supplémentaires est instaurée (Ministère de l'agriculture, de l'alimentation, de la pêche et des affaires rurales [MAAPAR] 2003). Le continent se situant à plus de 150 kilomètres de la Corse (la zone la plus proche est le Var), l'ensemble du territoire figurait donc en zone indemne jusqu'en 2006.

Le Cirad intervient en tant qu'appui à la Direction Générale de l'Alimentation (DGAL) dans ce programme, dans les domaines de l'épidémiologie, de l'entomologie et de la sérologie, et présente plusieurs fois par an les bilans des activités menées et le programme de celles à venir (MAAPAR 2004), rédigés pour la DGAL et à destination de la Commission Européenne.

## Surveillance entomologique

La composante entomologique de la surveillance est confiée par le Cirad à l'Entente Interdépartementale pour la Démoustication du littoral méditerranéen (EID Méditerranée), et ces deux organismes travaillent en collaboration avec l'Université Louis Pasteur (ULP) de Strasbourg.

Les premières activités de surveillance entomologique sur le littoral eurent lieu en 2001. Une première nuit de piégeage, dans le Midi, à la mi-avril, ne permit pas d'identifier de *Culicoides imicola*. Puis des zones à risque particulier de circulation du virus de la FCM ont été identifiées par les services vétérinaires départementaux, dans chacun des sept départements du littoral méditerranéen concernés par le risque d'introduction de la maladie par des vecteurs infectés, alors crainte aussi bien à partir des Baléares que de la Corse (MAP 2002). Dans chacun de ces départements (qui sont d'ouest en est ceux des Pyrénées-Orientales, de l'Aude, de l'Hérault, du Gard, des Bouches-du-Rhône, du Var et des Alpes-Maritimes), des zones considérées comme des territoires humides, sur le littoral ou plus à l'intérieur des terres, situées à des altitudes inférieures à 600 mètres et occupées par l'élevage, furent ainsi choisies pour y réaliser des premiers piégeages afin de faire l'inventaire des espèces hématophages du genre *Culicoides* sur la côte et de vérifier l'absence de *Culicoides imicola*. Quatre séances de piégeage furent réalisées, sur vingt sites en tout, avec une seule session de capture par site. Sur les 979 individus récoltés, dont 429 correspondant à des espèces hématophages, aucun *C. imicola* ne fut recueilli. La plupart de ces séances eurent lieu en mai et en juin 2001 et furent l'occasion de formations au piégeage, au tri et à l'identification des Cératopogonidés par l'ULP et l'EID.

La présence de nombreuses espèces hématophages et surtout la persistance de la FCM en Corse avec une population de *C. imicola* de plus en plus importante ont alors conduit les autorités à redoubler de vigilance pour les années suivantes et à la mise en place d'un réseau de surveillance entomologique sentinelle sur le littoral dans le cadre du programme d'éradication proposé en 2002.

Ce réseau fut initialement constitué, de 2002 à 2004, de 19 sites sentinelles. Ces sites correspondaient dans un premier temps à des bergeries, séparées de cinquante kilomètres environ. Dix sites se trouvaient en bordure du littoral, espacés entre eux de soixante kilomètres, et neuf sites plus à l'intérieur des terres, disposés en quinconce avec les précédents, ces deux lignes parallèles rendant au final l'écart d'ouest en est entre deux sites d'environ trente kilomètres au maximum. Les départements des Alpes-Maritimes, des Pyrénées-Orientales, et des Bouches-du-Rhône comptaient trois sites, contre un seul pour l'Aude et le Gard, mais quatre pour l'Hérault et le Var. Le rythme de piégeage pour l'ensemble de ces sites correspondait à une nuit de capture par mois.

Pour l'année 2002, un total de 109 nuits de piégeage eurent lieu sur le littoral, d'avril à novembre. Aucun *C. imicola* n'y fut identifié. En revanche, sur les 124 nuits de piégeage réparties de mai à décembre 2003, deux spécimens de *C. imicola* furent détectés, dans deux élevages ovins. Il s'est agi tout d'abord d'un mâle, capturé fin mai 2003 dans la commune du Castellet (Var), puis d'une femelle piégée à Roquette sur Siagne (Alpes-Maritimes) à la fin septembre (MAAPAR 2004 ; Baldet *et al.* 2004 ; Baldet *et al.* 2005). Des enquêtes entomologiques approfondies furent alors conduites autour de ces deux sites (durant deux nuits consécutives, peu après la date de capture de *C. imicola* en ce qui concerne Roquette sur Siagne mais plusieurs semaines après dans le cas du Var, ce qui pourrait avoir influencé les résultats en raison de la canicule sévissant en juin 2003). Aucun autre spécimen de *C. imicola* n'y fut identifié, ce qui conduit à penser qu'il ne s'agissait que de cas erratiques et non d'une population installée. En outre, des contrôles sérologiques furent réalisés autour de ces deux sites et tous s'avèrent négatifs.

Toutefois, parmi les 197 nuits de capture de janvier à novembre 2004, *C. imicola* fut piégé de manière répétée sur un site du Var, à Roquebrune sur Argens, en octobre (détection d'une femelle une première fois début juin, puis à partir de septembre). La Direction Départementale des Services Vétérinaires (DDSV) du Var organisa alors une enquête entomologique sur le site de Roquebrune sur Argens pendant deux nuits consécutives en juin, où *C. imicola* ne fut pas retrouvé ; puis de nouveau début octobre en complétant avec des piègeages sur un site équin proche et cette fois la présence du vecteur fut constatée aux deux endroits (MAAPAR 2005<sup>a</sup>). L'année 2004 fut donc la première pour laquelle on constata une véritable implantation du vecteur avéré de la FCM, *C. imicola*, sur le territoire continental français. Une installation ne peut en effet être confirmée que si la population d'insecte a survécu à un hiver et la population d'adultes piégés ici signifiait sans équivoque qu'ils étaient bien issus d'une génération locale.

En 2005, l'ensemble de la surveillance épidémiologique sur le littoral évolua, avec la mise en place d'un système adapté en fonction du risque entomologique supposé, et une classification des départements en quatre types de zones (Gerbier *et al.* 2006).

La surveillance entomologique fut cette année là renforcée, avec le passage à vingt-quatre sites sentinelles sur le littoral (et une fréquence de piégeage toujours mensuelle). L'emplacement de certains sites avait également été revu au fur et à mesure pour ne plus se focaliser sur les élevages ovins mais viser également les élevages d'autres ruminants et surtout les lieux abritant des chevaux, en raison de la plus grande préférence trophique des *Culicoides* envers les bovins et les chevaux qu'envers les ovins. Ce renforcement se concrétisa par une augmentation du nombre de sites pour les trois départements considérés les plus à risque (voir *supra*), avec désormais six sites de piégeage dans le Var (dont trois dans les zones infestées) et cinq dans les Pyrénées-Orientales et les Alpes-Maritimes. Au final, il y eut en 2005 164 nuits de piégeage, réparties d'avril à novembre, qui confirmèrent l'installation de *C. imicola* dans le Var, sur deux zones littorales du sud-est du département correspondant aux golfes de Fréjus/Argens et de Saint Tropez. Des enquêtes transversales et longitudinales devaient également être implémentées autour des sites chaque fois qu'un spécimen de *C. imicola* serait détecté. Une enquête transversale consistant en une nuit de piégeage dans 43 sites eut ainsi lieu à la fin septembre et au début octobre autour des deux plaines infestées du Var, et a permis de démontrer une légère dispersion de la population de *C. imicola* vers le nord-ouest, de l'ordre de dix kilomètres, le long du fleuve de l'Argens.

Par ailleurs, pour la première fois, des sondages furent organisés en 2005 dans les Pyrénées-Atlantiques en raison de la propagation du vecteur *C. imicola* vers le nord de l'Espagne et de mouvements d'animaux importants entre les pays basques français et espagnol. Dix sites dans ce département furent ainsi l'objet de piègeages, avec une nuit de capture chacun, à la mi-septembre 2005. Aucun *C. imicola* n'y fut décelé (MAP 2006<sup>a</sup>).

Enfin, en 2006, le nombre de sites sur le littoral méditerranéen fut encore légèrement augmenté pour passer à vingt-six, deux sites ayant été ajoutés en périphérie des deux zones infestées du Var (MAP 2006<sup>b</sup>). Parmi les captures des 208 nuits de piégeage de 2006, la présence de *C. imicola* fut confirmée, dans le Var, où il fut capturé dès la troisième semaine d'avril. Il semblait en revanche toujours confiné aux plaines de l'Argens et de Saint Tropez et ne pas se propager en périphérie de cette zone, qui n'était réellement infestée qu'en fin d'été et début d'automne. Six sites de piégeage furent également utilisés de façon mensuelle dans les Pyrénées-Atlantiques, de mai à octobre. 36 nuits de capture y furent réalisées : il n'y eut aucun *C. imicola* parmi les 5647 *Culicoides* piégés (MAP 2007).

## *Surveillance clinique*

La surveillance clinique correspond à la suspicion de cas de FCM par les éleveurs français et leur déclaration par les vétérinaires. Un vétérinaire sanitaire qui constate des signes cliniques évocateurs de la FCM dans un élevage est en effet tenu de déclarer cette suspicion aux services vétérinaires (par arrêté ministériel du 21 août 2001). De plus, les vétérinaires sanitaires intervenant dans les départements limitrophes du bassin méditerranéen doivent systématiquement intégrer le diagnostic différentiel de la FCM lors du suivi sanitaire de leurs élevages. La surveillance clinique n'est en revanche normalement pas effectuée de manière « active », à part en cas d'épizootie comme ce fut le cas dans le nord du pays en 2006.

Les dispositions à tenir en cas de suspicion sont les suivantes : un vétérinaire sanitaire, appelé par un éleveur pour une suspicion de FCM ou suspectant lui-même cette maladie au cours d'une visite pour un autre motif, doit procéder à l'examen clinique de tous les animaux des espèces sensibles de l'exploitation. S'il infirme la suspicion, alors il le signale simplement à la DDSV et le processus s'arrête là. En revanche, s'il juge la suspicion fondée, il doit effectuer un rapport de visite et réaliser des prélèvements. Si le directeur départemental des services vétérinaires légitime la suspicion, alors l'exploitation concernée est placée sous Arrêté Préfectoral de Mise sous Surveillance (APMS) et les prélèvements réalisés sont analysés en virologie à l'AFSSA-LERPAZ et en sérologie au Cirad (Baudoux *et al.* 2003). Le vétérinaire procède également au recensement de tous les animaux des espèces sensibles présents dans l'exploitation, ainsi qu'à celui des chevaux dans le cadre de la lutte anti-vectorielle. Une deuxième série de prélèvements pour analyses sérologiques doit être effectuée dix jours plus tard sur les mêmes animaux. Pour les analyses virologiques, 10ml de sang total sur anticoagulant (EDTA) doivent être prélevés sur un animal en hyperthermie mais ne présentant pas encore de symptômes ; sur un animal mort, la rate et les poumons de préférence sont à prélever. Pour les analyses sérologiques, ce sont cette fois 10ml de sang sur tube sec qui doivent être prélevés (sur des animaux malades en phase aiguë et sur des animaux sains), et ce pour tous les animaux présents pour un élevage de moins de trente têtes ou pour trente animaux sinon, afin de détecter une infection touchant 10 % des animaux avec une probabilité de détection de 95 %. Des enquêtes épidémiologiques et/ou entomologiques peuvent également être effectuées. Les premières ont pour but d'identifier l'origine de l'infection et évaluer son risque de diffusion ; les secondes consistent en la réalisation de piégeages par la DDSV, pendant au moins deux nuits consécutives, à l'intérieur ou à proximité de l'élevage (MAP 2005<sup>a</sup>).

Avant 2006, les suspicions de FCM sur le territoire continental se sont avérées extrêmement rares.

En 2001, il y eut une suspicion dans un élevage du Cantal où des signes évocateurs de la FCM étaient apparus début août. Le Cirad avait alors réalisé des analyses sérologiques et organisé une mission entomologique et épidémiologique (Hendriks *et al.* 2001). Les sérums de bovins et de brebis de l'exploitation touchée, ainsi que ceux de génisses d'une exploitation voisine, furent analysés en cELISA au Cirad et en IDG à l'AFSSA. Tous se révélèrent négatifs. Une deuxième série de prélèvements pour analyses sérologiques, huit jours plus tard, sur de nombreux ovins et bovins de l'exploitation et d'exploitations environnantes, confirma l'absence d'anticorps dirigés contre le virus de la FCM (MAP 2002). Aucun des piégeages entomologiques réalisés n'a recueilli de spécimen de *C. imicola*. Il est toutefois à noter que la suspicion d'après les signes cliniques mis en évidence dans l'exploitation avait paru entièrement légitime. Néanmoins, des manifestations cliniques similaires furent signalées

quelques semaines plus tard dans une autre exploitation ovine du Cantal et permirent de mettre en évidence le virus de l'échtyma contagieux.

Il n'y eut guère de nouvelle suspicion clinique en 2002. En revanche, en 2003, trois suspicions ont été infirmées après enquêtes épidémiologiques et entomologiques et analyse de prélèvements par le Cirad (MAAPAR 2004).

En 2004, deux nouvelles suspicions dans les départements de l'Aude et des Hautes-Pyrénées furent infirmées après l'analyse de prélèvements et en 2005 trois suspicions de FCM furent posées en fin d'année dans les Bouches-du-Rhône (deux suspicions dans des élevages ovins, fin novembre 2005) et le Lot-et-Garonne, ainsi qu'une en Mayenne plus tôt dans l'année (début juin, dans un troupeau ovin). Toutes furent infirmées par le Cirad et l'AFSSA (MAP 2006<sup>a</sup>). Par ailleurs, un dispositif de formation continue des vétérinaires sanitaires ayant une activité en pathologie ovine dans les régions Languedoc-Roussillon, Provence-Alpes-Côte d'Azur, Midi-Pyrénées, Rhône-Alpes et Aquitaine a permis cette année-là la formation de 368 vétérinaires à la détection des foyers de FCM. Ce dispositif venait s'ajouter aux réunions de sensibilisation des éleveurs organisées par les directions des services vétérinaires dans les régions LR et PACA.

Hormis l'épizootie au nord du pays, trois suspicions cliniques furent signalées au sud du territoire en 2006 : dans le Gers en août, l'Ardèche en septembre et la Dordogne en octobre. Les suspicions ont été jugées de plausibilité faible par les DDSV et ont été là encore infirmées par le Cirad et l'AFSSA (MAP 2007). À ce jour, aucun foyer de fièvre catarrhale du mouton n'a donc encore été signalé dans la zone la plus surveillée, au sud du pays.

### *Surveillance sérologique*

Suite à l'infection de la Corse, la population bovine fut prospectée dans les zones à risque définies pour les enquêtes entomologiques de mai-juin 2001 (voir *supra*). 4213 analyses, correspondant à 133 cheptels, furent réalisées (elles comprenaient celles faites dans le cadre de la suspicion dans le Cantal, voir *supra*) : quatre résultats s'avouèrent douteux dans le Gard, ainsi qu'un dans Hérault, et un autre correspondant à un animal de l'élevage du Cantal. Ils furent cependant infirmés lors d'un deuxième contrôle (MAP 2002).

Des sérums correspondant à des prélèvements réalisés lors des opérations de prophylaxie hivernale de la brucellose bovine dans le sud du pays furent ensuite analysés chaque année depuis 2001-2002. Pour cette première année, 1155 analyses de bovins correspondant à 47 cheptels furent réalisées, toutes négatives en cELISA (Biteau-Coroller 2006). Par ailleurs cette surveillance sérologique des bovins en élevage fut complétée en 2002 par des analyses sur des bovins ou à défaut des ovins prélevés mensuellement en abattoir en période à risque (d'août à novembre). Afin de pouvoir détecter une séroprévalence de 2 %, il y était prévu d'analyser 150 sérums par mois pour chacune des trois zones suivantes : premièrement Pyrénées-Orientales, Aude et sud de l'Hérault (zone de l'Ouest) ; deuxièmement nord de l'Hérault, Vaucluse et Bouches-du-Rhône (zone centrale) ; troisièmement Var, Alpes-Maritimes et Alpes-de-Haute-Provence (zone de l'Est). Comme pour les échantillons issus de la prophylaxie, les analyses étaient effectuées par les Laboratoires Vétérinaires Départementaux (LVD) agréés, désignés chaque année par note de service ministérielle. 1669 analyses furent conduites et il y eut quatre résultats douteux, provenant de deux élevages du Var et du Vaucluse. Tous les animaux de ces élevages furent contrôlés ainsi que ceux d'élevages limitrophes, et il n'y eut aucun résultat positif parmi 800 échantillons. Des piégeages entomologiques furent organisés et ne permirent pas de mettre en évidence *Culicoides imicola* (MAAPAR 2004).

Ce système de prélèvements en abattoir ne fut pas conservé les années suivantes du fait que les animaux ne provenaient bien souvent pas des zones visées. Ainsi en 2002-2003 seule

la campagne de prophylaxie, réalisée de novembre à avril, permit de s'assurer de l'absence d'infection. Ce procédé apparaissait alors très proche de celui encore en vigueur à l'heure actuelle, 105 échantillons devant y être tirés au sort par les LVD, et ce pour chacun des neuf départements concernés (les sept du littoral, le Vaucluse et les Alpes-de-Haute-Provence). Les 3513 analyses cELISA effectuées se révélèrent toutes négatives (MAAPAR 2003).

En 2003-2004, la demande passa à 150 sérums par département (ce qui est toujours la demande actuelle) afin de pouvoir mettre en évidence une séroconversion de 2 % des animaux. Les 1061 sérums testés, provenant cette fois seulement des sept départements du littoral, furent tous négatifs (MAP 2006<sup>a</sup>).

Pour la campagne de prophylaxie 2004-2005, englobant les neuf départements précédemment cités ainsi que les Hautes-Alpes, les 920 analyses s'avérèrent toutes négatives. En 2005, le ciblage de la surveillance s'est de plus traduit par la mise en place d'une surveillance sérologique en période estivale dans des élevages sentinelles, consistant en des prélèvements mensuels sur dix animaux et ce pour cinq cheptels dans chacun des trois départements considérés les plus à risque. 1078 analyses correspondant à huit séries de prélèvements d'avril à novembre donnèrent toutes des résultats négatifs : 340 dans les Alpes-Maritimes, 398 dans les Pyrénées-Orientales, et 340 dans le Var (MAP 2006<sup>a</sup>).

En 2006, pour ce qui concerne le littoral, 1628 analyses provenant de la campagne de prophylaxie 2005-2006 produisirent des résultats négatifs (MAP 2006<sup>b</sup>), dans les mêmes neuf départements. Le réseau d'élevages sentinelles fut étendu aux Pyrénées-Atlantiques, et de mai à novembre parmi les 1220 analyses réalisées, aucune ne se révéla positive : 350 dans les Alpes-Maritimes, 352 dans les Pyrénées-Orientales, 278 dans le Var et 240 dans les Pyrénées-Atlantiques (MAP 2007). Ainsi, malgré quelques échantillons douteux sur plusieurs années de surveillance sérologique sur le littoral, aucun animal n'a jamais été confirmé comme positif.

# Évaluation quantitative du système de surveillance épidémiologique de la fièvre catarrhale du mouton en France continentale

## RÉSUMÉ

La fièvre catarrhale du mouton (FCM) n'avait jamais été identifiée en France continentale avant l'année 2006, et ce malgré la présence d'un réseau d'éleveurs, de vétérinaires sanitaires et de laboratoires agréés qui aurait dû se montrer capable de la détecter si elle avait été présente. La méthode d'évaluation quantitative des systèmes de surveillance épidémiologique (Martin *et al.* 2007<sup>a</sup>) doit théoriquement permettre d'évaluer la capacité des réseaux de surveillance à détecter une infection dans un pays si elle y était présente à un certain niveau de prévalence.

Ce rapport présente une application de cette méthodologie à l'estimation de la sensibilité de détection des activités de surveillance de la FCM en place sur le territoire continental français en l'an 2005, et à l'évaluation du niveau de confiance en résultant quant à l'absence d'infection dans cette région. Ces activités de surveillance consistaient en la détection de cas cliniques sur l'ensemble du territoire, en la réalisation d'analyses sérologiques sur des sérums d'ovins et de bovins sentinelles sur le littoral méditerranéen en période estivale, et en la réalisation d'analyses sérologiques sur des sérums de bovins issus des campagnes hivernales de prophylaxie de la brucellose, également sur le pourtour méditerranéen, zone alors considérée comme la plus à risque par les autorités en raison de la présence de foyers de FCM en Corse de 2000 à début 2005.

Des arbres de scénarios, modélisant les étapes de chacun de ces différents procédés de détection, sont présentés. Ils ont été mis au point après considération de l'ensemble des paramètres pouvant influencer sur la probabilité qu'un animal soit infecté par la FCM et des paramètres jouant sur la probabilité que ces processus de surveillance soient à même de détecter des individus infectés. En particulier, la prise en compte de la surveillance entomologique et la définition de zones à risque en fonction de la possibilité ou non d'une présence du vecteur avéré *Culicoides imicola* ont été intégrées dans la conception de ces arbres de scénarios. Le calcul de la sensibilité de chacune de ces composantes de la surveillance est ensuite explicité, ainsi que ceux de la sensibilité globale du système de surveillance et de la probabilité que la France continentale ait alors été indemne de FCM. Quel que soit le niveau minimum de prévalence à détecter pour lequel ces estimations ont été produites (2 % ou 0,5 % des animaux), le système de surveillance dans son ensemble présentait une sensibilité égale à 100 % [100 % ; 100 %] quasiment tout au long de l'année 2005 (99,99 % [99,99 % ; 100 %] entre avril et juin), assurant ainsi une confiance de 99,90 % [99,78 % ; 99,97 %] dans le fait que le territoire ait été indemne d'infection au début de l'année 2006.

Ces résultats sont discutés en fonction de la nature des données utilisées et des décisions prises lors de la construction de ce modèle. Les limites de la méthodologie sont évaluées et l'utilisation qui en a été faite commentée. Enfin, des perspectives de développement et de perfectionnement de la méthodologie d'évaluation quantitative des systèmes de surveillance et leur application au contexte actuel de la fièvre catarrhale du mouton en France sont proposées.

**Mots-clés** : fièvre catarrhale ovine ; surveillance ; évaluation quantitative ; statut indemne ; France.



## Introduction

L'accord sur l'application des mesures sanitaires et phytosanitaires de l'Organisation Mondiale du Commerce (OMC) stipule que les États membres de l'OMC qui souhaitent mettre en oeuvre des actions de restriction de leurs importations dans le but de protéger la santé de leurs populations animales doivent obligatoirement s'appuyer sur des bases scientifiques et ne peuvent maintenir un tel niveau d'exigence sans preuves suffisantes (FAO 2001). Les pays désireux d'utiliser des règles plus strictes que les normes internationales en vigueur ont alors le plus souvent recours à des techniques d'appréciation des risques internationalement reconnues pour apporter des justifications scientifiques à leur décision. Pour pouvoir être menées à bien, ces évaluations du risque requièrent elles-mêmes une appréciation scientifique du statut de chaque partenaire commercial (indemne ou infecté) vis-à-vis de la ou des maladie(s) considérée(s).

Classiquement, deux types d'approches ont été utilisés pour déterminer le statut d'un territoire quant à la présence ou l'absence d'une infection. La première est la réalisation d'une enquête épidémiologique qualitative, qui consiste à estimer la probabilité que les résultats négatifs de l'enquête aient été obtenus si l'infection était présente dans la population à un certain niveau de prévalence (Toma *et al.* 2001). La deuxième approche consiste en l'appréciation qualitative par un panel d'experts des conclusions, en terme de présence ou non d'infection, pouvant être tirées à partir des informations apportées par les différentes sources de preuve utilisées par un pays.

Jusqu'au premier semestre 2006, pour justifier auprès des autorités compétentes et de ses partenaires commerciaux son statut de zone officiellement qualifiée d'indemne vis-à-vis de la fièvre catarrhale du mouton (FCM), la France continentale s'appuyait ainsi sur les résultats de ses activités de surveillance épidémiologique et entomologique. Le fait que le réseau de surveillance implémenté n'ait identifié aucun animal comme positif, comme ce fut le cas de 2002 à 2005, semblait en effet augmenter de manière considérable le niveau de confiance dans le statut « indemne » de ce territoire. Cependant, pour que ce raisonnement soit valable, encore faut-il connaître le niveau de pertinence des résultats de ce réseau de surveillance.

La méthodologie d'évaluation quantitative des systèmes de surveillance épidémiologique propose de quantifier les performances des réseaux de surveillance et d'en déduire le niveau de confiance résultant dans le fait qu'un territoire soit réellement indemne (Martin *et al.* 2007<sup>a</sup>). Contrairement aux enquêtes de prévalence, qui deviennent extrêmement coûteuses lorsque la prévalence d'infection que l'on veut pouvoir détecter est considérée comme très faible, et dont les résultats sont d'applicabilité éphémère, cette méthodologie permet d'estimer la capacité d'un pays à détecter l'infection quelle qu'en soit la prévalence, et de prendre en compte la confiance engendrée au fil du temps par l'accumulation de résultats de surveillance négatifs. Et contrairement à l'appréciation qualitative par des experts, qui demeure très subjective et ne se traduit en général que par un résultat dichotomique (indemne ou non), elle tend à utiliser des procédés à la fois transparents et répétables, destinés à l'obtention d'évaluations chiffrées de la sensibilité de la surveillance et de la probabilité qu'un territoire puisse à raison revendiquer l'absence d'infection.

Les fondements d'une telle évaluation de la sensibilité peuvent s'illustrer par l'analogie entre un réseau de surveillance épidémiologique et un test diagnostique. Tout comme un test vise à discriminer les individus infectés et non infectés parmi une population, avec des résultats sujets à deux types d'erreurs (faux positifs et faux négatifs), les performances d'un système de surveillance peuvent pâtir d'un manque de sensibilité et/ou de spécificité. Lorsque l'on considère des maladies exotiques (absentes du territoire étudié mais pouvant être introduites à partir d'un autre pays), la qualité première recherchée pour un test diagnostique

est une sensibilité élevée, afin de ne manquer aucun cas. De la même manière, un réseau d'épidémiologie s'avérera d'autant plus fiable et pertinent que sa sensibilité est élevée.

Cette étude a ainsi eu en premier lieu pour objectif d'estimer la sensibilité globale des activités de surveillance de la FCM menées en France continentale, en mettant en évidence les contributions respectives des différentes composantes et étapes de la surveillance, puis d'en déduire le niveau de certitude en découlant quant à l'absence d'infection. Un second objectif majeur était de tester et évaluer cette méthodologie, récente, utilisée pour la première fois en France et surtout pour la première fois pour une maladie vectorielle.

Pour ce faire, le travail s'est trouvé naturellement divisé en deux étapes successives : la première a consisté en la construction du modèle, c'est-à-dire la schématisation des activités de surveillance mises en place (paramètres à prendre en compte, ordre des événements, etc...) sous forme d'arbres de scénarios ; et la seconde en la recherche des données nécessaires à la quantification des performances du réseau et leur implémentation dans le modèle conçu.

## **Matériels et méthodes**

Les notations utilisées dans le présent document sont celles de la méthodologie originelle (Martin *et al.* 2007). Pour une compréhension plus exhaustive de la théorie d'évaluation quantitative des systèmes de surveillance épidémiologique et des concepts qu'elle emprunte, il est conseillé de se référer à cette dernière. Néanmoins, ce document se veut suffisamment explicatif pour permettre au lecteur de saisir les principes essentiels sous-jacents à l'étude réalisée.

Fondamentalement méthodologique, cette étude s'est intégralement déroulée au CIRAD de Montpellier, au sein de l'Unité de Recherche en Épidémiologie et Écologie des Maladies Animales, autour de réflexions et recherches personnelles puis de discussions et réflexions communes avec les Dr Guillaume Gerbier et Dr Thierry Baldet, experts de la fièvre catarrhale et de sa surveillance, et le Dr Laurence Vial, vétérinaire entomologiste formée à l'évaluation quantitative des systèmes de surveillance. Angus Cameron, co-initiateur de cette méthode, a également fait partie de l'encadrement du stage. Invité au Cirad en décembre 2006 pour de premières discussions sur la mise en place de ce projet, il a ensuite tenu un rôle de consultant depuis l'Australie par le biais de courriers électroniques.

## **CONSTRUCTION DES MODÈLES**

### **1. Généralités**

#### *Hypothèses initiales*

La méthode d'évaluation quantitative d'un système de surveillance a été avant tout développée dans le but de pouvoir revendiquer un statut d'indemne d'infection. Il y est par conséquent supposé que tous les résultats de surveillance étudiés sont consistants avec l'absence d'infection et sont donc tous négatifs. En effet, dans le cas contraire, dès qu'un animal serait confirmé comme étant infecté, il ne serait évidemment plus pertinent de chercher à prouver un quelconque statut d'indemne (en considérant ici que le territoire n'est plus indemne dès lors qu'un seul individu est infecté).

Une autre hypothèse forte de cette méthodologie est d'ailleurs que la spécificité des différentes composantes du système de vigilance épidémiologique est parfaite et ainsi aucun

individu ne saurait être identifié comme infecté à tort. On peut effectivement penser que, dans le cadre de la recherche d'une maladie exotique aux conséquences sanitaires et surtout économiques considérables comme la FCM, dès lors qu'un animal présenterait un premier résultat positif ou douteux, tous les tests de confirmation disponibles seraient mis en oeuvre. Dans ce cas, soit l'infection serait confirmée et on rejoindrait alors la situation précédemment évoquée, soit la suspicion serait levée. Chaque composante du système de surveillance doit donc, en théorie, être vue comme intégrant tout le suivi nécessaire pour résoudre le problème de potentiels faux positifs et peut par conséquent être considérée comme ayant une spécificité parfaite (100 %).

