



**HAL**  
open science

# Approche géographique du risque d'émergence de l'influenza aviaire à H5N1 au sein des élevages de volailles de Thaïlande

Victoria Corvest

► **To cite this version:**

Victoria Corvest. Approche géographique du risque d'émergence de l'influenza aviaire à H5N1 au sein des élevages de volailles de Thaïlande. Géographie. 2008. dumas-01644493

**HAL Id: dumas-01644493**

**<https://dumas.ccsd.cnrs.fr/dumas-01644493v1>**

Submitted on 22 Nov 2017

**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.

**IRD Bangkok, UR 178 « Territoires et conditions d'émergence des maladies »**

**Center of Excellence for Vector and Vector-Borne Diseases (Faculty of Science,  
Mahidol University, Thailand)**

# **Approche géographique du risque d'émergence de l'influenza aviaire à H5N1 au sein des élevages de volailles de Thaïlande**

**Mémoire de Master 2 recherche**

**Mention « Géographie et aménagement », spécialité « Géographie de la santé »  
Université Paris-X Nanterre, UFR de Sciences sociales et administratives**

**Sous la direction du Professeur Gérard SALEM**

Victoria CORVEST

Responsable de stage : M. Marc Souris (IRD)

**Déposé le 17 juin 2008**

## REMERCIEMENTS

Mes remerciements s'adressent :

A M. Marc Souris pour son encadrement durant ces trois mois de stage en Thaïlande et pour ses nombreux conseils, en matière d'analyse statistique notamment ;

Au Professeur Gérard Salem pour m'avoir offert l'occasion de découvrir la géographie de la santé au sein de sa formation de Master à l'université Paris X, et pour avoir accepté la direction de mes travaux de stage et m'avoir aiguillé vers l'unité de recherche 178 « Territoires et conditions d'émergence des maladies » de l'IRD ;

Au « Center of Excellence for Vectors and Vector-Borne Diseases » (Faculty of Science, Mahidol University, Thailand), et en particulier le Professeur Pattamaporn Kittayapong, ainsi qu'à l'Unité de recherche 178 de l'IRD, et en particulier le Professeur Jean-Paul Gonzales, pour avoir accepté de me recevoir comme stagiaire dans leurs équipes et dans le cadre de leurs programmes de recherche ;

A Amy et Namchaum pour leur aide et leur attention tout au long de ce stage.

# SOMMAIRE

<b>GLOSSAIRE .....</b>	<b>1</b>
<b>ABRÉVIATIONS.....</b>	<b>2</b>
<b>INTRODUCTION.....</b>	<b>3</b>
<b>PARTIE 1 : CONTEXTE DE L'ÉTUDE : CLES DE COMPRÉHENSION POUR UNE APPROCHE GÉOGRAPHIQUE DE L'INFLUENZA AVIAIRE EN THAÏLANDE .....</b>	<b>6</b>
<b>CHAPITRE 1 BIOLOGIE ET ÉPIDÉMIOLOGIE DES VIRUS INFLUENZA AVIAIRE ET DE LA FORME H5N1 : DES CERTITUDES REMISES EN QUESTION .....</b>	<b>7</b>
<b>1.1 Présentation générale de l'influenza aviaire et de sa forme émergente H5N1 .....</b>	<b>7</b>
<b>1.2 Structure du virus : un potentiel évolutif important.....</b>	<b>7</b>
<b>1.3 Survie du virus dans l'environnement.....</b>	<b>10</b>
<b>1.4 Hôtes et réservoirs du virus : les origines du risque de transmission .....</b>	<b>10</b>
1.4.1 Espèces sensibles.....	10
1.4.2 Signes cliniques des formes HP, variabilité du pouvoir pathogène et de la sensibilité des hôtes à l'infection.....	12
1.4.3 Pouvoir contagieux des oiseaux contaminés.....	14
<b>1.5 Emergence et diffusion : des facteurs de risque mis en évidence et sujets à controverse.....</b>	<b>15</b>
1.5.1 Modes de transmission du virus et sources potentielles d'introduction chez les volailles.....	15
1.5.2 Risque d'introduction du virus en provenance des oiseaux sauvages sédentaires et migrateurs : état des connaissances et débat .....	16
1.5.3 Risques liés aux activités humaines et aux échanges commerciaux : état des connaissances et débat.....	22
<b>1.6 Synthèse : de nouvelles caractéristiques épidémiologiques et des processus de diffusion encore largement méconnus.....</b>	<b>25</b>
<b>CHAPITRE 2 CONTEXTE THAÏLANDAIS ET RISQUES ASSOCIÉS .....</b>	<b>27</b>
<b>2.1 Caractéristiques temporelles et spatiales de l'épizootie à H5N1 en Asie et en Thaïlande...27</b>	<b>27</b>
2.1.1 Propagation de l'épizootie depuis l'Asie de l'Est vers la Thaïlande, puis vers d'autres continents.....	27
2.1.2 Progression temporelle.....	29
2.1.3 Distribution spatio-temporelle .....	30
<b>2.2 Contexte avicole thaïlandais.....</b>	<b>32</b>
2.2.1 Un secteur avicole très développé et compétitif .....	32
2.2.2 Effectifs, principaux types de volailles, et distribution spatiale de l'activité .....	34
2.2.3 De l'élevage industriel aux volailles de basse-cour : des secteurs de production diversifiés caractérisés par des niveaux de risque différents.....	40
<b>2.3 Stratégies de surveillance, de lutte et de prévention contre la maladie .....</b>	<b>48</b>

<b>PARTIE 2 : QUESTIONS SOULEVÉES ET DÉMARCHE ADOPTÉE POUR UNE APPROCHE GÉOGRAPHIQUE DE L'ÉMERGENCE .....</b>	<b>56</b>
<b>CHAPITRE 3 PROBLÉMATIQUE ET OBJECTIFS : CARACTÉRISER UN PROCESSUS ÉMERGENTIEL PAR UNE APPROCHE GÉOGRAPHIQUE ET ÉTUDIER LES FACTEURS DE RISQUE ASSOCIÉS.....</b>	<b>57</b>
3.1 Bases contextuelles .....	57
3.2 Du concept d'émergence à l'idée de géopathocénose.....	60
3.3 Questions et objectifs de recherche.....	63
<b>CHAPITRE 4 MATÉRIEL ET MÉTHODES .....</b>	<b>66</b>
4.1 <b>Exploitation des données disponibles, échelles d'analyse, biais et limites associés .....</b>	<b>66</b>
4.1.1 Données épidémiologiques du DLD.....	66
4.1.2 Données d'occupation du sol du LDD .....	72
4.1.3 Données de démographie avicole du NSO et du DLD.....	76
4.1.4 Autres données .....	79
4.2 <b>Analyse spécifique des lieux d'émergence : une procédure en plusieurs étapes .....</b>	<b>79</b>
4.2.1 Emergence vs. diffusion : une discrimination préalable selon des critères spatio-temporels et au moyen d'une analyse géostatistique de distribution des cas .....	79
4.2.2 Emergence et endémisation vs. diffusion et épidémisation : une discrimination complémentaire selon des critères environnementaux .....	85
4.2.3 Choix d'un système émergentiel et analyse des facteurs d'influence socio-environnementaux ...	87
<b>PARTIE 3 : PRINCIPAUX RÉSULTATS D'ANALYSE POUR UNE CARACTÉRISATION DE L'ÉMERGENCE : IDENTIFICATION DES SITES ÉMERGENTIELS ET ETUDE DES FACTEURS DE RISQUE ENVIRONNEMENTAUX ASSOCIÉS.....</b>	<b>90</b>
<b>CHAPITRE 5 DISCRIMINATION DES LIEUX D'ÉMERGENCE.....</b>	<b>91</b>
5.1 <b>Résultats des tests statistiques d'exposition cas-témoins pour différentes combinaisons [t,d].....</b>	<b>91</b>
5.2 <b>Discussion et choix d'une combinaison [t,d] représentative de l'émergence.....</b>	<b>96</b>
<b>CHAPITRE 6 ETUDE SPÉCIFIQUE DES CONDITIONS ENVIRONNEMENTALES DE L'ÉMERGENCE.....</b>	<b>98</b>
6.1 <b>Résultats des tests statistiques d'exposition cas-témoins menés sur les sous-districts émergents.....</b>	<b>98</b>
6.2 <b>Discussion : une influence probable des pratiques humaines individuelles et occasionnelles.....</b>	<b>98</b>
<b>CONCLUSION.....</b>	<b>100</b>
<b>BIBLIOGRAPHIE .....</b>	<b>102</b>
<b>ANNEXES .....</b>	<b>111</b>
<b>RÉSUMÉ.....</b>	<b>169</b>
<b>SUMMARY.....</b>	<b>169</b>

## LISTE DES FIGURES

Figure 1 :	Représentation schématique de la structure d'un virus influenza et micrographies obtenues par microscope électronique à transmission.....	8
Figure 2 :	Carcasse d'oie à tête barrée ( <i>Anser indicus</i> ) retrouvée en Mongolie en août 2005 lors d'une flambée épizootique d'influenza aviaire à H5N1 .....	12
Figure 3 :	Principaux couloirs migratoires mis en évidence chez les oiseaux sauvages aquatiques ..	17
Figure 4 :	Sources de transmission du virus et pratiques à risques : promiscuité des volailles lors de leur transport, marchés de volailles vivantes.....	22
Figure 5 :	Estimation de l'importance relative de différents facteurs de risque d'introduction du virus H5N1 dans la survenue de foyers d'infection au H5N1 entre décembre 2003 et février 2005, dans différents pays d'Asie .....	24
Figure 6 :	Pays touchés par la panzootie d'HPAI à H5N1, par grandes zones géographiques, et année de déclaration (mise à jour au 1 <sup>er</sup> avril 2008).....	27
Figure 7 :	Distribution géographique des foyers d'HPAI à H5N1 chez des volailles d'élevage et des oiseaux sauvages (mise à jour au 5 septembre 2007).....	28
Figure 8 :	Répartition temporelle des déclarations de cas d'infection au H5N1 dans les élevages de volailles de Thaïlande, de 2004 à 2005.....	29
Figure 9 :	Répartition géographique des différentes régions* thaïlandaises .....	31
Figure 10 :	Distribution spatiale des cas confirmés d'HPAI à H5N1 en Thaïlande, de juillet 2004 à février 2007, par district.....	32
Figure 11 :	Principaux pays exportateurs de viande de volaille dans le monde .....	33
Figure 12 :	Quantités de volailles abattues au niveau des principaux pays producteurs.....	33
Figure 13 :	Quelques données statistiques sur la filière avicole thaïlandaise et sa croissance .....	34
Figure 14 :	Effectifs de volailles et de fermes commerciales et semi-commerciales, par type de production, en 2000 .....	35
Figure 15 :	Distributions spatiales des densités d'élevages avicoles et de volailles en Thaïlande, par type d'espèce et d'élevage, à l'échelle des sous-districts.....	36
Figure 16 :	Distribution régionale et taille des fermes produisant des poulets de chair, en 2000.....	38
Figure 17 :	Distribution régionale et taille des fermes produisant des poules pondeuses, en 2000.....	39
Figure 18 :	Distribution régionale et taille des fermes produisant des canards, en 2000.....	39
Figure 19 :	Distribution régionale et taille des fermes non spécialisées et produisant des poulets de type « native », en 2000.....	40
Figure 20 :	Les 4 principaux secteurs de production avicole en Thaïlande, définis selon des critères de pratiques d'élevage, de niveaux de biosécurité, et de débouchés commerciaux .....	40
Figure 21 :	Structuration de la filière des poulets de chair et flux de produits au niveau des 3 premiers secteurs de production .....	42
Figure 22 :	Caractérisation des différents secteurs de production avicole et évaluation générale du risque d'infection .....	48
Figure 23 :	Illustration des mesures de contrôle de la grippe aviaire HP adoptées par la Thaïlande....	52
Figure 24 :	Stratégies de surveillance de l'HPAI à H5N1 chez les volailles, en Thaïlande, et mesures de contrôle associées .....	54
Figure 25 :	Synthèse des bases épidémiologiques et contextuelles utiles à la problématique et à l'analyse.....	57
Figure 26 :	Distance entre centroïdes de sous-districts : statistiques et variabilité.....	69
Figure 27 :	Carte du découpage administratif de la Thaïlande et distribution spatiale des centroïdes de sous-districts infectés .....	70
Figure 28 :	Analyse statistique de certaines des variables renseignées dans les données épidémiologiques sources.....	72
Figure 29 :	Carte d'occupation du sol en Thaïlande d'après les données vectorielles émanant du LDD .....	73
Figure 30 :	Distribution spatiale des principales classes de champs paddy en Thaïlande, mise en évidence d'une différenciation entre la Plaine centrale et l'Est du pays.....	74
Figure 31 :	Présentation et statistiques de base des données de recensement avicole provenant des deux sources officielles (NSO et DLD) .....	78
Figure 32 :	Première discrimination de l'émergence selon des critères spatio-temporels, représentation schématique .....	81
Figure 33 :	Nombre de cas considérés comme émergents, en fonction de différents paramètres de distance et de temps.....	82

Figure 34 :	Distribution spatiale des points d'émergence identifiés pour différentes combinaisons [t,d] .....	83
Figure 35 :	Résultats des tests géostatistiques étudiant le caractère aléatoire de la distribution des cas émergents pour différentes combinaisons [t,d] .....	85
Figure 36 :	Représentation graphique de la p-value résultant des tests statistiques de comparaison entre cas et témoins, pour les différents facteurs environnementaux étudiés et pour différentes valeurs t et d.....	91
Figure 37 :	Résultats des tests statistiques de discrimination entre cas et témoins pour la recherche d'une combinaison [t,d] représentative de l'émergence, tableau synthétique ....	96
Figure 38 :	Résultats des tests statistiques d'exposition cas-témoins sur l'émergence (les cas correspondent aux sous-districts émergents, en prenant pour référence les fermes distantes de 60 km dans un délai de 28 jours), pour différents facteurs de risque potentiels .....	99

## LISTE DES ANNEXES

Annexe 1 :	Espèces d'oiseaux domestiques et sauvages chez qui le virus H5N1 a été détecté .....	112
Annexe 2 :	Emergence et propagation du virus H5N1 dans le monde : chronologie depuis 2003, et événements marquants, depuis 1996 jusqu'à 2007 .....	113
Annexe 3 :	Extrait du fichier Excel contenant les données épidémiologiques sources.....	120
Annexe 4 :	Extrait de la table de données rattachée au fichier SIG vectoriel d'occupation du sol .....	121
Annexe 5 :	Résultats des tests statistiques cas-témoins (à l'échelle des fermes et des sous-districts), pour l'ensemble des facteurs d'exposition étudiés .....	122
Annexe 6 :	Essais d'analyses multi-factorielles, quelques résultats .....	166

## GLOSSAIRE

- Agressivité :** Composante quantitative du pouvoir pathogène qui permet à un agent pathogène d'attaquer un hôte avec une plus ou moins grande intensité, et qui n'a de sens que si l'agent pathogène est virulent
- Biosécurité :** Désigne l'approche ou les principes utilisés pour parvenir à une situation sanitaire dans laquelle des mesures efficaces sont mises en œuvre pour prévenir et contrôler la propagation d'agents infectieux vers des animaux potentiellement exposés (peut être appliqué à tous les niveaux, depuis les politiques nationales jusqu'à la gestion d'une unité de production individuelle)  
Désigne ici plus spécifiquement les mesures qui doivent être prises pour minimiser le risque d'introduction du virus de la grippe aviaire hautement pathogène dans les unités de production individuelles (bioexclusion) et le risque de sa transmission à l'extérieur depuis un élevage contaminé (bioconfinement/biocontenance)
- Epizootie :** Ce terme s'applique aux flambées d'infections chez les animaux (maladie affectant brutalement un grand nombre d'animaux à la fois dans une région donnée). Il est équivalent au terme « épidémie », qui est habituellement réservé à l'homme.
- Fomites :** Surfaces, matières ou objets contaminés par un micro-organisme pathogène et susceptibles de contaminer d'autres objets, des animaux ou des personnes, jouant ainsi un rôle dans la propagation d'une maladie contagieuse
- Foyer :** Lieu géographique où se trouve l'origine d'une maladie, ou siège principal de ses manifestations
- Panzootie :** Maladie qui se propage sur de grandes distances, au travers de plusieurs continents, et qui affecte une partie importante de la population animale
- Pouvoir pathogène :** Caractéristique d'un agent pathogène qui lui permet de contaminer un hôte. Le pouvoir pathogène résulte de la virulence intrinsèque de l'agent pathogène et de son agressivité
- Vecteur :** Organisme animal responsable de la transmission d'un virus  
Le terme de vecteur doit être distingué de celui de réservoir, qui renvoie aux animaux infectés par un virus (sans pour autant déclarer la maladie) et constituant une source indirecte de contamination (via les déjections par exemple), permettant le maintien de sa circulation. Ce statut de réservoir de virus peut dans le cas de la grippe s'appliquer à certains oiseaux.
- Virulence :** La virulence est la composante qualitative du pouvoir pathogène qui permet à un agent pathogène d'attaquer ou non un hôte sensible reconnu et d'entraîner des signes pathogènes
- Volaille :** Oiseaux d'élevage (poules, dindes, pintades, canards, oies, cailles, pigeons, faisans, perdrix, etc.) élevés ou détenus en captivité en vue de leur reproduction, de la production de viande ou d'œufs de consommation, ou de la fourniture de gibier de repeuplement
- Zoonose :** Maladie ou infection qui se transmet naturellement des animaux vertébrés à l'homme et réciproquement (ex : rage, leishmaniose, grippe aviaire)

RQ : Certaines définitions sont extraites du « Glossaire d'épidémiologie animale » de l'Ecole Nationale Vétérinaire de Maisons-Alfort (Toma B. et al., 1991)

## ABRÉVIATIONS

ACP :	Analyse en composantes principales
AFC :	Analyse factorielle des correspondances
ARN :	Acide ribonucléique
CDC :	Center for Disease Control and Prevention
CIDRAP :	Center for Infectious Disease Research and Policy (USA)
CIRAD :	Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement
DLD :	Department of Livestock Development (Ministry of Agriculture and Cooperatives, Thailand)
EVAP :	Evaporative cooling system
FAO :	Food and Agriculture Organization (United Nations)
FP :	Faiblement pathogène
HP :	Hautement pathogène
HPAI :	Highly pathogenic avian influenza
IRD :	Institut de Recherche pour le Développement
ITAVI :	Institut Technique de l'Aviculture
IVPI :	Intravenous pathogenicity index
LDD :	Land Development Department (Ministry of Agriculture and Cooperatives, Thailand)
LPAI :	Low pathogenic avian influenza
MDT :	Mean death time
MOAC :	Ministry of Agriculture and Cooperatives (Thailand)
MOI :	Ministry of Interior (Thailand)
MONRE :	Ministry of Natural Resources and Environment (Thailand)
MOPH :	Ministry of Public Health (Thailand)
NESDB :	National Economic and Social Development Board (Thailand)
NIAH :	National Institute of Animal Health (Thailand)
NSO :	National Statistical Office (Thailand)
OIE :	Organisation Mondiale de la Santé Animale (ex Office International des Epizooties)
OMS :	Organisation Mondiale de la Santé (Nations Unies)
SIG :	Système d'Information Géographique
Tec :	Tonne équivalent carcasse
WHO :	World Health Organization (United Nations)

## INTRODUCTION

Partie d'Asie, l'épizootie actuelle de grippe aviaire, essentiellement causée par la souche H5N1, a connu une extension spectaculaire dans de nombreux pays depuis la fin de l'année 2003 (bien que l'épisode actuel voit son origine remonter au moins à 1996). La diffusion progressive du virus H5N1 depuis la Chine vers l'ensemble de l'Asie, l'Europe et l'Afrique constitue un événement panzootique sans précédent en matière d'influenza aviaire hautement pathogène (HP). Le nombre de foyers détectés ces 10 dernières années est considérable, en comparaison des 50 dernières années. L'impact de la grippe aviaire HP sur la filière avicole a été multiplié par 70 si l'on se rapporte au nombre de volailles affectées par an, avec de l'ordre de 23 millions d'oiseaux concernés entre 1959 et 1998 et plus de 200 millions de 1999 à 2004 (Capua I., Alexander D.J., 2004). Depuis fin 2003, plus de 60 pays ont déclaré des cas d'influenza aviaire à virus H5N1 chez des volailles d'élevage ou des oiseaux sauvages, dont environ 45 pays pour les seules volailles d'élevage.

Si des mesures de contrôle telles que l'abattage massif des volailles, la vaccination et le contrôle des mouvements commerciaux d'oiseaux ont permis de réduire l'incidence de la maladie et de ralentir sa diffusion, le virus semble se maintenir de manière endémique dans certains milieux et socio-écosystèmes, ce qui lui permet de réémerger à intervalles réguliers. Ainsi, malgré des tentatives de lutte concertée, plusieurs pays continuent d'enregistrer de nouveaux foyers au sein de la volaille en Asie (notamment en Indonésie, au Vietnam, au Bangladesh, au Myanmar et en Thaïlande) et en Afrique (notamment en Egypte).

Non seulement cet épisode panzootique a entraîné la perte de centaines de millions d'oiseaux infectés et/ou abattus, mais le potentiel zoonotique et la menace de la maladie ont suscité beaucoup d'inquiétudes en terme de santé publique. L'impact socio-économique de l'épizootie d'influenza aviaire à H5N1 sur la filière avicole dans son ensemble est considérable. Pour les pays grands exportateurs de volailles (tels que la Thaïlande), l'enjeu économique est considérable pour l'industrie avicole. La production à plus petite échelle paie également un lourd tribut alors que les moyens de subsistance de millions de personnes s'appuyant sur l'élevage de volailles comme sources de revenus et d'alimentation (en tant que complément alimentaire en protéines de qualité supérieure et bon marché) sont menacés. En terme de santé publique, les gripes peuvent avoir des conséquences dramatiques. L'apparition soudaine d'une souche virale ayant des caractéristiques antigéniques nouvelles (potentiel zoonotique, notamment dans le cas du H5N1) peut potentiellement affecter la santé de millions de personnes. Des exemples de ce risque ont marqué certaines périodes de l'histoire de l'humanité par leur ampleur et leur brutalité. L'exposition des humains au virus et la menace d'une adaptation du virus H5N1 à l'homme persistent tant que le virus circule chez les oiseaux et en particulier chez les volailles (nombre d'animaux infectés, promiscuité avec l'homme, etc.). L'exposition continue et répétée des humains au virus H5N1 au contact de volailles infectées augmente le risque d'infection inter-espèces des oiseaux à l'homme, mais aussi *in fine* le risque d'apparition de caractéristiques virales permettant une transmission interhumaine<sup>1</sup>. La grippe aviaire est donc avant tout un problème de santé animale. La meilleure chance de prévenir l'émergence d'une éventuelle pandémie réside dans le contrôle de la diffusion de l'infection à sa source, soit au sein des populations d'oiseaux d'élevage.

La communauté internationale a un intérêt direct à minimiser la propagation de cette maladie. L'exemple du syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS) montre comment une mobilisation internationale et la mise en oeuvre de moyens de lutte et de prévention adaptés peuvent permettre de répondre efficacement à une épidémie soudaine. La prévention de toute future

---

<sup>1</sup> L'épidémiologie de la maladie connaît, depuis la vague panzootique à H5N1, de grandes modifications, facilitées par l'ampleur du phénomène et le nombre d'oiseaux infectés (dus en partie aux retards de déclaration enregistrés en début d'épizootie et aux difficultés rencontrées par certains pays pour contrôler la maladie, ainsi qu'à la croissance continue qu'a connue la filière avicole ces dernières années)

diffusion de l'influenza aviaire HP à des pays indemnes ainsi que le contrôle de l'épizootie dans les régions touchées, en particulier là où une forme d'endémie semble s'être installée dans certains secteurs avicoles<sup>2</sup>, représentent aujourd'hui une priorité et même un défi de taille pour la communauté scientifique, les différents états et les institutions supranationales intervenant dans le secteur de la santé.

L'étude de la propagation et de la maintenance du virus requièrent donc des moyens de recherche renforcés permettant de contrôler la maladie dans les pays touchés (amélioration des stratégies de détection et de lutte contre la maladie) et de poursuivre une surveillance globale à l'échelle internationale. Le virus doit avant tout être correctement appréhendé dans les pays infectés afin d'y diminuer les niveaux d'endémisme et donc les risques de réémergence, et *in fine* de limiter sa propagation vers d'autres territoires indemnes de la maladie. Peu de pays ont conduit des recherches épidémiologiques détaillées, et encore moins géographiques, sur les modes de diffusion et surtout d'émergence du virus. En particulier, l'état des connaissances concernant ses voies d'introduction dans de nouveaux milieux, ainsi que ses modalités de diffusion via des organismes réservoirs ou via des vecteurs physiques, ou encore ses liens avec l'environnement, reste limité. Le rôle respectif des différentes composantes du système épidémiologique complexe de transmission de la maladie et du cycle d'infection doit être précisé. Les élevages sains peuvent être menacés d'une introduction du virus par une exposition des volailles aux oiseaux sauvages, en particulier les oiseaux aquatiques. Des volailles infectées, des produits de volaille ou des fomites contaminés peuvent également constituer une source d'introduction majeure du virus. La compréhension du rôle respectif des facteurs environnementaux, de la faune sauvage et à l'inverse des facteurs humains et de la faune domestique (et plus spécifiquement de certaines espèces ou pratiques d'élevage) dans l'apparition et l'entretien de la maladie, constitue un objectif de recherche prioritaire. Car tandis que d'un côté, la filière avicole est suspectée de participer activement à la diffusion du virus H5N1 à l'échelle mondiale, l'attention portée au rôle potentiel joué par les oiseaux sauvages (migrateurs mais aussi sédentaires) ne cesse de croître<sup>3</sup>. Et le degré d'influence respectif de ces différents facteurs de risque reste sujet à controverse.

La présente étude s'inscrit dans cette réflexion et cherche à caractériser le processus d'émergence du virus H5N1 au regard de différents facteurs environnementaux et humains et au travers d'une approche spatio-temporelle. Pour ce faire, une analyse spatiale est menée sur les cas d'infection au H5N1 enregistrés au sein des élevages de volailles de Thaïlande (données publiées dans le cadre du programme de dépistage et de surveillance mis en place dans le pays), depuis le début de la seconde vague épizootique (juillet 2004 - février 2008), au moyen d'un système d'information géographique (SIG), comprenant également des données environnementales issues de la télédétection (occupation du sol) et des données relatives à la filière avicole. Les processus d'émergence et de diffusion sont analysés comparativement, ce qui permet d'estimer l'influence respective de différents facteurs de risque potentiels dans l'introduction de la maladie, en éliminant les effets de dépendance entre événements statistiques liés à la diffusion.

La Thaïlande est un terrain de recherche particulièrement intéressant du fait que le pays a connu plusieurs flambées épizootiques de grande ampleur, qu'il a su développer une stratégie permettant de mener un suivi régulier de la maladie et de réduire sensiblement son incidence, et qu'il se trouve malgré tout toujours confronté à des réémergences périodiques de cas sporadiques, signifiant que le virus circule toujours dans le pays et qu'une certaine forme d'endémisme a probablement été atteinte. De plus, au vu des enjeux économiques et sanitaires,

---

<sup>2</sup> Le virus H5N1 a acquis un niveau d'endémicité dans certains pays asiatiques et ne peut à présent être aisément éradiqué. Ceci suggère que des mesures de contrôle et de surveillance sur le long terme et adaptées doivent être mises en place.

<sup>3</sup> Les connaissances sur le rôle potentiel des oiseaux sauvages (en provenance d'études écologiques et ornithologiques notamment) restent limitées, notamment en raison des faibles taux d'incidence rencontrés chez les populations sauvages, des difficultés inhérentes à la capture d'oiseaux, de biais méthodologiques multiples, ou encore du manque de précision (en matière d'identification des espèces en particulier) des informations relevées sur le terrain puis adressées à la communauté scientifique.

le contrôle de l'influenza aviaire HP à H5N1 reste une priorité dans ce pays. La Thaïlande a fait de la lutte contre la grippe aviaire une priorité nationale dès le début de la déclaration officielle de l'épizootie, et a mis en place des actions à différents niveaux, de l'échelon gouvernemental à celui de l'unité de production avicole. Les services vétérinaires nationaux et locaux ont été sollicités et le contrôle de la maladie animale a été conçu comme une action primordiale pour lutter contre la maladie humaine. Un système perfectionné de surveillance et de contrôle de la filière avicole a ainsi été mis en place. Le gouvernement a notamment fait appel à des mesures drastiques (abattage massif de plus de 65 millions de volailles) qui ont contribué au déclin rapide de la progression du virus. Néanmoins, les mesures de contrôle adoptées, bien qu'ayant permis une gestion efficace de la maladie, s'appuient sur une connaissance encore très lacunaire de celle-ci (les limites des zones de protection relatives aux mesures de contrôle des mouvements de volailles et d'échantillonnage ont par exemple été établies sans que le schéma de diffusion spatio-temporelle de la maladie à partir d'un point d'émergence ne soit bien compris). La Thaïlande apparaît ainsi comme un terrain approprié pour mener une recherche sur cette problématique et fournir des éléments de réponse à ces questions pratiques.

Ce stage, mené au sein de l'unité de recherche « Conditions et territoires d'émergence des maladies » de l'IRD (Institut de Recherche pour le Développement) et du « Center of Excellence for Vectors and Vector-Borne Diseases » de l'Université Mahidol à Bangkok, a pour objectif global d'étudier les relations existant entre les lieux d'émergence de l'influenza aviaire HP à H5N1 chez les volailles d'élevage en Thaïlande et les conditions environnementales au sens large. Celui-ci se décline en plusieurs objectifs spécifiques, qui structurent par ailleurs le présent rapport : faire un état des lieux approfondi des connaissances actuelles sur le virus, l'épidémiologie de la maladie et son contexte thaïlandais (recherche en particulier axée sur les sources potentielles d'introduction virale et sur la controverse oiseaux sauvages/ échanges commerciaux) ; compléter le travail effectué par l'équipe de recherche de l'IRD, relatif à la discrimination et à l'identification des sites d'émergence de la maladie au sein des unités de production de volailles du pays ; mener une analyse statistique des associations existant entre émergence et divers facteurs environnementaux. La première partie de ce mémoire, issue d'une revue de la littérature sur le sujet, présente ainsi de manière relativement approfondie le contexte de notre étude et fournit les éléments de connaissance nécessaires à l'analyse qui suit. La deuxième partie s'attache à poser la problématique de recherche, expose la méthodologie employée et détaille en particulier les différentes étapes de notre approche géographique du processus émergentiel de la maladie. Enfin, en dernière partie, les principaux résultats statistiques issus de ces phases d'analyse successives sont présentés et commentés de manière synthétique.

**PARTIE 1 :**  
**CONTEXTE DE L'ÉTUDE : CLES DE COMPRÉHENSION POUR UNE**  
**APPROCHE GÉOGRAPHIQUE DE L'INFLUENZA AVIAIRE EN**  
**THAÏLANDE**

## **Chapitre 1 Biologie et épidémiologie des virus influenza aviaire et de la forme H5N1 : des certitudes remises en question**

### **1.1 Présentation générale de l'influenza aviaire et de sa forme émergente H5N1**

L'influenza aviaire, aussi appelée grippe aviaire, est une infection virale qui touche principalement les oiseaux : oiseaux d'élevage (poulets, dindons, cailles, pintades, etc.) ainsi que oiseaux d'ornement et oiseaux sauvages. Chez les oiseaux domestiques, elle peut aller de la forme inapparente ou peu grave (on parle alors d'influenza aviaire faiblement pathogène ou FP) jusqu'à des formes extrêmement graves entraînant un taux de mortalité élevé (influenza aviaire hautement pathogène HP également désignée en médecine vétérinaire par le terme de peste aviaire). La survenue d'infections à virus FP chez les volailles a une faible incidence économique et est sans conséquence au plan réglementaire, sauf dans le cas de virus de sous-type H5 ou H7<sup>4</sup> (cf. § 1.2). En revanche, les conséquences économiques directes et indirectes et réglementaires de l'influenza aviaire HP sont très lourdes pour les pays touchés. Les formes HP (et, comme évoqué précédemment, les formes FP de sous-type H5 ou H7) sont inscrites sur la liste des maladies réglementées au plan international, et sont par conséquent à déclaration obligatoire auprès de l'OIE (Organisation mondiale de la santé animale).

Il semble que la première épizootie de peste aviaire ait été décrite en 1878 en Italie, sous le nom de « typhoïde enzootique » des gallinacés. Il a ensuite été démontré en 1902 que l'agent causal de cette maladie était un virus. En 1903, l'appellation « peste des poules » fut rapidement utilisée, remplacée ensuite par « peste aviaire » en 1929, dans la mesure où d'autres espèces d'oiseaux étaient atteintes. Mais ce n'est qu'en 1955 qu'a été démontré le lien entre cette maladie et le virus influenza A qui touchait déjà des mammifères et avait été isolé pour la première fois dans les années 30 (les trois types de virus A, B, et C sont connus depuis cette période). C'est pourquoi seules les épizooties de peste aviaire notifiées depuis 1955 sont considérées comme certaines. La première épizootie de peste aviaire H5N1 a été recensée en 1959 en Ecosse. Une autre épizootie à H5N1 a sévit en Angleterre en 1991, suivi de l'épizootie de Hong-Kong en 1996-1997, et enfin de la panzootie ayant initialement affecté l'Asie de l'Est et qui sévit toujours.

A priori, il n'y a pas de raison d'inclure la grippe aviaire dans le groupe des maladies virales émergentes. Avec ses manifestations épidémiques ponctuelles, son incidence et ses impacts, elle représente un risque de santé animale bien connu depuis longtemps. En revanche, la forme de grippe aviaire étudiée ici, caractérisée par son statut panzootique, peut être considérée comme émergente<sup>5</sup>. Elle est associée à un nouveau virus, présentant un profil de pathogénicité modifié et pouvant apparaître suivant des modalités nouvelles.

### **1.2 Structure du virus : un potentiel évolutif important**

Pour comprendre le nom de code H5N1 attribué au virus qui circule actuellement en Asie, et pour appréhender les potentialités évolutives de ces virus, il convient de revenir rapidement sur leur structure.

---

<sup>4</sup> Les infections liées aux virus identifiés comme H7 ou H5 font désormais l'objet d'une réglementation spécifique au plan international et d'une surveillance systématique, car elles ont été jusqu'à présent à l'origine de tous les épisodes d'influenza aviaire HP dans le monde (plus d'une vingtaine) depuis que l'on a su diagnostiquer la maladie dans les années 50.

<sup>5</sup> Se reporter au § 3.2 pour une présentation du concept de maladie émergente

Les virus de l'influenza aviaire sont constitués d'une dizaine de protéines et d'un génome segmenté à 8 brins d'acide ribonucléique (ARN simple brin). Classés dans la famille des *Orthomyxoviridae*, dans le genre *Influenza*, tous les virus de la grippe aviaire ont en commun des antigènes internes de type A. Les protéines virales internes définissent en effet le type antigénique : A, B ou C (seul le type A peut infecter les oiseaux, les types B et C appartenant aux virus habituels de la grippe humaine). Les protéines virales d'enveloppe, hémagglutinine (H ou HA) et neuramidiase (N ou NA), définissent les sous-types. L'hémagglutinine est la protéine de surface la plus représentée. Elle joue un rôle déterminant dans l'évolution des virus de la grippe. Elle permet au virus de se fixer à la surface des cellules qu'il infecte, suite à sa liaison à des récepteurs cellulaires spécifiques. Cette protéine est la cible principale du système immunitaire et est utilisée dans les vaccins antigrippaux. La neuraminidase est moins représentée à la surface de l'enveloppe virale. Elle possède une activité enzymatique essentielle à la diffusion des virus dans l'organisme infecté. C'est la cible des médicaments antiviraux actuels. En fonction de leur spécificité, on désigne ces protéines par une lettre (H et N) et un chiffre. On peut ainsi déterminer la formule antigénique du virus, exprimée par deux lettres et deux chiffres. A ce jour, 16 sous-types d'hémagglutinines (H1 à H16) et 9 sous-types de neuraminidases (N1 à N9) ont été identifiés pour les virus grippaux de type A au sein des différentes espèces concernées. On connaît actuellement 23 associations H-N (dont 15 rencontrées chez les oiseaux) sur les 135 potentielles. Le virus de la grippe aviaire actuellement responsable de la principale épizootie en Asie et qui fait l'objet de cette étude répond à la formule H5N1.

**Figure 1 : Représentation schématique de la structure d'un virus influenza et micrographies obtenues par microscope électronique à transmission**

Sources : Whitworth D. et al., 2007 (FAO, Friedrich-Loeffler Institut) ; CDC

Les virus à ARN possèdent un potentiel évolutif très important car l'enzyme qui permet de copier le génome lors de la multiplication du virus est peu fidèle (erreurs de réplication fréquentes). A chaque cycle de multiplication, des mutations vont apparaître, favorisant ainsi l'évolution rapide du virus. Le matériel génétique des virus de l'influenza aviaire, constitué d'un ARN segmenté en 8 brins, augmente les possibilités de réassortiments par échange de gènes. Ceci explique la grande plasticité des virus de l'influenza aviaire et leur propension à acquérir de

nouvelles propriétés (pouvoir pathogène, infection d'un nouvel hôte et acquisition de nouvelles capacités d'adaptation virale, capacité à se répliquer dans tel ou tel organe, etc.). Le virus H5N1 de génotype Z circulant actuellement en Asie a par exemple subi une évolution permanente par réassortiment avec d'autres souches virales<sup>6</sup> et par mutations au sein des volailles terrestres et aquatiques, en particulier avant l'épisode panzootique ayant débuté fin 2003-début 2004 (Martin V. et al., 2006).

De faibles recombinaisons entre des virus de lignées différentes et des mutations peuvent ainsi créer de nouvelles souches potentiellement très pathogènes. Le pouvoir pathogène observé est la résultante de l'agressivité intrinsèque des virus, fortement corrélée chez les oiseaux aux propriétés de l'hémagglutinine virale<sup>7</sup>, et de la sensibilité de l'hôte. L'hypothèse actuelle sur l'origine des virus HPAI (highly pathogenic avian influenza) est qu'un virus hautement pathogène apparaît par une mutation d'un virus LPAI (low pathogenic avian influenza) déjà introduit dans la volaille domestique. Une souche LPAI transmise depuis les oiseaux sauvages vers la volaille d'élevage gagnerait au sein de cette dernière en pathogénicité à travers une série de cycles d'infection. On pense que le risque de mutation vers des formes HP est d'autant plus grand que la circulation des formes FP dans la volaille est intense. De nombreuses souches de virus influenza aviaire (dont le sous-type H5) passent ainsi complètement inaperçues en élevage. Mais sous certaines conditions, certains virus de sous-type H5 ou H7 (ou H10 à un moindre degré), faiblement pathogènes dans un premier temps, mutent pour devenir en quelques mois hautement pathogènes, pouvant entraîner jusqu'à 100% de mortalité. Ces sous-types, ainsi que le sous-type H9, ont par ailleurs montré un potentiel infectieux chez les humains.

À des fins d'échanges internationaux, les virus influenza aviaire sont classés par pathotype<sup>8</sup> sur le plan réglementaire (« Code sanitaire pour les animaux terrestres », article 2.7.12.1. relatif à l'influenza aviaire ; OIE, 2007) :

- L'influenza aviaire sous sa forme dite « à déclaration obligatoire » est définie comme une infection des volailles causée par tout virus influenza de type A appartenant aux sous-types H5 et H7 ou par tout virus influenza d'origine aviaire dont l'indice de pathogénicité par voie intraveineuse (IVPI ou « intravenous pathogenicity index ») est supérieur à 1,2 (ou bien qui entraîne une mortalité de 75% lors d'un test de létalité par voie intraveineuse).
- Les virus dits à déclaration obligatoire et hautement pathogènes sont caractérisés par un indice de pathogénicité par voie intraveineuse supérieur à 1,2 chez des poulets âgés de 6 semaines, ou bien entraînent une mortalité d'au moins 75 % chez des poulets âgés de 4 à 8 semaines infectés par voie intraveineuse. Les virus de sous-types H5 et H7 ne remplissant pas ces critères peuvent tout de même être qualifiés de hautement pathogènes dans le cas où, par séquençage, des acides aminés basiques répétés de séquence similaire à celles mises en évidence sur d'autres formes HP seraient observés au niveau du site de clivage de l'hémagglutinine.  
Les pays qui identifient des foyers d'influenza aviaire HP répondant à ces définitions sur leur territoire doivent les déclarer à l'OIE dans un délai de 24 heures.
- Les formes à déclaration obligatoire faiblement pathogènes comprennent tous les autres virus influenza de type A et de sous-type H5 ou H7.

Il existe par ailleurs une nomenclature officielle permettant de qualifier chaque influenza virus aviaire. Celle-ci fournit, pour chaque isolat, les renseignements suivants : type / espèce d'origine

<sup>6</sup> Notamment, mise en évidence de modifications génétiques du virus fin 2000 avec l'incorporation de nouveaux gènes en provenance d'autres virus influenza aviaire présents dans la faune aquatique, engendrant de nouvelles capacités de transmission inter-espèces (Martin V. et al., 2006)

<sup>7</sup> Le caractère pathogène des souches est lié à la capacité de l'hémagglutinine de se cliver en deux sous-unités fonctionnelles nécessaires à la pénétration du virus dans la cellule. Cette catalyse est facilitée chez les souches HP par la présence d'acides aminés basiques répétés au niveau du site de clivage, rendant celui-ci plus accessible aux enzymes concernées.

<sup>8</sup> Le pathotype est déterminé par une caractéristique biologique et expérimentale de la pathogénicité du virus chez les poulets. Sa définition a ensuite été élargie pour inclure le codage des séquences génétiques pour les acides aminés de base dans le site de clivage de la protéine H (qui, nous l'avons mentionné, peuvent influencer le pouvoir pathogène du virus).

(si différent de l'homme) / origine géographique / n° d'identification de l'isolat / année d'isolation [sous-type et virulence]. Par exemple, pour le premier cas recensé au cours de la panzootie actuelle d'influenza aviaire à H5N1, l'appellation est la suivante : A/Goose/Guangdong/1/1996 [H5N1 HP].

### 1.3 Survie du virus dans l'environnement

Les virus de l'influenza aviaire sont inactivés par la chaleur (3 heures à 56°C ou 30 minutes à 60°C) et sensibles à la dessiccation, aux pH extrêmes, et à la salinité du milieu. Ils ne résistent pas aux détergents et solvants organiques, aux aldéhydes, composés phénoliques et ammoniums quaternaires, ainsi qu'aux désinfectants usuels.

La survie des virus influenza aviaire est prolongée par une humidité relativement faible et une faible température dans les aérosols, alors que des niveaux élevés d'humidité, une température basse et la présence de matière organique prolongent sa persistance dans le sol ou les matières fécales (plus de trois mois dans les litières humides et froides, plus de 100 jours dans le lisier en hiver ; ITAVI, 2007). La plupart des études portant sur la persistance virale environnementale, ont été effectuées il y a de nombreuses années et sous des climats tempérés ou nordiques. On peut toutefois mentionner les résultats suivants :

- Le virus de la grippe aviaire peut survivre dans les matières fécales (où il peut être présent à des concentrations de l'ordre de 10<sup>7</sup> particules/g) pendant au moins 35 jours à 4°C, et 7 jours à 20°C. Le virus de la grippe aviaire peut survivre dans l'environnement du poulailler jusqu'à 5 semaines (Webster et al. 1978).
- Il peut être isolé des eaux de lac où des oiseaux aquatiques sont présents (Hinshaw et al 1979). Il peut y rester infectieux jusqu'à 4 jours à 22°C et plus de 30 jours à 0°C (Webster et al. 1978). A des concentrations importantes, le risque de contamination peut cependant se prolonger jusqu'à 207 jours à 17°C et 102 jours à 28°C (Stallknecht et al., 1990). L'acidification de l'eau potable potentiellement contaminée à un pH de 2,5 ou sa javellisation minimiseraient la propagation de l'infection.

L'infection et la transmission peuvent ainsi être favorisées par la persistance du virus dans l'eau (contamination par voie orale ou fécale), et le risque de propagation du virus par les produits d'élevage et les fomites<sup>9</sup> ne doit pas être négligé. Tous les matériaux et produits d'élevage souillés notamment par les fientes<sup>10</sup> et les sécrétions respiratoires d'oiseaux infectés présentent un risque en terme de diffusion. Le virus peut notamment facilement contaminer la surface des coquilles d'œufs (le virus a également été détecté à l'intérieur d'œufs provenant de poules infectées ; Capucci D.T. et al., 1985). En cas d'absence de tri et de désinfection des œufs, ceux-ci peuvent donc constituer une source de contamination. Une étude récente a également montré que le virus peut se répliquer dans des cellules épidermiques situées au niveau des plumes, ce qui laisse penser que ce sous-produit d'élevage pourrait constituer une source de contamination (Yamamoto 2008).

### 1.4 Hôtes et réservoirs du virus : les origines du risque de transmission

#### 1.4.1 Espèces sensibles

Pour pénétrer à l'intérieur des cellules qu'il infecte, le virus doit se fixer sur un récepteur cellulaire spécifique, ce qui sélectionne les cellules sensibles à l'infection et les espèces

---

<sup>9</sup> Pour une définition de ce terme, se reporter au glossaire en début de rapport

<sup>10</sup> Le transfert mécanique par les fèces jouerait un rôle prépondérant étant donné les concentrations élevées de virus et les durées de vie du virus qui y sont observées

susceptibles d'être infectées. Ainsi, il existe une spécificité d'hôte des virus de l'influenza aviaire, ceux-ci ayant beaucoup plus d'affinités pour les cellules aviaires.

C'est en 1961 qu'un virus influenza aviaire fut isolé pour la première fois chez des oiseaux sauvages (*Sterna hirundo*) en Afrique du Sud. Cependant, ce n'est qu'au milieu des années 70 que des études d'épidémiologie-surveillance systématiques furent mises en place au niveau des populations d'oiseaux sauvages. Ces dernières ont mis en évidence la grande variété de virus influenza aviaire pouvant exister en conditions naturelles (Alexander D.J., 2006). Ces virus ont été isolés à partir de plus de 90 espèces d'oiseaux. Il a été montré qu'ils peuvent infecter un grand nombre d'espèces d'oiseaux différentes, comprenant des oiseaux sauvages<sup>11</sup> (les principales familles étant représentées, 105 espèces concernées, couvrant 26 familles, chiffres sans doute largement sous-estimés car dépendants des résultats de l'épidémiologie-surveillance), des oiseaux gardés en captivité, et des volailles telles que poulets, canards, dindes, pintades, faisans, ou encore autruches (cf. liste d'espèces d'oiseaux domestiques et sauvages chez qui le virus H5N1 a été détecté, en annexe 1). Le virus a également été détecté chez des moineaux dans la province du Henan en Chine, en 2005 (Kou Z. et al., 2005). Les pigeons, considérés jusqu'à la survenue de la panzootie à virus H5N1 comme résistants, peuvent être sensibles en conditions naturelles.

Les oiseaux sauvages capturés sur tous les continents sont susceptibles d'être porteurs d'influenzavirus de type A non ou peu pathogènes et ils sont infectés de façon enzootique par des formes FP<sup>12</sup>. Plus particulièrement, il est aujourd'hui admis que les oiseaux sauvages aquatiques jouent un rôle important dans l'épidémiologie des virus influenza. Ceux appartenant aux ordres des ansériformes<sup>13</sup> (canards, oies, cygnes) et des charadriiformes (bécasseaux, limicoles, sternes, goélands, mouettes), de même que les passériformes (passereaux), représentent le principal réservoir naturel de ces virus, même si leur écologie chez les populations d'oiseaux sauvages en conditions naturelles reste largement sous-étudiée (Bonn D., 2006). Le maintien de la circulation des virus de la grippe aviaire résulterait ainsi de l'infection permanente d'oiseaux aquatiques sauvages, certaines espèces migratrices pouvant parallèlement intervenir dans leur dissémination (question néanmoins sujette à controverse pour les formes HP, cf. § 1.5).

Des cas d'infection naturelle chez plusieurs espèces de mammifères ont également été rapportés. En Thaïlande, fin 2003, la transmission du virus H5N1 à des félinidés non domestiques a été constatée après la mort de deux tigres et de deux léopards dans un parc zoologique de la province de Supanburi (région Centre). Cet événement a créé la surprise car les félinidés n'étaient pas considérés comme hôtes des virus influenza A. Une autre infection chez des félinidés ainsi que la possibilité d'une transmission horizontale du virus H5N1 en conditions naturelles ont par ailleurs été observées en octobre 2004 sur plusieurs tigres du zoo de Sriracha dans la province de Chonburi, à l'Est du pays (47 tigres tués suite à l'infection et 102 autres tigres euthanasiés en vue de limiter la diffusion du virus). Certains tigres ont vraisemblablement été contaminés par l'ingestion de carcasses de poulets infectés et ont ensuite contaminés d'autres congénères (Thanawongnuwech R. et al., 2005). Des infections mortelles chez des chiens et chats domestiques ont également été constatées en Thaïlande (Butler D., 2006 ; Songserm T. et al., 2006a ; Songserm T. et al., 2006b). Le potentiel de transmission du virus à de nouvelles espèces (via la consommation de viande infectée et horizontalement) a été confirmé expérimentalement sur des chats (Kuiken T. et al., 2004 ; Rimmelzwaan G. et al., 2006). Le virus H5N1 a également été identifié chez le porc<sup>14</sup> à plusieurs reprises (Cyranoski 2004 ; Cyranoski 2005 ; CIDRAP, 2008), en Chine (2001, 2003) et en Indonésie (2005, 2006).

<sup>11</sup> Jusqu'à la panzootie actuelle, le virus H5N1 avait rarement été isolé chez des oiseaux sauvages. Voir à ce sujet l'étude menée par Feare C.J. (2007) sur l'inventaire des cas d'infection au virus H5N1 chez des oiseaux sauvages (sédentaires et migrants) depuis 2002 et la description des foyers selon leur localisation géographique, leur étendue et le type d'oiseaux infectés.

<sup>12</sup> Jusqu'au début des années 2000, les virus influenza aviaire HP avaient rarement été isolés chez des oiseaux sauvages. Les taux d'isolation des formes FP sont en revanche très importants avec de l'ordre de 11% des canards et oies sauvages identifiés comme porteurs sains, et 2% chez les autres espèces (Alexander D.J., 2006).

<sup>13</sup> Famille des *Anatidae*, qui constitue la plus importante famille de l'ordre des Ansériformes et qui comprend les oies, les cygnes, les canards et espèces apparentées

<sup>14</sup> Le porc était déjà connu pour jouer un rôle important dans l'épidémiologie de nombre d'autres virus influenza

Enfin, jusqu'à une époque très récente, on considérait que les virus infectant les oiseaux ne pouvaient pas infecter l'homme (récepteurs cellulaires différents, rareté des infections humaines durant les différentes épizooties de grippe aviaire). Cet état de fait a pris fin en 1997 au cours d'un épisode marquant de grippe aviaire à Hong Kong (transmission du virus à l'homme au cours d'une épidémie provoquant le décès de plusieurs personnes). On recense à présent 241 cas mortels dans le monde, dont 17 en Thaïlande, sur 383 infections, dont 25 en Thaïlande (selon la source officielle OMS, au 28/05/2008).

#### 1.4.2 Signes cliniques des formes HP, variabilité du pouvoir pathogène et de la sensibilité des hôtes à l'infection

Chez les oiseaux domestiques, notamment les galliformes, le premier signe d'alerte d'une infection HP est le taux de mortalité culminant et excessif (pouvant avoisiner les 100% dans les 48 heures, parfois même en moins d'un jour), avec des morts subites sans symptômes préalables. Lorsque la maladie est moins fulgurante, des symptômes apparaissent entre 3 et 7 jours. Les manifestations cliniques suivantes sont observées, en totalité ou en partie : signes nerveux, prostration et apathie extrême, chute soudaine de la production d'oeufs et ponte de nombreux oeufs à coquille molle ou sans coquille, diminution très nette de la consommation, caroncules et crêtes enflées et congestionnées, gonflement de la peau sous les yeux, hémorragies au niveau des jarrets, toux, éternuements, diarrhée. La mort survient en général une à trois heures après l'apparition des premiers signes cliniques (Martin V. et al., 2006, d'après les travaux non publiés de Sturm-Ramirez K.M. et al.). Les troubles respiratoires sont moins spécifiques qu'avec l'influenza aviaire FP. Les virus HP sont pantropes : ils se répandent dans toutes les parties de l'organisme et causent une virémie avec des lésions de type septicémique au niveau des tissus. L'insertion d'acides aminés basiques dans le site de clivage de l'hémagglutinine transforme le virus en lui permettant d'infecter de nombreux organes et de diffuser dans l'organisme, ce qui aboutit à une infection généralisée modifiant l'aspect clinique de la maladie. Selon l'espèce, l'âge des animaux et le type de virus en cause, le taux de mortalité peut varier de 50 à 100%, les jeunes étant les plus sensibles<sup>15</sup>. Le virus H5N1 ayant émergé en Asie est unique dans sa capacité à engendrer une infection sévère et la mort chez une grande variété d'espèces, son pouvoir pathogène variant parallèlement fortement selon l'espèce infectée et les souches virales considérées (cf. infra).

**Figure 2 : Carcasse d'oie à tête barrée (*Anser indicus*) retrouvée en Mongolie en août 2005 lors d'une flambée épizootique d'influenza aviaire à H5N1**

Source : Whitworth D. et al., 2007 (FAO)

<sup>15</sup> Expérimentalement, tous les virus H5N1 isolés en Asie produisent 100% de mortalité chez les poulets (inoculation par voie naturelle), avec des MDT (mean death times) variant de 1,5 à 5,5 jours. Chez les canards d'élevage, cette virulence de même que les lésions cliniques (troubles respiratoires plus ou moins marqués ou lésions sans signes cliniques par exemple) sont plus contrastées, avec des taux de mortalité variant de 0 à 100% (Swayne D.E., Pantin-Jackwood M., 2006). Depuis 2002, le virus s'est montré particulièrement virulent (avec des taux de mortalité importants) lors de quelques unes des principales flambées épizootiques enregistrées et lors de la plupart des flambées moins importantes (Feare C.J., 2007).

A la variabilité des symptômes s'ajoute la difficulté de différencier la peste aviaire d'autres infections. Les maladies suivantes doivent être prises en considération dans le diagnostic différentiel de la grippe aviaire virulente : laryngotrachéites infectieuses, infections sévères à *Escherichia coli*, choléra aviaire aigu (*Pasteurella multocida*) et autres maladies septicémiques, entérites virales et sinusites bactériennes (chez les canards), empoisonnements aigus, et surtout maladie de Newcastle<sup>16</sup>. Décrite en Europe (à Newcastle en Angleterre) en 1926, cette dernière connaît des symptômes et profils épidémiologiques très proches, touche les mêmes espèces animales (les oies et les canards en sont moins atteints) et est particulièrement répandue dans les élevages avicoles (notamment en Thaïlande). Le terme de pseudo-peste aviaire lui est d'ailleurs réservé par les vétérinaires. La maladie de Newcastle a toujours été considérée comme une zoonose mineure, à l'origine de conjonctivites chez l'homme.

Toutes les espèces de volailles et d'oiseaux sauvages sont sensibles à des degrés divers à l'infection. Les manifestations cliniques de la maladie dépendent ainsi de l'espèce (large spectre d'hôtes, cf. § 1.4.1), mais aussi de l'âge, du statut immunitaire et sanitaire des oiseaux, de la quantité et des caractéristiques du virus (FP/HP, sous-type, souche virale). Les volailles<sup>17</sup>, et plus particulièrement les poulets, les cailles, les dindes et les jeunes individus, présentent habituellement la plus grande sensibilité clinique, tandis que, jusqu'à récemment, on pensait que les canards et les oiseaux sauvages étaient presque toujours infectés de manière inapparente.

En effet, historiquement, les oiseaux aquatiques et en particulier les canards sont connus pour être résistants aux formes HP des virus influenza aviaire. Jusqu'à la fin des années 90, la grande majorité des observations montraient que les virus isolés d'oiseaux sauvages (ou d'oiseaux aquatiques d'élevage) étaient faiblement pathogènes et sans effets cliniques (ou parfois troubles respiratoires mineurs), sauf lorsque ces oiseaux avaient pu être victimes d'une épizootie provenant de volailles d'élevage (Martin V. et al., 2006). Depuis, il a été constaté que plusieurs espèces aquatiques ou terrestres sauvages pouvaient être infectées par le virus H5N1 HP d'origine asiatique et présenter des signes cliniques. Ceci a fait l'objet d'observations cliniques et de tests en laboratoire en Asie (Chine et Hong Kong<sup>18</sup> en particulier) et dans certaines parties d'Europe (notamment des signes en Pologne, Grèce, et Géorgie, et des canards en Suède, au Danemark et en Allemagne), même si l'infection par le virus H5N1 pourrait dans certains cas avoir été contractée par contact avec des oiseaux domestiques. La forme HP circulant actuellement semble ainsi avoir évolué d'une forme non ou faiblement pathogène (infection respiratoire modérée chez les canards) vers une forme plus virulente occasionnant des signes cliniques marqués et des taux de mortalité parfois très élevés chez des espèces habituellement considérées comme peu sensibles.

Chez les canards en particulier, la pathobiologie du virus H5N1 semble avoir changé courant 2001 alors qu'ont été enregistrées de grandes variations de signes cliniques et de létalité. L'observation de la sensibilité des canards sauvages et domestiques au virus H5N1 à Hong-Kong fin 2002 a remis en cause certaines certitudes (les pathologies associées à l'infection ont connu une ampleur particulière avec des souches isolées à cette occasion, tandis que d'autres souches isolées en 2003 et 2004 et inoculées expérimentalement à des canards sauvages se sont révélées létales). Chez les canards d'élevage, il a également été montré expérimentalement (notamment à partir d'une souche virale H5N1 isolée en Thaïlande) que l'infection pouvait aller de formes asymptomatiques ou bénignes avec des infections

<sup>16</sup> Due à un virus parainfluenza

<sup>17</sup> Les virus isolés chez des volailles en Asie du Sud-Est depuis fin 2002 ont montré une grande variabilité génétique et pathogène, certaines infections produisant des effets très modérés tandis que d'autres peuvent entraîner des affections neurologiques sévères ainsi que la mort (Sturm-Ramirez K.M. et al., 2004 ; Sturm-Ramirez K.M. et al., 2005). L'apparition de souches plus virulentes avec des MDT plus courts chez les poulets a notamment pu être constatée par Swayne D.E. et Pantin-Jackwood M. (2006).

<sup>18</sup> Mortalité due au virus H5N1 constatée pour la première fois sur des oiseaux sauvages en Asie : fin 2002 – début 2003, les foyers infectieux identifiés dans deux parcs de Hong Kong (Kowloon Park et Penfold Park) entraînent la mort de plusieurs oiseaux sauvages de différentes espèces comprenant des espèces aquatiques (Martin V. et al., 2006). Il a été démontré expérimentalement que ce virus engendrait systématiquement des lésions importantes (généralisées à tout l'organisme et affectant également le système nerveux central) chez les canards (Pantin-Jackwood M.J., Swayne D.E., 2007).

respiratoires minimales à des formes affectant plusieurs organes et notamment le cerveau<sup>19</sup>, voire des infections et lésions généralisées à tout l'organisme (Swayne D.E., Pantin-Jackwood M., 2006 ; Chen H. et al., 2004 ; Hulse-Post D.J. et al., 2005 ; Songserm T. et al., 2006). Les tests expérimentaux du pouvoir pathogène du virus H5N1 menés par ces chercheurs ont permis de différencier 3 groupes de virulence : virus tuant l'ensemble des canards infectés avec signes neurologiques, virus tuant un certain pourcentage de canards infectés sans signes neurologiques, et virus se multipliant sans causer de signes cliniques.

Depuis 2003, on observe cependant une réversibilité du pouvoir pathogène du virus H5N1 HP chez les canards asiatiques. Il semble que le virus puisse redevenir un virus de faible virulence pour cette espèce, tout en restant hautement pathogène pour les autres volailles. Selon certaines études de terrain menées notamment en Thaïlande, le canard, par son potentiel asymptomatique, pourrait favoriser le maintien de l'infection dans les élevages (Chen H. et al., 2004 ; Songserm T. et al., 2005). Les oies sont également suspectées de jouer un rôle similaire, depuis que le CDC (Center for Disease Control and Prevention) a découvert plusieurs spécimens infectés de manière asymptomatique sur un marché de volailles vivantes d'Hanoi au Vietnam, en 2001.

