



Modélisation de la propagation de la peste porcine africaine : appui scientifique auprès des décideurs

Mathieu Andraud, Pachka Hammami, Brandon Hastings Hayes, Timothée Vergne, Gustavo Machado, Nicolas Rose

► To cite this version:

Mathieu Andraud, Pachka Hammami, Brandon Hastings Hayes, Timothée Vergne, Gustavo Machado, et al.. Modélisation de la propagation de la peste porcine africaine : appui scientifique auprès des décideurs. 54èmes Journées de la Recherche Porcine, Ifip; Inrae, Feb 2022, Paris, France. pp.345-350. anses-04081897

HAL Id: anses-04081897

<https://anses.hal.science/anses-04081897>

Submitted on 5 Oct 2023

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Modélisation de la propagation de la peste porcine africaine : appui scientifique auprès des décideurs

*Mathieu ANDRAUD (1), Pachka HAMMAMI (1), Brandon Hayes (2), Timothée Vergne (3), Gustavo Machado (4),
Nicolas ROSE (1)*

(1) ANSES, UR EpiSaBE, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort, 22440 Ploufragan, France

(2) UMR INRA-ENVIT 1225 IHAP, ENVIT, 31076 Toulouse, France

(3) NC State University, Raleigh, Etats-Unis

mathieu.andraud@anses.fr

Modélisation de la propagation de la peste porcine africaine : appui scientifique auprès des décideurs

La peste porcine africaine (PPA) représente une menace majeure pour la production porcine avec de lourdes conséquences économiques pour les éleveurs et l'industrie alimentaire. La propagation du virus à travers l'Europe soulève clairement la question de l'identification des voies de transmission et de leur contribution relative afin de fournir des informations aux parties prenantes pour une surveillance adaptée et des mesures de contrôle pertinentes. Un modèle de simulation a été développé pour évaluer la propagation de la peste porcine africaine dans le réseau commercial des porcs en France. La conception du modèle a été basée sur les données brutes des mouvements et les caractéristiques réelles des exploitations (BDPORC). Une approche métapopulationnelle a été envisagée avec une transmission au niveau de l'élevage pouvant conduire à une propagation externe vers des élevages épidémiologiquement reliés. Trois voies de transmission ont été considérées : une transmission locale (vecteur passif de transmission), le déplacement d'animaux des sites infectés vers les sites sensibles et le transit de camions sans échange physique d'animaux. La surveillance était basée sur des seuils de détection de prévalence et de mortalité, déclenchant un contrôle strict des mouvements dans un rayon de 10 km autour des sites détectés. En l'absence de mesure de contrôle, 70% des simulations ont conduit à des infections secondaires avec un nombre médian de 10 élevages infectés. La transmission via le transit des camions s'est avérée anecdotique, les mouvements physiques des animaux étant prépondérants. La détection et le contrôle n'ont pas modifié la distance moyenne de propagation de l'infection. Les mesures de contrôle ont néanmoins été efficaces, réduisant de 50 % la proportion de simulations menant à une infection secondaire, avec un seul élevage infecté secondairement en moyenne.

Modelling African Swine Fever spread: scientific support for decision makers

African Swine Fever (ASF) represents the main threat to swine production, with heavy economic consequences for both farmers and the food industry. The spread of the virus that causes ASF through Europe raises the issues of identifying transmission routes and assessing their relative contributions in order to provide insights to stakeholders for adapted surveillance and control measures. A simulation model was developed to assess ASF spread over the commercial swine network in France (BDPORC). The model was designed from raw movement data and actual farm characteristics. A metapopulation approach was used, with transmission processes at the herd level potentially leading, through a reaction-diffusion process, to external spread to epidemiologically connected herds. Three transmission routes were considered: local transmission (e.g. fomites, material exchange), movement of animals from infected to susceptible sites, and transit of trucks without physical animal exchange. Surveillance was based on prevalence and mortality detection thresholds, which triggered strict movement control in a 10-km radius around detected sites. Truck transit transmission was found to be sporadic, unlike physical movement of animals. Surveillance and control did not modify the geographic spread of the infection. While the absence of control measures led to secondary infections in 70% of the simulations, with a median of 10 infected herds, use of control measures reduced this percentage by half, with a mean of only one secondarily infected herd.