#### *Période et zone considérées*

Étant donnée la récente épizootie de FCM qui sévit dans le nord de la France depuis l'été 2006, deux possibilités différentes se présentaient pour cette étude : soit évaluer le système de surveillance avant 2006, sur l'ensemble du territoire continental français, alors jugé indemne, soit l'évaluer à partir de 2006, mais en ne considérant alors plus que les zones supposées encore indemnes (avec une importance toute particulière pour les résultats de surveillance dans les régions proches des zones infectées).

La situation épidémiologique et les spécificités concernant l'épizootie à virus BTV8 de 2006 étant encore mal connues (et *a fortiori* au début de l'étude), notamment son origine et la ou les espèce(s) vectrice(s) impliqué(es), le choix s'est porté sur une évaluation sur l'ensemble du territoire continental français dans un contexte antérieur à 2006 mais pour une période la plus récente possible : l'année 2005 (la durée du stage ne permettant pas non plus d'analyser les données de surveillance sur une très grande durée, d'autant que les modalités de surveillance avaient passablement évolué entre 2002 et 2005). Toutefois, l'ambition de ce travail était de construire un modèle suffisamment flexible et générique pour pouvoir être adapté à la situation post 2006. Enfin, afin de répondre aux hypothèses pré-requises de la méthodologie, il a d'emblée été vérifié qu'aucun animal n'avait été confirmé comme positif durant cette période.

#### *Identification des activités de surveillance de la FCM en 2005*

Une fois l'année 2005 choisie comme période d'intérêt, les diverses activités de surveillance alors entreprises ont été identifiées. Ces différentes sources de preuve d'absence de FCM seront appelées dans la suite du texte « composantes du système de surveillance » (SSCs).

À partir des rapports annuels rédigés par le Cirad pour le ministère de l'agriculture et de la pêche (MAP), trois composantes principales ont été identifiées et analysées (MAP 2006<sup>a</sup>). Ces trois SSCs sont présentées dans le tableau I et feront l'objet de descriptions plus complètes par la suite.

Tableau 1 : Présentation théorique des trois composantes de la surveillance de la FCM en France continentale en 2005

| Désignation      | Source de données                  | Espèces  | Départements   | Période  | Nombre d'échantillons demandés  |
|------------------|------------------------------------|--|--|--|---|
| SSC <sub>1</sub> | Surveillance passive               | Ovins<br>Bovins<br>Caprins                           | France continentale (tous départements)  | Toute l'année  | ( <i>Surveillance clinique</i> )  |
| SSC <sub>2</sub> | Surveillance sérologique estivale  | Ovins<br>Bovins<br>Caprins<br>(élevages sentinelles) | Var (83)<br>Alpes-Maritimes (06)<br>Pyrénées-Orientales (66)   | Avril à novembre 2005  | 5 cheptels par département<br>10 animaux prélevés par cheptel chaque mois |
| SSC <sub>3</sub> | Surveillance sérologique hivernale | Bovins   | Var (83)<br>Alpes-Maritimes (06)<br>Pyrénées-Orientales (66)<br>Alpes-de-Haute-Provence (04)<br>Aude (11)<br>Bouches-du-Rhône (13)<br>Gard (30)<br>Hérault (34)<br>Vaucluse (84) | Campagnes de prophylaxie hivernales de la brucellose bovine 2004-2005 et 2005-2006 | 150 échantillons par département par campagne de prophylaxie              |

#### *Période d'analyse (unité temporelle)*

Un des principes de la méthode d'évaluation quantitative est de prendre en compte l'accumulation de confiance engendrée au fur et à mesure du temps et des résultats négatifs de surveillance. Pour cela, il faut au préalable définir à quel intervalle de temps s'applique une seule analyse des données produites par une composante. Ainsi, pour chaque SSC, selon l'épidémiologie de la maladie considérée (notamment vitesse de propagation, occurrences saisonnières, etc...) et la fréquence de génération des résultats, la durée pour une période d'analyse (appelée TP) doit être fixée.

Cet aspect constitue une des premières « ambiguïtés » de la méthodologie car les TP y sont de durée fixe pour une même SSC, mais il n'y est pas précisé si elles sont les mêmes pour les différentes SSCs. On peut *a priori* penser que non car celles-ci ne sont pas censées produire des résultats selon un rythme commun. Toutefois, une fois les sensibilités individuelles de chaque SSC calculées, elles sont combinées pour obtenir une sensibilité globale du système de surveillance. Or cette combinaison est répétée pour chaque TP (voir *infra*), suggérant alors que les TP soient les mêmes pour toutes les composantes. Il n'a pas été possible de se référer aux rares études de cas disponibles pour éclaircir ce point (Hutchison et Martin 2005 ; Martin et Cameron 2002 ; Martin *et al.* 2007<sup>b</sup>) car elles ne s'intéressent systématiquement qu'à une seule SSC, et l'interrogation directe des auteurs n'a pas permis de conclure sur cet aspect.

Pour parer à cela, l'option retenue a consisté à décomposer chaque année civile en trois périodes, en fonction du caractère saisonnier de la FCM (notamment du cycle de développement du vecteur avéré *Culicoides imicola*) et de la temporalité de certaines SSCs. Les périodes choisies furent les suivantes :

- de décembre à mars : absence de vecteur<sup>1</sup> ;
- d'avril à juin : présence de vecteur ;
- de juillet à novembre : forte présence voire abondance de vecteur.

<sup>1</sup> Ce découpage reste donc applicable dans d'autres circonstances et avec d'autres espèces vectrices, mais dans cette situation précédant 2006 le mot « vecteur » ou « vecteur compétent » désigne ici *Culicoides imicola*.

Ces trois TP ont alors pu être utilisées de manière commune pour les trois SSCs. Elles sont certes de durées inégales mais cela n'a guère d'importance si ce fait est gardé à l'esprit et que l'on ne fait pas l'erreur de comparer des sensibilités obtenues à des TP de durées différentes, sachant que la longueur des périodes d'analyse est fortement corrélée à la quantité de résultats produits, elle-même extrêmement influente sur les performances du système.

### *Arbres de scénarios*

La principale étape de modélisation a résidé dans le design des arbres de scénarios. L'arbre de scénarios constitue le véritable élément maître sur lequel s'appuie toute cette méthodologie. À chaque SSC correspond un arbre, et pour chaque période d'analyse la sensibilité de la SSC est calculée grâce à cet arbre.

Un arbre de scénarios représente avant tout les différentes étapes au sein du processus de surveillance, celles qui vont conduire à ce que tout individu entrant dans ce processus soit déclaré infecté ou indemne. Elles apparaissent dans l'ordre chronologique de leur occurrence, de la racine vers les feuilles de l'arbre. L'arbre comporte de plus l'ensemble des paramètres qui vont influencer sur la probabilité qu'une unité soit infectée ou non, et tous ceux qui vont influencer sur la probabilité qu'une unité infectée soit détectée ou non par le système.

Tous ces éléments figurent dans l'arbre sous forme de nœuds. Il en existe quatre types : les nœuds d'infection, les nœuds de détection et deux sortes de nœuds de catégorie, distingués entre ceux de risque et ceux de détection.

Les *nœuds d'infection* et les *nœuds de détection* ne comportent typiquement que deux branches, auxquelles sont associées des probabilités d'occurrence (pour un nœud d'infection : un troupeau ou un animal est infecté ou ne l'est pas ; pour un nœud de détection : telle étape du processus de surveillance conduit à la détection de l'animal infecté ou n'y conduit pas).

Les *nœuds de catégorie de risque* ou de *catégorie de détection* possèdent deux ou plusieurs branches auxquelles ne sont plus liées des probabilités d'apparition mais les proportions d'unités entrant dans chaque catégorie (en termes de troupeaux ou d'animaux selon le niveau où l'on se situe dans l'arbre). Ces nœuds divisent ainsi la population étudiée en plus petits groupes au sein desquels chaque unité a la même probabilité d'être infectée (nœud de catégorie de risque ou « *nœud de risque* ») ou la même probabilité d'être détectée (nœud de catégorie de détection). Ils se situent directement au-dessus des nœuds auxquels ils s'appliquent (respectivement nœud(s) d'infection et nœud(s) de détection) et si un paramètre a un impact à la fois sur la probabilité d'infection et de détection, alors il apparaît sous la forme d'un nœud de risque (c'est-à-dire plus en amont de l'arbre).

Pour chaque nœud de l'arbre, les probabilités ou les proportions sont estimées pour chaque branche possible. Elles sont toujours conditionnelles aux événements ou au découpage de la population situés en amont. Pour les probabilités, ce ne sont non pas des estimations ponctuelles qui ont été utilisées mais des distributions de probabilité afin de prendre en compte l'incertitude sur la vraie valeur de ces variables ainsi que leur possible variabilité naturelle. Selon un processus stochastique, une valeur parmi ces distributions a donc été tirée à chaque itération du modèle, produisant une estimation unique de chacune des variables de sortie (*outputs*). Toutes les analyses de cette étude ont été conduites grâce aux logiciels Excel<sup>®2</sup> et @Risk<sup>®3</sup>. Après 5000 itérations selon un plan d'échantillonnage en hypercube latin, elles ont permis d'obtenir des courbes de distribution pour ces *outputs*.

Par ailleurs, l'arbre de scénarios reflète la nature de la surveillance, à savoir s'il s'agit d'une surveillance ciblée ou au contraire représentative. Une population de référence est en effet associée à chaque SSC, il s'agit de la population couverte par la composante, celle à

---

<sup>2</sup> Microsoft Corporation

<sup>3</sup> Palisade Corporation

laquelle on peut inférer les résultats de la composante. Une SSC est dite représentative si les proportions de troupeaux et d'animaux entrant dans le processus de surveillance (celles apparaissant dans l'arbre, effectivement testées) sont les mêmes que celles dans la population de référence. Par exemple, pour une surveillance clinique passive, où tout individu a potentiellement une chance d'entrer dans ce processus, la population de référence est la même que la population surveillée et la SSC s'avère donc représentative (elle est même exhaustive).

Pour les SSCs ayant une couverture exhaustive de leur population de référence, les facteurs affectant la probabilité qu'une unité soit testée sont simplement ceux jouant sur la probabilité de détection (et d'infection). En revanche, pour les SSCs qui n'ont pas une couverture exhaustive, les paramètres influant sur la probabilité qu'une unité soit sélectionnée pour inclusion dans la SSC ne doivent pas figurer car l'arbre modélise seulement les unités qui ont déjà été sélectionnées. Ainsi le tirage au sort des échantillons dans la SSC<sub>3</sub> par exemple (voir *infra*) n'apparaît-il pas dans cette étude.

### *Prévalence design*

Dans un pays supposé totalement indemne d'infection, la prévalence d'infection attendue sur le territoire est en toute logique égale à zéro. Cependant, l'objectif de ce travail étant d'évaluer la capacité d'un système à détecter l'infection si elle était présente, il était nécessaire d'imaginer comme point de départ que le pays était infecté et de spécifier alors un niveau de prévalence correspondant. Cette prévalence, choisie, faisant partie intégrante de la conception du modèle et aucunement liée à quelconque prévalence réelle de la maladie dans la population d'étude, est appelée « prévalence design » et notée  $P^*$ . Le principe résultant consiste à savoir à quel point le système mis en place serait capable de détecter la maladie si elle était présente à un niveau de prévalence égal ou supérieur à  $P^*$ . Les prévalences design sont ainsi les probabilités utilisées au niveau des nœuds d'infection des arbres de scénarios et, contrairement aux autres variables du modèle, elles sont fixées et s'expriment simplement par des valeurs ponctuelles.

La FCM étant une maladie pour laquelle le statut des animaux au sein d'un même troupeau tend à être identique (du fait de leur soumission à une même source de contamination), deux valeurs de prévalences design devaient être spécifiées, l'une au niveau du troupeau, notée  $P_H^*$  (prévalence inter-troupeau) et une au niveau individuel, notée  $P_U^*$  (prévalence intra-troupeau, probabilité qu'un animal soit infecté sachant que le troupeau est infecté). Le choix de ces valeurs de  $P^*$  peut reposer sur différents critères mais le premier d'entre eux correspond logiquement aux exigences de la réglementation internationale. En ce qui concerne la FCM, le nombre de 150 échantillons à analyser par département parmi les prélèvements réalisés dans le cadre de la prophylaxie de la brucellose bovine était employé pour la mise en évidence d'une séroprévalence de 2 % des animaux. Ce protocole venait en réponse aux directives alors fixées par le code zoosanitaire international de l'OIE pour la reconnaissance de zone indemne de FCM. Cette donnée ne correspondant ni à une valeur potentielle de  $P_H^*$  ni de  $P_U^*$ , mais au produit de ces deux prévalences, il a donc été décidé d'utiliser des combinaisons de  $P_H^*$  et  $P_U^*$  dont le produit vaut 2 %. Ces combinaisons pour atteindre la valeur de 2 % étant liées aux seules analyses sérologiques donc davantage aux SSC<sub>2</sub> et SSC<sub>3</sub>, une autre option a été testée en considérant cette fois plus particulièrement la SSC<sub>1</sub>. Cette composante reposant avant tout sur l'observation de signes cliniques, un premier point de vue consisterait à tester un niveau moins rigoureux étant donné le caractère fortement asymptomatique de la maladie et le fait que cette SSC ne soit pas ciblée. Toutefois, une seconde option reviendrait à savoir à quel point ce système passif serait capable de détecter l'infection pour des prévalences très faibles. Cette seconde option a été choisie, d'une part parce qu'il était pressenti que les résultats de la surveillance passive seraient bons en raison du

nombre considérable d'individus surveillés, et d'autre part parce que les performances des autres composantes au niveau de 2 % pouvaient être anticipées comme s'avérant relativement bonnes également (car la majorité des départements effectuait le nombre d'analyses requis) et il semblait intéressant de les tester en d'autres circonstances. Au final, les performances des trois SSCs ont été estimées pour  $P_H^* = 5\%$  et  $P_U^* = 10\%$  ;  $P_H^* = 10\%$  et  $P_U^* = 20\%$  ;  $P_H^* = 20\%$  et  $P_U^* = 10\%$ . Cela reste cohérent avec le principe de la méthodologie qui est de tester le modèle pour plusieurs valeurs de prévalences design afin de comparer les performances du système de surveillance à chacun de ces niveaux, pour identifier par exemple à partir de quel niveau d'exigence de preuve ces performances deviennent insatisfaisantes.

Par essence, les prévalences design utilisées sont les mêmes pour l'ensemble de la population au sein d'une SSC. Pourtant, certains sous-groupes de la population sont naturellement considérés comme ayant une plus forte probabilité d'être infectés que d'autres. Ceci constitue la base de la surveillance ciblée, comme celle des élevages sentinelles par exemple. L'avantage de cibler les groupes à haut risque serait donc perdu si l'on n'incorporait pas des risques différentiels dans l'arbre de scénarios servant à évaluer cette surveillance. Les nœuds de risque permettent de prendre en compte cette inégalité vis-à-vis du risque d'infection des différentes sections de la population qu'ils définissent. Pour cela, des risques distincts, dits *risques relatifs* (RR), sont appliqués aux différentes branches émergeant d'un nœud de risque. Ces risques sont ajustés (*risques ajustés*, notés R) pour s'assurer que le risque moyen pour la section de la population de référence entrant dans ce nœud soit de 1, afin que la sensibilité calculée de la SSC ne soit pas altérée par les valeurs de risques utilisées (c'est-à-dire que tout effet sur la sensibilité associé aux risques différentiels ne serait alors dû qu'à un échantillonnage non représentatif, volontaire comme dans le cas des sentinelles, ou non volontaire mais biaisé). Le produit d'un (ou des) risque(s) relatif(s) par la prévalence design à laquelle il(s) s'applique(nt) donne alors la *probabilité effective d'être infecté* pour les individus concernés (EPI).

#### *Prise en compte de la composante entomologique*

Les piégeages entomologiques font bien entendu partie intégrante des activités de surveillance de la FCM en France. En 2005, cette surveillance entomologique était réalisée presque exclusivement sur le littoral méditerranéen où *C. imicola* semble installé depuis 2004 (dans le sud-est du Var). Sans vecteur compétent, il ne peut y avoir transmission de l'infection. Cependant, la présence du vecteur ne renseigne pas directement sur celle de l'infection ; elle constitue simplement un facteur favorable et nécessaire à son installation et participe en cela à la définition de zones à risque plus ou moins élevé. Si l'absence de vecteur parmi les espèces piégées dans une région ne signifie pas pour autant une absence de risque d'infection (défaut de sensibilité du piégeage, période inadéquate, intensité du piégeage trop faible, etc...), elle suggère que celui-ci soit très faible. À l'inverse, si le vecteur est présent dans une zone, cela n'implique pas nécessairement un risque d'infection élevé mais accroît légitimement la méfiance quant à la possibilité de détecter des animaux infectés.

La composante entomologique ne pouvait donc être directement modélisée par un arbre de scénarios car la détection entomologique n'est pas liée, en elle-même, à la sensibilité de détection de l'infection proprement dite. En revanche, il fallait rechercher la manière d'intégrer cette composante entomologique au sein des trois SSCs considérées et des arbres correspondants. Cela fut l'objet de nombreuses et longues réflexions et discussions. En effet, la méthodologie, encore assez récente et incomplète, ne prévoit aucun élément spécifique aux maladies vectorielles et à la prise en compte des nombreuses particularités liées à ce mode de transmission. En outre, elle n'avait encore jamais été appliquée à une maladie vectorielle avant cette étude et cette partie primordiale a donc dû être entièrement développée.

Il semblait évident qu'il fallait faire apparaître ce risque entomologique au sommet des arbres de scénarios, afin de définir en premier lieu des zones présentant des risques d'infection différents, puis de regarder et évaluer les actions de surveillance à l'intérieur de chacune de ces zones. Par volonté de produire un modèle générique, adaptable à d'autres situations, il avait été décidé dans un premier temps de diviser le territoire en trois types de zones : celles où un vecteur compétent est présent ; celles présentant des conditions favorables à la présence d'un vecteur compétent ; et celles non favorables à cette présence (ceci autorisant une flexibilité avec le passage de régions d'une catégorie à une autre en 2006 avec le changement d'espèce vectrice désignée).

Outre les notions d'habitat et de conditions favorables à la présence de vecteurs (altitude, topologie, températures, pluviométrie, etc...), il paraissait pertinent de tenir compte pour la définition des zones à risque de la distance par rapport aux zones de présence du vecteur (le Var en l'occurrence). Toutefois, compte tenu du peu de connaissances sur les capacités de diffusion terrestre de *Culicoides imicola*, il était difficile de définir une échelle de distances pour créer une classification du territoire (découpage départemental, ou par bandes d'une certaine largeur à partir du Var, etc...). En outre, se posait la question de savoir comment ordonner nœud de « zone favorable » et nœud de « distance » au sein de l'arbre de scénarios puisque ces deux aspects devaient être pris en compte parallèlement. Parvenir à une classification de l'ensemble du territoire très précise et fine en prenant en compte de nombreux paramètres devenait à la fois réellement très intéressant (notamment réalisation d'une analyse spatiale et utilisation avancée de Systèmes d'Information Géographique [SIG]) mais également trop complexe pour pouvoir être réalisé dans le temps imparti à cette étude.

Un compromis a donc dû être trouvé et il consista à se servir du découpage du territoire utilisé pour la définition des activités de surveillance épidémiologique en 2005. Cette classification, divisant la France en cinq types de zones à risques différents, fut proposée par Gerbier *et al.* et est présentée en annexe I (Gerbier *et al.* 2006). Ce découpage, à l'échelle du département, prend en compte, de façon empirique, d'une part la présence avérée, possible ou très improbable de *C. imicola*, et d'autre part la distance aux zones hébergeant le vecteur compétent et/ou du virus. Elle constituait donc un bon compromis pour le modèle, avec l'utilisation des quatre zones suivantes pour la France continentale :

- Zone 1 : vecteur de la FCM présent : département du Var ;
- Zone 2 : vecteur et/ou virus de la FCM présent(s) dans des zones proches : départements des Alpes-Maritimes et des Pyrénées-Orientales ;
- Zone 3 : zone à risque d'implantation du vecteur : départements de l'Aude, des Bouches-du-Rhône, du Gard et de l'Hérault ;
- Zone 4 : pas de risque particulier : autres départements de France continentale.

## **2. Modélisation des SSCs**

*SSC<sub>1</sub> : Surveillance passive*

Présentation de la SSC

La surveillance passive correspond à la suspicion de cas de FCM suite à l'observation de signes cliniques par les acteurs de terrain (éleveurs, vétérinaires). Elle concerne *a priori* l'ensemble du territoire et est effective tout au long de l'année, bien que des régions et des périodes soient naturellement plus favorables à l'apparition de foyers de FCM que d'autres. Le processus de détection consiste en un premier temps en la détection de signes cliniques par l'éleveur, l'amenant à consulter son vétérinaire sanitaire. Celui-ci peut alors confirmer ou infirmer cette suspicion, et dans le premier cas réaliser des prélèvements pour analyses



sérologiques et autant que possible pour analyses virologiques (MAP 2005<sup>4</sup>). En théorie, les prélèvements sont effectués sur trente animaux de l'exploitation, ou la totalité de l'élevage pour les troupeaux de moins de trente animaux. En principe, ce n'est qu'après la vérification de la plausibilité d'un foyer de FCM par la Direction Départementale des Services Vétérinaires (DDSV) que les échantillons sont analysés dans les laboratoires nationaux de référence (sérologie par test cELISA au Cirad, virologie par RT-PCR à l'AFSSA-LERPAZ).

La population de référence de cette composante était constituée de l'ensemble du cheptel ovin et bovin français en 2005 (France continentale) et la couverture passive de cette population s'avérait exhaustive.

## Conception de l'arbre de scénarios

L'arbre de scénarios élaboré pour la surveillance passive est présenté en figure 1. Il est à souligner que le statut « infecté » du pays est l'élément qui devrait apparaître comme premier nœud au sommet de chaque arbre de scénarios ; par souci de parcimonie, il n'y figure pas mais est implicite dans tous les arbres produits.

Un premier nœud de risque se trouve donc à la racine de l'arbre, il correspond à la séparation des espèces (ovins ou bovins), celles-ci présentant des réceptivités et sensibilités différentes au virus de la FCM, et par conséquent influençant à la fois la probabilité d'infection et la capacité à détecter l'infection par l'observation de signes cliniques. Les caprins, aux signes cliniques extrêmement rares, n'ont pas été considérés durant cette analyse mais ils auraient pu l'être en toute rigueur. Les bovins, qui développent eux aussi très rarement des symptômes (dans ce contexte antérieur à l'épizootie à virus BTV8), ont en revanche été intégrés du fait de leur forte propension à l'infection (en raison de la préférence trophique plus élevée des *Culicoides* pour les bovins).

Apparaît ensuite un second nœud de risque, divisant le territoire en zones à risques d'infection distincts, selon la composante entomologique. L'ensemble du territoire étant concerné par la surveillance passive, les quatre types de zones apparaissent dans l'arbre.

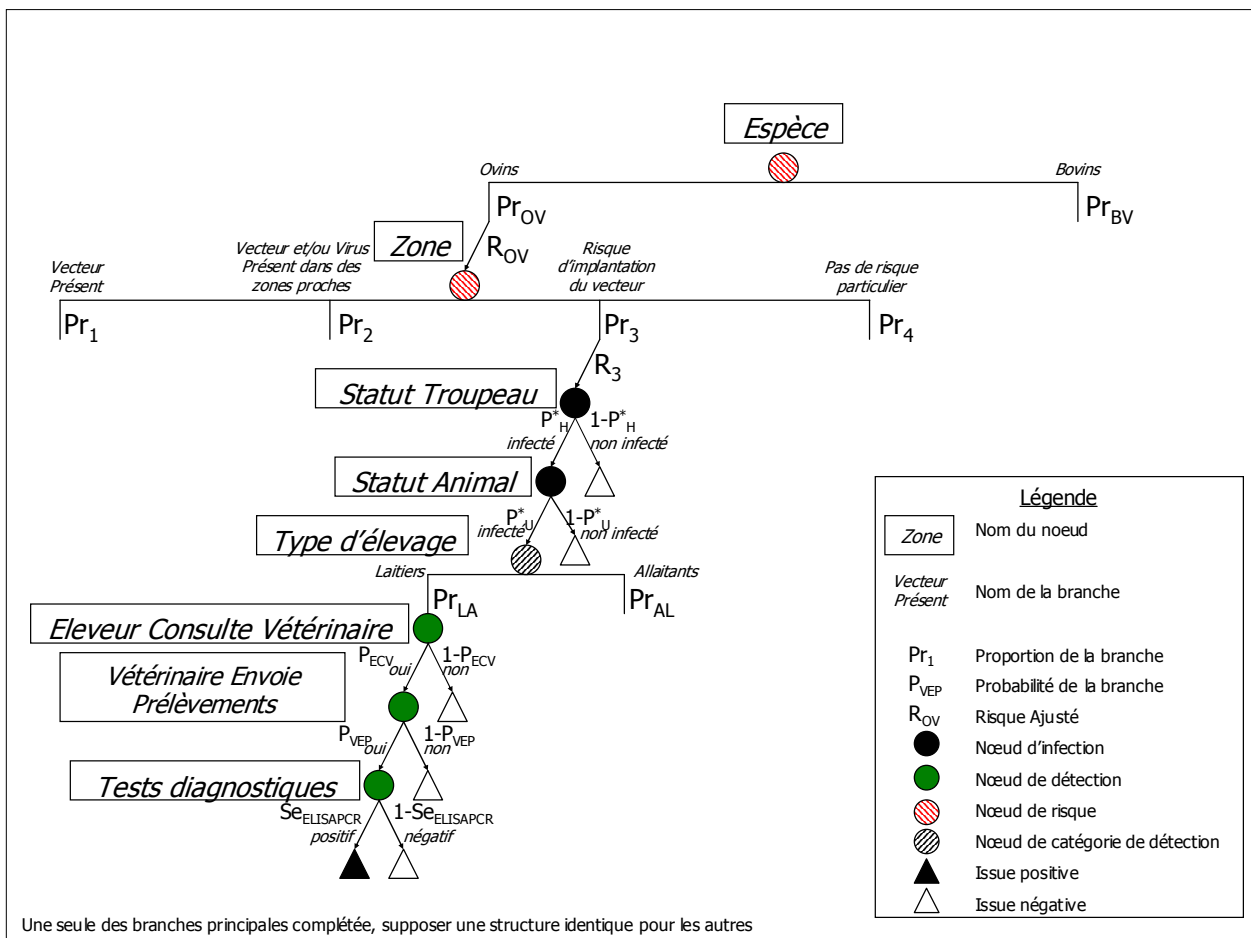
Ces deux paramètres de risque s'appliquent aux nœuds suivants : les nœuds d'infection au niveau du troupeau (*Statut Troupeau*) et de l'animal (au sein d'un troupeau infecté, *Statut Animal*). Ensuite, le type d'élevage a été considéré en tant que nœud de catégorie de détection. En effet, il paraît légitime de penser qu'un éleveur peut être plus attentif à l'état de santé d'un de ces animaux lorsqu'il pratique l'élevage intensif car il est plus fréquemment en contact avec eux. La catégorisation entre élevage extensif et intensif a donc été retenue, et pour l'obtention des données nécessaires, les troupeaux allaitants ont été assimilés à un mode d'élevage extensif et les laitiers à un intensif. Le cas échéant, les ateliers d'engraissement ont été placés dans la même catégorie que les allaitants, en raison de modes d'élevage plus proches.

À première vue, ce paramètre *Type d'élevage* pourrait influencer aussi bien la probabilité d'infection que l'efficacité de la détection. En effet, en fonction d'hypothèses sur l'écologie du vecteur compétent, il est possible d'imaginer que l'exposition à l'infection n'est pas la même pour un animal vivant en extérieur et un animal vivant en permanence à l'intérieur. Toutefois, étant donné le manque actuel d'informations sur les préférences microclimatiques des *Culicoides*, sur la localisation de leurs gîtes larvaires, et donc sur l'orientation de ce phénomène, cette option n'a pour l'instant pas été retenue pour la construction du modèle.

Enfin, les nœuds de détection traduisent le processus décrit dans la section précédente. Le nœud *Éleveur Consulte Vétérinaire* (ECV) reprend le fait que l'éleveur constate des signes cliniques et appelle son vétérinaire. Le nœud suivant (*Vétérinaire Envoie Prélèvements* [VEP]) correspond lui à la séquence d'actions : « confirmation de la suspicion par le vétérinaire / réalisation de prélèvements / arrivée d'échantillons exploitables aux laboratoires après vérification par la DDSV ».

La probabilité que les laboratoires nationaux de référence (LNR) analysent les prélèvements a été considérée égale à 1 et ne fit donc pas l'objet d'un nœud dans l'arbre de scénarios. En effet, seules les étapes conduisant à une baisse de la sensibilité du système nécessitent d'y figurer. De même, il a été estimé que la DDSV confirmait toujours la plausibilité de la suspicion posée par son vétérinaire sanitaire ou que, dans bien des cas, les analyses étaient de toute façon effectuées sans que le vétérinaire ne passe par la DDSV. La seule perte possible de sensibilité restante provenait donc des propres défauts de sensibilité des analyses de laboratoire effectuées. Les tests cELISA et RT-PCR n'ayant pas les mêmes cibles biologiques (détection de la réponse immunitaire pour le premier et détection virale pour le second), les erreurs des deux tests ont été considérées indépendantes pour le calcul de la sensibilité globale de ces analyses (d'après Gardner *et al.* 2000).