### 1.4.3 Pouvoir contagieux des oiseaux contaminés

Les virus influenza aviaire se multiplient activement dans l'appareil respiratoire et dans le tube digestif des oiseaux infectés, puis peuvent être excrétés en grande quantité dans leurs déjections ou dans leurs sécrétions oculaires, nasales et buccales. A la différence des souches FP qui peuvent être excrétées par voies respiratoire et digestive (prédominance d'une voie d'excrétion par rapport à l'autre selon l'espèce et les virus concernés, et modes d'excrétion généralement non synchrones), les virus H5N1 HP sont excrétés préférentiellement par voie respiratoire (y compris par les conjonctives), en particulier chez les petites volailles comme les cailles. Chez les volailles, l'excrétion de grandes quantités de virus par voie respiratoire et, dans une moindre mesure, par voie intestinale, a ainsi été mise en évidence, les quantités excrétées par les canards restant faibles, de l'ordre de 1% de celles excrétées par les poulets. Chez les canards d'élevage, la réplication du virus survient essentiellement au niveau de l'appareil respiratoire (Swayne D.E., Pantin-Jackwood M., 2006). D'autres tests expérimentaux montrent que l'excrétion par voie intestinale est quasi inexistante chez cette espèce (Keawcharoen J. et al., 2008). Globalement, les mécanismes de transmission du virus entre oiseaux sont encore mal compris et ils semblent varier selon les souches virales, l'espèce, certains facteurs environnementaux, et surtout la quantité d'agents pathogènes excrétés par voie digestive ou respiratoire.

Il est par ailleurs utile de rappeler que, l'infection des volailles domestiques par des souches HP étant généralisée à tout l'organisme, tous leurs viscères ainsi que leurs muscles constituent des sources de virus.

En général, le pic d'excrétion se situe au début de l'infection et il devient souvent assez aléatoire d'isoler le virus au-delà de la première semaine d'infection. L'excrétion de virus peut précéder l'apparition des signes cliniques de quelques heures à quelques jours selon la souche virale en cause et l'espèce d'oiseau infectée. Un poulet convalescent peut excréter le virus de la grippe aviaire dans ses sécrétions oculaires et nasales jusqu'à 30 jours après l'infection. Chez des canards infectés par certaines souches de virus H5N1 HP, il a été établi que l'excrétion pouvait être prolongée pendant deux semaines environ. Cette espèce peu sensible peut excréter le virus sans signe clinique apparent.

Comme nous l'avons déjà mentionné au § 1.4.2, les canards domestiques, en excréant de façon inapparente des particules virales HP pendant de longues périodes, peuvent potentiellement constituer un réservoir silencieux du virus. Même en cas de faible virulence, l'efficacité avec laquelle le virus peut se répliquer amène plusieurs chercheurs à considérer que

---

<sup>19</sup> Il a été montré que le pouvoir pathogène du virus H5N1 est associé à sa capacité à se répliquer dans l'organisme, et plus particulièrement dans certains organes comme le cerveau et le cœur (Swayne D.E., Pantin-Jackwood M., 2006)

les canards sauvages et d'élevage peuvent jouer un rôle clef dans le cycle de transmission du virus et dans sa persistance dans l'environnement, en tant que réservoirs biologiques et vecteurs de la maladie (Sturm-Ramirez K.M. et al., 2005; Gilbert M. et al., 2006). Parallèlement, certaines études suggèrent que le contact entre différents oiseaux et espèces potentiellement infectés par divers virus influenza aviaires peut favoriser l'acquisition d'une immunité croisée (vis-à-vis de plusieurs sous-types H/N notamment), comme cela a déjà été proposé (Chen H. et al., 2006) et par ailleurs démontré au niveau des marchés de volailles vivantes (Seo S.H., Webster R.G., 2001). Des recherches complémentaires doivent être menées afin de savoir si les canards réagissent de manière similaire à l'infection au H5N1 en conditions naturelles. En particulier, les populations sauvages peuvent être confrontées à des stress physiologiques majeurs (pénuries alimentaires, conditions climatiques extrêmes, pression des congénères, migration) à l'origine d'un affaiblissement du système immunitaire, contraintes qui ne sont pas prises en considération en conditions expérimentales. Ces réflexions posent aussi la question du potentiel de diffusion à longue distance par la migration d'oiseaux infectés et asymptomatiques (Feare C.J., 2007, cf. § 1.5.2).

Les recommandations internationales en matière de prévention de la maladie préconisent aux éleveurs de réaliser une quarantaine (3 semaines étant la durée optimale) pour les oiseaux nouvellement introduits ou réintroduits avant de les mélanger aux autres volailles d'une exploitation. De même, en cas de foyer confirmé, un isolement sanitaire et une interdiction de déplacement des animaux de même durée sont recommandés. Selon la concentration de volailles présentes dans la zone et les risques épidémiologiques associés, la "zone infectée" s'étend sur un rayon de 3 à 5 km, tandis que la "zone de protection" concerne un rayon de 5 à 10 km, voire davantage (cf. § 2.3 pour des détails sur les stratégies de prévention et de contrôle sanitaires mises en place en Thaïlande).

## **1.5 Emergence et diffusion : des facteurs de risque mis en évidence et sujets à controverse**

### **1.5.1 Modes de transmission du virus et sources potentielles d'introduction chez les volailles**

Plusieurs facteurs favorables à la persistance et à la transmission de l'influenza aviaire ont été identifiés et déjà mentionnés dans ce rapport (cf. § 1.3). Les sources de virus sont constituées par les oiseaux infectés, qu'ils soient porteurs sains, malades ou morts et qu'il s'agisse d'oiseaux sauvages, de volailles ou d'oiseaux d'ornement. La transmission horizontale peut être directe par contact avec des oiseaux infectés et contagieux (contacts entre volailles ou avec des oiseaux sauvages, y compris les carcasses d'oiseaux infectés). Elle s'opère alors essentiellement par l'inhalation ou le contact avec des sécrétions des voies respiratoires supérieures contaminées, des aérosols ou des poussières infectées, mais peut également survenir par ingestion de matières fécales contaminées, ou encore par prédation ou cannibalisme pour les oiseaux sauvages. La transmission peut aussi être indirecte via différents vecteurs mécaniques (eau d'abreuvement, aliments, fomites, paille, déchets, etc.), transporteurs potentiels de matières contaminées comme les fèces. L'homme participe activement à cette forme de diffusion indirecte, essentiellement par le biais de chaussures souillées à partir des abords d'un élevage, mais aussi de vêtements, de véhicules (utilisés pour l'approvisionnement de l'élevage en intrants ou le recueil des volailles pour abattage notamment), du matériel partagé (cages, palettes pour le transport des œufs, etc.), et des produits d'élevage stockés sur la ferme ou mis en circulation.

Ainsi, le virus peut se transmettre localement entre unités de production voisines, par contact direct ou par des vecteurs physiques (notamment via l'eau d'abreuvement qui peut provenir d'eaux de surface environnantes contaminées par les fientes d'oiseaux infectés, et via des déplacements de personnes entre fermes), ou bien sur de longues distances par le transport et les échanges commerciaux d'animaux et de produits d'élevage, par les mouvements de

personnes et de matériel d'élevage, ou encore via le déplacement d'oiseaux sauvages infectés. Le risque de diffusion augmente a priori dans des zones où les volailles ne sont pas protégées dans des abris fermés aux contacts extérieurs (élevage de plein air ou dans de faibles conditions de biosécurité). Les volailles de basse-cour sont également particulièrement exposées et vulnérables. De même, certaines espèces d'élevage aquatiques, en particulier les canards, sont élevées à proximité de plans d'eau et exposées à des contacts réguliers avec des oiseaux sauvages (cf. § 2.2.3). Dans les élevages avicoles commerciaux et réputés biosécurisés, aux installations parfois perfectionnées, le risque ne doit pour autant pas être négligé. Les voies d'introduction, liées au nombre d'éléments échangés avec le milieu extérieur, sont importantes : les volailles ont besoin qu'on leur fournisse des aliments, de l'eau et de l'air, et les installations doivent être très bien ventilées en raison du confinement de milliers d'animaux qui exige des moyens de réduction la chaleur et de régulation de l'humidité. Un autre problème majeur de biosécurité est lié à l'évacuation du volume important de déjections produites sur les grands élevages.

**Le rôle respectif joué par les oiseaux sauvages et les mouvements commerciaux est difficile à quantifier : il s'agit d'une question de recherche qui suscite de nombreux débats et sur laquelle reposera d'ailleurs en partie notre problématique. L'origine de l'émergence de la maladie dans une zone indemne est très difficile à appréhender, et les hypothèses énoncées sont souvent controversées.** Les principales voies d'introduction du virus dans les différents pays asiatiques n'ont ainsi pas pu être identifiées avec précision (notamment en raison des délais importants enregistrés au niveau de la déclaration des foyers), mais le rôle des oiseaux sauvages n'a pas pu être écarté dans certains cas. Parallèlement, le commerce des volailles et des produits dérivés est fortement suspecté, étant donné le volume des échanges nationaux et transfrontaliers qui existe dans cette région. Au Vietnam par exemple, plusieurs hypothèses sont émises pour expliquer l'introduction du virus : réservoirs infectieux dans des populations d'oiseaux aquatiques sauvages ou importation illégale de volailles infectées en provenance de pays voisins (Delquigny T. et al., 2004 ; Sims L.D. et al., 2005). En Thaïlande et au Vietnam, la source d'infection provenant des canards élevés en semi-liberté sur des parcelles rizicoles (aussi appelés « free-grazing ducks » ou « free-range ducks », et dont le rôle dans le cycle de transmission et le maintien du virus a été démontré à plusieurs reprises, cf. § 2.2.3), et le rôle potentiel des oiseaux sauvages et migrateurs, restent sujets à controverse. Par ailleurs, des études épidémiologiques menées dans la région asiatique montrent que de nombreuses souches différentes de H5N1 circulent simultanément dans le milieu, ce qui complique d'autant plus la compréhension de l'épidémiologie de la maladie et la recherche des sources d'infection (Martin V. et al., 2006).

### **1.5.2 Risque d'introduction du virus en provenance des oiseaux sauvages sédentaires et migrateurs : état des connaissances et débat**

Si le virus est largement répandu voire endémique au sein des volailles et plus particulièrement des canards élevés en plein air, sa diffusion à des populations d'oiseaux sauvages paraît inévitable (Alexander D.J., 2007). Certains scientifiques considèrent que le transport à longue ou moyenne distance du virus à l'occasion de déplacements migratoires ou naturels d'oiseaux sauvages infectés représente un risque important de transmission du virus de la grippe aviaire (comme cela a pu être démontré pour d'autres zoonoses d'origine aviaire, telles que le virus Babanki du Cameroun à la Scandinavie, ou encore le virus du Nil occidental de l'Afrique vers l'Europe et les Etats-Unis ; Saluzzo et Lacroix-Gerdil, 2005), tandis que les oiseaux infectés peuvent diffuser le virus plusieurs semaines en étant pour certains porteurs sains. Différents couloirs migratoires se chevauchent géographiquement ; les oiseaux de différentes régions (dont les oiseaux sauvages sédentaires de la région) se mêlent les uns aux autres dans des zones humides (aires d'hivernage, aires de reproduction, aires de transit pour le repos et l'alimentation), et la transmission de virus<sup>20</sup> peut alors se produire entre eux et éventuellement en direction de volailles de fermes situées à proximité.

<sup>20</sup> Transmission à double sens entre les espèces sauvages aquatiques et domestiques (Martin V. et al., 2006 ; Bonn D., 2006). Par le passé, la transmission des volailles vers les populations sauvages était restreinte à des cas isolés

**Figure 3 : Principaux couloirs migratoires mis en évidence chez les oiseaux sauvages aquatiques**

Source : FAO, 2007

Même s'il n'est pas encore établi quelles espèces pourraient être impliquées dans l'introduction sur longue distance des virus influenza aviaire et leur transmission aux volailles, plusieurs études ont montré que les oiseaux migrateurs étaient capables de s'échanger des virus et de les transporter sur de longues distances. Par exemple, des virus de sous-type H2 isolés sur des oiseaux sauvages d'Amérique du Nord entre 1985 et 1998 contenaient des gènes appartenant à des souches virales eurasiatiques (Makarova N.V. et al., 1999). De même, des virus de sous-type H2 isolés en 2001 chez des canards migrateurs lors de leur transit au Japon (en provenance de Sibérie) contenaient des gènes dérivés de souches virales américaines et eurasiatiques (Liu J.H. et al., 2004).

Par le passé, l'infection d'oiseaux sauvages restait cantonnée à des oiseaux retrouvés morts à proximité de foyers infectieux de volailles (cas de corneilles infectées au Japon en 2004 par exemple). Depuis, le virus H5N1 a été retrouvé sur des oiseaux migrateurs morts (la proportion d'oiseaux où l'on a pu isoler le virus restant cependant très faible), parfois à grande distance des foyers d'influenza aviaire HP les plus proches. La théorie qui défend une implication des oiseaux sauvages comme agents de diffusion du virus a en particulier gagné en crédibilité après l'identification de cas d'infection chez de nombreuses espèces d'oiseaux sauvages dans deux parcs zoologiques de Hong Kong en 2002, puis surtout avec l'apparition du foyer infectieux du lac Qinghai en Chine en mai-juin 2005, où un très grand nombre d'oiseaux sauvages et migrateurs ont été retrouvés morts. Il a été suggéré que la présence du virus dans des populations migratrices du lac Qinghai en Chine aurait pu être à l'origine de sa diffusion vers l'Ouest et le Sud (Chen H. et al, 2005, Liu J. et al, 2005). De même, la mise en évidence d'infections naturelles d'oiseaux migrateurs au H5N1, sans signes de maladie (Chen H. et al., 2006), suggère que ces derniers, en tant que porteurs sains, peuvent potentiellement jouer un rôle dans la dissémination du virus sur de longues distances.

Au regard des cas observés en Europe (en particulier en Croatie et en Roumanie où la maladie a d'abord été signalée chez des signes sauvages<sup>21</sup>), il est vraisemblable que les oiseaux

---

d'oiseaux sauvages ayant été retrouvés morts à proximité de foyers domestiques. On pense à présent que l'infection d'oiseaux sauvages selon ce processus, dans le cas où l'infection causerait peu ou pas de signes cliniques, pourrait occasionner une diffusion du virus sur de longues distances (Alexander D.J., 2007). Mais beaucoup de situations montrent que ces doubles transferts ne sont pas aisément différenciables (Bonn D., 2006).

<sup>21</sup> Virus isolé chez des cygnes morts en Croatie en octobre 2005. S'en est suivi une diffusion soudaine et rapide du virus dans l'Ouest de l'Asie et en Europe où les cygnes auraient joué un rôle clef (Alexander D.J., 2007). De janvier à avril 2006, plusieurs cygnes et d'autres oiseaux sauvages infectés ont été identifiés en Azerbaïdjan, Iran, Kazakhstan, Géorgie et dans 20 pays européens. Des foyers infectieux touchant des volailles ont par la suite été rapportés en France, Albanie, Suède et Allemagne. L'une des hypothèses serait que les cygnes auraient été

migrateurs aient contribué à la diffusion à large échelle du virus H5N1 vers l'Europe de l'Est, ainsi qu'en Asie de l'Ouest et au Moyen-Orient (Alexander D.J., 2007). Li K.S. et al. (2003, 2004) défendent également cette hypothèse concernant la propagation du virus au sein du continent asiatique. Le rôle de la migration de certaines espèces de la famille *Anatidae* dans la diffusion du sous-type H5N1 de l'influenza aviaire HP a par ailleurs été mis en évidence (Sengupta R. et al., 2007 ; Gilbert M. et al., 2006 ; Jourdain E. et al., 2007 ; Kilpatrick AM. et al., 2006 ; Olsen B. et al., 2006). La présence du virus était liée temporellement aux cycles de migration et spatialement aux principaux couloirs migratoires. De même, la répartition temporelle du virus chez les volailles en Chine depuis 2001 coïncide avec la période de migration hivernale vers le Sud de la Chine<sup>22</sup>. Des foyers de H5N1 dont les souches virales se sont révélées proches de la souche provenant de la flambée du lac Qinghai se sont déclarés en plusieurs lieux, en Chine, en Mongolie, en Russie, en Europe et en Afrique, parfois en des lieux éloignés de toute infection chez des volailles (Mongolie et Europe), et ont été attribués à des phénomènes migratoires (Chen H. et al., 2006 ; Olsen B. et al., 2006). En Corée du Sud, les foyers identifiés dans des élevages avicoles domestiques et au niveau de zones de migration durant l'hiver 2006-2007 montrent une grande similitude phylogénétique (Lee Y-J. et al., 2008). En janvier 2007, des foyers infectieux de souches virales similaires se sont ensuite déclarés au Japon, et suggèrent que les oiseaux migrateurs ont pu intervenir dans la diffusion du virus alors que ces deux pays partagent des routes migratoires. Morgan A. (2006) a également montré que des virus H5N1 génétiquement semblables pouvaient être isolés sur des oiseaux migrateurs en deux endroits distants d'environ 1 700 km. Au Vietnam, l'émergence de quelques foyers isolés entre les différentes vagues épizootiques supporte l'hypothèse de la présence d'une source d'infection relativement dispersée, probablement au sein de populations d'oiseaux aquatiques sauvages porteurs sains (ou éventuellement d'oiseaux d'élevage). L'agrégation spatiale des cas suggère par ailleurs la présence de facteurs de risques spécifiques encourageant la diffusion de l'infection au niveau de ces zones, tels que des eaux de surface plus importantes qui pourraient elles-mêmes être liées à des densités d'oiseaux aquatiques sauvages et domestiques plus fortes (Pfeiffer D.U. et al., 2007).

**Le rôle exact des oiseaux sauvages et des oiseaux migrateurs dans le maintien du virus et sa diffusion à moyenne et longue distance reste néanmoins un sujet d'intenses études épidémiologiques et de grande controverse.** L'étude des foyers actuels d'HPAI H5N1 ne permet pas encore de comprendre dans tous les cas le rôle exact que jouent les oiseaux sauvages dans la propagation du virus, notamment sur de longues distances. Depuis qu'il s'est répandu en Europe et en Afrique, aucune preuve de la persistance durable du virus H5N1 dans une population d'oiseaux sauvages n'a pu être avancée de façon certaine. De manière générale, il subsiste des zones d'ombre quant aux espèces sauvages impliquées, aux voies migratoires choisies et surtout quant à la possibilité qu'auraient certaines espèces à devenir des réservoirs permanents du virus H5N1.

Plusieurs arguments ont été avancés, permettant de nuancer le rôle épidémiologique que pourraient jouer les oiseaux sauvages :

- Les virus HPAI ont rarement été isolés d'oiseaux sauvages. L'épidémiosurveillance du virus H5N1 dans les populations d'oiseaux sauvages comme au sein de la filière avicole s'est beaucoup développée depuis 2003. Des centaines de milliers d'oiseaux ont été testés à l'échelle mondiale, aussi bien dans des régions infectées qu'indemnes. La grande majorité des tests menés au sein de la faune sauvage vivante et en apparence non infectée se sont révélés négatifs et jusqu'à fin 2006, près de 35 cas confirmés seulement avaient été rapportés, en Russie et en Chine pour l'essentiel (Feare. C.J., 2007). Le plus souvent (hormis par exemple lors de la première isolation datant de 1961 en Afrique du Sud), un lien

---

contaminés au niveau de sites d'hivernage de la Mer Noire, et que des conditions climatiques particulièrement mauvaises cet hiver là auraient engendré une dispersion des oiseaux dans différentes directions. Ceci n'explique cependant pas l'apparition simultanée de souches identiques chez d'autres cygnes et oiseaux sauvages de la Mer Baltique.

<sup>22</sup> Néanmoins, on ne sait pas si le virus se maintient dans les populations d'oiseaux sauvages du pays, et la présence simultanée du virus H5N1 dans plusieurs zones distantes d'Asie de l'Est reste largement inexpliquée

spatial ou temporel a pu être mis en évidence avec des foyers infectieux survenus chez des volailles.

- La diffusion du virus à travers l'Asie centrale depuis la Chine aurait suivi le tracé des routes principales et des voies ferrées, plutôt que les couloirs de migration (Bonn D., 2006). Les oiseaux sauvages n'en seraient pas moins considérés comme des sentinelles<sup>23</sup> marquant l'introduction du virus dans le milieu via d'autres voies, en particulier celle des mouvements commerciaux de volailles, illégaux ou pas.
- La diffusion du virus vers la Russie à partir de la source du lac Qinghai n'est pas clairement établie même si des souches virales similaires y ont été isolées sur différentes volailles à l'été 2005. Il n'est pas non plus clairement établi si ce foyer est à l'origine d'une diffusion du virus vers l'Ouest de l'Asie et vers les pays de l'Est de l'Europe, ni si la diffusion est attribuable à des oiseaux sauvages plutôt qu'au commerce de volailles (même si, comme évoqué précédemment, les virus isolés dans plusieurs pays de ces régions en 2005 et début 2006 présentaient des similitudes génétiques avec les souches du lac Qinghai ; Alexander D.J., 2007).
- Une étude utilisant des données sur les relations phylogénétiques existant entre différents isolats viraux a été menée en vue d'identifier les sources d'introduction du virus (mouvements d'oiseaux sauvages vs. commerce de volailles) au sein de 52 foyers infectieux dans des élevages avicoles de différents pays (Kilpatrick A.M. et al., 2006). Dans la zone asiatique, 9 des 21 foyers étudiés avaient pour origine des pratiques commerciales tandis que 3 provenaient d'oiseaux migrateurs. En Europe, à l'inverse, 20 foyers sur 23 avaient pour origine des oiseaux migrateurs. Les auteurs pensent que la diffusion du virus dans le secteur avicole résulte sans doute davantage du commerce des volailles que des mouvements d'oiseaux sauvages.
- Une étude (Sengupta et al., 2007) qui se proposait d'identifier des zones climatiques et d'occupation du sol à risque du fait de leur importance dans le cycle de vie de l'espèce *Anatidae*, en vue d'anticiper la menace d'une future diffusion du virus à de nouvelles régions<sup>24</sup>, a dû faire face à de vives critiques<sup>25</sup>. Jourdain et al. évoquent ainsi le risque d'écologie fallacieuse que révèle cette analyse. Puisque la majorité des foyers d'infection ont pu être localisés au niveau des écorégions comportant des habitats d'oiseaux sauvages aquatiques, il serait d'après eux dangereux de conclure qu'une relation de causalité existe et qu'il faille focaliser les efforts de surveillance sur ces zones. Ils rappellent que les écorégions mentionnées restent très larges, qu'elles représentent une multitude de milieux agricoles et sont le support d'activités humaines variées (facteurs de confusion multiples), et qu'il serait simpliste de les réduire uniquement à leur biotope naturel. Ils rappellent également que bien que le rôle des oiseaux sauvages soit bien établi dans la diffusion des virus influenza aviaire FP, cela n'est pas le cas pour les virus HP : le virus H5N1 n'aurait pas persisté chez les oiseaux sauvages après le printemps 2006 et aucun cas n'aurait été détecté dans les zones humides d'Amérique malgré la migration de nombreux canards de la Sibérie (où se trouvent les principaux lieux de reproduction) vers les Etats-Unis et le Canada, l'Asie ou l'Europe. Les activités humaines sont finalement perçues comme le premier vecteur de diffusion du virus. Plutôt qu'une surveillance des habitats d'oiseaux sauvages aquatiques, les auteurs proposent de renforcer les contrôles en matière de

<sup>23</sup> L'inoculation expérimentale du virus H5N1 à différentes espèces de canards sauvages a montré que certaines espèces, en particulier les canards colvert (excrétion virale la plus importante sans présentation de signes cliniques de la maladie), ont le potentiel de diffuser le virus sur de grandes distances, tandis que d'autres, comme les fuligules morillon (ayant davantage tendance à présenter des signes cliniques de la maladie), peuvent jouer un rôle de sentinelles (Keawcharoen J. et al., 2008)

<sup>24</sup> Ces zones étant d'après eux liées à un nombre important de nouveaux foyers d'influenza aviaire HP. Ils souhaitent mettre en avant le concept d'écorégion en utilisant une classification en 825 écorégions formulée par le WWF. En Thaïlande, le rôle potentiel des zones humides bordant la Chao Phraya River, constituant un hotspot d'endémie pour le virus H5N1, a par exemple été mentionné. Bien que la surveillance doive poursuivre ses efforts le long des couloirs migratoires et au sein de la filière avicole, ils suggèrent que des études soient menées plus spécifiquement sur les lieux d'hivernage et de reproduction des oiseaux migrateurs répartis sur les écorégions identifiées comme étant à risque.

<sup>25</sup> Les auteurs de l'article ne manquent pourtant pas de mentionner que de nombreux facteurs de confusion (sous-évaluation des cas due à des degrés de surveillance variables, effets du commerce des volailles) sont susceptibles d'intervenir et de fausser l'interprétation

commerce légal et illégal d'oiseaux et de produits dérivés, outil de contrôle de la diffusion de la maladie qu'ils jugent plus efficace.

- Un article de Feare C.J. paru en 2007 poursuit également le débat sur le rôle respectif des mouvements d'oiseaux sauvages et de volailles, en abordant cette fois-ci le problème d'un point de vue ornithologique<sup>26</sup>.
  - Analyse des cas survenus en Asie de l'Est de 2002 à 2006 :  
La plupart des foyers concernent de petits nombres d'oiseaux morts, des oiseaux sédentaires ou vivant en promiscuité avec l'homme, et peuvent être reliés à des foyers affectant des volailles. Le premier foyer ayant affecté un nombre important d'oiseaux, en mai-juin 2005, a tué plus de 6 000 oiseaux d'au moins 8 espèces différentes au niveau du lac Qinghai dans le Nord-Ouest de la Chine<sup>27</sup> (aire de reproduction des oiseaux migrateurs), et tous les cadavres d'oiseaux ont été retrouvés à proximité du site. Les oies à tête barrée représentent plus de 50% des oiseaux répertoriés<sup>28</sup>. Il s'agit d'oiseaux migrateurs dont les sites d'hivernage se trouvent en Inde, mais aucune trace d'infection n'a été observée le long de leur trajet migratoire passé. Elles arrivent sur l'aire de reproduction du lac Qinghai de mars à début avril, ce qui signifie qu'elles étaient déjà présentes sur site plusieurs semaines avant le début de l'infection. Aucun foyer affectant des volailles n'a été rapporté autour du lac Qinghai en 2005 ou en 2006, mais un foyer a été confirmé en 2004 dans la province de Lanzhou, à environ 300 km de distance, et pourrait constituer une source d'introduction du virus<sup>29</sup>. Des cas d'infection ont également été enregistrés à Lhassa chez des volailles qui avaient été transportées depuis la province de Lanzhou.  
On observe finalement qu'un grand nombre d'oiseaux sauvages peuvent être hautement sensibles au virus. L'isolement des foyers et la concentration des oiseaux retrouvés morts au Tibet, dans le Nord de la Chine et en Mongolie, de même que la survenue des infections plusieurs semaines après l'arrivée des oiseaux à destination, et l'absence de cas le long de leurs routes migratoires ou au niveau de leurs sites d'hivernage, **suggèrent davantage une contraction locale du virus.**
  - Analyse des cas survenus en Sibérie fin juillet - début août 2005 :  
Plusieurs oiseaux sauvages sont retrouvés morts au niveau de plusieurs sites en Sibérie et au niveau de 2 lacs dans le Nord de la Mongolie, au même moment ou après que des foyers touchant des volailles aient été observés (OIE, 2005 ; Lvov D.K. et al., 2006). En Mongolie, les oies et les signes infectés étaient sur site depuis 4 à 5 mois déjà et se trouvaient à ce moment dans l'incapacité de se déplacer (fin de mue).  
Les cas survenus en Sibérie sont plus difficiles à interpréter, avec par endroits d'importants effectifs infectés et, parallèlement, des cas isolés et dispersés. On note

<sup>26</sup> Revue des différents foyers d'infection observés dans la faune sauvage, analyse de trois scénarii différents (virus transporté par des oiseaux sauvages asymptomatiques, virus transporté par des oiseaux sauvages et maintenu quelque temps dans ces populations jusqu'à la mort des oiseaux, virus hautement pathogène chez les oiseaux sauvages, qui meurent rapidement après avoir été infectés) au regard des observations réelles de terrain, tout en différenciant 5 phases spatio-temporelles au cours de l'épizootie depuis 1997 (foyers concernant des volailles et des oiseaux sauvages en Asie du Sud-Est de 1997 à 2006, dans le Sud de la Sibérie au cours de l'été 2005, dans des pays voisins de la Mer Caspienne et de la Mer Noire à l'automne 2005, en Europe et au Moyen-Orient de janvier à juin 2006, et foyers concernant uniquement des volailles en Afrique et en Asie du Sud de février à juin 2006), chaque phase étant étudiée successivement et les scénarii correspondant le mieux à chacune de ces situations étant identifiés

<sup>27</sup> D'autres oies à tête barrée ont été retrouvées mortes suite à une infection au H5N1 au niveau de 4 sites distincts dans les provinces du Tibet et du Qinghai en avril-mai 2006 (plus de 900 oiseaux concernés, comprenant également d'autres espèces aquatiques ou terrestres)

<sup>28</sup> Les autres espèces impliquées sont également migratrices mais leurs aires d'hivernage ne sont pas connues

<sup>29</sup> Bonn D. (2006) fournit quelques détails supplémentaires sur cet épisode épizootique : le virus isolé au lac Qinghai s'est révélé très proche de celui isolé chez des canards porteurs sains du lac Poyang (1 700km au Sud-Est) entre janvier et mars 2005, juste avant leur migration vers le Nord. Des virus génétiquement semblables circulaient depuis quelque temps chez des volailles du Sud-Est de la Chine (à l'épicentre de l'infection au H5N1), des contacts entre ces volailles et des canards sauvages ayant ainsi pu être à l'origine de la diffusion vers le Nord-Ouest. Le virus H5N1 isolé chez ces oiseaux migrateurs ne présentant pas de signes cliniques de l'infection a par ailleurs exprimé un pouvoir pathogène variable lors de son inoculation expérimentale à différentes espèces de canards sauvages. Certains oiseaux migrateurs auraient ainsi pu transporter le virus sur de longues distances, après l'avoir contracté auprès de volailles infectées. Une autre possibilité serait que les oiseaux du lac Qinghai auraient été contaminés par des volailles transportées par la route ou la voie ferrée depuis les régions infectées.

toutefois une concordance temporelle (par ailleurs sans lien avec une période de migration) dans les différents foyers infectieux répartis sur près de 2 500 km, avec l'absence de corridors d'infection, l'absence de lien avec des couloirs migratoires ou de dispersion connus, des contraintes de déplacement chez les oiseaux migrateurs en fin de mue, et enfin la présence de nombreux foyers dans des élevages de volailles, dispersés sur une grande partie du territoire russe<sup>30</sup>. **La transmission du virus par le biais d'oiseaux sauvages porteurs sains semble donc peu probable et des introductions locales du virus via la volaille sont plus plausibles.**

- Analyse des cas survenus autour de la Mer Caspienne et de la Mer Morte en octobre-novembre 2005, puis en Europe début 2006 :

Plusieurs oiseaux sauvages sont retrouvés morts, majoritairement des cas isolés de cygnes migrateurs avec absence d'autres reports de cas le long des routes migratoires (notamment au niveau de sites d'hivernage liés à des aires de reproduction en Sibérie), en Roumanie (foyers affectant la volaille dispersés sur le territoire à cette période), Croatie (à proximité d'une ferme aquacole mais en l'absence de foyer dans des fermes avicoles dans le pays, cygne en provenance de Hongrie où aucune infection n'a été enregistrée), et Russie (en plus grand nombre, alors qu'aucun foyer n'était enregistré chez des volailles à cette période et dans cette partie de la Russie, et alors qu'à l'inverse, dans d'autres parties du pays où la filière avicole était touchée, aucune infection touchant des oiseaux sauvages n'avait été rapportée).

En Europe, les foyers rapportés début 2006 (impliquant de petits nombres d'oiseaux en général isolés) témoignent d'une diffusion progressive du virus du Sud-Est vers le Nord-Ouest, mais sont survenus en dehors de la saison de migration et de toute route migratoire. Peu de preuves d'un transport du virus via des oiseaux sauvages asymptomatiques existent. L'absence de foyers touchant des élevages avicoles peut être due à des niveaux de confinement plus importants des volailles dans ces pays. **Le transport du virus par des oiseaux sauvages, notamment des porteurs sains, est dans ce cas probable.** Il pourrait s'agir de déplacements sur de longues distances par des oiseaux supportant l'infection quelque temps avant de mourir, comme de déplacements sur de courtes à moyennes distances avec transmission intermédiaire du virus entre plusieurs oiseaux.

- Finalement, **le scénario selon lequel le virus serait hautement pathogène pour les oiseaux sauvages et entraînerait leur mort peu après l'infection (en lien avec une contraction locale de la maladie<sup>31</sup>) est vérifié par les caractéristiques de la plupart des foyers observés** : fortes concentrations d'oiseaux infectés, mort rapide et isolement des foyers, survenue des infections plusieurs semaines après l'arrivée des oiseaux à destination (comme au lac Qinghai, en Mongolie, au niveau du delta de la Volga ou encore en Croatie), absence de corridors de diffusion le long de routes migratoires ou de corridors de déplacements d'oiseaux sauvages, comme à Hong Kong, au Japon, en Corée, en Thaïlande, au Tibet, au Nord de la Chine, en Mongolie, autour de la Mer Caspienne et du delta du Danube en Roumanie, en Croatie et plus récemment en Egypte ou au Nigeria<sup>32</sup>. Le nombre total d'oiseaux sauvages retrouvés morts suite à une infection au virus H5N1 est faible (quelques milliers en tout), et bien que les cas d'infection soient clairement sous-estimés, ce nombre reste insignifiant en comparaison des pertes ayant affecté les oiseaux d'élevage (des centaines de milliers d'oiseaux morts directement de la maladie, et des dizaines de millions d'oiseaux à risques abattus). Ceci suggère que la voie de transmission impliquant oiseaux sauvages et volailles (ou la transmission au sein même des oiseaux sauvages) reste limitée en terme d'effectifs, d'autant plus que les occasions de contacts entre volailles et oiseaux sauvages ne manquent pas. **Le risque de transmission le plus fort en provenance de la faune sauvage concerne sans doute davantage les oiseaux aquatiques**

<sup>30</sup> Aucun foyer n'a cependant été rapporté chez des volailles en Mongolie à cette période

<sup>31</sup> Parmi les sources d'acquisition locale de l'infection peuvent figurer les volailles ou les oiseaux sauvages porteurs sains

<sup>32</sup> Certains schémas d'infection (comme la diffusion progressive et sur des distances relativement courtes de la maladie en Europe avec des oiseaux retrouvés morts sur différents sites) vont cependant à l'encontre de cette dernière suggestion

**asymptomatiques se déplaçant régulièrement à proximité des élevages. La question du rôle spécifique de ces oiseaux reste donc ouverte. Aucune certitude ne peut être avancée quant à la diffusion à longue distance du virus par migration. Il s'agirait davantage de diffusions multidirectionnelles et progressives faisant intervenir des transmissions intermédiaires et des acquisitions locales de la maladie le long des divers parcours de dissémination.**

### **1.5.3 Risques liés aux activités humaines et aux échanges commerciaux : état des connaissances et débat**

L'homme, en mouvement permanent, est connu pour favoriser la diffusion d'agents pathogènes de nombreuses maladies infectieuses. Comme nous l'avons évoqué précédemment, l'environnement naturel et les oiseaux sauvages ne semblent pas constituer la seule cause d'émergence et de diffusion de virus influenza aviaire, et plus spécifiquement du virus H5N1. En particulier, le commerce de volailles peut conduire à des mouvements massifs et difficilement contrôlables<sup>33</sup> de volailles sur des distances parfois considérables, certains de ces échanges étant illégaux. La croissance rapide qui a touché la production avicole cette dernière décennie, notamment en Asie du Sud-Est, a augmenté les volumes échangés sur le marché, augmentant par la même occasion le risque de diffusion du virus. La globalisation de certains marchés jusqu'alors marginaux (commerce de produits à risques tels que les fientes et les plumes) participe à ce phénomène. L'utilisation de fientes de volaille comme fertilisant organique pour l'agriculture ou l'aquaculture est notamment considérée comme une pratique à haut risque en terme de diffusion du virus (Edwards D. et al., 1991 ; FAO/OIE/WHO, 2005 ; Scholtissek C., Naylor E., 1988 ; Butler D., 2006, cf. § 2.2.3).

**Figure 4 : Sources de transmission du virus et pratiques à risques : promiscuité des volailles lors de leur transport, marchés de volailles vivantes**

(sur les photos du bas, prises en février 2008 sur un marché de la banlieue de Bangkok, on peut toutefois constater que les volailles sont stockées dans des cages)

Sources : FAO, AVSF

---

<sup>33</sup> Les connaissances relatives aux échanges commerciaux de volailles (volumes échangés localement, voies de commercialisation, etc.) et aux différentes utilisations de produits dérivés restent limitées (Feare C.J., 2007)

A courte distance, le manque d'hygiène, les déplacements de volailles, d'autres animaux ou de personnes aux abords des exploitations, ainsi que les mouvements commerciaux locaux de volailles (transport, achat et vente entre divers fournisseurs et distributeurs ou sur des marchés) et de leurs produits (œufs à couver, poussins, viande, plumes et fientes) sont sans doute des voies de diffusion efficaces entre fermes voisines ou d'une même région. Plusieurs études, dont certaines menées en Thaïlande (Gilbert M. et al., 2006), montrent ainsi une association statistique entre la présence du virus chez les volailles et la densité de population humaine.

Sur des distances plus importantes, certaines voies de diffusion liées aux activités humaines et commerciales peuvent persister : ventes d'oiseaux infectés sur des marchés éloignés, transferts de produits (palettes d'œufs par exemple) ou de matériaux (cages par exemple) contaminés sur des marchés distants ou entre fermes éloignées mais ayant établi des liens commerciaux. En Thaïlande, la mise en place de certaines mesures de contrôle des mouvements d'animaux a par exemple permis de limiter la propagation du virus de façon significative et d'obtenir une protection efficace de la volaille (cf. § 2.3). La diffusion du virus en Asie et en Afrique serait principalement due au commerce de volailles (Gauthier-Clerc M. et al., 2007), tandis qu'en Asie du Sud-Est, les mouvements de volailles et de produits dérivés sont tenus responsables de la diffusion du virus (Chen H. et al., 2006 ; Gilbert M. et al., 2006).

Concernant les échanges commerciaux à longue distance ou transfrontaliers, il est utile de rappeler que le commerce clandestin de volailles est important au niveau international bien que difficilement quantifiable<sup>34</sup>. Selon certaines théories, le déplacement illicite d'oiseaux vivants (y compris le commerce de coqs de combat<sup>35</sup>, d'oiseaux sauvages de compagnie et de rapaces) pourrait être à l'origine de la dissémination du fléau en Asie du Sud-Est à partir de la Chine<sup>36</sup>. Ce risque est d'autant plus préoccupant qu'il ne peut être atténué par la mise en place de règles commerciales strictes ou d'embargos<sup>37</sup> sur les importations légales<sup>38</sup>.

Les marchés d'oiseaux vivants constituent un lieu privilégié pour le maintien et la propagation du virus, les volailles vivantes constituant a priori la source de transmission principale de la maladie (d'autant que, nous l'avons mentionné dans les parties précédentes, certaines espèces peuvent être porteuses du virus sans présenter de signes cliniques de la maladie). Les conditions y sont réunies pour favoriser la transmission du virus à de nombreuses espèces différentes, étant données la promiscuité entre oiseaux lors du stockage et la permanence des mouvements d'oiseaux au sein du marché ou en provenance et à destination de l'extérieur (Martin V. et al., 2006 ; Delquigny T. et al., 2004 ; Webster R., 2004 ; Liu et al., 2003). Des animaux contaminés mais ne présentant pas de signe évident de maladie<sup>39</sup> peuvent par exemple être achetés et transportés dans un nouvel environnement, favorisant la dissémination du virus et parfois son introduction dans des régions jusque là indemnes de la maladie. Le retour des invendus présente également un risque à prendre en considération : des volailles saines peuvent être contaminées au marché par des oiseaux malades et répandre le virus lors de leur retour dans l'élevage d'origine si elles n'ont pu être vendues. Les petits éleveurs, transporteurs et commerçants vivent souvent en contact étroit avec les volailles qu'ils regroupent pendant leur stockage au marché, leur transport à bras, à moto, ou dans des transports en commun, entre fermes ou vers les marchés, ce qui crée des conditions optimales pour la diffusion du virus.

Des échantillons prélevés sur des marchés de volailles vivantes du Sud de la Chine entre 2002 et 2004 montrent que le virus H5N1 de génotype Z s'est maintenu dans les populations d'oiseaux aquatiques domestiques et au sein de ces marchés au cours de ces années (Martin

<sup>34</sup> Au cours de la dernière panzootie, plusieurs importations illégales de volailles et de produits dérivés en provenance de Chine ont pu être mises en évidence par les douanes de nombreux pays, comme en Espagne, en Italie ou au Brésil (Bonn D., 2006)

<sup>35</sup> La Thaïlande en compterait un million, la plupart n'étant pas enregistrés par les autorités

<sup>36</sup> D'après Sims et al. (2005), le virus H5N1 aurait initialement circulé chez des canards domestiques du Sud de la Chine, où le niveau d'infection serait faible mais probablement endémique

<sup>37</sup> De nombreux pays imposent actuellement des embargos sur l'importation de volailles et de produits dérivés en provenance de pays infectés par une grippe aviaire soumise à déclaration obligatoire

<sup>38</sup> Le commerce légal de volailles fait généralement l'objet d'inspections, dont la fiabilité reste cependant variable

<sup>39</sup> En particulier, en Asie et notamment en Thaïlande, la plupart des canards (dont certains ont un potentiel de porteurs sains) sont élevés en extérieur sans mesure de biosécurité, ce qui augmente le risque d'échange de virus avec les populations d'oiseaux sauvages ainsi que sur les marchés de volailles vivantes (Sims L.D., 2006)

V. et al., 2006). En 2004, plusieurs souches virales ont pu être isolées sur un marché de volailles vivantes au Vietnam. Leur caractérisation génétique a montré que ces souches étaient considérablement différentes de celles circulant dans le pays à cette période. Elles présenteraient des similitudes avec d'autres souches isolées chez des oiseaux aquatiques domestiques ailleurs en Asie entre 2001 et 2002 (Nguyen D.C. et al., 2005). Lors de l'émergence du virus H5N1 sur des marchés de Hong Kong, le gouvernement avait imposé une ségrégation des oiseaux par espèce sur ces marchés. De même, des fermetures périodiques ont été instituées en vue de rompre le cycle d'infection. Il semble que ces mesures aient permis de réduire l'incidence de l'infection.

De plus, en Asie du Sud-Est, le rôle des festivités de fin d'année dans la diffusion du virus (comme par exemple le festival Têt au Vietnam), périodes pendant lesquelles la demande en produits de volailles augmente considérablement, ainsi que les échanges commerciaux correspondants, a été évoqué à plusieurs reprises (concordance avec le début des premières vagues épizootiques, Pfeiffer D.U. et al., 2007).

Les exemples suivants illustrent également bien le rôle clef que peuvent jouer l'homme et le commerce d'oiseaux dans la diffusion du virus d'un pays voire d'un continent à un autre : En mai 2001, le virus H5N1 est isolé dans de la viande de canard importée en Corée depuis la Chine (Tumpey T.M. et al., 2003) ; en mai 2004, le même événement survient au Japon (Martin V. et al., 2006 ; Kishida et al., 2005). La première occurrence d'H5N1 sur le territoire européen, survenue en 2004, concerne deux aigles importés illégalement depuis la Thaïlande et interceptés par les douanes de l'aéroport de Bruxelles. En 2005, le virus est isolé chez des oiseaux importés visiblement de Taiwan et morts au cours de leur mise en quarantaine avant leur entrée sur le territoire britannique. En février 2006, l'épizootie de H5N1 rapportée au Nigeria est suspectée d'avoir pour origine l'importation illégale de volailles en provenance de Chine et de Turquie. Enfin, des investigations menées autour d'un foyer infectieux ayant touché un élevage en Angleterre en janvier 2007 (DEFRA, 2007) montrent que la source de contamination provenait sans doute de lots de viande de dinde contaminés importés de Hongrie (usine de transformation située à proximité de l'élevage).

**Figure 5 : Estimation de l'importance relative de différents facteurs de risque d'introduction du virus H5N1 dans la survenue de foyers d'infection au H5N1 entre décembre 2003 et février 2005, dans différents pays d'Asie**

Source : Morris R.S., Jackson R., 2005

**On comprend finalement que la question du rôle respectif joué par l'environnement et les oiseaux sauvages d'un côté, et les activités humaines et les mouvements commerciaux de l'autre, reste posée. A la vue des principaux résultats de recherche présentés précédemment, il convient de retenir que ces deux grands processus de diffusion**

**semblent jouer simultanément, l'un prédominant sur l'autre selon les cas d'émergence étudiés, ce qu'illustre bien le tableau synthétique de la figure 5. Il peut à présent être intéressant d'estimer plus précisément la part respective de chacun de ces facteurs de risque dans l'émergence du virus sur une zone géographique donnée, la Thaïlande en l'occurrence.**

## **1.6 Synthèse : de nouvelles caractéristiques épidémiologiques et des processus de diffusion encore largement méconnus**

La situation actuelle et les études récentes menées sur le virus H5N1 d'origine asiatique ont modifié la perception de cette virose et de son épidémiologie, que l'on croyait pourtant bien connaître.

Auparavant, le profil épidémiologique "conventionnel" de la maladie reposait, de manière synthétique, sur les éléments suivants : maladie virale affectant les volailles, virus principalement disséminé sous des formes faiblement pathogènes par les oiseaux sauvages (en particulier les oiseaux aquatiques migrateurs), chez lesquels il produit une infection inapparente, transmission occasionnelle du virus aux volailles par les déjections de ces oiseaux, virus initialement peu pathogène chez les oiseaux domestiques mais pouvant évoluer rapidement vers une forme hautement pathogène dans de rares cas (en raison de mutations survenues sur des sous-types H5/H7), pouvant ensuite entraîner une diffusion secondaire associée principalement à des activités humaines (Alexander D.J., 2007).

Au cours de la dernière décennie et plus particulièrement depuis 2002, la circulation des virus de la grippe aviaire HP en Asie s'est accompagnée d'une modification majeure de l'épidémiologie de la maladie et de sa compréhension. En particulier, le virus H5N1 présente de nouvelles caractéristiques qui le rendent plus spécifiquement dangereux, et requière de ce fait une attention particulière :

- Statut panzootique et émergent :  
Très large distribution de l'épizootie (cf. § 2.1.1), qui touche par ailleurs des régions à forte activité avicole ; augmentation soudaine et rapide du nombre de foyers ces 10 dernières années et impact sans précédent en terme de nombre d'oiseaux infectés et/ou tués (le retard pris dans les déclarations d'infection et dans la mise en place de mesures de biosécurité ayant parallèlement contribué à la propagation du virus).
- Circulation du virus H5N1 à des espèces d'oiseaux habituellement considérées comme peu sensibles à ce dernier, parfois de manière asymptomatique, et qui peuvent dès lors participer à sa diffusion (en particulier les oiseaux sauvages aquatiques) ;
- Franchissement de la barrière d'espèces et transmission directe clairement établie d'un virus aviaire à l'homme :  
Le virus H5N1 s'est avéré apte à infecter des espèces différentes, reconnues comme exceptionnelles ou inconnues jusqu'alors, comme les félinés, qui pourraient participer au cycle de maintien et de transmission du virus à l'homme. En 1997, la transmission d'un virus influenza aviaire provenant directement des oiseaux à l'homme sans passage par le porc (habituellement considéré comme un hôte intermédiaire) a été clairement mise en évidence. Depuis cette date, ce mode de transmission a été confirmé plusieurs fois.
- Profil de pathogénicité modifié, augmentation (en particulier chez les volailles) et modification permanente (en particulier chez les canards) de la virulence du virus :  
Au cours de l'épizootie qui a touché l'Asie, on a observé une accentuation du pouvoir pathogène des souches virales. En 2004, la virulence fut telle que la mortalité chez les volailles domestiques se manifestait fréquemment en moins de 24 heures. En outre, dès 2002, plusieurs souches de grippe aviaire se sont avérées hautement pathogènes chez des oiseaux sauvages et ont été capables d'entraîner la mortalité de nombreux oiseaux (oies à tête barrée du lac de Quinghaï en Chine notamment). Devenu très pathogène

chez le canard sauvage ou d'élevage, le virus H5N1 a par la suite de nouveau perdu en pathogénicité dès 2004.

- Variabilité de la sensibilité au virus, et donc du potentiel asymptomatique des espèces aquatiques, ainsi que du pouvoir contagieux (selon l'espèce et l'âge des oiseaux principalement) : mécanismes de transmission encore largement inconnus, compliquant d'autant plus la compréhension de l'épidémiologie du virus, et en particulier de ses modalités d'introduction dans de nouveaux élevages de volailles (le potentiel évolutif du virus compliquant déjà parallèlement le suivi phylogénétique des souches virales).
- Rôle potentiel des oiseaux sauvages (notamment porteurs sains) dans la diffusion de formes HP à des volailles, à moyenne et longue distance, sujet à controverse ; mise en évidence parallèle du rôle complémentaire et souvent prédominant des activités humaines et du commerce avicole.

Le tableau de la figure 25 au § 3.1 complète cette synthèse en reprenant plus spécifiquement les points d'intérêt relatifs à la problématique de recherche, et en tenant compte également des données du chapitre 2.

## Chapitre 2 Contexte thaïlandais et risques associés

### 2.1 Caractéristiques temporelles et spatiales de l'épizootie à H5N1 en Asie et en Thaïlande

#### 2.1.1 Propagation de l'épizootie depuis l'Asie de l'Est vers la Thaïlande, puis vers d'autres continents

Figure 6 : Pays touchés par la panzootie d'HPAI à H5N1, par grandes zones géographiques, et année de déclaration (mise à jour au 1<sup>er</sup> avril 2008)

Asie de l'Est et du Sud-Est	Mongolie, Russie, Asie Centrale et Moyen-Orient	Europe	Afrique
10 pays	18 pays	22 pays	11 pays
<ul style="list-style-type: none"> <li>- Cambodge, 2004 (1) (3)</li> <li>- Chine (dont Hong Kong), 1996 (1) (2) (3) (4)</li> <li>- Corée du Sud, 2003 (1) (3)</li> <li>- Indonésie, 2004 (1) (4)</li> <li>- Japon, 2004 (1) (3)</li> <li>- Laos, 2004 (1)</li> <li>- Malaisie, 2004 (1) (3)</li> <li>- Myanmar, 2006 (1)</li> <li>- Thaïlande, 2004 (1) (3) (4)</li> <li>- Vietnam, 2004 (1) (4)</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Afghanistan, 2006 (1)</li> <li>- Arabie Saoudite, 2007 (1) (2)</li> <li>- Azerbaïdjan, 2006 (1) (3) (4)</li> <li>- Bangladesh, 2007 (1)</li> <li>- Géorgie, 2006 (3)</li> <li>- Inde, 2006 (1)</li> <li>- Irak, 2006 (1) (4)</li> <li>- Iran, 2006 (1) (3)</li> <li>- Israël, 2006 (1)</li> <li>- Jordanie, 2006 (1)</li> <li>- Kazakhstan, 2005 (1) (3)</li> <li>- Koweït, 2005 (1) (2)</li> <li>- Mongolie, 2005 (3)</li> <li>- Pakistan, 2006 (1) (2) (3)</li> <li>- Palestine, 2006 (1)</li> <li>- Russie, 2005 (dont Sibérie) (1) (3)</li> <li>- Turquie, 2005 (1) (3) (4)</li> <li>- Ukraine, 2005 (1) (3)</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Albanie, 2006 (1)</li> <li>- Allemagne, 2006 (1) (2) (3)</li> <li>- Autriche, 2006 (2) (3)</li> <li>- Bosnie-Herzégovine, 2006 (3)</li> <li>- Bulgarie, 2006 (3)</li> <li>- Croatie, 2005 (3)</li> <li>- Danemark, 2006 (1) (3)</li> <li>- Ecosse, 2006 (3)</li> <li>- Espagne, 2006 (3)</li> <li>- France, 2006 (1) (3)</li> <li>- Grèce, 2006 (3)</li> <li>- Hongrie, 2006 (1) (3)</li> <li>- Italie, 2006 (3)</li> <li>- Pologne, 2006 (1) (3)</li> <li>- République Tchèque, 2006 (1) (3)</li> <li>- Roumanie, 2005 (1) (3)</li> <li>- Royaume-Uni, 2006 (1) (3)</li> <li>- Serbie, 2006 (1) (3)</li> <li>- Slovaquie, 2006 (3)</li> <li>- Slovénie, 2006 (3)</li> <li>- Suède, 2006 (1) (2) (3)</li> <li>- Suisse, 2006 (3)</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Bénin, 2007 (1)</li> <li>- Burkina Faso, 2006 (1)</li> <li>- Cameroun, 2006 (1) (3)</li> <li>- Côte d'Ivoire, 2006 (1) (3)</li> <li>- Djibouti, 2006 (1) (4)</li> <li>- Egypte (1) (4)</li> <li>- Ghana, 2006 (1) (4)</li> <li>- Niger, 2006 (1)</li> <li>- Nigeria, 2006 (1) (3)</li> <li>- Soudan, 2006 (1)</li> <li>- Togo, 2007 (1)</li> </ul>

(1) foyers déclarés chez des volailles d'élevage / (2) foyers déclarés chez des oiseaux domestiques captifs / (3) foyers déclarés chez des oiseaux sauvages / (4) cas humains

Source : OIE; OMS; FAO; Whitworth D. et al., 2007

La présence du virus H5N1 en Asie est mise en évidence pour la première fois chez des oies commerciales malades de la province du Guangdong en Chine méridionale, en 1996. L'origine précise de cette introduction reste inconnue. Par la suite, le virus est détecté à plusieurs reprises chez des canards dans des provinces côtières du Sud de la Chine, et continue depuis à circuler dans le sud du pays (Sims et al., 2005). En 1997, des foyers infectieux sont déclarés à Hong Kong chez des volailles (puis à nouveau en 2001, dans des marchés de volailles vivantes), le virus affectant sévèrement des humains pour la première fois et exprimant à cette occasion son potentiel zoonotique. La souche virale retrouvée en 1996 en Chine serait à

l'origine de l'infection survenue à Hong Kong (Martin V. et al., 2006). En 2001, le virus est détecté sur des marchés du Nord du Vietnam chez des oies ne présentant pas de signes cliniques de la maladie.

La situation probablement endémique (virus isolé continuellement depuis 1997 au cours de surveillances de routine à Hong Kong et en Chine) et de faible prévalence qui a suivi l'épisode épizootique de Hong Kong a changé de façon brutale au cours de l'hiver 2003-2004, quand le virus a été largement détecté dans la zone Est- et Sud-Est-asiatique : Corée du Sud, Vietnam, Japon, Thaïlande, Cambodge, Chine (dont Hong Kong), Laos, Indonésie. La présence de l'H5N1 à H5N1 dans la filière avicole thaïlandaise est annoncée officiellement par le Premier ministre le 23 janvier 2004. Il semble que la maladie ait été présente dès la fin de l'année 2003<sup>40</sup>, mais qu'un certain nombre de foyers n'aient pas été officiellement déclarés à cette période, les taux de mortalité anormalement élevés affectant les élevages avicoles étant attribués à d'autres maladies sévissant habituellement dans la région, en particulier à cette période de l'année, avant la saison humide (telles que la maladie de Newcastle, la maladie de Gumboro, le choléra aviaire, etc.). La pandémie atteint la Malaisie (neuvième pays de la zone) en août 2004, puis le Myanmar en mars 2006. Cette même année, le virus touche des élevages de volailles dans 8 autres pays asiatiques (Irak, Inde, Azerbaïdjan, Pakistan, Afghanistan, Jordanie, Israël et les Territoires palestiniens, alors que d'autres pays avaient déjà été touchés en 2005, cf. figure 6), 3 pays européens (Albanie, France et Suède), 6 pays africains (Egypte, Nigeria, Cameroun, Niger, Burkina-Faso, Côte d'Ivoire), et il est détecté chez des oiseaux sauvages dans 24 pays d'Asie et d'Europe.

Au 1<sup>er</sup> avril 2008, 61 pays ont rapporté des foyers de H5N1 chez des oiseaux sauvages ou des volailles domestiques depuis 2003, dont 48 chez des volailles domestiques (cf. figure 6 et chronologie du virus H5N1 en annexe 2).

**Figure 7 : Distribution géographique des foyers d'H5N1 chez des volailles d'élevage et des oiseaux sauvages (mise à jour au 5 septembre 2007)**

Source: Whitworth D. et al., 2007

<sup>40</sup> Fin 2003, une mortalité anormalement élevée est mise en évidence au sein de nombreuses fermes avicoles de la région centrale et du Nord du pays

## 2.1.2 Progression temporelle

**Figure 8 : Répartition temporelle des déclarations de cas d'infection au H5N1 dans les élevages de volailles de Thaïlande, de 2004 à 2005**

Source : Tiensin T. et al., 2007

La Thaïlande a connu 5 vagues épizootiques successives au sein de la filière avicole depuis début 2004. La répartition temporelle des cas est malgré tout continue et ne montre pas d'interruption marquée de la maladie (délai maximum entre 2 cas de moins d'une semaine). Entre 2004 et 2005, 3 vagues épizootiques séparées par des périodes avec de faibles reports de cas se sont succédées (cf. figure 8). L'ampleur de la dernière vague épizootique est nettement moindre alors que les efforts de contrôle et de surveillance se sont amplifiés.

Mi-décembre 2003, la maladie est déclarée en Corée du Sud, au Vietnam et au Japon. Un vaste programme de surveillance national est aussitôt mis en place au niveau de la filière à la mi-janvier 2004. Des échantillons cloacaux sont prélevés dans des troupeaux de volailles à travers le pays et envoyés pour analyse dans divers laboratoires. Le 23 janvier 2004, le laboratoire national de référence (NIAH, National Institute of Animal Health) confirme officiellement la présence du virus H5N1 dans une ferme de poules pondeuses de la province de Suphanburi (région Centre, district de Bangplama). Le même jour, le MOPH (Ministry of Public Health) déclare 2 cas d'infection au H5N1 chez des enfants des provinces de Suphanburi et de Kanchanaburi (région Centre), événement qui corrobore l'hypothèse d'une présence du virus dans le pays dès la fin 2003. Lors de la première semaine d'épizootie, 149 nouveaux cas sont déclarés chez des volailles de 144 villages différents, appartenant à 32 provinces. Sur le graphique de la figure 8, on observe un pic dans le nombre de cas recensés lors de cette première semaine, tandis que les effectifs diminuent fortement après la mise en place des premières mesures sanitaires de contrôle. Cependant, au début de l'épizootie, les troupeaux détruits durant la campagne d'abattage massif n'ont pas subi de tests virologiques, ce qui a sans doute conduit à une sous-estimation des cas. De plus, la première vague épizootique correspond à une période d'urgence sanitaire, durant laquelle les données épidémiologiques n'ont pas pu être collectées de manière très rigoureuse. La difficulté d'identification clinique de la maladie chez les canards et dans les petits élevages de basse-cour a également parallèlement pu compliquer la détection (Songserm T. et al., 2006 ; Sturm-Ramirez K.M. et al., 2005). La première vague épizootique se prolonge jusqu'en mai 2004 (dernier cas rapporté le 24 mai dans une ferme de poules pondeuses de la province de Chiangmai, dans le Nord). Après une nette diminution des cas, le virus réémerge en juillet 2004 lors d'une seconde vague épizootique, qui se poursuit jusqu'à début 2005. Les premiers cas sont rapportés dès le 3 juillet dans des fermes de volailles pondeuses des provinces d'Ayuthaya et de Pathumthani, au Nord

de Bangkok. Les premières semaines, un à 5 cas sont détectés par jour et un pic est atteint à la mi-octobre avec 61 cas par jour. Les taux d'incidence hebdomadaires commencent à diminuer dès la fin du mois d'octobre, avec un dernier report de cas le 12 avril. En tout, 1 538 cas sont enregistrés lors de la deuxième flambée épizootique, soit un nombre 8 fois supérieur à celui caractérisant la première vague. Cette forte augmentation du nombre de cas peut être attribuée à l'amélioration de la surveillance à cette période (cf. § 2.3). Par ailleurs, la plupart des foyers infectieux se sont déclarés d'octobre à février, ce qui correspond à une période de températures plus faibles en Thaïlande, ainsi qu'à une période où des populations d'oiseaux sauvages en provenance d'Asie Centrale et d'Asie du Nord migrent dans le pays (Ellis T.M. et al., 2004). Les conditions saisonnières (climat, migration) pourraient avoir joué un rôle dans la réémergence du virus en Thaïlande, dans son maintien dans l'environnement et sa diffusion (Songserm T. et al., 2005). Plusieurs périodes de festivités, associées à une augmentation des échanges commerciaux de volailles, surviennent à la fin de l'année et ont également pu jouer un rôle. Une troisième vague épizootique est observée dès juillet 2005 pour une durée de 5 mois (dernier cas observé le 9 novembre).