INTRODUCTION

Les maladies infectieuses représentent une préoccupation majeure pour les productions animales en raison des impacts économiques et sociétaux associés aux conséquences sanitaires animales et/ou en santé publique. Au cours de la dernière décennie, la peste porcine africaine (PPA) est devenue la principale préoccupation de l'industrie porcine européenne et asiatique et plus récemment de l'Amérique du Nord en raison de sa réintroduction dans les Caraïbes (Amat *et al.*, 2021). Après son introduction en Géorgie en 2007, la PPA s'est progressivement répandue en Europe et est désormais considérée comme enzootique dans certains pays (Chenais *et al.*, 2019). À ce jour, seuls deux pays qui avaient été infectés par le virus de la PPA ont retrouvé leur statut de pays indemne : la Belgique et la République tchèque. Récemment, une introduction du virus dans la population de sangliers à la frontière germano-polonaise a été détectée (Sauter-Louis *et al.*, 2021). Cet épisode épidémiologique est toujours en cours avec une expansion géographique en Allemagne malgré la mise en place de mesures de contrôle. Bien que limité à la faune sauvage pendant environ 10 mois après l'introduction, un premier cas a été détecté chez des porcs domestiques en juillet 2021. Il est nécessaire de comprendre les modes de propagation des agents infectieux à l'échelle locale et globale pour concevoir des mesures de contrôle pertinentes. L'identification des voies de transmission des agents pathogènes et l'évaluation de leurs rôles respectifs dans le processus de transmission sont essentielles (Andronico *et al.*, 2019). Au sein d'un élevage, les contacts entre les individus et l'environnement contribuent à la transmission des agents pathogènes. L'étude de la transmission des maladies animales à grande échelle géographique nécessite la prise en compte de structures de contact supplémentaires, telles que les mouvements d'animaux et les contacts indirects par le biais du transport ou de la proximité géographique/sociale entre les acteurs (Galvis *et al.*, 2021).

La conjoncture de la PPA en Europe démontre le risque permanent d'introduction du virus dans des zones indemnes et la nécessité de développer des outils prédictifs pour évaluer les conséquences d'une telle introduction et la réactivité des protocoles de surveillance mis en place. En se basant sur une analyse du réseau de contacts lié aux mouvements d'animaux, une étude précédente a démontré l'intérêt d'une approche de modélisation mathématique pour une surveillance ciblée sur les élevages les plus à risque au sein de la filière de production porcine en France (Andraud *et al.*, 2019). La présente étude vient compléter ce cadre de modélisation par l'intégration de données des mouvements réels observés. Un modèle original de métapopulation a ainsi été développé, alimenté par des données observées de mouvements, et paramétré selon les caractéristiques épidémiologiques de la PPA. Le modèle, développé sous la forme d'une application utilisable par les décideurs, permet d'évaluer sous l'hypothèse de l'introduction du virus sur le territoire, l'étendue de la propagation potentielle parmi les élevages de porcs domestiques en France, ainsi que l'efficacité des stratégies de surveillance et de contrôle.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Données

Les données utilisées dans le cadre de ces travaux sont extraites de la base de données BDPORC (Salines *et al.*, 2018). A ce jour, nous avons contracté une convention avec l'association pour

une extraction annuelle des données. Nous disposons de deux bases de données. La première fournit les informations liées aux sites de production, telles que la géolocalisation, et le type de production et le nombre de places par catégorie d'animaux. Les élevages sont majoritairement de type naisseur-engraisseurs ou engraisseurs. Cependant, ces derniers ont une capacité relativement faible en comparaison des élevages de post-sevrage, qui distribuent leurs animaux dans plusieurs sites d'engraissement. La seconde correspond à la collecte des mouvements entre sites et vers les abattoirs. La dernière extraction dont nous disposons couvre la période allant du 01/01/2017 au 31/12/2019, référencant 12 730 sites actifs, i.e. effectuant au moins un transfert d'animaux vers un autre site de production, avec environ 230 000 mouvements.