Figure 1 : Arbre de scénarios du système de surveillance passive



## SSC<sub>2</sub> : Surveillance sérologique estivale

### Présentation de la SSC

Pour la première année, la surveillance de la FCM sur le territoire continental s'est appuyée en 2005 sur des élevages sentinelles. Il pouvait s'agir en théorie de bovins, d'ovins ou de caprins. Le protocole consistait à prélever dix animaux par cheptel, dans cinq cheptels distincts, chaque mois (pas nécessairement les mêmes animaux lors de chaque session), pendant huit mois (d'avril à novembre), et ce dans chacun des trois départements considérés les plus à risque : le Var, les Alpes-Maritimes et les Pyrénées-Orientales. La pertinence de cette composante se trouvait ainsi principalement d'avril à juillet, en tant qu'alerte précoce en

période de séroconversion, avant l'apparition de signes cliniques chez les ovins. L'organisation de ces prélèvements était gérée par les DDSV respectives de ces départements et les élevages désignés par arrêté préfectoral (Ministère de l'agriculture, de l'alimentation, de la pêche et des affaires rurales [MAAPAR] 2005<sup>b</sup>). Les prélèvements étaient réalisés par les vétérinaires sanitaires des exploitations puis analysés (en cELISA) par les Laboratoires Vétérinaires Départementaux (LVD) agréés respectifs de ces départements (par celui du Vaucluse pour les cheptels du Var). En cas de résultat positif ou douteux, l'ensemble des échantillons en possession du LVD et provenant du même élevage étaient envoyés et de nouveau analysés en cELISA au LNR du Cirad.

La population de référence de cette SSC concordait donc *a priori* avec l'ensemble du cheptel bovin, ovin et caprin de ces trois départements. Cependant, lors de l'analyse des fichiers informatiques présentant les résultats de ces sérologies, il a été constaté que les troupeaux sentinelles de 2005 correspondaient à une très forte majorité à des cheptels ovins (quatorze élevages sur quinze, pour un de bovin, et un nombre très réduit de caprins parfois prélevés avec des ovins). Le modèle a dès lors dû être ajusté et la population de référence de la SSC se composa finalement de l'ensemble des bovins et des ovins de ces trois départements, avec une couverture cette fois non exhaustive et non représentative.

Il est à noter également qu'en cas de difficultés pour obtenir un nombre suffisant d'échantillons, des prélèvements complémentaires ont été parfois réalisés en abattoir sur des ruminants en provenance de zones favorables à l'implantation du vecteur dans ces mêmes départements.

### Conception de l'arbre de scénarios

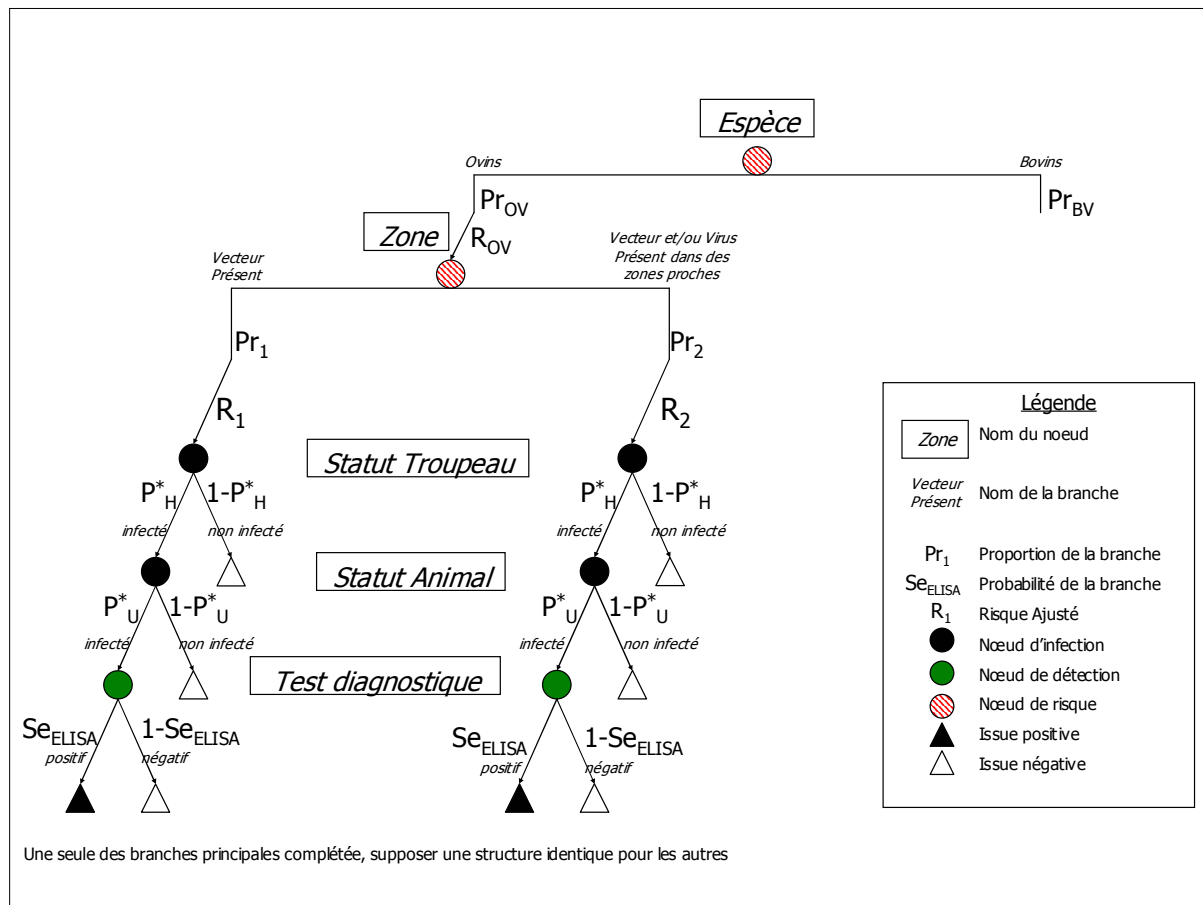
Les deux premiers nœuds de l'arbre de scénarios de la SSC<sub>2</sub> sont les mêmes que ceux de la SSC<sub>1</sub>, c'est-à-dire *Espèce* et *Zone*, à la différence près que ne sont ici issues du nœud *Zone* que deux branches, puisque les trois départements concernés appartiennent aux seules catégories « vecteur de la FCM présent dans cette zone » et « vecteur et/ou virus de la FCM présent(s) dans des zones proches ».

Puisque le type d'élevage n'avait pas été retenu comme facteur influant sur l'infection mais uniquement sur la détection de signes cliniques (ce qui est propre à la surveillance passive), il n'intervenait pas dans cette SSC et après les deux nœuds de risque puis les deux nœuds d'infection (*Statut Troupeau* et *Statut Animal*) apparaît donc directement le processus de détection de l'infection.

Les étapes d'acheminement des prélèvements au laboratoire agréé et leur analyse par celui-ci ont été estimées comme se produisant dans 100 % des cas et ne figurent par conséquent pas dans l'arbre de scénarios. En effet, le vétérinaire sanitaire est mandaté chaque année pour réaliser ces prélèvements et, du moment que le prélèvement est fait, l'analyse est conduite par le laboratoire. En outre, la probabilité que le vétérinaire fasse ces prélèvements n'apparaît pas non plus dans l'arbre car, d'après les suppositions précédentes, ceci se traduit tout simplement par le nombre d'analyses qui ont été effectuées par rapport à celui attendu. Or, ce nombre d'analyses est directement pris en compte dans le calcul de la sensibilité de la SSC, dans la mesure où l'arbre est en fait parcouru pour chaque animal testé (plus il y a d'animaux prélevés ici, plus l'arbre est répété et donc la sensibilité de la composante augmente).

Tout ceci a conduit à aboutir en définitive à un arbre d'apparence simple où la perte intrinsèque de sensibilité n'est due qu'au manque de performance de l'analyse cELISA, comme l'illustre la figure II.

Figure II : Arbre de scénarios du système de surveillance sérologique renforcé sur animaux sentinelles



### SSC<sub>3</sub> : Surveillance sérologique hivernale

#### Présentation de la SSC

Afin de confirmer les résultats cliniques et sentinelles et de vérifier l'absence d'infection durant les mois précédents, des analyses sérologiques sont effectuées chaque hiver sur le littoral méditerranéen depuis 2001-2002. Elles concernent logiquement les bovins, plus à même d'être infectés et dont la période de virémie est plus longue. Le protocole en vigueur en 2005-2006 demandait aux LVD agréés du littoral<sup>4</sup> de tirer au sort 150 échantillons par département impliqué (voir tableau 1) parmi ceux issus de la campagne hivernale de prophylaxie de la brucellose bovine, réalisés par des vétérinaires sanitaires. Les laboratoires ne recevaient pas de directives particulières si ce n'était de répartir au maximum les échantillons tirés au sort sur l'ensemble de la période de prophylaxie bovine (en théorie de décembre à mars mais en réalité les fichiers de données ont permis d'identifier une période de prélèvement allant plutôt d'octobre à mars voire avril), en fonction de leur date de réception (MAP 2005<sup>b</sup>). La présence d'anticorps spécifiques au virus de la FCM y était alors recherchée, en cELISA. En cas de résultat positif ou douteux, les échantillons (tous ceux de l'élevage concerné) étaient là aussi envoyés au Cirad pour confirmation (en cELISA également).

La population de référence de cette SSC comprenait l'ensemble des bovins des neuf départements concernés, avec une couverture non exhaustive et non représentative (puisque le même nombre d'animaux était sensé être analysé dans chaque département et donc qu'en

<sup>4</sup> LVD des Alpes-Maritimes, des Bouches-du-Rhône, du Gard, de l'Hérault, des Pyrénées-Orientales et du Vaucluse (MAAPAR 2005<sup>c</sup>).

définitive les proportions d'analyses concernant chaque branche du noeud *Zone* n'étaient pas les mêmes que les proportions des effectifs bovins entre ces zones).

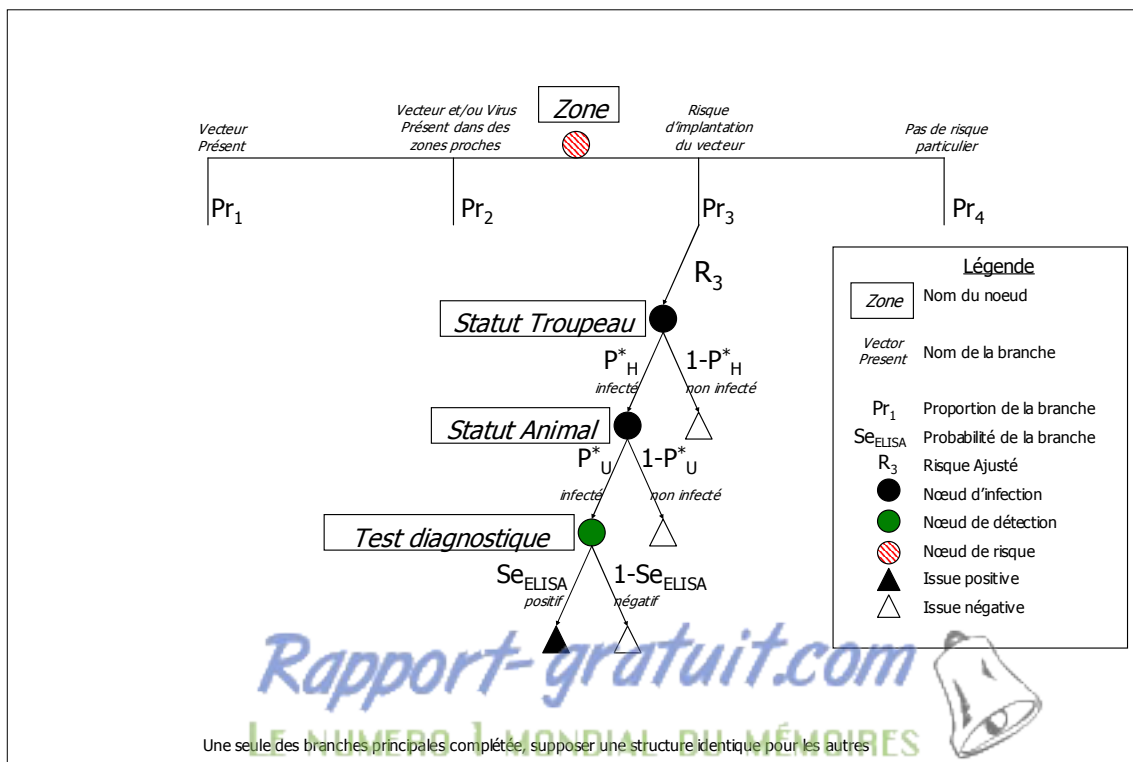
### Conception de l'arbre de scénarios

L'arbre de scénarios pour cette SSC s'avère à l'arrivée lui aussi relativement simple en apparence (figure III). Les réflexions suivantes ont précédé sa construction : tout d'abord, contrairement aux arbres des deux autres SSCs, il ne comprend pas de noeud *Espèce*, seuls des enregistrements portant sur des bovins ayant été répertoriés. Ensuite, le noeud *Zone* possède de nouveau quatre branches car toutes les zones prédéfinies étaient représentées avec ces neuf départements (les Alpes-de-Haute-Provence et le Vaucluse ne faisant pas partie des sept départements du littoral correspondant aux trois zones les plus à risque). On peut penser que la date de prélèvement influençait aussi la probabilité que l'animal testé ait été infecté. Plutôt qu'au travers d'un noeud, cela s'est exprimé directement par la période TP à laquelle l'échantillon a été prélevé, puisque des risques différents ont été attribués aux TP (via les probabilités d'introduction, voir *infra*).

Comme pour la SSC<sub>1</sub> et la SSC<sub>2</sub>, font suite deux noeuds d'infection (*Statut Troupeau* et *Statut Animal*). La même remarque que dans le cadre de la SSC<sub>2</sub> a été observée pour ce qui est du type d'élevage, qui n'a donc pas été retenu, et à l'instar de ce qui a été noté pour la probabilité que le vétérinaire procède aux prélèvements dans le cadre de la surveillance sentinelle, la probabilité que les laboratoires analysent les prélèvements a été ici retirée de l'arbre de scénarios après y avoir été dans un premier temps incluse. En effet, cette probabilité se trouve entièrement intégrée dans le nombre d'analyses qui ont été effectuées pour chaque département, et est donc prise en compte dans le nombre de répétitions de l'arbre.

Finalement, le test diagnostique (cELISA) et sa sensibilité constituent là aussi le point focal du processus de surveillance sérologique dans l'arbre de scénarios. Comme pour la SSC<sub>2</sub>, aucune différence de performance réelle entre les laboratoires n'a été retenue puisqu'ils étaient agréés pour la réalisation des tests et que leur assiduité était elle reflétée par le nombre d'analyses accomplies.

Figure III : Arbre de scénarios du système de surveillance sérologique hivernal



### 3. Calcul des sensibilités des composantes du système de surveillance

La première étape pour l'estimation de la sensibilité d'une composante réside dans le calcul de la probabilité qu'une unité épidémiologique, en l'occurrence l'animal, tirée au sort parmi la population étudiée par cette SSC, ait une issue correspondant à un résultat positif (c'est-à-dire que l'unité ait été infectée et détectée). Cette probabilité est appelée sensibilité de la SSC au niveau de l'unité et notée CSeU. De manière basique, elle est facilement obtenue en multipliant, pour chaque chemin de l'arbre de scénarios, les probabilités, proportions et risques ajustés des branches de ce chemin, et en additionnant ensuite ces produits pour tous les chemins se terminant par une issue positive. Pour peu que la SSC ait une couverture représentative et sa sensibilité se déduit alors instinctivement (Martin *et al.* 2007).

Cependant, faire cela revient à considérer que toutes les unités sont indépendantes vis-à-vis du risque d'infection, ce qui n'est pas correct pour une maladie comme la FCM où les statuts des animaux d'un même troupeau sont corrélés. Pour prendre en compte ce manque d'indépendance entre les unités, une sensibilité au niveau du troupeau a donc été mesurée pour chaque troupeau, et le calcul de la sensibilité des SSCs a été exécuté pas à pas selon la méthode suivante :

- tout d'abord, la sensibilité des unités, c'est-à-dire la probabilité qu'une unité infectée soit détectée, ou « sensibilité pour une unité épidémiologique » (SeU), a été déterminée : la SeU s'obtient en ne multipliant plus cette fois pour chaque chemin de l'arbre que les probabilités des branches issues des nœuds inférieurs au nœud d'infection de l'unité (ie *Statut Animal*, exclu), puis en additionnant les produits obtenus pour les chemins conduisant à un résultat positif.

Supposons maintenant que les mêmes produits aient été calculés, mais en ne commençant qu'au niveau inférieur aux éventuels nœuds de catégorie de détection (ne restant donc plus que les nœuds de détection) et notons SeU' les résultats de ces calculs.

Pour les SSC<sub>2</sub> et SSC<sub>3</sub> où il n'y a pas de nœud de catégorie de détection, la sensibilité était la même pour toutes les unités entrant dans le processus de surveillance et pour ces deux SSCs le même résultat a d'ailleurs été obtenu :

$$SeU = Se_{ELISA} \text{ (sensibilité du test cELISA)}$$

En revanche, pour la SSC<sub>1</sub> il a fallu prendre en compte le type d'élevage. Dans un premier temps, la SeU pouvait être calculée comme indiqué ci-dessus pour les unités dont on connaissait le type d'élevage. Mais pour celles pour lesquelles on l'ignorait, une moyenne pondérée des SeU' des animaux allaitants et des SeU' des animaux laitiers a été utilisée. Autrement dit, pour ces unités :

$$SeU = SeU'_{AL_j} \times PrSSC_{AL_j} + SeU'_{LA_j} \times PrSSC_{LA_j}$$

$$\text{avec } SeU'_{ij} = P_{ECV_{ij}} \times P_{VEP_{ij}} \times Se_{ELISAPCR}$$

où i = {laitier ; allaitant} et les proportions d'animaux laitiers/allaitants (soit ovins, soit bovins selon le chemin sur lequel on se situe) surveillés dans la zone j sont désignées par  $PrSSC_{ij}$

- une fois ces sensibilités individuelles mesurées, la sensibilité au niveau de chaque troupeau étudié a été établie, en agrégeant les probabilités des différentes unités épidémiologiques provenant d'un même troupeau de produire un résultat positif (c'est-à-dire leur sensibilité SeU multipliée par P<sup>\*U</sup>). De manière commune aux trois SSCs, la sensibilité d'un troupeau h (probabilité qu'au moins une des n<sub>h</sub> unités de ce troupeau soumises à la surveillance donne un résultat positif sachant que le troupeau est infecté) s'écrit :

$$SeH_h = 1 - (1 - P_U^* \times SeU)^{n_h}$$

- puis les sensibilités des différents troupeaux ont elles aussi été agrégées, pour obtenir la sensibilité au niveau des zones (cette formule est également commune aux trois composantes, seul le nombre de zones changeant) :

$$SeZ_i = 1 - \prod_{h=1}^{n_i} (1 - R_{ZONE_i} \times P_H^* \times SeH_h)$$

où  $n_i$  est le nombre de troupeaux venant de la  $i^{\text{ème}}$  zone et  $R_{ZONE_i}$  le risque ajusté de cette zone

- enfin, les sensibilités des composantes du système de surveillance ont été déduites. Pour la SSC<sub>3</sub> on avait directement :

$$CSe = 1 - \prod_{k=1}^4 (1 - SeZ_k)$$

où k représente les différentes zones

Pour les SSC<sub>1</sub> et SSC<sub>2</sub>, il fallait de plus prendre en compte le dernier regroupement au niveau des espèces :

$$SeS_j = 1 - \prod_{i=1}^{I_j} (1 - R_{ESPECE_j} \times SeZ_i)$$

où  $I_j$  est le nombre de branches du nœud Zone pour l'espèce j (quatre dans la SSC<sub>1</sub>, deux dans la SSC<sub>2</sub>) et  $R_{ESPECE_j}$  le risque ajusté de cette espèce

On obtenait alors :

$$CSe = 1 - \prod_{l=OV}^{BV} (1 - SeS_l)$$

où  $l = \{ovins ; bovins\}$

#### 4. Calcul de la sensibilité globale du système de surveillance

Une fois les sensibilités de chaque composante calculées indépendamment, pour une période TP donnée, elles ont été combinées pour obtenir la sensibilité de l'ensemble du système de surveillance durant cette période (SSe).

La partie délicate de cette étape réside dans la prise en compte de la non indépendance entre les composantes. Lorsque des unités sont analysées par exemple dans deux SSCs distinctes, il n'y a plus d'indépendance entre ces SSCs car de l'information est répétée. Par exemple, un animal d'un troupeau sentinelle pourrait théoriquement être également prélevé dans le cadre de la prophylaxie hivernale et vice versa. Or, tester un animal une seconde fois ou tester deux animaux distincts n'apporte pas la même quantité d'information. Le même principe s'applique au fait de prélever plusieurs animaux d'un même troupeau : si l'on sait déjà qu'un animal d'un certain cheptel a donné un résultat négatif, un second résultat négatif sur un animal du même cheptel ne nous fournira pas autant d'information quant au statut du troupeau. Chaque nouveau résultat négatif provenant de ce même troupeau apportera de moins en moins d'information, beaucoup moins par exemple qu'un résultat négatif sur un animal d'un troupeau voisin nouvellement observé. Ceci a été pris en compte dans le cadre de

l'analyse de la sensibilité de chaque SSC présentée ci-dessus par le calcul par étapes tenant compte de chaque niveau de regroupement de la maladie, mais devait être également élucidé pour la combinaison des SSCs ayant eu des unités en commun ou ne seraient-ce que des troupeaux investigués en commun.

Dans ce modèle, seule la possibilité de recouvrement entre les SSC<sub>2</sub> et SSC<sub>3</sub> a été considérée car la SSC<sub>1</sub> ne fournissait elle *a priori* quasiment pas de résultat sérologique positif ou négatif (à moins qu'une suspicion ait été posée, et en l'occurrence dans l'un des cheptels entrant dans les deux autres SSCs). Cependant, étant donné le fait que les élevages sentinelles aient au final été constitués majoritairement de troupeaux ovins, aucun recouvrement n'a été identifié entre les deux SSCs (en d'autres termes, il n'y a pas eu d'animal du seul élevage bovin sentinelle analysé dans le cadre des campagnes de prophylaxie hivernales).

Ainsi, les sensibilités des trois composantes ont pu être simplement combinées de manière indépendante, à la fin de chaque TP, selon la formule :

$$SSe = 1 - \prod_{j=1}^3 (1 - CSe_j)$$

## 5. Probabilité que la France continentale ait été indemne de FCM

L'étape finale du modèle a consisté à dériver de la sensibilité estimée de la surveillance la probabilité que le territoire ait été effectivement indemne d'infection, c'est-à-dire le niveau de confiance que l'on pouvait avoir dans l'absence réelle d'infection sachant que le système n'en avait pas détecté. Il s'agissait en effet là de l'information véritablement pertinente pour les autorités et les partenaires commerciaux. En termes probabilistes, cela revient au passage de la probabilité P(S+/I+) à la probabilité P(I-/S-) où I représente le statut du pays vis-à-vis de l'infection et S le résultat global de la surveillance (infection détectée ou non). Cette probabilité P(I-/S-), assimilable à la valeur prédictive négative du système de surveillance si l'on prolonge l'analogie avec un test diagnostique, est notée *PFree*.

La sensibilité du système de surveillance a été calculée pour chacune des périodes d'analyses TPs définies. Afin de prendre en compte l'accumulation de résultats négatifs au fil du temps et donc de confiance quant au statut du territoire, la probabilité que le pays ait été indemne a été réactualisée à la fin de chaque TP à partir des résultats obtenus à la fin de la TP précédente. De manière générique, cela s'exprime par la formule de révision bayésienne suivante :

$$PostPFree_{TP_i} = \frac{1 - PriorPInf_{TP_i}}{1 - PriorPInf_{TP_i} \times SSe_{TP_i}}$$

où *PostPFree<sub>TP<sub>i</sub></sub>* est la probabilité d'avoir été indemne à la fin de la <sup>i</sup><sup>ème</sup> période. Elle dépend à la fois de la probabilité d'avoir été indemne à la fin de la période TP<sub>i</sub> mais avant prise en compte des résultats de surveillance (ce qui correspond à *PriorPFree<sub>TP<sub>i</sub></sub>* = 1 - *PriorPInf<sub>TP<sub>i</sub></sub>*), et des performances du système de surveillance durant cette période TP<sub>i</sub>.

La différence entre *PostPFree<sub>TP<sub>i-1</sub></sub>* et *PriorPFree<sub>TP<sub>i</sub></sub>* ne réside que dans la possibilité d'introduction de la maladie au cours de TP<sub>i</sub>. Cette probabilité est notée *PIntro<sub>TP<sub>i</sub></sub>*. Elle intègre également l'éventualité que l'infection ait été présente plus tôt, avant TP<sub>i</sub>, et qu'elle ait franchi le niveau des prévalences design durant TP<sub>i</sub>. Enfin, il est aussi possible que l'infection ait été présente, à un niveau de prévalence supérieur ou égal à P\*, à la fin de TP<sub>i-1</sub> mais n'ait pas été détectée. Ainsi au final, on a :

$$PriorPInf_{TP_i} = PostPInf_{TP_{i-1}} + PIntro_{TP_i} - PostPInf_{TP_{i-1}} \times PIntro_{TP_i}$$



D'après la méthodologie, la probabilité d'introduction de l'infection n'est donc pas prise en compte au cours de la toute première période d'étude (TP1). L'analyse du système de surveillance de la FCM conduite ici était dans un premier temps prévue pour débuter en avril 2005 (c'est-à-dire au moment de l'année 2005 où des *C. imicola* ont commencé à être identifiés et où la surveillance active a démarré). Le seul véritable risque d'introduction qui aurait alors été considéré était celui de l'été (juillet-novembre 2005), celui de décembre 2005 à mars 2006 étant pour ainsi dire nul. Devant ce constat, et ceci permettant de plus de s'appuyer sur la confirmation d'une absence d'infection en 2004 à travers la campagne de prophylaxie 2004-2005, il fut décidé de commencer l'analyse une période plus tôt, c'est-à-dire à partir de décembre 2004, pour pouvoir prendre en compte le risque d'introduction entre avril et juin 2005. L'étude fut ainsi menée sur quatre périodes (TP1 : décembre 2004-mars 2005 ; TP2 : avril-juin 2005 ; TP3 : juillet-novembre 2005 ; TP4 : décembre 2005-mars 2006).

En ce qui concerne la probabilité que le pays ait été infecté au commencement de la période étudiée ( $PriorPInf_{TP1}$ ), la méthode usuelle consiste à utiliser la valeur neutre de 50 %. Cela revient à dire que l'on part d'une situation sans information préalable sur le statut de la maladie dans le pays. Or, ce n'était guère le cas de la France continentale en 2005 vis-à-vis de la FCM puisque la surveillance épidémiologique y était de rigueur depuis plusieurs années. Il a donc été jugé plus pertinent d'avoir recours à des opinions d'experts pour ce paramètre.

## **RECUEIL DES DONNÉES NÉCESSAIRES**

Pour pouvoir procéder aux estimations numériques souhaitées pour l'implémentation des arbres de scénarios, un certain nombre de données à rechercher ont été identifiées. D'après la nature des paramètres à quantifier, trois types principaux de données se distinguaient : premièrement, les effectifs animaux, en termes de troupeaux et d'individus, ainsi que les proportions par type d'élevage ; deuxièmement, les enregistrements d'analyses de laboratoire afin de vérifier les résultats mais surtout d'en connaître le nombre et la provenance ; troisièmement, d'autres paramètres, dont l'estimation nécessiterait normalement des enquêtes ciblées, comme par exemple la probabilité qu'un éleveur consulte son vétérinaire dans tel type d'élevage et dans telle région. À chacun de ces types de données correspondait un type de source d'information : respectivement les bases de données nationales ou locales des effectifs bovins et ovins ; les fiches papiers et surtout les fichiers informatiques regroupant les résultats des analyses réalisées par les laboratoires agréés ; et enfin des opinions d'experts.

### **1. Effectifs**

D'après la structure des arbres de scénarios, plusieurs informations étaient nécessaires, à commencer d'une part par les nombres de troupeaux (bovins et ovins) en France métropolitaine (Corse exclue) et d'autre part par les proportions d'ovins laitiers et à viande ainsi que celles de bovins laitiers et allaitants dans chaque zone. Ces informations pour l'année 2005 devaient *a priori* être recherchées au niveau départemental puisque l'unité de découpage en différentes zones à risque était le département. Toutefois, ce niveau de précision ne s'avérait indispensable que pour les départements des régions Languedoc-Roussillon et Provence-Alpes-Côte d'Azur (qui englobent à elles seules intégralement trois des zones prédéfinies) et les données à un niveau régional suffisantes pour les autres régions, qui appartenaient à la quatrième zone prédéfinie. Pour les proportions d'animaux laitiers et allaitants, le nœud correspondant au type de production se situant à l'échelle de l'animal (sous le nœud *Statut Animal*), ce n'était plus cette fois la répartition en nombre de troupeaux qui était désirée mais bien en nombre d'animaux.