Au cours de l'année 2004, 1 687 troupeaux (1 564 cas à partir du mois de juillet) sont atteints dans 1 417 villages et 60 des 76 provinces du pays (Tiensin T. et al.). En 2005, 182 cas d'infection sont rapportés dans 21 provinces.

On observe des pics d'incidence au cours et suite aux « X-ray surveys » (programmes nationaux de surveillance active, cf. § 2.3), en particulier lors des premières campagnes, en octobre-novembre 2004 et en février 2005. Ceci traduit une sous-déclaration des cas en période normale. Il est notamment probable que les petits éleveurs ne notifient pas la perte de faibles nombres d'oiseaux aux autorités en période de surveillance de routine. L'histogramme montre également une allure en dents de scie à l'échelon hebdomadaire, ce qui évoque un sous-report des cas en fin de semaine et une déclaration en début de semaine des cas survenus le week-end. Ceci est probablement lié à l'arrêt des activités de surveillance le samedi et le dimanche.

En juillet 2006, après une période de faible incidence, le virus réémerge dans deux provinces du Sud de la région Nord ainsi que dans le Nord-Est du pays, où le virus est également mis en évidence chez des oiseaux sauvages. Entre 2006 et 2008, la surveillance est toujours aussi forte et pourtant, moins de 10 cas sont confirmés en tout (3 cas en 2006, 4 cas en 2007, et 2 cas en 2008<sup>41</sup>, au 1<sup>er</sup> février). Les mesures de détection précoce et de contrôle rapide mises en place dès la deuxième vague épizootique se sont finalement montrées efficaces, même si le virus continue à circuler dans le pays de manière sporadique<sup>42</sup>.

### 2.1.3 Distribution spatio-temporelle

Les foyers sont concentrés dans la région centrale, au Sud de la région Nord et à l'Est<sup>43</sup> du pays, aires géographiques où l'on trouve des zones humides et des rizières, et où les densités de volailles sont importantes. Les régions Centre et Nord regroupent 85% des cas d'infection constatés les deux premières années (en particulier, mise en évidence d'une agrégation des cas au sein de 4 provinces du Sud de la région Nord et d'une province de la région Centre, Tiensin T. et al., 2006). Des tests géostatistiques menés sous SIG (Système d'Information Géographique) par Souris M. et al. en 2008 confirment que la distribution spatiale des cas d'infection au H5N1 n'est pas aléatoire, et que l'on est bien en présence de clusters géographiques dans les zones précitées (regroupement statistiquement significatif des fermes infectées). Le caractère non aléatoire du regroupement spatial des cas persiste même lorsque l'on ajuste l'analyse sur les effectifs de fermes et de volailles, pour prendre en compte la structure spatiale de la population avicole.

<sup>41</sup> Le 27 janvier 2008, plusieurs suspicions de cas sont enregistrées par le DLD dans 3 provinces (Nong Khai, Chiang Rai and Ratchaburi), concernant à chaque fois des volailles de basse-cour

<sup>42</sup> Les épizooties d'influenza aviaire HP sont en général maîtrisées rapidement par la mise en place de mesures très restrictives telles que l'abattage exhaustif des volailles sur l'ensemble du périmètre concerné. Etant donné l'étendue de la maladie en Thaïlande dès les premiers reports de cas début 2004 (détection ou du moins déclaration trop tardive de la maladie), ce type de mesures ne pouvait être appliqué dans des délais raisonnables.

<sup>43</sup> Regroupant les régions Nord-Est et Sud-Est, selon le maillage présenté en figure 9

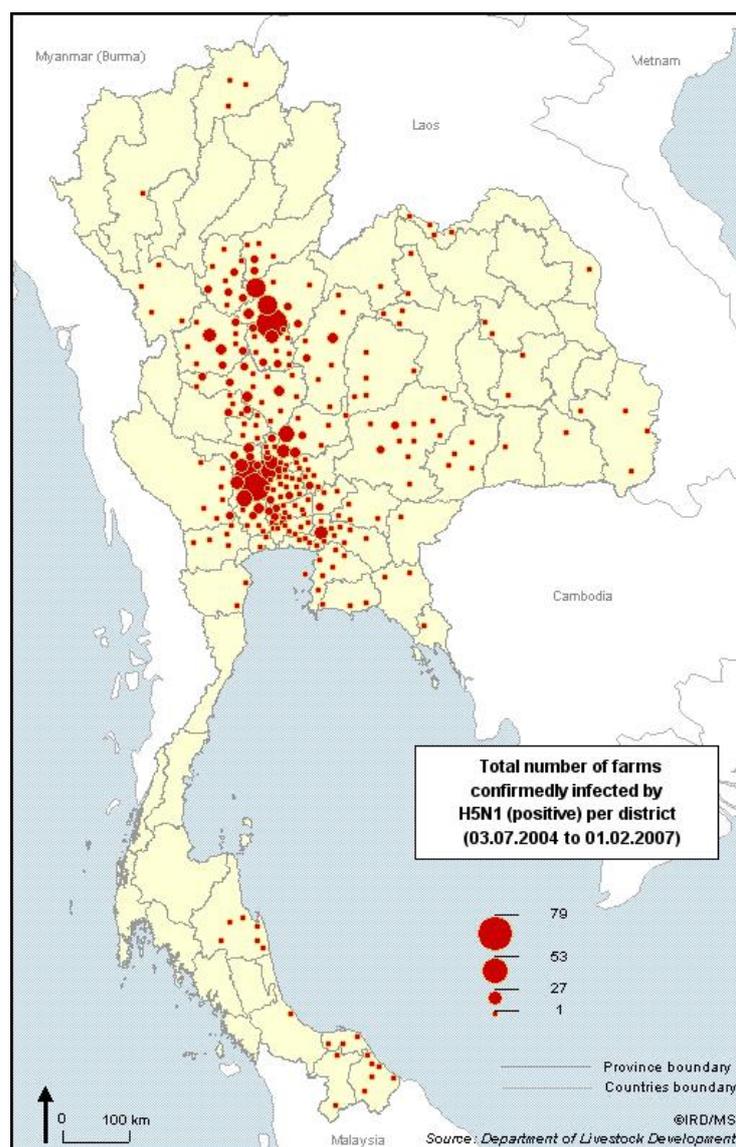
**Figure 9 : Répartition géographique des différentes régions\* thaïlandaises**

\* La région ne constitue pas une maille administrative officielle en Thaïlande, et, selon les sources, certaines régions peuvent être agrégées entre elles, ou à l'inverse découpées en plusieurs zones. Le maillage représenté ici est utilisé dans le cadre de la plupart des études épidémiologiques citées dans ce rapport.

Source : Tiensin T. et al., 2005

Durant la première vague, les foyers d'infection sont localisés dans 188 villages, touchant 42 des 76 provinces du pays, les cas sont répartis sur toute la Thaïlande et plus particulièrement au centre du pays (43%), au Sud de la région Nord (37%), et à l'Est (9%), avec quelques cas sporadiques ailleurs dans le Nord et seulement un cas dans le Sud. Durant la deuxième vague, 1 243 villages de 51 provinces sont touchés. Les cas sont concentrés dans les régions Centre et Nord où les troupeaux de poulets et de canards sont plus abondants. Au niveau de la région Nord, 99% des cas sont détectés dans le Sud de la région. Ailleurs dans le pays, dans des zones où la densité de fermes avicoles est moindre, seuls quelques cas sporadiques sont enregistrés. Le risque relatif d'infection dans les élevages de volailles, basé sur les incidences cumulées sur l'année 2004, est 3,7 fois supérieur au niveau de la région Centre et 1,3 fois supérieur à l'Est, en comparaison avec la région Nord (Tiensin T. et al., 2005). En 2005, la majorité des foyers est toujours observée dans le Sud de la région Nord (60%) et dans le Centre du pays (33%). Aucun foyer n'est constaté dans le Sud du pays au cours de cette même année. Les densités de volailles, les conditions environnementales locales (zones humides naturelles, plans d'eau, et rizières notamment) et les pratiques d'élevage caractérisant ces régions semblent constituer des facteurs de risques de survenue de la maladie. Certaines études montrent qu'une forte association existe entre les populations de canards élevés en plein air dans les zones rizicoles de la Plaine centrale et la diffusion du virus dans la région Centre (Gilbert M. et al., cf. § 2.2.3).

**Figure 10 : Distribution spatiale des cas confirmés d'HPAI à H5N1 en Thaïlande, de juillet 2004 à février 2007, par district**



Source : IRD, AIT, Mahidol University (Faculty of Science). <http://www.rsgis.ait.ac.th/~souris/HPAI/index.html>

## 2.2 Contexte avicole thaïlandais

### 2.2.1 Un secteur avicole très développé et compétitif

La filière avicole a connu des changements importants ces 20 dernières années. D'une production essentiellement rurale de poulets de basse-cour commercialisée sur le marché domestique avant 1980, le secteur s'est orienté vers une production industrielle et moderne, gagnant en compétitivité sur le marché international de la viande de poulet (Costales A., 2004). L'augmentation de la demande locale et à l'exportation a favorisé ce développement. Les initiatives et investissements menés par le secteur privé en faveur d'un progrès technologique, de même que les efforts de réorganisation de la filière et la stratégie politique nationale de soutien aux initiatives privées et à l'exportation, y ont également fortement contribué. L'adoption du système de refroidissement des bâtiments d'élevage (« Evaporative cooling system » ou EVAP) dans 60% des fermes spécialisées en volailles de chair a par exemple permis d'augmenter sensiblement la productivité des élevages ces dernières années (Tiensin T. et al., 2006). L'industrie des volailles pondeuses a également connu une croissance rapide, bien que

moins importante<sup>44</sup> (90% des œufs produits dans le pays sont destinés à la consommation domestique, mais l'augmentation de la consommation nationale a cependant suffi à stimuler cette croissance).

Les exportations de viande de volaille ont ainsi considérablement augmenté, passant de 33 000 tonnes en 1983 à 530 000 tonnes en 2003 (DLD, 2004 ; Sirimongkolkasem A., 2002). Avant 2004, la Thaïlande se plaçait parmi les premiers exportateurs de viande de poulet au monde (premier exportateur asiatique) et produisait de l'ordre de 0,8 à 1 billion de poulets par an (NESDB, 2005 ; Sirimongkolkasem A., 2002 ; Tiensin T. et al., 2005).

**Figure 11 : Principaux pays exportateurs de viande de volaille dans le monde**

**Figure 12 : Quantités de volailles abattues au niveau des principaux pays producteurs**

---

<sup>44</sup> La croissance qu'a enregistré la filière avicole peut être attribuée pour l'essentiel à la production industrielle de poulets de chair. La filière industrielle des volailles pondeuses n'a pas suivi la même évolution et son organisation n'est pas aussi concentrée que dans le cas des volailles de chair (en raison notamment d'exigences technologiques moindres). De grandes unités de production indépendantes et des coopératives commerciales se sont regroupées et se partagent aujourd'hui le marché.

**Figure 13 : Quelques données statistiques sur la filière avicole thaïlandaise et sa croissance**

	Année				Taux de croissance annuel (%)	
	1980	1990	2000	2002	1980-1990	1990-2000
Effectifs de volailles (en milliers)	67 258	125 980	252 843	260 527	6,5	7,2
Production de volailles (en milliers de tonnes)	351,6	667,8	1 194,2	1 413,8	6,6	6,0
Production d'œufs (en milliers de tonnes)	425,5	725,1	807,3	842,0	5,5	1,1
Consommation de volailles (en milliers de tonnes)	327,3	513,3	822,3	897,7	4,6	4,8
Consommation d'œufs (en milliers de tonnes)	332,4	571,0	614,6	599,0	5,6	0,7
Exportations de volailles (en pourcentage de la production)	5,28	21,53	33,13	39,05		
Exportations d'œufs (en pourcentage de la production)	0,18	0,85	0,62	0,24		
Importations de volailles (en pourcentage de la production)	0,01	0,02	0,04	0,11		

Source : FAOSTAT (FAO, AGAL, 2005)

Les grands producteurs thaïlandais ont bénéficié des mesures sanitaires mises en place par les autorités (réorganisation en bassins de production, zones tampons sans élevage de volailles), qui ont permis de freiner la propagation du virus. En outre, la réorientation des filières d'exportation sur des produits traités thermiquement, non soumis aux barrières sanitaires liées à l'influenza aviaire, est en train de porter ses fruits : la production a progressé de 10,9% en 2006, dépassant 1,1 million de tec (tonnes équivalent carcasse). Elle demeure toutefois en deçà de son niveau d'avant crise, qui avait atteint 1,45 million de tec par an. Les flux d'exportation, qui avaient été divisés par trois en 2004, se rétablissent progressivement. Ils ont progressé de près de 10% en 2006 mais restent encore largement inférieurs au niveau record qui avait été enregistré en 2003. Les consommateurs semblent également avoir retrouvé une certaine confiance. La consommation intérieure s'est redressée (+ 11% en 2006) mais reste encore significativement inférieure à ce qu'elle était avant les crises du SRAS et de l'influenza aviaire.

### 2.2.2 Effectifs, principaux types de volailles, et distribution spatiale de l'activité

Les effectifs totaux de volailles en Thaïlande peuvent être estimés au moyen des recensements statistiques effectués par le NSO (National Statistical Office) et le DLD (Department of Livestock Development). Ces deux sources de données avancent des chiffres sensiblement différents, en lien notamment avec des méthodes de recueil des données distinctes (cf. § 4.1.3), fournissant ainsi des estimations globales de la population de volailles et des unités de production avicole dans le pays (cf. derniers tableaux de la figure 31). La Thaïlande comptait ainsi, en 2003-2004, entre 196 et 274 millions de têtes de volailles (entre 180 et 250 millions de poulets, et entre 16 et 25 millions de canards), pour un nombre de fermes compris entre 1,3 et 2,1 millions (entre 1 et 1,7 millions de fermes à poulets, et entre 0,3 et 0,4 millions de fermes à canards). En 2000, le nombre total de volailles intervenant dans les activités commerciales et semi-commerciales de la filière était estimé à 217 millions d'oiseaux, élevés dans environ 31 000 fermes (Costales A., 2004), comprenant 42% de volailles de chair, 34% de poulets dit « native », 11% de poules pondeuses, et 13% de canards tous types confondus (FAO ; Tiensin T. et al., 2006 ; Tiensin T. et al., 2005).

**Figure 14 : Effectifs de volailles et de fermes commerciales et semi-commerciales, par type de production, en 2000**

Source : Costales A., 2004 (FAO)

Les cartes de la figure 15 montrent la distribution spatiale des densités de fermes et de volailles<sup>45</sup>, d'après les données statistiques du NSO de 2003. Les fermes à poulets (cf. carte A) sont concentrées au niveau de l'Est du pays, de la Plaine centrale, du Nord et du Sud du pays, tandis que les densités de têtes de volailles (cf. carte B) suivent la même tendance mais de manière moins nette. En particulier, les fortes densités sont davantage réparties sur l'ensemble de la région Centre. Un nombre important d'élevages industriels et commerciaux possédant de grands troupeaux s'y concentrent en effet, notamment en lien avec les activités de poulets de chair (cf. carte E) et de poules pondeuses (cf. carte F), qui sont davantage réparties en périphérie de la zone centrale (l'élevage non spécialisé indépendant, avec des troupeaux en moyenne plus petits, étant mieux représenté dans l'Est du pays, cf. carte G). Les fermes à canards (cf. carte C) sont quant à elles concentrées dans l'Est du pays, le Sud et la Plaine centrale, tandis que les densités de volailles (cf. carte D) montrent que les effectifs les plus importants se trouvent au niveau du Centre, où, de même que pour les poulets, les tailles de troupeaux y sont globalement supérieures (en lien notamment avec les activités de canards pondeurs et « free-grazing » le long de la Plaine centrale, et de canards de chair dans le Sud de la zone centrale, cf. cartes H et I, respectivement).

Concernant l'activité avicole de type commercial à semi-commercial, la distribution spatiale des unités de production possède les caractéristiques suivantes (Costales A., 2004), relativement semblables à celles correspondant à l'ensemble des fermes tous types de production confondus, présentées précédemment :

- La région centrale<sup>46</sup> comprend l'activité (traduite en nombre d'unités de production) la plus importante, puis viennent la région Nord, le Nord-Est et enfin le Sud.
- Les densités de volaille les plus fortes sont enregistrées dans les régions Centre et Est.
- L'activité de certains types d'unités de production est concentrée dans certaines régions, tandis qu'elle peut être largement dispersée sur le territoire national pour d'autres. Certaines zones concentrent ainsi une activité plus industrielle tandis que d'autres zones regroupent une large gamme de types d'unités de production (allant de la ferme industrielle à la ferme de taille réduite).

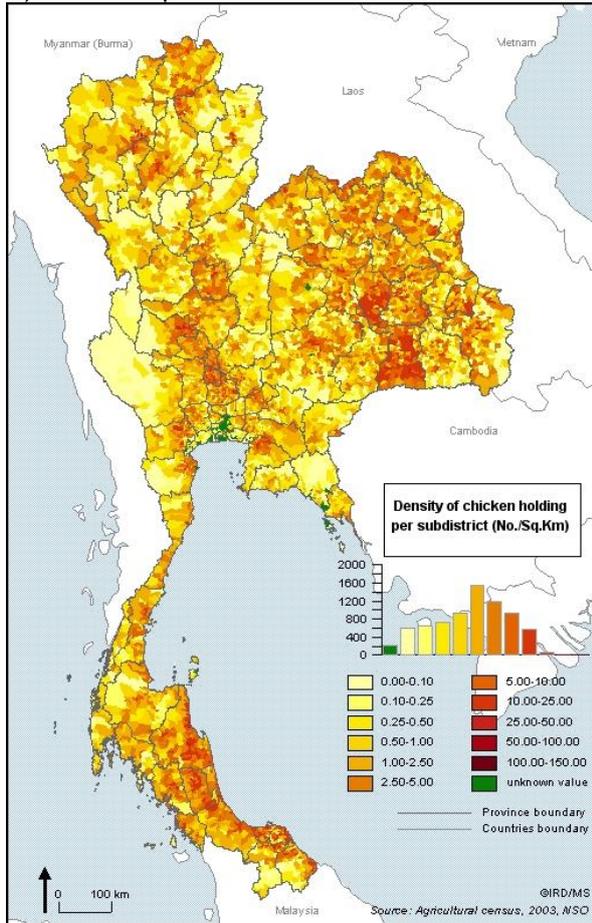
L'activité de production de poulets de chair (cf. figure 16) est concentrée dans la région Centre. Elle est dominée par des fermes de grande taille (plus de 2 000 oiseaux, mais le plus souvent moins de 5 000 oiseaux).

<sup>45</sup> La méthode de discrétisation par classes d'amplitudes égales a visiblement été privilégiée sur ces cartes téléchargées sur le site du programme commun IRD/AIT d'étude de l'HPAI à H5N1 (<http://www.rsgis.ait.ac.th/~souris/HPAI/index.html>). Il est utile de rappeler que cette méthode convient bien dans le cas de distributions uniformes, voire normales. Elle déséquilibre en revanche fortement le poids de chaque classe lorsqu'il faut discrétiser une distribution asymétrique, et perd la spécificité de la distribution dans le cas d'une répartition plurimodale (Rican S., 1998). Dans notre cas, ce choix peut ainsi conduire à des limites d'interprétation. Concernant par exemple les « layer-chicken », la majorité des sous-districts se retrouvent dans les premières classes (représentées en jaune clair) du fait de l'asymétrie de la distribution.

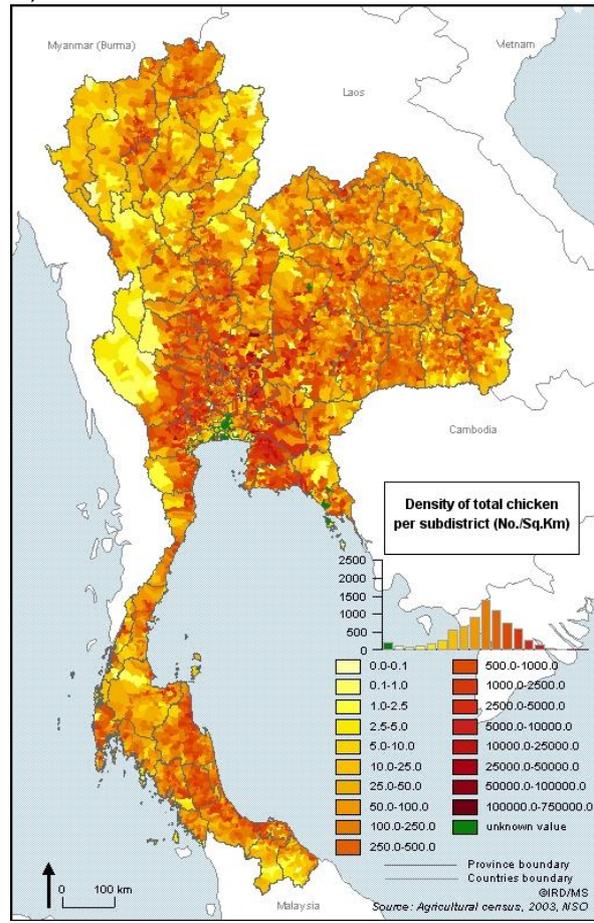
<sup>46</sup> Regroupant dans ce cas les régions Centre et Sud-Est de la figure 9

**Figure 15 : Distributions spatiales des densités d'élevages avicoles et de volailles en Thaïlande, par type d'espèce et d'élevage, à l'échelle des sous-districts**

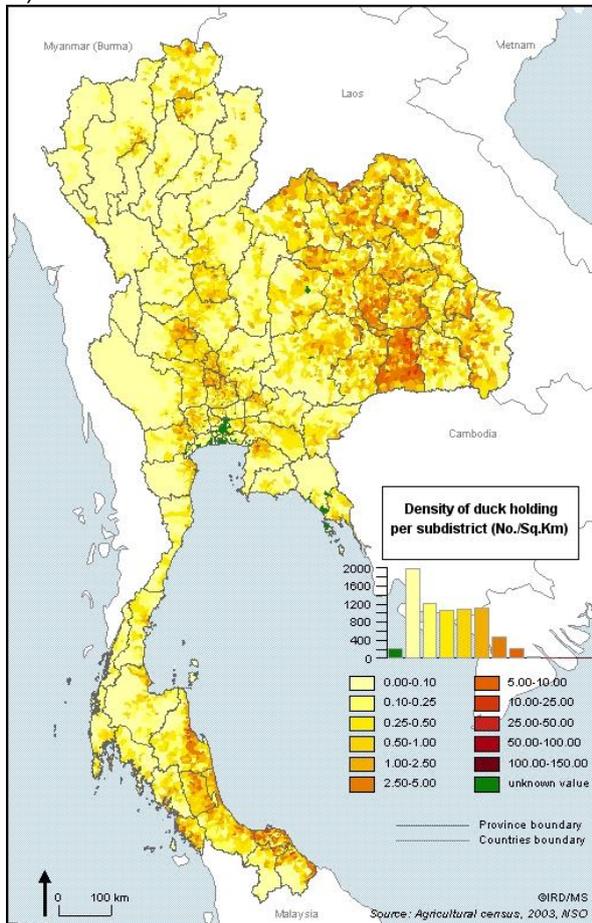
A) Fermes à poulets



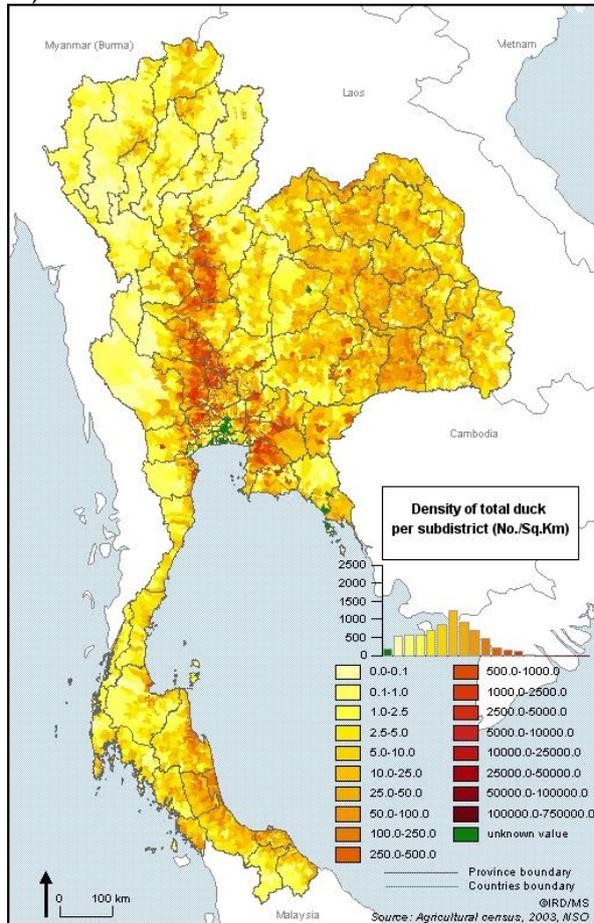
B) Poulets



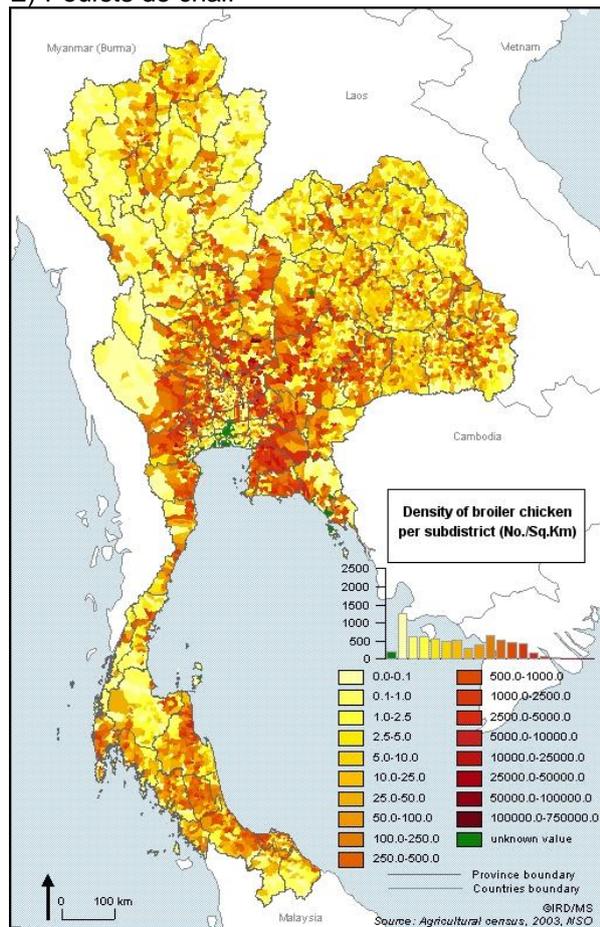
C) Fermes à canards



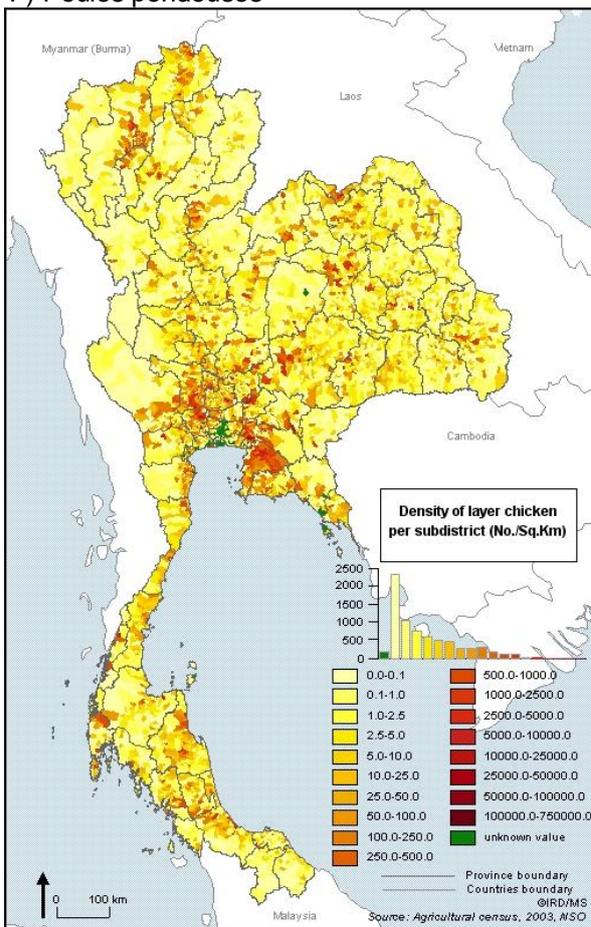
D) Canards



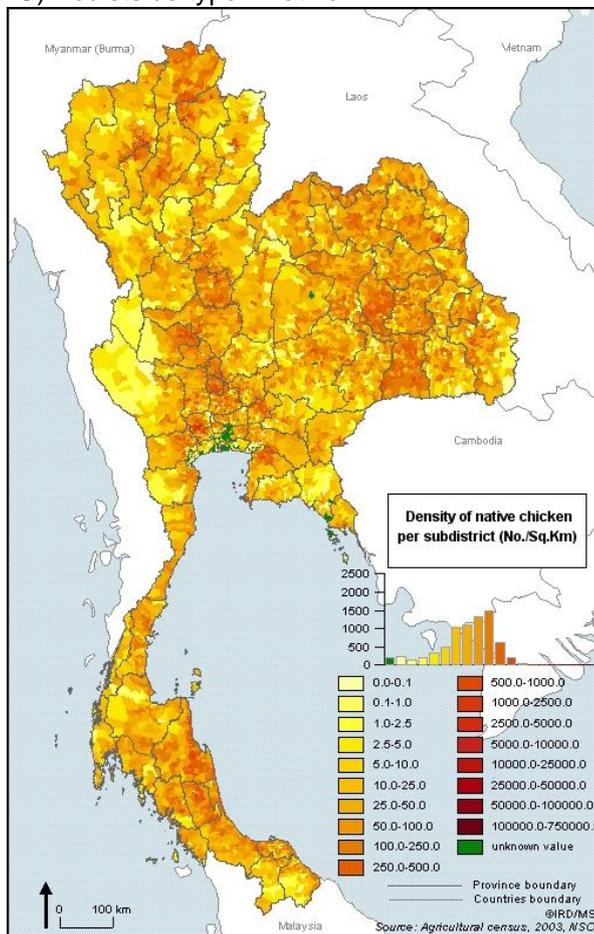
E) Poulets de chair



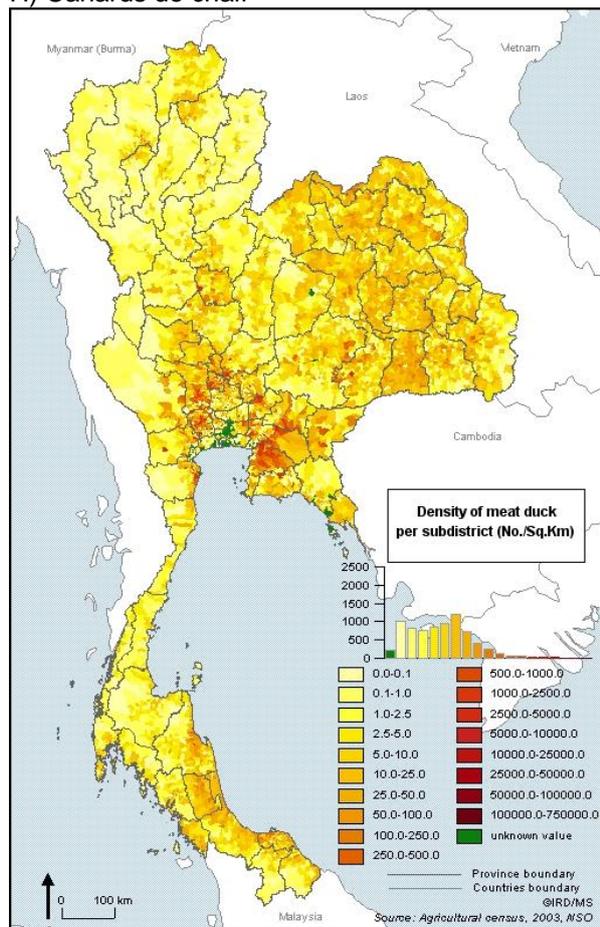
F) Poules pondeuses



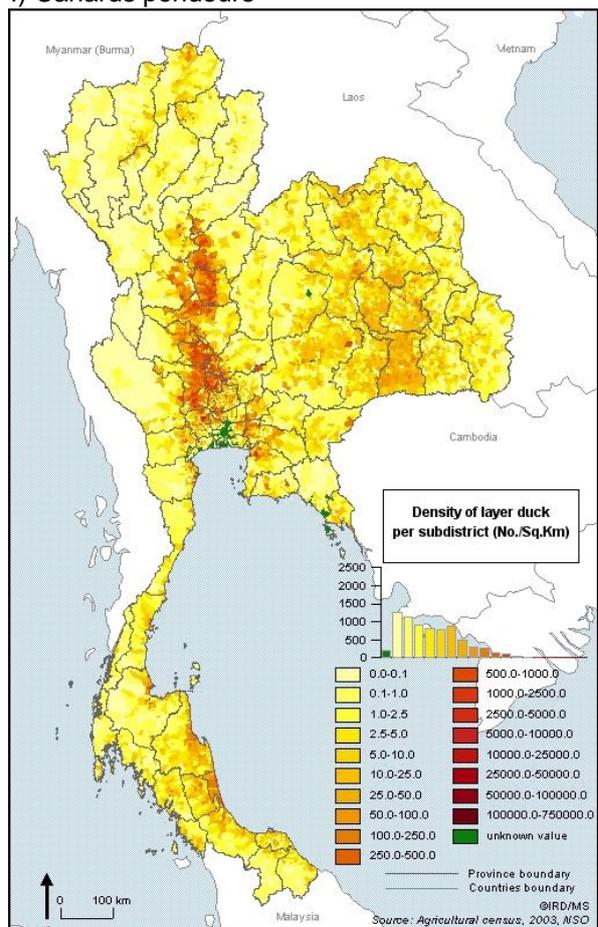
G) Poulets de type « native »



H) Canards de chair



I) Canards pondueurs



Source : NSO / IRD, AIT. <http://www.rsgis.ait.ac.th/~souris/HPAI/index.html>

Figure 16 : Distribution régionale et taille des fermes produisant des poulets de chair, en 2000

Source : Costales A., 2004 (FAO)

L'activité de production d'œufs est également concentrée dans la région Centre. Mais à l'inverse du secteur précédemment décrit, la répartition des fermes selon leur taille est de forme bimodale, avec l'existence d'un grand nombre de fermes relativement petites (100 à 300

oiseaux), ou à l'inverse de grande taille (plus de 1 000 oiseaux). Les différents types d'exploitations se retrouvent ainsi côte à côte au sein des différentes régions de production.

**Figure 17 : Distribution régionale et taille des fermes produisant des poules pondeuses, en 2000**

Source : Costales A., 2004 (FAO)

La production de canards est également concentrée dans la région centrale. La plupart des fermes de cette catégorie sont cependant de petite taille.

**Figure 18 : Distribution régionale et taille des fermes produisant des canards, en 2000**

Source : Costales A., 2004 (FAO)

Enfin, la production non spécialisée de poulets (fermes indépendantes ou « native chickens » du secteur 3, cf. § 2.2.3) se concentre majoritairement dans le Nord du pays, même si la région Centre enregistre des effectifs à peine moins importants. La taille des fermes de cette catégorie est relativement petite à moyenne (500 à 1 000 oiseaux).

**Figure 19 : Distribution régionale et taille des fermes non spécialisées et produisant des poulets de type « native », en 2000**

Source : Costales A., 2004 (FAO)

**2.2.3 De l'élevage industriel aux volailles de basse-cour : des secteurs de production diversifiés caractérisés par des niveaux de risque différents**

**Figure 20 : Les 4 principaux secteurs de production avicole en Thaïlande, définis selon des critères de pratiques d'élevage, de niveaux de biosécurité, et de débouchés commerciaux**

A) Secteur 1 : bâtiment fermé utilisant un système d'aération et de refroidissement de type EVAP ; B) Secteur 2 : bâtiment semi-ouvert muni de filets de protection permettant de limiter les contacts avec la faune extérieure ; C) Secteur 3 : canards en libre parcours sur des parcelles rizicoles, D) Secteur 4 : poulets et oiseaux aquatiques de basse-cour

Source : Songserm T. et al., 2006

L'organisation des différentes filières et secteurs de production avicole en Thaïlande est décrite dans les grandes lignes dans de nombreuses publications. Des données détaillées portant notamment sur les pratiques d'élevage des unités de production de petite et moyenne taille,

ainsi que sur les modes d'échanges commerciaux entre ces entités, font en revanche défaut. Or, le secteur avicole thaïlandais est très hétérogène et son organisation complexe, tant en terme de production que de commerce.

La production avicole thaïlandaise est communément divisée en 4 secteurs selon des critères de pratiques d'élevage (production hyper-spécialisée ou intégrée à d'autres productions agricoles comme le riz ou l'aquaculture, par exemple), de niveaux de biosécurité (degré de confinement notamment) et de débouchés commerciaux (FAO, 2004) : élevage industriel fermé, élevage commercial fermé à semi-ouvert, élevage semi-commercial ou extensif, ouvert ou en plein air, et enfin élevage domestique de basse-cour (y compris oiseaux d'ornement). A côté de la production industrielle ou commerciale spécialisée de races hybrides de poulets de chair ou de poules pondeuses, des volailles de basse-cour sont ainsi élevées pour l'autoconsommation ou le petit commerce dans la plupart des villages ruraux ou périurbains (Tiensin T. et al., 2005). La production de canards connaît également cette même diversité (Songserm T. et al., 2006). Chacun de ses grands secteurs comporte des niveaux de risque différents que nous allons essayer d'estimer. Une classification nette par niveau de risque est cependant difficile à établir étant donné la grande diversité de pratiques qui existent au sein d'une même catégorie (cf. infra).

### ➤ **Secteur 1 : système industriel intégré**

Les volailles, de races améliorées, sont confinées dans des bâtiments fermés (barrières physiques hautement protectrices), pour la plupart équipés de systèmes de refroidissement EVAP. Le niveau d'hygiène est important (à chaque fin de cycle, les bâtiments sont nettoyés et désinfectés, et seulement après un délai de 3 à 4 semaines, les stocks sont reconstitués et un nouveau cycle démarre), et la commercialisation des produits d'élevage est très structurée. Tous les établissements intervenant dans la chaîne de production (reproducteurs, fournisseurs d'intrants, abattoirs, usines de transformation et de conditionnement, transporteurs) sont gérés par une même compagnie privée, qui est ainsi responsable de l'ensemble du processus de production (intégration verticale) et qui gère une vingtaine d'unités de production avicole pour lesquelles elle fixe les standards de biosécurité requis. Les fermes les plus industrialisées du pays sont dirigées par 28 grandes agro-entreprises (Poapongsakorn N., 2004). Le secteur compte également une trentaine d'exportateurs de viande de poulet et de produits dérivés (répondant aux exigences du marché international). Ces grandes entreprises et leur réseau de fermes sous contrat contrôlent l'essentiel du marché de la viande de poulet et regroupent environ 80% de la production nationale.

En 2000, le secteur comptait près de 40 millions de poulets de chair. En 2005, environ 2 à 3 millions de canards étaient élevés selon ce système<sup>47</sup>.

Avant le transfert des volailles vers l'abattoir, des prélèvements cloacaux (environ 1% du troupeau chez les canards) sont systématiquement effectués pour analyse virologique. Sur la période 2004-2005<sup>48</sup>, aucun cas d'infection au H5N1 n'a été détecté au sein de ces élevages confinés et comprenant des niveaux de biosécurité élevés (Songserm T. et al., 2006 ; Tiensin T. et al., 2005), suggérant que le risque d'introduction du virus au niveau de ce secteur est nul ou quasi-nul.

### ➤ **Secteur 2 : système commercial**

Le deuxième secteur, aussi dénommé « système semi-vertical intégré », regroupe essentiellement des fermes spécialisées (chair ou ponte, races améliorées pour l'essentiel) sous contrat. L'éleveur est propriétaire de son élevage, mais l'approvisionnement en poussins d'un jour, en aliments et autres intrants, de même que les services vétérinaires, sont gérés par la compagnie privée avec laquelle il collabore. La commercialisation des produits d'élevage est

<sup>47</sup> Les troupeaux de canards regroupent entre 5 000 et 6 000 oiseaux. Les cannetons d'un jour sont engraisés durant 50 à 55 jours avant d'être vendus pour leur viande.

<sup>48</sup> A priori également de 2005 à 2008

structurée. Les volailles sont élevées dans des bâtiments fermés avec système de refroidissement EVAP ou dans des bâtiments ouverts mais protégés par des grilles ou des filets afin d'éviter toute introduction d'oiseaux ou d'autres animaux depuis l'extérieur<sup>49</sup>. Les élevages de poulets de chair comptent, en moyenne, 3 500 poulets par troupeau. Ils ne constituent que 2% de l'ensemble de l'effectif de fermes, mais regroupent 60% de la population permanente de volailles de chair (soit plus de 50 millions de poulets en 2000, 5 à 8 millions de canards pondeurs et 1 à 2 millions de canards de chair en 2005, Songserm T. et al., 2006). Les canards pondeurs sont regroupés en troupeaux de 3 000 à 4 000 oiseaux et le niveau d'hygiène est moins élevé que dans le cas du secteur 1<sup>50</sup>. En tout, le système commercial des secteurs 1 et 2 rassemble environ 5% des troupeaux de volailles du pays, et représente 90% de la production nationale (DLD, 2004).

Même si ce système commercial apparaît plus sûr au regard de critères de biosécurité, des pratiques à risque y sont fréquentes (gestion des déchets problématique, fortes densités de volailles, nombreux intervenants dans la filière, etc.). Selon l'estimation du risque brut d'infection par type d'élevage en 2004, tel que défini par les responsables de la santé animale en Thaïlande, les troupeaux commerciaux de poules pondeuses et de poulets de chair présentent le risque le plus élevé de grippe aviaire. Les volailles du secteur 2 sont soumises à des tests virologiques réguliers (tous les 3 mois pour les cannes pondeuses par exemple). Dans le cadre d'une étude menée en 2004 par Songserm T. et al. (2006), 24% des 17 troupeaux de canards appartenant à ce secteur et ayant subi des tests virologiques étaient infectés par le virus H5N1, ce qui montre que le risque d'introduction du virus dans ces élevages dont le niveau de biosécurité est globalement modéré peut être plus important que prévu.

**Figure 21 : Structuration de la filière des poulets de chair et flux de produits au niveau des 3 premiers secteurs de production**

Source : Costales A., 2004 (FAO)

<sup>49</sup> L'élevage des canards de chair est pour l'essentiel organisé selon le même principe de confinement que dans le cas du secteur 1

<sup>50</sup> Plusieurs cycles de production coexistent simultanément : après nettoyage d'une partie des bâtiments d'élevage, de nouveaux canards sont ajoutés en fonction de la place disponible

### ➤ Secteur 3 : système semi-commercial et élevage de canards en libre parcours

Le secteur 3 renvoie à un système d'élevage semi-commercial extensif et indépendant dans lequel les niveaux de biosécurité sont faibles. Les volailles (poules pondeuses, poulets de chair et canards) sont regroupées dans des bâtiments ouverts ou semi-ouverts sans protection particulière (les volailles pondeuses étant néanmoins mises en cage), et passent une partie de leur temps en plein air (les oiseaux aquatiques pouvant par exemple se déplacer librement autour de points d'eau ou dans des rizières le jour, et étant le plus souvent rassemblés dans un enclos pour la nuit). La plupart des produits d'élevage issus de ce système sont commercialisés sur le marché local urbain ou rural (en particulier sur les marchés de volailles vivantes). La production de poulets appartenant à ce système (« native chicken sector »), avec un effectif de 73 millions de volailles, compte pour plus d'un tiers de la population totale (Costales A., 2004).

Les élevages spécialisés des secteurs 2 et 3 présentent un risque non négligeable. Les risques relatifs d'infection au niveau de troupeaux de volailles, basés sur les incidences cumulées sur l'année 2004, sont estimés 5 fois supérieurs chez les volailles de chair et de ponte, en comparaison avec les poulets de basse-cour (le risque étant 32 fois supérieur chez les cailles). Dans ces relations, la taille des troupeaux est néanmoins apparue comme un facteur de confusion (Tiensin T. et al., 2005). Les pourcentages d'effectifs de volailles touchées, bien que non négligeables, restent sensiblement inférieurs à ceux du secteur 4 : lors de la première phase épizootique, environ 6% des troupeaux infectés concernaient des volailles de chair, 5% des volailles pondeuses, 2% des cailles, et 3% d'autres espèces, et durant la deuxième vague épizootique, ces taux restent sensiblement identiques. De 2004 à début 2007, les poulets et canards de chair représentent 7% et 5% des fermes infectées, respectivement (Paul M., 2007).

Avant la crise sanitaire de 2004, le secteur 3 était resté largement méconnu des responsables gouvernementaux en charge de la filière avicole (pratiques d'élevage, débouchés commerciaux, etc.), de même que la production de canards de chair et pondeurs (effectifs pourtant supérieurs aux poules pondeuses du secteur industriel). Or, ces activités se sont révélées importantes au regard des risques d'introduction et de diffusion de la maladie, en raison notamment de leur niveau de biosécurité relativement faible (offrant des portes d'entrée au virus par le biais des contacts réguliers entre volailles aquatiques et oiseaux sauvages). Plusieurs études menées en Asie<sup>51</sup> ont montré que l'influenza aviaire affectait des zones aux densités de volailles moyennes à faibles (moins de 5 000 oiseaux au km<sup>2</sup>), et, par extension, des systèmes d'élevage extensifs de taille moyenne (Martin V. et al., 2006 ; Gilbert M. et al.). L'élevage de canards en particulier est suspecté d'intervenir dans la diffusion de la maladie dans l'environnement et vers les élevages de poulets, les canards pouvant jouer le rôle de réservoir silencieux du virus (Hulse-Post D.J. et al., 2005 ; Gilbert M. et al., 2006 ; cf. § 1.4.2). Lors de la première campagne de surveillance intensive « X-ray » menée dans le pays (cf. § 2.3), sur l'ensemble des troupeaux de canards (tous testés), 39% se sont révélés infectés. Ces derniers ont été détruits et les troupeaux sains soumis à des mesures de contrôle particulièrement strictes. Lors des campagnes suivantes, en février 2005, juillet 2005 et février 2006, la proportion de troupeaux infectés a sensiblement diminué, passant à 2%, 0,03% et 0%, respectivement. La source de contamination des oiseaux sauvages du lac Qinghai est suspectée d'être liée à des activités d'élevage de ce type (Feare C.J., 2007). A la fin des années 80 et au début des années 90, le potentiel agricole de cette région a été reconnu et le gouvernement a encouragé l'installation et la sédentarisation des populations environnantes afin de mettre en culture les terres et de lancer des activités d'élevage, conduisant notamment au développement rapide de l'aviculture extensive et de l'aquaculture. L'élevage d'oies à tête barrée pour la consommation humaine et à des fins de protection écologique de l'espèce s'est notamment développé depuis 2003 dans la province du Qinghai et du Tibet (Butler D., 2006). Les sous-produits de l'élevage (fumier et farine à base de plumes, également en provenance d'autres provinces chinoises) sont utilisés comme fertilisants et pour l'alimentation des poissons, ce qui peut favoriser la diffusion du virus entre élevages et dans le milieu naturel.

<sup>51</sup> A la différence des résultats obtenus lors d'épizooties à HPAI survenues en Italie (Capua et al., 2003) ou dans les Pays-Bas

L'élevage de canards en libre parcours dans des rizières, après récolte (« free-grazing ducks » ou « free-range ducks »), appartient également à cette catégorie. **Il est important de décrire ce système d'élevage très particulier et caractéristique de la Thaïlande et du Vietnam plus en détails, étant donné qu'il semble jouer un rôle clé dans le processus de diffusion du virus au sein de la filière avicole (cf. infra), et qu'il se situe au cœur de notre problématique de recherche.** Les canards sont principalement élevés en plein air en troupeaux de plusieurs milliers d'individus, les rizières servant de zone de pâturage post-récolte (ce qui augmente a priori le risque de contacts avec des oiseaux aquatiques sauvages mais aussi avec divers oiseaux domestiques) dans un système intégré de gestion naturelle des nuisibles et de fertilisation. Début 2004, 10 à 13 millions de canards (effectif variable selon les sources) étaient élevés selon ce système (Songserm T. et al., 2006 ; Gilbert M. et al., 2007). Il s'agit essentiellement de canards pondeurs, avec également quelques races à viande. Après éclosion et 3 semaines de développement, les jeunes canes sont transférées dans des rizières. Durant les 5 à 6 mois suivants (parfois plus), elles se développent en se nourrissant d'escargots, d'insectes et de résidus de récolte. Lorsque les ressources alimentaires sont épuisées sur une parcelle (après 2 jours à plusieurs semaines, selon la taille du troupeau et la taille de la parcelle<sup>52</sup>), les volailles sont transférées par camion dans un autre champ, parfois à une distance importante et même d'une province à une autre. Après ces mois de pâturage, les canes sont rassemblées à la ferme et élevées selon les principes d'un système spécialisé. Les mâles sont élevés en plein air durant 2 mois avant d'être envoyés à l'abattoir. S'ils n'ont pas atteint le poids optimum pour être vendus, ils sont engraisés durant 1 à 2 semaines avant leur transfert. En Thaïlande, la proportion de canetons en troupeaux atteint son paroxysme vers septembre-octobre, afin que les canards en pleine croissance puissent bénéficier à plein de la récolte de riz de novembre-décembre. Les canards à viande sont abattus autour du Nouvel An chinois, lorsque le volume des ventes (et les mouvements commerciaux de canards) augmentent considérablement. Les fermes pratiquant ce type d'élevage sont nombreuses dans la région Centre, ce qui peut être relié avec l'abondance de zones humides et de cultures de riz paddy à plusieurs cycles culturels rencontrées autour de la Plaine centrale<sup>53</sup>.

Les rizières représentent un habitat important pour les oiseaux aquatiques sauvages qui exploitent la même source d'alimentation que les canards d'élevage durant la période d'hivernage<sup>54</sup>. Du fait de contacts potentiels réguliers entre volailles et oiseaux sauvages au niveau de cet habitat, ces zones constituent ainsi un facteur de risque d'introduction et de diffusion du virus. Les mouvements de troupeaux de canards d'élevage à grande échelle pour la fertilisation organique des cultures (ou également des bassins d'aquaculture) représentent un risque supplémentaire de diffusion à longue distance, notamment au regard du potentiel asymptomatique de ces espèces (Hulse-Post D.J. et al., 2005).

Ni la distribution précise du virus dans les populations d'oiseaux aquatiques d'élevage en Asie, ni les niveaux d'infection spécifiques de ces populations, ne sont connus à ce jour. Mais il est aujourd'hui presque admis que la présence du virus au sein des populations de canards élevés en semi-liberté a joué un rôle significatif dans sa dispersion (Alexander D.J., 2007). Ainsi, par exemple, lors de la deuxième vague épidémiologique, 46% des troupeaux infectés dans la région

<sup>52</sup> Jusqu'à 4 000 canards par hectare d'après Gilbert M. et al. (2007)

<sup>53</sup> La riziculture dans son ensemble est liée à l'élevage de canards, mais dans le cas où un seul cycle culturel est pratiqué (Est de la Thaïlande pour l'essentiel), les effectifs de canards sont moins importants en raison de la plus courte période de pâturage post-récolte disponible. A l'inverse, en cas de cycles culturels multiples (2 à 3 cycles culturels pratiqués pour l'essentiel au niveau de la Plaine centrale en raison des bonnes conditions hydrologiques de la zone et de la présence d'un réseau de canaux d'irrigation développé, facilitant la mise en eau des rizières), les rizières peuvent être utilisées tout au long de l'année, permettant une alimentation des troupeaux à moindre coût (Gilbert M. et al., 2006 ; Gilbert M. et al., 2007). Il existe ainsi une bonne corrélation entre la distribution des canards d'élevage et la distribution des rizières, mais la corrélation est très forte entre la distribution de canards « free-grazing » et la distribution des rizières de la Plaine centrale où plusieurs cycles culturels sont pratiqués (ainsi qu'avec le nombre de mois durant lesquels les récoltes de riz issu d'un deuxième cycle culturel ont lieu, ou encore avec l'intensité de production du riz telle qu'elle peut être déterminée par télédétection).

<sup>54</sup> Les concentrations massives de canards à certaines périodes de l'année sont signes d'augmentation des probabilités d'introduction et d'exposition au virus, lorsque les rizières deviennent souvent un habitat temporaire pour les espèces d'oiseaux sauvages (Gilbert M. et al., 2008). En particulier, les chances de contacts sont augmentées de novembre à février, ce qui a pu faciliter l'introduction du virus dans les élevages de volailles à cette période.

Centre concernaient des canards, ce qui montre que cette espèce a activement participé à l'épizootie, en particulier dans la Plaine centrale. De 2004 à début 2007, les canards pondus (comprenant beaucoup de canards élevés en plein air) représentaient par ailleurs 15% du total des cas positifs déclarés (Paul M., 2007).

Plusieurs programmes de recherche menés depuis 2004 focalisent leur attention sur ce groupe de volailles considéré comme à haut risque :

Dans un premier temps, des études épidémiologiques de terrain, menées par la FAO en collaboration avec plusieurs centres de recherche et services vétérinaires nationaux (en Asie de l'Est et du Sud-Est) en vue d'identifier les facteurs qui ont pu contribuer au changement épidémiologique de la maladie et à la diffusion rapide et étendue du virus entre 2003 et 2005, ont montré que les facteurs suivants jouent un rôle clef dans l'introduction, le maintien et la diffusion du virus : densités d'oiseaux aquatiques domestiques, pratiques agricoles spécifiques et environnement agro-écologique (Martin V. et al., 2006). Ces relations entre espace (socio-agro-environnement) et santé ont été étudiées en détail au travers d'études menées à échelle nationale au Vietnam et en Thaïlande au moyen d'outils statistiques de régression logistique et de calculs d'odd ratios. Dans les deux cas, le rôle spécifique des pratiques d'élevage dans l'introduction et le maintien de l'infection, et plus spécifiquement l'élevage de canards en plein air dans les zones rizicoles, a pu être mis en évidence.

En Thaïlande, la survenue du virus<sup>55</sup> chez les poulets domestiques, les canards (dans une moindre mesure), et les volailles en général peut être corrélée avec la distribution et l'abondance de ces populations de canards élevés en « free-range »<sup>56</sup> (Gilbert M. et al., 2006). Ces canards constitueraient même le principal facteur de risque à l'origine de l'émergence, de la diffusion et de la persistance de foyers de grippe aviaire HP. Parallèlement, les zones rizicoles à production intensive (où interviennent 2 ou 3 cycles culturels par an, et autour desquelles se situent la majorité des élevages de canards en libre parcours), représentent un facteur de risque majeur dans la persistance et la diffusion du virus. Les corrélations statistiques mises en évidence (avec les effectifs de canards « free-grazing » et l'intensité rizicole) deviennent moins fortes lors de la troisième vague épizootique. Ceci est attribué au renforcement des mesures de contrôle ciblées sur ces populations de canards (Gilbert M. et al., 2008).

Dans le cadre d'une étude complémentaire menée en 2004 sur l'élevage de libre parcours, sur 61 troupeaux testés, 46% se sont avérés positifs au H5N1 (Songserm T. et al., 2006), ce qui témoigne du potentiel infectieux de ces oiseaux, qui déclarent souvent la maladie de manière asymptomatique. Lors d'une étude plus approfondie portant sur 10 troupeaux de la région Centre, la présence du virus n'a pas pu être détectée avant que les canards ne soient transférés sur les parcelles rizicoles. Tous les troupeaux ont ensuite montré des analyses positives après avoir été déplacés en extérieur (détection du virus la plus précoce après 12 jours, le délai maximum enregistré étant de 63 jours). Seuls 3 troupeaux sur les 10 infectés ont montré des signes cliniques de la maladie et le cas échéant, seul un nombre restreint d'oiseaux au sein de chaque troupeau était affecté. La présence du virus a par ailleurs été mise en évidence dans les fientes de canards asymptomatiques. Aucun oiseau n'est mort des suites de l'infection au cours des 10 jours précédant leur abattage.

Au Vietnam, une étude a montré que le risque d'occurrence d'un foyer (calculs d'odd-ratios) augmente avec le pourcentage de champs paddy<sup>57</sup>. Une forte corrélation a également été constatée avec les zones irriguées. Les systèmes agro-pastoraux combinant la culture du riz, l'élevage d'oiseaux aquatiques et d'autres volailles au niveau des zones de bas-fonds des deltas fluviaux y joueraient un rôle important dans le processus de maintien et de diffusion de

<sup>55</sup> Prise en compte des cas d'infection au H5N1 en Thaïlande de mi-2004 à début 2005, période où les mesures de contrôle à l'égard des canards « free-grazing » étaient encore à un stade débutant

<sup>56</sup> Les chercheurs ont fait appel à une régression autologistique multiple (avec ajout d'un facteur d'auto-corrélation spatiale permettant de compenser le phénomène de diffusion et donc de dépendance entre les points) et ont appliqué une technique de modélisation afin d'établir comment la conjugaison de différents facteurs (effectifs de canards, d'oies et de poulets ; taille des peuplements humains ; cultures de riz ; topographie) a contribué à la propagation du virus. Deux échelles d'analyse ont été prises en compte (sous-districts sur l'ensemble du pays, et villages au niveau d'une province). Les effectifs de canards et de population, ainsi que l'étendue de la riziculture, sont apparus comme les facteurs les plus significatifs. Une association statistique (cependant moins significative) est également observée entre la présence du virus chez les volailles et les zones humides.

<sup>57</sup> Des observations cartographiques supportaient auparavant l'hypothèse d'un rôle joué par les canards domestiques et les systèmes de production de riz en zones de bas-fond dans le maintien et la diffusion de la maladie

l'infection. En particulier, les fortes densités de canards observées dans la zone du delta du Mékong auraient eu un impact majeur sur les taux d'incidence enregistrés et sur l'étendue géographique de l'infection dans cette région lors de la vague épidémiologique de 2004<sup>58</sup> (Pfeiffer D.U. et al., 2007). Une carte montrant les zones à fort risque statistique d'apparition du virus a pu être élaborée sur la base de ces résultats. Avec une persistance du virus de plus en plus confinée à des zones de riziculture/élevage de canards en Asie du Sud-Est, l'évolution du virus H5N1 pourrait d'après certains scientifiques devenir plus prévisible. Les lieux et les périodes susceptibles d'être touchés par des flambées d'H5N1 pourraient être identifiés de manière précoce, ce qui pourrait aider à cibler la prévention et la lutte (Gilbert M. et al., 2008).

#### ➤ Secteur 4 : élevage domestique de basse-cour

Le dernier secteur correspond à l'élevage de basse-cour ou villageois. Une grande proportion des ménages villageois possède des poulets et des oiseaux aquatiques domestiques (Nguyen T.D., 2005). Aucune mesure de biosécurité n'est appliquée et les volailles divaguent librement entre les habitations et sur les terrains avoisinants, en contact régulier avec les humains et divers animaux domestiques et sauvages. Les coqs de combat sont inclus dans cette classe. Les produits d'élevage servent à l'autoconsommation ou sont vendus localement. Plus de 90% des unités de production correspondent à du petit élevage, avec des troupeaux de dizaines de volatiles en moyenne, ce qui représente moins de 10% de la population permanente de volailles. Avant le début de l'épidémiologie, environ 20 millions de volailles étaient élevées en basse-cour, dont 1 à 1,5 millions de canards (Songserm T. et al. ; Gilbert and Slingenbergh, 2004). L'abattage massif qui a suivi les premières flambées épidémiologiques a réduit cet effectif à moins d'1 million de canards dès août 2005.