1.2. Modèle épidémiologique

1.2.1. Modèle de propagation intra-élevage

Au sein de l'élevage dont la taille est définie par le nombre de places enregistrées dans la base de données BDPORC, la population est supposée homogène. Le modèle est un modèle SEIR selon lequel les individus évoluent dans les stades sensible, exposé (infecté mais non infectieux), infectieux, et retiré (mort). Le taux de transmission, dénoté β et correspondant au nombre moyen de nouvelles infections produites quotidiennement par un individu infectieux, est identique pour tous les élevages, l'utilisateur peut cependant le faire varier dans une gamme de valeurs réaliste définie dans la littérature scientifique (Guinat *et al.*, 2016; Hayes *et al.*, 2021).

1.2.2. Modèle de propagation inter-élevage

Le modèle prend en compte différentes voies de transmission dont les paramètres peuvent être modifiés par l'utilisateur.

Transmission locale

Ce mode de transmission représente les contacts indirects entre les élevages dans un rayon de proximité (500 m). Ce type de transmission peut faire référence au partage de matériel, au facteur humain, au passage de véhicules. Le taux de transmission β_{Loc} est modélisé selon une loi normale, en fonction de la distance ($d_{i,j}$) entre l'élevage infecté (i) et les élevages du voisinage j . La force d'infection (λ_{Loc}) exercée par un élevage infecté (i) sur un élevage sensible j , est supposée proportionnelle au nombre d'animaux infectés (I_i) dans l'élevage source i : $\lambda_{Loc}(j) = \beta_{Loc}(d_{i,j}) I_i$. A chaque pas de temps, la probabilité d'infection (π_{Loc}) à laquelle sont soumis les animaux de l'élevage j est donc définie par $\pi_{Loc}(j) = 1 - \exp(-\lambda_{Loc}(j))$. Un élevage est considéré infectieux dès lors qu'un individu est infecté, le processus SEIR intra-élevage est alors initié.

Transmission par contact

Deux types de contacts ont été considérés prenant en compte le transfert effectif des animaux d'un site à un autre (Figure 1, à gauche), mais également le contact indirect via les opérateurs de transport lors de tournées complexes (Figure 1, à droite).

Les contacts entre les élevages tiennent compte de la temporalité ainsi que du nombre d'animaux transférés. Les mouvements issus d'un élevage infecté sont une voie importante de transmission. Pour chaque mouvement déclaré, les individus transférés sont tirés aléatoirement dans la population totale de l'élevage, indépendamment de leurs statuts infectieux. Ils sont alors intégrés dans la population cible et remplacés dans la population source par des individus sensibles. En l'absence d'infection, la population de chaque

élevage est considérée constante, sans prise en compte de la démographie. Un élevage est considéré comme infecté dès lorsqu'un individu infectieux est intégré dans l'élevage. Le processus intra-élevage est alors initié.

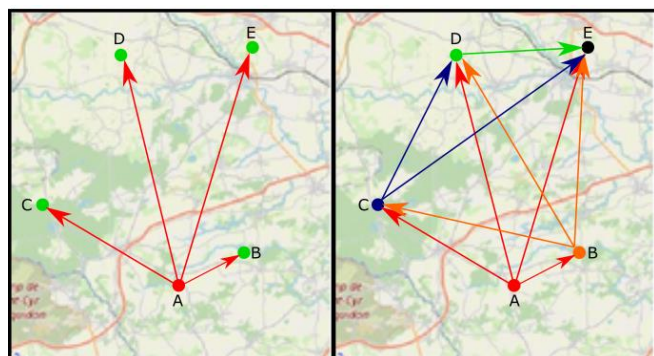


Figure 1 – Illustration des conceptions des réseaux de mouvement des animaux (AIM ; à gauche) et du transit des véhicules de transport (TM ; à droite).