À ces fins, trois sources d'information différentes ont été utilisées :

- Tout d'abord, la Base de Données Nationale d'Identification bovine (BDNI) : il s'agit de la base de référence française en ce qui concerne les effectifs bovins. Créée par le ministère de l'agriculture suite à la réforme sur l'identification bovine de 1998, elle est gérée par la DGAL et est alimentée par les notifications des détenteurs d'animaux français, ainsi que celles des autres acteurs tels que les abattoirs, centres d'équarrissage, opérateurs commerciaux et marchés. Cette double notification permet notamment d'effectuer des contrôles par rapport aux données fournies par les détenteurs d'animaux. Ces derniers doivent notifier toutes les naissances, les entrées (achat, pension) et les sorties (vente, prêt, mort, boucherie) de leur cheptel. Ces informations sont rassemblées à un niveau intermédiaire par les Établissements Départementaux ou Interdépartementaux de l'Élevage (EDE, EIE), qui assurent le suivi des éleveurs, gèrent les anomalies et la remontée des données au niveau national. Les renseignements enregistrés comprennent entre autres : noms du détenteur et de l'exploitation, identifiant du bovin (code pays et numéro national, sexe, type racial, date de naissance, numéro de l'exploitation de naissance, etc...), mouvement du bovin (type d'entrée ou de sortie). Par contre, les informations par type de production ne sont pas spécifiées, elles ne le sont que par races. Deux synthèses des données bovines de la BDNI, au 01/01/2005 et au 01/01/2006, étant disponibles, elles ont été moyennées pour l'utilisation dans ce modèle.

L'année 2005 fut la première année pour laquelle des informations sur les effectifs ovins apparaissaient dans la BDNI, en l'occurrence les nombres de cheptels par département, suite à la réforme de l'identification ovine et caprine de fin 2005. Sans s'intéresser aux mouvements d'animaux pour l'instant, les EDE doivent procéder depuis 2006 au recensement annuel des animaux de ces espèces présents dans les exploitations d'élevage. Par conséquent, une hausse importante du nombre de données et de leur fiabilité suite à la mise en place de ce recensement national a pu être constatée entre 2005 et 2006 (environ dix mille troupeaux d'ovins supplémentaires). La BDNI ne contient en revanche pas d'informations sur les ovins à l'échelle individuelle.

Pour les ovins comme pour les bovins, la BDNI a permis de récolter des données pour les 94 départements concernés par cette étude.

- Ensuite, les données officielles de statistique agricole du ministère de l'agriculture et de la pêche, rassemblées sous le nom d'AGRESTE, ont été explorées. Elles sont gérées par le Service Central des Enquêtes et Études Statistiques (SCEES). Elles émanent d'enquêtes par sondage stratifié sur la structure des exploitations agricoles (description du cheptel lors du passage de l'enquêteur), au dernier trimestre de l'année 2005, dans chaque département français. Ces chiffres correspondent donc à des estimations d'effectifs par échantillonnage. Les bases de données AGRESTE renseignent sur les effectifs bovins, au niveau des troupeaux et des animaux, pour la plupart des départements (certains sont manquants) et par régions, ainsi que sur les effectifs par type de production. Pour ce qui est des ovins, les mêmes types d'informations sont renseignés, avec toutefois nettement plus de valeurs manquantes.

- Enfin, afin d'avoir une troisième source d'information, et après avoir constaté de nombreuses disparités entre les informations des deux premières sources (notamment en ce qui concerne les ovins), il a été décidé de contacter directement l'ensemble des DDSV des départements concernés par courrier électronique et de leur demander les informations souhaitées, pour l'année 2005 autant que possible, ou pour les années 2004 ou 2006 dans le cas contraire. En à peine plus de deux semaines, presque la moitié des DDSV avaient répondu (40 sur 94). Certes, toutes n'ont pas transmis une information complète ou telle que convoitée

(beaucoup de proportions d'allaitants/laitiers en termes de troupeaux et non d'animaux), mais cela s'est néanmoins révélé profitable (voir *infra*).

- Le système d'information SIGAL utilisé par la DGAL depuis fin 2001 n'a lui pas été retenu, car il a davantage pour rôle de centraliser les enregistrements d'actes techniques et administratifs vétérinaires, et parce que toutes les DDSV ne sont pas encore passées à l'utilisation de ce logiciel (et encore moins en 2005).

Au final, l'emploi de ces différentes sources a été le suivant : pour les effectifs de troupeaux bovins, le choix s'est naturellement porté sur la BDNI (valeurs moyennes sur l'année 2005, voir *supra*). Pour les troupeaux ovins en revanche, les écarts entre les totaux nationaux d'AGRESTE et de la BDNI étaient quasiment du simple au double. Cela pouvait s'expliquer en partie du fait qu'AGRESTE ne s'intéresse qu'aux exploitations agricoles et non à tous les détenteurs comme la BDNI, et par le fait qu'il s'agisse d'un sondage et non d'un recensement exhaustif (par exemple, les exploitations visitées lors de l'enquête Structures 2005 d'AGRESTE étaient tirées au sort parmi celles identifiées lors du recensement agricole de 2000, ce qui signifie que toutes les exploitations créées entre temps n'étaient pas considérées). Les données fournies par les DDSV pour les ovins se sont révélées bien plus proches de celles de la BDNI que de celles d'AGRESTE. Ainsi, quand l'information émanant d'une DDSV était disponible pour 2005, elle était utilisée et dans le cas contraire ce sont donc les valeurs de la BDNI qui ont été retenues (celles de la BDNI 2005, légèrement plus proches dans l'ensemble de celles des DDSV que celles de la BDNI 2006).

En revanche, les données par type de production n'étant pas disponibles par la BDNI, les proportions utilisées ont été celles d'AGRESTE, après vérification que celles-ci s'avéraient cohérentes avec les données mises à disposition par les DDSV. Cela a d'ailleurs permis de confirmer que la sous-estimation des effectifs d'exploitations par AGRESTE était sans doute principalement due à son échantillonnage mais que la description fournie au niveau de la structure des cheptels semblait plus correcte. Toutefois, certaines valeurs restant manquantes pour de nombreux départements, les données AGRESTE régionales ont aussi été utilisées. Pour les régions Languedoc-Roussillon et PACA (pour lesquelles l'information était souvent absente, en termes de bovins principalement), les données des DDSV ont été employées, après sondage téléphonique supplémentaire s'il n'y avait eu de réponse spontanée par courriel.

## **2. Données d'analyses**

L'élément le plus important quant aux tests sérologiques était de loin le nombre total d'analyses ayant été réalisées, d'une part chez les sentinelles, d'autre part lors des campagnes de prophylaxie 2004-2005 et 2005-2006. En effet, cet élément est indispensable pour pouvoir estimer la sensibilité des SSC<sub>2</sub> et SSC<sub>3</sub>. Une deuxième nécessité était de pouvoir identifier la zone de provenance, l'espèce et la date de prélèvement correspondant aux échantillons analysés. Enfin, dans le but de repérer les animaux provenant d'un même cheptel et aussi d'identifier d'éventuels recouvrements entre les populations prises en compte dans les SSC<sub>2</sub> et SSC<sub>3</sub>, l'identifiant du cheptel de provenance (ou le nom de l'exploitation) était requis.

Le Cirad, en tant que laboratoire national de référence, centralise les informations relatives à toutes les analyses sérologiques effectuées. L'ensemble des fichiers Excel<sup>®</sup> disponibles regroupant ces données, pour les années 2004, 2005 et 2006, ont donc été fournis par Mme Colette Grillet. Les fiches papiers à disposition ont également été étudiées afin de vérifier qu'elles étaient bien toutes enregistrées informatiquement et de compléter les fichiers dans le cas contraire.

Un tri de ces fichiers a alors été réalisé, afin d'exclure les échantillons provenant d'autres régions (en 2006 essentiellement) ou prélevés à des dates hors de la période étudiée, puis de regrouper les données par motif de prélèvement (sentinelles ou prophylaxie), par période TP, et par zone.

### 3. Opinions d'experts

Certains paramètres nécessitaient le recueil d'avis d'experts pour pouvoir être quantifiés dans le cadre de cette étude. Il s'agissait de la probabilité que le pays ait été infecté en décembre 2004 ( $PriorPInf_{TP1}$ ), des probabilités d'introduction de l'infection durant les périodes suivantes, des risques relatifs d'infection entre les espèces et entre les zones, et enfin des probabilités qu'un éleveur consulte son vétérinaire et que celui-ci envoie des prélèvements (en fonction du type d'élevage, de la zone, et de l'espèce considérés). Ainsi, un panel d'experts de la FCM et de sa surveillance en France avait été identifié pour aider à l'estimation de ces facteurs.

Toutefois, réaliser convenablement la mise au point d'un questionnaire, son testage, l'envoi aux experts, l'attente de leurs réponses, le calcul et le renvoi des analyses de ces premières réponses afin de procéder à un deuxième tour d'opinions, la répétition éventuelle de ce processus à nouveau ou l'organisation d'une réunion entre les experts, puis l'analyse des résultats définitifs, peut durer plusieurs mois et n'était donc pas compatible avec la durée et les objectifs du stage (essentiellement consacré à la réflexion et la conceptualisation du modèle). Par conséquent, il a été décidé de commencer par implémenter le modèle en employant pour ces paramètres des valeurs assez larges mais paraissant plausibles, simplement pour pouvoir utiliser le modèle et s'assurer de son bon fonctionnement. Dans un second temps une réunion a été organisée, en petit comité, avec des experts de la FCM au Cirad (Guillaume Gerbier, Thierry Baldet, Fabienne Biteau-Coroller) ainsi que Matthieu Grégory, expert national de la FCM, afin de remplir un questionnaire préliminaire élaboré au cours du mois de mai 2007, mais surtout de l'améliorer et le valider pour une utilisation dans un futur proche.

Cette réunion a ainsi permis d'aboutir à une première estimation de ces probabilités et de ces risques, en utilisant les lois de distribution indiquées en annexe II. Le contexte global dans lequel se situait cette étude fut au préalable rappelé aux experts, et notamment le fait que le risque à prendre en considération ici était celui lié au sérotype 4, puisqu'il s'agissait du sérotype le plus attendu par les autorités en 2005, du fait de la couverture immunitaire moindre chez les ovins corses par rapport au BTV2 (et l'épizootie à virus BTV16, au pouvoir de propagation certes plus fort, s'avérait particulière dans le sens où il pourrait s'être agi d'une souche vaccinale mal atténuée).

Enfin, deux autres variables ont été décrites par des lois de probabilité : les sensibilités du test cELISA et de la RT-PCR. La seconde a été estimée par dires d'experts. Pour la première, des données applicables étant disponibles dans la littérature, elles ont été utilisées (Biteau-Coroller *et al.* 2006). Pour tenir compte de la probable sous-estimation des résultats présentés dans cette dernière étude, ce n'est non pas une loi de Pert qui a été utilisée ici mais une loi Cumulative (Vose 2000).

## Résultats

### Sensibilités des composantes

Dans un premier temps, les performances de chaque composante en terme de sensibilité ont été déterminées, pour le niveau de prévalence design utilisé par défaut, à savoir celui de 10 % d'infection des troupeaux et 20 % d'infection intra-troupeau (afin d'avoir une prévalence des animaux de 2 % et il semblait plus approprié en premier de considérer une situation où le statut des animaux au sein d'un troupeau a tendance à être plus fortement identique). Les feuilles de calcul Excel<sup>®</sup> en annexe III présentent le cheminement pour aboutir à ces estimations, ainsi qu'à l'ensemble des résultats de cette étude.

La surveillance passive a concerné en 2005 près de 250 000 troupeaux bovins et plus de 120 000 troupeaux ovins sur l'ensemble de la France continentale. Étant donnée l'impossibilité de connaître la taille de chaque troupeau ovin ou bovin français, des nombres moyens ont été utilisés. Cette opération avait pour but d'éviter d'avoir à considérer les animaux d'un même troupeau de manière indépendante vis-à-vis du risque d'infection, ce qui aurait surestimé la sensibilité de la SSC. Les valeurs médianes des densités par troupeau disponibles ont donc été utilisées. Toutefois, la taille des troupeaux semble peu influencer sur le résultat final, car la sensibilité de la SSC<sub>1</sub> s'avère égale ou extrêmement proche de 1 pour chaque TP, comme le montre la première colonne du tableau II. En effet, si les chances de détection d'un animal infecté semblent assez faibles à l'échelle individuelle, quoique très variables (de 0,1 % pour un bovin allaitant dans la zone « pas de risque particulier » à près de 10 % pour un ovin laitier dans la zone « vecteur et/ou virus présent(s) dans des zones proches »), lorsque ces chances sont multipliées pour près de 19 millions de bovins et 8,5 millions d'ovins, la probabilité de détecter au moins un animal malade devient quasiment égale à 1. La légère baisse lors de la TP2 pourrait s'expliquer par une différence de risque entre les espèces considérée par les experts comme plus importante que lors des autres périodes ; or les bovins sont plus à même d'être infectés mais la détection est meilleure chez les ovins. Il n'y a en revanche pas de différence entre les quatre types de zones, celles-ci ont toutes une sensibilité parfaite.

**Tableau II : Sensibilité des composantes de la surveillance et de l'ensemble du système de surveillance, pour trois combinaisons de prévalences design différentes (Valeurs médianes et 5<sup>ème</sup> et 95<sup>ème</sup> percentiles)**

|          | $P_H = 10\% \text{ et } P_U = 20\%$ | $P_H = 20\% \text{ et } P_U = 10\%$ | $P_H = 5\% \text{ et } P_U = 10\%$ |
|----------|-------------------------------------|-------------------------------------|------------------------------------|
| CSe1-TP1 | 0,9994 [0,9993 ; 0,9995]            | 0,9994 [0,9993 ; 0,9995]            | 0,9994 [0,9993 ; 0,9995]           |
| CSe1-TP2 | 0,9843 [0,9829 ; 0,9859]            | 0,9843 [0,9829 ; 0,9859]            | 0,9843 [0,9829 ; 0,9859]           |
| CSe1-TP3 | 1 [1 ; 1]                           | 1 [1 ; 1]                           | 1 [1 ; 1]                          |
| CSe1-TP4 | 0,9994 [0,9993 ; 0,9995]            | 0,9994 [0,9993 ; 0,9995]            | 0,9994 [0,9993 ; 0,9995]           |
| CSe2-TP2 | 0,9207 [0,9108 ; 0,9301]            | 0,9715 [0,9641 ; 0,9782]            | 0,6434 [0,6256 ; 0,6594]           |
| CSe2-TP3 | 0,9456 [0,9412 ; 0,9490]            | 0,9948 [0,9934 ; 0,9954]            | 0,7428 [0,7346 ; 0,7509]           |
| CSe3-TP1 | 1 [1 ; 1]                           | 1 [1 ; 1]                           | 1 [1 ; 1]                          |
| CSe3-TP2 | 0,957 [0,9383 ; 0,9712]             | 0,7858 [0,7464 ; 0,8226]            | 0,5250 [0,4856 ; 0,5643]           |
| CSe3-TP3 | 1 [1 ; 1]                           | 1 [1 ; 1]                           | 0,9976 [0,9908 ; 0,9994]           |
| CSe3-TP4 | 1 [1 ; 1]                           | 1 [1 ; 1]                           | 1 [1 ; 1]                          |
| SSe-TP1  | 1 [1 ; 1]                           | 1 [1 ; 1]                           | 1 [1 ; 1]                          |
| SSe-TP2  | 0,9999 [0,9999 ; 1]                 | 0,9999 [0,9999 ; 0,9999]            | 0,9974 [0,9969 ; 0,9978]           |
| SSe-TP3  | 1 [1 ; 1]                           | 1 [1 ; 1]                           | 1 [1 ; 1]                          |
| SSe-TP4  | 1 [1 ; 1]                           | 1 [1 ; 1]                           | 1 [1 ; 1]                          |

TP1 : décembre 2004 à mars 2005 ; TP2 : avril à juin 2005 ; TP3 : juillet à novembre 2005 ; TP4 : décembre 2005 à mars 2006 ; CSe1 : sensibilité de la surveillance passive ; CSe2 : sensibilité de la surveillance sérologique estivale ; CSe3 : sensibilité de la surveillance sérologique hivernale ; SSe : sensibilité de l'ensemble du système de surveillance.

En ce qui concerne la SSC<sub>2</sub>, 1044 résultats d'analyses ont été répertoriés (dont quarante-quatre caprins ; ainsi que cinquante-sept prélèvements réalisés sur des ovins et onze sur des bovins dans des abattoirs des Pyrénées-Orientales), sur les 1078 annoncés par le rapport des activités de surveillance de 2005 (MAP 2006<sup>a</sup>). Si la sensibilité globale de la SSC est supérieure à 92 %, celle propre au Var est à peine supérieure à 40 % (contre 70 à 80 % pour les deux autres départements réunis, où plus d'analyses étaient donc réalisées). Pour ce qui est de la sensibilité par espèce, celle des bovins dépasse 85 % pour la TP2, soit près du double de celle des ovins (pour le même motif qu'expliqué ci-dessus quant au risque relatif entre les espèces durant la TP2), alors qu'en TP3, où les risques d'infection des deux espèces ont été considérés quasiment identiques, cette différence n'était plus que de 80 % pour les bovins contre 70 % pour les ovins.

L'intérêt du ciblage de la population testée par cette SSC a également été étudié en comparant cette sensibilité avec celle qui aurait été obtenue à partir d'un échantillon représentatif de la population ovine et bovine de ces trois départements. Le *ratio de sensibilité* (SR), calculé en divisant la sensibilité du système représentatif par celle du système réel, s'est avéré compris entre 45 % et 48 %, pour les deux périodes TP2 et TP3, témoignant du très fort gain en sensibilité grâce à ce ciblage.

Enfin, 1914 analyses sérologiques correspondant à des prélèvements réalisés de décembre 2004 à avril 2005 puis d'octobre 2005 à mars 2006 ont été étudiées pour la SSC<sub>3</sub>. Comme le montre le tableau II, la sensibilité de cette composante, qui est dictée par les performances du test eLISA, la différence de risque entre les zones étudiées, et le nombre d'analyses sérologiques effectuées, s'est révélée excellente. Elle est en effet parfaite pour les deux TPs majoritairement concernées par cette composante (TP1 et TP4), et même pour la TP3 (près de 400 prélèvements faits en octobre et novembre 2005). Quant à la TP2, la sensibilité légèrement moins bonne s'explique par le fait que seuls vingt-quatre prélèvements y ont été réalisés, tardivement, en avril 2005, conduisant tout de même à une sensibilité supérieure à 95 %. Pour ce qui est des zones, la sensibilité s'est avérée quasi parfaite (entre 99 et 100 %) pour les trois zones majeures (zones 1, 2 et 3) et pour chaque période TP1, TP3 et TP4. Seule la zone 4 « pas de risque particulier » a présenté de faibles résultats (entre 30 et 40 % environ), en raison à la fois d'un nombre d'analyses plus faible que dans la zone 3 par exemple (qui comprend quatre départements contre deux pour la zone 4), et de risques relatifs bien plus faibles par rapport aux zones 1 et 2.

#### *Analyses de sensibilité des composantes*

Des analyses de sensibilité ont également été conduites sur les SSC<sub>1</sub> et SSC<sub>2</sub>. La SSC<sub>3</sub> ne comprenait que deux paramètres soumis à la variabilité et aucun des deux ne s'est avéré significatif.

Pour la SSC<sub>1</sub>, l'effet de la variance des paramètres d'entrée du modèle sur la sensibilité de la composante durant sa période d'intérêt majeur (TP3) a été évaluée. Comme le montre le diagramme de Tornado de l'annexe IV, la différence de risque entre les espèces s'avère être de loin le paramètre le plus influant sur les performances de cette SSC. Son coefficient de régression est négatif car cette valeur correspond au risque pour les bovins : quand celui-ci augmente, et que par conséquent celui des ovins diminue, l'impact de la capacité de détection plus forte chez les ovins est amoindri. En outre, les probabilités de détection par les éleveurs et les vétérinaires sanitaires influent aussi sur les performances de la SSC<sub>1</sub>, mais dans une bien moindre mesure. Cette capacité de détection se distingue pour les bovins dans le Var, puisque si la réactivité des acteurs de terrain est bonne dans cette zone où le risque est le plus

fort — *a fortiori* sur les bovins, plus fortement infectés et habituellement peu détectés — cela se ressent dans les performances globales du système.

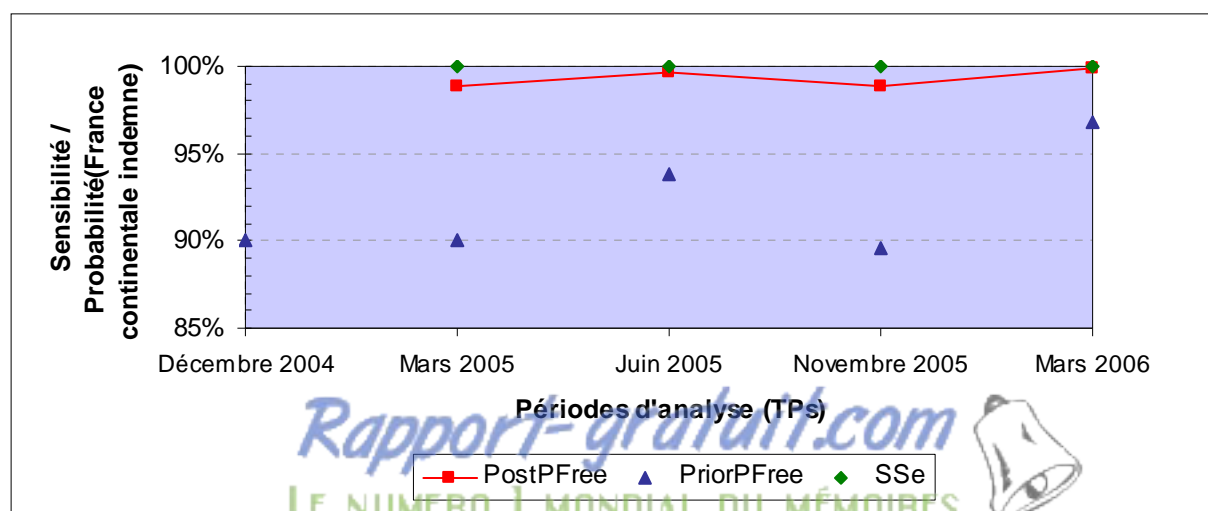
Pour la SSC<sub>2</sub>, l'analyse de sensibilité a été conduite pour la TP2, plus importante en terme d'alerte précoce. D'après le diagramme de Tornado de cette analyse présenté en annexe v, le risque relatif d'infection des bovins par rapport aux ovins semble là aussi être le plus influent (coefficient de régression de près de 87 %). Cette fois, contrairement à la SSC<sub>1</sub>, un risque élevé chez les bovins joue en la faveur d'une haute sensibilité de la SSC puisque aucune étape de détection clinique ne vient diminuer la probabilité d'ensemble. De plus, la sensibilité du test cELISA a en toute logique une importance toute particulière dans ce système puisqu'elle seule joue sur la probabilité de détection. Enfin, les risques d'infection (pour les ovins) entre les zones ont une influence mais celle-ci est légère. Lorsque le risque dans la zone 2 diminue par rapport à celui de la zone 1, la sensibilité du système diminue. À l'inverse, quand ce risque s'accroît, la sensibilité s'améliore. Ceci semble s'expliquer par le nombre de sérums ovins analysés, plus de deux fois supérieur dans la zone 2 que dans la zone 1.

### Sensibilité du système de surveillance

La combinaison des sensibilités des différentes composantes donne une sensibilité globale de la surveillance de la FCM pour ainsi dire parfaite, atteignant les valeurs de 100 % (IC<sub>95 %</sub> = [1 ; 1]) pour trois des quatre TPs et de 99,99 % (IC<sub>95 %</sub> = [0,9999 ; 1]) pour la TP2.

La probabilité que la France continentale ait été réellement indemne de FCM (à un niveau de prévalence supérieur ou égal à 10 % des troupeaux et 20 % des animaux dans ces troupeaux) a alors été calculée. L'évolution de cette confiance dans le statut d'indemne de FCM du territoire au fur et à mesure des TPs et des résultats de surveillance est présentée en figure IV. Avec une probabilité initiale d'avoir été indemne de FCM en décembre 2004 estimée par les experts autour de 90 %, et une sensibilité parfaite de décembre 2004 à mars 2005, la confiance à la fin de la TP1 atteignait 98,9 %. Puis elle augmentait jusqu'à 99,6 % à la fin de la TP2 pour finir à 99,9 % à la fin de la période étudiée, fin mars 2006. Autrement dit, le système n'ayant donné que des résultats négatifs durant ces seize mois, il n'existait qu'une chance sur mille pour que le pays ait pu être infecté sans que le système ne l'ait détecté (toujours à des niveaux  $P_H^* = 10\%$  et  $P_U^* = 20\%$ ). La légère baisse à la fin de la période TP3 s'explique elle par une probabilité d'introduction considérée plus grande durant cette période et non pas par un système moins performant ( $P_{Intro}$  comprise entre 8 et 12 % pour la TP3, entre 3 et 7 % pour la TP2 et entre 0 et 4 % pour la TP4).

Figure IV : Évolution de la probabilité que la France continentale ait été indemne de FCM en 2005



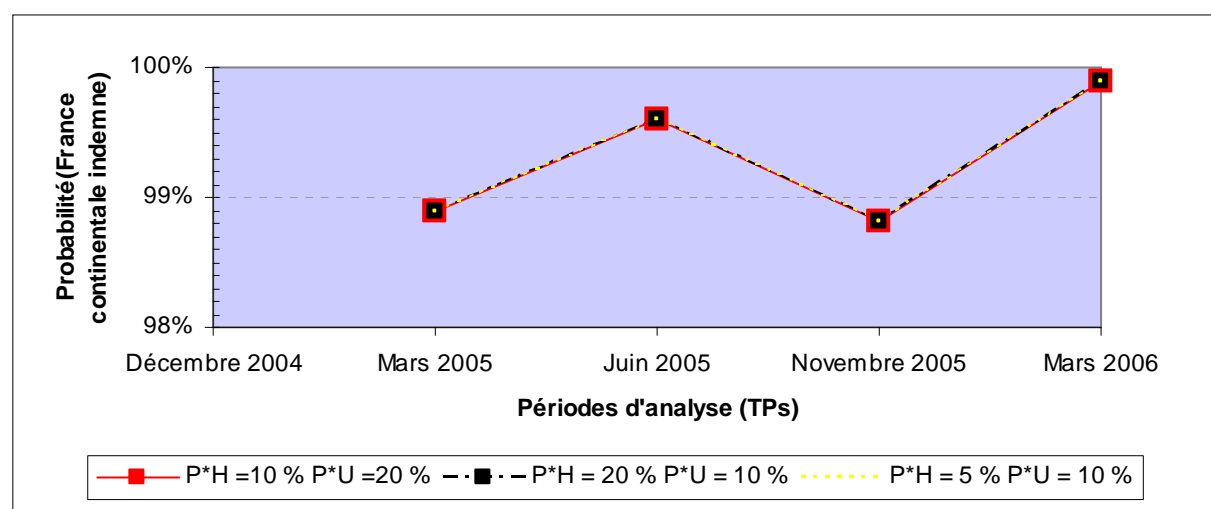
### Impact des prévalences design utilisées

Afin d'observer les performances des composantes de la surveillance sous d'autres conditions, mais également d'étudier l'impact des choix du modélisateur dans l'application de cette méthode, ces calculs de sensibilité ont ensuite été répétés aux niveaux  $P_H^* = 20\%$  et  $P_U^* = 10\%$  puis  $P_H^* = 5\%$  et  $P_U^* = 10\%$ . Comme le montrent les deuxièmes et troisièmes colonnes du tableau II, les sensibilités des  $SSC_1$  et  $SSC_3$  en sont restées quasiment inchangées. La sensibilité est même demeurée exactement identique pour la  $SSC_1$ , quelle que soit la combinaison de prévalences design employée. Pour la  $SSC_3$ , seules les valeurs durant la TP2 ont été réduites, cela s'expliquant par le faible nombre de résultats durant cette période, qui ne pouvait pas compenser la perte de sensibilité due à la modification des prévalences design. Tous les autres paramètres restant inchangés, seul un nombre d'analyses plus important pouvait en effet permettre de détecter un niveau d'infection plus faible comme c'est le cas lorsqu'on utilise  $P_H^* = 5\%$  et  $P_U^* = 10\%$ . Pour la combinaison  $P_H^* = 20\%$  et  $P_U^* = 10\%$ , le niveau de prévalence global n'est certes pas changé, toutefois le nombre d'analyses est directement relié à la prévalence des animaux  $P_U^*$ , et non à celle des troupeaux (voir *supra* pour la formule de calcul de la sensibilité troupeau).