Les petits éleveurs ont suivi la tendance à la croissance de la filière en augmentant parfois la taille de leur troupeau tout en ayant conservé les mêmes conditions d'élevage et de biosécurité. La persistance de l'épidémiologie d'influenza aviaire HP H5N1 depuis la fin de l'année 2003 peut en partie s'expliquer par des pratiques d'élevage de subsistance ou autre, ne respectant pas les préconisations d'isolement et de contrôle des foyers. Les petits élevages familiaux constituent a priori un danger particulier dans la mesure où ils échappent à la plupart des mesures de police sanitaire : la volaille est en contact permanent avec les oiseaux sauvages, les oiseaux peuvent se déplacer librement et contaminer leurs congénères du voisinage, les échanges d'oiseaux ou de produits (œufs par exemple) peuvent échapper à toute vérification, de même que les mouvements de propriétaires pouvant véhiculer la maladie de ferme en ferme. La présence du virus au sein des populations de volailles villageoises et de coqs de combats aurait joué un rôle significatif dans sa dispersion (Alexander D.J., 2007), et ce facteur pourrait notamment avoir joué un rôle dans l'émergence du virus H5N1 en Asie (Martin V. et al., 2006). Les résultats d'études de recherche menées en Asie suggèrent que le mode d'élevage en basse-cour (ainsi que le secteur 3 en cas d'élevage en plein air<sup>59</sup>) constitue un facteur de risque de contamination. En Thaïlande, de 2004 à début 2007, les poulets de basse-cour représentent la majorité (55%) du total des cas positifs déclarés (Paul M., 2007). Lors de la première vague épidémiologique, environ 85% des troupeaux infectés concernaient des poulets (59%) ou des canards<sup>60</sup> (27%) de basse-cour. Au cours de la période allant du 3 juillet au 30 septembre 2004, plus de 64% des fermes infectées par le virus comprenaient moins de 1 000 volailles. Au cours des deux premières vagues épidémiologiques de 2004, 27% et 47% des troupeaux de canards de basse-cour étudiés par l'équipe de Songserm T. et al. ont été infectés respectivement, la plupart

<sup>58</sup> Deux regroupements de cas ont été identifiés au Nord et au Sud (particulièrement lors de la deuxième vague épidémiologique) et peuvent être mis en relation avec les principaux systèmes fluviaux du pays (Fleuve Rouge au Nord et Delta du Mékong au Sud), ainsi que, pour le cluster du Sud, avec la production globale de canards

<sup>59</sup> Sur la période 2004-2005, environ 90% des cas d'infection ont été observés dans des élevages où les poulets ou canards sont en contact régulier avec l'extérieur ou où les niveaux de biosécurité sont faibles à nuls (secteurs 3 et 4). Lors de la deuxième vague épidémiologique, la plupart des cas ont été détectés dans de petits élevages de poulets de basse-cour (moins de 500 poulets par troupeau) et dans des élevages de canards en libre parcours.

<sup>60</sup> De plus, le potentiel asymptomatique des canards a sans doute contribué à une sous-estimation des cas chez cette espèce à cette période, alors que dès la deuxième vague épidémiologique, davantage d'échantillons ont été prélevés chez des canards (cf. § 2.3)

de manière asymptomatique. Cette tendance à l'égard du rôle particulier du petit élevage villageois a perduré en 2005. La proportion de troupeaux de poulets de basse-cour infectés augmente même (Tiensin T. et al., 2006). Une association statistique (bien que faiblement significative) a été mise en évidence entre la présence du virus chez les volailles et les effectifs de poulets de basse-cour et de coqs de combat (Gilbert M. et al., 2006). En Chine, les cas de HPAI semblent être majoritairement localisés dans des zones aux densités de volailles faibles (moins de 5 000 oiseaux/km<sup>2</sup> voire moins localement, avec peu ou pas de production industrielle à proximité). Le même constat a pu être fait en Malaisie où le plus grand troupeau infecté du pays comptait 500 oiseaux.

Néanmoins, d'autres auteurs nuancent cette hypothèse d'un risque supérieur dans les élevages de basse-cour, en particulier si l'on tient compte du fait que ces élevages représentent la grande majorité des effectifs de fermes dans le pays. Bien que les petits éleveurs n'appliquent pas de mesures de biosécurité, leurs contacts à risque, tout du moins en Thaïlande, seraient relativement limités (Otte J. et al., 2006). La distribution cartographique des cas d'infection chez les poulets ne coïncide pas avec la distribution des populations de poulets de basse-cour (Gilbert M. et al., 2006). Le Nord-Est de la Thaïlande compte de nombreux élevages de poulets de basse-cour ; pourtant, à part quelques cas sporadiques, l'épizootie n'y a pas pris la même importance que dans la Plaine centrale. En termes d'incidence (Tiensin T. et al., 2005), le risque relatif d'infection le plus faible a été constaté dans les troupeaux de basse-cour (un cinquième du niveau de risque détecté dans les élevages de poules pondeuses et de poulets de chair)<sup>61</sup>. Par ailleurs, seule une faible corrélation a pu être mise en évidence entre les cas d'infection au H5N1 et les effectifs de coqs de combat.

Pour les petits aviculteurs ruraux en situation de pauvreté, la grippe aviaire constitue une grave menace à la fois directe en raison de la mortalité, mais également de façon indirecte, du fait de la rigueur des mesures mises en oeuvre pour lutter contre la maladie (mesures visant à rendre l'aviculture de subsistance plus sûre en interdisant l'élevage de plein air et en confinant les volailles). Ces dernières peuvent entraîner des coûts très élevés (mise en place de structures de confinement, approvisionnement extérieur en alimentation, baisse de la productivité rizicole ou aquacole, coût environnemental), notamment pour les petits producteurs, les obligeant parfois à renoncer à leur activité, les privant alors d'apports faibles, mais précieux, en protéines dans leur alimentation, en liquidités, et en capacité d'investissement sur le long terme. Compte tenu des retombées négatives que risquent d'entraîner des politiques restrictives chez les petits aviculteurs, et du niveau de connaissance actuel sur le sujet, il est important d'examiner plus en détails si les risques engendrés par des pratiques d'élevage de basse-cour justifient l'application de telles mesures, dont l'impact social est lourd.

**Enfin, bien que l'on distingue plusieurs systèmes types de production avicole, que l'on peut caractériser de manière globale et en terme de risque potentiel d'introduction du virus H5N1 (cf. figure 22), la crise due à la flambée épizootique de grippe aviaire a montré que l'ensemble de la filière est concerné conjointement par ce problème de santé animale. Hormis le secteur 1 hautement sécurisé, tous les modes d'élevage avicole sont touchés.** Des unités de production de toutes tailles coexistent sur un même territoire et peuvent ainsi être contaminées de manière directe ou indirecte, et même être affectées par les mesures d'abattage massif sans avoir été infectées.

---

<sup>61</sup> Dans ces relations, la taille des troupeaux est cependant apparue comme un facteur de confusion. L'estimation du risque peut être biaisée dans la mesure où il est plus facile de déceler la grippe aviaire dans les grands élevages commerciaux, où les responsables hésitent généralement moins à signaler la maladie aux services de santé animale. Toutefois, puisque les programmes de surveillance active mis en oeuvre en Thaïlande se sont plus particulièrement intéressés aux petits élevages, cette erreur éventuelle d'estimation ne constitue probablement pas la principale explication du risque plus élevé de grippe aviaire dans les élevages spécialisés de poules pondeuses et de poulets de chair.

**Figure 22 : Caractérisation des différents secteurs de production avicole et évaluation générale du risque d'infection**

Système	Production industrielle et intégrée	Production commerciale à semi-commerciale		Production villageoise ou de basse-cour
Secteur	1	2	3	4
Données de production	80 à 90% de la production nationale	10 à 20% de la production nationale	10% de la production nationale mais plus de 95% des producteurs	
Biosécurité	élevée	élevée à intermédiaire	faible	aucune
Confinement	oui (système fermé)	oui (système fermé)	oui / minimal (système fermé à semi-ouvert)	minimal à inexistant
Contacts avec faune extérieure	non	non	probable	très probable
Débouchés commerciaux	exportation / urbain	urbain / local	urbain / local	local / autoconsommation
Localisation	à proximité de Bangkok, des principaux centres urbains et du réseau routier principal	à proximité des principaux centres urbains	en périphérie des petites zones urbaines et en zone rurale	partout mais prédominant en zone rurale
Risque potentiel	nul	Faible à modéré	Important, notamment en lien avec la pratique d'élevage de canards en « free-grazing »	Faible à important (controversé)

D'après : FAO ; Rushton J. et al., 2006

### 2.3 Stratégies de surveillance, de lutte et de prévention contre la maladie

La compréhension du système de surveillance, de contrôle et de prévention mis en place, de sa complexité et de son hétérogénéité dans le temps et dans l'espace, est nécessaire si l'on souhaite par la suite mener une analyse et une interprétation rigoureuses des données épidémiologiques fournies par le DLD (Department of Livestock Development, Bureau of Disease Prevention Control and Veterinary Services) et issues de ce dernier.

Depuis l'épisode épizootique et épidémique de 1997 à Hong Kong, où le caractère zoonotique du virus H5N1 a été mis en évidence, le DLD a lancé une première phase de surveillance de l'influenza aviaire HP groupée avec celle de la maladie de Newcastle<sup>62</sup>. Par la suite, avec l'émergence de la grippe aviaire à H5N1 sur le territoire national, ce système a été renforcé et adapté au cours du temps afin de s'adapter à chaque nouveau contexte épidémiologique. Dès la reconnaissance officielle des premiers cas d'infection en janvier 2004, le gouvernement met en place un plan de réponse d'urgence et instaure le « National Strategic Plan for HPAI control »<sup>63</sup> en se référant au Programme de contrôle des maladies animales infectieuses (référéncé dans le « Animal Epidemic Act B.E. 2499 – A.D.1956 »). Le programme de lutte comprend 3 volets principaux : surveillance et détection précoce, intervention rapide, et

<sup>62</sup> Le DLD a conduit des campagnes de surveillance annuelles ciblées entre 1997 et 2002, sans ne jamais mettre (officiellement) en évidence la présence de la grippe aviaire

<sup>63</sup> Parallèlement, mise en place du comité national pour l'HPAI, dirigé par le Premier ministre, de comités provinciaux pour l'HPAI, dirigés par les gouverneurs, et de comités locaux pour l'HPAI, dirigés par les chefs de district

prévention efficace. Ses objectifs sont définis : contenir voire éradiquer la maladie, compenser les pertes des éleveurs, améliorer les niveaux de biosécurité des systèmes d'élevage, assurer la sécurité publique, et mettre en place un système d'alerte précoce fiable. Afin de répondre au mieux à ces objectifs, le DLD a alloué des fonds à l'Institut national de santé animale, et tous les centres de diagnostic régionaux ont dû améliorer leurs moyens et augmenter leurs capacités. Une surveillance active et passive<sup>64</sup> (menée également au sein des populations d'oiseaux sauvages, et à laquelle s'ajoute un suivi des variations du profil moléculaire et génétique du virus<sup>65</sup>) est conduite sur la base d'observations cliniques et d'analyses en laboratoire, et des mesures préventives et de contrôle de la diffusion de la maladie sont mises en œuvre : abattage massif et préventif des troupeaux de volailles infectés ou à risque, restrictions de déplacements des volailles et des produits d'élevage, amélioration des conditions d'hygiène et des niveaux de biosécurité au sein de la filière, règles spécifiques pour les coqs de combats et les canards élevés en plein air, etc. (Buranathai C. et al., 2007). Ces mesures, décrétées par les autorités nationales pour tenter de juguler la propagation de la maladie, parfois très restrictives, sont directement liées à la politique commerciale du pays. En effet, l'épizootie actuelle constitue un sérieux frein à son économie avicole croissante (cf. § 2.2.1), ce qui explique une stratégie rigoureuse. La Thaïlande se refuse également jusqu'à présent à utiliser la vaccination comme mesure préventive en raison de contraintes commerciales à l'exportation.

Dès la première vague épizootique, le programme de lutte s'organise, même s'il met un certain temps à se mettre en place de façon structurée. Trois épisodes de surveillance "de routine" (conduite tout au long de l'année) se succèdent durant cette première vague épizootique (Tiensin T. et al., 2005, 2006). Le plan de surveillance active initial, dénommé « Sanitary chicken project », est mené fin janvier. Des échantillons cloacaux sont collectés de façon aléatoire (échantillonnage garantissant un intervalle de confiance de 95%) au sein de 4 troupeaux par village (5 oiseaux par troupeau). En tout, 75 623 échantillons sont collectés dans tous les villages du pays, 161 cas positifs sont détectés dans 71 districts et 40 provinces. Parallèlement, des tests sont effectués au niveau des abattoirs (avant abattage et sur les produits finis). La seconde phase complémentaire de surveillance active, après abattage des volailles identifiées à l'étape précédent, est organisée du 11 février au 4 mars 2004. Environ 12 000 échantillons sont examinés, pour 18 cas d'infection détectés. Le troisième épisode de surveillance de la première vague épizootique, durant lequel 11 nouveaux cas sont détectés, correspond à de la surveillance clinique active menée sur l'ensemble du territoire national. Dès la deuxième vague, la stratégie de surveillance se met en place et plusieurs modes de surveillance (actif et passif, clinique et par analyse, etc.) se combinent à partir de juillet 2004 pour renforcer le dispositif de détection (cf. figure 24).

Les critères de suspicion d'un nouveau foyer sont définis officiellement par le DLD (première définition en 1997, révisée en janvier 2004 puis en mars 2004, cf. infra) : troubles respiratoires sévères avec atteinte oculaire et sinusite, cyanose de la crête, des barbillons ou des caroncules, œdème de la tête et plumes ébouriffées ; diarrhée et signes nerveux ; mortalité soudaine des volailles de près de 100% sans signes cliniques, ou mortalité cumulée d'environ 40% sur 3 jours. Les échantillons, de même que les oiseaux morts ou malades collectés, sont soumis à analyse auprès du NIAH ou de l'un des 7 Centres régionaux de recherche vétérinaire et de développement. Les analyses de laboratoire suivent le protocole décrit par l'OIE. Des écouvillons cloacaux sont prélevés sur les volailles vivantes ou des prélèvements sont effectués sur les viscères de carcasses potentiellement infectées. L'isolation du virus se fait ensuite par

<sup>64</sup> On entend par surveillance active le sondage d'une population en vue de déterminer la prévalence de l'infection au moyen de prélèvements et de tests virologiques. Les agents du DLD mènent des investigations sur le terrain et visitent les fermes potentiellement infectées. Dans le cas de la surveillance passive, des investigations sont menées dans le cadre des activités habituelles de suivi, et des diagnostics sont établis sur la base d'observations cliniques. Les cas suspects sont ensuite rapportés au DLD par des agents des services vétérinaires (ou également par des éleveurs ou divers témoins), et subissent les tests adéquats pour confirmer éventuellement l'infection. Cette surveillance comprend également les analyses effectuées avant tout déplacement d'oiseaux, et les suivis réguliers menés au niveau de certains types de volailles (reproductrices, pondeuses, commerciales, d'exportation, coqs de combat, etc.).

<sup>65</sup> Analyse moléculaire de 58 isolats entre 2004 et 2005

inoculation sur des œufs embryonnés (2 tests indépendants), et son identification par hémagglutination et test d'inhibition de l'hémagglutination. Parfois, des sérums sont également collectés et soumis à une analyse antigénique classique. La technique PCR a par la suite été privilégiée afin d'accélérer le diagnostic.

L'abattage systématique des volailles et la désinfection des locaux autour des premiers foyers suspects<sup>66</sup> mis en évidence sont ensuite organisés par les autorités vétérinaires. Toutes les volailles présentes dans un rayon de 5 km autour de chaque ferme infectée (zone dite de protection) sont tuées par mesure préventive (leurs produits, les intrants et déchets d'élevage de chaque troupeau infecté détruits) après revue des cas par l'officier du district en charge des questions vétérinaires ; les bâtiments d'élevages se trouvant dans un rayon de 1 km sont vidés, nettoyés et désinfectés (ainsi que leurs équipements) ; les mouvements de toutes les volailles (et de leurs produits) sont contrôlés et subissent de fortes restrictions dans un rayon de 50 km et pour une durée de 30 jours (rayon pouvant être étendu à 60 km en fonction des caractéristiques géographiques de la zone). Suite à l'abattage des volailles, un délai de 60 jours (dans le cas des volailles de chair) et de 90 jours (pour les volailles pondeuses ou de basse-cour) est imposé avant qu'un nouveau troupeau ne soit reconstitué. De plus, les éleveurs doivent améliorer les conditions sanitaires de leur élevage conformément aux recommandations du DLD (cf. infra). Des mesures renforcées de contrôle des mouvements de volailles sont instituées par la suite dans toutes les provinces. 65 points de contrôle de base sont mis en place, et d'autres « checkpoints » supplémentaires sont établis dans certaines provinces, en collaboration avec les services de police et militaires. Des procédures strictes de contrôle sont définies. Le DLD est la seule institution ayant autorité pour délivrer les permis de déplacements d'animaux. 7 à 10 jours avant tout déplacement, des échantillons cloacaux sont prélevés sur les troupeaux concernés pour analyse. Seules les fermes indemnes peuvent obtenir un permis. De même, tous les troupeaux commerciaux de volailles doivent attendre les résultats d'analyses cloacales avant tout transfert à l'abattoir, et un suivi régulier est conduit au niveau des troupeaux de volailles reproductrices et pondeuses (tests effectués tous les 2 mois en vue d'obtenir la certification « Standard Farm »). Les foires aux volailles ou toute autre manifestation occasionnant le rassemblement de volailles en un lieu, de même que les combats de coqs, sont interdits dès début 2004. La violation de cette règle peut entraîner des amendes importantes. Toutes les aires de combat doivent être inventoriées, et les coqs de combat doivent être déclarés (mise en place d'un passeport individuel). En avril 2006, environ 233 000 coqs avaient ainsi été "immatriculés". Ils sont également soumis à des prélèvements cloacaux systématiques tous les 3 mois dans le cadre d'un suivi épidémiologique spécifique, ainsi qu'avant tout déplacement.

Au cours de l'évolution de l'épizootie, les autorités thaïlandaises ont cherché à adapter les stratégies de contrôle et de surveillance au contexte épidémiologique changeant ainsi qu'aux dernières connaissances scientifiques publiées sur le sujet :

En février 2004, le rayon de contrôle des déplacements de volailles et de leurs sous-produits autour d'un foyer infectieux est réduit à 5 km, pour une durée diminuée à 21 jours, puis à nouveau réajustée à 30 jours en mars. Une zone de restriction moins forte de 5 à 10 km est également instaurée.

Dès mars 2004, le DLD décide de mettre en place une série de mesures ayant notamment pour but de réduire le délai séparant la mise en évidence d'un nouveau cas et l'application des mesures de contrôle, et permettant plus généralement des réponses plus rapides et donc plus efficaces. Des échantillons cloacaux sont prélevés sur les populations d'oiseaux situées dans un rayon de 5 km autour d'un foyer, afin de procéder à des analyses virales systématiques. Les foyers infectieux sont identifiés à un stade plus précoce. La méthodologie de suspicion de cas d'HPAI est modifiée sur la base des observations effectuées sur le terrain durant les premiers mois d'épizootie. Un foyer suspect est déclaré dans le cas où certaines combinaisons de signes

---

<sup>66</sup> Afin de favoriser un contrôle rapide de la maladie, la confirmation de l'infection par analyse au laboratoire n'est pas requise pour mettre en place les différentes mesures de contrôle. L'abattage des oiseaux infectés a en général lieu 1 à 2 jours après que la présence du virus soit suspectée, alors que la confirmation du diagnostic H5N1 HP est établie par des tests complémentaires 2 à 8 jours après le dépôt des échantillons à analyser.

cliniques sont remplies (définition 1 / 2 et 5 / 3 et 5 / 4 et 5 / ou 6 sous réserve de confirmation par analyse virale) ; les définitions étant les suivantes : mortalité soudaine des volailles de près de 100% sans signes cliniques (définition 1), troubles respiratoires sévères (définition 2), signes neurologiques (définition 3), diarrhée, plumes ébouriffées, dépression, perte d'appétit, baisse de la production d'œufs, œufs déformés, cyanose des barbillons ou des caroncules (définition 4), mortalité cumulée de plus de 40% sur 3 jours (définition 5), et, plus spécifiquement chez les canards et les oies, dépression, perte d'appétit, plumes ébouriffées, œdème de la tête et opacité cornéenne (définition 6). Tous les oiseaux d'un troupeau suspect, ses sous-produits et les autres matériaux d'élevage potentiellement contaminés doivent être détruits dans un délai de 24 heures. En complément et pour confirmation, des échantillons cloacaux sont collectés et envoyés au laboratoire pour analyse.

Cette méthode de surveillance permet de limiter la taille du périmètre concerné par les mesures d'abattage préventif des troupeaux à risque. En juillet 2004, celui-ci n'est plus appliqué qu'au village où survient un cas d'infection, dans un rayon de 1 km autour du foyer, et/ou au sein des fermes environnantes et suspectes. Parfois, les troupeaux sont mis en quarantaine dans l'attente des résultats d'analyse. Cette nouvelle stratégie est privilégiée afin de limiter les pertes massives de volailles<sup>67</sup> et du fait de la perception négative de l'abattage massif par le grand public. D'autres efforts sont fournis afin d'améliorer les niveaux de biosécurité au sein de la filière (cf. infra) et la coordination des équipes sanitaires, de poursuivre le développement du système de surveillance, et de favoriser l'utilisation d'informations en provenance d'études moléculaires menées sur le virus H5N1 circulant dans le pays.

En 2005<sup>68</sup>, certaines mesures sont à nouveau modifiées. Les critères de définition d'un nouveau cas d'infection sont révisés en vue d'améliorer à nouveau la détection précoce de la maladie et la rapidité de réponse des autorités sanitaires. Le seuil de mortalité observé dans un élevage au cours d'une même journée passe de 10% à 1% dans le cas des élevages commerciaux et de 10% à 5% dans le cas des volailles de basse-cour. Les restrictions de mouvements de volailles s'étendent à un rayon de 10 km autour de la zone infectée, le délai de 30 jours étant maintenu. Les procédures de contrôle sont renforcées au niveau des zones considérées comme à risque (région Centre et du Sud de la région Nord, sujettes à des épizooties régulières). Afin d'organiser et de mieux cibler les contrôles, un zonage du territoire est également établi par regroupement des 76 provinces en 5 aires (comprenant 152 points de contrôle dans l'ensemble, à raison d'au moins 2 par province), et 32 points de contrôle spécifiques sont mis en place en périphérie de la zone centrale. Des agents de police et des militaires retraités sont recrutés afin de renforcer les équipes d'inspection du DLD au niveau des points de contrôle et des unités mobiles. En complément, 69 stations de mise en quarantaine sont utilisées (parmi lesquelles 43 stations aux frontières, dans les aéroports internationaux et les ports maritimes).

Le gouvernement thaïlandais, tenant compte des derniers résultats de recherche (concernant en particulier les canards de type « free-grazing »<sup>69</sup>), souhaite encourager une transformation progressive des pratiques agricoles jugées à risque et notamment sécuriser les systèmes de production de canards en plein air. Pour les poulets domestiques et les coqs de combat, des mesures relativement simples, telles que la mise en place de filets de protection, sont proposées. En revanche, les éleveurs de canards subissent des restrictions plus importantes, avec une obligation de confinement de leurs troupeaux. Sur le terrain, ces recommandations ne peuvent être suivies d'effet immédiatement (changements trop radicaux de pratiques, délai trop court, pratique traditionnelle très développée de gestion naturelle des sols après récolte, etc.), et le DLD choisit finalement de désigner plusieurs groupes de provinces (3 provinces voisines) au niveau de différentes régions afin de permettre aux éleveurs de faire pâturer leurs volailles sur

<sup>67</sup> Abattage massif de plus de 65 millions de volailles, dont environ 60 millions lors de la première vague épizootique, et plus de 3 millions lors de la deuxième vague. Bien que le nombre de cas détectés ait augmenté durant la seconde vague épizootique, on constate ainsi une nette diminution du nombre d'oiseaux abattus, qui est principalement due à l'amélioration des mesures de surveillance et de contrôle mises en place dans le pays.

<sup>68</sup> Au cours de l'année 2005, plus de 210 000 cas d'étude, représentant plus d'1 million d'échantillons collectés, ont été soumis à analyse. En moyenne, de l'ordre de 30 000, 45 000 et 8 000 échantillons ont été collectés mensuellement pour un contrôle avant abattage, avant déplacement, ou pour le suivi habituel de l'épizootie, respectivement.

<sup>69</sup> Ces canards élevés en plein air en zone rizicole sont considérés comme des groupes à haut risque (Gilbert M. et al. ; Songserm T. et al., 2006 ; Tiensin T. et al., 2005, cf. § 2.2.3).

certaines parcelles prédéterminées. Il instaure 8 régions de contrôle spécifique des mouvements de canards « free-range ». Des offres de prêts financiers sont proposées, et des structures coopératives créées en vue de faciliter la transition vers de nouveaux modes d'élevage. Les troupeaux concernés doivent être inscrits sur un registre, et les éleveurs et négociants sont tenus de fournir un certificat sanitaire en cas de contrôle. Dès 2006, la pratique de libre parcours des canards de rizières devient officiellement illégale, tous les canards de ce type devant être conservés dans des enclos fermés. Les éleveurs récalcitrants sont soumis à des amendes et ne peuvent bénéficier des mesures compensatoires instaurées par le gouvernement en cas d'infection de leurs volailles. Néanmoins, on peut douter de l'application stricte de cette réglementation, étant donné le défi que représente un tel changement de gestion des systèmes agraires pour la plupart des éleveurs et agriculteurs. En 2005-2006, le pays se trouvait toujours dans une phase de transition et d'adaptation et on pouvait encore trouver un grand nombre de troupeaux de canards sur les zones de pâturage de la Plaine centrale, ainsi qu'observer des mouvements inter-provinciaux de troupeaux. D'après les autorités, les déplacements de canards sur de longues distances auraient tout de même considérablement régressé en 2005 ; les mouvements locaux auraient diminué après la mise en place des mesures d'incitation au confinement (aliments pour volailles et constructions d'enclos subventionnés). Le gouvernement estime que cette politique a porté ses fruits, puisque depuis fin 2005, le pays n'a enregistré que quelques foyers sporadiques (cf. § 2.1.2).

**Figure 23 : Illustration des mesures de contrôle de la grippe aviaire HP adoptées par la Thaïlande**

Désinfection des installations d'élevage, « checkpoints » routiers, instauration de passeports pour les coqs de combat, et confinement des volailles sur les marchés et dans les élevages

Source : DLD

Parallèlement, en raison de l'ampleur de l'épizootie dans le pays, une campagne de surveillance intensive de grande envergure (surveillance clinique active et tests au laboratoire renforcés), dénommée « x-ray survey », est mise en place au cours de la deuxième semaine d'octobre 2004 et jusqu'à début novembre. L'objectif de ce programme interministériel et multi-acteurs est de détecter la présence du virus de manière plus exhaustive dans tous les élevages villageois du pays (notamment les cas asymptomatiques), et de cibler davantage l'abattage des troupeaux infectés ou suspects. En collaboration avec le MOAC (Ministry of Agriculture and Cooperatives), le MOPH (Ministry of Public Health), le MONRE (Ministry of Natural Resources and Environment), le MOI (Ministry of Interior), les gouverneurs provinciaux, et 6 facultés vétérinaires, des équipes de centaines de milliers de volontaires et des salariés du MOPH et du DLD (MOAC) sont dépêchés sur le terrain en vue de répertorier toutes les volailles malades ou mortes sur l'ensemble du territoire et dans l'ensemble des unités de production, à l'échelle villageoise (enquêtes en porte-à-porte au niveau de chaque ménage, à raison de 10 à 15 ménages enquêtés par volontaire et par jour). Les éleveurs sont également encouragés à reporter toute suspicion d'infection aux autorités. De plus, des échantillons cloacaux (et de viscères sur les carcasses, le cas échéant) sont prélevés dans des zones cibles selon un protocole établi par la Division Epidémiologie du DLD (3 troupeaux de poulets par village, à raison de 5 oiseaux par troupeaux). Chez les canards, 60 échantillons (cloacaux et sanguins) sont prélevés sur chaque troupeau. Des rapports journaliers faisant état des observations quotidiennes sont envoyés au siège du DLD pour analyse, et l'information est mise en ligne mensuellement sur le site Internet du DLD.

Suite à cette campagne, le nombre de déclarations de cas a sensiblement augmenté en octobre et novembre 2004 (cf. § 2.1.2), ce qui témoigne de l'efficacité du programme et d'une sous-déclaration des cas lorsque seule une surveillance de routine est menée. En 2005, de telles enquêtes sont reconduites à trois reprises, en février, juillet et de mi-octobre à décembre, puis également en 2006 (février, puis intervalles réguliers de 6 mois). En tout, de 2004 à début 2006, 6 campagnes « X-ray » ont été menées. Même si le principe général du programme reste inchangé au cours du temps, son timing, son aire d'action et la population animale étudiée sont adaptés à la situation épidémiologique rencontrée au cours de chaque programme. Ainsi, par exemple, lors de la première campagne menée en octobre 2004, tous les troupeaux de canards ont été soumis à analyse, sur la base des résultats de recherche parus à ce moment et qui suggéraient un rôle clé des canards élevés en plein-air dans le maintien et la diffusion du virus (cf. § 2.2.3). A partir de janvier 2005, les enquêtes ont ciblé les zones à risque. En terme de timing, la troisième campagne de l'année 2005 a été conduite en octobre, période de transition entre la saison humide et la saison hivernale qui est en général accompagnée d'une augmentation des problèmes respiratoires chez les volailles, et qui coïncide par ailleurs avec l'arrivée des oiseaux migrateurs en provenance du Nord. La campagne suivante a quant à elle démarré fin janvier juste avant le nouvel an chinois, période durant laquelle le commerce de volailles augmente sensiblement.

Les modalités de surveillance et de contrôle, ainsi que les populations cibles, sont présentées de manière synthétique dans le tableau de la figure 24.

**Figure 24 : Stratégies de surveillance de l'HPAI à H5N1 chez les volailles, en Thaïlande, et mesures de contrôle associées**

Type	Timing	Programme	Groupes cibles	Activités de contrôle		
Surveillance de routine	Depuis début 2004 (modalités évolutives), en continu	Surveillance clinique active / passive	Toutes les fermes sondées / suspicions de cas déclarées, y compris oiseaux sauvages	Abattage préventif des troupeaux situés dans le village affecté et/ou dans un rayon de 1 km autour du foyer (5 km avant juillet 2004) Délai imposé de 60 à 90 jours avant restockage Contrôle et restrictions des mouvements de volailles durant 30 jours dans un rayon de 10 km (50-60 km début 2004 puis 5 km jusqu'en juillet 2004) Mise en place de « checkpoints » sur l'ensemble du territoire et renforcement dans les zones à risque		
			Canards « free-grazing »	Restrictions des mouvements complémentaires en 2005, puis confinement obligatoire dès 2006		
		Surveillance passive par tests au laboratoire	Tous les échantillons réceptionnés par le laboratoire hors surveillance clinique (y compris prélèvements préventifs dans un rayon de 5 km autour d'un foyer)	Tests virologiques pour la recherche de virus HPAI Mesures d'abattage et de contrôle identiques		
			Troupeaux de volailles avant déplacement, avant abattage	Isolation virale sur des échantillons cloacaux collectés (sur 60 oiseaux par troupeau) 7 à 10 jours avant déplacement du troupeau Mesures d'abattage et de contrôle identiques		
			Coqs de combat inscrits au registre	Isolation virale sur des échantillons cloacaux collectés individuellement tous les 3 mois		
		Suivi sanitaire spécifique	Troupeaux de volailles reproductrices et pondeuses impliqués dans le programme de certification « standard farm »	Isolation virale sur des échantillons cloacaux collectés (sur 20 oiseaux par troupeau) tous les 2 mois Mesures d'abattage et de contrôle identiques		
			Oiseaux domestiques à l'exportation	Isolation virale sur des échantillons cloacaux collectés individuellement		
		Surveillance intensive : « X-ray surveys »	Depuis octobre 2004, 2 à 3 fois par an	Surveillance clinique	Tous les ménages et exploitations avicoles Zones à risque dès 2005	Mesures d'abattage et de contrôle identiques
				Tests au laboratoire	Toutes volailles confondues Tous les élevages de canards	Isolation virale sur des échantillons cloacaux collectés (sur 3 troupeaux par village et tous les troupeaux de canards) Mesures d'abattage et de contrôle identiques

D'après Buranathai C. et al., 2007

Avec pour objectif de freiner le plus efficacement possible la progression de la maladie (incitation à l'auto-déclaration des cas<sup>70</sup>), la politique compensatoire a l'égard des éleveurs affectés par des pertes de volailles leur était très favorable entre janvier et mai 2004. Au lieu des 75% du prix du marché habituellement constatés, le gouvernement avait décidé de les indemniser à hauteur de 100% de la valeur commerciale de vente des animaux morts ou abattus<sup>71</sup> (première étape de remboursement immédiate afin de compenser la perte directe de revenu engendrée par l'abattage des volailles et la destruction des oeufs, suivie d'une seconde phase de compensation lorsque l'éleveur est prêt à stocker de nouvelles volailles, pour laquelle il peut choisir entre des liquidités ou des volailles). Cette stratégie a connu quelques revers lorsque certains éleveurs ont volontairement contaminé leurs troupeaux afin de compenser les pertes engendrées par une forte baisse de la demande sur le marché des produits dérivés de volaille. Cet épisode témoigne de la difficulté d'adapter une politique de compensation qui permette de répondre efficacement à un objectif de contrôle de la maladie. Dès juillet 2004, la compensation a été revue à la baisse, avec un taux d'indemnisation réduit à 75%. Finalement, entre 2004 et 2005, plus de 110 millions d'euros ont été déboursés pour des compensations directes aux éleveurs.

Une amélioration de la biosécurité des élevages a par ailleurs été encouragée (soutiens financiers, éducation). Le DLD a établi des standards d'élevage pour les poules pondeuses, les poulets de chair, les canards et d'autres types de volailles. Les standards sont aussi variables selon le type de ferme et la taille des élevages. Il s'agit de recommandations présentées sous forme de guides à destination des éleveurs. Des séances de formation ont également été organisées autour du concept de biosécurité et sur les mesures préventives à suivre. Seules les fermes satisfaisant ces recommandations sont autorisées à reconstituer leur stock de volailles après une infection, le cas échéant. Des règles de conduite relatives aux activités d'abattage et de service sanitaire ont été établies et doivent a priori déboucher sur la mise en place d'une réglementation spécifique. Une campagne d'information à destination du grand public a aussi été menée afin de rétablir la confiance du consommateur et de prévenir les risques de contamination. Un événement appelé la « Big cleaning week » a notamment été organisé la première semaine de mars 2004 afin de renforcer la communication auprès des publics cibles et de promouvoir la désinfection des différents lieux à risque (fermes, abattoirs, marchés). Enfin, une base de données sur les populations de volailles est en cours de mise à jour et améliorée en continu afin de mieux planifier les contrôles et les études épidémiologiques.

---

<sup>70</sup> Rappelons que, la grippe aviaire HP étant une maladie à déclaration obligatoire, en théorie, tout éleveur mettant en évidence des signes cliniques suspects au sein de sa volaille doit le notifier immédiatement aux autorités vétérinaires locales

<sup>71</sup> Le « Animal Epidemic Act » accorde habituellement 75% de la valeur des animaux abattus en cas d'épizootie de maladie infectieuse. Dans le cas de la grippe aviaire à H5N1, ce pourcentage a été relevé à 100% lors de la première vague épizootique en raison de l'étendue de la maladie et de son impact dévastateur sur la filière.

**PARTIE 2 :**  
**QUESTIONS SOULEVÉES ET DÉMARCHE ADOPTÉE POUR UNE**  
**APPROCHE GÉOGRAPHIQUE DE L'ÉMERGENCE**

## Chapitre 3 Problématique et objectifs : caractériser un processus émergentiel par une approche géographique et étudier les facteurs de risque associés

### 3.1 Bases contextuelles

Avant d'entamer toute réflexion et de poser une problématique de recherche sur notre thème, il paraît opportun de "poser les fondamentaux". Après avoir décrit de manière relativement détaillée la biologie et l'épidémiologie du virus H5N1 au premier chapitre, ainsi que, au chapitre 2, le contexte de notre terrain d'étude, la Thaïlande, le tableau présenté en figure 25 revient de manière synthétique et ciblée sur ces différents acquis (écologie du virus, modalités de transmission, facteurs de risque et groupes vulnérables, sources de biais d'analyse, etc.) et sur les questions qui restent en suspens et qui intéressent plus spécifiquement notre sujet d'étude, afin également de rendre compte de la complexité du problème.

**Figure 25 : Synthèse des bases épidémiologiques et contextuelles utiles à la problématique et à l'analyse**

<b>Données issues de la revue bibliographique présentée aux chapitres 1 et 2</b>	<b>Conséquences en matière de transmission du virus et de compréhension du phénomène d'émergence en Thaïlande</b>
Enregistrement de 5 vagues épizootiques successives mais continuité dans la déclaration des cas	Virus présent de manière endémique, réintroductions régulières et persistance de la maladie dans la filière avicole
Persistance du virus dans l'environnement <ul style="list-style-type: none"> <li>• Matières fécales : jusqu'à 7 jours à 20°C</li> <li>• Eau : jusqu'à 4 jours à 22°C, mais, en cas de concentrations importantes, jusqu'à 3 mois à 28°C (et plus de 6 mois à 17°C)</li> <li>• Environnement du poulailler : jusqu'à 5 semaines</li> </ul>	Persistance du virus participe au risque de transmission depuis le milieu extérieur (milieu naturel tel que surfaces en eau et zones humides contaminées, zones situées à proximité d'un élevage infecté et souillées par les fientes des oiseaux, fomites contaminés ou échanges humains) vers les élevages avicoles
Large spectre d'hôtes : volailles d'élevage, oiseaux sauvages aquatiques et terrestres, certains mammifères Transmission directe par contact ou promiscuité entre oiseaux Transmission indirecte via des vecteurs mécaniques et via l'homme	Sources potentielles d'introduction : <ul style="list-style-type: none"> <li>• Environnement : eau contaminée par des élevages voisins ou par des oiseaux sauvages infectés, habitats où se rassemblent des populations d'oiseaux sauvages (zones humides, rizières)</li> <li>• Activités humaines : échanges entre fermes (matériel, intrants, produits d'élevage, volailles), commerce de volailles (marchés, fournisseurs, distributeurs, transporteurs, commerce illégal)</li> </ul> L'émergence étant liée à une transmission à moyenne ou longue distance, différenciation nécessaire des phénomènes de diffusion selon qu'ils interviennent à courte distance (échanges entre fermes, déplacements locaux d'oiseaux sauvages, eau contaminée, échanges commerciaux sur les marchés locaux), moyenne distance (libre parcours des canards, échanges commerciaux notamment via les marchés de volailles vivantes ou autres marchés principaux, oiseaux migrateurs, commerce illégal transfrontalier, éventuellement eau circulante) ou à longue distance (oiseaux migrateurs, échanges commerciaux à grande échelle notamment au niveau des secteurs de production 2 et 3, commerce illégal)

<p>Signes cliniques variables, plus ou moins apparents (et plus ou moins généralisés à tout l'organisme) :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Diagnostic différentiel difficile à établir en raison de fortes similitudes avec d'autres affections aviaires telles que la maladie de Newcastle</li> <li>• Sensibilité à l'infection variable, en particulier selon l'espèce et l'âge des oiseaux</li> <li>• Mise en évidence de signes cliniques et même d'une létalité chez des espèces traditionnellement considérées comme peu sensibles (oiseaux aquatiques notamment)</li> <li>• Chez le canard, changement du profil pathogénique du virus au cours du temps (forte pathogénicité à partir de 2001 puis réversibilité du pouvoir pathogène courant 2003)</li> <li>• Réaction des populations sauvages en conditions naturelles largement méconnues</li> </ul>	<p>Complicite la surveillance de la maladie et peut introduire des biais de sélection Complicite la compréhension de l'épidémiologie de la maladie et du rôle spécifique joué par certains oiseaux sauvages et les canards d'élevage</p>
<p>Excrétion du virus par voie respiratoire majoritairement (en particulier chez les canards), et par voie intestinale Excrétion peut survenir avant l'apparition des signes cliniques et perdurer pendant 14 jours (canard) à 30 jours (poulet) après l'infection Excrétion inapparente de particules virales possible, en particulier chez les canards (en quantités moins importantes cependant)</p>	<p>Potentiel de transmission relativement durable dans le temps, augmentant les risques Globalement, mécanismes de transmission du virus entre oiseaux encore largement méconnus</p>
<p>Oiseaux sauvages et notamment oiseaux aquatiques migrateurs, en cas d'infection bénignes ou en tant que porteurs sains ou asymptomatiques, peuvent diffuser localement le virus dans le milieu naturel ainsi que sur de plus longues distances par déplacement : ce risque, bien que controversé, ne peut être exclu Canards d'élevage, en tant que porteurs sains ou asymptomatiques, peuvent jouer un rôle dans le maintien de l'infection dans les élevages, et donc dans la diffusion du virus sur de courtes à longues distances (notamment au travers des pratiques de libre parcours, des regroupements de volailles sur les marchés, et des autres échanges commerciaux)</p>	<p>Origine des processus émergents (transmission à moyenne et longue distance) difficile à appréhender :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Différentes hypothèses formulées quant aux possibles sources d'introduction du virus controversées</li> <li>• Rôle respectif des facteurs environnementaux (en lien avec des oiseaux sauvages ou des pratiques d'élevage non biosécurisées) et des facteurs anthropiques (en lien avec des échanges commerciaux pour l'essentiel) difficile à cerner</li> <li>• 2 processus jouent simultanément, mais difficile de savoir lequel est prédominant sur la zone géographique étudiée, à savoir la Thaïlande</li> </ul>
<p>Virus à potentiel évolutif important</p>	<p>Complicite l'étude des sources d'émergence du virus et de sa diffusion par suivi phylogénétique des souches virales</p>
<p>Présence du virus H5N1 sur le territoire thaïlandais remonte probablement à fin 2003 mais n'a été officiellement déclarée qu'en janvier 2004</p>	<p>Maladie largement distribuée au moment de sa déclaration officielle : source d'introduction difficile à rechercher, contrôle de la maladie difficile</p>
<p>Concentration de l'activité avicole dans le Centre (élevages spécialisés de poulets de chair et de poules pondeuses, canards pondeurs et de chair dans une moindre mesure, élevages indépendants de « native chicken »), le Nord (poulets de chair et poules pondeuses), et l'Est du pays (élevages indépendants de « native chicken », poulets de chair, canards de chair)</p>	<p>Risque a priori assez bien réparti entre ces différentes régions qui concentrent l'activité de production et où plusieurs types d'élevage coexistent</p>

<p>Agrégation des cas dans les régions Centre, Nord (Sud de la région), et Est</p>	<p>Mise en évidence de régions à risque d'infection et de transmission, mais concernant tous les cas déclarés (absence de discrimination des cas selon qu'ils proviennent d'une diffusion locale ou d'une (ré)-introduction dans une zone indemne dans un certain délai de temps et à une certaine distance, autrement dit pas d'exclusion des effets de diffusion et de dépendance entre les cas)</p>
<p>Filière de production divisée en 4 secteurs selon des critères de pratiques d'élevage, de niveaux de biosécurité et de débouchés commerciaux :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Secteur 1 : Elevage industriel, risque d'infection nul</li> <li>• Secteur 2 : Elevage commercial spécialisé, risque d'infection faible à modéré</li> <li>• Secteur 3 : Elevage semi-commercial indépendant, comprenant l'élevage de canards en libre parcours, risque d'infection important</li> <li>• Secteur 4 : Elevage de basse-cour, comprenant les coqs de combat, risque d'infection faible à important (élevage ouvert mais nombre de contacts à risque et échanges commerciaux faibles, risque difficile à évaluer et controversé)</li> </ul>	<p>Evaluation globale des risques par secteur possible mais ensemble de la filière concerné, difficile de concentrer les risques sur un groupe cible</p>
<p>Développement fulgurant de la filière avicole ces 20 dernières années</p>	<p>Focalisation de l'attention des autorités sur l'élevage industriel pendant de nombreuses années Elevage indépendant ou de basse-cour a suivi la tendance à la croissance sans améliorer ses conditions d'hygiènes et sanitaires, et en conservant une organisation commerciale peu structurée, facteurs à l'origine de risques potentiels d'introduction de la maladie au niveau de ces groupes</p>
<p>Rôle clé des canards en libre parcours potentiellement asymptomatiques, dont les troupeaux sont concentrés autour de la Plaine centrale en lien avec l'intensité de l'activité rizicole (2 cycles culturaux ou plus) Pratique de libre parcours identifiée comme facteur de risque majeur de la maladie (maintien et diffusion du virus)</p>	<p>Prise en compte spécifique de ces pratiques à haut risque dans l'analyse, étude du rôle joué par ce groupe cible dans l'émergence vs. la diffusion</p>
<p>Recommandations internationales en matière de prévention de la maladie préconisent une mise en quarantaine de 3 semaines pour les oiseaux nouvellement introduits dans un élevage (isolement sanitaire et interdiction de déplacement des animaux de mêmes durées en cas de foyer confirmé)</p>	<p>Donnée relative au délai de risque de diffusion exploitable dans le cadre de la discrimination spatio-temporelle de l'émergence</p>

<p>Stratégie de contrôle relativement longue à mettre en œuvre mais efficace, ce qu'atteste la nette diminution des déclarations de cas au cours du temps (1564 cas de juillet à décembre 2004, 182 cas en 2005, 3 cas en 2006, 4 cas en 2007, et 2 cas en 2008 au 1<sup>er</sup> février) :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Abattages préventifs</li> <li>• Contrôle et restrictions des mouvements de volailles</li> <li>• Ciblage de certains groupes et activités à risques : interdiction des grands rassemblements de volailles, des combats de coqs, sécurisation des élevages à risque (confinement des volailles de basse-cour, pratique de libre parcours fortement encadrée en 2005 puis prohibée en 2006 – persistance relative malgré tout)</li> </ul> <p>Stratégie de surveillance et de contrôle adaptée au cours du temps</p>	<p>Données épidémiologiques relatives à la première vague épizootique peu fiables et non exploitables Intervention parallèle de lutte contre la maladie à prendre en considération dans l'interprétation des résultats, ayant un impact fort (et variable dans le temps) sur la limitation de la diffusion du virus par le biais d'activités humaines (commerce et élevage) Mesures de surveillance et de contrôle non homogènes au cours du temps, à l'origine de biais de sélection à prendre en compte</p>
--	---

### 3.2 Du concept d'émergence à l'idée de géopathocénose

De même qu'il semblait opportun de faire un état des lieux synthétique des connaissances en matière d'influenza aviaire à H5N1 en Thaïlande, il convient de réfléchir succinctement à la signification du concept d'émergence. Nous verrons en quoi la notion de pathocénose est également liée à notre sujet.

Le terme de maladie émergente correspond à une notion relativement ambiguë, dont le cadre peut être précisé. Utilisé à bon escient ou de manière abusive (Toma B., Thiry E., 2003), il correspond à une réalité complexe. L'idée d'émergence est liée à la naissance de l'épidémiologie moderne au 19<sup>ème</sup> siècle, avec l'étude des premières pandémies de choléra et de typhus. L'origine du concept remonte à 1930 (Nicolle C.), même si le terme en lui-même n'apparaît qu'au début des années 90, dans le cadre de l'étude de la propagation de la maladie de Lyme et de la légionellose. Le concept de maladie émergente est réellement apparu lorsque les scientifiques ont commencé à observer de nouveaux germes pathogènes jamais décrits en laboratoire, et, sur le terrain, l'extension de maladies ou leur diffusion rapide et parfois dramatique dans des populations ou des zones jusque-là indemnes. Plusieurs définitions du terme de maladie émergente ont été proposées. On peut notamment rappeler la définition retenue par le CDC (Center for Diseases Control) : « maladie infectieuse dont l'incidence chez l'homme a augmenté au cours des deux dernières décennies ou qui menace d'augmenter dans un avenir proche ». Finalement, en tenant compte des diverses propositions de définitions existantes, on pourrait raisonnablement dire d'une maladie qu'elle est émergente lorsque son incidence réelle augmente de manière significative dans une population donnée, sur un espace et pendant une période donnée, par rapport à la situation épidémiologique et aux fluctuations habituelles de cette maladie. L'idée d'un enjeu de santé publique est sous-jacente : une maladie émergente est susceptible de poser des problèmes de santé publique à l'échelle locale, régionale ou même internationale. Un consensus s'établit à l'usage sur des maladies se manifestant dans deux contextes. Le premier correspond au développement d'une maladie nouvelle, qui est la conséquence d'un agent pathogène nouveau, dans sa nature même, dans son mode de transmission, dans son expression et son adaptation aux espèces hôtes. Les exemples les plus connus sont ceux des fièvres hémorragiques virales apparues depuis la fin des années 60, le VIH en 1983, le virus du SRAS en 2002, ou encore le virus de l'influenza aviaire à H5N1. Le second contexte correspond à une maladie déjà identifiée, mais dont les manifestations sont nouvelles, associées à une augmentation brusque de l'incidence, de la gravité ou de l'aire géographique. L'exemple le plus récent est celui du virus chikungunya, isolé pour la première fois en 1952 en Tanzanie puis en Asie du Sud-Est dans les années 70. Ce

virus a fait son apparition pour la première fois dans l'océan Indien début 2005, entraînant une épidémie importante dans cette région et notamment sur l'île de La Réunion. L'aspect relatif à l'étendue géographique de la maladie est souvent déterminant. Il traduit le concept de réussite émergentielle (Chastel C., 2006).

Les maladies émergentes ont des dynamiques qui ont toujours été soumises aux changements de l'environnement, aux changements démographiques et aux activités humaines. La particularité du monde actuel est qu'il est soumis à des changements susceptibles d'agir sur une large échelle et pouvant notamment favoriser l'émergence de maladies d'origine animale. Les conditions favorisant l'émergence sont celles qui agissent sur l'apparition de la maladie (émergence au sens strict ou introduction de la maladie dans une zone indemne, cf. infra) ou sur sa propagation. Les travaux menés par les sciences sociales et de la santé ont montré que le déclenchement de processus émergentiels était toujours multifactoriel, renvoyant à la fois à des facteurs biologiques, environnementaux *sensu stricto*, démographiques, sociaux, culturels, économiques et politiques. Nombre de facteurs de discontinuité ou de rupture des équilibres, agissant pour certains en synergie, forcent ainsi les sociétés à une transition épidémiologique et sanitaire. L'inventaire (non exhaustif) qui suit permet d'en identifier quelques uns :

- Les changements écologiques, tels que la modification des écosystèmes, la perte de diversité biologique et la rupture des équilibres climatiques (entraînant par exemple inondations et sécheresses), sont susceptibles de modifier l'aire de répartition de certains pathogènes ou vecteurs, ou de favoriser le développement ou la diffusion de maladies. Comme l'indique le rapport de l'OMS « Climate change and human health » publié en 1996, le problème de santé publique le plus préoccupant en rapport avec le changement climatique serait celui des maladies à vecteurs.
- Les phénomènes de croissance démographique et de flux migratoires toujours plus étendus ont également tendance à favoriser la diffusion de certaines pathologies ou à créer des disparités de santé à l'origine de vulnérabilités.
- On peut aussi évoquer l'influence des facteurs socio-anthropologiques et des comportements socio-culturels. Le changement social et spatial rapide qui marque nos sociétés, en particulier au Sud, à l'origine notamment de la perte de support social, d'un phénomène de paupérisation, de pratiques et de modes de vie nouveaux et souvent sédentaires, de bouleversements alimentaires, sont autant de déterminants de la dégradation de la santé et de l'émergence de nouvelles pathologies, dont les villes sont le lieu d'expression privilégié. Les territoires ruraux sont également concernés par des changements de gestion de l'espace et des modifications des systèmes agraires, des pratiques du milieu, des mobilités, et des modes d'occupation du sol. Hôtes ou vecteurs, les mammifères, les arthropodes, ou encore les oiseaux, par l'anthropisation des espaces et la modification des milieux naturels, participent à l'émergence de pathologies.
- Le phénomène de mondialisation et de développement économique et technologique a aussi une influence directe sur l'accroissement du risque infectieux, au travers notamment des facteurs suivants : accroissement des transports internationaux, globalisation des échanges commerciaux, à l'origine d'une intensification des échanges humains et des transports d'animaux et de marchandises alimentaires d'un continent à un autre, favorisant la diffusion rapide et sur de grandes distances des pathogènes ; nouvelles formes d'exploitation de l'espace (urbanisation, déforestation, colonisation de nouveaux milieux et grands travaux d'aménagements) ; conflits armés et tensions internationales d'un nouvel ordre, pouvant entraîner de vastes migrations forcées ; etc..

L'étude de processus émergentiels par nature multifactoriels peut faire appel au concept de système pathogène<sup>72</sup>, développé par H. Picheral, qui conçoit le milieu où apparaît et se développe une maladie de manière globale et intégrée. Les interrelations entre milieu naturel, santé et activités humaines créent des conditions spécifiques d'émergence et de transmission. L'émergence est liée aux propriétés intrinsèques des éco- et anthropo-systèmes, souvent

<sup>72</sup> M. Sorre a auparavant posé les fondements de la géographie médicale moderne, avec le concept de complexe pathogène, ouvrant la voie à de multiples recherches sur la répartition des maladies, leurs facteurs de risque d'émergence, leur diffusion et leur impact

cryptiques, et qui rencontrent des conditions d'instabilité et d'amplification des risques qu'il convient d'étudier.

Enfin, au travers de l'invention de la théorie de pathocénose en 1969 (avec pour objectif initial de mieux appréhender l'histoire des maladies et une première application à l'étude des maladies dans l'Antiquité), M.D. Grmek offre un complément d'analyse. Ce terme, forgé sur celui de « biocénose », désigne l'état d'équilibre des maladies à un moment donné de l'histoire, dans une société donnée. Il introduit un aspect dynamique à l'étude des systèmes pathogènes, aspect essentiel au regard de la dimension spatio-temporelle des processus d'émergence. Les pathologies interagissent dans un espace fini dans des systèmes complexes, et tout bouleversement de ces interactions pourra donner lieu à l'émergence ou à la ré-émergence de maladies. La pathocénose tend naturellement vers un état d'équilibre dans une situation écologique qui varie dans des limites relativement étroites, mais des changements de facteurs externes peuvent produire des ruptures et créer des déséquilibres imposant des tendances nouvelles, comme l'apparition de maladies émergentes. On peut noter que ce processus de continuités/discontinuités dynamiques renvoie également aux bases conceptuelles de la démarche géographique (en particulier le rôle des discontinuités spatiales ou exceptions géographiques dans la compréhension des déterminants d'une maladie ; Handschumacher P., Hervouët J-P., 2004) et atteste plus généralement de l'intérêt de combiner approches temporelles et spatiales (idée de "pathologie historico-géographique", Hirsch A., 1860, renvoyant également, à l'origine, au « Traité des airs, des eaux et des lieux » d'Hippocrate). Les différents concepts évoqués peuvent finalement se combiner et aboutir à l'idée de géopathocénose, selon laquelle chaque zone géographique présente un triptyque espace-société-santé qui lui est propre. Tous les facteurs de rupture de l'équilibre ou de bouleversement de la pathocénose trouvent une inscription spatiale, et chaque combinaison de facteurs conditionne l'apparition ou le maintien des maladies sur un territoire donné. Caractériser la géopathocénose d'une maladie revient ainsi à étudier la géographie de ses déterminants et de leurs associations complexes, autrement dit à étudier les lieux où s'inscrivent les bouleversements de pathocénose, leur distribution spatiale et leurs conditions sociales intrinsèques.

Il est néanmoins important de mentionner que, dans notre cas d'étude, l'analyse, bien qu'intégrée à ces grands concepts et réflexions, ne rend pas compte de phénomènes spatiaux intrinsèques liés par exemple au contexte culturel et social d'une population, ou d'associations complexes entre facteurs. En effet, on s'intéresse au statut sanitaire de populations animales et non humaines, et à des facteurs extrinsèques liés à des processus de diffusion d'un agent pathogène (l'émergence étant ici principalement "réduite" à de la diffusion à moyenne et longue distance, cf. infra) et étudiés individuellement. Ceci constitue une des limites de notre étude en comparaison des objectifs plus ambitieux que peut relever la discipline de géographie de la santé lorsqu'elle fait appel aux sciences sociales (cf. conclusion) et s'intéresse plus largement aux « combinaisons de facteurs qui, sur un espace donné, exposent de manière différentielle des populations à des risques pathogènes exogènes, et qui distribuent inégalement dans l'espace des populations exposées à un risque donné » (Salem G., 1995). L'originalité de notre étude repose davantage sur la méthode employée pour caractériser un processus émergentiel, le différencier selon des critères spatio-temporels<sup>73</sup>, puis l'analyser à part entière ou de manière comparative<sup>74</sup>.

<sup>73</sup> Le sens attribué au terme d'émergence dans le cadre de ce travail, et la méthodologie employée pour discriminer les foyers considérés comme émergents des autres selon des critères spatio-temporels, sont explicités plus en détails au § 4.2.1

<sup>74</sup> Avant la soumission de l'article de Souris M. et al. en mai 2008, la caractérisation des points d'émergence de l'influenza aviaire n'avait jamais fait l'objet d'une analyse spécifique. De plus, aucune étude n'a jusqu'à présent été menée sur les facteurs de risques associés à l'émergence *sensu stricto* vs. la diffusion.

### 3.3 Questions et objectifs de recherche

Maintenant que nous avons décrit le concept d'émergence dans son ensemble et évoqué les facteurs et situations complexes qui peuvent concourir à l'émergence, il convient d'expliquer pourquoi nous choisissons de nous intéresser plus spécifiquement au processus émergentiel pour cet exercice de recherche. Toutes les maladies émergent un jour, ou bien dans la conscience collective, ou bien dans notre biosphère (Nicolle C., 1930). Mais, comme mentionné précédemment, les changements sociétaux actuels ont modifié les dynamiques des relations entre l'environnement et la santé. Les problèmes de santé publique liés aux maladies infectieuses se présentent avec une ampleur et des caractéristiques nouvelles. Le risque émergentiel semble avoir augmenté et les recherches doivent aujourd'hui s'adapter à ce contexte en mutation rapide et s'intéresser spécifiquement à ce phénomène. L'enjeu consiste à trouver les clés de compréhension de nombreuses maladies infectieuses en vue d'améliorer leur contrôle et leur prévention. Ainsi, depuis que le principe de maladie émergente est acquis et largement documenté au sein de la communauté scientifique internationale, plusieurs réunions et des ouvrages connexes ont proposé des actions de recherche nouvelles sur la détection de ces événements et le développement de systèmes d'alerte précoce. Les maladies émergentes et leurs indicateurs de risque sont aujourd'hui plus que jamais au centre des questions de santé, en particulier au niveau de la zone intertropicale et dans les pays en développement qui sont souvent sous-médicalisés et où les manifestations épidémiques ont un potentiel d'impact socio-économique élevé.

Pour toutes ces raisons, il paraît opportun de consacrer à la question de l'émergence du virus H5N1, qui touche actuellement une soixantaine de pays de la zone tropicale comme des régions tempérées et suscite une attention particulière de la part de la communauté scientifique en raison notamment de son potentiel zoonotique, une réflexion approfondie. Nous allons essayer de situer notre recherche dans ce cadre et voir quels outils de la discipline géographique peuvent être mobilisés et mis à profit pour appréhender au mieux les systèmes dynamiques complexes décrits précédemment et où s'expriment les processus émergentiels. Au regard de ce qui a été présenté, nous pouvons faire l'hypothèse que chaque émergence intervenant au sein d'une population (y compris une population animale d'élevage, qui est en interrelation permanente avec l'homme) correspond à un bouleversement de la pathocénose locale, et est ainsi un phénomène ancré dans l'espace et dans le temps. L'accroissement du risque émergentiel est lié à une combinaison de facteurs biologiques, écologiques, démographiques, sociaux et culturels en un lieu. Une appréhension correcte de ces facteurs est difficile, mais l'approche géographique peut constituer une porte d'entrée, comme nous allons le constater. La variabilité des déterminants et la complexité des systèmes en cause ne doivent jamais être perdues de vue.

La Thaïlande est un terrain d'étude favorable pour une étude géographique des processus d'émergence de l'influenza aviaire à H5N1 (comme mentionné en introduction). Il s'agit d'une zone d'épi-enzootie où se sont succédées des périodes de flambées épizootiques et des périodes de résurgences régulières de cas d'infection. Le nombre total de cas enregistrés permet une approche statistique représentative, d'autant plus que le recueil de ces données repose sur un dispositif de surveillance renforcé et relativement fiable. Les données relatives au mode d'occupation du sol sont également récentes et disponibles sur tout le territoire.