Les mouvements sont en ordre séquentiel avec un premier chargement d'animaux dans la ferme A et des déchargements ultérieurs de sous-groupes d'animaux dans les fermes B, C, D et E. AIM considère les mouvements effectifs d'animaux avec 4 élevages et 4 liens dirigés (de A vers d'autres sites, lignes rouges). En revanche, TM considère le passage du camion sans échange d'animaux entre les sites, reliant le site B à C, D et E (lignes orange), le site C à D et E (lignes bleues), et le site D à E (ligne verte). Lors du passage d'un véhicule de transport dans un élevage infecté, une probabilité, supposée constante, de transmission du virus aux élevages en aval dans la tournée, en l'absence de déchargement d'animaux, est considérée. Lorsqu'un élevage est infecté par ce biais, un individu est considéré infectieux, initiant le processus de transmission intra-élevage.

1.3. Mesures de surveillance et de maîtrise

1.3.1. Surveillance et contrôle

La PPA étant une maladie de catégorie 1 avec plan d'urgence, le modèle évalue le nombre d'élevages à surveiller sur la base du plan d'urgence français (DGAL/SDSPA/2019-41). Lorsqu'un cas est détecté, des zones de surveillance (ZS) et de protection (ZP) sont mises en place pendant 40 jours dans un rayon de 10 et 3 km respectivement. Tous les élevages situés dans ces deux zones sont surveillés pendant cette période. La notification de la mortalité est obligatoire et induit systématiquement une inspection clinique conduisant à des analyses de laboratoire complémentaires (virologie et sérologie). Des traçages amont et aval sont également réalisés afin d'identifier les contacts qui ont eu lieu jusqu'à 30 jours avant la détection.

Les mesures de contrôle représentées sont basées sur des restrictions de mouvement à partir des fermes détectées, avec un confinement complet pour les élevages identifiés dans les zones de surveillance et de protection ainsi que pour l'ensemble des contacts de l'élevage infecté, de manière similaire à ce qui serait mis en œuvre en cas d'épizootie. Un élevage détecté est considéré comme retiré du processus infectieux dès la détection, faisant l'hypothèse d'un abattage rapide.

1.4. Simulations

L'ensemble des paramètres utilisés pour la simulation est présenté dans le tableau 1. A titre d'illustration, ces paramètres ont été choisis dans des intervalles correspondant aux connaissances épidémiologiques de la PPA (Guinat *et al.*, 2016; Halasa *et al.*, 2016). En se basant sur la structure pyramidale de

la filière porcine en France (Salines *et al.*, 2017), les troupeaux ont été répartis en trois catégories correspondant aux élevages sélectionneurs et multiplicateurs (dénommés « Sélection »), aux exploitations de production de type naisseurs et post-sevriers (« Naisseurs »), et aux exploitations ayant un secteur d'engraissement (« Engraisseurs »), incluant les élevages naisseurs-engraisseurs. Pour chacune de ces catégories d'exploitations, 1 000 simulations ont été effectuées, chacune avec un élevage initialement infecté (index) choisi aléatoirement. Chaque simulation pouvait durer jusqu'à 40 jours – correspondant à la durée de maintien des zones de surveillance et de protection – mais était arrêtée dès qu'il n'y avait plus d'élevages infectés dans le système. Pour minimiser le risque d'extinction stochastique, le nombre d'animaux infectieux dans l'élevage index a été fixé à cinq. Enfin, les dates d'introduction de l'infection sont fixées aléatoirement sur les trois années de données de mouvement.

Tableau 1 – Paramètres du modèle épidémiologique

Définition	Valeurs (références)
Taux de transmission (β)	0,6 (Guinat <i>et al.</i> , 2016)
Taux de transmission locale (β_{Loc})	0,0001 (Halasa <i>et al.</i> , 2016)
Distance maximale (locale)	500 m
Probabilité de transmission par véhicules	0,05
Période Latente (δ^{-1})	4 jours
Période infectieuse (γ^{-1})	7 jours

Le scénario de base consistait en une propagation incontrôlée. Bien qu'irréaliste pour une maladie réglementée comme la PPA, ce scénario a été utilisé pour montrer dans quelle mesure un agent infectieux pouvait se propager sur le réseau en tenant compte des données réelles de mouvement.