Les performances de la  $SSC_2$  ont en revanche été grandement affectées. Lorsque  $P_H^*$  augmente et  $P_U^*$  diminue, la sensibilité de la composante augmente et devient très élevée (99,5 % pour la TP3). Cette différence par rapport à ce qui a été observé avec la  $SSC_3$  peut s'expliquer par le fait que dans le cadre de la surveillance sentinelle, le nombre d'animaux prélevés était bien plus élevé, et que de plus le nombre d'animaux testés par troupeau était bien plus important que dans le cadre de la  $SSC_3$ . Il permettait donc de compenser la perte de sensibilité liée à la diminution de  $P_U^*$ . Cependant, en toute logique, lorsque les deux prévalences design baissaient, la sensibilité de la  $SSC_2$  retombait à 64 % et 74 % respectivement pour les TP2 et TP3. Dans cette configuration, dans près de trois cas sur dix, la surveillance sentinelle aurait échoué à détecter une infection à ce niveau de prévalence.

Les performances globales du système de surveillance demeuraient malgré tout identiques, la qualité de la  $SSC_1$  suffisant manifestement à compenser les pertes des deux autres lorsque  $P_H^* = 5\%$  et  $P_U^* = 10\%$ . Ainsi, la confiance dans le statut d'indemne d'infection en est strictement inchangée, comme l'illustre la figure v.

Figure v : Évolution de la probabilité que la France continentale ait été indemne de FCM en 2005 selon différentes combinaisons de prévalences design





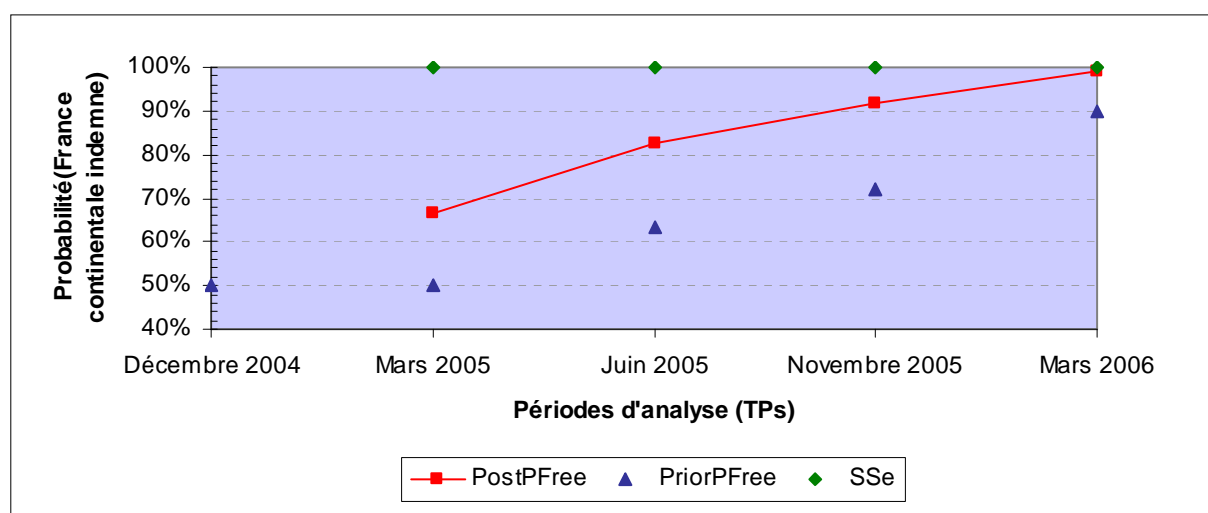
### Probabilité initiale d'infection (PriorPInf) neutre

Un dernier test a consisté à évaluer la rapidité à laquelle la confiance dans le statut d'indemne d'infection a augmenté avec les résultats de surveillance qui avaient été obtenus. Pour cela la probabilité initiale d'infection en décembre 2004 n'était plus basée sur des opinions d'experts mais sur la valeur neutre de 0,5. Ceci permettait en effet de constater à quel point les résultats de la TP1 permettaient à eux seuls de s'assurer de l'absence d'infection, et de voir avec quelle intensité ce niveau de confiance augmenterait jusqu'à la fin de la période d'étude.

La figure VI présente les résultats de cette évaluation. Il peut y être constaté qu'après les résultats sérologiques de décembre 2004 à mars 2005, la confiance a augmenté jusqu'à un niveau de 67 %. Ces résultats semblent donc insuffisants en eux-mêmes pour assurer l'absence d'infection s'il n'y a pas une connaissance préalable de la situation, d'où l'intérêt de cumuler les résultats successifs de surveillance. À la fin de la seconde période (TP2), après trois mois d'activités dans les élevages sentinelles (et la surveillance passive, en permanence effective), ce niveau de confiance a crû jusqu'à 82 %, pour ensuite atteindre 92 % en novembre 2005 après la période de potentielles manifestations cliniques et de nombreux mois de surveillance passive renforcée par les analyses sur animaux sentinelles. Enfin, les analyses des prélèvements issus de la campagne de prophylaxie de la brucellose pendant l'hiver 2005-2006 ont permis de confirmer tous ces résultats et de renforcer la plausibilité d'une absence d'infection, qui a atteint un niveau de probabilité de 99 % fin mars 2006.

Ces résultats montrent qu'en seize mois, les activités de surveillance sur le territoire continental français auraient permis de passer d'une situation sans aucune information sur le statut de la maladie sur le territoire à une situation où l'on pouvait déclarer l'absence de maladie avec une confiance de 99 %, et ce quelle que soit la combinaison de prévalences design utilisée parmi les trois testées (résultats non présentés).

Figure VI : Évolution de la probabilité que la France continentale ait été indemne de FCM en 2005, en l'absence d'information préalable sur le statut du territoire



## Discussion

Les activités de surveillance épidémiologique de la fièvre catarrhale du mouton implémentées en France continentale en 2005 assuraient une très grande confiance quant au statut « indemne d'infection » pour l'ensemble du territoire. Entre la surveillance des signes

cliniques et la réalisation d'analyses sérologiques sur les espèces sensibles du pourtour méditerranéen, le système de vigilance bénéficiait d'une sensibilité parfaite, même lorsqu'il s'agissait de détecter l'infection à un niveau de prévalence encore plus bas que celui exigé par l'OIE. Seule la composante consistant à rechercher des séroconversions chez des animaux sentinelles se révélait dans ce dernier cas déficiente, car le nombre d'analyses effectuées ne permettait pas de détecter un seuil trop bas et la répartition des prélèvements entre ovins et bovins y était trop inégale.

D'autres sources de preuve, notamment les analyses effectuées sur les caprins dans le cadre de la surveillance sentinelle, auraient pu être prises en compte et auraient alors amélioré la sensibilité de cette composante. De même, même si la probabilité de détecter des symptômes eût été extrêmement faible, appliqué à l'ensemble du cheptel français, l'apport des caprins à la surveillance passive aurait probablement été suffisant pour rendre la sensibilité de cette composante absolument parfaite. En outre, les effectifs bovins provenant de la BDNI semblaient sous-estimer légèrement les valeurs obtenues auprès des DDSV, d'où une sous-estimation de la sensibilité de la surveillance passive pour les bovins.

De plus, il est fort probable que la sensibilité de la composante sentinelle ait été sous-estimée durant cette étude, car les risques définis entre les espèces ont dû y être ajustés pour ne pas dépasser 1, afin que le produit d'un de ces risques par une sensibilité élevée au niveau des zones (SeZ) ne puisse être supérieur à 1 (Cameron et Martin 2006). La même contrainte s'applique à la  $SSC_1$  et par souci de conservation de situations comparables, le même ajustement sur le nœud *Espèce* a été appliqué pour la surveillance passive, engendrant également une baisse de sa sensibilité (qui s'avère presque parfaite malgré tout et qui l'aurait été sans cela). De la même manière, lorsque de fortes prévalences design sont combinées à des valeurs de risques élevées, la probabilité effective d'infection d'un troupeau peut dépasser 1. Ainsi, pour le cas où  $P_H^* = 20\%$  il a fallu ajuster les valeurs de risques entre les zones pour la composante sérologique hivernale et appliquer cette rectification aux autres composantes, entraînant une autre perte de sensibilité pour chacune d'entre elles.

En revanche, une infime surestimation de la sensibilité globale de la surveillance émane du recouvrement existant entre les SSCs, non pris en compte. Dans deux élevages bovins des Pyrénées-Orientales, des animaux avaient en effet été prélevés lors de la campagne de prophylaxie de 2004-2005 et d'autres en abattoir pour compléter les analyses sur animaux sentinelles (huit animaux en tout). Il est à remarquer que dans le cas où il serait choisi de considérer un tel recouvrement, la question se poserait alors de savoir pendant combien de temps les résultats d'un test restent informatifs (durée de persistance des anticorps, etc...) et s'il faudrait dès lors tenir compte ou non de chaque résultat d'une composante pour l'analyse d'une autre composante. Cette interrogation soulève d'ailleurs un aspect qu'il serait intéressant de pouvoir intégrer dans la méthodologie, à savoir la prise en compte du temps écoulé depuis la production de chaque résultat de surveillance.

Par ailleurs, il a été choisi de ne pas inclure dans les arbres de nombreux autres facteurs, soit parce qu'ils ne se révélaient pas vraiment pertinents, soit parce qu'un arbre plus complet, plus discriminant, devenait trop développé pour pouvoir être entièrement exploitable durant le temps imparti, notamment au niveau des possibilités de recueil des données correspondantes. Il aurait tout d'abord semblé opportun d'avoir un autre nœud de risque se rapportant aux races des animaux, au moins chez les ovins, puisque certaines se montrent plus sensibles que d'autres à la FCM (toutefois, cette différence existe surtout entre les races françaises et les races rustiques africaines par exemple, et peu en ce qui concerne les différentes races françaises entre elles). Ensuite, l'âge des animaux n'a pas été considéré comme un facteur influant sur leur risque d'infection, ni sur leur propension à être détectés en cas d'infection, et en définitive aucune différence de risque n'a d'ailleurs été retenue entre les animaux d'un même troupeau. Au niveau de la détection, la vigilance et la perception des éleveurs ou des

propriétaires pourraient varier en fonction de la valeur commerciale des animaux. Par ailleurs, la sensibilité des tests diagnostiques n'a pas été distinguée selon les espèces (mais cela peut être vu comme étant en grande partie pris en compte dans la distribution de probabilité associée à ce paramètre). Enfin, la différence de risque entre les régions engendrée par leurs activités commerciales (importations) n'apparaît pas non plus dans l'arbre utilisé, ce facteur étant ici seulement pris en compte au niveau national à travers le risque d'introduction de la maladie. Tous ces éléments pourraient amener à obtenir une estimation bien plus fine mais également très demandeuse en temps et en moyens.

On peut de surcroît s'interroger sur la pertinence de certaines données utilisées. Tout d'abord, certaines interrogations ont été soulevées concernant les informations d'AGRESTE qui ont conduit à utiliser des tailles moyennes de troupeaux approximatives pour la surveillance passive. Ces données étant en effet incomplètes, elles ont dû être extrapolées, en utilisant les médianes des chiffres disponibles, et appliquées à l'ensemble du territoire. Toutefois, même si les densités réelles s'étaient avérées légèrement plus faibles que celles utilisées, il semble compte tenu des résultats obtenus que les performances de la surveillance passive n'en auraient pas été affectées substantiellement et seraient restées excellentes (et *a fortiori* si les densités réelles majoraient les chiffres employés). De plus, des raisonnements mathématiques différents existent pour la prise en compte des petits troupeaux (application pour ces troupeaux d'un processus hypergéométrique plutôt que binomial comme celui utilisé) et la taille des troupeaux étant inconnue ils ne purent être employés.

En outre, la classification des animaux en fonction de leur type d'élevage demeure plus qu'incertaine car les informations données par AGRESTE à ce sujet ne correspondaient pas directement à une distinction entre laitiers et allaitants. Le choix de considérer les données d'AGRESTE concernant explicitement les laitiers d'un côté et toutes les autres catégories d'un autre pouvait bien entendu conduire à une surestimation de la sensibilité de la surveillance passive pour les animaux allaitants et à une sous-estimation pour les laitiers. Cependant, la sensibilité de détection ayant été considérée par les experts plus importante chez les laitiers, une séparation plus précise n'aurait fait qu'augmenter les performances de la surveillance passive, déjà excellentes, et revêtirait donc un intérêt pour l'analyse de sensibilité de cette composante davantage que pour ses performances globales.

Enfin, comme cela a été expliqué, les opinions d'experts utilisés restent de portée et de signification limitées. Un recueil plus diversifié, plus complet et moins aléatoire doit être désormais réalisé, notamment afin de pouvoir mieux caractériser les impacts sur les performances de chaque composante de variables telles que les risques relatifs entre espèces ou entre zones et la réactivité des éleveurs et des vétérinaires. Cette étape est arrivée tardivement au cours de ce stage, qui a été essentiellement consacré à la réflexion et à la conception du modèle, et au cours duquel il n'est donc resté que peu de temps pour la recherche des données. Plusieurs problèmes risquaient de se présenter en envoyant les questionnaires préparés aux experts avec une marge de temps très réduite : tout d'abord, si le questionnaire était court, les questions qui y étaient posées n'étaient pas évidentes du tout. Avec des facteurs aussi bruts (probabilités, risques) à quantifier, de nombreux experts risquaient de refuser d'y répondre ou de ne tout simplement pas le pouvoir. Dès lors se posait également la question de l'intérêt d'utiliser des informations qui n'auraient pas été pertinentes ni vraiment fondées mais simplement indiquées pour rendre service. Par ailleurs, les délais étant très resserrés, la menace de devoir arrêter le processus en cours était grande (par exemple entre les deux tours d'opinions). Surtout, ce travail d'évaluation du réseau français de surveillance de la FCM est amené à être poursuivi dans un futur proche. Venait donc s'ajouter le risque de faire remplir, trop rapidement, un questionnaire non parachevé aux experts maintenant et de ne plus pouvoir les re-contacter par la suite pour un questionnaire

modifié, plus complet, ou pour des réunions, de peur qu'ils ne comprennent pas ce type de démarche.

En dernier lieu, la qualité des tests cELISA et RT-PCR devrait elle aussi être estimée de manière plus approfondie et surtout se baser sur des études réalisées dans des conditions les plus similaires possible à celles de ce travail (pour exemple, l'évaluation des tests cELISA rapportée par Biteau-Coroller *et al.* ne concernait pas le sérotype 4 mais le 2 [Biteau-Coroller *et al.* 2006]).

Au-delà des remarques sur la précision des résultats obtenus (bien que ceux-ci suggèrent que les sensibilités auraient dans tous les cas été très élevées), de nombreuses remarques et incertitudes ont pu être notées concernant la méthodologie en elle-même et son utilisation.

Tout d'abord, la prise en compte de l'aspect entomologique semble être le point le plus susceptible de profondes améliorations. Le compromis utilisé a consisté à se servir d'une classification empirique existante, à une échelle départementale, qui reste trop grossière. De plus, cela a contraint à ce que le modèle ne soit plus directement utilisable dans d'autres situations, à moins qu'un découpage selon les mêmes critères y soit appliqué. Pour pouvoir intégrer convenablement, et avec l'importance qu'elle doit nécessairement avoir, la connaissance entomologique dans la définition du risque de telle ou telle zone, une séparation beaucoup plus fine est nécessaire, prenant en compte à la fois la notion de biotope favorable à l'implantation du vecteur, la distance par rapport aux régions où des populations de vecteurs compétents sont installées, mais aussi — et cela n'a pas été incorporé dans cette étude — la capacité de transmission de l'infection, en fonction à la fois des espèces sensibles présentes (notamment de chevaux, qui peuvent tenir le rôle de réservoir de la maladie) mais également de ses variations selon les périodes de l'année.

Cette prise en compte temporelle fait d'ailleurs défaut à d'autres niveaux de cette analyse. En effet, le questionnaire initialement imaginé s'avérant déjà très complexe à compléter, le choix avait été fait de ne pas y distinguer les valeurs de certains paramètres en fonction des périodes : d'une part les probabilités que les éleveurs constatent des signes cliniques et que leur vétérinaire les confirme, et d'autre part les risques entre les différentes zones. Seule l'évolution du rapport des risques entre les ovins et les bovins y était discernée selon les périodes TPs. Or, il paraît évident que la vigilance des acteurs de terrain peut connaître des variations dans l'année (elle est en principe réactivée à l'été et à l'automne par la diffusion d'information ou des sessions de formation) et que la différence en terme de risque d'infection entre les zones n'est pas constante durant l'année (périodes de présence ou d'absence du vecteur, températures, pluviométrie, etc...). Par ailleurs, le risque entre les zones n'a pas non plus été caractérisé en fonction de l'espèce concernée et ces deux notions (*Zone* et *Espèce*) ont été considérées ici indépendantes alors qu'elles ne devraient en toute rigueur pas l'être (notamment à cause des densités animales de chaque espèce selon les zones). Il est donc important de parvenir à développer des questionnaires à la fois compréhensibles, cohérents et raisonnables (ne demandant pas des estimations impossibles à fournir), mais en même temps suffisamment complets, précis et orientés de manière à pouvoir déduire des données quantifiées sur des facteurs, qui s'ils peuvent *a priori* souvent être ordonnés, sont difficilement mesurables, ce qui constitue la grande difficulté inhérente à cette méthodologie.

Ce souci d'obtention des données indispensables à l'utilisation du modèle dépend également de l'ordre dans lequel sont réalisées les différentes étapes aboutissant à l'évaluation du système de surveillance. Deux manières de procéder sont effectivement envisageables : soit commencer par modéliser le système de surveillance de manière théorique et complète puis rechercher les données nécessaires ; soit modéliser le système de surveillance en fonction des données disponibles. La première solution a été retenue pour cette étude d'une part parce qu'elle se déroulait au Cirad, qui coordonne la surveillance de la FCM en France et disposait

donc de nombreuses données concernant cette surveillance, et d'autre part parce que le but de ce travail n'était pas seulement d'évaluer le réseau de vigilance mais bien de prendre en main et de tester cette nouvelle méthodologie, utilisée pour la première fois en France. Toutefois, cette option présente l'inconvénient d'amener parfois à se trouver dans l'impossibilité de collecter les données rendues nécessaires et donc de devoir s'y adapter, quand cela reste possible (comme avec la taille des troupeaux pour la surveillance passive ici), mais aussi de devoir parfois ajuster un modèle déjà conçu car les données réelles ne correspondent pas à ce qui était prévu dans le protocole (comme pour les élevages sentinelles quasi exclusivement représentés par des cheptels ovins ici alors qu'il était attendu qu'ils soient au contraire essentiellement bovins).

En ce qui concerne l'utilisation de la méthodologie, la question de la pertinence de l'hypothèse que les SSCs aient une spécificité parfaite est ici très discutée. En effet, dans le cadre des surveillances sérologiques hivernales et estivales, en cas de détection d'un sérum positif en cELISA, les échantillons étaient recontrôlés au Cirad, mais en cELISA également. La séroneutralisation (permettant de spécifier le sérotype impliqué) n'y était en effet employée que pour les prélèvements provenant de zones infectées (c'est-à-dire de Corse en 2005) et éventuellement pour les suspicions cliniques en zone indemne. De même, la spécificité de la RT-PCR n'est pas non plus absolument parfaite, même si le fait qu'elle soit pratiquée en parallèle avec un test sérologique diminue les risques de faux positifs. Toutefois, aucun animal n'a été confirmé comme positif en 2005 et la méthodologie peut théoriquement être adaptée dans des situations de spécificité de la détection non parfaite.

Par ailleurs, le problème de la quantification du risque relatif entre deux événements quand l'un d'entre eux est considéré comme nul ou presque a été soulevé (par exemple ici, la quantification du risque dans le Var par rapport à celui en Bretagne). Le rapport étant tellement grand, en théorie infini, il s'avère très difficile de le quantifier et ce souci se présente assez souvent dans la méthodologie. Dans cette étude, il a été nécessaire de demander aux experts de limiter cette valeur dans un rapport de 1 à 10. Mais la question devenait alors très orientée et surtout il était quasiment sûr à l'avance que toutes les personnes interrogées allaient répondre 10. À l'inverse, si une réponse est laissée ouverte, alors on peut atteindre des chiffres vertigineux, pouvant ne plus être comparables entre eux et d'interprétation délicate.

Les populations de référence des différentes SSCs ont également été sujettes à discussion. Dans cette étude, les SSCs ont été combinées bien qu'elles n'aient pas eu la même population de référence, et qu'en théorie les résultats des surveillances sérologiques ne s'appliquaient qu'aux troupeaux des départements du littoral concernés. Ce point pouvait être résolu en spécifiant dans l'arbre de scénarios des branches correspondant à l'ensemble du territoire même pour les SSCs ne s'appliquant qu'à une région particulière. Il a été préféré de considérer que les résultats de la surveillance sur le pourtour méditerranéen avaient une portée sur l'ensemble du territoire puisque cette région constituait une zone témoin de l'état du pays et servant à l'alerte précoce (en 2005, une introduction de l'infection n'était anticipée qu'à partir de la Corse, voire de la Catalogne espagnole ou du nord de l'Italie).

Enfin, pour ce qui est de la construction des arbres de scénarios, il est à noter que le choix de l'ordre des deux nœuds de risque (*Zone* et *Espèce*) est demeuré incertain. La question se posait en termes d'effectifs conditionnels, à savoir s'il était plus naturel : soit d'additionner l'ensemble des ovins et l'ensemble des bovins français (cette somme étant notée (1)), déterminer la proportion de chaque espèce par rapport à ce total (au niveau national donc), puis calculer la proportion des ovins allant dans chaque zone (et idem pour les bovins) ; soit pour chaque zone d'additionner le nombre total de bovins et le nombre total d'ovins présents, diviser ces chiffres par (1) pour avoir les proportions par zones, et seulement ensuite au sein de chaque zone exprimer la proportion d'ovins par rapport à celle de bovins. Ce

questionnement est typiquement de ceux que peut provoquer le choix de l'ordre des nœuds dans un arbre, même si cela n'a en principe pas d'influence sur le résultat final. La première solution semblait plus naturelle et a finalement été retenue mais il serait intéressant de vérifier que cette décision n'a pas eu d'impact sur le résultat final. Le choix pourrait même concerner l'agencement de trois nœuds, car il est évident que si des études étaient menées sur la présence ou non de *Culicoides* en quantité à proximité ou à l'intérieur des bâtiments d'élevage, avec des résultats pertinents, alors le nœud *Type d'élevage* pourrait à terme devenir lui aussi un nœud de risque.

## Conclusion

La méthode d'évaluation quantitative des systèmes de surveillance paraît clairement présenter le potentiel pour devenir un outil d'aide à la décision majeur dans le futur. Cela semble manifeste aussi bien du point de vue de l'organisation de la surveillance épidémiologique en elle-même grâce aux informations apportées quant à l'efficacité et à la pertinence de chaque activité de surveillance, de ses acteurs et des actions qui y sont menées, que du point de vue du commerce international et de la décision d'importer ou non des animaux ou des produits animaux à partir d'une région donnée.

Dans le cadre de cette étude, cette méthodologie a permis de mettre en évidence un niveau de confiance très élevé dans le fait que la France continentale ait été indemne de fièvre catarrhale du mouton en 2005. Il serait désormais intéressant de confronter les résultats d'une telle évaluation aux aspects économiques de la surveillance, en évaluant l'investissement financier correspondant à chaque activité de surveillance afin d'établir un rapport entre l'information et la confiance apportées par chaque source et les coûts qu'elle entraîne. Il semble que la surveillance clinique ait ici offert un maximum de certitudes. Cette source est peut-être cependant de manière générale la plus coûteuse, en raison entre autres du besoin d'information et de formation des acteurs de terrain ou encore de l'organisation de réunions de sensibilisation et de « réactivation » de la surveillance passive avant chaque été. La surveillance sérologique hivernale, dont les frais sont au contraire très limités (puisque les prélèvements analysés sont réalisés pour un autre motif) et ne correspondent pour ainsi dire qu'aux frais d'analyse, a elle aussi montré une sensibilité très élevée, voire même parfaite tant qu'il s'agissait de répondre au niveau d'exigence fixé par l'OIE. Ainsi, si des études économiques devaient affiner cette impression et établir le rapport coûts/avantages de la surveillance sentinelle, cela pourrait à terme amener à reconsidérer le dispositif mis en place. Surtout, cela permettrait d'évaluer les possibilités d'amélioration au sein de chaque composante, car il est évident que chacune d'elle a ici une vocation différente liée à sa période d'application et/ou à sa couverture géographique.

Par ailleurs, la méthodologie pâtit encore de nombreux manques ou imprécisions et est amenée à être encore développée, améliorée, mais aussi davantage appliquée. En particulier, la prise en compte des aspects entomologiques est un domaine dans lequel énormément de progrès peuvent être faits afin de tenir compte de manière appropriée de cet élément clé des maladies vectorielles, elles-mêmes amenées à prendre une importance de plus en plus considérable dans les années à venir. Pour cela, une classification des territoires bien plus affinée, prenant en considération la capacité de dispersion des vecteurs impliqués pour délimiter les zones à risque, ainsi que la notion de biotope favorable et celle de variabilité saisonnière, s'impose. L'utilisation de systèmes d'information géographique et de modèles climatologiques peut permettre de parvenir à ce découpage et aussi de prévoir l'évolution de la répartition des zones les plus à risque.

De plus, au-delà des sciences spatiales, de nombreuses autres disciplines sont reliées à l'évaluation quantitative et pourraient à la fois contribuer par leur développement à l'enrichissement de cette méthode et en bénéficier. Ces champs comprennent ceux de la modélisation mathématique (processus stochastique et inférence bayésienne), de l'appréciation du risque (pour évaluer les risques d'introduction de l'infection à chaque période d'analyse) ou encore de la sociologie (enquêtes sur les sous-déclarations dans les élevages par exemple).

Pour compléter la méthodologie, on peut également penser à l'utilisation de probabilités d'introduction différentes selon les zones du pays, en fonction des aspects vectoriels mais aussi de l'introduction par importation d'animaux, variable selon l'activité économique des régions considérées ; ou encore à l'emploi de prévalences design différentes selon les zones et/ou les populations de référence afin d'essayer de parer au problème de risques relatifs parfois infinis. La prise en compte du regroupement de l'infection au niveau des localités, et non plus seulement au sein des troupeaux, peut elle aussi être développée, tout comme le moyen adéquat pour tenir compte de la perte d'information lorsqu'un même animal est analysé plusieurs fois dans un laps de temps restreint. Enfin, un nœud correspondant à une haute mortalité au sein des cheptels (ou une haute morbidité) pourrait trouver sa place dans l'arbre de scénarios de la surveillance passive en tant qu'élément influençant la détectabilité de la maladie par les éleveurs et les vétérinaires, et permettrait en outre d'intégrer au sein des arbres un facteur directement relié au sérotype étudié et à sa virulence. Pour ce qui est du pouvoir de dispersion propre à ces sérotypes, la définition de zones à risque autour des foyers de FCM pourrait la prendre en compte. En effet, dans la situation où des foyers sont avérés, mais dans une partie confinée d'un pays, comme c'est le cas actuellement dans le nord de la France, le modèle pourra être adapté, en écartant les zones juste autour des élevages infectés mais en donnant une importance toute particulière aux exploitations dans la zone périphérique de surveillance. Le découpage en zones à risque utilisé dans cette étude ne sera alors plus approprié puisque les espèces de vecteurs désormais impliquées, occidentales, sont largement propagées sur le territoire, et ce sera donc cette fois le risque par rapport à la distance vis-à-vis des foyers qu'il sera intéressant de quantifier. La distance vis-à-vis de foyers dans des pays frontaliers sera alors également à prendre en compte.

## Références bibliographiques

- BALDET T, DELECOLLE JC, MATHIEU B, DE LA ROCQUE S, ROGER F. Entomological surveillance of bluetongue in France in 2002. *Vet. Ital.*, 2004, **40** (3), 226-231.
- BALDET T, MATHIEU B, DELECOLLE JC, GERBIER G, ROGER F. Emergence de la fièvre catarrhale ovine dans le Bassin méditerranéen et surveillance entomologique en France. *Revue Elev. Méd. vét. Pays trop.*, 2005, **58** (3), 125-132.
- BAUDOUX S, HARTIG AJ, HENDRIKX P, GREGORY M, GOURREAU JM, ROGER F. *La fièvre catarrhale ovine (bluetongue)*. Vade-mecum, 2003.
- BITEAU-COROLLER F. *Surveillance et évaluation du risque de transmission des maladies vectorielles émergentes : apport de la capacité vectorielle. Exemple de la fièvre catarrhale du mouton*. Thèse Univ. Montpellier II, Montpellier, 2006, 258p.
- BITEAU-COROLLER F, GERBIER G, STÄRK KDC, GRILLET C, ALBINA E, ZIENTARA S, ROGER F. Performance evaluation of a competitive ELISA test used for Bluetongue antibody detection in France, a recently infected area. *Vet Microbiol*, 2006, **118**, 57-66.
- BREARD E, HAMBLIN C, HAMMOUMI S, SAILLEAU C, DAUPHIN G, ZIENTARA S. The epidemiology and diagnosis of bluetongue with particular reference to Corsica. *Vet Sci*, 2004, **77**, 1-8.
- CAMERON AR, MARTIN PAJ. *Evaluation of complex surveillance systems. Application to the assessment and prioritisation of surveillance programs, and demonstration of freedom from disease*. Bern course, Switzerland. 20-24 February 2006, 116p.
- CIRAD. Site de la surveillance de la bluetongue en France [en-ligne], [[http://bluetongue.cirad.fr/Monographie/Vecteur\\_Mono.php](http://bluetongue.cirad.fr/Monographie/Vecteur_Mono.php)], (consultation : janvier 2007).
- ELBERS ARW, MINTIENS K, STAUBACH C, GERBIER G, MEISWINKEL R, HENDRICKX G *et al.* Bluetongue virus serotype 8 epidemic in north-western Europe in 2006 : preliminary results. EFSA Epidemiology Working Group for Bluetongue serotype 8 epidemic Contribution, 2007.
- FAO. *Les Négociations Commerciales Multilatérales sur l'Agriculture - Manuel de Référence - III - L'Accord sur l'Application des Mesures Sanitaires et Phytosanitaires et l'Accord sur les Obstacles Techniques au Commerce*. Rome, 2001.
- GARDNER IA, STRYHN H, LIND P, COLLINS MT. Conditional dependence between tests affects the diagnosis and surveillance of animal diseases. *Prev Vet Med*, 2000, **45**, 107-122.
- GERBIER G, PARODI J, BITEAU-COROLLER F, BALDET T, MATHIEU B, ZIENTARA S *et al.* Surveillance de la fièvre catarrhale ovine (Bluetongue) en France et dans l'ouest méditerranéen : Bilan et perspectives. *Epidémiol. et santé anim.*, 2006, **49**, 37-44.
- HENDRIKX P, DELECOLLE JC, CUISANCE D, MATHIEU B. Suspicion d'un foyer de fièvre catarrhale dans le département du Cantal (commune de Chaliers). Rapport de mission du 22 au 24 août 2001. CIRAD-EMVT. Août 2001.
- HUTCHISON J, MARTIN PAJ. *An evaluation of surveillance for enzootic bovine leucosis in the Australian dairy industry*. Report to animal health committee's enzootic bovine leucosis working group. 2005.