Les questions générales qui orientent notre recherche sont nombreuses (même si cette étude n'a pas pour ambition d'y répondre) : Quels sont les espaces de l'émergence de l'influenza à H5N1 en Thaïlande et comment les caractériser ? Quels sont les modes de gestion du territoire, les agencements spatiaux, les ouvertures sur l'extérieur, les pratiques sociales, et parallèlement les articulations d'échelles, qui contribuent à cette émergence ? Comment cela se traduit-il en termes de facteurs et d'indicateurs de risques, en vue notamment de prévenir la maladie, de la contrôler et de s'en prémunir ? En particulier, quelles combinaisons spatio-temporelles de facteurs de risque peut-on mettre en évidence ? Une étude géographique spécifique des conditions et des territoires d'émergence du virus H5N1, et de ses dynamiques spatio-

temporelles, peut apporter des éléments de réponses. Au niveau de chaque zone étudiée se combinent de nombreuses variables qu'il convient d'identifier et, sinon de hiérarchiser, de caractériser. L'analyse porte sur des objets de recherche circonscrits dans l'espace et le temps, à savoir les cas d'infection au H5N1 ayant été déclarés au niveau des élevages avicoles de Thaïlande depuis 2004. Leur agencement spatial et temporel est pris en compte et mis en relation avec d'autres données relatives au milieu (occupation du sol pour l'essentiel, cf. § 4.1) en vue de distinguer les processus relevant de l'émergence et de la diffusion à courte distance, et *in fine* de caractériser plus spécifiquement les espaces d'émergence.

L'objectif final de notre recherche repose sur l'identification des facteurs qui favorisent l'émergence ou la réémergence de l'H5N1 dans les élevages avicoles de Thaïlande. Bien que les principaux facteurs de risques associés à la diffusion du virus au sens large aient déjà été identifiés, tous foyers d'infection confondus, il paraît opportun d'évaluer leur contribution relative au phénomène d'émergence analysé à part entière. L'état des connaissances relatif aux conditions socio-agro-écosystémiques associées à l'introduction du virus et à sa persistance dans l'environnement (dont la compréhension permettrait de cibler les zones à risque pour la surveillance et la lutte, et d'avoir une vision prédictive améliorée de la maladie) reste limité. Les foyers infectieux détectés après un certain intervalle de temps et à une certaine distance des autres foyers peuvent être qualifiés d'émergents et sont distingués des autres selon une procédure d'analyse spatio-temporelle décrite au chapitre 4. Cette distinction permet de cibler l'analyse sur les phénomènes d'émergence et de réémergence virales, qui sont dus à une persistance locale du virus dans l'environnement ou à de nouvelles introductions en provenance de sources externes<sup>75</sup> (oiseaux sauvages et échanges commerciaux pour l'essentiel<sup>76</sup>). L'un des objectifs de cette étude consiste ainsi à évaluer l'importance relative de ces différents types de sources d'introduction. Le rôle respectif joué par le contexte environnemental, la faune sauvage, les pratiques d'élevage, et les pratiques commerciales dans la diffusion et le maintien de la maladie, reste, comme nous l'avons vu en première partie, difficile à appréhender, et nécessite une attention spécifiquement orientée sur les réémergences périodiques du virus. En particulier, les questionnements relatifs au rôle joué par les canards d'élevage asymptomatiques et en particulier ceux élevés en libre parcours au niveau des zones rizicoles<sup>77</sup>, seront pris en compte. L'hypothèse d'une introduction initiale du virus par des oiseaux sauvages, notamment migrateurs, puis d'une diffusion via des canards « free-grazing », et d'une amplification locale au niveau de volailles terrestres par transmission secondaire, doit être étudiée. Cette recherche se place finalement dans un registre similaire à celui d'études épidémiologiques et/ou spatiales menées récemment sur le sujet (épidémiologie analytique, patterns de diffusion de la maladie dans le temps et dans l'espace à partir d'un foyer initial, recherche de clusters spatiaux)<sup>78</sup>, tenant compte de facteurs de risque déjà mis en évidence pour certains (zones humides et rizicoles, densités de volailles terrestres ou aquatiques, densité de population, etc.), mais la

<sup>75</sup> Des résultats récents de recherche émettent l'hypothèse que l'Asie du Sud-Est représenterait un territoire d'évolution du virus, ce qui laisse penser que la région serait soumise à des réintroductions cycliques de nouvelles souches virales en provenance de l'extérieur (Wallace R.G. et al., 2007)

<sup>76</sup> Plusieurs théories sont avancées pour expliquer l'origine du virus dans les élevages avicoles : oiseaux sauvages, échanges commerciaux, influence climatique sur la survie du virus, pratiques d'élevage peu sécurisées, rôle des canards en tant que porteurs sains, etc.

<sup>77</sup> La présence de canards « free-grazing » pâturant dans les zones de production rizicole intensive a en effet été identifiée comme un facteur de risque majeur de la persistance et de la diffusion du virus, sur la base d'études indépendantes menées en Thaïlande et au Vietnam (cf. § 2.2.3). Les zones humides se trouvant au niveau des aires de production de ces canards pourraient jouer un rôle de réservoir du virus et de source de diffusion vers des élevages de canards pouvant être distants, et vers d'autres types d'élevages par diffusion secondaire.

<sup>78</sup> Etude de la transmission de la grippe aviaire HP au sein de la volaille d'élevage dans des pays industrialisés (Garske T. et al., 2007), sur le virus H7N1 en Italie (Ehlers M. et al., 2003 ; Mulatti P. et al., 2007), le H7N7 aux Pays-Bas (Boender G.J. et al., 2007), et le H7N3 au Canada, ou encore en Corée sur le H5N1 (Yoon H. et al., 2005) : analyses spatiales et statistiques, calculs de taux de reproduction entre fermes et production de cartes de niveaux de risque de transmission entre fermes. L'étude de la diffusion est parfois couplée à la recherche de facteurs de risque par des méthodes classiques d'épidémiologie (Thomas M.E. et al., 2005 ; Mannelli A. et al., 2006 ; Gilbert M. et al., 2006b ; Gilbert M. et al., 2007a ; Gilbert M. et al., 2008), tenant compte dans certains cas de paramètres géographiques (calculs à différentes échelles, intégration de données spatialisées et issues de la télédétection) et pouvant mener à la délimitation de zones à risque (basée, par exemple, dans le cas des travaux de Gilbert M. et al., sur l'exploitation d'images satellites permettant d'estimer l'intensité de la production de riz, elle-même corrélée à la densité de canards en libre parcours).

démarche adoptée et les outils utilisés sont nouveaux : analyse ciblée sur les points d'émergence, recours aux SIG et à la géostatistique (plutôt qu'à la statistique classique et à l'observation cartographique), pour une prise en compte des dimensions spatiales et analytiques combinées de l'émergence du H5N1.

## Chapitre 4 Matériel et Méthodes

### 4.1 Exploitation des données disponibles, échelles d'analyse, biais et limites associés

La description des données (type, mode de recueil, biais, limites) utilisées dans le cadre de cette étude constitue une étape nécessaire du travail de restitution car elle conditionne la validité et la fiabilité des analyses qui en seront issues.

#### 4.1.1 Données épidémiologiques du DLD

Les données épidémiologiques sources proviennent des recensements de cas d'infection au H5N1 (après confirmation par analyse au laboratoire) dans des élevages de volailles de Thaïlande (y compris volailles domestiques de basse-cour et coqs de combat), coordonnés par le DLD (Department of Livestock Development, Ministry of Agriculture and Cooperatives), qui est l'organisme officiel en charge de la détection, du contrôle et de la prévention des maladies animales dans le pays. L'étude se fonde sur des données rétrospectives portant sur la période du 3 juillet 2004 au 1<sup>er</sup> février 2008 (soit à partir de la deuxième vague épizootique), et issues de différents programmes de surveillance<sup>79</sup> : surveillance de routine en continu, comprenant plusieurs volets (surveillance clinique active et passive, surveillance par tests virologiques au laboratoire ciblés sur certains groupes ou réalisés au niveau de zones à risque), et surveillance intensive ou enquêtes « X-ray » sur une durée de 1 mois environ, 3 fois par an en moyenne. Ces stratégies de surveillance et les modes de recueil des données correspondant à chacune d'elle sont décrits en détails au chapitre 2 (§ 2.3) et présentés de manière synthétique dans le tableau de la figure 24. Ainsi, le nombre de cas présents dans le fichier source correspond au nombre total de cas positifs détectés officiellement en Thaïlande par tous les éléments combinés du système de surveillance national. Cela permet d'assurer une bonne couverture du territoire et de constituer une base de données relativement exhaustive, mais entraîne par ailleurs une certaine hétérogénéité du recensement dans le temps et dans l'espace (cf. infra).

Depuis le début de l'épizootie, le DLD met en ligne sur Internet<sup>80</sup> les rapports des services vétérinaires sur les cas de suspicion de grippe aviaire HP<sup>81</sup> sous forme de bulletins mensuels (cas répertoriés quotidiennement, mais fichiers parfois redondants avec informations communiquées en thaïlandais uniquement). Lors de la première vague, les rapports mis en ligne étaient parfois incomplets. A partir du début de la deuxième vague, la mise en ligne des données est devenue systématique et le contenu des rapports a été homogénéisé. Les données ont ensuite été progressivement retranscrites, traduites, et codées (codage des différentes unités spatiales selon la classification du Ministère de l'intérieur) par l'équipe de Souris M. et al., puis rassemblées dans un fichier Excel unique, comprenant 10 319 lignes correspondant à autant de rapports de suspicion d'HPAI, dont 1 755 correspondent à des résultats de laboratoire positifs et constituent les cas confirmés d'infection au H5N1 sur lesquels se fonde notre analyse. Pour chaque cas répertorié ou ferme infectée, cette base de données finale contient les informations suivantes : identifiant du rapport, date<sup>82</sup>, localisation (province, district, sous-district,

<sup>79</sup> Ensemble des cas suspectés dans le cadre du réseau de surveillance clinique de routine puis confirmés par analyse au laboratoire (les tests de confirmation suivent le protocole établi par l'OIE, décrit au § 2.3 et rappelé plus loin dans cette sous-partie), auxquels s'ajoutent les cas rapportés suite aux analyses menées dans le cadre d'autres volets du programme de surveillance passive et active (contrôles avant mouvements, suivi régulier de certains élevages, enquêtes épidémiologiques « X-ray »)

<sup>80</sup> Données accessibles en ligne sur le site Internet du DLD : [www.dld.go.th](http://www.dld.go.th)

<sup>81</sup> Dans le cadre de la surveillance clinique, les rapports vétérinaires sont enregistrés dès qu'un cas suspecté d'HPAI est détecté par le réseau, sans attendre le résultat de laboratoire, et le champ « lab result » est ensuite renseigné une fois les résultats connus

<sup>82</sup> La date d'infection correspond à la date à laquelle le cas a été notifié par les agents du DLD. Le délai entre la notification du cas et le début de l'infection peut varier selon les cas, ce qui constitue un léger biais de classement.

village), type et effectif de volailles présentes dans la ferme (volailles mortes, malades, à abattre et total), résultat du test de laboratoire et remarques éventuelles sur la situation dans la zone infectée (cf. annexe 3).

Il a été choisi de ne pas prendre en compte les cas déclarés lors de la première vague épizootique, soit de fin janvier 2004 à début juillet 2004, en raison d'un problème de sous-report des cas durant cette période (cf. § 2.1.2). Le pays faisait alors face à une situation d'urgence, reléguant les activités de détection et d'inventaire de nouveaux cas à un niveau de priorité moindre. Les troupeaux détruits durant la première campagne d'abattage massif n'ont pas subi de tests virologiques, ce qui a sans doute conduit à une sous-estimation des cas. De plus, les éleveurs et le grand public n'étaient à ce moment pas bien informés des critères de suspicion de nouveaux cas et des procédures à suivre pour les déclarer le cas échéant. La difficulté d'identification clinique de la maladie chez les canards et dans les petits élevages de basse-cour a également parallèlement pu compliquer la détection. En tout, 1 538 cas ont été enregistrés lors de la deuxième flambée épizootique, soit un nombre 8 fois supérieur à celui de la première vague. Cette forte augmentation du nombre de cas peut être attribuée à l'amélioration de la surveillance à cette période et confirme notre hypothèse. Enfin, les rapports des services sanitaires du DLD sont incomplets sur la première moitié de l'année. Environ 190 cas confirmés sont ainsi décomptés du total, ce qui peut constituer un biais de sélection (pas de prise en compte des premiers cas émergents), que l'on peut néanmoins juger négligeable au regard du manque de fiabilité des données issues de la première vague épizootique.

Du fait de la diversité des méthodes de recueil des données, les cas positifs correspondent à la fois à un indicateur épidémiologique ressenti (perception de signes de suspicion de la part de l'éleveur ou du témoin), diagnostiqué (diagnostic établi par les agents du DLD selon les critères établis) et objectif (recours à des tests virologiques, pour confirmer les cas mais également suivant un sondage de la population durant les campagnes « X-ray », chez les coqs de combat, et avant tout déplacement de troupeaux de volailles). Comme mentionné au § 2.3, les critères de reconnaissance d'un cas suspect sont définis depuis mars 2004 (révision en 2005) et sont essentiellement basés sur un taux de mortalité de plus de 1% (dans le cas des élevages commerciaux) à 5% (dans le cas des volailles de basse-cour) en 24h, ou de 40% en 3 jours (en association avec certains signes cliniques). Ils sont assez restrictifs et garantissent un relevé des cas par diagnostic relativement bon. De même, les analyses de laboratoire pratiquées en Thaïlande suivent le protocole décrit par l'OIE<sup>83</sup> et garantissent l'absence de faux positifs.

Néanmoins, il est possible que certains foyers n'aient pas été détectés ou déclarés, ce qui peut être à l'origine d'une sous-estimation des cas. Le système de surveillance comprend un volet important de recherche de la maladie selon des critères cliniques (comprenant notamment la déclaration passive des cas suspects de la part des éleveurs et des villageois). Il est fortement influencé par la perception qu'ont les agents des services vétérinaires et les éleveurs de la maladie. De plus, les services vétérinaires du DLD étant hiérarchisés, la décision de mener une enquête plus détaillée autour d'une éventuelle suspicion de foyer peut relever d'une autorité locale, ce qui peut également favoriser l'oubli de certains cas (d'autant plus que certains foyers infectieux peuvent être caractérisés par des signes cliniques faiblement révélateurs de la maladie<sup>84</sup>). Le principal biais provient sans doute des réticences de certains éleveurs, en particulier les petits éleveurs, à déclarer une suspicion de cas, malgré la mise en place de mesures compensatoires favorables. Les contraintes imposées sur les éleveurs par les mesures restrictives de lutte contre la maladie, notamment les peurs et méfiances engendrées par les abattages massifs, les restrictions et contrôles stricts des mouvements, peuvent avoir un impact important. Face à des signes évoquant la maladie, certains éleveurs peuvent être tentés de tuer les animaux malades dès les premiers symptômes et de s'en débarrasser ou de les vendre, plutôt que de déclarer une suspicion aux services vétérinaires. Il est notamment probable que

<sup>83</sup> Des écouvillons cloacaux sont prélevés sur les volailles vivantes ou des prélèvements sont effectués sur les viscères de carcasses potentiellement infectées. L'isolation du virus se fait ensuite par inoculation sur des œufs embryonnés (2 tests indépendants), et son identification par hémagglutination et test d'inhibition de l'hémagglutination.

<sup>84</sup> En particulier chez les canards (même si, durant les campagnes de surveillance intensive, tous les troupeaux de canards du pays ont fait l'objet d'analyses virologiques)

les petits éleveurs ne notifient pas la perte de faibles nombres d'oiseaux aux autorités en période de surveillance de routine. Dans un élevage intensif, une épizootie d'influenza aviaire HP est à l'inverse impossible à dissimuler. Elle entraîne une mortalité massive et brutale des volailles. Dans les pays disposant d'une infrastructure vétérinaire développée comme en Thaïlande, l'éleveur de volailles commerciales n'a pas d'autre choix que de coopérer activement avec les services vétérinaires pour déclarer le foyer et prendre les mesures qui s'imposent. En revanche, la survenue d'un foyer dans un petit élevage peut être vécue comme une catastrophe car l'éleveur sait que tous ses animaux vont mourir ou être abattus, alors que les mesures de compensation sont parfois perçues comme aléatoires. L'indemnisation peut également être difficile à estimer, comme pour les coqs de combat ou certaines volailles domestiques. Les éleveurs savent que le report d'un cas dans leur village entraînera inévitablement l'abattage de leur stock de volailles et surtout de celui des voisins, qui possèdent parfois des troupeaux commerciaux de grande taille. Cette pression sociale peut représenter un facteur d'inhibition supplémentaire. On observe des pics d'incidence au cours et suite aux « X-ray surveys », en particulier lors des premières campagnes, en octobre-novembre 2004 et en février 2005 (cf. § 2.1.2), ce qui témoigne effectivement d'une sous-déclaration des cas en période normale. De plus, le nombre de cas enregistrés dans les élevages de basse-cour a augmenté de manière significative lorsque le programme de surveillance intensive a été mis en place en octobre 2004. Ceci semble montrer que les petits éleveurs, à la différence des éleveurs spécialisés de volailles pondeuses ou de chair, constituent effectivement un groupe sensible au regard des sous-déclarations de cas. Les cas d'infection affectant les élevages de basse-cour sont par conséquent probablement sous-estimés.

L'hétérogénéité spatio-temporelle de la pression de surveillance, des méthodes de recensement des cas (combinaison de plusieurs programmes de surveillance), et des mesures de contrôle adoptées, peut entraîner certains biais de sélection, les procédures de surveillance étant renforcées à certaines périodes de l'année (campagnes « X-ray »), dans certaines zones jugées à risque (contrôles renforcés en région Centre et au Sud de la région Nord), ou encore au niveau de certains groupes cibles (coqs de combat, fermes en cours de certification, volailles commerciales à abattre, oiseaux faisant l'objet d'une exportation). Les biais de sélection induits par l'hétérogénéité temporelle sont négligeables car notre analyse se fonde principalement sur des écarts temporels entre différentes déclarations et se concentre avant tout sur la distribution spatiale des cas. L'hétérogénéité spatiale peut en revanche conduire à un différentiel de déclaration positif entre des zones déjà considérées comme à risque et d'autres zones, et donc à une sous-estimation des cas dans ces dernières. Enfin, les types d'élevage ciblés par certains volets de la surveillance risquent de regrouper un plus grand nombre de confirmation de cas comparativement aux autres, mais ce biais ne joue pas dans le cadre de notre étude car il a été choisi de ne pas intégrer la variable relative au type de volaille dans l'analyse (par manque de fiabilité, cf. infra).

Nous avons vu que chaque cas est rapporté à l'échelle du village. En réalité, cette donnée n'est pas exploitable spatialement étant donné que les villages ne sont pas géoréférencés en Thaïlande. La maille suivante en terme de précision géographique<sup>85</sup>, et exploitable, correspond au sous-district. L'information relative au code du sous-district manque pour 5 des 1 755 cas positifs (0,3%). Ces derniers (survenus en 2004) sont donc exclus de l'analyse, ce qui constitue un léger biais de sélection. L'analyse est effectuée à l'échelle de la ferme en termes d'objets spatiaux (chaque cas confirmé étant rattaché à une ferme), mais la localisation des fermes est rapportée au centroïde du sous-district correspondant, ce qui constitue un biais de classement à prendre en considération dans l'interprétation des résultats, ainsi qu'une limite à notre travail en

---

<sup>85</sup> Le découpage administratif de la Thaïlande s'organise selon plusieurs niveaux : le village (Moo), le sous-district (Tambon), le district (Amphoe), la province et la région. Deux organismes produisent des fichiers spatiaux (données géolocalisées) relatifs à ces divisions administratives : le Ministère de la Santé (Ministry of Public Health, MOPH) et le Ministère de l'Intérieur (Ministry of Interior, MI). Ces deux sources ne sont pas toujours concordantes selon le niveau d'agrégation, et le système de codification est différent. La plupart des institutions travaillent à présent avec les données émanant du MI et datant de 2000 ; nous avons également choisi de travailler avec ce fichier source comme référence.

terme de précision géographique et statistique. La taille des sous-districts est assez variable<sup>86</sup> (cf. figure 26) et non homogène dans l'espace (en particulier, les sous-districts les plus grands sont situés en périphérie de certaines régions ou provinces, ainsi qu'en périphérie du pays, à l'Ouest, au Nord et au Sud-Est, cf. figure 27). Les fermes situées en périphérie des grands sous-districts sont "déplacées" arbitrairement au niveau du centroïde du sous-district auquel le village d'appartenance est rattaché, à une distance peut-être plus importante que le centroïde du sous-district voisin. De même, deux fermes situées à proximité en limite de deux sous-districts adjacents seront géolocalisées à une distance équivalente à la distance entre les centroïdes correspondants. Enfin, les calculs de pourcentage d'occupation du sol (effectués dans un rayon de 5 km autour de chaque ferme, ou plutôt de chaque centroïde de sous-district correspondant, cf. § 4.1.2) perdent en fiabilité, du fait que certaines fermes excentrées peuvent en réalité se trouver dans un milieu naturel différent, dans le cas où l'occupation du sol serait très variable au sein du sous-district (avec par exemple de fortes disparités entre zone centrale et zone périphérique). Ces biais de classement sont à prendre en considération, et il est important de garder à l'esprit que les calculs qui découlent de nos analyses correspondent à des estimations moyennes, sur la base desquelles nous souhaitons mettre en évidence des tendances statistiques générales.

**Figure 26 : Distance entre centroïdes de sous-districts : statistiques et variabilité**

	Nb objets	Min	Max	Moy	Méd	Ecart-type
<b>Sous-districts</b>	7410	351	62800	5723	5310	2947
<b>Sous-districts infectés</b>	814	1843	125978	8466	6068	9379

RQ : Valeurs exprimées en mètres

	Moy	Ecart-type	Moy des écart-types	Ecart-type des écart-types
<b>Simulation*</b>	5722	103	2935	269

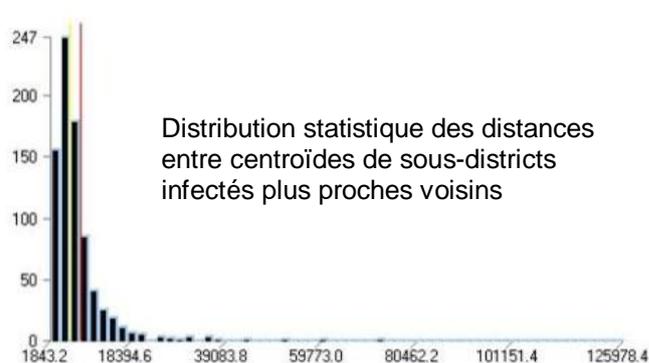
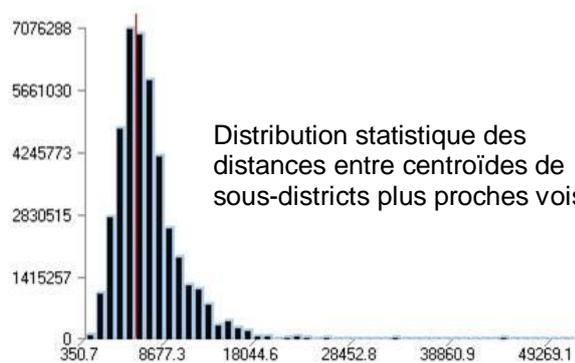
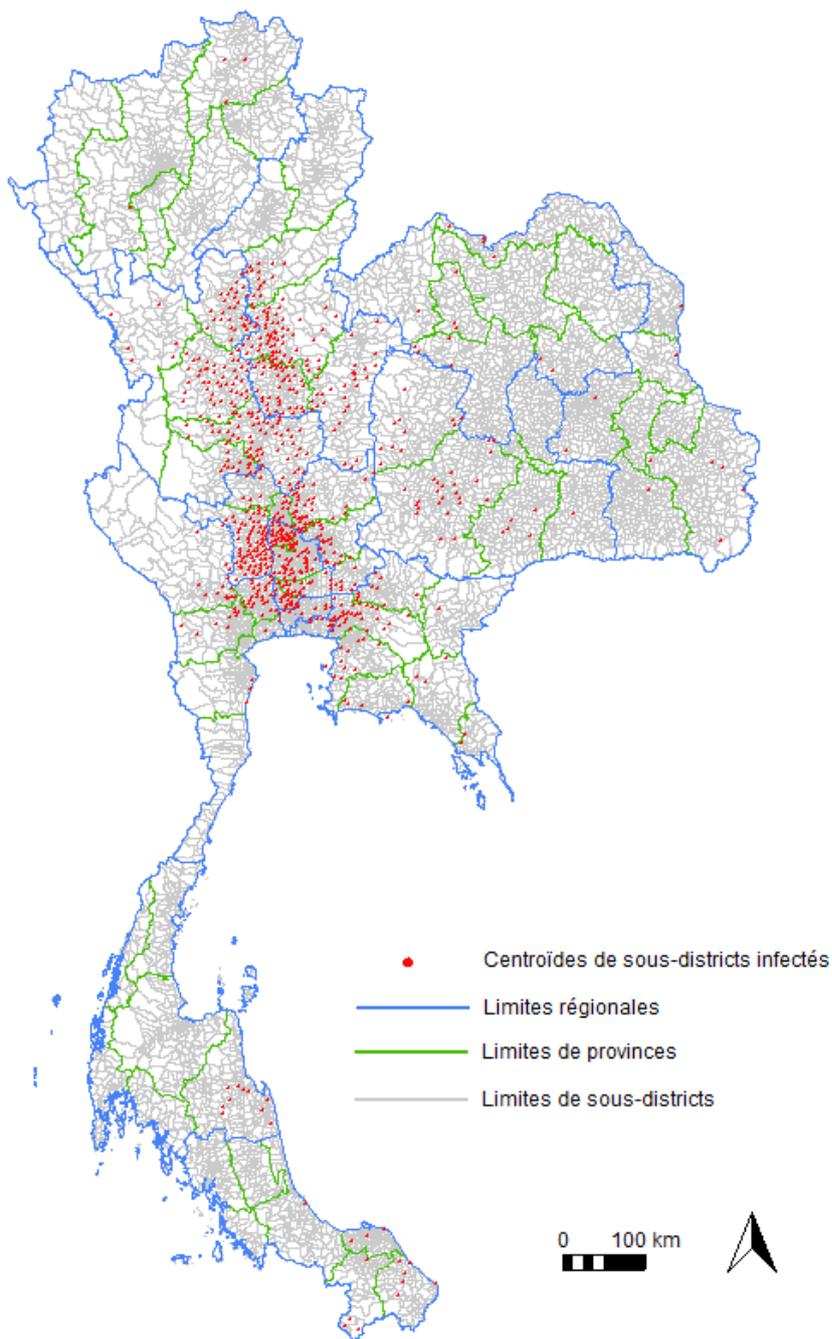
\* 4 000 sous-ensembles de 814 unités tirées au sort parmi 7410 unités

On peut parallèlement s'interroger sur la pertinence du choix de l'échelle géographique. Le sous-district correspond au découpage le plus fin pour lequel des données épidémiologiques et avicoles sont disponibles et géolocalisables. Cette échelle est donc relativement précise pour conduire les calculs géostatistiques requis et pour limiter le plus possible les biais évoqués précédemment, ainsi que l'hétérogénéité intra-maille, en comparaison avec l'hétérogénéité inter-maillages. Notons cependant qu'il est généralement peu pertinent de baser des analyses géographiques et épidémiologiques sur des découpages administratifs. Cela dit, notre analyse n'ayant pas pour objectif d'étudier les éventuelles disparités spatiales liées à l'émergence<sup>87</sup>, cette limite n'intervient pas.

<sup>86</sup> La Thaïlande est divisée en 7 410 sous-districts, ayant une surface moyenne de 73 km<sup>2</sup> (médiane à 47 km<sup>2</sup> et écart-type de 103 km<sup>2</sup>), et une distance moyenne entre centroïdes de 5,7 km (écart-type de 2,9 km)

<sup>87</sup> Dans ce cas, il aurait sans doute été pertinent de conduire des analyses multi-factorielles et d'articuler plusieurs niveaux d'analyse en vue de rendre compte au mieux des éventuelles disparités spatiales des facteurs de risques étudiés. Une échelle d'analyse complémentaire plus large (le district ou la province) pourrait être choisie afin d'effectuer des traitements statistiques sur des données agrégées et de mettre éventuellement en évidence des tendances plus larges, tout en essayant de minimiser la perte d'information liée à l'agrégation et à la perte de variabilité.

**Figure 27 : Carte du découpage administratif de la Thaïlande et distribution spatiale des centroïdes de sous-districts infectés**



Distance PPV

La variable « poultry type » contient peu de données manquantes (0,3%), mais ses modalités sont nombreuses (14 classes) et sont difficiles à exploiter telles quelles. Les termes utilisés par le DLD (certains étant également employés par le « National Statistical Office ») pour les caractériser peuvent être définis comme suit :

- « Domestic chicken » et « Domestic Duck » : désigne des poulets ou canards élevés en basse-cour et majoritairement destinés à l'autoconsommation ou à la vente sur les marchés locaux
- « Egg chicken » et « Egg duck » : désigne des élevages spécialisés de volailles pondeuses
- « Farm chicken » et « Farm duck » : désigne des élevages spécialisés de volailles destinées à la production de viande
- « Free-range duck » : désigne des élevages spécialisés de canards dont le cycle d'élevage inclut une phase de libre parcours dans des rizières (« free-grazing ducks »)
- « Fighting cocks » et « Bantam cocks » : désigne des coqs de combat
- « Mandarin duck » : désigne des élevages de canards mandarins, le plus souvent en basse-cour
- « Francolin », « Turkey », et « Goose » : désignent les élevages de cailles ou de perdreaux, de dindes et d'oies, respectivement
- « Bird » : pas d'informations spécifiques ; on observe sur la figure 28 que cette modalité, qui n'apporte aucun renseignement, est attribuée à seulement 2 cas d'infection (0,1%), ce qui constitue un biais négligeable

Certaines des catégories précitées manquent de précision et peuvent regrouper des pratiques d'élevage et des niveaux de confinement et de biosécurité variables (volailles de type « egg » et « farm »). La méthode de classification en différentes catégories de volailles ne semble pas standardisée et n'est pas établie selon ou en rapport avec le modèle de référence de la FAO (en particulier, pas de distinction entre les secteurs avicoles 2 et 3, tels que présentés au § 2.2.3). Seules les catégories de type « domestic » renvoient a priori au secteur 4 et à des systèmes d'élevage ouverts (elles regroupent d'ailleurs plus de 55% des cas d'infection, ce qui correspond aux taux renseignés dans la littérature et présentés au § 2.2.3). Les canards « free-range » du secteur 3 font également l'objet d'une classification à part. On peut regretter que le DLD n'ait pas mis en place une classification normalisée qui aurait permis de comparer les niveaux de risque de différentes pratiques d'élevage. Ceci constitue l'une des limites de notre étude des déterminants socio-économiques du risque d'infection au H5N1.

De plus, la variable relative aux effectifs de volailles par ferme ne semble pas fiable étant donné le nombre important de valeurs manquantes (1 à 219 selon les types de volailles) et surtout les valeurs enregistrées parfois extrêmes et anormales en rapport avec les catégories correspondantes (cf. figure 28). En effet, les effectifs maxima observés dans les élevages de poulets de basse-cour atteignent près de 15 000 oiseaux. A l'inverse, certains élevages spécialisés possèdent des effectifs de quelques têtes, ce qui est en désaccord avec les minima habituellement établis par le DLD pour caractériser ces catégories (100 à 500 oiseaux). Les écart-types enregistrés au niveau des effectifs d'un certain nombre de catégories sont par ailleurs très importants. D'une manière générale, il semble que les différentes classes renferment parfois des situations extrêmement hétérogènes, ou que des erreurs de reports sont survenues lors de la notification du type d'élevage ou de l'effectif du troupeau.

En raison de ces anomalies, les deux variables « poultry type » et « total » semblent difficilement exploitables dans notre analyse des facteurs de risque. Il est néanmoins possible de distinguer les élevages selon l'espèce considérée (poulet ou canard<sup>88</sup>), et d'analyser l'influence des pratiques d'élevage de basse-cour (modalité « domestic chicken » ou « domestic duck ») ou de libre parcours des canards (« free-range duck »), en tenant toutefois compte des limites et biais de classement potentiels évoqués ci-dessus. D'autres regroupements peuvent être effectués (élevages spécialisés à volailles pondeuses ou de chair par exemple), mais l'analyse de ces facteurs nécessitera une vigilance extrême. On peut ainsi considérer que les modalités « egg duck », « egg chicken » et « farm chicken » sont exploitables (avec toutefois

<sup>88</sup> Facteur d'analyse généralement pris en compte étant donné le risque potentiel associé à cette espèce (hôtes asymptomatiques du virus, prévalence relativement importante malgré des effectifs moindres, pratiques d'élevage associées caractérisées par des niveaux de biosécurité globalement plus faibles, etc.)

beaucoup de retenue) si l'on fait abstraction des quelques incohérences liées à la variabilité des effectifs de volailles correspondants, car elles correspondent à des élevages spécialisés et assez spécifiques (généralement semi-fermés pour les canards pondeurs, en cages pour les poules pondeuses, et semi-fermés à fermés pour les poulets de chair, donc globalement caractérisés par des contacts réduits avec l'extérieur).

**Figure 28 : Analyse statistique de certaines des variables renseignées dans les données épidémiologiques sources**

Variable	Nombre d'unités	Nombre de valeurs renseignées	Nombre de valeurs manquantes	Min	Max	Somme	Moyenne	Mediane	Variance	Std Dev
"total"	1755	1424	331	1	530000	3820886	2683,2	75,0	260776018,9	16148,6
By poultry type:										
Bantam Cock	13 (0,7%)	13	0	3	158	667	51,3		2795,7	52,9
Bird	2 (0,1%)	2	0	8	19	27	13,5		60,5	7,8
Domestic Chicken	971 (55,3%)	752	219	1	14800	94221	125,3		380803,6	617,1
Domestic Duck	20 (1,1%)	15	5	1	482	1597	106,5		23739,6	154,1
Egg Chicken	82 (4,7%)	74	8	8	530000	740257	10003,5		3797862669,2	61626,8
Egg Duck	266 (15,2%)	232	34	1	30000	1011580	4360,3		22429433,3	4736,0
Farm Chicken	91 (5,2%)	67	24	3	100000	620095	9255,1		280616155,1	16751,6
Farm Duck	132 (7,5%)	113	19	3	43500	300810	2662,0		24157470,4	4915,0
Farm Francolin	39 (2,2%)	36	3	100	122000	919822	25550,6		965299712,2	31069,3
Fighting Cock	48 (2,7%)	37	11	6	386	3019	81,6		7002,8	83,7
Free Range Duck	29 (1,7%)	26	3	5	30500	125931	4843,5		45303332,3	6730,8
Goose	13 (0,7%)	12	1	1	28	80	6,7		74,4	8,6
Mandarin Duck	45 (2,6%)	42	3	1	300	2614	62,2		5249,6	72,5
Turkey	4 (0,2%)	3	1	6	150	166	55,3		6725,3	82,0
"sick"	1755	310	1445	0	14000	122560	395,4	10,0	2451297,4	1565,7
"dead"	1755	1093	662	0	23152	415997	380,6	28,0	2305429,6	1518,4
"to kill"	1755	932	823	0	338608	2185115	2344,5	47,0	178285306,2	13352,4

#### 4.1.2 Données d'occupation du sol du LDD

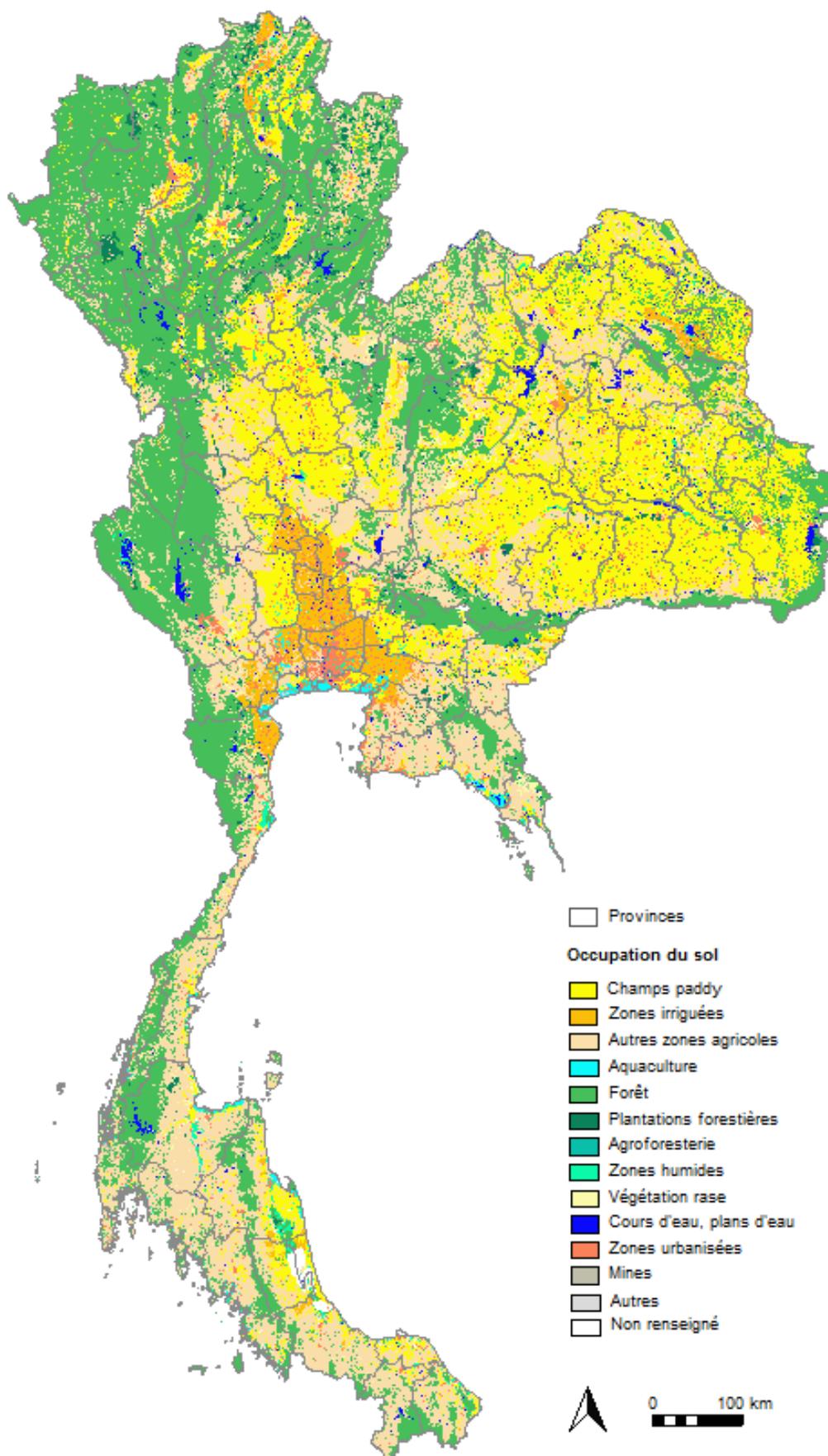
Les données relatives au mode d'occupation du sol correspondent à un fichier SIG (système d'information géographique) vectoriel. Ce fichier est issu de données satellites de télédétection (Landsat-5, 30 m de résolution), dont l'exploitation et la transcription en données vectorielles datent de 2003 et ont été effectuées par le LDD (Land Development Department, Ministry of Agriculture and Cooperatives). Les modalités exactes de la constitution du fichier vectoriel n'ont pas pu être renseignées (obtention du fichier délicate, qui résulte d'un travail de recherche annexe mené par l'équipe de Souris M. et al., avec une base de données initialement récupérée sous la forme d'1 fichier par province, puis compilée pour constituer 2 fichiers de très grande taille couvrant l'ensemble du territoire thaïlandais). La base de données comprend 1 614 codes différents (cf. annexe 4) correspondant à autant de sous-classes d'occupation du sol différentes. Il est néanmoins possible de les regrouper et de distinguer quelques grandes catégories (zones agricoles dont aquaculture, zones forestières, zones humides, cours d'eau et plans d'eau, zones à végétation rase et terrains vagues, zones urbanisées, zones récréatives, mines et carrières, camps de réfugiés) comme le montre la figure 29.

Ces données ont été retravaillées afin de servir à l'analyse factorielle. Plusieurs grandes catégories d'occupation du sol (13) ont dans un premier temps été créées par regroupement afin de conduire une analyse discriminante de l'émergence (cf. § 4.2.2) sur la base de données environnementales, ainsi qu'une analyse des facteurs de risques d'émergence (cf. § 4.2.3) :

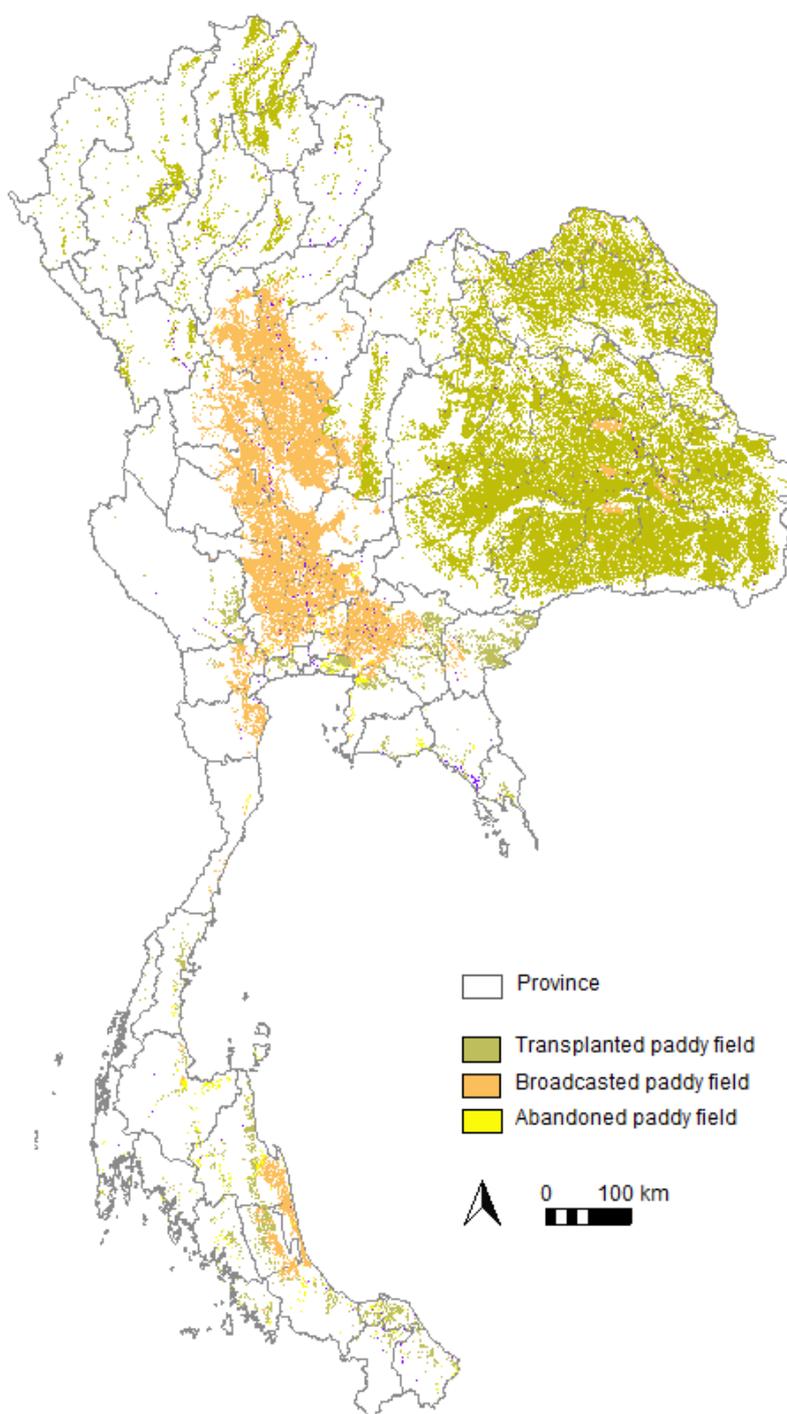
- Zones humides et surfaces en eau (variable « wetl\_wat »), comprenant les habitats humides, les surfaces en eaux libres, et les zones aquacoles). Nous avons vu que les zones humides et l'eau, en tant qu'habitat naturel de populations d'oiseaux sauvages, peuvent potentiellement représenter un risque en matière d'introduction et de diffusion du virus dans les élevages aux faibles niveaux de biosécurité. L'activité d'aquaculture a également été prise en considération, l'élevage de canards y étant parfois combinée ou fortement liée, par l'utilisation directe ou le commerce des fientes pour l'alimentation des poissons ou des crevettes<sup>89</sup>.

<sup>89</sup> Les bassins et étangs utilisés pour l'élevage de poissons ou de crevettes en association avec l'élevage de canards sont néanmoins considérés comme relativement sûrs, du fait de la faible circulation des eaux et du confinement relatif des canards

Figure 29 : Carte d'occupation du sol en Thaïlande d'après les données vectorielles émanant du LDD



**Figure 30 : Distribution spatiale des principales classes de champs paddy en Thaïlande, mise en évidence d'une différenciation entre la Plaine centrale et l'Est du pays**



- Zones humides au sens large (variable « wetwatpad »), comprenant les zones rizicoles en plus de la catégorie précédente.  
Les rizières sont en effet considérées comme des zones à haut risque lorsque des troupeaux de canards y sont rassemblés et y sont en contact régulier avec la faune sauvage. Ce mode d'occupation du sol fait également l'objet de catégories à part entière (cf. infra).
- Surfaces en eau (variable « water »), comprenant les plans d'eau, les cours d'eau, et les zones aquacoles. L'eau en général représente un risque de diffusion en raison de son potentiel vecteur.

- Surfaces en eau, zones aquacoles exclues (variable « water\_ss »), comprenant donc les plans d'eau et les cours d'eau exclusivement (les zones aquacoles étant souvent situées en zone côtière et l'eau y étant saumâtre le cas échéant, il semblait pertinent d'étudier plus spécifiquement les surfaces en eau douce).
- Eau circulante (variable « stream »), comprenant les cours d'eau y compris les canaux (l'idée étant de voir si ce type de surfaces en eau possède un potentiel vecteur particulier).
- Champs paddy (variable « paddy\_field »). Comme évoqué plus haut, les rizières constituent un facteur de risque potentiel à prendre en considération, en lien notamment avec l'activité d'élevage de canards en libre parcours qui favorise les contacts entre volailles et oiseaux sauvages.
- Champs paddy ensemencés à la volée (« broadcasted paddy » dans la base de donnée initiale, variable « br\_paddy »), répartis pour l'essentiel au niveau de la Plaine centrale (cf. figure 30) et dont la distribution est similaire aux zones de production intensive à plusieurs cycles culturaux évoquées dans les études de Gilbert M. et al. et suspectées de représenter le principal facteur de risque d'infection (en lien avec l'activité d'élevage de canards en libre parcours, concentrée sur ces zones rizicoles).
- Champs paddy cultivés par repiquage (« transplanted paddy » dans la base de données initiale, variable « tr\_paddy »), répartis pour l'essentiel à l'Est du pays. Ces zones rizicoles sont prises en considération afin de pouvoir analyser les résultats de manière comparative avec la variable précédente.
- Champs paddy abandonnés (variable « ab\_paddy »). Catégorie constituée en vue d'étudier le rôle potentiel de ces zones rizicoles particulières, qui peuvent être fréquentées par des populations d'oiseaux sauvages.
- Zones irriguées (variable « irri »), la présence de canaux d'irrigation ou d'eau d'inondation pouvant potentiellement jouer un rôle environnemental dans le maintien ou la diffusion du virus. De plus, en saison sèche, les zones humides irriguées (rizières irriguées notamment) constituent un habitat humide résiduel important dont disposent et où se concentrent les oiseaux aquatiques sauvages. Ce phénomène peut augmenter les chances de contacts entre oiseaux sauvages et volailles d'élevage au niveau de ces zones et donc y favoriser la diffusion du virus.
- Zones construites et habitées (variable « urb\_hum »). Facteur choisi en vue d'analyser le rôle potentiel du degré d'urbanisation, et par extension, de la présence humaine, des activités de commerce et de transport.
- Forêt (variable « forest »). Facteur pris en considération à titre comparatif et expérimental.
- Végétation rase et broussailles (variable « scr\_grass »). Facteur pris en considération à titre comparatif et expérimental.

Dans un second temps, les données n'étant pas exploitables statistiquement parlant sous cette forme vectorielle, un calcul d'analyse spatiale a été conduit afin d'obtenir une donnée numérique utilisable dans les analyses factorielles d'association statistique et de corrélation (donnée quantitative caractérisant chacune des unités spatiales prises en compte). Les proportions de territoires occupés par chacune des catégories présentées ci-dessus dans une aire circulaire de 5 km de rayon autour de chaque centroïde de sous-district ont été calculées par une méthode de géo-agrégation sous SIG. La limite de 5 km a été choisie en prenant comme référence la distance moyenne entre sous-district, qui est de cet ordre, et la variabilité relative de ce paramètre à l'échelle nationale (qui encourage notamment à retenir un rayon de plus de 3 à 4 km, soit la moitié de la distance moyenne entre centroïdes totaux ou uniquement infectés, respectivement). Au niveau de certains sous-districts de petite taille, la valeur calculée risque en revanche d'être fortement influencée par les modes d'occupation du sol des sous-districts voisins, ce qui constitue un biais de classement. Le calcul n'a pu être effectué sur les périmètres correspondants aux limites exactes des sous-districts étant donné que le logiciel utilisé ne possède pas cette fonctionnalité. La prise en compte de cercles de taille choisie et centrés au niveau des centroïdes de sous-districts permet de compenser ce manque, même s'il est important de garder à l'esprit que les données obtenues correspondent à des estimations et introduisent certains biais d'analyse supplémentaires.

La résolution du fichier vectoriel initial (liée à la résolution de l'image satellite de référence), le manque d'informations disponibles concernant la méthode de transcription des données surfaciques originales en données vectorielles SIG et celle relative à la codification en types d'occupation du sol, et concernant la date de prise de vue de l'image satellite (la distribution spatiale des zones humides étant par exemple fortement influencée par la pluviométrie, et donc variable selon la saison considérée), sont autant de paramètres qui introduisent des biais supplémentaires dans notre analyse qu'il est important de mentionner.

Malgré le degré de détail élevé des données, certains compléments d'information auraient pu être particulièrement utiles à notre analyse : cartographie plus précise des zones humides en tenant compte de leurs variations inter-saisonniers, connaissance et/ou localisation plus spécifique des zones naturelles de rassemblement ou de fréquentation habituelle d'oiseaux sauvages, migrateurs ou sédentaires (sur la base de recensements effectués par exemple par l'organisation « Wetlands International » dans certains pays), localisation de certains lieux dont le niveau de risque est avéré, tels que les marchés de volailles vivantes ou certaines zones d'échanges commerciaux réguliers.

#### 4.1.3 Données de démographie avicole du NSO et du DLD

Le NSO (National Statistical Office) a en charge, suite au décret royal de 1965, les missions de production de données, de diffusion, de coordination, d'expertise et de formation dans le domaine des statistiques. Il organise périodiquement des enquêtes et effectue des recensements à l'échelle nationale, afin de produire des données statistiques socio-démographiques (population et migrations, travail, éducation, santé, culture, etc.) et économiques (agriculture, pêche, industrie, services, commerce, etc.). Le 5<sup>ème</sup> recensement agricole date de 2003. De mai à juin, 2 500 agents volontaires et 5 000 superviseurs ont enquêté environ 5,8 millions d'exploitations agricoles dans le pays (unité de recensement dénommée « holding »). Les données recueillies portent sur les effectifs des différentes espèces élevées et sur le type de production, au 1<sup>er</sup> mai 2003. Ces données sont disponibles à différentes échelles (village, sous-district, district, et province) et peuvent être consultées sur le site Internet du NSO (<http://web.nso.go.th>).

Parallèlement, le DLD (Department of Livestock Development) organise tous les deux ans un recensement des activités d'élevage en Thaïlande (enquête dénommée « livestock-raising farmer survey »). Ce dernier s'appuie sur des volontaires qui recensent les effectifs d'animaux par espèce et par type de production au niveau de chaque unité de production avicole<sup>90</sup>. Les données sont transférées aux bureaux régionaux qui les enregistrent et transmettent l'information au bureau national. Elles sont disponibles à différentes échelles (district, province, région) et peuvent être consultées sur le site Internet du DLD ([www.dld.go.th](http://www.dld.go.th)). Cette source de données étant moins fiable que la première (le NSO étant l'organisme de référence en matière de recensement, et les méthodes de collecte n'étant pas précisées), elle ne sera pas retenue pour cette analyse. En octobre-novembre 2004, puis en 2005 et 2006, le DLD a en revanche conduit des recensements plus larges (les plus exhaustifs possibles) des volailles d'élevage dans le cadre de ses enquêtes de surveillance active intensive de type « X-ray » (cf. § 2.3). Les volontaires villageois qui parcouraient chaque village à la recherche de cas de suspicion de grippe aviaire étaient également chargés de reporter pour chaque ferme (voire ménage), quelle que soit sa taille, les effectifs de volailles et le type de production. La méthode exacte de collecte des données reste cependant incertaine (porte à porte a priori), de même que l'unité de recensement (« household »), qui n'est pas clairement définie. Les données issues de ces campagnes sont disponibles à l'échelle du district et de la province et peuvent également être consultées sur le site Internet du DLD.

<sup>90</sup> L'unité de production avicole est définie par la branche chargée des questions statistiques au DLD, et correspond à une ferme comprenant un effectif minimum de volailles selon l'activité considérée. Ainsi, dans le cas des poulets de chair, des poulets issus de fermes indépendantes et des canards, cet effectif minimum a été fixé à 500 oiseaux. Pour les fermes de poules pondeuses, le seuil est fixé à 100 oiseaux. Les fermes ne répondant pas à ce critère n'entrent ainsi pas dans l'échantillon.

Ces deux sources potentielles (recensement NSO et recensement DLD lié aux « X-ray surveys ») étant a priori valables, il est nécessaire de mener une étude comparative et de mettre en évidence leurs biais respectifs afin de choisir le jeu de données qui semble le plus fiable :

Dans le cas des données émanant du NSO, la méthode de collecte est fiable et a priori homogène sur le territoire d'enquête. Cette base de données compte cependant davantage de données manquantes, en comparaison avec celle issue du DLD (29 districts non renseignés, principalement à Bangkok et aux alentours de la capitale, contre 2 dans le cas du DLD). On peut considérer que l'activité avicole dans ces districts relativement urbains est négligeable, ce qui diminue le biais potentiel lié à ce manque d'information. L'analyse plus détaillée des données collectées par le DLD met en évidence des incohérences qui peuvent faire douter de leur fiabilité. En terme d'effectifs de poules pondeuses, il apparaît par exemple que 841 districts comptent des valeurs positives, contre 838 districts si l'on s'intéresse aux effectifs de ménages élevant des poules pondeuses (cette valeur devant a priori être identique). Le même cas de figure se produit pour les canards de chair alors que la situation s'inverse pour les canards pondeurs (cf. valeurs surlignées en jaune dans le 3<sup>ème</sup> tableau de la figure 31). Les différences d'effectifs observées restent cependant négligeables.

Par ailleurs, on observe que les valeurs maximum, moyenne et écart-type des effectifs recensés diffèrent considérablement entre les données du NSO et celles du DLD, pour tous les groupes (par exemple, effectif total de volailles égal à environ 274 millions dans le cas du NSO, contre environ 195 millions pour le DLD ; effectif total de fermes de 1,3 millions dans le cas du NSO, contre 2,1 millions pour le DLD). Cette divergence est probablement liée aux différences de méthodes de collecte des données (recensement agricole décennal pour le NSO et enquête intensive sur une courte période en pleine épizootie de grippe aviaire pour le DLD), ainsi que, dans une moindre mesure, aux différences de dates de recensement (2003 pour le NSO contre fin 2004 pour le DLD). Nous avons par ailleurs déjà mis en évidence des incohérences dans les effectifs des troupeaux infectés recensés par le DLD (cf. § 4.1.1), ce qui peut être mis en relation avec une potentielle sous-estimation des effectifs de volailles dans les statistiques avicoles du DLD émanant des programmes de surveillance intensive. A l'inverse, les enquêteurs du NSO n'ont probablement pas inclus tous les ménages possédant des volailles domestiques de basse-cour en faible nombre dans leur recensement, comme l'ont probablement davantage fait les agents du DLD lors de leurs investigations par la méthode du porte à porte.

Enfin, seul le NSO fournit des données à l'échelle du sous-district, qui représente notre principale échelle d'analyse. Pour nos premiers facteurs d'analyse relatifs aux données d'effectifs avicoles, il est ainsi nécessaire de travailler avec les statistiques du NSO. A l'échelle du district, pour des raisons d'homogénéité, cette même base de données doit être privilégiée (les catégories d'élevages différenciées dans les statistiques n'étant de plus pas identiques selon ces deux sources). Il est toutefois important de tenir compte des biais évoqués précédemment (en particulier, possible sous-estimation du nombre d'élevages avicoles, notamment de basse-cour). On remarque que les catégories prises en compte par le NSO (poules pondeuses, poulets de chair, poulets « native », canards pondeurs, et canards de chair) ne correspondent probablement pas exactement aux classes choisies par le DLD pour la caractérisation des cas d'infection (variable « poultry type »), et qu'elles ne sont prises en compte qu'au niveau des effectifs de volailles et non des effectifs de fermes. Ceci constitue une limite de notre étude car ces catégories ne sont pas aisément exploitables, notamment en vue d'analyses comparatives avec la variable « poultry type ». Il est néanmoins possible de prendre en compte la distinction entre espèces (canards<sup>91</sup>/ poulets), et d'étudier l'influence potentielle globale de certains grands types de pratiques, comme l'élevage de canards pondeurs, de poules pondeuses, de poulets de chair ou de poulets « native » (issus de fermes indépendantes, comprenant sans doute certains grands élevages de basse-cour), sans pouvoir faire de lien avec les niveaux de confinement ou de biosécurité (limite déjà évoquée pour l'exploitation de la variable « poultry type » relative aux cas d'infection) et en ne prenant en

<sup>91</sup> Le nombre de canards est couramment choisi comme facteur d'analyse étant donné le risque potentiel associé à cette espèce, comme évoqué précédemment

compte que des effectifs de volailles et non de fermes. Il aurait sans doute été intéressant de travailler sur les effectifs de canards « free-grazing »<sup>92</sup> (comme dans le cas des études menées par Gilbert M. et al. en 2007) reconnus comme un groupe à haut risque (ainsi que sur les effectifs de fermes correspondantes), ou encore sur les effectifs de volailles (et de fermes) de basse-cour, notamment aquatiques, mais nous ne disposons pas de ces données.