Deux indicateurs ont été définis pour la détection des foyers F: un seuil de prévalence clinique, défini par une proportion d'individus infectés dans l'élevage, et un seuil de mortalité défini par un nombre d'individus morts (ou Retirés) dans l'élevage. En absence de démographie (natalité et mortalité naturelles), seule la mortalité liée à l'agent pathogène est considérée. Les seuils de détection sont fixés à une prévalence de 1% d'animaux infectés et de cinq animaux morts. Après la première détection, le seuil de mortalité est réduit à un animal pour représenter un protocole de surveillance renforcée. Pour les deux scénarios et pour chaque catégorie d'élevage index, le nombre de simulations où des infections secondaires sont survenues a été enregistré. Pour ces simulations, le nombre d'élevages infectés secondairement, ainsi que la voie de transmission et la distance par rapport à la source d'infection, ont été enregistrés. Le cas échéant, le délai entre l'infection et la détection (période "à risque") pour chaque élevage infecté et détecté a également été analysé.

2. RESULTATS

2.1. Analyse descriptive du réseau de contact

Le réseau comptabilise 12 397 élevages actifs impliqués dans 268 672 mouvements sur les trois années de données (2017-2019). En considérant les mouvements avec chargements et déchargements d'animaux entre les sites de production, le nombre moyen d'animaux par chargement était de 150 porcs (2,5 - 97,5 percentiles : 1 - 672) et dépendaient de la catégorie de l'élevage source. En effet, les échanges commerciaux provenant des sélectionneurs concernaient principalement de

petits groupes d'animaux allant de 1 à 280 porcs (médiane 34), alors que ceux ayant pour origine des élevages naisseurs concernaient des lots souvent plus complets avec une taille médiane de groupe de 208 porcelets ([8 – 830]). Cependant, le degré de sortie (nombre de lien sortants) est plus élevé pour les élevages de sélection avec 195 contacts ([2 - 908]) au cours des trois années.

La prise en compte du transit des camions dans les tournées densifie considérablement la structure des contacts avec jusqu'à 916 271 liens dans le réseau impliquant 12 795 sites de production dans 238 159 tournées. Le rôle des élevages avec des secteurs d'engraissement s'est avéré essentiel, couvrant 75% des sites impliqués dans le réseau en raison des chargements consécutifs dans différentes fermes vers les abattoirs.

2.2. Analyse des simulations

2.2.1. Scénario 1- absence de mesure de contrôle

Les résultats théoriques en l'absence de mesures de contrôle sont décrits dans la figure 2. En moyenne, environ 70% des simulations ont abouti à des cas secondaires avec un nombre médian de 10 élevages infectés. La transmission était quasi-systématique lorsque l'introduction était fixée dans des élevages de sélection et naisseurs (82 et 79% des simulations respectivement) par rapport aux engraisseurs (49%). Les introductions dans les élevages de sélection ont conduit à des épidémies majeures avec une médiane de 12 cas secondaires, mais pouvant aller jusqu'à 52 foyers.

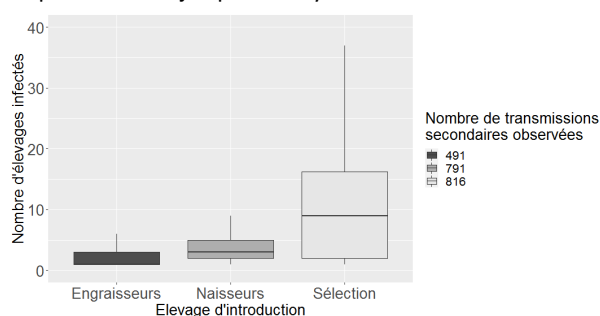


Figure 2 – Nombre de transmissions secondaires observées et d'élevages infectés en fonction du type d'élevage dans lequel l'introduction est initiée, en l'absence de mesures de contrôle.