LEFEVRE PC. La fièvre catarrhale du mouton. In : BLANCOU J, CHERMETTE R. *Principales maladies infectieuses et parasitaires du bétail : Europe et régions chaudes*. Ed. Tec & Doc, 2003, 1 : 667-86.

MARTIN PAJ, CAMERON A. *Documenting freedom from avian influenza*. Report on International EpiLab. Project 4. Copenhagen. 2002

MARTIN PAJ, CAMERON AR, GREINER M. Demonstrating freedom from disease using multiple complex data sources. 1: A new methodology based on scenario trees. *Prev Vet Med*, 2007<sup>a</sup>, **79**, 71-97.

MARTIN PAJ, CAMERON AR, BARFOD K, SERGEANT ESG, GREINER M. Demonstrating freedom from disease using multiple complex data sources. 2: Case study—Classical swine fever in Denmark. *Prev Vet Med*, 2007<sup>b</sup>, **79**, 98-115.

MEHLHORN H, WALLDORF V, KLIMPEL S, JAHN B, JAEGER F, ESCHWEILER J *et al.* First occurrence of *Culicoides obsoletus*-transmitted bluetongue virus epidemic in central Europe. *Parasitol Res*, 2007, **101** (1), 219-228.

MEISWINKEL R. The *Culicoides* vector of bluetongue disease in Limburg, the Netherlands. A paraître.

MEISWINKEL R, CONTE A, VAN RIJN P, LEIJS P, GOFFREDO. *Culicoides dewulfi* : a novel potential vector of BTV from central Europe. *Vet rec*, sous presse.

MELLOR PS, WITTMANN EJ. Bluetongue virus in the Mediterranean basin 1998-2001. *Vet J*, 2002, **164**, 20-37.

Ministère de l'agriculture, de l'alimentation, de la pêche et des affaires rurales. *Programme d'éradication et de surveillance de la fièvre catarrhale du mouton en France en 2003. Rapport intermédiaire. 1<sup>er</sup> janvier – 30 juin 2003*. 2003.

Ministère de l'agriculture, de l'alimentation, de la pêche et des affaires rurales. *Programme d'éradication et de surveillance de la fièvre catarrhale du mouton en France. Rapport final d'exécution technique du programme. Bilan financier. 01 janvier 2003 – 31 décembre 2003*. 2004.

Ministère de l'agriculture, de l'alimentation, de la pêche et des affaires rurales. *Programme d'éradication et de surveillance de la fièvre catarrhale du mouton. Programme année 2004. Rapport final*. 2005<sup>a</sup>.

Ministère de l'agriculture, de l'alimentation, de la pêche et des affaires rurales. *Fièvre catarrhale du mouton - surveillance sérologique renforcée – France continentale – année 2005*. Note de service DGAL/SDSPA/N2005-8105 du 11 avril 2005. 2005<sup>b</sup>, 5p.

Ministère de l'agriculture, de l'alimentation, de la pêche et des affaires rurales. Laboratoires agréés pour la réalisation des épreuves sérologiques de recherche de la fièvre catarrhale du mouton. Note de service DGAL/SDSPA/N2005-8150 du 30 mai 2005. 2005<sup>c</sup>, 6p.

Ministère de l'agriculture, de l'alimentation, de la pêche et des affaires rurales. *Fièvre catarrhale du mouton. Convention d'appui technique du CIRAD-EMVT à la DGAL. Rapport technique 2005*. 2006.

Ministère de l'agriculture et de la pêche. *Fièvre catarrhale du mouton. Convention d'appui technique du CIRAD-EMVT à la DGAL. Rapport technique 2001*. 2002.

Ministère de l'agriculture et de la pêche. *Plan d'urgence Fièvre catarrhale ovine (FCO)*. Note de service DGAL/SDSPA/N2005-8215 du 06 septembre 2005. 2005<sup>a</sup>, 78p.

Ministère de l'agriculture et de la pêche. *Fièvre catarrhale du mouton - surveillance sérologique des bovins dans les départements du pourtour méditerranéen - campagne 2005/2006*. Note de service DGAL/SDSPA/N2005-8253 du 08 novembre 2005. 2005<sup>b</sup>, 4p.

Ministère de l'agriculture et de la pêche. *Programme d'éradication et de surveillance de la fièvre catarrhale du mouton. Programme année 2005. Rapport final*. 2006<sup>a</sup>.

Ministère de l'agriculture et de la pêche. *Programme d'éradication et de surveillance de la fièvre catarrhale du mouton en France en 2006. Rapport intermédiaire. 1<sup>er</sup> janvier – 30 juin 2006*. 2006<sup>b</sup>.

Ministère de l'agriculture et de la pêche. *Programme d'éradication et de surveillance de la fièvre catarrhale du mouton. Programme année 2006. Rapport final*. 2007.

OIE. *Manual of diagnostic tests and vaccines for terrestrial animals*. 5th ed. 2004.

OIE. *Code sanitaire pour les animaux terrestres*. 15<sup>ème</sup> éd. 2006.

SAILLEAU C, BREARD E, ZIENTARA S. La fièvre catarrhale ovine ou « bluetongue ». *Point Vet*, 2006, n°262, 38-41.

SELLERS RF, MELLOR PS. Temperature and the persistence of viruses in Culicoides spp. during adverse conditions. *Rev Sci Tech*, 1993, **12** (3), 733-55.

TOMA B, DUFOUR B, SANAA M, BENET JJ, SHAW A, MOUTOU F *et al.* *Epidémiologie appliqué à la lutte collective contre les maladies animales transmissibles majeures*. 2<sup>è</sup> éd. Maisons-Alfort : AEEMA, 2001, 685p.

VOSE D. *Risk analysis: a quantitative guide*. Chichester, England : John Wiley & Sons, 2000, 430p.

ZIENTARA S. *La fièvre catarrhale des ovins ou « bluetongue »*. Polycopié. Ecole Nationale Vétérinaire d'Alfort, Unité Pédagogique des Maladies Contagieuses, 2006, 30p.

ZIENTARA S, GOURREAU JM. La fièvre catarrhale du mouton. *Virologie*, 2001, **5**, 449-51.

ZIENTARA S, DE LA ROCQUE S, GOURREAU JM, GREGORY M, DIALLO A, HENDRIKX P *et al.* La fièvre catarrhale ovine en Corse en 2000. *Epidémiol. et santé anim.*, 2000, **38**, 133-144.

ZIENTARA S, GRILLET C, DE LA ROCQUE S, GOURREAU JM, GREGORY, HENDRIKX P *et al.* La fièvre catarrhale ovine en Corse en 2001. *Epidémol. et santé anim.*, 2001, **40**, 129-134.

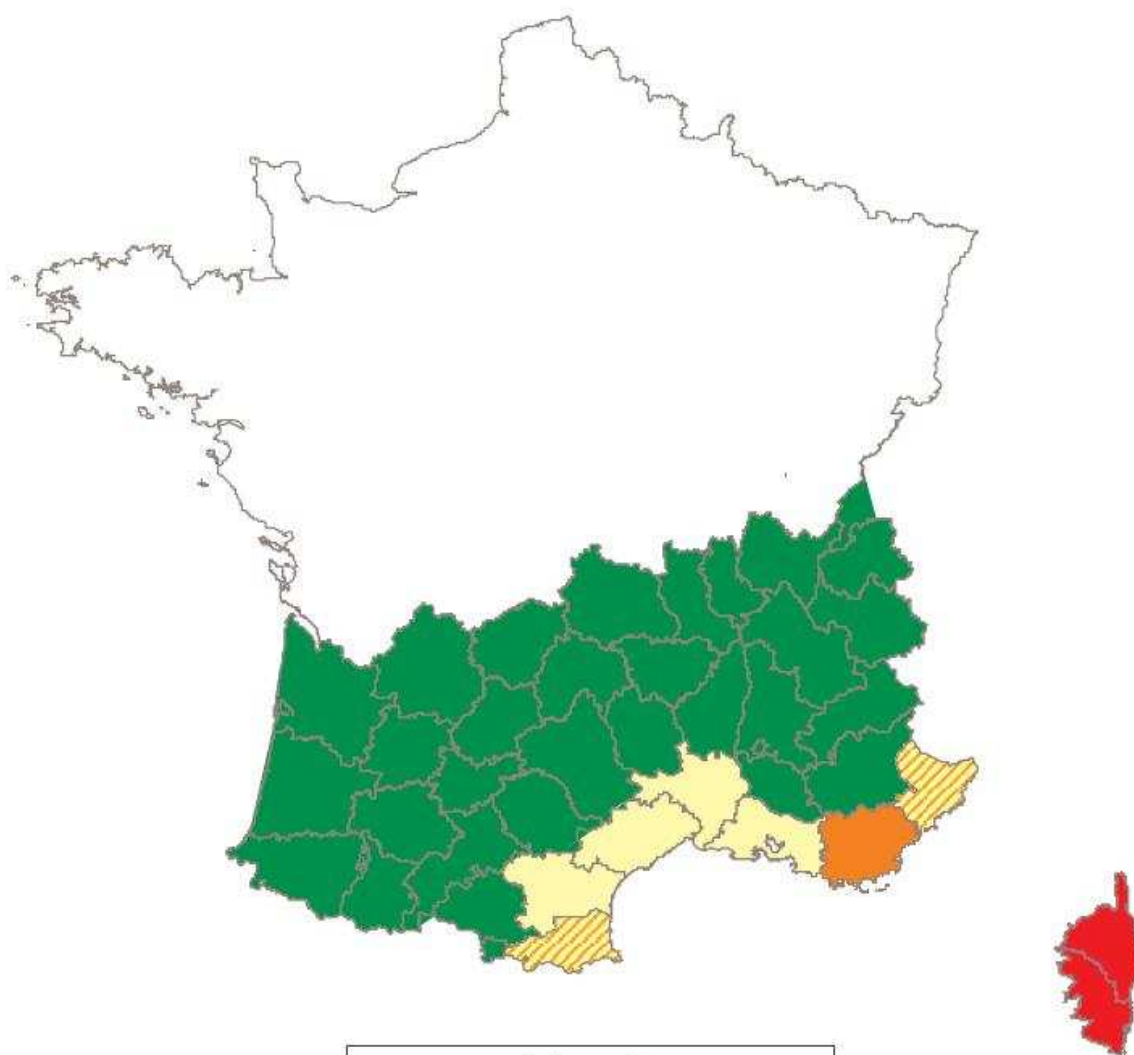
ZIENTARA S, BREARD E, HAMMOUMI S, GOURREAU JM, HENDRICKX P, SAILLEAU C. La fièvre catarrhale du mouton. *Point Vet, Pathologie ovine et caprine*, 2002, **33**, 70-74.

ZIENTARA S, SAILLEAU C, CETRE-SOSSAH C, BOUNAADJA L, BREARD E, GERBIER G *et al.* La fièvre catarrhale ovine ou bluetongue dans le nord de l'Europe. *Le Nouveau Praticien Vétérinaire, Elevages et santé*, 2006, **3**, 8-14.





## Annexe I

Classification du territoire français en fonction du risque d'apparition de la Fièvre Catarrhale du Mouton en 2005  
(d'après Gerbier *et al.* 2006)

# Fièvre catarrhale ovine : Risque d'apparition en 2005



### Légende

-  Pas de risque particulier
-  Risque d'implantation du vecteur
-  Vecteur et/ou virus de la FCO présents dans des zones proches
-  Vecteur de la FCO présent dans cette zone
-  Virus présent dans cette zone



## Annexe II

Tableau des lois de distributions utilisées pour implémenter les arbres de scénarios des composantes de la surveillance de la FCM en 2005

| Symbole   | Paramètre   | Loi de distribution utilisée |
|---|---|------------------------------|
| <b>PriorPInf<sub>TP1</sub></b>  | Probabilité que la France continentale ait été infectée par le virus de la FCM en décembre 2004, à un niveau de prévalence supérieur à 2 % d'animaux infectés   | <b>Loi de Pert</b>           |
| <b>PIntro<sub>TPi</sub></b><br>où $i = \{2, 3 \text{ ou } 4\}$          | Probabilité d'introduction du virus de la FCM durant la période TP <sub>i</sub> (ou que l'infection ait été présente avant TP <sub>i</sub> et dépasse le seuil de prévalence de 2 % d'animaux infectés durant TP <sub>i</sub> ) | <b>Loi de Pert</b>           |
| <b>RR<sub>OV</sub> et RR<sub>BV</sub></b>                               | Risques relatifs d'infection entre les ovins et les bovins (en fonction la période de l'année)  | <b>Loi de Pert</b>           |
| <b>RR<sub>1</sub>, RR<sub>2</sub>, RR<sub>3</sub> et RR<sub>4</sub></b> | Risques relatifs d'infection entre les quatre zones spécifiées par le découpage de Gerbier <i>et al.</i> (Gerbier <i>et al.</i> 2006)   | <b>Loi de Pert</b>           |
| <b>P<sub>ECV</sub></b>  | Probabilité qu'un éleveur qui constate des signes évocateurs de FCM appelle son vétérinaire sanitaire (selon la zone, l'espèce et le type d'élevage)  | <b>Loi de Pert</b>           |
| <b>P<sub>VEP</sub></b>  | Probabilité qu'un vétérinaire sanitaire appelé par un éleveur pour une suspicion de FCM envoie des prélèvements aux laboratoires de référence (selon la zone, l'espèce et le type d'élevage)                                    | <b>Loi de Pert</b>           |
| <b>Se<sub>ELISA</sub></b>   | Sensibilité du test cELISA  | <b>Loi Cumulative</b>        |
| <b>Se<sub>PCR</sub></b>   | Sensibilité de la RT-PCR  | <b>Loi de Pert</b>           |

## **Annexe III**

**APERCU DES FICHIERS EXCEL<sup>®</sup> MIS AU POINT POUR REALISER  
L'ANALYSE DES PERFORMANCES DU SYSTEME DE SURVEILLANCE  
DE LA FCM EN 2005**



**INPUTS**  
*Temporal discounting*

Initial prior P:(population infected):

| Valeur minimale | Valeur la plus probable | Valeur maximale | Distribution | Loi  |
|-----------------|-------------------------|-----------------|--------------|------|
| 0               | 0.1                     | 0.2             | 0.1          | Pert |

Probability of introduction per period:

| Valeur minimale | Valeur la plus probable | Valeur maximale | Distribution | Loi  |
|-----------------|-------------------------|-----------------|--------------|------|
| 0.03            | 0.05                    | 0.07            | 0.05         | Pert |

|      |     |      |     |      |
|------|-----|------|-----|------|
| 0.08 | 0.1 | 0.12 | 0.1 | Pert |
|------|-----|------|-----|------|

|   |      |      |      |      |
|---|------|------|------|------|
| 0 | 0.02 | 0.04 | 0.02 | Pert |
|---|------|------|------|------|

*Probabilities of infection / Design prevalences*

PstarrH  
PstarU

0.1  
0.2

*Probability of detection*

Probability that farmer consults vet:

| Valeur minimale | Valeur la plus probable | Valeur maximale | Distribution | Loi  |
|-----------------|-------------------------|-----------------|--------------|------|
| 0.04            | 0.05                    | 0.06            | 0.05         | Pert |
| 0.06            | 0.1                     | 0.12            | 0.1          | Pert |
| 0.07            | 0.1                     | 0.13            | 0.1          | Pert |
| 0.14            | 0.2                     | 0.26            | 0.2          | Pert |
| 0.008           | 0.01                    | 0.012           | 0.01         | Pert |
| 0.016           | 0.02                    | 0.024           | 0.02         | Pert |
| 0.04            | 0.05                    | 0.06            | 0.05         | Pert |
| 0.08            | 0.1                     | 0.12            | 0.1          | Pert |
| 0.04            | 0.05                    | 0.06            | 0.05         | Pert |
| 0.08            | 0.1                     | 0.12            | 0.1          | Pert |
| 0.0175          | 0.025                   | 0.0325          | 0.025        | Pert |
| 0.035           | 0.05                    | 0.065           | 0.05         | Pert |
| 0.02            | 0.025                   | 0.03            | 0.025        | Pert |
| 0.04            | 0.05                    | 0.06            | 0.05         | Pert |
| 0.04            | 0.05                    | 0.06            | 0.05         | Pert |
| 0.09            | 0.1                     | 0.12            | 0.1          | Pert |

Probability that vet sends samples to lab:

| Valeur minimale | Valeur la plus probable | Valeur maximale | Loi           |
|-----------------|-------------------------|-----------------|---------------|
| 0.4             | 0.5                     | 0.6             | P_Vet_OV_1_VI |
| 0.4             | 0.5                     | 0.6             | P_Vet_OV_1_LA |
| 0.4             | 0.5                     | 0.6             | P_Vet_OV_2_VI |
| 0.4             | 0.5                     | 0.6             | P_Vet_OV_2_LA |
| 0.4             | 0.5                     | 0.6             | P_Vet_OV_3_VI |
| 0.4             | 0.5                     | 0.6             | P_Vet_OV_3_LA |
| 0.2             | 0.25                    | 0.3             | P_Vet_OV_4_VI |
| 0.2             | 0.25                    | 0.3             | P_Vet_OV_4_LA |
| 0.04            | 0.05                    | 0.06            | P_Vet_BV_1_AL |
| 0.04            | 0.05                    | 0.06            | P_Vet_BV_1_LA |
| 0.04            | 0.05                    | 0.06            | P_Vet_BV_2_AL |
| 0.04            | 0.05                    | 0.06            | P_Vet_BV_2_LA |
| 0.04            | 0.05                    | 0.06            | P_Vet_BV_3_AL |
| 0.04            | 0.05                    | 0.06            | P_Vet_BV_3_LA |
| 0.02            | 0.025                   | 0.03            | P_Vet_BV_4_AL |
| 0.02            | 0.025                   | 0.03            | P_Vet_BV_4_LA |

ELISA sensitivity:

| Borne inférieure | Estimation sensibilité | Borne supérieure | Loi        |
|------------------|------------------------|------------------|------------|
| 0.762            | 0.843                  | 0.923            | Cumulative |
| 0.9              | 0.95                   | 0.99             | Pert       |

Se\_ELISA  
Se\_PCR  
Se\_ELISAPCR

**Category node branch proportions - SSC1**

| Lmb          | Variable  | Actual SSC data |              | Representative sample of population |               |
|--------------|-----------|-----------------|--------------|-------------------------------------|---------------|
|              |           | Value           | Name         | Value                               | Name          |
| Ovines       | Species   | Ovines          | PSSC_OV      | 0.331282214                         | P_Rep_OV      |
|              | Species   | Cattle          | PSSC_BV      | 0.668717786                         | P_Rep_BV      |
|              | Zone      | Zone1           | PSSC_OV_1    | 0.002089108                         | P_Rep_OV_1    |
|              | Zone      | Zone2           | PSSC_OV_2    | 0.003485395                         | P_Rep_OV_2    |
|              | Zone      | Zone3           | PSSC_OV_3    | 0.01709492                          | P_Rep_OV_3    |
|              | Zone      | Zone4           | PSSC_OV_4    | 0.977320576                         | P_Rep_OV_4    |
|              | Zone      | Zone1           | PSSC_BV_1    | 0.000257729                         | P_Rep_BV_1    |
|              | Zone      | Zone2           | PSSC_BV_2    | 0.001514157                         | P_Rep_BV_2    |
|              | Zone      | Zone3           | PSSC_BV_3    | 0.005128401                         | P_Rep_BV_3    |
|              | Zone      | Zone4           | PSSC_BV_4    | 0.993099713                         | P_Rep_BV_4    |
| Ovines/Zone1 | Herd Type | Variable        | PSSC_OV_VI_1 | 0.994                               | P_Rep_OV_VI_1 |
|              | Herd Type | Variable        | PSSC_OV_VI_2 | 0.973575939                         | P_Rep_OV_VI_2 |
|              | Herd Type | Variable        | PSSC_OV_VI_3 | 0.930364616                         | P_Rep_OV_VI_3 |
|              | Herd Type | Variable        | PSSC_OV_VI_4 | 0.85508859                          | P_Rep_OV_VI_4 |
|              | Herd Type | Alliant         | PSSC_BV_AL_1 | 0.83                                | P_Rep_BV_AL_1 |
|              | Herd Type | Alliant         | PSSC_BV_AL_2 | 0.904027282                         | P_Rep_BV_AL_2 |
|              | Herd Type | Alliant         | PSSC_BV_AL_3 | 0.95303978                          | P_Rep_BV_AL_3 |
|              | Herd Type | Alliant         | PSSC_BV_AL_4 | 0.794681524                         | P_Rep_BV_AL_4 |
|              | Herd Type | Alliant         | PSSC_OV_VI_1 | 0.994                               | P_Rep_OV_VI_1 |
|              | Herd Type | Alliant         | PSSC_OV_VI_2 | 0.973575939                         | P_Rep_OV_VI_2 |
| Ovines/Zone2 | Herd Type | Variable        | PSSC_OV_VI_1 | 0.994                               | P_Rep_OV_VI_1 |
|              | Herd Type | Variable        | PSSC_OV_VI_2 | 0.973575939                         | P_Rep_OV_VI_2 |
|              | Herd Type | Variable        | PSSC_OV_VI_3 | 0.930364616                         | P_Rep_OV_VI_3 |
|              | Herd Type | Variable        | PSSC_OV_VI_4 | 0.85508859                          | P_Rep_OV_VI_4 |
|              | Herd Type | Alliant         | PSSC_BV_AL_1 | 0.83                                | P_Rep_BV_AL_1 |
|              | Herd Type | Alliant         | PSSC_BV_AL_2 | 0.904027282                         | P_Rep_BV_AL_2 |
|              | Herd Type | Alliant         | PSSC_BV_AL_3 | 0.95303978                          | P_Rep_BV_AL_3 |
|              | Herd Type | Alliant         | PSSC_BV_AL_4 | 0.794681524                         | P_Rep_BV_AL_4 |
|              | Herd Type | Alliant         | PSSC_OV_VI_1 | 0.994                               | P_Rep_OV_VI_1 |
|              | Herd Type | Alliant         | PSSC_OV_VI_2 | 0.973575939                         | P_Rep_OV_VI_2 |
| Ovines/Zone3 | Herd Type | Variable        | PSSC_OV_VI_1 | 0.994                               | P_Rep_OV_VI_1 |
|              | Herd Type | Variable        | PSSC_OV_VI_2 | 0.973575939                         | P_Rep_OV_VI_2 |
|              | Herd Type | Variable        | PSSC_OV_VI_3 | 0.930364616                         | P_Rep_OV_VI_3 |
|              | Herd Type | Variable        | PSSC_OV_VI_4 | 0.85508859                          | P_Rep_OV_VI_4 |
|              | Herd Type | Alliant         | PSSC_BV_AL_1 | 0.83                                | P_Rep_BV_AL_1 |
|              | Herd Type | Alliant         | PSSC_BV_AL_2 | 0.904027282                         | P_Rep_BV_AL_2 |
|              | Herd Type | Alliant         | PSSC_BV_AL_3 | 0.95303978                          | P_Rep_BV_AL_3 |
|              | Herd Type | Alliant         | PSSC_BV_AL_4 | 0.794681524                         | P_Rep_BV_AL_4 |
|              | Herd Type | Alliant         | PSSC_OV_VI_1 | 0.994                               | P_Rep_OV_VI_1 |
|              | Herd Type | Alliant         | PSSC_OV_VI_2 | 0.973575939                         | P_Rep_OV_VI_2 |
| Ovines/Zone4 | Herd Type | Variable        | PSSC_OV_VI_1 | 0.994                               | P_Rep_OV_VI_1 |
|              | Herd Type | Variable        | PSSC_OV_VI_2 | 0.973575939                         | P_Rep_OV_VI_2 |
|              | Herd Type | Variable        | PSSC_OV_VI_3 | 0.930364616                         | P_Rep_OV_VI_3 |
|              | Herd Type | Variable        | PSSC_OV_VI_4 | 0.85508859                          | P_Rep_OV_VI_4 |
|              | Herd Type | Alliant         | PSSC_BV_AL_1 | 0.83                                | P_Rep_BV_AL_1 |
|              | Herd Type | Alliant         | PSSC_BV_AL_2 | 0.904027282                         | P_Rep_BV_AL_2 |
|              | Herd Type | Alliant         | PSSC_BV_AL_3 | 0.95303978                          | P_Rep_BV_AL_3 |
|              | Herd Type | Alliant         | PSSC_BV_AL_4 | 0.794681524                         | P_Rep_BV_AL_4 |
|              | Herd Type | Alliant         | PSSC_OV_VI_1 | 0.994                               | P_Rep_OV_VI_1 |
|              | Herd Type | Alliant         | PSSC_OV_VI_2 | 0.973575939                         | P_Rep_OV_VI_2 |

**Category node branch proportions - SSC2**

| Lmb    | Variable | Actual SSC2 data TP2 |              | Actual SSC2 data TP3 |              | Representative sample of population |             |
|--------|----------|----------------------|--------------|----------------------|--------------|-------------------------------------|-------------|
|        |          | Value                | Name         | Value                | Name         | Value                               | Name        |
| Ovines | Species  | Ovines               | PSSC2_OV     | 0.947386421          | PSSC2_3_OV   | 0.609582964                         | P_Rep2_OV   |
|        | Species  | Cattle               | PSSC2_BV     | 0.052631579          | PSSC2_3_BV   | 0.390417036                         | P_Rep2_BV   |
|        | Zone     | Zone1                | PSSC2_2_OV_1 | 0.277777778          | PSSC2_3_OV_1 | 0.374090247                         | P_Rep2_OV_1 |
| Ovines | Zone     | Zone2                | PSSC2_2_OV_2 | 0.722222222          | PSSC2_3_OV_2 | 0.625909753                         | P_Rep2_OV_2 |
|        | Zone     | Zone1                | PSSC2_2_BV_1 | 0                    | PSSC2_3_BV_1 | 0.145454545                         | P_Rep2_BV_1 |
|        | Zone     | Zone2                | PSSC2_2_BV_2 | 1                    | PSSC2_3_BV_2 | 0.854545455                         | P_Rep2_BV_2 |

| Variable |       | Actual SSC3 data TP1 |              |             |              | Actual SSC3 data TP2 |           |             |              | Actual SSC3 data TP3 |              |             |            | Actual SSC3 data TP4 |           |           |              | Representative sample of population |           |  |  |
|----------|-------|----------------------|--------------|-------------|--------------|----------------------|-----------|-------------|--------------|----------------------|--------------|-------------|------------|----------------------|-----------|-----------|--------------|-------------------------------------|-----------|--|--|
| Limb     | Node  | Value                | Name         | Name        | Value        | Name                 | Name      | Value       | Name         | Name                 | Value        | Name        | Name       | Value                | Name      | Name      | Value        | Name                                | Name      |  |  |
| Cattle   | Zone1 | 0.033390783          | PSSC3_1 BV_1 | 0           | PSSC3_2 BV_1 | 0.01571976           | RR_2 OV_1 | 0.02932187  | PSSC3_3 BV_1 | 0.0341187            | PSSC3_4 BV_1 | 0.0341187   | PRR93 BV_1 | 0.033390783          | RR_2 OV_1 | RR_2 OV_1 | 0.033390783  | RR_2 OV_1                           | RR_2 OV_1 |  |  |
|          | Zone2 | 0.320264698          | PSSC3_1 BV_2 | 0.916868667 | PSSC3_2 BV_2 | 0                    | RR_2 OV_2 | 0.2977974   | PSSC3_3 BV_2 | 0.2977974            | PSSC3_4 BV_2 | 0.2977974   | PRR93 BV_2 | 0.320264698          | RR_2 OV_2 | RR_2 OV_2 | 0.320264698  | RR_2 OV_2                           | RR_2 OV_2 |  |  |
|          | Zone3 | 0.323843416          | PSSC3_1 BV_3 | 0.063333333 | PSSC3_2 BV_3 | 0                    | RR_2 OV_3 | 0.38682793  | PSSC3_3 BV_3 | 0.38682793           | PSSC3_4 BV_3 | 0.38682793  | PRR93 BV_3 | 0.323843416          | RR_2 OV_3 | RR_2 OV_3 | 0.323843416  | RR_2 OV_3                           | RR_2 OV_3 |  |  |
|          | Zone4 | 0.3029291103         | PSSC3_1 BV_4 | 0           | PSSC3_2 BV_4 | 0.148303084          | RR_2 OV_4 | 0.209476309 | PSSC3_3 BV_4 | 0.209476309          | PSSC3_4 BV_4 | 0.209476309 | PRR93 BV_4 | 0.3029291103         | RR_2 OV_4 | RR_2 OV_4 | 0.3029291103 | RR_2 OV_4                           | RR_2 OV_4 |  |  |