**Figure 31 : Présentation et statistiques de base des données de recensement avicole provenant des deux sources officielles (NSO et DLD)**

Statistiques avicoles issues du NSO (par district), mise en évidence de données manquantes au niveau de la région Centre :

Variable	Nombre d'unités	Nombre de valeurs renseignées	Nombre de valeurs manquantes	Nombre de valeurs nulles	Min	Max	Somme	Moyenne	Mediane	Variance	Std Dev
hold_dukNSO	926	897	29	6	0	5566	276615	308,4	157,0	232870,4	482,6
Nb_duklayNSO	926	897	29	15	0	564051	12579336	14023,8	1903,0	1835207072,3	42839,3
Nb_dukmeatNSO	926	897	29	11	0	560573	11871050	13234,2	3435,0	1721619471,1	41492,4
Nb_totdukNSO	926	897	29	6	0	687531	24450386	27258,0	6598,0	4312815837,3	65672,0
hold_chikNSO	926	897	29	0	1	12816	1029783	1148,0	801,0	1550283,8	1245,1
Nb_chiklayNSO	926	897	29	22	0	6774230	41919329	46732,8	2724,0	67700814277,9	260193,8
Nb_chikbroiNSO	926	897	29	19	0	9247231	176024013	196236,4	37953,0	334327825718,5	578210,9
Nb_chiknatNSO	926	897	29	1	0	257529	31553069	35176,2	25594,0	1242350160,8	35247,0
Nb_totchickNSO	926	897	29	0	10	10036338	249496411	278145,4	95150,0	463851371366,6	681066,3

Region	Nombre de districts avec valeur	Nombre de districts sans valeur	TOTAL
Nord	195	0	195
Nord-Est	321	0	321
Centre	168	28	196
Est	62	1	63
Sud	151	0	151
TOTAL	897	29	926

Statistiques avicoles issues du DLD (par district), mise en évidence d'un faible nombre de données manquantes (2 districts non renseignés au niveau de la région Est) et d'incohérences en termes d'effectifs de valeurs nulles :

Variable	Nombre d'unités	Nombre de valeurs renseignées	Nombre de valeurs manquantes	Nombre de valeurs nulles	Min	Max	Somme	Moyenne	Mediane	Variance	Std Dev
DOMCHIK_NB	926	924	2	5	0	1073721	56194171	60816,2	40184,0	5722102103,4	75644,6
DOMCHIK_HS	926	924	2	5	0	19290	1667704	1804,9	1187,0	4334214,4	2081,9
FARCHIK_NB	926	924	2	64	0	18348092	102680367	111125,9	7030,0	478814253280,2	691964,1
FARCHIK_HS	926	924	2	64	0	2654	49211	53,3	18,0	28530,9	168,9
EGGCHIK_NB	926	924	2	83	0	2792193	20864273	22580,4	567,0	15364658456,6	123954,3
EGGCHIK_HS	926	924	2	86	0	1313	27010	29,2	12,0	3572,3	59,8
TOTCHIK_NB	926	924	2	4	0	18525464	179738810	194522,5	68670,0	525205102234,6	724710,4
TOTCHIK_HS	926	924	2	4	0	19290	1697266	1836,9	1233,0	4429624,8	2104,7
MANDUCK_NB	926	924	2	35	0	206340	4193754	4538,7	2228,0	77651527,4	8812,0
MANDUCK_HS	926	924	2	35	0	3671	310371	335,9	133,0	250657,5	500,7
FARMDUCK_NB	926	924	2	72	0	543082	4920906	5325,7	387,0	839632081,7	28976,4
FARMDUCK_HS	926	924	2	74	0	1565	49769	53,9	18,0	13894,0	117,9
EGGDUCK_NB	926	924	2	62	0	539640	6533878	7071,3	731,0	755852585,0	27492,8
EGGDUCK_HS	926	924	2	59	0	2130	97747	105,8	39,0	40337,0	200,8
TOTDUCK_NB	926	924	2	16	0	621552	15648538	16935,6	5537,0	1862942162,4	43161,8
TOTDUCK_HS	926	924	2	16	0	4175	412542	446,5	212,0	377128,0	614,1

Region	Nombre de districts avec valeur	Nombre de districts sans valeur	TOTAL
Nord	195	0	195
Nord-Est	321	0	321
Centre	196	0	196
Est	61	2	63
Sud	151	0	151
TOTAL	924	2	926

<sup>92</sup> Gilbert M. et al. rappellent néanmoins que les données relatives aux densités de canards « free-grazing » entraînent un biais d'analyse dans la mesure où les effectifs sont attribués aux villages de résidence des unités de production alors même que les troupeaux correspondants sont déplacés de manière périodique sur des rizières qui peuvent être relativement éloignées du lieu d'origine des animaux. Les données relatives à l'activité rizicole intensive définissent de manière plus rigoureuse les zones de pâturage et donc d'exposition potentielle au virus. Or, celles-ci sont prises en compte dans notre analyse (cf. modes d'occupation du sol).

Mise en évidence de différences importantes entre les deux fichiers sources en terme d'effectifs, et même de fréquences, par région :

Region	Elevages avicoles	%
Nord	259822	19,9
Nord-Est	635018	48,6
Centre	115630	8,9
Est	43466	3,3
Sud	252462	19,3
TOTAL	1306398	100,0

Par type d'exploitation :

Region	Nord	Nord-Est	Centre	Est	Sud	Total
TOTCHIK	231957	462320	95652	34918	204936	1029783
TOTDUCK	27865	172698	19978	8548	47526	276615
TOTAL	259822	635018	115630	43466	252462	1306398

Par type d'exploitation :

Region	Elevages avicoles	%
Nord	354404	16,8
Nord-Est	1306750	61,9
Centre	154932	7,3
Est	43813	2,1
Sud	249909	11,8
TOTAL	2109808	100,0

Region	Nord	Nord-Est	Centre	Est	Sud	Total
DOMCHIK	316694	997102	123232	33841	196835	1667704
FARCHIK	6339	29374	6907	2696	3895	49211
EGGCHIK	4496	14561	3937	780	3236	27010
TOTCHIK	321491	1010102	129643	36458	199572	1697266
MANDUCK	19881	234152	12623	4921	38794	310371
FARMDUCK	4924	33716	4589	1729	4811	49769
EGGDUCK	10430	65330	10066	1446	10475	97747
TOTDUCK	32913	296648	25289	7355	50337	412542
TOTAL	354404	1306750	154932	43813	249909	2109808

Etant donnée la variabilité de taille des sous-districts, il a été choisi de travailler sur des données de densités par sous-district plutôt que sur des données d'effectifs telles que disponibles dans le fichier initial. Un calcul d'analyse spatiale, puis un calcul numérique, ont ainsi été conduits afin d'obtenir la superficie de chaque sous-district et la densité correspondant à chaque variable exploitable dans les statistiques du NSO : densités de fermes à canards et à poulets (en tenant compte d'une sous-estimation possible des effectifs de fermes), densités de canards et de poulets, et enfin densités de volailles selon certains types d'élevage (canards pondeurs, poules pondeuses, poulets de chair et poulets dits « native »). La prise en compte de densités se base sur l'hypothèse qu'un sous-district plus grand possède a priori des effectifs supérieurs à un sous-district de petite taille (relation de nature linéaire entre effectifs et superficie de l'unité spatiale), et entraîne un certain lissage des données sur le territoire d'un sous-district. L'effet que pourrait potentiellement avoir un effectif important et concentré en une zone donnée sur un sous-district de grande taille est par exemple gommé. Cette limite d'analyse doit être prise en considération.

#### 4.1.4 Autres données

Des données d'effectifs de population humaine par sous-district, émanant des recensements démographiques du NSO (année 2000), sont également exploitées dans l'analyse factorielle finale. De même que pour les données avicoles, cette variable est rapportée à la superficie de chaque unité spatiale de manière à travailler sur des densités, données plus facilement exploitables bien que lissées, biais que nous avons déjà évoqué précédemment. Cette variable est prise en considération de manière à étudier le rôle éventuel de facteurs anthropiques liés à la densité humaine (importance des échanges commerciaux notamment).

## 4.2 Analyse spécifique des lieux d'émergence : une procédure en plusieurs étapes

### 4.2.1 Emergence vs. diffusion : une discrimination préalable selon des critères spatio-temporels et au moyen d'une analyse géostatistique de distribution des cas

La recherche de facteurs environnementaux dans l'émergence d'une maladie infectieuse à partir de données rétrospectives doit d'abord tenter de séparer émergence et diffusion au

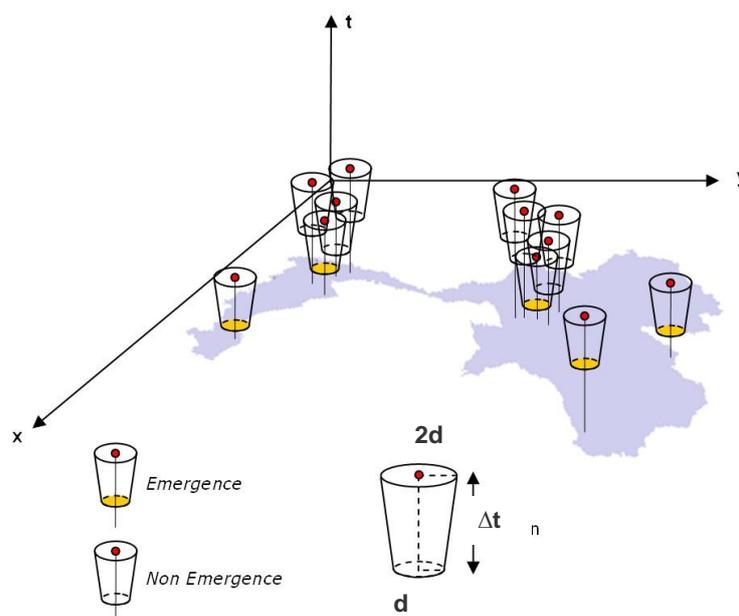
niveau des foyers reportés de la maladie. Cette séparation permet de se rapprocher de l'hypothèse d'indépendance statistique entre les événements, et d'analyser d'éventuelles corrélations statistiques spécifiques à l'émergence. L'identification et la localisation géographique des points d'émergence, au niveau desquels un foyer initial se déclare et à partir desquels la maladie se propage, est donc un préliminaire indispensable à l'analyse spécifique du processus émergentiel et à la compréhension de ses déterminants. La distinction des processus d'émergence (*sensu stricto*) et de diffusion permet de les étudier à part entière et de manière comparative, rendant par la suite l'identification des facteurs de risque d'émergence plus ciblée et donc plus robuste, en éliminant les biais liés à la prise en compte simultanée des effets de transmission directe entre fermes voisines et à la dépendance entre événements. Parallèlement, après avoir présenté le concept d'émergence d'une manière globale au chapitre précédent, cette partie précise le sens que l'on attribue à ce terme dans le cadre de notre étude. L'émergence renvoie en effet, comme nous allons le voir, à une caractéristique spatio-temporelle de chaque site d'infection déclaré.

Ce premier volet méthodologique reprend les travaux de Souris M. et al. (2008), qui ont proposé une première méthode géostatistique de discrétisation de l'émergence. Le raisonnement et la démarche suivis par cette équipe doivent être décrits étant donné que les étapes ultérieures de notre analyse se basent sur les méthodes et les résultats issus de cette étude. Dans un premier temps, on peut choisir de séparer les cas émergents des cas issus d'une diffusion de proche en proche selon une méthode d'analyse spatiale relativement simple, tenant compte des caractéristiques spatio-temporelles de chaque cas (un cas étant représenté par un point situé au niveau du centroïde du sous-district d'appartenance, comme explicité au § 4.1.1). Un cas considéré comme émergent ne provient pas d'un processus de diffusion directe (par promiscuité, à courte distance, ou dans une certaine fenêtre de temps). On peut ainsi considérer que la maladie y apparaît indépendamment des foyers infectieux alentours ou récents. Les méthodes utilisées pour séparer les cas d'infection en deux catégories distinctes selon des critères spatio-temporels relèvent des systèmes d'information géographique et de l'analyse spatiale<sup>93</sup>. Les sites où l'épizootie émerge sont séparés des sites où le virus diffuse en provenance de ces derniers en utilisant un algorithme qui distingue les points selon leur date d'enregistrement, leur position géographique et leur répartition spatiale. Les foyers infectieux considérés comme émergents sont temporellement séparés de tout autre foyer par un délai minimum de "t" jours, et aucun autre foyer ne doit avoir été détecté dans un rayon de "d" km autour de ce dernier<sup>94</sup> (cf. figure 32). Le choix d'une combinaison de valeurs [t,d] qui caractériserait le mieux l'émergence doit ensuite être effectué en tenant compte des connaissances actuelles sur la biologie du virus (durée d'incubation et durée d'excrétion du virus par un oiseau infecté, persistance du virus dans l'environnement, etc.) et sur les facteurs anthropiques associés à sa diffusion (pratiques agricoles et commerciales ; distances maxima de transport de volailles, désinfection des fermes contaminées, etc.). Cette "définition" de l'émergence, basée sur des calculs spatio-temporels, ne correspond bien entendu pas à une émergence "vraie" telle qu'évoquée au chapitre précédent<sup>95</sup>. Elle inclut les phénomènes de diffusion à grande échelle. On s'intéresse à une forme d'émergence que l'on pourrait davantage qualifier d'introduction ou de réintroduction virale, mais qui reste suffisamment restrictive pour assurer une bonne discrimination entre émergence et diffusion au sens large.

<sup>93</sup> Toutes les données disponibles ont au préalable été intégrées dans une base gérée par un SIG. Le logiciel SavGIS (SavGIS®, 2008, disponible sur le site Internet [www.savgis.org](http://www.savgis.org)) est utilisé pour effectuer ces analyses spatiales ainsi que les analyses géostatistiques suivantes.

<sup>94</sup> Critère temporel = durée séparant chaque cas ; critère spatial = distance entre les cas, la distance étant considérée comme variable au cours du délai choisi (en lien avec l'idée d'augmentation du périmètre de diffusion au cours du temps), passant de d au temps zéro à 2d au temps t

<sup>95</sup> Augmentation significative de l'incidence réelle de la maladie dans une population, sur un espace et pendant une période donnés, par rapport à la situation épidémiologique et aux fluctuations habituelles de cette maladie

**Figure 32 : Première discrimination de l'émergence selon des critères spatio-temporels, représentation schématique**

Source : Souris M. et al., 2008

En tenant compte de la durée d'excrétion du virus chez la volaille (jusqu'à 14 à 30 jours) et de sa survie éventuelle dans l'environnement (durée variable selon les concentrations de virus et la température, comprise entre 7 jours et plusieurs semaines dans le contexte thaïlandais<sup>96</sup>), une durée de 21<sup>97</sup> à 28 jours peut a priori être retenue pour la variable  $t$ . Le choix de la valeur limite de distance est plus subjectif et se base sur des connaissances plus limitées. L'étendue des zones de protection mises en place autour d'un foyer par le DLD a également fortement fluctué dans le temps, passant de 60 à 5 km, puis à 10 km. Ces variations sont basées sur les changements de niveaux de risque (le niveau était considéré comme supérieur en début d'épizootie, d'où des périmètres de contrôle plus vastes), et les valeurs retenues dépendent également de connaissances de base sur l'ancrage spatial des différentes activités à risque potentiel (par exemple, transmission directe à courte distance dans un rayon d'environ 5 km, diffusion via des fournisseurs ou des distributeurs à courte ou longue distance, pratiques agricoles - telles que le déplacement de troupeaux de canards de rizières en rizières – ou commerce de volailles ou de produits dérivés, notamment sur des marchés de volailles vivantes, intervenant sur de longues distances, jusqu'à environ 60 km). Il semble finalement difficile de faire le choix d'une valeur  $d$  spécifique, ce qui a conduit l'équipe de Souris M. à mener une analyse complémentaire sur la distribution spatiale des cas pour différentes combinaisons  $[t,d]$ .

La démarche adoptée par la suite se base également sur le fait qu'en retenant un couple de valeurs a priori proche de l'émergence de  $[21 \text{ jours}, 60 \text{ km}]$ <sup>98</sup>, une distribution spatiale des cas très dispersée peut être observée (cf. 4<sup>ème</sup> carte de la figure 34), sans regroupement spatial significatif (distribution spatiale ne pouvant être différenciée d'une situation aléatoire, pas de réoccurrences émergentielles dans certaines zones géographiques comme on pourrait s'y attendre en cas d'influence environnementale forte ou de réintroductions systématiques par des

<sup>96</sup> La désinfection systématique des fermes infectées limitant la survie du virus au niveau des exploitations elles-mêmes

<sup>97</sup> Suite à la détection d'un nouveau cas d'infection, le programme thaïlandais de surveillance et de lutte contre la maladie retient un délai de contrôle de 21 jours minimum, ce qui est concordant. Les recommandations internationales en matière de prévention de la maladie préconisent également une mise en quarantaine de 3 semaines pour les oiseaux nouvellement introduits dans un élevage (isolement sanitaire et interdiction de déplacement des animaux de mêmes durées en cas de foyer confirmé).

<sup>98</sup> Valeur se basant sur les distances maxima supposées intervenir dans les échanges commerciaux de volailles

oiseaux sauvages, privilégiant un type de milieu en particulier comme les zones humides ou lacustres par exemple)<sup>99</sup>. Sur la figure 33, on observe également que près de 60% des foyers d'infection comptent au moins un cas "apparenté" dans un délai de 21 jours et un rayon de 5 km, et ce pourcentage atteint plus de 70% si l'on augmente cette distance à 10 km. Le nombre de cas émergents (le qualificatif "émergent" étant ici accordé aux points pouvant être discriminés selon la méthode présentée en figure 32) décroît fortement au-delà d'un rayon de 60 km. Il semble ainsi que seul un nombre limité de foyers soit à l'origine des différentes vagues épizootiques successives enregistrées. Ceci suggère que l'émergence du virus au sein des élevages de volailles est associée à des introductions virales limitées, liées à des événements rares et aléatoires (en provenance de l'environnement extérieur –transmission fortuite en provenance des oiseaux sauvages- ou de pratiques anthropiques spécifiques et occasionnelles). On suppose que l'émergence correspond à un phénomène hautement probabiliste et dépendant d'une occurrence stochastique unique, en contraste avec le processus de diffusion qui est largement déterministe. On émet l'hypothèse que les lieux d'émergence présentent une distribution spatiale aléatoire de type poissonnien (à l'inverse de la distribution géographique de l'ensemble des cas, dont la forme clustérisée a été mise en évidence<sup>100</sup>), avec des conditions nécessaires qui peuvent modifier la probabilité d'occurrence en un lieu.

**Figure 33 : Nombre de cas considérés comme émergents, en fonction de différents paramètres de distance et de temps**

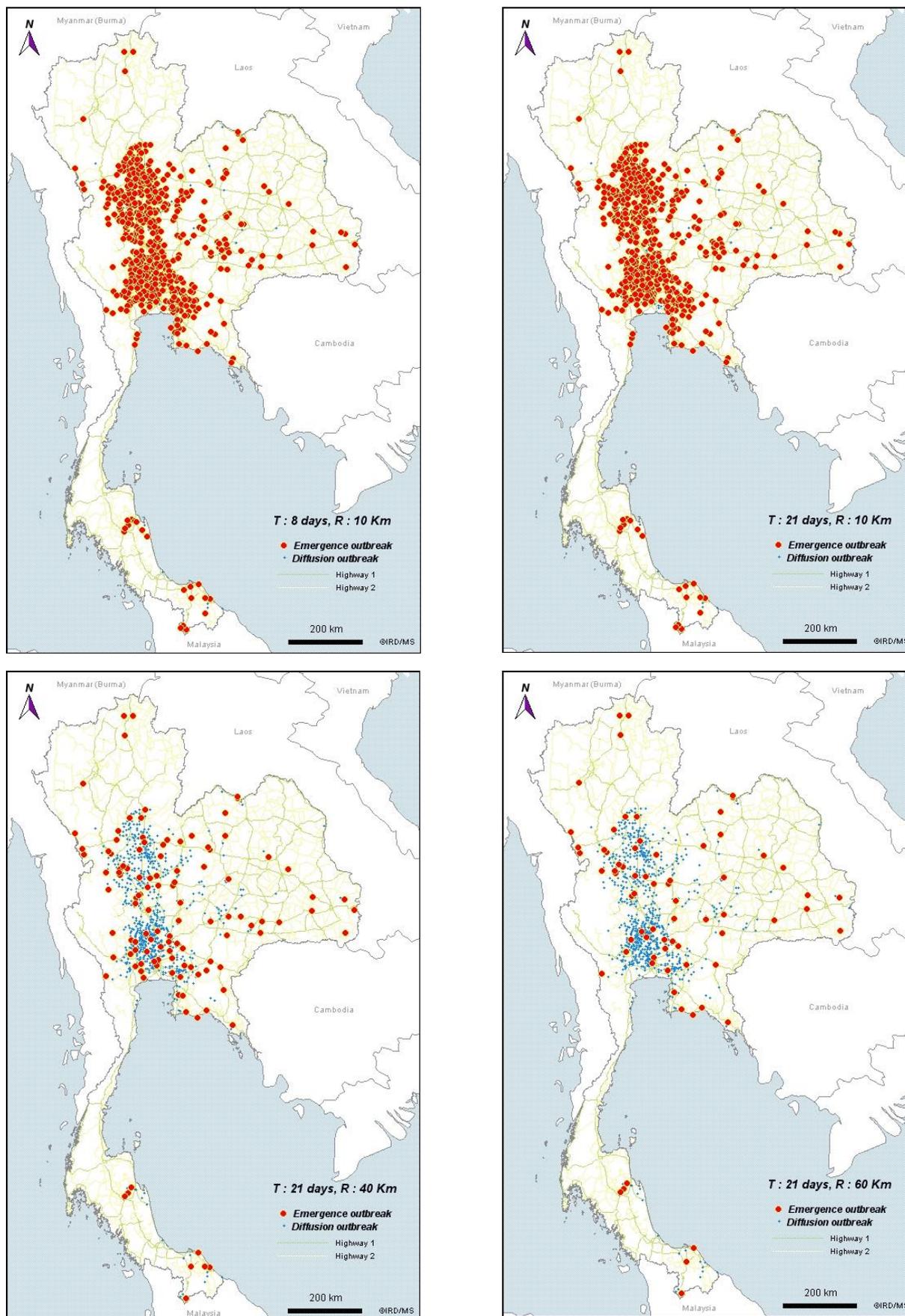
		d											
		5	10	20	30	40	60	80	100	200	300	400	500
t	7	922	687	363	250	187	116	89	74	37	27	20	17
	14	809	555	275	184	131	76	58	41	23	15	12	9
	21	761	489	232	155	110	64	44	33	22	13	9	7
	28	724	446	213	129	91	58	36	26	16	11	8	7

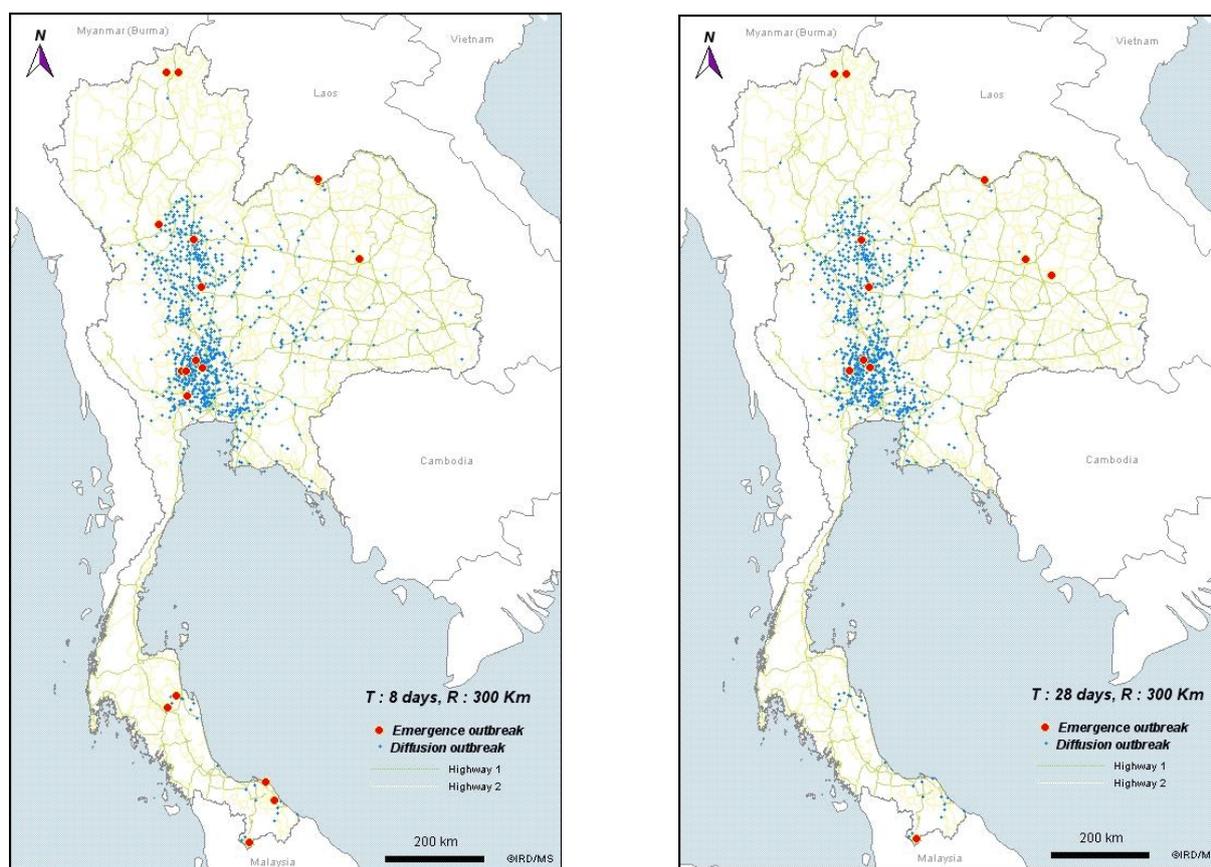
d : distance en km / t : temps en jours

<sup>99</sup> Sur les cartes de la figure 34, on observe qu'au-delà de certaines valeurs [t,d], les sites d'émergence (représentés en rouge) sont davantage répartis sur l'ensemble du territoire thaïlandais et ne montrent pas de regroupement particulier (à l'inverse de l'ensemble des cas d'infection, représentés en bleu). Seuls quelques rares cas de réémergence sont par ailleurs observés au niveau de 3 régions, dans le Sud de la Plaine centrale et en zone frontalière, renforçant l'hypothèse d'une persistance du virus *in situ* dans le Centre du pays, parallèlement à un rôle potentiel des échanges commerciaux transfrontaliers dans l'introduction du virus.

<sup>100</sup> Une diffusion locale se traduit par des regroupements spatiaux de foyers infectieux tandis que dans le cas des processus émergents ou de diffusion à longue distance, les cas présentent une distribution plus dispersée, qui s'apparente statistiquement à une distribution aléatoire

Figure 34 : Distribution spatiale des points d'émergence identifiés pour différentes combinaisons [t,d]





Source : IRD, AIT. <http://www.rsgis.ait.ac.th/~souris/HPAI/index.html>

Le caractère aléatoire de la distribution des foyers infectieux pour différentes combinaisons (espace-temps) d'émergence est par conséquent analysé. Le délai maximum étudié est fixé à 28 jours afin de tenir compte de la variabilité liée à la durée d'excrétion du virus chez la volaille et à sa survie dans l'environnement. Le délai minimum ne peut être inférieur à 7 jours, car il faut tenir compte du temps d'incubation de la maladie et de la sous-déclaration des cas le week-end (déclaration en début de semaine suivante des cas survenus le week-end, en lien avec l'arrêt des activités de surveillance le samedi et le dimanche). Pour la variable  $t$ , la série de valeurs suivante est finalement retenue : 7, 14, 21 et 28 jours. La gamme de valeurs limites de distance étudiées doit être plus large étant donné le manque de connaissances actuel sur l'ancrage spatial de la maladie. Une distance maximale de 500 km est retenue. La distance moyenne entre centroïdes étant légèrement supérieure à 5 km, la précision de la localisation géographique des fermes ne peut être supérieure. La distance minimale retenue par Souris M. et al. est donc de 10 km. L'ensemble de valeurs étudiées pour la variable  $d$ , permettant une analyse relativement fine, est le suivant : 10, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 90, 100, 200, 300, 400, 500. Les méthodes utilisées relèvent des systèmes d'information géographique, de l'analyse spatiale (séparation des cas en deux groupes distincts selon des critères spatio-temporels, tel qu'explicité précédemment), et des géostatistiques (test du caractère aléatoire de la distribution). Tous les tests sont effectués à l'échelle des sous-districts, en utilisant le centroïde des sous-districts comme localisation des foyers. Plusieurs semis de points sont pris en considération : l'ensemble initial des centroïdes de sous-districts ( $T$ ) et le sous-ensemble des foyers considérés comme émergents ( $E$ ). Chaque distribution de cas considérés comme émergents (sous-ensembles  $E$ , variant selon les combinaisons  $[t,d]$  considérées) est comparée à une distribution aléatoire suivant une loi de Poisson (tirage au sort de  $x$  cas émergents du groupe  $E$ , parmi les 7 410 centroïdes de sous-districts totaux du groupe  $T$ , sur 4 000 simulations successives, selon la méthode de Monte-Carlo<sup>101</sup>). La méthode géostatistique est donc

<sup>101</sup> Méthode selon laquelle un grand nombre de tirages aléatoires sont effectués afin de déterminer la probabilité d'occurrence de chacun des résultats et de renforcer la puissance du test statistique. Celle-ci repose sur la loi des

construite sur la mesure de l'écart entre la répartition spatiale observée et des distributions spatiales aléatoires simulées (tests basés sur la simulation informatique de moyennes ou de fréquences d'indices géométriques basés sur le voisinage ou la distance). Celle-ci est très discriminante lorsqu'il s'agit de mettre en évidence des situations non aléatoires (la probabilité d'une forme spatiale donnée est souvent très faible), ce qui permet limiter le risque de première espèce (rejet à tort de l'hypothèse nulle), par ailleurs fixé à 0,1% et non à 5% ou 1%.

**Figure 35 : Résultats des tests géostatistiques étudiant le caractère aléatoire de la distribution des cas émergents pour différentes combinaisons [t,d]**

Test utilisant la distance entre plus proches voisins émergents :

		d												
		10	20	30	40	50	60	80	100	200	300	400	500	
t	7	H1	H1	H1	H1	H1	H0	H0	H0	H0	H0	H0	H0	H0
	14	H1	H1	H1	H1	H0	H0	H0	H0	H0	H0	H0	H0	H0
	21	H1	H1	H1	H1	H0	H0	H0	H0	H0	H0	H0	H0	H0
	28	H1	H1	H1	H1	H0	H0	H0	H0	H0	H0	H0	H0	H0

d : distance en km / t : temps en jours / H0 : hypothèse nulle (la distribution spatiale du semis de point E ne peut être différenciée d'une distribution spatiale aléatoire) / H1 : hypothèse alternative (la distribution spatiale du semis de point E n'est pas aléatoire) ; risque  $\alpha = 0,1\%$

Test utilisant la proportion de points émergents dont le plus proche voisin est de même nature (test plus sensible, d'où des résultats moins tranchés<sup>102</sup>) :

		d															
		10	20	30	40	50	60	70	80	90	100	150	200	300	400	500	
t	7	H1	H1	H1	H1	H0	H0	H0									
	14	H1	H0	H0	H0	H1	H1	H0	H0	H0							
	21	H1	H0	H0	H0	H1	H1	H0	H0	H0							
	28	H1	H1	H1	H1	H1	H1	H0	H0	H0	H1	H1	H1	H0	H0	H0	

d : distance en km / t : temps en jours / H0 : hypothèse nulle (la distribution spatiale du semis de point E ne peut être différenciée d'une distribution spatiale aléatoire) / H1 : hypothèse alternative (la distribution spatiale du semis de point E n'est pas aléatoire) ; risque  $\alpha = 0,1\%$

Sur les tableaux de la figure 35, on observe un changement dans le caractère aléatoire de la distribution des cas. Au-delà d'un rayon de 50 à 80 km, la distribution spatiale des cas ne peut plus être distinguée d'une distribution aléatoire. Ces travaux de Souris M. et al. permettent finalement d'estimer la distance maximale sur laquelle interviennent des processus de dissémination locaux à 60 km environ.

#### 4.2.2 Emergence et endémisation vs. diffusion et épidémisation : une discrimination complémentaire selon des critères environnementaux

Cette première étape de notre étude s'appuie sur les méthodes utilisées dans le cadre des travaux d'analyse spatio-temporelle présentés au paragraphe précédent (en particulier, la séparation des cas d'infections en deux groupes distincts selon des critères spatio-temporels,

grands nombres : en répétant un grand nombre de fois une expérience, de façon (théoriquement) indépendante, on obtient une approximation de plus en plus fiable de la vraie valeur de l'espérance du phénomène observé.

<sup>102</sup> Entre 100 et 200 km, la mise en évidence d'une distribution non aléatoire peut être liée à la présence des quelques points de réémergence observés au niveau de la Plaine centrale ou des zones frontalières, tandis que le nombre total de points est très faible (entre 74 et 16). La réoccurrence de l'hypothèse nulle au-delà d'une certaine distance est sans doute liée à des effectifs de cas émergents trop faibles (de 27 à 7).

permettant de distinguer les processus relevant de l'émergence et de la diffusion pour différentes combinaisons espace-temps données). Il s'agit de discriminer le processus émergentiel à l'aide de données environnementales provenant de la télédétection (occupation du sol) et de données relatives au contexte avicole au moyen d'outils d'analyse spatiale et de géostatistique, en vue *in fine* de conforter ou de préciser le choix d'une combinaison [t,d] caractérisant le mieux l'émergence. Autrement dit, on cherche à identifier les combinaisons [t,d] seuils associées à l'émergence en faisant appel à une méthode complémentaire.

On a émis l'hypothèse que les lieux d'émergence présentent une distribution spatiale aléatoire, avec des conditions nécessaires qui peuvent modifier la probabilité d'occurrence en un lieu. Ces conditions nécessaires sont bien souvent liées à l'environnement ou à l'organisation de l'espace (présence d'un habitat écologique particulier, présence d'une infrastructure, présence d'une activité humaine caractéristique d'un type de milieu, présence des organismes réservoirs ou vecteurs, etc.), et sont également associées à des événements ponctuels naturels à caractère hautement aléatoire (événement climatique, événement de nature anthropique entraînant de la diffusion à longue distance et donc une introduction du virus dans une zone auparavant indemne). A l'inverse, les facteurs de diffusion sont plus souvent liés à des caractéristiques individuelles (sensibilité de l'hôte), à la nature des interactions entre l'individu et son environnement (d'ordre écologique, socio-économique, culturel, etc.), et à la distribution spatiale des individus (promiscuité). La diffusion est majoritairement reliée à la nature contagieuse de la maladie et aux pratiques humaines qui facilitent la transmission à courte distance. Lors d'une épizootie, l'émergence et la diffusion ne relèvent ainsi pas des mêmes mécanismes. On pose l'hypothèse que certains facteurs environnementaux peuvent a priori bien discriminer l'émergence ou que l'on peut potentiellement mettre en évidence des changements d'influence des divers facteurs environnementaux au sens large en matière de discrimination entre groupes de foyers selon les combinaisons [t,d] prises en compte, de manière analogue à la rupture du caractère aléatoire de la distribution des cas mise en évidence par Souris M. et al.. Différentes combinaisons [t,d] sont étudiées, les deux catégories de cas étant à chaque fois comparées entre elles selon une analyse statistique cas-témoins. La même gamme de valeurs est retenue pour la variable t, tandis que pour le paramètre d, il a été choisi de ne conserver que les modalités qui pourraient potentiellement caractériser le processus émergentiel, au regard des connaissances épidémiologiques et des résultats obtenus par Souris M. et al. (de plus, pour des valeurs d faibles, le sous-ensemble des cas considérés comme émergents comprend trop de points issus d'une transmission à courte ou moyenne distance, ce qui peut rendre l'interprétation des p-value délicate ; de même, pour des valeurs d égales ou supérieures à 100 km, les effectifs de cas deviennent trop faibles, ce qui peut également entraîner une discrimination abusive entre cas et témoins). L'intervalle de valeurs {40km, 80 km} est finalement étudié<sup>103</sup>.

Les valeurs statistiques moyennes pour chaque facteur étudié sont analysées de manière comparative entre cas (points identifiés comme émergents ou issus de processus de diffusion à plus ou moins longue distance, selon les différentes combinaisons [t,d] considérées) et témoins (autres cas d'infection, que l'on qualifiera davantage de points de diffusion). Des tests statistiques de comparaison de moyennes (test de Student) ou d'attributs qualitatifs (test du  $\chi^2$ ) sont conduits de manière à étudier la relation existant entre les valeurs caractérisant les cas et celles caractérisant les témoins. Le test de Student permet de comparer les valeurs quantitatives de fréquences caractérisant chaque groupe (cas/témoins) pour les facteurs suivants : proportion du territoire renvoyant à un certain type d'occupation du sol (zones humides, rizières, zones urbanisées, forêt, etc., cf. § 4.1.2) dans un rayon de 5 km autour du centroïde du sous-district de chaque cas, et densité de fermes avicoles ou de volailles (densité de fermes à canards ou à poulets, densité de canards ou de poulets, d'après les données statistiques du NSO, cf. 4.1.3) caractérisant le sous-district d'appartenance de chaque cas. De

<sup>103</sup> Les analyses statistiques ont cependant été conduites sur une gamme de valeurs plus large (5, 10, 40, 60, 100 et 300 km, ainsi que 20, 30, 80, 200 et 500 km en cas de besoin de précisions pour certaines analyses factorielles) afin de constituer une base de données plus complète pour d'éventuels travaux ultérieurs de la part de l'équipe de recherche de Souris M. et al. (cf. annexe 5)

même que dans le cadre de l'étude géostatistique menée par Souris M. et al., la méthode de simulation de Monte-Carlo est privilégiée pour le calcul de la p-value correspondante. Des facteurs de type qualitatif sont également pris en compte (en lien avec la variable « poultry type » issue des données épidémiologiques -cf. § 4.1.1-, pour la prise en compte de l'espèce caractérisant chaque ferme infectée -canard ou poulet). Dans ce cas, un test du  $\text{Khi}^2$  est effectué, mais de nouveau, le calcul de la p-value selon une méthode par simulations successives est privilégié par rapport au calcul direct du  $\text{Khi}^2$ . Lorsque la p-value est supérieure à 1% (risque d'erreur de première espèce que l'on accepte), les variables caractérisant les cas ne peuvent être statistiquement distinguées de celles caractérisant les témoins. En cas de p-value inférieure à 1%, à l'inverse, les deux groupes présentent des valeurs significativement différentes.

L'évolution de la p-value selon différentes combinaisons [t,d] est analysée, en vue d'identifier les gammes de valeurs t et d pour lesquelles les deux sous-ensembles de foyers (points émergents/ points de diffusion) peuvent être discriminés et de mettre en évidence d'éventuelles ruptures dans l'association statistique entre cas et témoin (et sa significativité). Nous nous intéresserons en particulier aux différences de p-value observées entre chaque combinaison [t,d], et rechercherons les combinaisons qui permettent de maximiser la différence entre cas émergents et témoins, ou qui montrent un profil statistique (significativité ou non) sensiblement différent des autres combinaisons. Cette méthode est basée sur l'hypothèse qu'une forte discrimination entre sous-ensembles pour certaines combinaisons [t,d] données, est liée à la constitution de groupes de cas et de témoins relativement homogènes du point de vue de leur nature émergente ou diffusionnelle, permettant de différencier au mieux les cas issus d'un processus d'émergence de ceux issus d'une diffusion de proche en proche.

Il est important, parallèlement, de conduire une analyse critique de cette démarche relativement complexe et d'étudier sa validité. Elle consiste à mettre en évidence des discriminations entre sous-ensembles alors que ces derniers sont justement issus d'un processus spatio-temporel de ségrégation entre cas. Les changements de p-value mis en évidence pourraient tout simplement être dus à cette démarche initiale de séparation des cas. De plus, les points de diffusion appartenant au sous-ensemble des témoins (aux effectifs d'ailleurs sensiblement supérieurs) ou au sous-ensemble des cas pour des valeurs de d faibles sont a priori auto-corrélés (en raison de l'effet de contagion) et ne remplissent pas la condition d'indépendance entre objets requise pour mener des tests statistiques de manière rigoureuse. Les différences observées dans les mesures d'association entre cas et témoins pourraient être liées à l'autocorrélation des témoins entre eux ou à des autocorrélations d'intensité variable entre les sous-ensembles selon les différentes combinaisons [t,d] considérées, ou bien plus simplement au fait que l'on travaille sur des effectifs changeants. Cependant, dès lors que l'on prend en compte un panel de facteurs très différents (allant de modes d'occupation du sol à des données de recensement avicole), si des changements de tendance sont observés de manière récurrente pour des combinaisons identiques ou proches, on peut suggérer que cette analogie ne peut être due à ces phénomènes parasites. On pose ainsi l'hypothèse que les combinaisons discriminant le mieux le processus d'émergence sont caractérisées par une tendance commune, quel que soit le facteur considéré.

#### **4.2.3 Choix d'un système émergentiel et analyse des facteurs d'influence socio-environnementaux**

Les deux analyses discriminantes préalables ayant permis de retenir une combinaison [t,d] donnée, distinguant un sous-ensemble de cas d'infection considérés comme émergents, il est à présent possible de mener des analyses statistiques factorielles spécifiques au phénomène d'émergence. L'objectif est de caractériser les lieux d'émergence au regard de facteurs environnementaux et démographiques (données avicoles et de population). Le processus émergentiel tel que défini aux étapes précédentes d'analyse est relativement discriminant et implique une indépendance des événements entre eux, ce qui permet de mettre en évidence d'éventuels facteurs de risque spécifiques à l'émergence (à la différence des études épidémiologiques conduites jusqu'à présent où les phénomènes d'introduction et de diffusion virale étaient pris en compte simultanément).

L'étude porte à présent sur l'émergence à part entière. Les objets d'analyse doivent être revus car il ne s'agit plus de conduire une analyse discriminante et comparative entre émergence et diffusion mais d'analyser le lien éventuel entre émergence et conditions environnementales, au travers de l'étude statistique de différents facteurs de risque potentiels. Il a été choisi de ne pas conserver l'échelle de la ferme (rapportée spatialement au sous-district) pour les événements statistiques considérés, mais de s'intéresser au niveau géographique global du sous-district. Les données relatives à chaque ferme sont agrégées à ce niveau d'analyse (le terme d'agrégation pouvant être considérés comme abusif étant donné que l'on n'observe au maximum qu'une ferme émergente par sous-district)<sup>104</sup> : dès lors qu'un sous-district contient une ferme considérée comme émergente, ce dernier est considéré comme émergent (ou support d'un processus émergentiel)<sup>105</sup>. Ce choix est notamment lié au fait que l'ensemble des calculs menés sur les facteurs de risque (occupation du sol, densités de volailles, etc.) se rapportent à cette échelle (ainsi que la localisation des fermes), et que le sous-ensemble des témoins doit correspondre aux lieux où l'émergence n'intervient pas. La prise en compte des sous-districts n'ayant pas enregistré de cas émergents comme témoins, au lieu de l'ensemble des fermes du pays à l'échelle du sous-district (données émanant du NSO par ailleurs peu fiables), facilite le processus calculatoire et d'analyse (constitution d'une nouvelle couche vectorielle de points représentant cette base de sondage pas nécessaire). En prenant comme témoins l'ensemble des sous-districts non infectés ou non émergents, on pose l'hypothèse que dans le cadre de nos tests et simulations statistiques (situations simulées des témoins, auxquelles on compare la situation réelle observée chez les cas), chaque sous-district a la même probabilité d'être émergent, indépendamment de son effectif total de fermes. En vue de tenir compte des différences d'effectifs de fermes entre sous-districts (influençant à première vue la probabilité qu'une ferme émergente y apparaisse), tout en conservant l'échelle du sous-district, il pourrait ainsi paraître pertinent d'affecter un attribut de pondération à chaque sous-district, relatif à l'effectif de fermes et permettant d'ajuster dans nos tests la probabilité à être tiré au sort sur ce paramètre. Des analyses préliminaires menées par Souris M. et al. ont néanmoins montré que l'ajout de cet attribut de pondération n'influence pas les résultats et que, au regard du faible nombre de fermes ou de sous-districts émergents et du caractère aléatoire du processus d'émergence, on peut conserver l'hypothèse d'une probabilité égale pour chaque unité spatiale d'être tirée au sort<sup>106</sup>.

La recherche d'associations statistiques (valeurs moyennes relatives à chaque facteur significativement supérieures chez les cas, comparativement aux témoins) porte sur un lot de variables issues des données d'occupation du sol du LDD et des données démographiques du NSO (densités de fermes, de volailles, et de population humaine). Le choix de ces variables tient compte des résultats d'études précédentes portant sur les facteurs de risque d'infection au H5N1, et s'appuie également sur l'étape d'analyse précédente, où des facteurs discriminants a priori bien l'émergence ont pu être identifiés. Des tests statistiques d'exposition cas/témoins sont à nouveau utilisés (méthode de Monte-Carlo), de manière à comparer les valeurs moyennes caractérisant chaque sous-ensemble (sous-districts émergents et autres sous-

---

<sup>104</sup> Toute agrégation entraîne en théorie une diminution de la puissance statistique, l'augmentation de la taille des objets étant à l'origine d'une diminution de la variabilité des événements de santé étudiés et d'une augmentation de la variabilité environnementale. Mais étant données l'absence d'information concernant la localisation géographique exacte des fermes, et l'absence de multiplicité des événements par unité spatiale (pas de réémergences au niveau d'un sous-district), ces deux types de variabilité n'interviennent pas et ces biais sont négligeables.

<sup>105</sup> Donnée épidémiologique renvoyant ainsi à une variable binaire, selon que des cas émergents ont été rapportés ou non au sein de chacun des 7 410 sous-districts que compte le pays. Cette démarche de caractérisation des sous-districts a également été employée par Gilbert M. et al., en tenant néanmoins uniquement compte de la présence d'un cas d'infection au sens large (pas de différenciation de l'émergence).

<sup>106</sup> Cette faible influence des effectifs de fermes peut s'expliquer d'un point de vue statistique : le processus statistique peut en effet être comparé à un tirage au sort de 58 boules parmi 1,3 millions, marquées de 7 410 numéros différents (correspondant aux sous-districts d'appartenance des fermes). Le nombre de boules pour chaque numéro est assimilable aux effectifs de fermes pour chaque sous-district (de 0 à 181). Le nombre d'entités tirées au sort est tellement faible au regard du pool global disponible que les différences d'effectifs de boules de numéros différents (ou la variabilité des effectifs de fermes par sous-district) n'influencent finalement pas l'appartenance régionale de chaque ferme ou boule tirée au sort.

districts), et afin de repérer les facteurs de risque (ou protecteurs) potentiels pour lesquels les sous-districts émergents présentent un profil de valeurs significativement différent des autres sous-districts.

Il est important de mentionner que cette partie de l'analyse est plus réduite que prévu, en raison de la durée relativement courte du stage et de la taille conséquente de la base de données qui a induit des temps de calculs très longs sur ordinateur (analyse spatiale sur les données d'occupation du sol en particulier, puis calculs statistiques pour un nombre de facteurs et de combinaisons [t,d] important, et reports des résultats dans un fichier Excel séparé). Parallèlement, la plupart des analyses statistiques conduites de manière exploratoire ne sont pas exploitées. Un certain nombre de propositions peuvent tout de même être faites en vue de compléter et poursuivre ce travail d'analyse :

- Pour être plus complet et rigoureux, le travail de recherche de facteurs d'influence de l'émergence devrait porter sur plus d'une combinaison [t,d], étant donné l'incertitude relative constatée à l'étape antérieure quant au choix des valeurs t et d les plus représentatives de l'émergence. Les tests statistiques devraient ainsi porter sur les 4 combinaisons spatio-temporelles suivantes : [21 jours, 50 km], [28 jours, 50 km], [21 jours, 60 km], et [28 jours, 60 km].
- Comme explicité au § 4.1.1, l'étude porte sur des données épidémiologiques collectées sur l'ensemble de la période épizootique (à l'exclusion de la première vague). Etant donné les changements observés au cours du temps en termes d'incidence (diminution du nombre de cas dès 2005, cf. § 2.1.2) et de stratégie de surveillance et de contrôle de la maladie (nouvelles mesures mises en place en 2005, concernant notamment les troupeaux de canards en libre parcours, cf. § 2.3), il serait intéressant de compléter l'analyse en distinguant deux périodes de temps, à savoir l'année 2004 (juillet-décembre, soit la flambée principale de la deuxième vague) et les années suivantes (janvier 2005 – février 2008), de manière à conserver parallèlement un effectif suffisant de cas sur la deuxième période<sup>107</sup>.
- Enfin, une étude statistique multifactorielle et cartographique complémentaire, au moyen du logiciel Philcarto (ACP<sup>108</sup>, AFC<sup>109</sup>, étude des graphes factoriels et de la distribution spatiale des valeurs de projection des facteurs de l'ACP ou de l'AFC, etc.), a été brièvement conduite, en prenant également en compte un deuxième niveau d'analyse (échelle plus large du district), sans que des résultats concluants n'en ressortent et puissent être exploités (cf. annexe 6), faute de temps. En particulier, des difficultés inhérentes au format des données de base (mixité des types de variables<sup>110</sup>, utilisation problématique de données d'incidence en raison du faible nombre de cas, etc.) se sont posées. Il serait intéressant de mener une étude multi-factorielle approfondie, en articulant différentes échelles d'analyse<sup>111</sup>, de manière à prendre en compte les corrélations entre variables explicatives, et en vue de mettre en évidence d'éventuelles tendances spatiales<sup>112</sup>.

<sup>107</sup> D'autres études statistiques ont ainsi cherché à différencier les principales vagues épizootiques, comme au Vietnam par exemple (Pfeiffer D.U. et al., 2007)

<sup>108</sup> Analyse en composantes principales

<sup>109</sup> Analyse factorielle des correspondances

<sup>110</sup> Variable principale à expliquer de type qualitatif, variables explicatives ou facteurs environnementaux de type quantitatif

<sup>111</sup> Agrégations à des échelles plus larges (telles que la Province), permettant d'obtenir un nombre de cas suffisant par unité spatiale et de mettre par exemple en place une classification en niveaux d'émergence (nul, faible, modéré, important). En cas de changement d'échelle, une étude de la variabilité intra- et inter-maillages devrait parallèlement être conduite.

<sup>112</sup> Malgré son intérêt en termes géographiques, il n'a par ailleurs pas été possible de concentrer les efforts de recherche sur cette composante, l'objectif principal du stage consistant à étudier les conditions environnementales de l'émergence et à constituer une base de données relative aux résultats statistiques obtenus pour l'ensemble des facteurs étudiés.

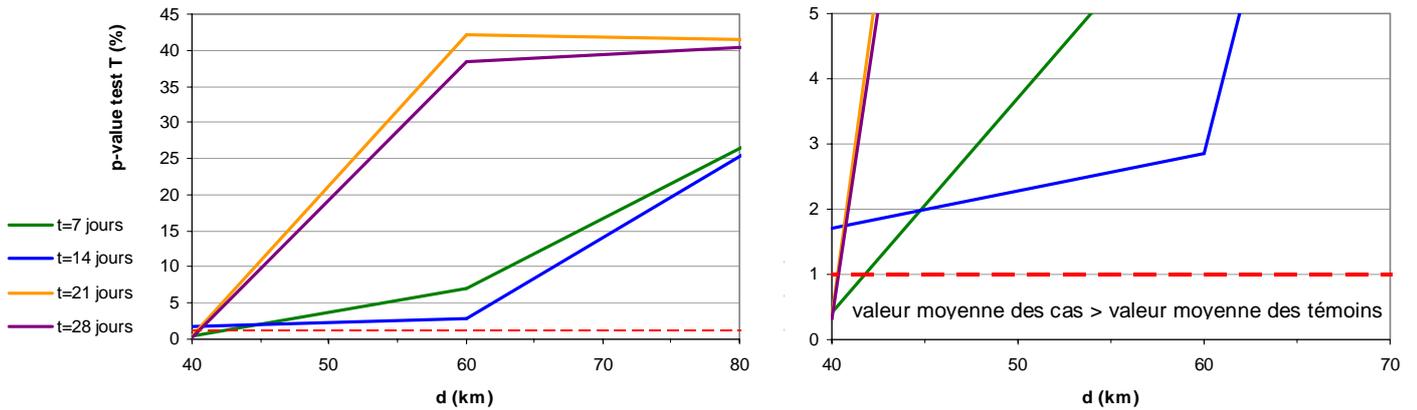
**PARTIE 3 :**  
**PRINCIPAUX RÉSULTATS D'ANALYSE POUR UNE**  
**CARACTÉRISATION DE L'ÉMERGENCE : IDENTIFICATION DES**  
**SITES ÉMERGENTIELS ET ETUDE DES FACTEURS DE RISQUE**  
**ENVIRONNEMENTAUX ASSOCIÉS**

## Chapitre 5 Discrimination des lieux d'émergence

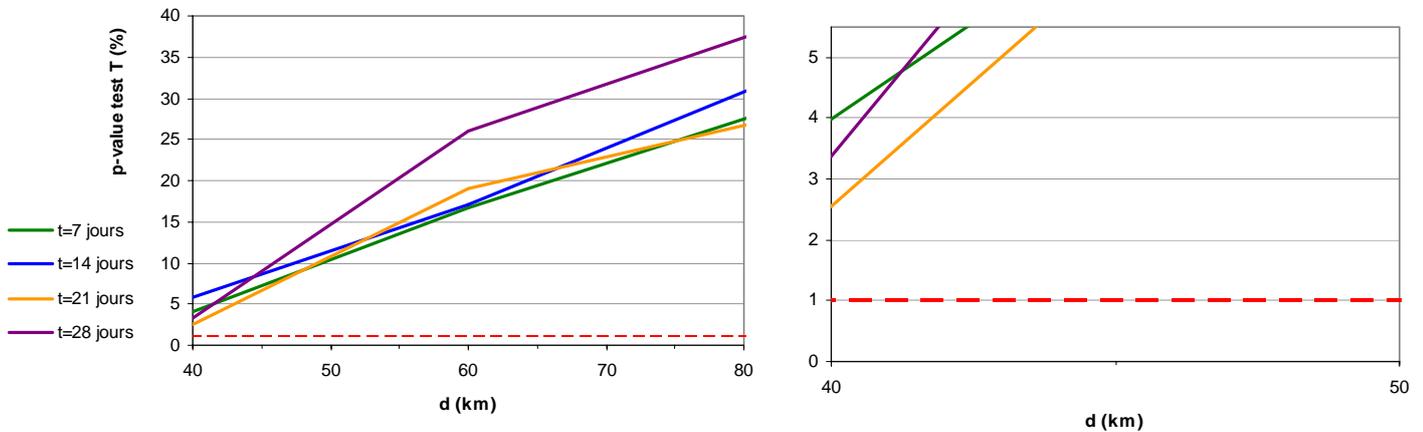
### 5.1 Résultats des tests statistiques d'exposition cas-témoins pour différentes combinaisons [t,d]

**Figure 36 :** Représentation graphique de la p-value résultant des tests statistiques de comparaison entre cas et témoins, pour les différents facteurs environnementaux étudiés et pour différentes valeurs t et d  
Cf. annexe 5 pour les données détaillées et les valeurs moyennes des cas et des témoins

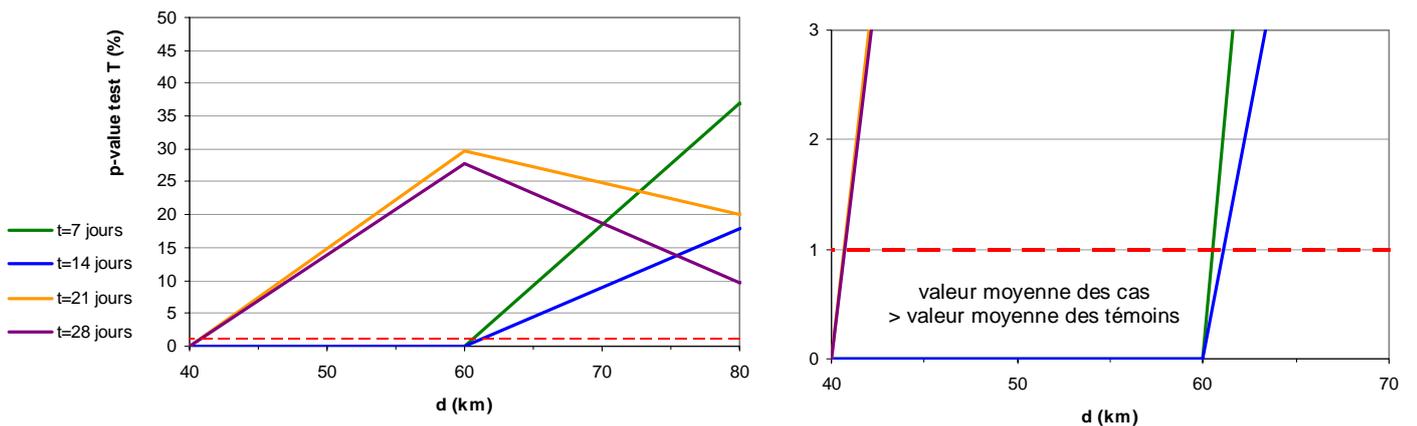
Facteur d'exposition : zones humides et surfaces en eau (zones humides au sens strict, plans d'eau et cours d'eau, zones aquacoles)



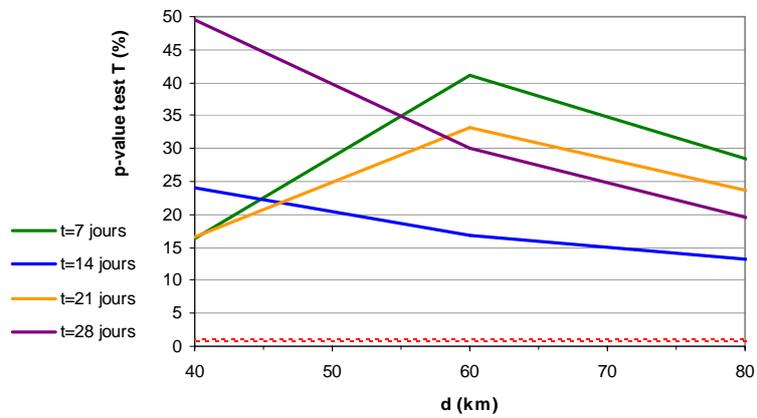
Facteur d'exposition : eau (plans d'eau, cours d'eau, zones aquacoles)



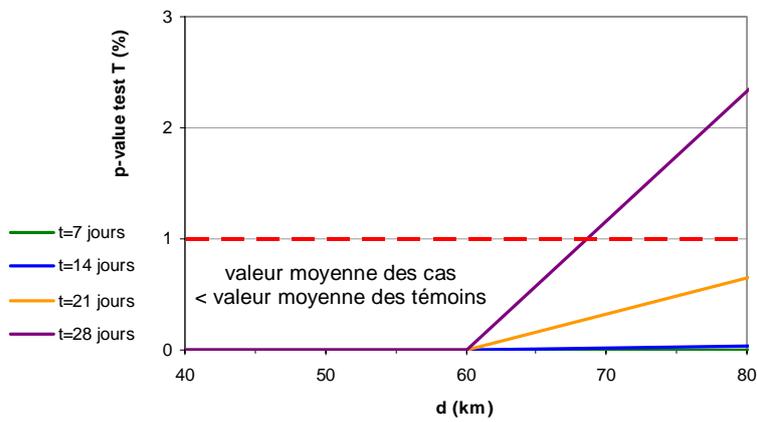
Facteur d'exposition : eau, zones aquacoles exclues (plans d'eau, cours d'eau)



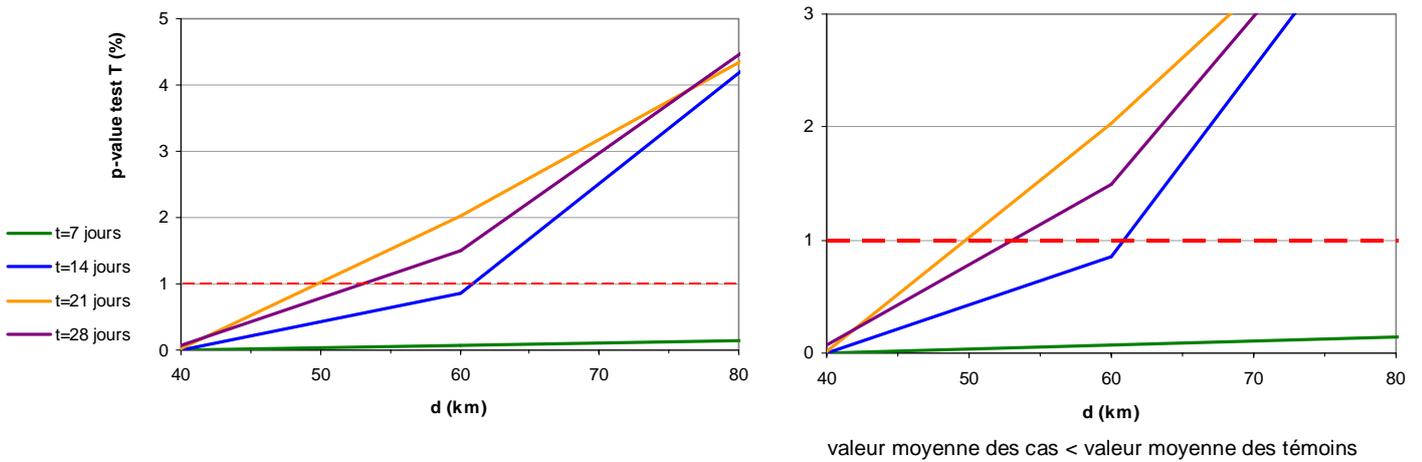
Facteur d'exposition : eau circulante (cours d'eau)