Ces cas étaient répartis sur de grandes distances, les infections se produisant jusqu'à 413 km des élevages sources. Les élevages naisseurs et engraisseurs ont propagé l'agent infectieux avec une intensité moindre, affectant un nombre médian de 2 élevages (intervalle de 95% : [1 - 11]) ; les distances étaient également deux fois plus faibles, atteignant 200 km. La transmission par contact direct, du fait de transfert d'animaux, représentait la principale voie de transmission du virus, représentant jusqu'à 85% des événements de transmission. Vient ensuite la transmission par contact indirect dans le voisinage qui, malgré un rayon d'interaction assez faible (500 m), a représenté 14 à 29% des événements selon la catégorie de la ferme d'introduction. Enfin, le rôle des camions de transport, a été mis en cause comme responsable de 10% des cas enregistrés lors des simulations. La transmission par les mouvements d'animaux ou le transit de véhicules s'est faite principalement à une échelle géographique relativement réduite, avec des distances médianes comprises entre 10 et 30 km. Certains mouvements ont néanmoins généré des infections plus lointaines, pouvant atteindre 400 km pour les élevages de sélection.

2.2.2. Efficacité du protocole de détection et mesures de maîtrise

Le processus de détection, basé sur une prévalence de 1% d'animaux infectés et une mortalité liée à la maladie de 5 animaux, a induit un délai médian de détection de 11 à 14 jours après infection quelle que soit la catégorie de l'élevage index (Figure 3). Les détections les plus précoces ont encore été observées lors de l'introduction dans les élevages naisseurs, à partir du jour 6 post-infection en raison de la taille plus faible des élevages, permettant de remplir plus rapidement les critères de détection. Les élevages avec un secteur d'engraissement ont été la catégorie d'exploitation la plus touchée avec jusqu'à 3171 événements de détection sur l'ensemble des simulations (3 000 itérations).

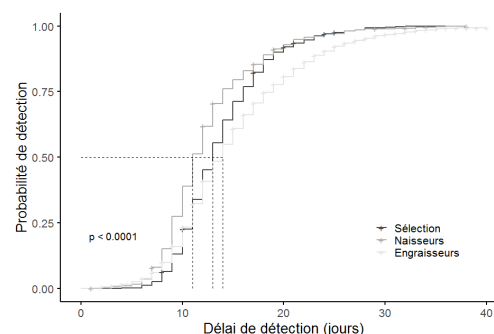


Figure 3 – Analyse de survie du délai de détection (le temps écoulé entre l'entrée du virus dans l'élevage et la détection) en fonction du type des élevages infectés

La proportion de simulations avec transmission effective à des cas secondaires est réduite à 21% lorsque l'agent a été introduit dans des élevages d'engraissement, et a été limitée à 43% dans les autres schémas d'introduction (Figure 4).

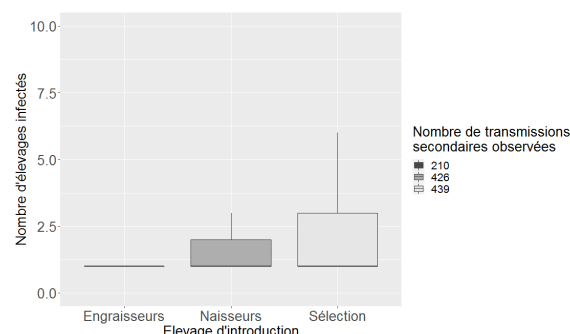


Figure 4 – Nombre de transmissions secondaires observées et d'élevages infectés en fonction du type d'élevage dans lequel l'introduction est initiée, avec les mesures de contrôle.