**Category node branch risks : Species SSC1**

| TP  | Node    | Adjusted risk | Modified Adjusted Risk | Name        | Relative risk | Name         | Distribution | Distribution parameters |
|-----|---------|---------------|------------------------|-------------|---------------|--------------|--------------|-------------------------|
| TP1 | Species | 0.749         | 0.695                  | R_2 OV_ TP1 | 1.5           | RR_2 OV_ TP1 | Pert         | 1.35                    |
|     | Species | 0.648         | 0.639                  | R_2 OV_ TP2 | 1             | RR_2 OV_ TP2 | Pert         | 1.35                    |
|     | Species | 0.742         | 0.689                  | R_2 OV_ TP3 | 2.25          | RR_2 OV_ TP3 | Pert         | 1.9125                  |
|     | Species | 1.000         | 1.000                  | R_2 OV_ TP4 | 1             | RR_2 OV_ TP4 | Pert         | 0.8                     |
| TP2 | Species | 0.748         | 0.665                  | R_2 OV_ TP1 | 1.5           | RR_2 OV_ TP1 | Pert         | 1.35                    |
|     | Species | 0.748         | 0.639                  | R_2 OV_ TP2 | 1             | RR_2 OV_ TP2 | Pert         | 1.35                    |
|     | Species | 0.748         | 0.639                  | R_2 OV_ TP3 | 1             | RR_2 OV_ TP3 | Pert         | 1.35                    |
|     | Species | 0.748         | 0.639                  | R_2 OV_ TP4 | 1             | RR_2 OV_ TP4 | Pert         | 1.35                    |

**Category node branch risks : Species SSC2**

| TP  | Node    | Adjusted risk | Modified Adjusted Risk | Name        | Relative risk | Name         | Distribution | Distribution parameters |
|-----|---------|---------------|------------------------|-------------|---------------|--------------|--------------|-------------------------|
| TP1 | Species | 0.837         | 0.631                  | R_2 OV_ TP1 | 1             | RR_2 OV_ TP1 | Pert         | 1.35                    |
|     | Species | 1.255         | 0.946                  | R_2 OV_ TP2 | 2.25          | RR_2 OV_ TP2 | Pert         | 1.9125                  |
|     | Species | 0.672         | 0.933                  | R_2 OV_ TP3 | 1             | RR_2 OV_ TP3 | Pert         | 0.8                     |
|     | Species | 1.512         | 1.000                  | R_2 OV_ TP4 | 1             | RR_2 OV_ TP4 | Pert         | 1.35                    |
| TP2 | Species | 1.000         | 1.000                  | R_2 OV_ TP1 | 1             | RR_2 OV_ TP1 | Pert         | 1.35                    |
|     | Species | 1.000         | 0.631                  | R_2 OV_ TP2 | 1             | RR_2 OV_ TP2 | Pert         | 1.35                    |
|     | Species | 1.000         | 0.631                  | R_2 OV_ TP3 | 1             | RR_2 OV_ TP3 | Pert         | 1.35                    |
|     | Species | 1.000         | 0.631                  | R_2 OV_ TP4 | 1             | RR_2 OV_ TP4 | Pert         | 1.35                    |

**Category node branch risks : Zones - SSC1**

| Limb   | Node  | Adjusted risk | Name      | Relative risk | Name       | Distribution | Distribution parameters |
|--------|-------|---------------|-----------|---------------|------------|--------------|-------------------------|
| Ovines | Zone1 | 8.888         | R_2 OV_ 1 | 9.5           | RR_2 OV_ 1 | Pert         | 10                      |
|        | Zone2 | 7.316         | R_2 OV_ 2 | 8             | RR_2 OV_ 2 | Pert         | 8                       |
|        | Zone3 | 3.658         | R_2 OV_ 3 | 4             | RR_2 OV_ 3 | Pert         | 4                       |
|        | Zone4 | 0.914         | R_2 OV_ 4 | 1             | RR_2 OV_ 4 | Pert         | 1                       |
| Cattle | Zone1 | 9.240         | R_2 BV_ 1 | 9.5           | RR_2 BV_ 1 | Pert         | 10                      |
|        | Zone2 | 7.781         | R_2 BV_ 2 | 8             | RR_2 BV_ 2 | Pert         | 8                       |
|        | Zone3 | 3.890         | R_2 BV_ 3 | 4             | RR_2 BV_ 3 | Pert         | 4                       |
|        | Zone4 | 0.973         | R_2 BV_ 4 | 1             | RR_2 BV_ 4 | Pert         | 1                       |

**Category node branch risks : Zones - SSC2**

| Limb   | Node  | Adjusted risk | Name      | Relative risk | Name       | Distribution | Distribution parameters |
|--------|-------|---------------|-----------|---------------|------------|--------------|-------------------------|
| Ovines | Zone1 | 1.110         | R_2 OV_ 1 | 1.1875        | RR_2 OV_ 1 | Pert         | 10                      |
|        | Zone2 | 0.934         | R_2 OV_ 2 | 1             | RR_2 OV_ 2 | Pert         | 8                       |
|        | Zone3 | 1.156         | R_2 OV_ 3 | 1.1875        | RR_2 OV_ 3 | Pert         | 10                      |
|        | Zone4 | 0.973         | R_2 OV_ 4 | 1             | RR_2 OV_ 4 | Pert         | 1                       |

**Category node branch risks : Zones - SSC3**

| Limb   | Node  | Adjusted risk | Name      | Relative risk | Name       | Distribution | Distribution parameters |
|--------|-------|---------------|-----------|---------------|------------|--------------|-------------------------|
| Ovines | Zone1 | 9.240         | R_3 BV_ 1 | 9.5           | RR_3 BV_ 1 | Pert         | 10                      |
|        | Zone2 | 7.781         | R_3 BV_ 2 | 8             | RR_3 BV_ 2 | Pert         | 8                       |
|        | Zone3 | 3.890         | R_3 BV_ 3 | 4             | RR_3 BV_ 3 | Pert         | 4                       |
|        | Zone4 | 0.224         | R_3 BV_ 4 | 1             | RR_3 BV_ 4 | Pert         | 1                       |





**Effective probabilities of infection - SSC3**

| Risk node branches |  | Design Prevalence | EPI | EPI_1   | EPI_2 | EPI_3   | EPI_4   |
|--------------------|--|-------------------|-----|---------|-------|---------|---------|
| Zone               |  | 0,1               |     | 0,32397 |       | 0,77808 |         |
| Zone1              |  | 0,1               |     | 0,77808 |       | 0,38904 |         |
| Zone2              |  | 0,1               |     | 0,38904 |       | 0,02244 |         |
| Zone3              |  | 0,1               |     |         |       |         | 0,02244 |
| Zone4              |  | 0,1               |     |         |       |         | 0,02244 |

**Distribution of sheep and cattle herds nationwide**

| Total troupeaux France continentale |         | %age        | Median density per herd (approximation) |
|-------------------------------------|---------|-------------|---|
| Ovines                              | 123 019 | 0,331282214 | 190 Density_OV                          |
| Cattle                              | 248 323 | 0,668717786 | 381 Density_BV                          |
| Total                               | 371342  |             |   |

**Distribution of sheep flocks by zone**

| Zone  | Nombre OV | %age OV     |
|-------|-----------|-------------|
| Zone1 | 257       | 0,002089108 |
| Zone2 | 430       | 0,003495395 |
| Zone3 | 2 103     | 0,01709492  |
| Zone4 | 120 229   | 0,977920576 |
| Total | 123 019   | 1           |

**Distribution of cattle herds by zone**

| Zone  | Nombre BV | %age BV     |
|-------|-----------|-------------|
| Zone1 | 64        | 0,000257729 |
| Zone2 | 978       | 0,001914197 |
| Zone3 | 1 274     | 0,005128401 |
| Zone4 | 248 310   | 0,993099713 |
| Total | 248 323   | 1           |

**Distribution of sheeps by herd type per zone**

| Zone  | OVINS VIANDE | OVINS LAIT | %age VIANDE | %age LAIT   | Total |
|-------|--------------|------------|-------------|-------------|-------|
| Zone1 | 49 700       | 300        | 0,994       | 0,006       | 1     |
| Zone2 | 77 852       | 2 113      | 0,973575939 | 0,026424061 | 1     |
| Zone3 | 324 567      | 24 293     | 0,930364616 | 0,069635384 | 1     |
| Zone4 | 6 983 085    | 1 183 417  | 0,85508859  | 0,14491141  | 1     |
| Total | 7435188      | 1210123    |             |             |       |

**Distribution of cattle by herd type per zone**

| Zone  | BOVINS ALLAITANTS | BOVINS LAITIERS | %age ALLAITANT | %age LAIT   | Total |
|-------|-------------------|-----------------|----------------|-------------|-------|
| Zone1 | 415               | 89              | 0,83           | 0,17        | 1     |
| Zone2 | 18 701            | 1 773           | 0,904027282    | 0,095972718 | 1     |
| Zone3 | 64 083            | 3 139           | 0,953303978    | 0,046696022 | 1     |
| Zone4 | 74 983 024        | 3 873 894       | 0,794681524    | 0,205318476 | 1     |
| Total | 15074283          | 3876891         |                |             |       |

**Distribution of sheep and cattle herds in zones 1 & 2**

| Total troupeaux zones 1&2 |       |             |
|---------------------------|-------|-------------|
| Ovines                    | 697   | %age        |
| Cattle                    | 440   | 0.60582964  |
| Total                     | 1 127 | 0.390417036 |
|                           |       | 1           |

**Distribution of sheep flocks in zones 1 & 2**

| Nombre OV |     |             |
|-----------|-----|-------------|
| Zone1     | 257 | %age        |
| Zone2     | 439 | 0.374030247 |
| Total     | 697 | 0.623909753 |
|           |     | 1           |

**Distribution of cattle herds in zones 1 & 2**

| Nombre BV |     |             |
|-----------|-----|-------------|
| Zone1     | 64  | %age        |
| Zone2     | 376 | 0.145454545 |
| Total     | 440 | 0.854545455 |
|           |     | 1           |

**Distribution of sheep and cattle herds processed in SSC2**

| Total troupeaux zones 1&2 |    |             |
|---------------------------|----|-------------|
| Ovines                    | 27 | %age        |
| Cattle                    | 7  | 0.794117647 |
| Total                     | 34 | 0.20882353  |
|                           |    | 1           |

| Total troupeaux zones 1&2 |    |             |
|---------------------------|----|-------------|
| Ovines                    | 18 | %age        |
| Cattle                    | 1  | 0.947368421 |
| Total                     | 19 | 0.052631579 |
|                           |    | 1           |

**Distribution of sheep flocks processed by zone in SSC2**

| Nombre OV |    |             |
|-----------|----|-------------|
| Zone1     | 5  | %age OV     |
| Zone2     | 22 | 0.185185185 |
| Total     | 27 | 0.814814815 |
|           |    | 1           |

| Nombre OV |    |             |
|-----------|----|-------------|
| Zone1     | 5  | %age OV     |
| Zone2     | 13 | 0.277777778 |
| Total     | 18 | 0.722222222 |
|           |    | 1           |

**Distribution of cattle herds processed by zone in SSC2**

| Nombre BV |   |         |
|-----------|---|---------|
| Zone1     | 0 | %age BV |
| Zone2     | 7 | 0       |
| Total     | 7 | 1       |
|           |   | 1       |

**Distribution of cattle herds processed by zone in SSC2**

| Nombre BV |   |         |
|-----------|---|---------|
| Zone1     | 0 | %age BV |
| Zone2     | 1 | 0       |
| Total     | 1 | 1       |
|           |   | 1       |

**Distribution of cattle herds in SSC3 reference population**

| Nombre BV |       |             |
|-----------|-------|-------------|
| Zone1     | 64    | %age BV     |
| Zone2     | 376   | 0.031612744 |
| Zone3     | 1 274 | 0.18572487  |
| Zone4     | 311   | 0.629044208 |
| Total     | 2 025 | 0.159618177 |
|           |       | 1           |

**Distribution of cattle herds processed by zone in SSC3**

| Nombre BV |     |             |
|-----------|-----|-------------|
| Zone1     | 15  | %age BV     |
| Zone2     | 90  | 0.053380783 |
| Zone3     | 91  | 0.320284698 |
| Zone4     | 85  | 0.323843416 |
| Total     | 281 | 0.302491103 |
|           |     | 1           |

| Nombre BV |    |             |
|-----------|----|-------------|
| Zone1     | 0  | %age BV     |
| Zone2     | 11 | 0.916666667 |
| Zone3     | 1  | 0.083333333 |
| Zone4     | 0  | 0           |
| Total     | 12 | 0           |
|           |    | 1           |

**Distribution of cattle herds processed by zone in SSC3**

| Nombre BV |     |             |
|-----------|-----|-------------|
| Zone1     | 10  | %age BV     |
| Zone2     | 0   | 0.075757576 |
| Zone3     | 103 | 0.780303030 |
| Zone4     | 19  | 0.143939394 |
| Total     | 132 | 0           |
|           |     | 1           |

| Nombre BV |     |             |
|-----------|-----|-------------|
| Zone1     | 12  | %age BV     |
| Zone2     | 117 | 0.029925187 |
| Zone3     | 188 | 0.291770574 |
| Zone4     | 84  | 0.46882793  |
| Total     | 401 | 0.209476309 |
|           |     | 1           |

| Species   | Zone   | Head Status                                     |            | Animal Status |            | Breed Type | Farmhouse Visit |        | Vaccination Schedule |        | Health Status |          | Lamb  |       |           |           |          |
|-----------|--------|---|------------|---------------|------------|------------|-----------------|--------|----------------------|--------|---------------|----------|-------|-------|-----------|-----------|----------|
|           |        | From  | To         | From          | To         |            | From            | Branch | From                 | Branch | From          | Branch   |       |       |           |           |          |
| Species 1 | Zone 1 | Vector Present                                  | Uninfected | 0.800         | Uninfected | 0.800      | Beef            | Yes    | 0.1                  | No     | 0.5           | Positive | 0.892 | 0.892 | SdU/prime | SdU       |          |
|           |        |   | Infected   | 0.200         | Infected   | 0.200      | Dairy           | No     | 0.9                  | Yes    | 0.5           | Negative | 0.108 | 0.108 | SdU/prime | SdU OV 1  |          |
|           |        |   | Uninfected | 0.800         | Uninfected | 0.800      | Beef            | Yes    | 0.1                  | No     | 0.5           | Positive | 0.892 | 0.892 | SdU/prime | SdU OV 1  |          |
|           |        | Vector and/or Virus Present in Neighboring Area | Uninfected | 0.800         | Uninfected | 0.800      | Dairy           | Yes    | 0.2                  | Yes    | 0.5           | Positive | 0.892 | 0.892 | 0.892     | SdU/prime | SdU OV 2 |
|           |        |   | Infected   | 0.200         | Infected   | 0.200      | Beef            | No     | 0.8                  | Yes    | 0.5           | Positive | 0.892 | 0.892 | 0.892     | SdU/prime | SdU OV 2 |
|           |        |   | Uninfected | 0.800         | Uninfected | 0.800      | Dairy           | Yes    | 0.1                  | No     | 0.5           | Negative | 0.108 | 0.108 | 0.108     | SdU/prime | SdU OV 2 |
|           |        | Possible Settlement of Vector                   | Uninfected | 0.800         | Uninfected | 0.800      | Beef            | Yes    | 0.1                  | No     | 0.5           | Positive | 0.892 | 0.892 | 0.892     | SdU/prime | SdU OV 3 |
|           |        |   | Infected   | 0.200         | Infected   | 0.200      | Dairy           | No     | 0.9                  | Yes    | 0.5           | Negative | 0.108 | 0.108 | 0.108     | SdU/prime | SdU OV 3 |
|           |        |   | Uninfected | 0.800         | Uninfected | 0.800      | Beef            | Yes    | 0.1                  | No     | 0.5           | Positive | 0.892 | 0.892 | 0.892     | SdU/prime | SdU OV 3 |
|           |        | No Particular Hazard                            | Uninfected | 0.800         | Uninfected | 0.800      | Dairy           | Yes    | 0.1                  | Yes    | 0.5           | Positive | 0.892 | 0.892 | 0.892     | SdU/prime | SdU OV 4 |
|           |        |   | Infected   | 0.200         | Infected   | 0.200      | Beef            | No     | 0.9                  | Yes    | 0.5           | Negative | 0.108 | 0.108 | 0.108     | SdU/prime | SdU OV 4 |
|           |        |   | Uninfected | 0.800         | Uninfected | 0.800      | Dairy           | Yes    | 0.1                  | No     | 0.5           | Positive | 0.892 | 0.892 | 0.892     | SdU/prime | SdU OV 4 |
| Species 2 | Zone 2 | Vector Present                                  | Uninfected | 0.800         | Uninfected | 0.800      | Beef            | Yes    | 0.1                  | No     | 0.5           | Positive | 0.892 | 0.892 | SdU/prime | SdU       |          |
|           |        |   | Infected   | 0.200         | Infected   | 0.200      | Dairy           | No     | 0.9                  | Yes    | 0.5           | Negative | 0.108 | 0.108 | SdU/prime | SdU OV 1  |          |
|           |        |   | Uninfected | 0.800         | Uninfected | 0.800      | Beef            | Yes    | 0.1                  | No     | 0.5           | Positive | 0.892 | 0.892 | SdU/prime | SdU OV 1  |          |
|           |        | Vector and/or Virus Present in Neighboring Area | Uninfected | 0.800         | Uninfected | 0.800      | Dairy           | Yes    | 0.2                  | Yes    | 0.5           | Positive | 0.892 | 0.892 | 0.892     | SdU/prime | SdU OV 2 |
|           |        |   | Infected   | 0.200         | Infected   | 0.200      | Beef            | No     | 0.8                  | Yes    | 0.5           | Positive | 0.892 | 0.892 | 0.892     | SdU/prime | SdU OV 2 |
|           |        |   | Uninfected | 0.800         | Uninfected | 0.800      | Dairy           | Yes    | 0.1                  | No     | 0.5           | Negative | 0.108 | 0.108 | 0.108     | SdU/prime | SdU OV 2 |
|           |        | Possible Settlement of Vector                   | Uninfected | 0.800         | Uninfected | 0.800      | Beef            | Yes    | 0.1                  | No     | 0.5           | Positive | 0.892 | 0.892 | 0.892     | SdU/prime | SdU OV 3 |
|           |        |   | Infected   | 0.200         | Infected   | 0.200      | Dairy           | No     | 0.9                  | Yes    | 0.5           | Negative | 0.108 | 0.108 | 0.108     | SdU/prime | SdU OV 3 |
|           |        |   | Uninfected | 0.800         | Uninfected | 0.800      | Beef            | Yes    | 0.1                  | No     | 0.5           | Positive | 0.892 | 0.892 | 0.892     | SdU/prime | SdU OV 3 |
|           |        | No Particular Hazard                            | Uninfected | 0.800         | Uninfected | 0.800      | Dairy           | Yes    | 0.1                  | Yes    | 0.5           | Positive | 0.892 | 0.892 | 0.892     | SdU/prime | SdU OV 4 |
|           |        |   | Infected   | 0.200         | Infected   | 0.200      | Beef            | No     | 0.9                  | Yes    | 0.5           | Negative | 0.108 | 0.108 | 0.108     | SdU/prime | SdU OV 4 |
|           |        |   | Uninfected | 0.800         | Uninfected | 0.800      | Dairy           | Yes    | 0.1                  | No     | 0.5           | Positive | 0.892 | 0.892 | 0.892     | SdU/prime | SdU OV 4 |

**SSC1**

pour les troupeaux OV de la zone 1  
 pour les troupeaux OV de la zone 2  
 pour les troupeaux OV de la zone 3  
 pour les troupeaux OV de la zone 4  
 pour les troupeaux BV de la zone 1  
 pour les troupeaux BV de la zone 2  
 pour les troupeaux BV de la zone 3  
 pour les troupeaux BV de la zone 4

| SeH        | SeZ      |          |          |          | SeS                  |                      |
|------------|----------|----------|----------|----------|----------------------|----------------------|
|            | Se_Zone1 | Se_Zone2 | Se_Zone3 | Se_Zone4 | Se_Ovines_TP1        | Se_Cattle_TP1        |
| 0,6133802  | 1        | 1        | 1        | 1        | 0,96425186           | 0,983080241          |
| 0,85691073 |          |          |          |          | <b>Se_Ovines_TP2</b> | <b>Se_Cattle_TP2</b> |
| 0,18264989 |          |          |          |          | 0,805880055          | 0,91928513           |
| 0,41735944 |          |          |          |          | <b>Se_Ovines_TP3</b> | <b>Se_Cattle_TP3</b> |
| 0,02181447 |          |          |          |          | 1                    | 1                    |
| 0,01027546 |          |          |          |          | <b>Se_Ovines_TP4</b> | <b>Se_Cattle_TP4</b> |
| 0,00894369 |          |          |          |          | 0,96425186           | 0,983080241          |
| 0,00937977 |          |          |          |          |                      |                      |

| CSP              | CSP              |                  |                  |     |
|------------------|------------------|------------------|------------------|-----|
|                  | TP1              | TP2              | TP3              | TP4 |
| 0,99939515       | 0,984331634      | 1                | 0,99939515       |     |
| <b>CSet1_TP1</b> | <b>CSet1_TP2</b> | <b>CSet1_TP3</b> | <b>CSet1_TP4</b> |     |

SSC2

| Species |       | Zone           |       | Herd Status |  | Animal Status |            | Analysis (eELISA) Result |            | Limb     |          |          |          |          |         |
|---------|-------|----------------|-------|-------------|--|---------------|------------|--------------------------|------------|----------|----------|----------|----------|----------|---------|
| Branch  | Prop  | Branch         | Prop  | Branch      | Prob   | Branch        | Prob       | Branch                   | Prob       | Outcome  | Prob     |          |          |          |         |
| Ovines  | 0,794 | Vector Present | 0,185 | Infected    | 0,046  | Infected      | 0,200      | Positive                 | 0,843      | Positive | 0,00114  |          |          |          |         |
|         |       |                |       |             | Uninfected                                       |               | 0,800      | Negative                 | 0,00021    |          |          |          |          |          |         |
|         |       |                |       |             | Vector and/or Virus Present in Neighbouring Area |               | 0,815      | Uninfected               | 0,954      | Infected | 0,200    | Positive | 0,843    | Negative | 0,14029 |
|         |       |                |       |             |  |               | Infected   | 0,039                    | Uninfected | 0,800    | Negative | 0,157    | Positive | 0,00423  |         |
|         |       |                |       |             |  |               | Uninfected | 0,961                    | Infected   | 0,200    | Negative | 0,00079  | Negative | 0,00079  |         |
|         |       |                |       |             |  |               | Infected   | 0,108                    | Uninfected | 0,800    | Negative | 0,02007  |          |          |         |
| Cattle  | 0,206 | Vector Present | 0,000 | Infected    | 0,108  | Infected      | 0,200      | Positive                 | 0,843      | Positive | 0,00000  |          |          |          |         |
|         |       |                |       |             | Uninfected                                       |               | 0,800      | Negative                 | 0,00000    |          |          |          |          |          |         |
|         |       |                |       |             | Vector and/or Virus Present in Neighbouring Area |               | 1,000      | Uninfected               | 0,892      | Infected | 0,200    | Negative | 0,157    | Negative | 0,00059 |
|         |       |                |       |             |  |               | Infected   | 0,091                    | Uninfected | 0,800    | Negative | 0,01497  | Positive | 0,00315  |         |
|         |       |                |       |             |  |               | Uninfected | 0,909                    | Infected   | 0,200    | Negative | 0,18718  | Negative | 0,00059  |         |
|         |       |                |       |             |  |               | Infected   | 0,091                    | Uninfected | 0,800    | Negative | 0,01497  |          |          |         |

1,00000

| Species |       | Zone           |       | Herd Status |  | Animal Status |            | Analysis (eELISA) Result |            | Limb     |          |          |          |          |         |
|---------|-------|----------------|-------|-------------|--|---------------|------------|--------------------------|------------|----------|----------|----------|----------|----------|---------|
| Branch  | Prop  | Branch         | Prop  | Branch      | Prob   | Branch        | Prob       | Branch                   | Prob       | Outcome  | Prob     |          |          |          |         |
| Ovines  | 0,947 | Vector Present | 0,278 | Infected    | 0,111  | Infected      | 0,200      | Positive                 | 0,843      | Positive | 0,00492  |          |          |          |         |
|         |       |                |       |             | Uninfected                                       |               | 0,889      | Negative                 | 0,00092    |          |          |          |          |          |         |
|         |       |                |       |             | Vector and/or Virus Present in Neighbouring Area |               | 0,722      | Uninfected               | 0,889      | Infected | 0,200    | Negative | 0,02336  | Negative | 0,23396 |
|         |       |                |       |             |  |               | Infected   | 0,093                    | Uninfected | 0,800    | Negative | 0,00201  | Positive | 0,01078  |         |
|         |       |                |       |             |  |               | Uninfected | 0,907                    | Infected   | 0,200    | Negative | 0,05115  | Negative | 0,00201  |         |
|         |       |                |       |             |  |               | Infected   | 0,116                    | Uninfected | 0,800    | Negative | 0,62027  |          |          |         |
| Cattle  | 0,053 | Vector Present | 0,000 | Infected    | 0,116  | Infected      | 0,200      | Positive                 | 0,843      | Positive | 0,00000  |          |          |          |         |
|         |       |                |       |             | Uninfected                                       |               | 0,884      | Negative                 | 0,00000    |          |          |          |          |          |         |
|         |       |                |       |             | Vector and/or Virus Present in Neighbouring Area |               | 1,000      | Uninfected               | 0,884      | Infected | 0,200    | Negative | 0,00086  | Negative | 0,00016 |
|         |       |                |       |             |  |               | Infected   | 0,097                    | Uninfected | 0,800    | Negative | 0,00410  | Positive | 0,00086  |         |
|         |       |                |       |             |  |               | Uninfected | 0,903                    | Infected   | 0,200    | Negative | 0,04751  | Negative | 0,00410  |         |
|         |       |                |       |             |  |               | Infected   | 0,097                    | Uninfected | 0,800    | Negative | 0,04751  |          |          |         |