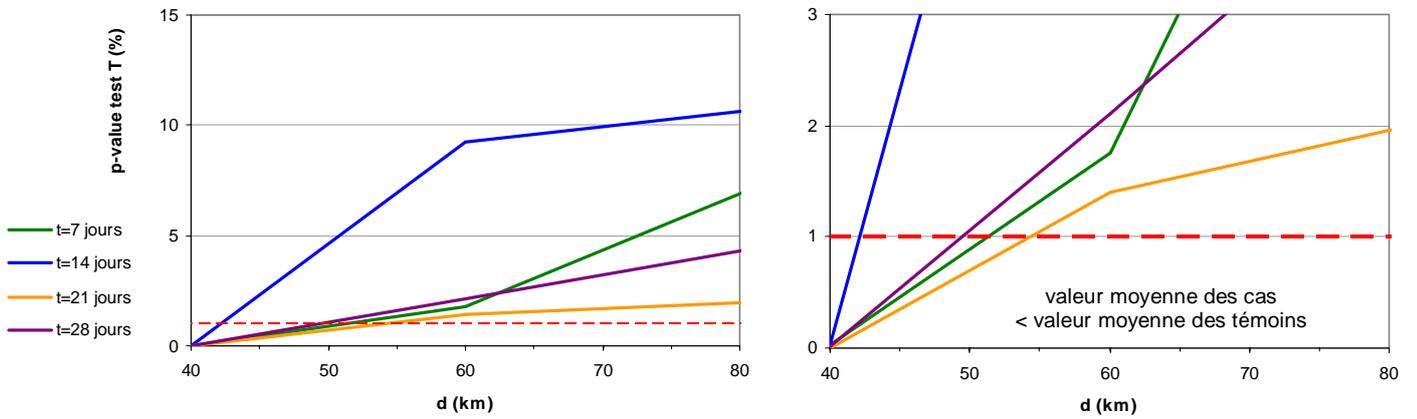
Facteur d'exposition : champs paddy (tous types confondus)



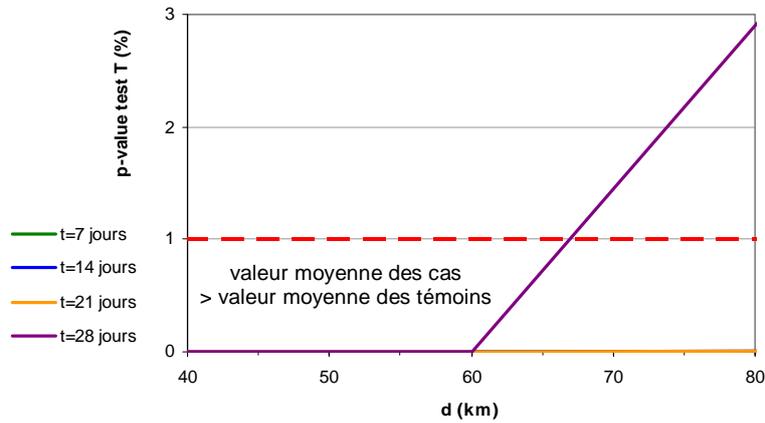
Facteur d'exposition : zones irriguées



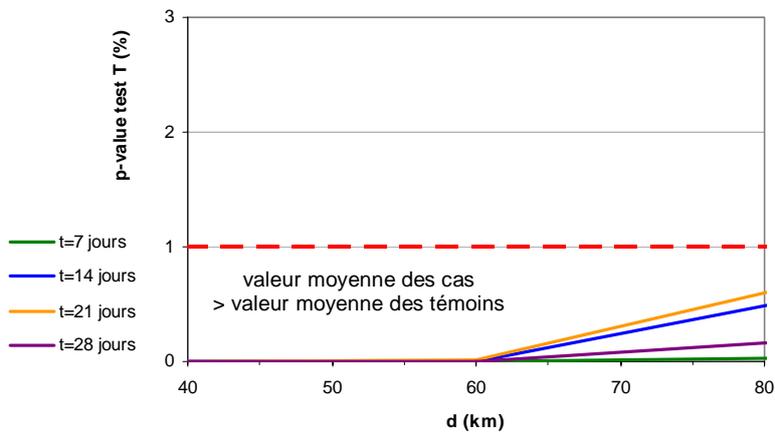
Facteur d'exposition : zones construites et habitées



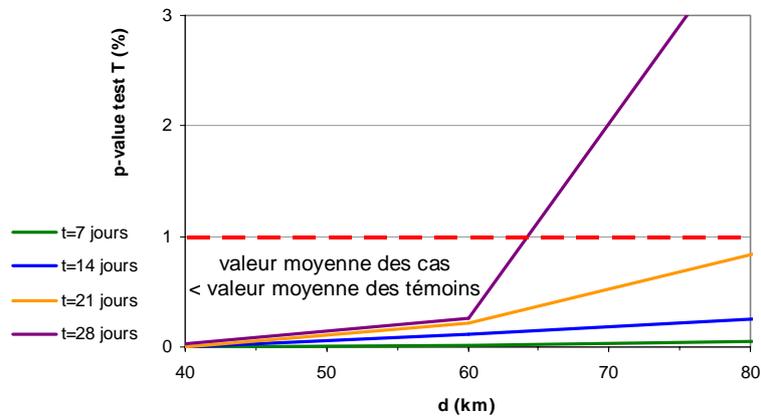
Facteur d'exposition : forêt



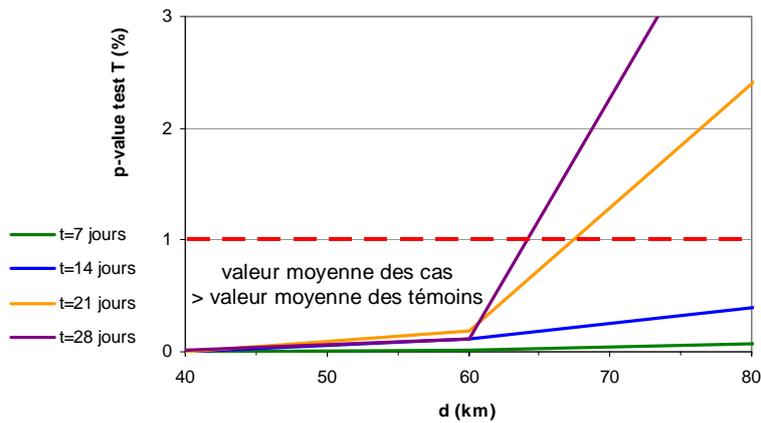
Facteur d'exposition : végétation rase et broussailles



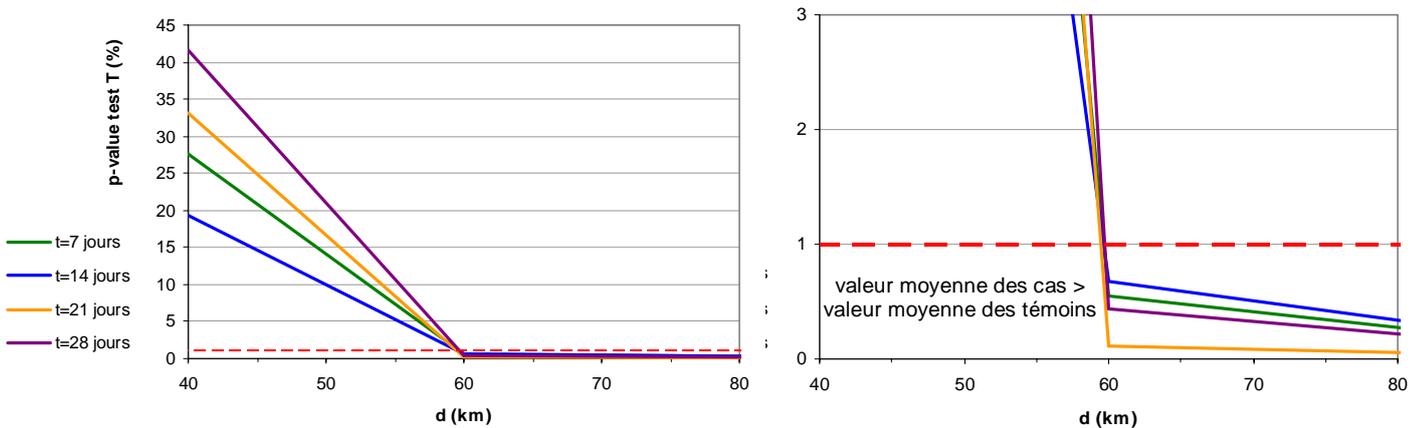
Facteur d'exposition : « poultry-type » canard



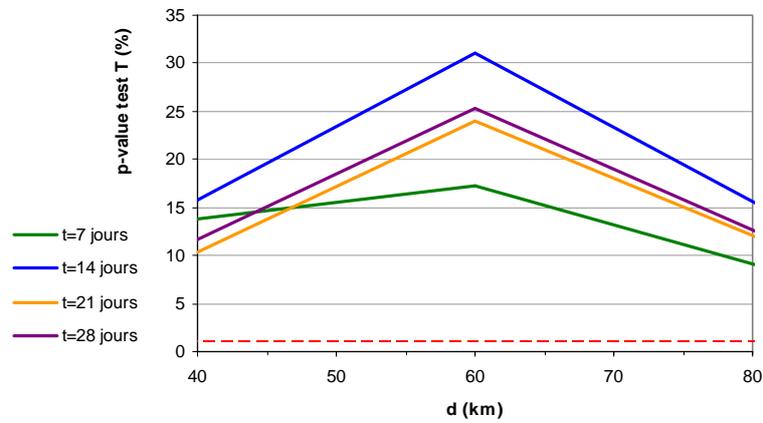
Facteur d'exposition : « poultry-type » poulet



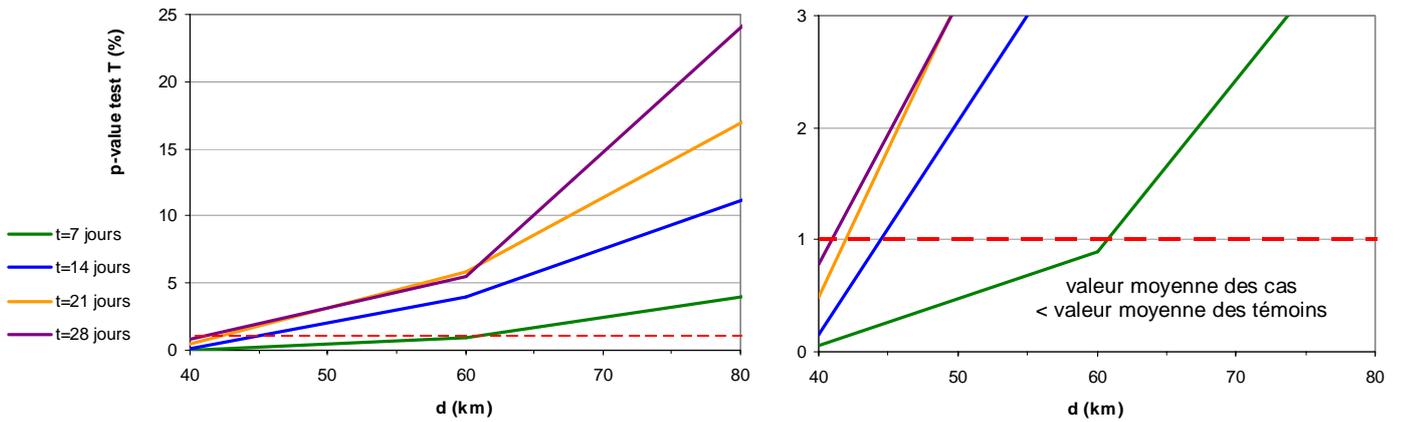
Facteur d'exposition : densité de fermes à canards



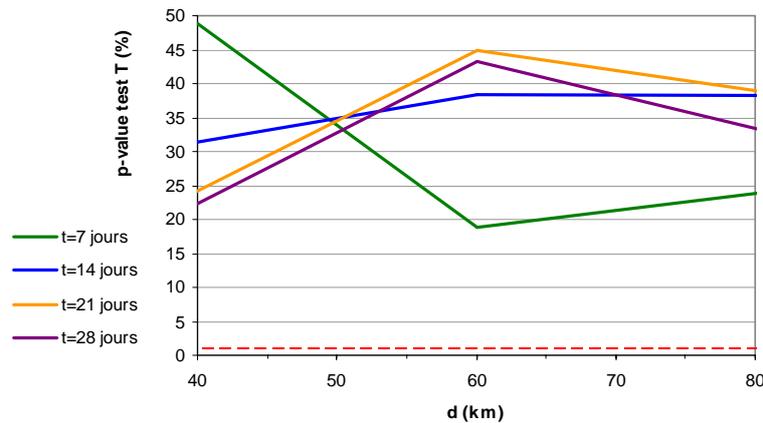
Facteur d'exposition : densité de fermes à poulets



Facteur d'exposition : densité de canards



Facteur d'exposition : densité de poulets



## 5.2 Discussion et choix d'une combinaison [t,d] représentative de l'émergence

Les graphiques de la figure 36 montrent que pour certaines valeurs de distance d (et de temps t), les valeurs moyennes relatives à divers facteurs environnementaux sont significativement différentes entre les cas (fermes infectées potentiellement émergentes) et les témoins (autres fermes dont l'infection provient majoritairement de phénomènes de diffusion à courte distance). Le tableau de la figure 37 regroupe et synthétise ces résultats afin de faciliter la recherche d'une combinaison [t,d] mettant en évidence les discriminations les plus marquées entre les deux groupes.

**Figure 37 : Résultats des tests statistiques de discrimination entre cas et témoins pour la recherche d'une combinaison [t,d] représentative de l'émergence, tableau synthétique**

Facteur d'exposition	Pouvoir discriminant à 1%	Variables d discriminantes	Variables t discriminantes
Zones humides et surfaces en eau	Modéré à nul pour des distances supérieures à 40 km	Domaine de significativité (à 1%) autour de 40 km, voire jusqu'à 60 km (à 3%)	7, 21, 28 jours Pas de significativité à 1% pour t=14 jours
Surfaces en eau	Nul	Pas de significativité à 1% Domaine de significativité (entre 3 et 5%) autour de 40 km	7, 21, 28 jours Pas de significativité pour t=14 jours
Surfaces en eau, zones aquacoles exclues	Important (pour t=7 ou 14 jours) à faible (à 40 km)	Sortie du domaine de significativité (à 1%) au-delà de 40 (pour t=21 ou 28 jours) ou 60 km (pour t=7 ou 14 jours)	Domaine de significativité plus large pour t=7 ou 14 jours
Eau circulante	Nul	Pas de discrimination entre cas et témoins	
Champs paddy	Important	Sortie du domaine de significativité (à 1%) au-delà de 60 km (pour t=28 jours), voire discrimination continue pour les autres valeurs de t	Rupture marquée pour t=28 jours
Zones irriguées	Important à modéré	Sortie du domaine de significativité (à 1%) avant ou autour de 60 km, discrimination continue pour t=7 jours	14, 21, 28 jours Allure différente et absence de rupture dans la discrimination pour t=7 jours
Zones construites et habitées	Important à modéré	Sortie du domaine de significativité (à 1%) au-delà de 40 km et avant 60 km	7, 21, 28 jours Discrimination moins bonne pour t=14 jours
Forêt	Important	Sortie du domaine de significativité (à 1%) au-delà de 60 km (pour t=28 jours), discrimination continue pour les autres valeurs de t	Rupture marquée pour t=28 jours
Végétation rase et broussailles	Important	Discrimination continue	
« Poultry type » = canard	Important	Sortie du domaine de significativité (à 1%) au-delà de 60 km (pour t=28 jours), discrimination continue pour les autres valeurs de t	Rupture marquée pour t=28 jours

« Poultry type » = poulet	Important	Sortie du domaine de significativité (à 1%) au-delà de 60 km (pour t=21 jours ou 28 jours), discrimination continue pour les autres valeurs de t	Ruptures marquées pour t=21 ou 28 jours
Densité de fermes à canards	Important dès 60 km	Entrée dans le domaine de significativité (à 1%) à 60 km	
Densité de fermes à poulets	Nul	Pas de discrimination entre cas et témoins	
Densités de canards	Modéré	Sortie du domaine de significativité (à 1%) au-delà de 40 km (pour t=14, 21 ou 28) ou 60 km (pour t=7 jours)	
Densité de poulets	Nul	Pas de discrimination entre cas et témoins	

On observe que 11 facteurs sur 15 (73%) discriminent les fermes émergentes (dans la fourchette des valeurs d étudiées) des autres fermes, ce qui témoigne du rôle que peut effectivement jouer le contexte socio-environnemental sur l'émergence. Notre hypothèse selon laquelle les lieux d'émergence sont caractérisés par des conditions spécifiques et nécessaires liées à l'environnement ou à l'organisation de l'espace, est ainsi vérifiée. De même, ces résultats semblent valider le postulat formulé au chapitre 4 selon lequel les combinaisons discriminant le mieux le processus d'émergence doivent être caractérisées par une tendance commune, pour différents facteurs.

Pour près de la moitié des facteurs considérés, on observe des différences significatives entre cas et témoins (valeurs moyennes des cas significativement supérieures ou inférieures à celles des témoins) pour des valeurs d comprises entre 40 et 60 km. De même, pour 5 autres facteurs, le domaine de significativité est compris entre 40 et plus de 60 km. Seul un facteur montre un pouvoir discriminant uniquement au-delà de 60 km. Bien que l'on ne puisse mettre en évidence de tendance nette et précise, et qu'un degré d'incertitude persiste<sup>113</sup>, la gamme de valeurs 50-60 km semble constituer un seuil approximatif dans la discrimination des deux groupes (significativité moins fréquente entre 60 et 80 km). Autrement dit, les réémergences liées à des processus de diffusion virale indirecte (échanges commerciaux à longue distance, persistance dans l'environnement) semblent intervenir à des distances de l'ordre de 50 à 60 km (équivalant à une distance moyenne entre foyers émergents). Si l'on tient parallèlement compte des résultats (par ailleurs concordants) obtenus par Souris M. et al. au travers de l'étude du caractère aléatoire de la distribution spatiale des sites (60 km en limite minimum), on peut finalement décider de retenir cette valeur de 60 km pour le paramètre d<sup>114</sup>.

Concernant le paramètre temporel t, on observe des comportements globalement différents ou moins marqués à 7 ou 14 jours (avec parfois absence de significativité ou absence de rupture dans la discrimination). Les connaissances bio-épidémiologiques du virus encouragent également à considérer des délais de 21 à 28 jours entre foyers. Bien qu'il n'y ait de nouveau pas de tendance très nette, pour la valeur t à 28 jours, on observe néanmoins à plusieurs reprises des ruptures de significativité dans la zone des 60 km, qui peuvent traduire une bonne discrimination du système émergentiel. On décide finalement de retenir cette valeur (par ailleurs la plus élevée et donc la plus conservative pour éliminer tout effet potentiel de diffusion directe) pour le paramètre t.

La combinaison [28 jours, 60 km] est donc retenue pour mener les analyses statistiques ciblées sur l'émergence, présentées au chapitre suivant.

<sup>113</sup> Il paraît cependant logique que plusieurs combinaisons puissent rendre compte de l'émergence de manière satisfaisante, étant donné que les différences d'effectifs de cas et de témoins restent faibles entre valeurs t et d proches (cf. figure 33) et que, de même, les distributions spatiales des sous-ensembles de points ne changent pas beaucoup entre 50 et 60 km

<sup>114</sup> Comme explicité au § 4.2.3, en raison du degré d'incertitude relatif aux valeurs d les plus représentatives, il serait plus rigoureux de retenir 2 valeurs pour le paramètre d, à savoir 50 et 60 km

## **Chapitre 6 Etude spécifique des conditions environnementales de l'émergence**

### **6.1 Résultats des tests statistiques d'exposition cas-témoins menés sur les sous-districts émergents**

L'ensemble des résultats statistiques relatifs aux tests d'exposition conduits sur les sous-districts émergents, comparativement aux autres sous-districts, sont présentés dans le tableau de la figure 38. Avant toute interprétation, il convient de faire des corrections statistiques en raison de la multiplicité des facteurs étudiés et d'apporter des ajustements à l'erreur de première espèce (le risque  $\alpha$  augmentant avec le nombre de tests statistiques effectués). Il existe plusieurs méthodes permettant d'ajuster les p-values individuelles ou le seuil de significativité pour chacune des comparaisons individuelles, la plus simple (correction de Bonferroni) consistant à diviser le risque  $\alpha$  global que l'on souhaite contrôler (1% dans notre cas) par le nombre de tests effectués (22). La p-value limite prise en compte pour chaque test individuel est donc de 0,045% au lieu de 1%.

### **6.2 Discussion : une influence probable des pratiques humaines individuelles et occasionnelles**

Les résultats de la figure 38 montrent que, si l'on conserve un risque global de 1%, aucun des facteurs considérés n'est statistiquement associé à l'émergence. Pour un risque de 2%, seules les valeurs relatives au pourcentage d'occupation du sol en rizières de type « broadcasted » (soit situées au niveau de la Plaine centrale) sont sensiblement différentes entre sous-districts émergents et autres sous-districts. Ces champs paddy, qui supportent l'activité de libre parcours post-récolte des canards en Thaïlande, peuvent ainsi potentiellement (l'association statistique ne traduisant pas nécessairement une relation causale) constituer un facteur de risque d'émergence du virus H5N1. Ce résultat concorde avec les conclusions de plusieurs travaux de recherche, qui ont déjà mis en évidence le rôle clef de cette pratique d'élevage dans l'incidence globale de la maladie. Nos analyses complètent ces recherches en démontrant que la corrélation persiste si l'on s'intéresse plus spécifiquement à l'émergence. Autrement dit, l'élevage de canards en libre parcours pourrait contribuer à des introductions virales dans des exploitations saines par une diffusion du virus sur de longues distances, au travers du déplacement et du mélange de troupeaux de canards d'origines variées (le potentiel asymptomatique de l'espèce en cause favorisant ce processus), ainsi que par le biais de la dissémination du virus dans ce milieu naturel spécifique où il peut éventuellement se maintenir quelques semaines puis infecter de nouvelles volailles d'élevage. Les habitats naturels humides des populations d'oiseaux sauvages, ainsi que l'eau en tant que vecteur physique, ne semblent cependant pas intervenir, ce qui laisse supposer que seules les pratiques anthropiques induisent une diffusion indirecte (minimisation du rôle des oiseaux sauvages dans les réémergences virales, en Thaïlande). Le fait qu'aucune différence ne soit observée entre cas et témoins pour le facteur lié à la densité de population renforce l'hypothèse de réémergences virales (ou d'une diffusion sur de longues distances) principalement dues à des pratiques humaines marginales ou occasionnelles, sans doute principalement liées à des activités commerciales.

**Figure 38 : Résultats des tests statistiques d'exposition cas-témoins sur l'émergence (les cas correspondent aux sous-districts émergents, en prenant pour référence les fermes distantes de 60 km dans un délai de 28 jours), pour différents facteurs de risque potentiels**

Facteur d'exposition	Test t: p-value(1)	Cas: sous-districts émergents						Témoins: autres sous-districts				
		Nbre de cas	Valeur moy(2)	p-value(3)	Rang(4)	Ecart-type	p-value(5)	Nbre de témoins	Valeur moy(2)	Ecart-type	Moyenne des écart-types(6)	Ecart-type des écart-types(7)
Zones humides et surfaces en eau	43,023	58	3,69	41,805	2145	6,49	28,219	7352	3,93	1,13	8,21	2,98
Eau	26,111	58	2,21	26,399	2823	3,45	15,023	7352	2,80	0,93	6,51	2,95
Eau, zones aquacoles exclues	31,529	58	1,40	31,920	2565	1,89	19,115	7352	1,63	0,50	3,38	1,71
Eau circulante	9,509	58	0,96	9,300	370	1,60	45,221	7352	0,68	0,22	1,53	0,60
Champs paddy	10,414	58	48,92	9,528	360	35,14	13,660	7352	43,27	4,32	33,37	1,62
Champs paddy "broadcasted"	8,07E-02	58	28,48	0,083	9	38,28	0,493	7352	16,06	3,95	29,45	3,42
Champs paddy "transplanted"	6,223	58	20,77	6,178	3756	28,63	4,379	7352	27,38	4,29	32,57	2,31
Champs paddy abandonnés	48,688	58	0,63	48,280	1703	2,86	41,230	7352	0,65	0,40	2,49	1,67
Zones irriguées	41,358	58	10,19	40,220	1542	25,39	26,856	7352	9,43	3,06	22,88	4,07
Zones construites et habitées	41,731	58	8,45	42,466	2159	11,08	32,303	7352	8,77	1,70	12,62	3,35
Forêt	17,929	58	12,49	17,470	3281	21,61	22,890	7352	15,47	3,19	24,28	3,59
Végétation rase et broussailles	47,786	58	2,73	46,585	1695	7,02	42,670	7352	2,65	0,92	6,58	2,36
Densité de fermes à canards	43,821	58	1,03	44,524	1357	2,40	38,517	7148	0,98	0,33	1,92	1,65
Densité de fermes à poulets	39,860	58	3,21	40,508	2213	6,08	29,253	7148	3,38	0,70	4,97	2,04
Densité de canards	9,862	58	206,73	9,462	375	747,84	17,488	7148	111,58	72,47	387,90	384,94
Densité de poulets	38,604	58	1311,68	38,387	391	4386,07	45,565	7148	941,12	1254,66	3401,42	8838,57
Densité de canards pondueurs	2,047	58	150,03	2,065	166	543,59	10,265	7148	58,97	44,62	234,33	244,16
Densité de poules pondueuses	42,596	58	448,69	40,103	246	2756,05	41,244	7148	222,03	904,16	1256,22	6778,16
Densité de poulets de chair	40,285	58	749,18	39,557	582	1751,11	45,678	7148	574,69	658,89	2235,59	4462,73
Densité de poulets de type "native"	47,940	58	113,80	47,903	1653	199,05	44,531	7148	112,31	28,43	183,90	110,12
Densité de population	35,209	58	358,50	35,022	2829	1058,29	36,245	7352	1229,46	2263,82	6639,68	15860,44

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) % d'occupation du sol dans un rayon de 5 km autour du centroïde du sous-district caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ1: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont indiquées en rouge (risque fixé à 1%) ou en bleu (risque à 5%)

RQ2: En raison de valeurs manquantes dans certains sous-districts, les nombres de témoins sont inférieurs pour certains facteurs d'exposition

## CONCLUSION

Les résultats issus de la phase finale d'analyse permettent de minimiser le rôle des oiseaux sauvages et notamment migrateurs comme vecteurs réguliers de l'émergence (de même que le rôle potentiel joué par certains habitats et par les milieux aquatiques). Ils semblent confirmer l'hypothèse d'une influence prédominante des facteurs anthropiques (pratiques d'élevage et commerciales), déjà formulée par Souris M. et al. (2008). L'influence des zones rizicoles situées au niveau de la Plaine centrale suggère parallèlement une persistance du virus *in situ* dans ce milieu particulier et dans cette zone géographique, ou des introductions récurrentes du virus par les pratiques d'élevages associées à cette région et à ce mode d'occupation du sol, telles que le libre parcours des canards dits de « free-range ». Cette pratique, considérée comme l'un des premiers facteurs de risque d'infection au H5N1 chez les volailles, semble ainsi conserver un rôle important en matière de ré-émergence et de diffusion virale à longue distance. Les autres systèmes d'élevage de plein air ne présentent a priori pas de risque particulier, bien que ce résultat soit à considérer avec vigilance étant donné le manque de précision des données relatives aux types d'élevage et tandis que la stratégie de lutte contre la maladie mise en œuvre dans le pays a rapidement fait croître le niveau de biosécurité d'un certain nombre d'élevages domestique ou semi-commerciaux ouverts. Ces constats permettent finalement de comprendre pourquoi les mesures de surveillance et de restriction des pratiques humaines à risque (désinfection des bâtiments d'élevage, limitation des mouvements de volailles et des contacts potentiels avec les oiseaux sauvages, sécurisation des échanges commerciaux) ont à elles seules (sans avoir eu recours à la vaccination ou à des mesures touchant l'environnement et la faune sauvage) permis à la Thaïlande d'éliminer (à quelques cas près) à la fois la diffusion de proche en proche et les ré-émergences du virus.

Les recommandations suivantes peuvent être formulées en vue d'un meilleur contrôle de l'influenza aviaire au sein des élevages de volailles de Thaïlande :

La surveillance ciblée sur l'élevage de canards en libre parcours doit se poursuivre dans le cadre des stratégies régionales de contrôle de la maladie, tout en permettant à cette activité de se maintenir partiellement, sous peine d'impacts socio-économiques et environnementaux importants (rôle des canards dans le contrôle biologique des pestes végétales et en matière de fertilisation naturelle des sols). Les éleveurs concernés doivent être encouragés à modifier certaines conduites à risque par des recommandations si possible modérément contraignantes et adaptées au contexte. Cette forme d'élevage traditionnel et intégré doit faire l'objet de politiques volontaristes pour des services d'appui renforcés et ajustés au niveau de risque : assistance technique, recherche, services de santé animale de proximité, etc..

Compte-tenu des enjeux relatifs aux petits éleveurs pratiquant une activité de subsistance, le caractère à risque des différents types d'élevage doit être finement étudié et les conclusions trop hâtives évitées<sup>115</sup>.

La surveillance des populations d'oiseaux doit être renforcée au niveau des marchés de volailles vivantes, et plus généralement autour des échanges commerciaux de toute nature, notamment transrégionaux et transfrontaliers.

D'une manière générale, les efforts de recherche doivent se poursuivre en vue d'une meilleure compréhension des modes de diffusion et d'introduction du virus afin *in fine* de développer des outils de surveillance adaptés et des stratégies de contrôle et de lutte plus ciblées sur les groupes ou les zones vulnérables ou à risque.

Bien que la phase finale d'analyse ait permis d'entamer une discussion sur les sujets de controverse propres à notre thématique, il est utile de rappeler que cette étude constitue avant tout un travail préliminaire pour une analyse plus détaillée des conditions d'émergence ou à l'inverse de diffusion. L'essentiel du travail accompli répond aux deux premiers objectifs

---

<sup>115</sup> Une étude menée au Vietnam montre par exemple que les corrélations statistiques peuvent sensiblement varier selon l'échelle d'analyse prise en compte ; Edan et al., 2006b

spécifiques de ce stage, mentionnés en introduction<sup>116</sup>, et porte parallèlement davantage sur l'analyse critique de la démarche préconisée (biais introduits, limites, hypothèses sous-jacentes) que sur l'interprétation approfondie des résultats obtenus, que l'on peut qualifier de préliminaires. Cette étude a finalement démontré l'utilité d'une approche spatio-temporelle et environnementale combinée pour la caractérisation des lieux d'émergence ; elle ouvre ainsi la voie à de futures recherches, qui veilleront à améliorer la méthodologie au regard des biais et des limites évoqués dans ce rapport, à approfondir les calculs statistiques d'analyse factorielle (en particulier, refus des explications causales unitaires et prise en compte d'un panel de facteurs de risque potentiels pour l'analyse de processus multi-factoriels), et à avoir recours à d'autres approches complémentaires, de type qualitatif.

L'approche spatiale et statistique privilégiée tout au long de cette étude repose en effet totalement sur des analyses quantitatives intégrant des variables liées à des caractéristiques de la surface observable et à des données de recensement démographique globales et non ajustées à nos objectifs. Ceci constitue une limite importante à notre analyse. L'utilisation de technologies performantes telles que les SIG doit favoriser une démarche intégrative pour la compréhension d'un système complexe, et ainsi permettre d'envisager une bonne analyse multi-échelle du risque. Mais celles-ci ne doivent pas être utilisées indépendamment des concepts qui les fondent. Comme le mentionne B. Ménard (2002) : « Les technologies d'information géographique et de cartographie inspirent l'épidémiologie spatiale mais ne produisent pas de géographie ». Une démarche plus complète de géographie de la santé doit s'intéresser aux dimensions sociales du problème traité et faire appel à des approches complémentaires, de type quantitatif comme qualitatif. Il s'agit d'intégrer « l'ensemble des pratiques sociales (qui interagissent) sur un espace donné (et) qui exposent de façon différentielle des espaces à un certain profil sanitaire » (Salem G., 1995). La remarque suivante de Bonnet P. (2005) fournit un complément de réflexion en rapport avec notre sujet : « l'approche géographique établie sur une connaissance sociale et économique, faite de la représentation par nature invisible des mouvements d'animaux entre fermes, est de première importance en épidémiologie, car il semble qu'elle dessine bien une véritable structure relais de la pathologie ». Il serait par exemple intéressant d'étudier la nature et l'ancrage spatial des mouvements d'animaux échangés, des relations entre fermes<sup>117</sup> et entre acteurs de la filière avicole, des pratiques d'élevage à risque, de l'accès des éleveurs au système de soins vétérinaires, ainsi que de prendre en compte des facteurs de vulnérabilité économique et sociale, et des déterminants culturels ou individuels (perception de la maladie, accès à l'information). Les indicateurs sanitaires, en tant que marqueurs sociaux, peuvent servir de base de compréhension pour appréhender ces mécanismes complexes, et, plus globalement, pour conduire une recherche sur la géographie sociale et agricole de la Thaïlande.

---

<sup>116</sup> i) faire un état des lieux approfondi des connaissances actuelles sur le virus, l'épidémiologie de la maladie et son contexte thaïlandais (recherche en particulier axée sur les sources potentielles d'introduction virale et sur la controverse oiseaux sauvages/ échanges commerciaux), ii) compléter le travail effectué par l'équipe de recherche de l'IRD, relatif à la discrimination et à l'identification des sites d'émergence de la maladie au sein des unités de production de volailles du pays

<sup>117</sup> Durand Y. (1994) note à ce sujet que les relations entre fermes peuvent traduire un lien social souvent invisible

## BIBLIOGRAPHIE

- Alexander D.J., 2007a. An overview of the epidemiology of avian influenza. *Vaccine*, vol. 25 : 5637-5644
- Alexander D.J., 2007b. Summary of avian influenza activity in Europe, Asia, Africa, and Australasia, 2002-2006. *Avian Diseases*, vol. 51 : 161-166
- Amat-Roze J-M., 2006. Santé et globalisation. Maux et ripostes, pour un observatoire de six milliards d'hommes. *Historiens & Géographes*, n° 395 : 127-137
- Andlauer G. et al., 2004. "Avian influenza" support mission to Vietnam. Diagnostic and short-term & long-term proposals. From 23 February to 12 March 2004. CIRAD, AVSF. 52 p. + annexes
- Boender G.J. et al., 2007. Risk maps for the spread of highly pathogenic avian influenza in poultry. *PLoS Computational Biology*, vol. 3, issue 4, e71 : 704-712
- Bonn D., 2006. Wild birds, poultry and avian influenza. *The Lancet Infectious Diseases*, vol. 6 : 262
- Bonnet P., 2005. L'utilisation de l'autocorrélation spatiale pour l'identification de zones à risque épidémiologique et socio-économique en santé animale. *Géographie de la santé*. Université Paul Valéry, Montpellier. 487 p.
- Brugère-Picoux J., 2006. Grippe aviaire, les bonnes questions, les diverses réponses. *Milan actu.* 96 p.
- Buranathai C. et al., 2007. Surveillance activities and molecular analysis of H5N1 highly pathogenic avian influenza viruses from Thailand, 2004-2005. *Avian Diseases*, vol. 51 : 194-200
- Butler D., 2006a. Blogger reveals China's migratory goose farms near site of flu outbreak. *Nature*, vol. 441 : 263
- Butler D., 2006b. Thai dogs carry bird-flu virus, but will they spread it?. *Nature*, vol. 439 : 773
- Cadot E. et al., 1998a. Approche géographique de la schistosomiase urinaire dans une ville moyenne africaine, Daloa (Côte d'Ivoire). *Cahiers d'études et de recherches francophones / Santé*, vol. 8, n° 6 : 447-453
- Cadot E. et al., 1998b. Les déterminants géographiques de la transmission de l'onchocercose en zone de transition forêt-savane : l'exemple de deux villages du foyer Mbam (région du Centre, Cameroun). *Cahiers d'études et de recherches francophones / Santé*, vol. 8, n° 6 : 429-435
- Capua I. et al., 2003. Avian influenza in Italy 1997-2001. *Avian Diseases*, vol. 47 : 839-843
- Capua I., 2006. Avian influenza – Past, present and future challenges. OIE/FAO international scientific conference on avian influenza. *Dev Biol (Basel)*. Karger, vol. 124 : 15-20
- Capua I., Alexander D.J., 2004. Avian influenza: recent developments. *Avian Pathology*, vol. 33 : 393-404
- Capucci D.T. et al., 1985. Isolation of avian influenza virus (subtype H5N2) from chicken eggs during a natural outbreak. *Avian Diseases*, vol. 29 : 1195-1200

- Chastel C., 2006. Virus émergents. Vers de nouvelles pandémies ?. Vuibert. 316 p.
- Chen H. et al., 2004. The evolution of H5N1 influenza virus in ducks in southern China. Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA (PNAS), vol. 101, n° 28 : 10452-10457
- Chen H. et al., 2005. H5N1 virus outbreak in migratory waterfowl. Nature, vol. 436 : 191-192
- Chen H. et al., 2006a. Establishment of multiple sublineages of H5N1 influenza virus in Asia: implications for pandemic control. Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA (PNAS), vol. 103, n° 8 : 2845-2850
- Chen H. et al., 2006b. Properties and dissemination of H5N1 viruses isolated during an influenza outbreak in migratory waterfowl in western China. Journal of Virology, vol. 80 : 5976-5983
- CIDRAP, 2008. Avian Influenza (Bird Flu): Agricultural and Wildlife Considerations. <http://www.cidrap.umn.edu/cidrap/content/influenza/avianflu/biofacts/avflu.html>. Consulté le 21/03/2008
- CIRAD, 2006. La grippe aviaire, l'influenza de l'Asie à l'Afrique. 48 p.
- Costales A., 2002. Thailand poultry sector brief. Report for FAO, PPLPF. 26 p.
- Costales A., 2004. A review of the Thailand poultry sector. Livestock sector report, Thailand. AGAL, FAO. 26 p.
- Cyranoski D., 2004. Bird flu data languish in Chinese journals. Nature, vol. 430 :955
- Cyranoski D., 2005. Bird flu spreads among Java's pigs. Nature, vol. 435 : 390-391
- DEFRA (Department of Environment, Food, and Rural Affairs, United Kingdom), 2007. Outbreak of highly pathogenic H5N1 avian influenza in Suffolk in January 2007 : a report of the epidemiological findings by the National Emergency Epidemiology Group.
- Delquigny T. et al., 2004. Impact of avian influenza epidemic and description of the avian production in Vietnam. FAO. 119 p.
- DLD, 2004. Annual report on statistics of livestock population in Thailand.
- Dolberg F. et al., 2005. Emergency regional support for post-avian influenza rehabilitation. Summary of project results and outcomes. FAO. 33 p.
- Durand Y., 1994. Solidarités d'autrefois. Les liens sociaux invisibles. Sciences Humaines, vol. 5, hors série : 42-45
- Edan M., et al., 2006a. Free ranging ducks and risks in avian flu disease in Vietnam. AVSF, FAO. 5 p.
- Edan M. et al., 2006b. Review of free-range duck farming systems in northern Vietnam and assessment of their implication in the spreading of the highly pathogenic (H5N1) strain of avian influenza (HPAI). Final report. AVSF. 101 p.
- Edwards D., 1991. Progress report on fish culture activities People's Republic of China. Field document n° 10. FAO.

Ehlers M. et al., 2003. The use of Geographic Information System (GIS) in the frame of the contingency plan implemented during the 1999-2001 avian influenza (AI) epidemic in Italy. *Avian Diseases*, vol. 47 : 1010-1014

Ellis T.M. et al., 2004. Investigation of outbreaks of highly pathogenic H5N1 avian influenza in waterfowl and wild birds in Hon Kong in late 2002. *Avian Pathology*, vol. 33 : 492-505

FAO, 2002. The livestock industries of Thailand. RAP publication n°2002/23. FAO, APHCA. 47 p.

FAO, 2004a. FAO recommendations on the prevention, control and eradication of highly pathogenic avian influenza (HPAI) in Asia. FAO position paper. 59 p.

FAO, 2004b. Guiding principles for highly pathogenic avian influenza surveillance and diagnostic networks in Asia. FAO expert meeting on surveillance and diagnosis of avian influenza in Asia, Bangkok, 21-23 July 2004. 32 p.

FAO, 2005. FAO recommendations on the prevention, control and eradication of highly pathogenic avian influenza (HPAI) in Asia.

FAO, 2006a. Guide pour la prévention et le contrôle de la grippe aviaire chez les producteurs villageois. Bureau régional pour l'Amérique latine et les Caraïbes. 46 p.

FAO, 2006b. Risque de grippe aviaire, biosécurité et situation précaire des petits aviculteurs. Initiative pour des politiques d'élevage en faveur des pauvres (PPLPI), Informations sur les politiques. 3 p.

FAO, 2007. Se préparer à l'influenza aviaire hautement pathogène. Manuel. FAO, Division de la production et de la santé animales. 66 p.

FAO, AGAL, 2005. Livestock sector brief, Thailand. 19 p.

FAO, OIE, WHO, 2005. FAO/OIE/WHO consultation on avian influenza and human health: risk reduction measures in producing, marketing, and living with animals in Asia.

Feare C.J., 2007. The role of wild birds in the spread of HPAI H5N1. *Avian Diseases*, vol. 51 : 440-447

Garske T. et al., 2007. The transmissibility of highly pathogenic avian influenza in commercial poultry in industrialised countries. *PLoS ONE*, vol. 2, issue 4, e349. 7 p.

Gauthier-Clerc M. et al., 2007. Recent expansion of highly pathogenic avian influenza H5N1: a critical review. *Ibis*, vol. 149 : 202-214

Gilbert M. et al., 2006. Anatidae migration in the western Palearctic and spread of highly pathogenic avian influenza H5N1 virus. *Emerging Infectious Diseases*, vol. 12 : 1650-1656

Gilbert M. et al., 2006b. Free-grazing ducks and highly pathogenic avian influenza, Thailand. *Emerging Infectious Diseases*, vol. 12 : 227-234

Gilbert M. et al., 2007a. Avian influenza, domestic ducks and rice agriculture in Thailand. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, vol. 119 : 409-415

Gilbert M. et al., 2007b. In response to: Ecoregional dominance in spatial distribution of avian influenza (H5N1) outbreaks. *Emerging Infectious Diseases*, vol. 13, n° 8 : 1271

Gilbert M. et al., 2008. Mapping H5N1 highly pathogenic avian influenza risk in Southeast Asia. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA (PNAS)*, vol. 105, n° 12 : 4769-4774

Gilbert M., Slingenbergh J., 2004. Highly Pathogenic Avian Influenza in Thailand: an analysis of the distribution of outbreaks in the 2nd wave, identification of risk factors, and prospects for real-time monitoring. FAO, Department of Livestock (Ministry of Agriculture and Cooperatives, Thailand).

Grmek M.D., 1969. Préliminaires d'une étude historique des maladies. *Annales E.S.C.*, vol. 24 : 1437-1483

Grmek M.D., 1995. Déclin et émergence des maladies. *Historia, Ciencias, Saude - Manguinhos*, vol. 2, n° 2 : 9-32

Handschemacher P., Hervouët J-P., 2004. Des systèmes pathogènes à la santé publique : une nouvelle dimension pour la géographie de la santé tropicale. *Autrepart*, vol. 29 : 47-63

Herbreteau V. et al., 2006a. Perspectives on applied spatial analysis to animal health. A case of rodents in Thailand. *Annals of the New York Academy of Sciences*, vol. 1081 : 17-29

Herbreteau V. et al., 2006b. Use of geographic information system and remote sensing for assessing environment influence on leptospirosis incidence, Phrae Province, Thailand. *International Journal of Geoinformatics*, vol. 2, n° 4 : 43-50

Herbreteau V., 2007. Géographie de zoonoses en Thaïlande : de la distribution des rongeurs, vecteurs et hôtes, au risque de transmission. Thèse de doctorat. Université Paris X. IRD. 329 p.

Herbreteau V. et al., 2007. Thirty years of use and improvement of remote sensing, applied to epidemiology: From early promises to lasting frustration. *Health & Place*, vol. 13 : 400-403

Hirsch A., 1860. *Handbuch der historisch-geographischen Pathologie*. Vol 1. Erlangen. 481 p.

Hulse-Post D.J. et al., 2005. Role of domestic ducks in the propagation and biological evolution of highly pathogenic H5N1 influenza viruses in Asia. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA (PNAS)*, vol. 102, n° 30 : 10682-10687

IRD, AIT, Mahidol University (Faculty of Science), 2007. Avian influenza in Thailand. <http://www.rsgis.ait.ac.th/~souris/HPAI/index.html>. Consulté le 12/05/2008

ITAVI, 2007. Influenza aviaire : l'essentiel des connaissances sur le sujet. *Techniques et marchés avicoles*, n° hors-série décembre 2005. 56 p.

Jourdain E. et al., 2007a. Bird migration routes and risk for pathogen dispersion into western Mediterranean wetlands. *Emerging Infectious Diseases*, vol. 13 : 365-372

Jourdain E. et al., 2007b. In response to: Ecoregional dominance in spatial distribution of avian influenza (H5N1) outbreaks. *Emerging Infectious Diseases*, vol. 13, n° 8 : 1270-1271

Keawcharoen J. et al., 2008. Wild ducks as long-distance vectors of highly pathogenic avian influenza virus (H5N1). *Emerging Infectious Diseases*, vol. 14, n° 4 : 600-607

Kermel-Torrès D., 2004. *Atlas of Thailand: spatial structures and development*. IRD. Silkworm Books. 209 p.

Kilpatrick A.M. et al., 2006. Predicting the global spread of H5N1 avian influenza. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA (PNAS)*, vol. 103, n° 51 : 19368–19373

Kishida N. et al., 2005. Pathogenicity of H5 influenza viruses for ducks. *Archives of Virology*, vol. 150 : 1383-1392

Knips V., 2004. Review of the livestock sector in the Mekong countries. *Livestock sector report, Cambodia, Lao PDR, Thailand, Vietnam*. AGAL, FAO. 38 p.

Knobler S.L. et al., 2004. The threat of pandemic influenza: are-we ready?. *Workshop summary*. 432 p.

Kou Z. et al., 2005. New genotype of avian influenza H5N1 viruses isolated from tree sparrows in China. *Journal of Virology*, vol. 79, n° 24 :15460-15466

Kualakdina A., Narain P., 2005. Avian influenza: responding to the pandemic threat. *Communicable diseases*. WHO. *Regional Health Forum*, vol. 9, n° 2 : 9-20

Kuiken T. et al., 2004. Avian H5N1 influenza in cats. *Science*, vol. 306 : 241-242

Kung N.Y. et al., 2003. The impact of a monthly rest day on avian influenza virus isolation rates in retail live poultry markets in Hong Kong. *Avian Diseases*, vol. 47 : 1037-1041

Lablanche P., Villain C., 2007. La peur des poulets : Les vrais enjeux de la grippe aviaire. *Ramsay Document*. 294 p.

Lee Y-J. et al., 2008. Highly pathogenic avian influenza virus (H5N1) in domestic poultry and relationship with migratory birds, South Korea. *Emerging Infectious Diseases*, vol. 14, n° 3 : 487-490

Li K.S. et al., 2003. Characterization of H9 subtype influenza viruses from the ducks of southern China: a candidate for the next influenza pandemic in humans?. *Journal of Virology*, vol. 77 : 6988-6994

Li K.S. et al., 2004. Genesis of a dominant highly pathogenic, potentially pandemic H5N1 influenza virus in Eastern Asia. *Nature*, vol. 430 : 209-213

Liu J. et al., 2004. Interregional transmission of the internal protein genes of H2 influenza virus in migratory ducks from North America to Eurasia. *Virus Genes*, vol. 29 : 81-86

Liu J. et al., 2005. Highly pathogenic H5N1 virus infection in migratory birds. *Science*, vol. 309, n° 5738 : 1206

Lvov D.K. et al., 2006. Isolation of influenza A/H5N1 virus strains from poultry and wild birds in west Siberia during epizooty (July 2005) and their depositing to the state collection of viruses (August 2005). *Vopr. Virusol.*, vol. 51 : 11-14

Makarova N.V., 1999. Transmission of Eurasian avian H2 influenza virus to shorebirds in North America. *Journal of General Virology*, vol. 80 : 3167-3171

Mannelli A. et al., 2006. Analysis of the 1999-2000 highly pathogenic avian influenza (H7N1) epidemic in the main poultry-production area in northern Italy. *Preventive Veterinary Medicine*, vol. 73 : 273-285

Martin V. et al., 2006a. Epidemiology and ecology of highly pathogenic avian influenza with particular emphasis on South East Asia. *OIE/FAO international scientific conference on avian influenza*. *Dev Biol (Basel)*. Karger, vol. 124 : 23-36

Martin V. et al., 2006b. Preparing for highly pathogenic avian influenza. *Manuel*. FAO. 62 p.

Melville D.S., Shortridge K.F., 2004. Influenza: time to come to grips with the avian dimension. Reflection & reaction. *The Lancet Infectious Diseases*, vol. 4 : 261-262

Molle F., Srijantr T., 2003. Thailand's rice bowl. Perspectives on agricultural and social change in the Chao Phraya Delta. *White Lotus, Studies in Contemporary Thailand* n° 12. 450 p.

Morgan A., 2006. Avian influenza: an agricultural perspective. *Journal of Infectious Diseases*, vol. 194 : s139-s146

Morris R.S., Jackson R., 2005. Epidemiology of H5N1 avian influenza in Asia and implications for regional control. A contracted report for the Food and Agriculture Organization of the United Nations covering the period January 2003 to February 11, 2005. EpiCentre, Massey University (New Zealand), FAO. 49 p.

Morse S.S., 1995. Factors in the emergence of infectious diseases. *Emerging Infectious Diseases*, vol. 1, n° 1 : 7-15

Morse S.S., 2004. Factors and determinants of disease emergence. *Revue scientifique et technique de l'Office international des épizooties*, vol. 23, n° 2 : 443-451

Mulatti P. et al., 2007. Spatial analysis of the 1999-2000 highly pathogenic avian influenza (H7N1) epidemic in Northern Italy. *Avian Diseases*, vol. 51 : 421-424

Munster V.J. et al., 2007. Spatial, temporal, and species variation in prevalence of influenza A viruses in wild migratory birds. *PLoS Pathogens*, vol. 3, issue 5, n° e61 : 630-638

NESDB, 2005. Thai economic performance in fourth quarter of 2003 and economic outlook for 2004: macro economic outlook on agricultural sector.

Nguyen D.C. et al., 2005. Isolation and characterization of avian influenza viruses, including highly pathogenic H5N1, from poultry in live bird markets in Hanoi, Vietnam, in 2001. *Journal of Virology*, vol. 79, n° 7 : 4201-4212

Nicolle C., 1930. Naissance, vie et mort des maladies infectieuses, Félix Alcan. 222 p.

Nicolle C., 1933. Destin des maladies infectieuses. Félix Alcan. 301 p.

OIE, 2002. Influenza aviaire hautement pathogène (peste aviaire). [http://www.oie.int/print.php?p=http://www.oie.int/fr/maladies/fiches/f\\_A150.htm](http://www.oie.int/print.php?p=http://www.oie.int/fr/maladies/fiches/f_A150.htm). Consulté le 19/02/2008

OIE, 2005. Mission to Russia to assess the avian influenza situation in wildlife and the national measures being taken to minimize the risk of international spread.

OIE, 2007. Code sanitaire pour les animaux terrestres. Disponible en ligne : [http://www.oie.int/fr/normes/fr\\_mcode.htm?e1d10](http://www.oie.int/fr/normes/fr_mcode.htm?e1d10)

OIE, FAO, 2007. The global strategy for prevention and control of H5N1 highly pathogenic avian influenza. 39 p.

Olsen B. et al., Global patterns of influenza A virus in wild birds. *Science*, vol. 312 : 384-388

Olsen S.J. et al., 2005. Poultry-handling practices during avian influenza outbreak, Thailand. *Emerging Infectious Diseases*, vol. 11, n° 10 :1601-1603

Otte J. et al., 2006. Evidence-based policy for controlling HPAI in poultry: biosecurity revisited. PPLPI research report. FAO.

Oyana T.J. et al., 2006. Spatiotemporal distributions of reported cases of the avian influenza H5N1 (bird flu) in Southern China in early 2004. *Avian Diseases*, vol. 50 : 508-515

Pantin-Jackwood M.J., Swayne D.E., 2007. Pathobiology of Asian highly pathogenic avian influenza H5N1 virus infections in ducks. *Avian Diseases*, vol. 51 : 250-259

Paul M., 2007. Approche géographique de la grippe aviaire à H5N1 : études et pistes de recherche pour une étude des processus spatiaux d'émergence et diffusion de l'influenza à H5N1 au sein des élevages de volailles en Thaïlande. Mémoire de Master 2, Université Paris X, IRD Bangkok. 84 p.

Permin A., Detmer A., 2007. Improvement of management and biosecurity practices in smallholder poultry producers. General concept. DHI, Centre for Environment and Toxicology (Denmark), FAO. 55 p.

Pfeiffer D.U. et al., 2007. An analysis of the spatial and temporal patterns of highly pathogenic avian influenza occurrence in Vietnam using national surveillance data. *The Veterinary Journal*, vol. 174 : 302-309

Picheral H., 1996. Mots et concepts de la géographie de la santé. *GEOS*. 39 p.

Picheral H., 2001. Dictionnaire raisonné de géographie de la santé. Université Paul Valéry, Montpellier. 308 p.

Poapongsakorn N., 2004. Dynamics of South East Asian livestock markets and their sanitary and technical standards. Paper presented to the FAO Expert Consultation on "Dynamics of Sanitary and Technical Requirements in Domestic Livestock Markets: Assisting the Poor to Cope". FAO.

Rican S., 1998. La cartographie des données épidémiologiques. Les principales méthodes de discrétisation et leur importance dans la représentation cartographique. *Cahiers d'études et de recherches francophones / Santé*, vol. 8, n° 6 : 461-470

Rimmelzwaan G.F. et al., 2006. Influenza A virus (H5N1) infection in cats causes systemic disease with potential novel routes of virus spread within and between hosts. *American Journal of Pathology*, vol. 168 : 176-183

Rose K. et al., 2007. Surveillance de la grippe aviaire hautement pathogène chez les oiseaux sauvages. Prélèvement d'échantillons sur des oiseaux sains, malades et morts. Manuel. FAO, Wildlife Conservation Society, Zoologic Parks Board of New South Wales. 54 p.

Roudier-Daval C., 2003. Les SIG appliqués à la santé : l'exemple des maladies parasitaires à Mbandjock (Cameroun). Thèse de doctorat, vol. 1. Université Paris X. 392 p.

Rushton J. et al., 2006. Impact of avian influenza outbreaks in the poultry sectors of five South East Asian countries (Cambodia, Indonesia, Lao PDR, Thailand, Viet Nam) - outbreak costs, responses and potential long term control. CEVEP (Bolivia), FAO. 25 p.

Salem G., 1995. Géographie de la santé, santé de la géographie. *Espace, Populations, Sociétés*, n° 1 : 25-30

Salem G., 1998a. Espace, santé et territoire en zone intertropicale. *Cahiers d'études et de recherches francophones / Santé*, vol. 8, n° 6 : 419-420

- Salem G., 1998b. La santé dans la ville. Géographie d'un petit espace dense : Pikine (Sénégal). Karthala-Orstom. 360 p.
- Saluzzo J-F., Lacroix-Gerdil C., 2005. Grippe aviaire – Sommes-nous prêts ?. Collection Regards. Belin, Pour la Science. 202 p.
- Scholtissek C., Naylor E., 1988. Fish farming and influenza pandemics. *Nature*, vol. 331 : 215
- Sengupta R. et al., 2007. Ecoregional dominance in spatial distribution of avian influenza (H5N1) outbreaks. *Emerging Infectious Diseases*, vol. 13, n° 8 : 1269-1270
- Seo S.H., Webster R.G., 2001. Cross-reactive, cell-mediated immunity and protection of chickens from lethal H5N1 influenza virus infection in Hong Kong poultry markets. *Journal of Virology*, vol. 75 : 2516-2525
- Sims L.D., 2007. Lessons learned from Asian H5N1 outbreak control. *Avian Diseases*, vol. 51 : 174-181
- Sims L.D. et al., 2005. Origin and evolution of highly pathogenic H5N1 avian influenza in Asia. *Veterinary Record*, vol. 157 : 159-164
- Sirimongkolkasem A., 2003. Poultry industry in Thailand. Abstracts of the 28<sup>th</sup> annual conference of the Thai Veterinary Medical Association, Bangkok, Thailand, October 9-11, 2002.
- Songserm T. et al., 2005a. Clinical, gross-histopathologic and immunohistochemical finding of grazing ducks affected with HPAI H5N1 in Thailand. Abstracts of the OIE/FAO international conference on avian influenza, Paris, April 7-8, 2005.
- Songserm T. et al., 2005b. Survival and stability of HPAI H5N1 in different environments and susceptibility to disinfectants. Abstracts of the OIE/FAO international conference on avian influenza, Paris, April 7-8, 2005.
- Songserm T. et al., 2006a. Avian influenza H5N1 in naturally infected domestic cat. *Emerging Infectious Diseases*, vol. 12, n° 4 : 681-683
- Songserm T. et al., 2006b. Domestic ducks and H5N1 influenza epidemic, Thailand. *Emerging Infectious Diseases*, vol. 12, n° 4 : 575-581
- Souris M. et al., 2008. Highlighting multiple emergences of H5N1 highly pathogenic avian influenza using spatio-temporal analysis. Soumis au PLoS Computational Biology. 18 p.
- Stallknecht D.E. et al., 1990. Persistence of avian influenza in water. *Avian Diseases*, vol. 34 : 406-411
- Swayne D.E., Pantin-Jackwood M., 2006. Pathogenicity of avian influenza viruses in poultry. OIE/FAO international scientific conference on avian influenza. *Dev Biol (Basel)*. Karger, vol. 124 : 61-67
- Smith G.J.D. et al., 2006. Emergence and predominance of an H5N1 influenza variant in China. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA (PNAS)*, vol. 103, n° 45 : 16936–16941
- Sturm-Ramirez K.M. et al., 2004. Reemerging H5N1 influenza viruses in Hong Kong in 2002 are highly pathogenic to ducks. *Journal of Virology*, vol. 78 : 4892-4901
- Sturm-Ramirez K.M. et al., 2005. Are ducks contributing to the endemicity of highly pathogenic H5N1 influenza virus in Asia?. *Journal of Virology*, vol. 79, n° 17 : 11269-11279

Thiry E. et al., 2007. Highly pathogenic avian influenza H5N1 virus in cats and other carnivores. *Veterinary Microbiology*, vol. 122 : 25-31

Thomas M.E. et al., 2005. Risk factors for the introduction of high pathogenicity avian influenza virus into poultry farms during the epidemic in the Netherlands in 2003. *Preventive Veterinary Medicine*, vol. 69 : 1-11

Tiensin T. et al., 2005. Highly pathogenic avian influenza H5N1, Thailand, 2004. *Emerging Infectious Diseases*, vol. 11, n° 11 : 1664-1672

Tiensin T. et al., 2006. Descriptive analysis of the avian influenza virus (H5N1) epidemic in Thailand in 2004. OIE/FAO international scientific conference on avian influenza. *Dev Biol (Basel)*. Karger, vol. 124 : 232-233

Tiensin T. et al., 2007. Geographic and temporal distribution of highly pathogenic avian influenza A virus (H5N1) in Thailand, 2004-2005: an overview. *Avian Diseases*, vol. 51 : 182-188

Toma B. et al., 1991. *Glossaire d'épidémiologie animale*. Ecole Nationale Vétérinaire de Maisons-Alfort. Le Point Vétérinaire. 365 p.

Toma B., Thiry E., 2003. Qu'est ce qu'une maladie émergente ?. *Epidémiologie et Santé Animale*, vol. 44 : 1-11

Trébuil G., 2005. Riz et culture en Thaïlande. Animation sur le thème Asie, continent riz, Montpellier, France, 20 janvier 2005. CIRAD. 6 p.

Trock S.C. et al., 2003. Low-pathogenicity avian influenza virus in live bird markets – What about the livestock area?. *Avian Diseases*, vol. 47 :1111-1113

Tumpey T.M. et al., 2003. Evaluation of a high-pathogenicity H5N1 avian influenza A virus isolated from duck meat. *Avian Diseases*, vol. 47, n° 3 suppl. : 951-955

Wallace R.G. et al., 2007. A statistical phylogeography of influenza A H5N1. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA (PNAS)*, vol. 104, n° 11 : 4473–4478

Webster R.G. et al., 1978. Intestinal influenza: replication and characterization of influenza viruses in ducks. *Virology*, vol. 84 : 268-276

Whitworth D. et al., 2007. Wild birds and avian influenza. An introduction to applied field research and disease sampling techniques. Manuel. FAO. 113 p.

WHO, 2006a. Avian influenza (“bird flu”) – Fact sheet.  
[http://www.who.int/mediacentre/factsheets/avian\\_influenza/en/print.html](http://www.who.int/mediacentre/factsheets/avian_influenza/en/print.html). Consulté le 19/02/2008

WHO, 2006b. Public health interventions for prevention and control of avian influenza. A manual for improving biosecurity in the food supply chain: focusing on live animal markets. Regional office for South-East Asia. 38 p.