Lorsqu'une transmission a lieu, un seul foyer secondaire est observé quel que soit le lieu d'introduction, mais les élevages de sélection restent potentiellement des points clés de la diffusion, pouvant atteindre jusqu'à 13 élevages, du fait d'une période "à risque" prolongée et des chaînes de contact sortantes (outgoing contact chain) plus importantes. La mise en place de restrictions de mouvements dans les élevages détectés induit une augmentation de la part relative des transmissions par contacts indirects dans le voisinage des élevages infectés.

CONCLUSION

La PPA représente une menace réelle pour l'industrie porcine et les secteurs économiques connexes. Il est donc nécessaire de se préparer à faire face à une telle menace dans les pays qui en sont encore indemnes. Le développement d'outils prédictifs, basés sur l'évaluation des risques ou sur des modèles

mécanistes, offre un soutien scientifique aux décideurs. Plusieurs modèles mécanistes ont été mis au point pour faire face à l'introduction et à la dissémination potentielles de la PPA, compte tenu du risque accru de propagation mondiale, mis en évidence par son expansion en Europe et en Asie, et maintenant dans les Caraïbes, au cours de la dernière décennie. Une revue récente a identifié quatre objectifs principaux pour ces études (Hayes *et al.*, 2021). Cette étude se situe au carrefour de trois d'entre eux à travers l'évaluation de la contribution des voies de transmission, l'évaluation des conséquences épidémiologiques d'une introduction et l'évaluation de l'efficacité des mesures de contrôle prévues dans le plan d'urgence.

Pour atteindre ces objectifs, un modèle de métapopulation a été développé sous la forme d'une application permettant une utilisation par un large public et pour représenter la propagation de l'agent pathogène au sein des exploitations, combiné à un processus de transmission entre les sites de production basé sur les données de mouvement. Le processus de transmission intra-élevage a été décrit par un modèle stochastique dans une population homogène, dont la taille était basée sur les caractéristiques déclarées par les exploitants. Trois voies de transmission ont été envisagées pour la transmission inter-sites. La transmission par contact direct via les mouvements d'animaux reste la voie dominante. La mise en place de mesures de contrôle, basées sur une restriction des mouvements, induit une augmentation de la contribution relative de la transmission locale, dans l'hypothèse où il n'y a pas de modification des mesures de biosécurité au niveau local en cas d'épizootie. L'évolution de la biosécurité locale, par la sensibilisation de l'ensemble des acteurs, apparaît donc comme un élément clé de la lutte contre la maladie. Bien que jouant un rôle mineur, le transit par camion ne doit pas être négligé et les circuits complexes impliquant plusieurs sites de production doivent être pris en compte dans le système de surveillance.

Le délai entre l'infection et la détection, ou période "à risque", a été analysé en fonction de la sensibilité de la détection dans les fermes infectées. Les seuils de détection (prévalence de 1% et mortalité de cinq animaux) évalués dans cette étude induisent des délais de détection relativement courts avec une médiane entre 11 et 14 jours post introduction. En raison de leur position dans la structure pyramidale du système de

production porcine, la probabilité de détecter en premier les élevages engraisseurs est relativement faible. Ainsi, les seuils pourraient être adaptés en fonction des caractéristiques des élevages, de la densité locale ou de leur connectivité. Bien que la sensibilisation des acteurs locaux (agriculteurs, vétérinaires) soit essentielle pour limiter la propagation de la maladie, il serait difficile de maintenir des niveaux élevés de vigilance - en ce qui concerne les aspects sociaux et sociétaux - pendant une période extrêmement longue, ce qui nécessiterait des ajustements en fonction du niveau de risque.

Notre modèle se concentre sur la dynamique de transmission d'un pathogène sur un réseau de production porcine après une introduction de la maladie parmi les porcs domestiques, avec une application particulière à la PPA. L'introduction en France est néanmoins plus probable chez les sangliers, comme cela a été le cas dans plusieurs pays. Pour analyser le risque d'introduction dans le réservoir de porcs domestiques, l'interface entre les compartiments des sangliers et des porcs domestiques ne peut être ignorée (Hayes *et al.*, 2021). Cela pourrait induire une force externe d'infection, notamment sur les élevages plein-air, déjà été mis en évidence comme point critique pour la surveillance (Andraud *et al.*, 2019).