1,00000

For every unit processed: SSC2\_Seu 0,843

SSC2

| Troupeau                      | Especie                       | Zone     | Nombre d'animaux (testes) | Periode TP1 | SeH         | 1 - SeH * PeatrH * R - Zone | SeZ           |               |                |                | SeS           |               |                |                |
|-------------------------------|-------------------------------|----------|---------------------------|-------------|-------------|-----------------------------|---------------|---------------|----------------|----------------|---------------|---------------|----------------|----------------|
|                               |                               |          |                           |             |             |                             | SeZ_Zone1_TP2 | SeZ_Zone2_TP2 | SeZ_Ovines_TP2 | SeZ_Cattle_TP2 | SeS_Zone1_TP3 | SeS_Zone2_TP3 | SeS_Ovines_TP3 | SeS_Cattle_TP3 |
| La Petite Ferme Provençale    | Rofrino                       | 1        | 2                         | 2           | 0.975083433 | 0.9088827793                | 0.920656581   | 0.96358       |                |                |               |               |                |                |
|                               | Ferme Equestre Lou Recampadou | 1        | 2                         | 2           | 0.975083433 | 0.9088827793                | 0.920656581   | 0.96358       |                |                |               |               |                |                |
|                               | AFSSA                         | 1        | 2                         | 2           | 0.924570411 | 0.91360301                  |               |               |                |                |               |               |                |                |
|                               | Basini                        | 1        | 2                         | 2           | 0.975083433 | 0.9088827793                |               |               |                |                |               |               |                |                |
|                               | Tubert                        | 1        | 2                         | 2           | 0.975083433 | 0.9088827793                |               |               |                |                |               |               |                |                |
|                               | Mescler                       | 1        | 2                         | 2           | 0.975083433 | 0.9088827793                |               |               |                |                |               |               |                |                |
|                               | Dentier                       | 1        | 2                         | 2           | 0.842150176 | 0.921304814                 |               |               |                |                |               |               |                |                |
|                               | Pagnon                        | 1        | 2                         | 2           | 0.975083433 | 0.9088827793                |               |               |                |                |               |               |                |                |
|                               | Sierrefra                     | 1        | 1                         | 1           | 0.975083433 | 0.891788316                 |               |               |                |                |               |               |                |                |
|                               | Blanc                         | 1        | 1                         | 1           | 0.975083433 | 0.891788316                 |               |               |                |                |               |               |                |                |
|                               | Chambon                       | 1        | 1                         | 1           | 0.975083433 | 0.891788316                 |               |               |                |                |               |               |                |                |
|                               | Gaumont                       | 1        | 1                         | 1           | 0.990906924 | 0.88848985                  |               |               |                |                |               |               |                |                |
|                               | Mairie d'Hyères               | 1        | 1                         | 1           | 0.842150176 | 0.90634967                  |               |               |                |                |               |               |                |                |
|                               | Vivaces                       | 66004033 | 1                         | 2           | 2           | 0.975083433                 | 0.90634967    |               |                |                |               |               |                |                |
| 66049008                      |                               | 1        | 2                         | 2           | 0.975083433 | 0.90634967                  |               |               |                |                |               |               |                |                |
| 66049013                      |                               | 1        | 2                         | 2           | 0.602898811 | 0.943680665                 |               |               |                |                |               |               |                |                |
| 66092002                      |                               | 1        | 2                         | 2           | 0.308128232 | 0.971150721                 |               |               |                |                |               |               |                |                |
| 66067018                      |                               | 1        | 2                         | 2           | 0.45257609  | 0.958603242                 |               |               |                |                |               |               |                |                |
| 66067020                      |                               | 1        | 2                         | 2           | 0.308128232 | 0.971150721                 |               |               |                |                |               |               |                |                |
| 66090006                      |                               | 1        | 2                         | 2           | 0.168572452 | 0.983590292                 |               |               |                |                |               |               |                |                |
| 66090007                      |                               | 1        | 2                         | 2           | 0.72535523  | 0.932218755                 |               |               |                |                |               |               |                |                |
| 66104006                      |                               | 1        | 2                         | 2           | 0.771653016 | 0.92789246                  |               |               |                |                |               |               |                |                |
| 66122004                      |                               | 1        | 2                         | 2           | 0.308128232 | 0.969946809                 |               |               |                |                |               |               |                |                |
| 66155002                      |                               | 1        | 2                         | 2           | 0.45257609  | 0.960261559                 |               |               |                |                |               |               |                |                |
| 66156001                      |                               | 1        | 2                         | 2           | 0.308128232 | 0.969946809                 |               |               |                |                |               |               |                |                |
| 66210009                      |                               | 1        | 2                         | 2           | 0.308128232 | 0.971150721                 |               |               |                |                |               |               |                |                |
| 66220001                      |                               | 1        | 2                         | 2           | 0.45257609  | 0.960261559                 |               |               |                |                |               |               |                |                |
| 66223002                      | 1                             | 2        | 2                         | 0.522143343 | 0.971150721 |                             |               |               |                |                |               |               |                |                |
| 66223002                      | 1                             | 2        | 2                         | 0.45257609  | 0.960261559 |                             |               |               |                |                |               |               |                |                |
| 66104014                      | 1                             | 2        | 2                         | 0.168572452 | 0.984241655 |                             |               |               |                |                |               |               |                |                |
| 66111003                      | 1                             | 2        | 2                         | 0.989902001 | 0.906353036 |                             |               |               |                |                |               |               |                |                |
| La Petite Ferme Provençale    | 1                             | 2        | 2                         | 0.989902001 | 0.906353036 |                             |               |               |                |                |               |               |                |                |
| Rofrino                       | 1                             | 2        | 2                         | 0.989902001 | 0.906353036 |                             |               |               |                |                |               |               |                |                |
| Ferme Equestre Lou Recampadou | 1                             | 2        | 2                         | 0.989902001 | 0.906353036 |                             |               |               |                |                |               |               |                |                |
| AFSSA                         | 1                             | 2        | 2                         | 0.999902001 | 0.906570384 |                             |               |               |                |                |               |               |                |                |
| Basini                        | 1                             | 2        | 2                         | 0.999902001 | 0.906563808 |                             |               |               |                |                |               |               |                |                |
| Tubert                        | 1                             | 2        | 2                         | 0.999902001 | 0.906612465 |                             |               |               |                |                |               |               |                |                |
| Mescler                       | 1                             | 2        | 2                         | 0.999902001 | 0.906612465 |                             |               |               |                |                |               |               |                |                |
| Dentier                       | 1                             | 2        | 2                         | 0.999902001 | 0.906612465 |                             |               |               |                |                |               |               |                |                |
| Pagnon                        | 1                             | 2        | 2                         | 0.999902001 | 0.906612465 |                             |               |               |                |                |               |               |                |                |
| Sierrefra                     | 1                             | 1        | 1                         | 0.999902001 | 0.906612465 |                             |               |               |                |                |               |               |                |                |
| Blanc                         | 1                             | 1        | 1                         | 0.999902001 | 0.906612465 |                             |               |               |                |                |               |               |                |                |
| Chambon                       | 1                             | 1        | 1                         | 0.999902001 | 0.906612465 |                             |               |               |                |                |               |               |                |                |
| Gaumont                       | 1                             | 1        | 1                         | 0.999902001 | 0.906612465 |                             |               |               |                |                |               |               |                |                |
| Mairie d'Hyères               | 1                             | 1        | 1                         | 0.999902001 | 0.906612465 |                             |               |               |                |                |               |               |                |                |
| Vivaces                       | 66111003                      | 1        | 2                         | 2           | 0.999902001 | 0.906612465                 |               |               |                |                |               |               |                |                |
|                               | 66090002                      | 1        | 2                         | 2           | 0.522143343 | 0.961208028                 |               |               |                |                |               |               |                |                |
|                               | 66156004                      | 1        | 2                         | 2           | 0.168572452 | 0.984241655                 |               |               |                |                |               |               |                |                |
|                               | 66094008                      | 1        | 2                         | 2           | 0.308128232 | 0.971150721                 |               |               |                |                |               |               |                |                |

| SeZ            | SeS            |
|----------------|----------------|
| SeZ_Zone1_TP2  | SeS_Zone1_TP3  |
| SeZ_Zone2_TP2  | SeS_Zone2_TP3  |
| SeZ_Ovines_TP2 | SeS_Ovines_TP3 |
| SeZ_Cattle_TP2 | SeS_Cattle_TP3 |

SSC3

| TP1   |        | Zone  |            | Herd Status |            | Animal Status |          | Analysis (eELISA) Result |          | Limb    |          |
|---|--------|-------|------------|-------------|------------|---------------|----------|--------------------------|----------|---------|----------|
|   | Branch | Prop  | Branch     | Prob        | Branch     | Prob          | Branch   | Prob                     | Branch   | Prob    | Outcome  |
| Vector Present                                  | Branch | 0,053 | Infected   | 0,924       | Infected   | 0,200         | Positive | 0,843                    | Positive | 0,00831 | Positive |
|   |        |       | Uninfected |             | Uninfected | 0,800         | Negative | 0,157                    | Negative | 0,00155 | Negative |
|   |        |       | Uninfected | 0,076       | Uninfected |               | Negative |                          | Negative | 0,03946 | Negative |
|   |        |       | Infected   | 0,778       | Infected   | 0,200         | Positive | 0,843                    | Positive | 0,04201 | Positive |
| Vector and/or Virus Present in Neighboring Area | Branch | 0,320 | Uninfected |             | Uninfected | 0,800         | Negative | 0,157                    | Negative | 0,00783 | Negative |
|   |        |       | Uninfected | 0,222       | Uninfected |               | Negative |                          | Negative | 0,19937 | Negative |
|   |        |       | Infected   | 0,389       | Infected   | 0,200         | Positive | 0,843                    | Positive | 0,07108 | Positive |
|   |        |       | Infected   | 0,778       | Infected   | 0,800         | Negative | 0,157                    | Negative | 0,02124 | Negative |
| Possible Settlement of Vector                   | Branch | 0,324 | Uninfected |             | Uninfected | 0,800         | Negative | 0,157                    | Negative | 0,00396 | Negative |
|   |        |       | Uninfected | 0,611       | Uninfected |               | Negative |                          | Negative | 0,10079 | Negative |
|   |        |       | Infected   | 0,022       | Infected   | 0,200         | Positive | 0,843                    | Positive | 0,19786 | Positive |
|   |        |       | Infected   | 0,778       | Infected   | 0,800         | Negative | 0,157                    | Negative | 0,00021 | Negative |
| No Particular Hazard                            | Branch | 0,302 | Uninfected | 0,978       | Uninfected | 0,800         | Negative | 0,157                    | Negative | 0,00543 | Negative |
|   |        |       | Uninfected |             | Uninfected |               | Negative |                          | Negative | 0,29570 | Negative |
| 1,00000   |        |       |            |             |            |               |          |                          |          |         |          |
| TP2   |        | Zone  |            | Herd Status |            | Animal Status |          | Analysis (eELISA) Result |          | Limb    |          |
|   | Branch | Prop  | Branch     | Prob        | Branch     | Prob          | Branch   | Prob                     | Branch   | Prob    | Outcome  |
| Vector Present                                  | Branch | 0,000 | Infected   | 0,924       | Infected   | 0,200         | Positive | 0,843                    | Positive | 0,00000 | Positive |
|   |        |       | Uninfected |             | Uninfected | 0,800         | Negative | 0,157                    | Negative | 0,00000 | Negative |
| Vector and/or Virus Present in Neighboring Area | Branch | 0,917 | Uninfected | 0,076       | Uninfected | 0,200         | Negative | 0,00000                  | Negative | 0,00000 | Negative |
|   |        |       | Uninfected | 0,778       | Uninfected |               | Negative |                          | Negative | 0,12023 | Positive |
|   |        |       | Infected   | 0,778       | Infected   | 0,200         | Positive | 0,843                    | Positive | 0,02242 | Negative |
|   |        |       | Infected   | 0,778       | Infected   | 0,800         | Negative | 0,157                    | Negative | 0,57059 | Negative |
| Possible Settlement of Vector                   | Branch | 0,083 | Uninfected | 0,222       | Uninfected | 0,800         | Negative | 0,02594                  | Negative | 0,20343 | Negative |
|   |        |       | Uninfected | 0,389       | Uninfected |               | Negative |                          | Negative | 0,00547 | Positive |
|   |        |       | Infected   | 0,022       | Infected   | 0,200         | Positive | 0,843                    | Positive | 0,00102 | Negative |
|   |        |       | Infected   | 0,389       | Infected   | 0,800         | Negative | 0,157                    | Negative | 0,02594 | Negative |
| No Particular Hazard                            | Branch | 0,000 | Uninfected | 0,611       | Uninfected | 0,200         | Negative | 0,05091                  | Negative | 0,00000 | Negative |
|   |        |       | Uninfected | 0,022       | Uninfected |               | Negative |                          | Negative | 0,00000 | Positive |
|   |        |       | Infected   | 0,022       | Infected   | 0,200         | Positive | 0,843                    | Positive | 0,00000 | Negative |
|   |        |       | Infected   | 0,022       | Infected   | 0,800         | Negative | 0,157                    | Negative | 0,00000 | Negative |
| 1,00000   |        |       |            |             |            |               |          |                          |          |         |          |



| TP3                  |   |                               |            |               |            |                           |          |          |          |          |          |          |         |
|----------------------|---|-------------------------------|------------|---------------|------------|---------------------------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|---------|
| Zone                 | Branch  | Herd Status                   |            | Animal Status |            | Analysis (CELISAI) Result |          | Limb     |          |          |          |          |         |
|                      |   | Prob                          | Uninfected | Prob          | Uninfected | Prob                      | Negative | Outcome  | Prob     |          |          |          |         |
| Vector Present       | Branch  | Prob                          | 0,076      | Infected      | 0,924      | Infected                  | 0,200    | Positive | 0,843    | Positive | 0,01180  |          |         |
|                      |   | Uninfected                    | 0,076      | Uninfected    | 0,800      | Negative                  | 0,157    | Negative | 0,00220  |          |          |          |         |
|                      | Vector and/or Virus Present in Neighboring Area | Branch                        | Prob       | 0,000         | Infected   | 0,778                     | Infected | 0,200    | Positive | 0,843    | Positive | 0,00000  |         |
|                      |   |                               | Uninfected | 0,000         | Uninfected | 0,800                     | Negative | 0,157    | Negative | 0,00000  |          |          |         |
|                      |   | Possible Settlement of Vector | Branch     | Prob          | 0,780      | Infected                  | 0,222    | Infected | 0,200    | Positive | 0,843    | Positive | 0,05117 |
|                      |   |                               |            | Uninfected    | 0,780      | Uninfected                | 0,800    | Negative | 0,157    | Negative | 0,00954  |          |         |
| No Particular Hazard | Branch  | Prob                          | 0,144      | Infected      | 0,611      | Infected                  | 0,200    | Positive | 0,843    | Positive | 0,00054  |          |         |
|                      |   | Uninfected                    | 0,144      | Uninfected    | 0,800      | Negative                  | 0,157    | Negative | 0,00258  |          |          |          |         |
|                      | Vector and/or Virus Present in Neighboring Area | Branch                        | Prob       | 0,978         | Infected   | 0,022                     | Infected | 0,200    | Positive | 0,843    | Positive | 0,00010  |         |
|                      |   |                               | Uninfected | 0,978         | Uninfected | 0,800                     | Negative | 0,14071  | Negative | 0,00258  |          |          |         |
|                      |   | 1,00000                       |            |               |            |                           |          |          |          |          |          |          |         |
|                      |   | 1,00000                       |            |               |            |                           |          |          |          |          |          |          |         |
| TP4                  |   |                               |            |               |            |                           |          |          |          |          |          |          |         |
| Zone                 | Branch  | Herd Status                   |            | Animal Status |            | Analysis (CELISAI) Result |          | Limb     |          |          |          |          |         |
|                      |   | Prob                          | Uninfected | Prob          | Uninfected | Prob                      | Negative | Outcome  | Prob     |          |          |          |         |
| Vector Present       | Branch  | Prob                          | 0,030      | Infected      | 0,924      | Infected                  | 0,200    | Positive | 0,843    | Positive | 0,00466  |          |         |
|                      |   | Uninfected                    | 0,030      | Uninfected    | 0,800      | Negative                  | 0,157    | Negative | 0,00087  |          |          |          |         |
|                      | Vector and/or Virus Present in Neighboring Area | Branch                        | Prob       | 0,292         | Infected   | 0,076                     | Infected | 0,200    | Positive | 0,843    | Positive | 0,03827  |         |
|                      |   |                               | Uninfected | 0,292         | Uninfected | 0,800                     | Negative | 0,157    | Negative | 0,00713  |          |          |         |
|                      |   | Possible Settlement of Vector | Branch     | Prob          | 0,469      | Infected                  | 0,222    | Infected | 0,200    | Positive | 0,843    | Positive | 0,03075 |
|                      |   |                               |            | Uninfected    | 0,469      | Uninfected                | 0,800    | Negative | 0,157    | Negative | 0,00573  |          |         |
| No Particular Hazard | Branch  | Prob                          | 0,209      | Infected      | 0,611      | Infected                  | 0,200    | Positive | 0,843    | Positive | 0,00079  |          |         |
|                      |   | Uninfected                    | 0,209      | Uninfected    | 0,800      | Negative                  | 0,157    | Negative | 0,00376  |          |          |          |         |
|                      | Vector and/or Virus Present in Neighboring Area | Branch                        | Prob       | 0,978         | Infected   | 0,022                     | Infected | 0,200    | Positive | 0,843    | Positive | 0,00015  |         |
|                      |   |                               | Uninfected | 0,978         | Uninfected | 0,800                     | Negative | 0,20478  | Negative | 0,00376  |          |          |         |
|                      |   | 1,00000                       |            |               |            |                           |          |          |          |          |          |          |         |
|                      |   | 1,00000                       |            |               |            |                           |          |          |          |          |          |          |         |

For every unit processed: SSC3\_Seu 0,843



## SSE

|                | TP1 | TP2            | TP3            | TP4            |
|----------------|-----|----------------|----------------|----------------|
| Sse            | 1   | 0,99994686     | 1              | 1              |
| <b>Sse_TP1</b> |     | <b>Sse_TP2</b> | <b>Sse_TP3</b> | <b>Sse_TP4</b> |

## Time Discounting

|                  | TP1           | TP2           | TP3           | TP4           |
|------------------|---------------|---------------|---------------|---------------|
| Sse              | 1             | 0,99994686    | 1             | 1             |
| PriorPFree       | 0,9           | 0,93956044    | 0,89651442    | 0,96843165    |
| PriorPlnf        | 0,1           | 0,06043956    | 0,10348558    | 0,03156835    |
| Plntro           |               | 0,05          | 0,1           | 0,02          |
| <b>PostPFree</b> | <b>0,9890</b> | <b>0,9961</b> | <b>0,9882</b> | <b>0,9990</b> |
| PostPlnf         | 0,01098901    | 0,00387287    | 0,01180444    | 0,00102799    |

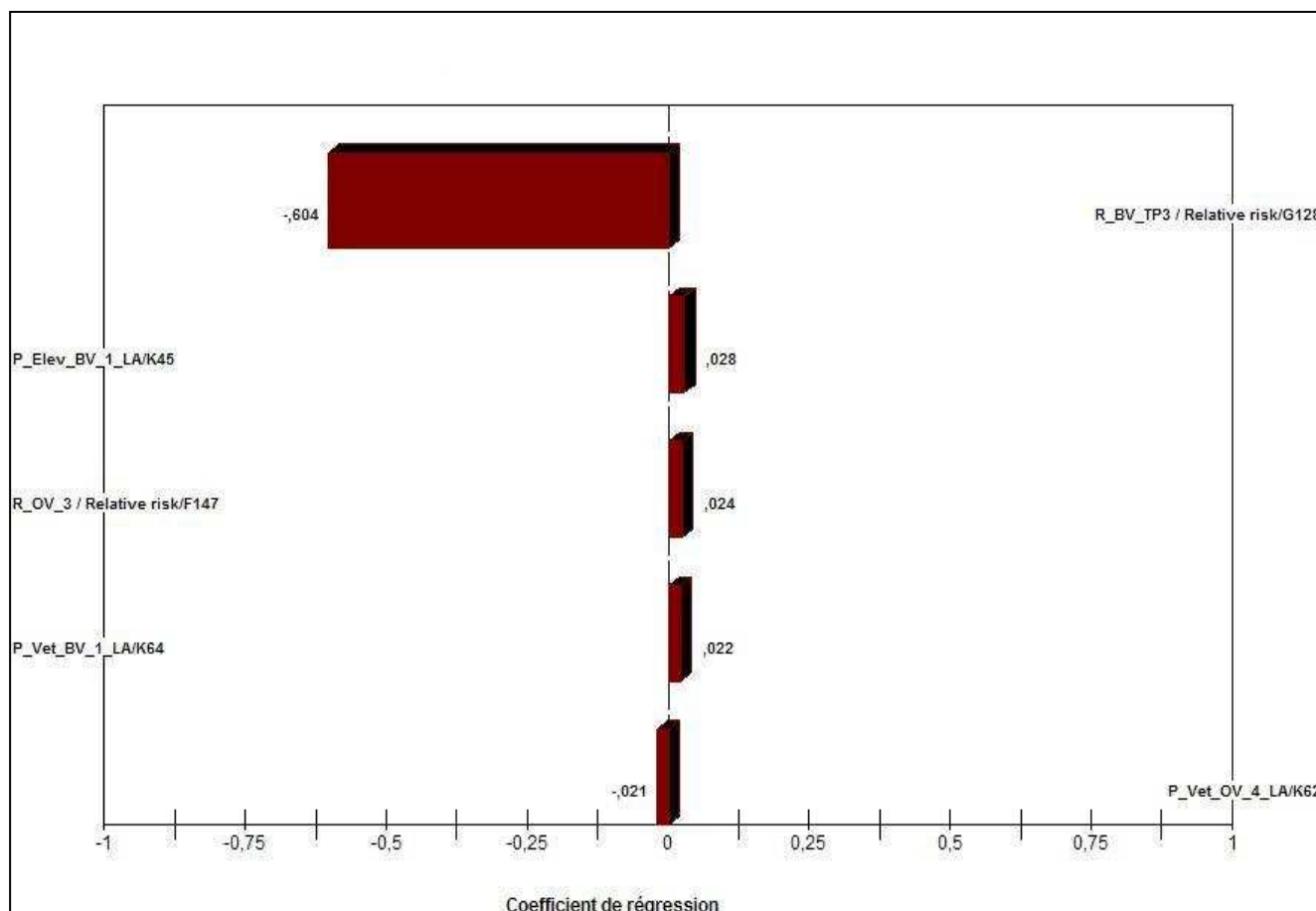
Other scenario : PriorPInfection = 0,5

Prior2Plnf 0,5

|                  | TP1           | TP2           | TP3           | TP4           |
|------------------|---------------|---------------|---------------|---------------|
| Sse              | 1             | 0,99994686    | 1             | 1             |
| PriorPFree       | 0,5           | 0,63333333    | 0,74240232    | 0,89959354    |
| PriorPlnf        | 0,5           | 0,36666667    | 0,25759768    | 0,10040646    |
| Plntro           |               | 0,05          | 0,1           | 0,02          |
| <b>PostPFree</b> | <b>0,6667</b> | <b>0,8249</b> | <b>0,9180</b> | <b>0,9889</b> |
| PostPlnf         | 0,33333333    | 0,17510854    | 0,0820474     | 0,01108248    |

## Annexe IV

Diagramme de Tornado de la sensibilité de la surveillance passive entre juillet et novembre 2005



### Légende

**R\_BV\_TP3** : Risque relatif d'infection des troupeaux bovins par rapport aux troupeaux ovins durant la période allant de juillet à novembre 2005

**P\_Elev\_BV\_1\_LA** : Probabilité qu'un éleveur de bovins laitiers du Var consulte son vétérinaire à la suite d'un constat de signes évocateurs de la FCM

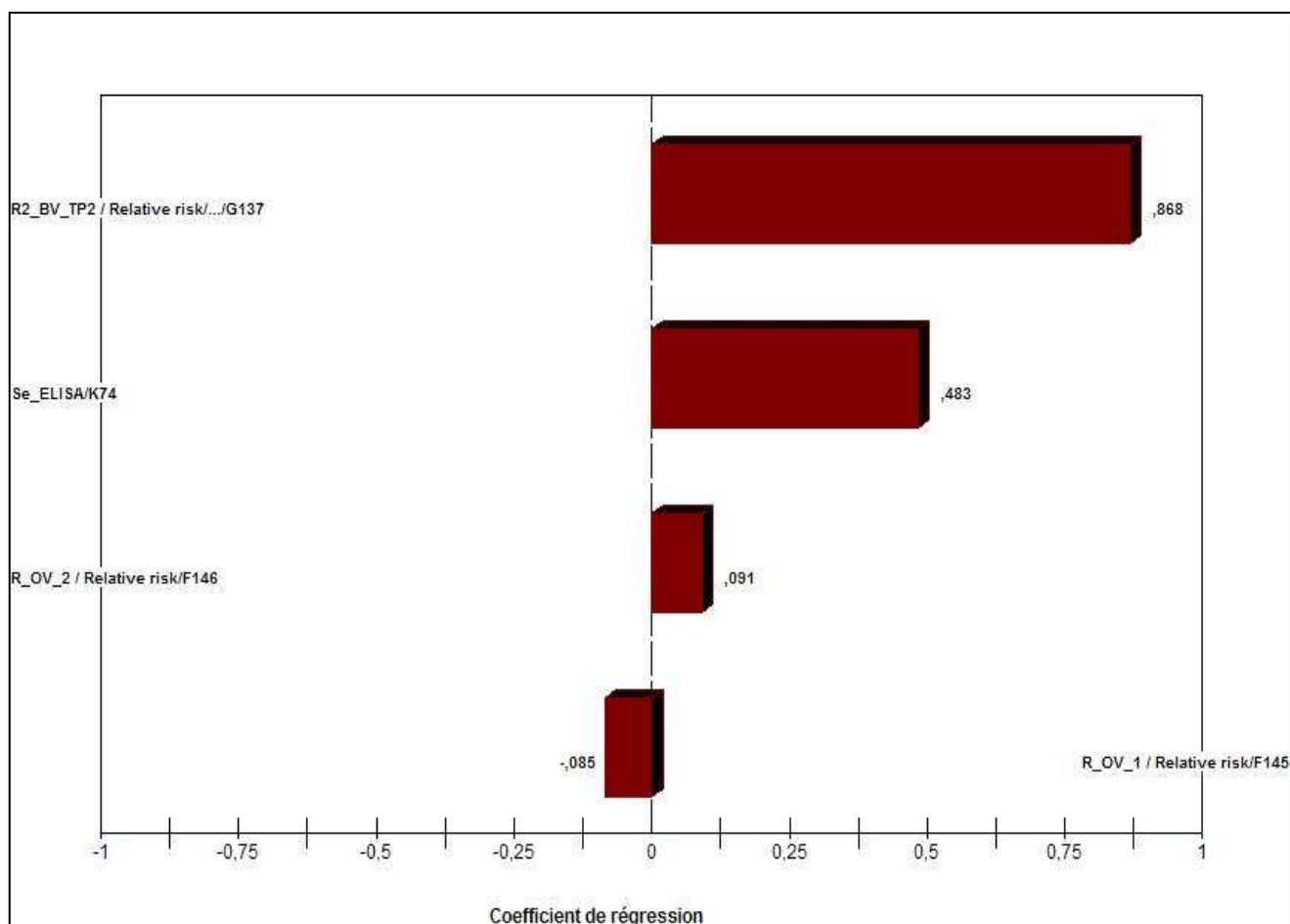
**R\_OV\_3** : Risque relatif d'infection des troupeaux ovins de la zone 3 (Aude, Bouches-du-Rhône, Gard et Hérault) par rapport aux autres zones

**R\_Vet\_BV\_1\_LA** : Probabilité qu'un vétérinaire sanitaire, appelé par un éleveur de bovins laitiers dans le Var, pour une suspicion de FCM, la confirme et envoie des prélèvements aux laboratoires de référence

**P\_Vet\_OV\_4\_LA** : Probabilité qu'un vétérinaire sanitaire, appelé par un éleveur dans un élevage d'ovins laitiers de la zone 4 (« pas de risque particulier »), pour une suspicion de FCM, la confirme et envoie des prélèvements aux laboratoires de référence

## Annexe v

Diagramme de Tornado de la sensibilité de la surveillance sérologique en élevages sentinelles entre avril et juin 2005



### Légende

**R2\_BV\_TP2** : Risque relatif d'infection des troupeaux bovins par rapport aux troupeaux ovins durant la période allant d'avril à juin 2005

**Se\_ELISA** : Sensibilité du test cELISA

**R\_OV\_2** : Risque relatif d'infection des troupeaux ovins de la zone 2 (Alpes-Maritimes et Pyrénées-Orientales) par rapport à ceux du Var

**R\_OV\_1** : Risque relatif d'infection des troupeaux ovins du Var par rapport à ceux de la zone 2

# Évaluation quantitative du système de surveillance épidémiologique de la fièvre catarrhale du mouton en France continentale

## Résumé

La fièvre catarrhale du mouton (FCM) n'avait jamais été identifiée en France continentale avant l'année 2006, et ce malgré la présence d'un réseau d'éleveurs, de vétérinaires sanitaires et de laboratoires agréés qui aurait dû se montrer capable de la détecter si elle avait été présente. La méthode d'évaluation quantitative des systèmes de surveillance épidémiologique (Martin *et al.* 2007<sup>a</sup>) doit théoriquement permettre d'évaluer la capacité des réseaux de surveillance à détecter une infection dans un pays si elle y était présente à un certain niveau de prévalence.

Ce rapport présente une application de cette méthodologie à l'estimation de la sensibilité de détection des activités de surveillance de la FCM en place sur le territoire continental français en l'an 2005, et à l'évaluation du niveau de confiance en résultant quant à l'absence d'infection dans cette région. Ces activités de surveillance consistaient en la détection de cas cliniques sur l'ensemble du territoire, en la réalisation d'analyses sérologiques sur des sérums d'ovins et de bovins sentinelles sur le littoral méditerranéen en période estivale, et en la réalisation d'analyses sérologiques sur des sérums de bovins issus des campagnes hivernales de prophylaxie de la brucellose, également sur le pourtour méditerranéen, zone alors considérée comme la plus à risque par les autorités en raison de la présence de foyers de FCM en Corse de 2000 à début 2005.

Des arbres de scénarios, modélisant les étapes de chacun de ces différents procédés de détection, sont présentés. Ils ont été mis au point après considération de l'ensemble des paramètres pouvant influencer sur la probabilité qu'un animal soit infecté par la FCM et des paramètres jouant sur la probabilité que ces processus de surveillance soient à même de détecter des individus infectés. En particulier, la prise en compte de la surveillance entomologique et la définition de zones à risque en fonction de la possibilité ou non d'une présence du vecteur avéré *Culicoides imicola* ont été intégrées dans la conception de ces arbres de scénarios. Le calcul de la sensibilité de chacune de ces composantes de la surveillance est ensuite explicité, ainsi que ceux de la sensibilité globale du système de surveillance et de la probabilité que la France continentale ait alors été indemne de FCM. Quel que soit le niveau minimum de prévalence à détecter pour lequel ces estimations ont été produites (2 % ou 0,5 % des animaux), le système de surveillance dans son ensemble présentait une sensibilité égale à 100 % [100 % ; 100 %] quasiment tout au long de l'année 2005 (99,99 % [99,99 % ; 100 %] entre avril et juin), assurant ainsi une confiance de 99,90 % [99,78 % ; 99,97 %] dans le fait que le territoire ait été indemne d'infection au début de l'année 2006.

Ces résultats sont discutés en fonction de la nature des données utilisées et des décisions prises lors de la construction de ce modèle. Les limites de la méthodologie sont évaluées et l'utilisation qui en a été faite commentée. Enfin, des perspectives de développement et de perfectionnement de la méthodologie d'évaluation quantitative des systèmes de surveillance et leur application au contexte actuel de la fièvre catarrhale du mouton en France sont proposées.

**Mots-clés** : fièvre catarrhale ovine ; surveillance ; évaluation quantitative ; statut indemne ; France.