En conclusion, un modèle de transmission d'agents infectieux dans l'industrie porcine a été développé pour analyser l'efficacité des mesures de surveillance et de contrôle. Alimenté par des données brutes sur les mouvements, le cadre de modélisation est flexible, le processus de transmission étant représenté sur un calendrier en temps réel. Appliqué à la peste porcine africaine, les mouvements d'animaux ont été identifiés comme la principale voie de transmission. La transmission locale et la transmission mécanique par le biais du transit des camions ne doivent pas être négligées et nécessitent une implication de tous les acteurs du système de production.

REMERCIEMENTS

Nous remercions les administrateurs de la base de données BDPORC pour le partage des données relatives aux caractéristiques des élevages et aux échanges commerciaux au sein de la filière porcine en France métropolitaine.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Amat J.-P., Carles S., Cardinale E., Cauchard J., Dupuy C., Fabala S., Gerbier G., Hénaux V., Lambert Y., Lancelot R., Trévenec C., 2021. Peste porcine africaine (PPA) en République dominicaine : déclaration le 28/07/2021 de deux premiers foyers - Actualisation au 30/07/2021. https://www.platforme-esa.fr/sites/default/files/2021-07-30_PPA-Cara%C3%AFbes-Premiers-foyers.pdf.
- Andraud M., Halasa T., Boklund A., Rose N., 2019. Threat to the French Swine Industry of African Swine Fever: Surveillance, Spread, and Control Perspectives. *Front Vet Sci*, 6, 248.
- Andronico A., Courcoul A., Bronner A., Scoizec A., Lebouquin-Leneveu S., Guinat C., Paul M.C., Durand B., Cauchemez S., 2019. Highly pathogenic avian influenza H5N8 in south-west France 2016-2017: A modeling study of control strategies. *Epidemics*, 28, 100340.
- Chenais E., Depner K., Guberti V., Dietze K., Viltrop A., Stahl K., 2019. Epidemiological considerations on African swine fever in Europe 2014-2018. *Porcine Health Manag*, 5, 6.
- Galvis J.A., Corzo C.A., Prada J.M., Machado G., 2021. Modelling the transmission and vaccination strategy for porcine reproductive and respiratory syndrome virus. *Transboundary and Emerging Diseases*, 00, 1-16.
- Guinat C., Gubbins S., Vergne T., Gonzales J.L., Dixon L., Pfeiffer D.U., 2016. Experimental pig-to-pig transmission dynamics for African swine fever virus, Georgia 2007/1 strain. *Epidemiol Infect*, 144, 25-34.
- Halasa T., Botner A., Mortensen S., Christensen H., Toft N., Boklund A., 2016. Simulating the epidemiological and economic effects of an African swine fever epidemic in industrialized swine populations. *Vet Microbiol*, 193, 7-16.
- Hayes B.H., Andraud M., Salazar L.G., Rose N., Vergne T., 2021. Mechanistic modelling of African swine fever: A systematic review. *Prev Vet Med*, 191, 105358.
- Salines M., Andraud M., Rose N., 2017. Pig movements in France: Designing network models fitting the transmission route of pathogens. *PLoS One*, 12, e0185858.
- Salines M., Andraud M., Rose N., 2018. Importance de la prise en compte des mouvements de porcs pour l'organisation de la surveillance des pathogènes d'intérêt pour la filière porcine : application au virus de l'hépatite E. 50.
- Sauter-Louis C., Forth J.H., Probst C., Staubach C., Hlinak A., Rudovsky A., Holland D., Schlieben P., Goldner M., Schatz J., Bock S., Fischer M., Schulz K., Homeier-Bachmann T., Plagemann R., Klaass U., Marquart R., Mettenleiter T.C., Beer M., Conraths F.J., Blome S., 2021. Joining the club: First detection of African swine fever in wild boar in Germany. *Transbound Emerg Dis*, 68, 1744-1752.