Yamamoto Y. et al., 2008. Avian influenza virus (H5N1) replication in feathers of domestic waterfowl. *Emerging Infectious Diseases*, vol. 14 :149-51

Yoon H. et al., 2005. Virus spread pattern within infected chicken farms using regression model: the 2003-2004 HPAI epidemic in the Republic of Korea. *Journal of Veterinary Medicine Series B - Infectious Diseases and Veterinary Public Health*, vol. 52, n° 10 : 428-431

## **ANNEXES**

**Annexe 1 : Espèces d'oiseaux domestiques et sauvages chez qui le virus H5N1 a été détecté**

Source: Whitworth D. et al., 2007

## **Annexe 2 : Emergence et propagation du virus H5N1 dans le monde : chronologie depuis 2003, et événements marquants, depuis 1996 jusqu'à 2007**

### **Chronologie du virus depuis 2003**

- Avril 2008 :** La **Corée (Rép de)** signale un foyer de H5N1, le premier depuis juin 2007  
Le **Vietnam** notifie 11 nouveaux foyers à virus H5N1  
Au total, **61** pays ont rapporté des foyers de H5N1 (**48** chez des volailles domestiques).
- Mars 2008 :** La **Suisse** notifie un foyer chez des oiseaux sauvages, ceci est la première apparition de la maladie depuis 2006  
L'**Inde** notifie trois nouveaux foyers à virus H5N1  
La **Turquie** signale un foyer à virus H5N1 chez des volailles domestiques  
La **Chine** notifie un nouveau foyer. Le **Bangladesh** rapporte 65 foyers pour les mois de janvier et de février.  
Le **Vietnam** rapporte un foyer à virus H5N1 chez une nouvelle espèce hôte (civettes)  
Le **Vietnam** notifie 13 nouveaux foyers chez des volailles domestiques  
Le **Pakistan** notifie un nouveau foyer chez des volailles domestiques
- Février 2008 :** Le **Pakistan** notifie trois nouveaux foyers chez des volailles domestiques  
La **Chine** notifie la présence de H5N1 au Tibet  
L'**Arabie Saoudite** rapporte des nouveaux cas de H5N1  
La **Turquie** le **Laos** notifient de nouveaux foyers à virus H5N1 chez des volailles domestiques  
**Hong Kong**, la **Bulgarie**, le **Royaume Uni**, et l'**Ukraine** signalent tous l'apparition de foyers à virus H5N1 chez des oiseaux sauvages  
L'**Inde** confirme 31 nouveaux foyers dans la région occidentale du Bengale  
Dans un deuxième rapport de suivi ce mois, le **Vietnam** notifie 12 nouveaux foyers chez des volailles domestiques
- Janvier 2008 :** La **Chine** notifie la présence de H5N1 chez des volailles domestiques  
La **Thaïlande** notifie un foyer à virus H5  
L'**Allemagne** notifie deux nouveaux foyers dans le Brandebourg  
La **Turquie** et l'**Ukraine** confirment des nouveaux foyers chez des volailles domestiques  
L'**Egypte** soumet un rapport de suivi qui signale de nouveaux foyers chez des volailles domestiques  
L'**Iran** notifie un foyer chez des volailles domestiques  
L'**Inde** confirme un foyer dans la région occidentale du Bengale  
Le **Royaume Uni** notifie un foyer chez la faune sauvage  
**Israël** et le **Vietnam** rapportent des foyers chez des volailles domestiques
- Décembre 2007 :** La **Roumanie** soumet un rapport final le 27 décembre 2007 où elle indique que tous les foyers sont résolus  
L'**Allemagne** confirme un nouveau foyer. Les derniers étaient apparus en septembre 2007.  
Le **Bénin** confirme la présence de H5N1 et de trois foyers de la maladie  
Le **Bangladesh**, l'**Allemagne**, le **Myanmar**, le **Pakistan**, la **Russie** et l'**Arabie Saoudite** notifient de nouveaux foyers chez des volailles domestiques  
La **Pologne** notifie un foyer chez des oiseaux sauvages
- Novembre 2007 :** La **Roumanie** confirme l'apparition d'un foyer. Ceci est le premier foyer depuis que le pays s'était auto-déclaré indemne de la maladie.  
Le **Soudan** s'auto-déclare indemne de H5N1  
Le **Myanmar** notifie un nouveau foyer alors que le **Pakistan** en confirme deux  
L' **Arabie Saoudite** notifie 4 foyers

- Le **Royaume-Uni** et le **Vietnam** rapportent plus de foyers  
L'**Inde** s'auto-déclare indemne de H5N1
- Octobre 2007 :** Le **Vietnam** notifie cinq nouveaux foyers  
Après avoir notifié la résolution de tous ses foyers, le **Myanmar** rapporte l'apparition d'un nouveau foyer  
Le **Myanmar** notifie avoir résolu tous les foyers de H5N1  
Le **Vietnam** notifie un nouveau foyer  
Le **Royaume-Uni** s'auto-déclare indemne d'influenza aviaire hautement pathogène H5N1
- Septembre 2007 :** La **Malaisie** s'auto-déclare indemne d'influenza aviaire hautement pathogène H5N1  
La **Russie**, la **Chine** et l'**Allemagne** notifient de nouveaux foyers de H5N1 chez des volailles d'élevage  
Le **Ghana** indique avoir résolu tous ses foyers de H5N1 dans un rapport final
- Août 2007 :** Le **Myanmar** et le **Pakistan** notifient de nouveaux foyers de H5N1 dans des élevages de volailles  
La **France** confirme l'apparition de foyers de H5N1 chez des oiseaux sauvages  
L'**Allemagne** rapporte son second foyer de H5N1 chez des volailles domestiques en 2007
- Juillet 2007 :** La **France** confirme un foyer de H5N1 chez des oiseaux sauvages ainsi que la mort de trois cygnes  
L'**Allemagne** confirme un foyer de H5N1 chez des volailles domestiques. Le **Bangladesh**, le **Vietnam**, la **République tchèque**, le **Togo** et le **Myanmar** déclarent de nouveaux foyers.  
L'**Allemagne** et la **France** confirment de nouveaux foyers de H5N1 chez des oiseaux sauvages  
Le **Koweït** s'auto-déclare indemne d'influenza aviaire hautement pathogène  
L'**Inde** devient le 25<sup>ème</sup> pays à déclarer le virus H5N1 chez des volailles d'élevage en 2007
- Juin 2007 :** Le **Ghana** , le **Vietnam** et le **Myanmar** confirment de nouveaux foyers de H5N1 chez des volailles d'élevage  
La **Malaisie** signale une récurrence de H5N1 chez des volailles d'élevage, la première depuis mars 2006. Elle devient le 20<sup>ème</sup> pays à notifier ce virus en 2007.  
La **République tchèque** rapporte un foyer de H5N1 dans un élevage de volailles de la région de Pardubicky. Il s'agit de la première apparition de la maladie depuis les foyers signalés chez des oiseaux sauvages en mai 2006.  
Le **Togo** rapporte un premier épisode à Sigbehoue  
L'**Allemagne** signale la mort de six oiseaux sauvages en Bavière. Il s'agit du premier foyer de la maladie depuis son apparition, également chez des oiseaux sauvages, en août 2006. Dans un rapport de suivi, 3 autres cas mortels ont été signalés chez des oiseaux sauvages. Au total, **60** pays ont rapporté des foyers de H5N1 (**44** chez des volailles domestiques).
- Mai 2007 :** Le **Ghana** rapporte son premier foyer, puis des épisodes ultérieurs de H5N1 chez des volailles domestiques. Le **Japon** fait état de sa première observation officielle de H5N1 chez des oiseaux sauvages. Au total, **59** pays ont rapporté des foyers de H5N1 (**42** chez des volailles domestiques).  
Le **Vietnam** , la **Chine** , le **Pakistan** et le **Bangladesh** déclarent de nouveaux foyers  
Début mai, le **Koweït** signale 3 nouveaux épisodes de H5N1 chez des volailles d'élevage. Un rapport final soumis fin mai indique que tous les foyers ont été résolus avec succès.  
L'**Arabie Saoudite** et la **Turquie** s'auto-déclarent indemnes d'influenza aviaire hautement pathogène
- Avril 2007 :** L'**Arabie Saoudite** déclare un premier foyer de H5N1 chez des volailles d'élevage. Dans un rapport ultérieur soumis en mai 2007, les oiseaux ont été identifiés

- comme appartenant à une collection privée et ne répondant pas à la définition de volaille d'élevage. Au total, **58** pays ont rapporté des foyers de H5N1 (**41** chez des volailles domestiques).
- Mars 2007 :** Le **Bangladesh**, le **Myanmar**, le **Pakistan**, le **Vietnam** et le **Cambodge** notifient de nouveaux foyers de H5N1 dans des élevages de volailles
- Le **Bangladesh** devient le 57<sup>ème</sup> pays à rapporter son premier foyer de H5N1, confirmant un foyer chez des volailles d'élevage. Au total, **57** pays ont à présent rapporté des foyers de H5N1 (**41** chez des volailles domestiques).
- Le **Pakistan** déclare son premier foyer chez des oiseaux sauvages ainsi que des foyers ultérieurs chez des volailles domestiques. La **Turquie**, la **Chine**, le **Myanmar**, la **République de Corée**, le **Koweït**, l'**Afghanistan**, le **Laos**, la **Russie**, la **Thaïlande** et le **Vietnam** notifient de nouveaux foyers de H5N1 chez des volailles domestiques.
- La **Côte d'Ivoire** soumet un rapport final indiquant que tous les foyers de H5N1 ont été résolus
- Février 2007 :** Le **Royaume-Uni** et le **Koweït** rapportent leurs premières observations de H5N1 chez des volailles domestiques après avoir déjà signalé des foyers chez des oiseaux sauvages. Leur dernier rapport remonte à janvier 2006. Au total, **56** pays ont à présent notifié des foyers de H5N1 (**40** chez des volailles domestiques).
- Le **Pakistan**, le **Japon**, la **Russie**, la **Turquie**, la **Hongrie**, la **République de Corée**, le **Laos**, l'**Afghanistan**, le **Vietnam** et le **Myanmar** notifient de nouveaux foyers de H5N1 chez des volailles domestiques
- Djibouti** signale l'élimination totale de la maladie
- Janvier 2007 :** **Hong Kong** signale une autre observation due au virus H5N1 chez des oiseaux sauvages ; le dernier rapport avait été reçu en janvier 2006. Dans son premier rapport adressé depuis mars 2004, le **Japon** rapporte de nouveaux foyers de H5N1 chez des volailles d'élevage. La **Hongrie** déclare un nouveau foyer chez des volailles domestiques; il s'agit du premier depuis juin 2006.
- Le **Vietnam**, la **République de Corée** et la **Thaïlande** notifient de nouveaux foyers de H5N1 chez des volailles domestiques
- Décembre 2006 :** Le **Pakistan** et le **Vietnam** déclarent de nouveaux foyers de H5N1 chez des volailles domestiques
- Récapitulatif de fin d'année : **56** pays ont à présent rapporté des foyers de H5N1 (**38** chez des volailles domestiques)
- Novembre 2006 :** La **République de Corée** déclare un nouveau foyer de H5N1 chez des volailles d'élevage ; il s'agit du premier depuis mars 2004.
- Octobre 2006 :** Le **Soudan** et la **Chine** déclarent de nouveaux foyers de H5N1 chez des volailles d'élevage
- L'**Albanie** et la **Roumanie** s'auto-déclarent indemnes d'influenza aviaire hautement pathogène
- Septembre 2006 :** Le **Cambodge** et le **Vietnam** déclarent de nouveaux foyers de H5N1 chez des volailles d'élevage
- L'**Indonésie** soumet un rapport faisant état de nouveaux foyers chez des volailles d'élevage. La maladie est à présent qualifiée d'endémique.
- L'**Ukraine** soumet un rapport final indiquant que tous les foyers ont été résolus avec succès
- Août 2006 :** Le **Laos** signale son premier foyer de H5N1 chez des volailles d'élevage, ce qui porte à **56** le nombre total de pays ayant notifié des foyers de H5N1 (**38** dans des élevages de volailles). Le Laos avait déclaré un foyer à virus H5 en 2004 mais le H5N1 n'avait jamais été confirmé.
- La **Thaïlande**, la **Chine**, le **Cambodge**, l'**Indonésie** et le **Vietnam** continuent de faire état du virus H5N1 chez des volailles d'élevage. L'**Allemagne** signale un nouveau foyer chez des oiseaux sauvages.
- Le **Danemark** et l'**Inde** s'auto-déclarent indemnes d'influenza aviaire hautement pathogène
- Juillet 2006 :** L'**Espagne** rapporte son premier foyer de H5N1 chez des oiseaux sauvages. Au total, **55** pays ont rapporté des foyers de H5N1 (**37** chez des volailles

- domestiques).
- La **Thaïlande** déclare un nouveau foyer de H5N1 chez des volailles d'élevage, le premier depuis le rapport final soumis en mars 2006. La **Chine**, le **Pakistan**, le **Soudan** et la **Côte d'Ivoire** rapportent de nouvelles observations de H5N1 chez des volailles d'élevage.
- La **Mongolie** signale un nouveau foyer de H5N1 chez des oiseaux sauvages
- L'Allemagne, Israël** et les **Territoires autonomes palestiniens** s'auto-déclarent indemnes d'influenza aviaire hautement pathogène
- Juin 2006 :** La **Hongrie** rapporte son premier foyer, puis des épisodes ultérieurs de H5N1 chez des volailles d'élevage. Au total, **54** pays ont à présent rapporté des foyers de H5N1 (**37** chez des volailles d'élevage).
- La **Chine** rapporte de nouveaux foyers de H5N1, à la fois chez des volailles d'élevage et chez des oiseaux sauvages
- La **Roumanie, l'Inde, le Niger et l'Ukraine** font également état de nouvelles observations de H5N1 chez des volailles d'élevage
- La **France** et la **Malaisie** s'auto-déclarent indemnes d'influenza aviaire hautement pathogène
- Mai 2006 :** Le **Danemark** et **Djibouti** déclarent leurs premiers foyers de H5N1 chez des volailles d'élevage. Au total, **54** pays ont à présent rapporté des foyers de H5N1 (**36** chez des volailles d'élevage).
- Le **Danemark, la Pologne, l'Allemagne, la Chine, la République tchèque** et la **Mongolie** font état de nouvelles observations de H5N1 chez des oiseaux sauvages
- Le **Soudan, la Côte d'Ivoire, la Roumanie** et le **Burkina Faso** rapportent de nouveaux foyers de H5N1 chez des volailles d'élevage
- La **Hongrie** s'auto-déclare indemne d'influenza aviaire hautement pathogène
- Avril 2006 :** Le **Burkina Faso, l'Allemagne, les Territoires autonomes palestiniens, le Soudan** et la **Côte d'Ivoire** notifient leurs premiers foyers de H5N1 chez des volailles d'élevage
- La **Côte d'Ivoire** et le **Royaume-Uni** déclarent leurs foyers initiaux de H5N1 chez des oiseaux sauvages
- Au total, **53** pays ont à présent rapporté des foyers de H5N1 (**34** chez des volailles d'élevage)
- La **Slovénie, la Suisse, la Pologne, le Danemark, la République tchèque, la Croatie, l'Allemagne, la Chine** et la **France** font état de nouvelles observations de H5N1 chez des oiseaux sauvages
- Israël, la Turquie, le Cambodge, l'Indonésie** et le **Myanmar** rapportent de nouveaux foyers de H5N1 chez des volailles d'élevage
- Le **Nigeria** adresse un rapport faisant état de nouveaux foyers chez des volailles d'élevage. La maladie est à présent endémique.
- L'Azerbaïdjan** et la **Serbie-et-Montenegro** adressent des rapports finaux indiquant la résolution des foyers
- Mars 2006 :** **9** pays signalent un foyer initial chez des oiseaux sauvages : **Serbie-et-Montenegro, Pologne, Ukraine, Danemark, Nigeria, Suède, Kazakhstan, Géorgie, République tchèque**
- 9** pays font état de foyers initiaux de H5N1 chez des volailles d'élevage : **Pakistan, Albanie, Cameroun, Myanmar, Serbie-et-Montenegro, Suède, Israël, Afghanistan, Jordanie**. Au total, **48** pays ont à présent rapporté des foyers de H5N1 (**29** chez des volailles d'élevage).
- De nouveaux foyers de H5N1 sont enregistrés chez des oiseaux sauvages dans les pays suivants : **Italie, France, Slovénie, Roumanie, Allemagne, Pologne, Croatie, Serbie-et-Montenegro, Suisse, Danemark, Grèce**. Les pays suivants signalent de nouveaux foyers chez des volailles d'élevage : **Turquie, Nigeria, Roumanie, Albanie, Inde, Ukraine, Myanmar, Israël, Malaisie**.
- L'Égypte** adresse un rapport faisant état de nouveaux foyers chez des volailles d'élevage. La maladie est qualifiée d'endémique.

- La **Thaïlande** soumet un rapport final indiquant que la maladie a été éliminée avec succès
- Février 2006 :** **14** pays déclarent un foyer initial chez des oiseaux sauvages : **Bulgarie, Slovénie, Grèce, Italie, Azerbaïdjan, Iran, Allemagne, Égypte, Autriche, Bosnie-Herzégovine, France, Slovaquie, Suisse, Hongrie**
- Des premiers foyers de H5N1 chez les volailles d'élevage ont été enregistrés dans 7 pays : **Irak, Nigeria, Égypte, Inde, France, Azerbaïdjan, Niger**. Au total, **34** pays ont à présent rapporté des foyers de H5N1 (**20** chez des volailles d'élevage).
- De nouveaux foyers de H5N1 sont enregistrés chez des oiseaux sauvages dans les pays suivants : **Turquie, Grèce, Russie, Croatie, Italie, Roumanie, France, Slovénie**. Les pays suivants ont rapporté de nouveaux foyers chez des volailles d'élevage courant février : **Turquie, Ukraine, Chine, Irak, Roumanie, Nigeria, Malaisie**.
- Janvier 2006 :** La **Turquie** déclare un foyer initial puis des épisodes ultérieurs de H5N1 chez des oiseaux sauvages ainsi que d'autres foyers chez des volailles d'élevage. La **Roumanie** et l'**Ukraine** signalent de nouveaux foyers chez des volailles d'élevage. La **Chine, l'Indonésie** et le **Vietnam** notifient de nouveaux foyers de H5N1 chez des volailles d'élevage
- La **Croatie** et **Hong Kong** signalent un autre épisode dû au virus H5N1 chez des oiseaux sauvages
- Décembre 2005 :** La **Chine, la Roumanie, la Turquie** et la **Russie** continuent de signaler des foyers de H5N1 chez des volailles d'élevage. La **Russie**, de même que la **Croatie**, rapportent également de nouveaux foyers chez des oiseaux sauvages.
- L'**Ukraine** rapporte son premier foyer de H5N1, suivi d'épisodes ultérieurs, chez des volailles d'élevage (30 foyers au total)
- Récapitulatif de fin d'année : Au total, **17** pays ont à présent rapporté des foyers de H5N1 (**13** chez des volailles d'élevage).
- Novembre 2005 :** La **Roumanie** et la **Chine** signalent régulièrement des foyers, aussi bien chez des volailles d'élevage que chez des oiseaux sauvages. La **Thaïlande** et le **Vietnam** continuent de déclarer de nouveaux foyers chez des volailles d'élevage.
- Le **Koweït** rapporte son premier foyer de H5N1 chez des oiseaux sauvages après avoir décelé des anticorps chez un flamant. Au total, **16** pays ont à présent rapporté des foyers de H5N1 (**12** chez des volailles d'élevage).
- Octobre 2005 :** La **Roumanie** déclare un foyer initial puis d'autres épisodes de H5N1 chez des volailles d'élevage et des oiseaux sauvages. La **Turquie** rapporte son premier foyer chez des volailles d'élevage.
- La **Croatie** signale son premier foyer puis d'autres observations de H5N1 chez des oiseaux sauvages. Au total, **15** pays ont à présent rapporté des foyers de H5N1 (**12** chez des volailles d'élevage).
- La **Russie, la Chine** et la **Thaïlande** déclarent de nouveaux foyers chez des volailles d'élevage.
- Septembre 2005 :** Au cours de ce mois, seule la **Thaïlande** signale des foyers de H5N1 chez des volailles d'élevage.
- Août 2005 :** Le **Kazakhstan** rapporte son premier foyer de H5N1 chez des volailles d'élevage. La **Russie** déclare 50 nouveaux foyers (53 au total).
- La **Mongolie** rapporte son premier foyer de H5N1 chez des oiseaux sauvages. La **Chine** et le **Vietnam** signalent de nouveaux foyers chez des volailles d'élevage. Au total, **12** pays ont à présent déclaré des foyers de H5N1 (**10** chez des volailles d'élevage).
- Juillet 2005 :** Malgré le maintien des mesures de prophylaxie, la **Thaïlande** rapporte de nouveaux foyers.
- La **Russie** est le premier pays européen à faire état du virus H5N1 chez des volailles d'élevage. Au total, **10** pays ont à présent rapporté des foyers de H5N1 (**9** chez des volailles d'élevage).
- Juin 2005 :** La **Chine** signale 2 foyers chez des volailles d'élevage, le premier depuis juillet 2004. L'**Indonésie** et le **Vietnam** enregistrent également de nouveaux foyers chez des volailles d'élevage.

- Mai 2005 :** La **Chine** rapporte son premier foyer de H5N1 chez des oiseaux sauvages dont plusieurs espèces sont touchées à proximité du lac Qinghai.
- Avril 2005 :** Le **Cambodge** signale de nouveaux foyers depuis septembre 2004. La **Thaïlande** et l'**Indonésie** continuent d'adresser des rapports.
- Mars 2005 :** Le virus H5N1 reste localisé au Sud-Est asiatique. La **Thaïlande** et l'**Indonésie** adressent régulièrement des rapports qui décrivent de nouveaux foyers.
- Février 2005 :** La **Thaïlande** enregistre une augmentation du nombre de foyers. Le **Vietnam** compte de nouveaux foyers chez des volailles d'élevage.
- Janvier 2005 :** La **Thaïlande** et le **Vietnam** comptent de nouveaux foyers chez des volailles d'élevage. **Hong Kong** signale une autre observation due au virus H5N1 chez des oiseaux sauvages.
- Décembre 2004 :** **Hong Kong** signale une autre observation due au virus H5N1 chez des oiseaux sauvages. La **Thaïlande** et le **Vietnam** rapportent régulièrement de nouveaux foyers.  
Récapitulatif de fin d'année : **9** pays ont rapporté des foyers de H5N1 (**8** chez des volailles d'élevage)
- Novembre 2004 :** **Hong Kong** fait état d'une nouvelle observation due au virus H5N1 chez des oiseaux sauvages  
De nouveaux foyers de H5N1 sont déclarés chez des volailles d'élevage par la **Thaïlande** (qui totalise à présent 923 foyers), le **Vietnam** (1749 foyers au total) et la **Malaisie** (10 foyers au total)
- Octobre 2004 :** La **Thaïlande** et le **Vietnam** continuent de signaler des foyers. L'**Indonésie** rapporte également de nouveaux foyers ; 15 provinces sont à présent touchées.
- Septembre 2004 :** La **Thaïlande**, la **Malaisie**, le **Cambodge** et le **Vietnam** comptent de nouveaux foyers chez des volailles d'élevage
- Août 2004 :** L'**Indonésie** enregistre de nouveaux foyers et continue d'autoriser la vaccination à titre prophylactique. La **Thaïlande** rapporte également de nouveaux foyers mais maintient l'interdiction de vacciner.  
La **Malaisie** rapporte son premier foyer de H5N1 chez des volailles d'élevage. Le nombre total de foyers s'élève à présent à **9** (**8** chez des volailles d'élevage).
- Juillet 2004 :** Aucun nouveau pays n'a été touché. Les pays suivants rapportent de nouveaux foyers : **Vietnam** (qui totalise à présent 1736 foyers), **Chine** (premier rapport depuis les foyers de février), **Thaïlande** et **Cambodge** (premier rapport depuis mars).
- Juin 2004 :** L'**Indonésie** a rapporté 166 foyers chez des volailles d'élevage
- Mai 2004 :** L'**Indonésie**, le **Vietnam** et la **Thaïlande** continuent de déclarer de nouveaux foyers
- Avril 2004 :** Fin avril, l'**Indonésie** avait rapporté 159 foyers. La **Thaïlande** signale de nouveaux foyers, soit un total de 193 pour ce pays.
- Mars 2004 :** L'**Indonésie**, le **Japon**, la **Thaïlande**, le **Cambodge** et la **République de Corée** signalent de nouveaux foyers chez des volailles d'élevage
- Février 2004 :** L'**Indonésie** déclare ses premiers foyers chez des volailles d'élevage en février 2004  
La **Chine** rapporte son premier épisode, ultérieurement suivi d'autres foyers, chez des volailles d'élevage. Le nombre total de pays touchés par le virus H5N1 s'élève à présent à **8** (**7** chez des volailles d'élevage).  
La **Thaïlande**, la **République de Corée**, le **Japon** et le **Vietnam** enregistrent de nouveaux foyers en février
- Janvier 2004 :** Le **Vietnam** adresse sa première déclaration de foyers de H5N1 chez des volailles. Les déclarations ultérieures portent le nombre total de foyers dans ce pays à 448 pour le seul mois de janvier.  
Le **Cambodge** et le **Japon** rapportent leur premier foyer chez des volailles d'élevage en janvier. **Hong Kong** signale un foyer chez des oiseaux sauvages.  
La **Thaïlande** déclare également son premier épisode en janvier, qui sera suivi de 156 autres foyers. À ce jour, **6** pays ont rapporté des foyers de H5N1 (**5** chez des volailles d'élevage).

Le **Laos** a identifié un foyer de H5N1

**Décembre 2003 :** La **République de Corée** déclare son premier foyer de H5N1 chez des volailles d'élevage, puis un nouveau foyer en décembre de la même année. Ces épisodes sont distincts des foyers apparus à Hong Kong début 2003. Le premier épisode enregistré dans ce pays est considéré comme le tout premier de la série actuelle des foyers de H5N1.

**Janvier 2003 :** **Hong Kong** signale 2 foyers de H5N1 chez des volailles d'élevage et 3 chez des oiseaux sauvages. Ces épisodes sont distincts des foyers de H5N1 apparus ultérieurement en 2003 et n'ont pas été inclus dans les totaux de ce pays.

(d'après l'OIE, mise à jour au 04/04/2008, [http://www.oie.int/fr/info\\_ev/fr\\_AI\\_factoids\\_H5N1\\_Timeline.htm](http://www.oie.int/fr/info_ev/fr_AI_factoids_H5N1_Timeline.htm))

**Émergence et diffusion : évènements marquants, de janvier 1996 à septembre 2007**

Source: Whitworth D. et al., 2007

**Annexe 3 : Extrait du fichier Excel contenant les données épidémiologiques sources**

Num ber	date	day	month	year	Province Name	Province Code	District Name	District Code	Sub- District Name	Sub-District Code	Moo	Poultry type	Total	Sick	Dead	To Kill	Date of result	Lab Result	Situation at Disease area
224	3/7/2547	3	7	2004	พระนครศรีอยุธยา	14	ผักไห่	1408	หน้าโคก	140815	7	Egg Chicken	11327		3000	8327	7/7/2547	+	Quiet Disease
738	6/7/2547	6	7	2004	พิษณุโลก	65	เมืองพิษณุโลก	6501	ท่าโพธิ์	650106	4	Domestic Chicken	8					-	-
738	6/7/2547	6	7	2004	พิษณุโลก	65	เมืองพิษณุโลก	6501	ท่าโพธิ์	650106	4	Farm Duck	78		2			-	-
226	7/7/2547	7	7	2004	ปทุมธานี	13	เมืองปทุมธานี	1301	บางกะดี	130112	1	Egg Chicken	850		120	730	7/7/2547	+	Quiet Disease
228	9/7/2547	9	7	2004	สุโขทัย	64	สวรรคโลก	6407	คลองยาง	640708	5	Egg Chicken	600		23	577	9/7/2547	+	Quiet Disease
229	9/7/2547	9	7	2004	อุดรดิตถ์	53	ลับแล	5308	ชัยชุมพล	530805	6	Egg Chicken	1570		484	1106	9/7/2547	+	Quiet Disease
232	9/7/2547	9	7	2004	สุโขทัย	64	สวรรคโลก	6407	ป่ากุมเกาะ	640712	11	Domestic Chicken	100		20	80	9/7/2547	+	Quiet Disease
233	9/7/2547	9	7	2004	สุโขทัย	64	ศรีสำราญ	6405	คงคู่	640509	2	Domestic Chicken	225		35	190	9/7/2547	+	Quiet Disease
235	9/7/2547	9	7	2004	มุกดาหาร	49	คงคาหลวง	4904	หนองแคน	490404	7	Domestic Chicken	2083			2083	12/7/2547	-	-
240	12/7/2547	12	7	2004	นครสวรรค์	60	โกรกพระ	6002	หาดสูง	600209	6	Farm Chicken	8000			2500	12/7/2547	+	Quiet Disease
237	12/7/2547	12	7	2004	อุดรธานี	41	กุมภวาปี	4104	แซแล	410404	12	Domestic Duck	300		110		14/7/2547	-	-
238	12/7/2547	12	7	2004	อุดรธานี	41	ศรีธาตุ	4109	นาขุง	410906		Domestic Chicken	100		25		14/7/2547	-	-
274	12/7/2547	12	7	2004	ปทุมธานี	13	ลาดหลุมแก้ว	1305	หน้าไม้	130507	11	Domestic Chicken	100		30	70	12/7/2547	+	Quiet Disease
274	12/7/2547	12	7	2004	ปทุมธานี	13	ลาดหลุมแก้ว	1305	หน้าไม้	130507	11	Farm Chicken	5430			4810		+	Quiet Disease
281	12/7/2547	12	7	2004	ปทุมธานี	13	หนองเสือ	1304	บึงกาสาม	130403	9	Farm Chicken	1200			1200	12/7/2547	+	Quiet Disease
384	12/7/2547	12	7	2004	ปทุมธานี	13	ลาดหลุมแก้ว	1305	บ่อเงิน	130506	5	Farm Chicken	10000	0		10000	12/7/2547	+	Quiet Disease
391	12/7/2547	12	7	2004	สุพรรณบุรี	72	ศรีประจันต์	7205	มดแดง	720503	1,2	Egg Duck	4701	0	4701		12/7/2547	+	Quiet Disease
286	12/7/2547	12	7	2004	อ่างทอง	15	สามโก้	1507	โพธิ์ม่วงพันธ์	150704	4	Egg Duck	18400			18400	12/7/2547	+	Quiet Disease
396	13/7/2547	13	7	2004	สุโขทัย	64	สวรรคโลก	6407	คลองยาง	640708	4	Domestic Chicken	1087			1000	13/7/2547	+	Quiet Disease
404	13/7/2547	13	7	2004	สุโขทัย	64	สวรรคโลก	6407	คลองยาง	640708	6	Domestic Chicken	4955			1643	13/7/2547	+	Quiet Disease
408	13/7/2547	13	7	2004	เชิงระย	57	เมืองเชิงระย	5701	คองยาง	570120	7	Domestic Chicken	472		55	417	13/7/2547	+	Quiet Disease
413	13/7/2547	13	7	2004	อ่างทอง	15	วิเศษชัยชาญ	1506	สาวร้องไห้	150604	2	Egg Duck	3500			3500	16/7/2547	+	Quiet Disease

**Annexe 4 : Extrait de la table de données rattachée au fichier SIG vectoriel d'occupation du sol**

LUCODE	DES_EN	LU_FIRST	LU_SECOND	LU_THIRD
A1	Paddy field	A1	na	na
A1/A902	Paddy field/Fish farm	A1	A902	na
A100	Abandoned paddy	A100	na	na
A101	Transplanted paddy field	A101	na	na
A101+A102	Transplanted paddy field+Broadcasted paddy field	A101	A102	na
A101+A200	Transplanted paddy field+Abandoned field	A101	A200	na
A102	Broadcasted paddy field	A102	na	na
A102+A206	Broadcasted paddy field+Tobacco	A102	A206	na
A102-A101	Broadcasted paddy field-Transplanted paddy field	A102	A101	na
A102-A202	Broadcasted paddy field-Corn	A102	A202	na
F100	Disturbed evergreen forest	F100	na	na
F100-A301	Disturbed evergreen forest-Mixed perennial	F100	A301	na
F100-A302	Disturbed evergreen forest-Para rubber	F100	A302	na
M1	Range land	M1	na	na
M101	Grass	M101	na	na
M102	Scrub, Grass and scrub	M102	na	na
M102+A212	Scrub, Grass and scrub+Black bean, Red bean	M102	A212	na
M2	Wetland	M2	na	na
M2-A100	Wetland-Abandoned paddy	M2	A100	na
M301	Mine	M301	na	na
M301-U502	Mine-Factory	M301	U502	na
U1	City, Town, Commercial and Service	U1	na	na
U201	Low land village	U201	na	na
U6	Other urban and built-up land	U6	na	na
U601	Recreation area	U601	na	na
U604	Refugee camp	U604	na	na
W1	Natural water body	W1	na	na
W101	River, Canal	W101	na	na
W102	Lake	W102	na	na
W2	Reservoir(Built up)	W2	na	na

## Annexe 5 : Résultats des tests statistiques cas-témoins (à l'échelle des fermes et des sous-districts), pour l'ensemble des facteurs d'exposition étudiés

Facteur d'exposition : zones humides et surfaces en eau (zones humides au sens strict, plans d'eau et cours d'eau, zones aquacoles)

	Test t: p-value <sup>(1)</sup>	Cas: fermes "émérgentes"					Témoins: autres fermes					
		Nbre de cas	Valeur moy <sup>(2)</sup>	p-value <sup>(3)</sup>	Rang <sup>(4)</sup>	Ecart-type	p-value <sup>(5)</sup>	Nbre de témoins	Valeur moy <sup>(2)</sup>	Ecart-type	Moyenne des écart-types <sup>(6)</sup>	Ecart-type des écart-types <sup>(7)</sup>
Em_7j5km	10,607	922	3,64			7,36		828	3,25			
Em_14j5km	48,677	809	3,45	44,954	2282	6,75	1,584	941	3,46	0,08	6,23	0,25
Em_21j5km	35,478	761	3,52	14,108	565	6,93	0,476	989	3,41	0,11	6,11	0,32
Em_28j5km	36,072	724	3,52	18,337	722	7,03	0,400	1026	3,41	0,12	6,06	0,37
Em_7j10km	23,219	687	3,60	3,501	121	7,48	0,000	1063	3,37	0,13	5,73	0,36
Em_14j10km	41,728	555	3,51	35,784	1410	7,31	0,970	1195	3,44	0,19	6,04	0,54
Em_21j10km	42,184	489	3,51	38,704	1546	7,54	0,540	1261	3,45	0,22	6,00	0,60
Em_28j10km	48,862	446	3,47	48,164	1897	7,70	0,340	1304	3,46	0,23	5,96	0,64
Em_7j20km	13,709	363	3,79	6,200	238	8,26	0,089	1387	3,38	0,27	5,89	0,76
Em_14j20km	18,163	275	3,78	12,213	501	7,95	2,640	1475	3,39	0,34	6,08	0,96
Em_21j20km	9,327	232	3,98	5,204	231	8,44	1,114	1518	3,38	0,37	6,01	1,06
Em_28j20km	10,539	213	3,98	5,799	259	8,64	0,790	1537	3,38	0,38	5,99	1,10
Em_7j30km	0,529	250	4,43	0,027	3	9,50	0,002	1500	3,29	0,33	5,73	0,92
Em_14j30km	4,003	184	4,25	1,759	93	8,95	0,649	1566	3,36	0,42	5,99	1,19
Em_21j30km	4,160	155	4,32	2,013	100	9,49	0,301	1595	3,37	0,46	5,97	1,28
Em_28j30km	1,453	129	4,66	0,565	46	10,26	0,105	1621	3,35	0,51	5,90	1,42
Em_7j40km	1,565	187	4,42	0,425	31	9,57	0,076	1563	3,35	0,41	5,89	1,16
Em_14j40km	3,447	131	4,45	1,718	107	9,98	0,178	1619	3,36	0,51	5,90	1,40
Em_21j40km	0,966	110	4,86	0,374	27	10,81	0,069	1640	3,36	0,56	5,86	1,55
Em_28j40km	0,891	91	5,02	0,308	31	11,48	0,024	1659	3,36	0,61	5,81	1,62
Em_7j60km	9,059	116	4,24	7,006	309	8,96	3,186	1634	3,41	0,56	6,10	1,54
Em_14j60km	3,842	76	4,74	2,855	160	9,19	4,976	1674	3,40	0,71	6,03	1,92
Em_21j60km	42,476	64	3,61	42,162	1528	6,24	47,620	1686	3,45	0,80	6,11	2,14
Em_28j60km	38,929	58	3,69	38,407	1401	6,49	42,372	1692	3,45	0,84	6,06	2,24
Em_7j100km	46,456	74	3,52	45,800	1693	4,93	26,284	1676	3,45	0,74	6,19	1,99
Em_14j100km	47,589	41	3,52	47,786	1708	5,04	36,004	1709	3,46	1,01	5,96	2,58
Em_21j100km	41,024	33	3,21	40,722	2175	3,82	22,358	1717	3,47	1,12	5,93	2,78
Em_28j100km	42,947	26	3,68	42,361	1468	4,05	28,520	1724	3,44	1,25	5,73	2,95
Em_7j300km	43,521	27	3,26	44,080	1986	3,71	24,263	1723	3,44	1,24	5,75	2,92
Em_14j300km	36,917	15	4,02	37,235	1181	4,36	38,081	1735	3,47	1,66	5,44	3,54
Em_21j300km	46,136	13	3,63	45,370	1451	3,73	33,636	1737	3,43	1,77	5,25	3,58
Em_28j300km	36,129	11	2,77	36,010	2281	2,93	27,960	1739	3,46	1,94	5,18	3,86

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) % d'occupation du sol dans un rayon de 5 km autour de la ferme (centroïde du sous-district correspondant) caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

	Test t: p-value <sup>(1)</sup>	Cas: sous-districts "émergents"						Témoins: autres sous-districts				
		Nbre de cas	Valeur moy <sup>(2)</sup>	p-value <sup>(3)</sup>	Rang <sup>(4)</sup>	Ecart-type	p-value <sup>(5)</sup>	Nbre de témoins	Valeur moy <sup>(2)</sup>	Ecart-type	Moyenne des écart-types <sup>(6)</sup>	Ecart-type des écart-types <sup>(7)</sup>
Sous-distr infectés	20,156	814	3,65	16,956	3337	6,99	1,076	6596	3,93	0,29	8,79	0,78
Em_7j5km	28,869	688	3,72	26,963	2883	7,34	5,370	6722	3,91	0,32	8,72	0,86
Em_14j5km	23,476	662	3,66	21,734	3095	7,19	4,382	6748	3,91	0,32	8,71	0,89
Em_21j5km	25,326	652	3,68	24,265	3001	7,24	5,242	6758	3,90	0,32	8,69	0,89
Em_28j5km	24,899	643	3,67	22,778	3076	7,27	5,284	6767	3,92	0,33	8,72	0,89
Em_7j10km	25,777	551	3,66	24,402	3021	7,36	9,622	6859	3,91	0,36	8,65	0,99
Em_14j10km	36,233	479	3,76	35,850	2542	7,75	20,403	6931	3,90	0,39	8,63	1,06
Em_21j10km	35,418	438	3,74	34,179	2586	7,89	25,359	6972	3,90	0,40	8,62	1,10
Em_28j10km	28,592	411	3,66	26,613	2889	7,97	28,483	6999	3,91	0,41	8,60	1,11
Em_7j40km	32,044	180	4,19	31,786	1191	8,95	39,605	7230	3,89	0,64	8,49	1,74
Em_14j40km	21,574	130	4,48	21,505	835	10,01	21,284	7280	3,89	0,75	8,39	2,04
Em_21j40km	10,957	109	4,90	10,997	455	10,85	13,173	7301	3,91	0,81	8,37	2,21
Em_28j40km	10,411	91	5,02	10,069	401	11,48	9,040	7319	3,89	0,89	8,26	2,41
Em_7j60km	30,128	114	4,31	30,469	1165	9,02	38,725	7296	3,90	0,80	8,40	2,15
Em_14j60km	17,810	75	4,81	17,336	665	9,23	34,953	7335	3,88	0,98	8,21	2,64
Em_21j60km	41,750	63	3,67	41,909	2198	6,27	25,441	7347	3,89	1,07	8,13	2,82
Em_28j60km	43,023	58	3,69	41,805	2145	6,49	28,219	7352	3,93	1,13	8,21	2,98
Em_7j100km	35,617	74	3,52	35,413	2454	4,93	10,841	7336	3,90	1,00	8,24	2,68
Em_14j100km	39,065	41	3,52	40,222	2178	5,04	20,778	7369	3,85	1,35	7,84	3,45
Em_21j100km	32,335	33	3,21	31,968	2562	3,82	14,558	7377	3,90	1,49	7,83	3,80
Em_28j100km	45,066	26	3,68	45,131	1938	4,05	19,642	7384	3,89	1,70	7,59	4,14
Em_7j300km	35,077	27	3,26	34,961	2409	3,71	16,732	7383	3,89	1,65	7,57	4,00
Em_14j300km	47,803	15	4,02	48,744	1594	4,36	29,443	7395	3,94	2,30	7,10	5,07
Em_21j300km	45,671	13	3,63	46,506	1751	3,73	27,489	7397	3,84	2,34	6,80	5,12
Em_28j300km	33,267	11	2,77	33,448	2327	2,93	24,231	7399	3,86	2,56	6,66	5,34

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) % d'occupation du sol dans un rayon de 5 km autour du centroïde du sous-district caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

**Facteur d'exposition : zones humides au sens large et surfaces en eau (zones humides et rizicoles, plans d'eau et cours d'eau, zones aquacoles)**

	Test t: p-value <sup>(1)</sup>	Cas: fermes "émergentes"					Témoins: autres fermes					
		Nbre de cas	Valeur moy <sup>(2)</sup>	p-value <sup>(3)</sup>	Rang <sup>(4)</sup>	Ecart-type	p-value <sup>(5)</sup>	Nbre de témoins	Valeur moy <sup>(2)</sup>	Ecart-type	Moyenne des écart-types <sup>(6)</sup>	Ecart-type des écart-types <sup>(7)</sup>
Em_7j5km	8,89E-04	922	64,07			30,67		828	70,09			
Em_14j5km	1,20E-07	809	62,44	0	4001	31,06	0	941	70,77	0,36	27,38	0,30
Em_21j5km	0	761	61,57	0	4001	31,31	0	989	71,05	0,47	27,19	0,39
Em_28j5km	0	724	61,03	0	4001	31,59	0	1026	71,07	0,55	27,05	0,45
Em_7j10km	0	687	60,18	0	4001	32,06	0	1063	71,27	0,60	26,71	0,49
Em_14j10km	0	555	56,58	0	4001	32,81	0	1195	71,72	0,83	26,37	0,68
Em_21j10km	0	489	54,67	0	4001	32,74	0	1261	71,69	0,95	26,55	0,80
Em_28j10km	0	446	54,18	0	4001	33,23	0	1304	71,26	1,04	26,65	0,85
Em_7j40km	0	187	49,97	0	4001	34,61	1,40E-04	1563	68,98	1,94	28,00	1,41
Em_14j40km	0	131	47,63	0	4001	34,71	0,013	1619	68,49	2,37	28,36	1,74
Em_21j40km	0	110	47,34	0	4001	34,83	0,040	1640	68,25	2,63	28,48	1,90
Em_28j40km	1,00E-08	91	47,76	0	4001	35,96	0,022	1659	67,92	2,94	28,63	2,09
Em_7j60km	1,00E-08	116	50,32	0	4001	34,03	0,171	1634	68,04	2,56	28,70	1,82
Em_14j60km	2,07E-03	76	53,44	9,50E-04	4001	32,63	5,956	1674	67,56	3,30	29,03	2,31
Em_21j60km	4,72E-03	64	52,88	2,30E-03	4001	34,27	1,726	1686	67,39	3,56	29,05	2,47
Em_28j60km	4,56E-03	58	52,11	2,04E-03	4001	34,67	1,462	1692	67,47	3,75	28,97	2,61
Em_7j100km	4,63E-04	74	52,15	1,56E-04	4001	33,01	4,270	1676	67,58	3,31	29,00	2,34
Em_14j100km	0,091	41	52,79	0,066	3997	33,29	9,257	1709	67,22	4,49	29,13	3,13
Em_21j100km	1,291	33	55,62	1,115	3948	33,48	10,641	1717	67,19	5,07	29,04	3,56
Em_28j100km	5,653	26	57,84	5,832	3742	33,11	16,393	1724	66,92	5,79	29,06	4,14
Em_7j200km	0,070	37	51,67	0,062	3993	33,20	11,478	1713	67,10	4,78	29,20	3,33
Em_14j200km	0,309	23	50,26	0,212	3982	33,97	12,601	1727	67,20	5,92	28,92	4,41
Em_21j200km	0,695	22	51,60	0,548	3966	34,14	12,693	1728	67,15	6,11	29,01	4,50
Em_28j200km	23,356	16	61,59	23,678	3076	31,75	30,201	1734	66,89	7,39	28,93	5,44
Em_7j300km	11,960	27	60,30	11,052	3533	31,77	24,641	1723	67,19	5,62	29,02	4,01
Em_14j300km	8,809	15	56,69	8,710	3612	30,97	35,506	1735	66,98	7,58	28,84	5,73
Em_21j300km	28,696	13	62,34	29,841	2832	29,31	47,161	1737	66,70	8,22	28,87	6,14
Em_28j300km	48,998	11	66,70	49,080	2105	28,87	48,823	1739	66,90	8,83	28,67	6,93

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) % d'occupation du sol dans un rayon de 5 km autour de la ferme (centroïde du sous-district correspondant) caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

	Test t: p-value(1)	Cas: sous-districts "émergents"						Témoins: autres sous-districts				
		Nbre de cas	Valeur moy(2)	p-value(3)	Rang(4)	Ecart-type	p-value(5)	Nbre de témoins	Valeur moy(2)	Ecart-type	Moyenne des écart-types(6)	Ecart-type des écart-types(7)
Sous-distr infectés	0	814	61,20	0	1	31,00	1,00E-08	6596	45,47	1,12	33,46	0,39
Em_7j5km	0	688	61,25	0	1	31,34	3,90E-05	6722	45,82	1,21	33,45	0,43
Em_14j5km	0	662	60,67	0	1	31,51	2,74E-04	6748	45,88	1,22	33,47	0,43
Em_21j5km	0	652	60,46	0	1	31,59	9,79E-04	6758	45,94	1,25	33,46	0,44
Em_28j5km	0	643	60,38	0	1	31,63	1,56E-03	6767	45,99	1,25	33,47	0,44
Em_7j10km	0	551	57,97	0	1	32,34	0,819	6859	46,37	1,38	33,50	0,48
Em_14j10km	7,20E-07	479	55,62	0	1	32,82	9,272	6931	46,69	1,47	33,52	0,53
Em_21j10km	1,35E-04	438	54,52	3,60E-05	1	32,78	8,111	6972	46,81	1,55	33,55	0,56
Em_28j10km	5,05E-04	411	54,33	9,40E-05	1	33,14	23,404	6999	46,77	1,59	33,55	0,56
Em_7j20km	1,026	320	51,48	0,791	38	33,40	41,540	7090	47,03	1,85	33,54	0,65
Em_14j20km	3,096	258	51,06	3,043	119	33,43	44,161	7152	47,13	2,10	33,54	0,72
Em_21j20km	16,645	224	49,37	16,612	671	33,99	27,197	7186	47,20	2,24	33,51	0,79
Em_28j20km	25,295	207	48,76	24,646	1001	34,39	14,557	7203	47,21	2,27	33,52	0,83
Em_7j30km	2,966	237	51,28	2,638	101	34,27	15,886	7173	47,15	2,13	33,50	0,77
Em_14j30km	17,824	182	49,50	17,435	687	34,96	4,998	7228	47,20	2,45	33,52	0,88
Em_21j30km	19,755	153	49,52	18,846	764	35,08	5,373	7257	47,17	2,66	33,51	0,97
Em_28j30km	35,255	129	48,34	34,866	1397	35,11	6,882	7281	47,22	2,88	33,53	1,06
Em_7j40km	15,994	180	49,69	15,160	619	34,51	14,023	7230	47,12	2,49	33,54	0,90
Em_14j40km	48,290	130	47,36	48,478	1931	34,71	12,409	7280	47,25	2,89	33,53	1,02
Em_21j40km	47,382	109	47,02	48,003	2101	34,83	12,408	7301	47,18	3,20	33,50	1,16
Em_28j40km	43,953	91	47,76	43,405	1716	35,96	2,727	7319	47,18	3,50	33,53	1,26
Em_7j60km	14,997	114	50,47	14,132	565	33,88	38,017	7296	47,11	3,12	33,55	1,11
Em_14j60km	6,537	75	53,06	6,177	262	32,68	26,991	7335	47,10	3,87	33,54	1,41
Em_21j60km	10,952	63	52,41	10,639	431	34,34	29,500	7347	47,23	4,15	33,51	1,55
Em_28j60km	13,325	58	52,11	13,151	546	34,67	22,468	7352	47,19	4,39	33,46	1,60
Em_7j100km	10,256	74	52,15	9,510	397	33,01	34,969	7336	47,13	3,83	33,55	1,39
Em_14j100km	14,361	41	52,79	14,257	585	33,29	45,907	7369	47,28	5,16	33,49	1,95
Em_21j100km	7,508	33	55,62	7,226	307	33,48	49,425	7377	47,22	5,76	33,44	2,17
Em_28j100km	5,312	26	57,84	5,241	218	33,11	44,778	7384	47,14	6,60	33,44	2,54
Em_7j300km	2,127	27	60,30	1,983	73	31,77	24,260	7383	47,26	6,34	33,48	2,45
Em_14j300km	13,737	15	56,69	13,808	551	30,97	25,301	7395	47,31	8,61	33,32	3,54
Em_21j300km	5,205	13	62,34	5,217	195	29,31	15,113	7397	47,56	9,11	33,37	3,93
Em_28j300km	2,709	11	66,70	2,675	96	28,87	16,292	7399	47,40	9,99	33,18	4,38

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) % d'occupation du sol dans un rayon de 5 km autour du centroïde du sous-district caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

**Facteur d'exposition : eau (plans d'eau, cours d'eau, zones aquacoles)**

	Test t: p-value <sup>(1)</sup>	Cas: fermes "émergentes"					Témoins: autres fermes					
		Nbre de cas	Valeur moy <sup>(2)</sup>	p-value <sup>(3)</sup>	Rang <sup>(4)</sup>	Ecart-type	p-value <sup>(5)</sup>	Nbre de témoins	Valeur moy <sup>(2)</sup>	Ecart-type	Moyenne des écart-types <sup>(6)</sup>	Ecart-type des écart-types <sup>(7)</sup>
Em_7j5km	21,728	922	2,76			6,41		828	2,56			
Em_14j5km	35,796	809	2,61	7,828	3636	5,86	0,326	941	2,71	0,07	5,24	0,23
Em_21j5km	46,898	761	2,65	41,355	2428	6,01	0,221	989	2,67	0,09	5,13	0,31
Em_28j5km	46,025	724	2,65	41,063	2387	6,10	0,187	1026	2,67	0,10	5,08	0,35
Em_7j10km	48,100	687	2,66	45,445	2223	6,33	0,010	1063	2,67	0,11	4,95	0,37
Em_14j10km	40,426	555	2,62	33,186	2650	6,29	1,207	1195	2,69	0,16	5,12	0,52
Em_21j10km	42,618	489	2,63	38,244	2446	6,54	0,564	1261	2,68	0,18	5,05	0,59
Em_28j10km	42,925	446	2,63	38,980	2407	6,74	0,357	1304	2,68	0,20	5,03	0,64
Em_7j30km	7,729	250	3,13	3,599	169	7,68	0,403	1500	2,59	0,30	5,01	1,01
Em_14j30km	16,454	184	3,04	12,569	529	7,35	3,500	1566	2,62	0,37	5,15	1,22
Em_21j30km	17,725	155	3,06	13,633	543	7,83	1,884	1595	2,62	0,40	5,08	1,33
Em_28j30km	8,317	129	3,32	5,590	260	8,44	0,839	1621	2,61	0,44	5,03	1,43
Em_7j40km	7,709	187	3,21	3,985	209	8,18	0,276	1563	2,60	0,35	4,97	1,15
Em_14j40km	8,834	131	3,29	5,888	263	8,43	0,800	1619	2,62	0,43	5,03	1,41
Em_21j40km	4,626	110	3,53	2,555	149	9,14	0,299	1640	2,60	0,47	4,94	1,53
Em_28j40km	4,705	91	3,61	3,387	195	9,58	0,305	1659	2,62	0,54	4,96	1,68
Em_7j60km	19,634	116	3,09	16,691	668	8,09	2,224	1634	2,63	0,47	5,07	1,50
Em_14j60km	19,236	76	3,21	17,163	706	7,95	5,829	1674	2,64	0,60	5,04	1,86
Em_21j60km	19,645	64	2,09	18,937	3251	3,34	19,230	1686	2,68	0,68	5,18	2,11
Em_28j60km	26,221	58	2,21	25,931	2860	3,45	22,475	1692	2,67	0,71	5,11	2,20
Em_7j100km	38,709	74	2,49	38,218	2295	4,27	32,200	1676	2,68	0,64	5,20	2,01
Em_14j100km	45,824	41	2,76	44,474	1535	4,71	46,928	1709	2,64	0,84	4,90	2,46
Em_21j100km	34,073	33	2,27	34,433	2378	3,13	26,447	1717	2,66	0,97	4,85	2,73
Em_28j100km	48,742	26	2,70	48,651	1638	3,31	31,114	1724	2,66	1,08	4,74	2,91
Em_7j300km	43,974	27	2,51	43,768	1933	3,19	28,692	1723	2,67	1,06	4,80	2,87
Em_14j300km	33,113	15	3,29	33,441	1017	3,93	44,258	1735	2,67	1,44	4,43	3,44
Em_21j300km	46,496	13	2,80	46,610	1396	3,03	36,185	1737	2,67	1,56	4,26	3,49
Em_28j300km	46,267	11	2,51	45,756	1704	2,57	32,810	1739	2,69	1,69	4,22	3,69

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) % d'occupation du sol dans un rayon de 5 km autour de la ferme (centroïde du sous-district correspondant) caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

	Test t: p-value <sup>(1)</sup>	Cas: sous-districts "émergents"						Témoins: autres sous-districts				
		Nbre de cas	Valeur moy <sup>(2)</sup>	p-value <sup>(3)</sup>	Rang <sup>(4)</sup>	Ecart-type	p-value <sup>(5)</sup>	Nbre de témoins	Valeur moy <sup>(2)</sup>	Ecart-type	Moyenne des écart-types <sup>(6)</sup>	Ecart-type des écart-types <sup>(7)</sup>
Sous-distr infectés	34,759	814	2,72	33,730	2608	6,04	6,159	6596	2,82	0,24	7,26	0,79
Em_7j5km	46,169	688	2,79	46,518	2093	6,42	18,989	6722	2,81	0,26	7,20	0,88
Em_14j5km	36,863	662	2,72	36,128	2502	6,20	12,826	6748	2,82	0,26	7,20	0,88
Em_21j5km	38,922	652	2,74	37,748	2468	6,24	14,396	6758	2,82	0,27	7,21	0,91
Em_28j5km	39,530	643	2,74	38,814	2413	6,28	15,727	6767	2,82	0,27	7,20	0,92
Em_7j10km	34,619	551	2,70	33,032	2626	6,29	17,992	6859	2,83	0,30	7,20	0,99
Em_14j10km	46,324	479	2,78	45,326	2140	6,67	32,550	6931	2,82	0,32	7,16	1,08
Em_21j10km	47,821	438	2,79	48,822	1949	6,86	41,695	6972	2,80	0,34	7,10	1,13
Em_28j10km	45,251	411	2,77	45,269	2129	6,99	46,307	6999	2,81	0,34	7,10	1,18
Em_7j40km	36,220	180	3,00	36,912	1395	7,43	40,412	7230	2,82	0,54	6,99	1,80
Em_14j40km	20,842	130	3,32	20,255	800	8,46	21,942	7280	2,81	0,62	6,87	2,06
Em_21j40km	13,777	109	3,56	12,737	524	9,18	13,980	7301	2,78	0,68	6,74	2,26
Em_28j40km	14,291	91	3,61	13,515	565	9,58	11,777	7319	2,80	0,74	6,72	2,41
Em_7j60km	30,946	114	3,14	30,449	1149	8,16	27,201	7296	2,80	0,67	6,81	2,21
Em_14j60km	29,867	75	3,25	28,904	1083	8,00	30,286	7335	2,80	0,81	6,63	2,65
Em_21j60km	22,083	63	2,12	21,814	3065	3,36	13,022	7347	2,82	0,91	6,62	2,90
Em_28j60km	26,111	58	2,21	26,399	2823	3,45	15,023	7352	2,80	0,93	6,51	2,95
Em_7j100km	34,688	74	2,49	35,025	2433	4,27	18,592	7336	2,81	0,83	6,68	2,70
Em_14j100km	47,969	41	2,76	47,639	1854	4,71	31,452	7369	2,82	1,13	6,34	3,37
Em_21j100km	33,312	33	2,27	32,809	2464	3,13	20,499	7377	2,83	1,25	6,21	3,74
Em_28j100km	46,810	26	2,70	46,352	1815	3,31	25,257	7384	2,83	1,43	6,00	4,04
Em_7j300km	41,204	27	2,51	41,183	2006	3,19	23,444	7383	2,81	1,37	6,05	3,95
Em_14j300km	39,889	15	3,29	39,755	1213	3,93	37,311	7395	2,81	1,85	5,46	4,71
Em_21j300km	49,758	13	2,80	49,459	1524	3,03	31,566	7397	2,83	1,98	5,35	4,84
Em_28j300km	44,445	11	2,51	44,619	1657	2,57	30,751	7399	2,80	2,13	5,09	5,00

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) % d'occupation du sol dans un rayon de 5 km autour du centroïde du sous-district caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

**Facteur d'exposition : eau, zones aquacoles exclues (plans d'eau, cours d'eau)**

	Test t: p-value <sup>(1)</sup>	Cas: fermes "émergentes"						Témoins: autres fermes				
		Nbre de cas	Valeur moy <sup>(2)</sup>	p-value <sup>(3)</sup>	Rang <sup>(4)</sup>	Ecart-type	p-value <sup>(5)</sup>	Nbre de témoins	Valeur moy <sup>(2)</sup>	Ecart-type	Moyenne des écart-types <sup>(6)</sup>	Ecart-type des écart-types <sup>(7)</sup>
Em_7j5km	7,564	922	1,28	<b>2,90E-05</b>		2,80		828	1,12			
Em_14j5km	3,063	809	1,32	<b>0</b>	1	2,95	0	941	1,11	0,02	1,45	0,02
Em_21j5km	2,098	761	1,33	<b>0</b>	1	3,02	0	989	1,11	0,03	1,44	0,03
Em_28j5km	2,393	724	1,33	<b>0</b>	1	3,08	0	1026	1,12	0,03	1,44	0,03
Em_7j10km	5,960	687	1,31	<b>1,10E-05</b>	1	3,13	0	1063	1,14	0,03	1,46	0,04
Em_14j10km	1,840	555	1,37	<b>4,00E-06</b>	1	3,41	0	1195	1,13	0,05	1,46	0,05
Em_21j10km	4,378	489	1,36	<b>5,18E-03</b>	1	3,55	0	1261	1,15	0,05	1,50	0,07
Em_28j10km	5,579	446	1,35	<b>0,024</b>	2	3,69	0	1304	1,16	0,06	1,51	0,07
Em_7j40km	<b>0,083</b>	187	1,70	<b>2,40E-05</b>	1	5,14	0	1563	1,15	0,11	1,59	0,25
Em_14j40km	<b>0,022</b>	131	1,88	<b>6,00E-06</b>	1	5,94	0	1619	1,15	0,14	1,62	0,30
Em_21j40km	<b>0,014</b>	110	1,97	<b>4,00E-06</b>	1	6,44	0	1640	1,16	0,15	1,62	0,33
Em_28j40km	<b>2,44E-03</b>	91	2,15	<b>0</b>	1	6,87	0	1659	1,16	0,17	1,64	0,36
Em_7j60km	<b>0,305</b>	116	1,77	<b>6,54E-03</b>	1	5,88	0	1634	1,17	0,16	1,70	0,41
Em_14j60km	<b>1,66E-03</b>	76	2,26	<b>1,00E-06</b>	1	7,14	0	1674	1,16	0,20	1,68	0,48
Em_21j60km	30,507	64	1,35	29,696	879	1,87	48,811	1686	1,20	0,28	1,91	1,26
Em_28j60km	25,743	58	1,40	27,894	775	1,89	48,625	1692	1,22	0,31	1,94	1,37
Em_7j80km	38,091	89	1,28	37,036	1149	1,82	45,581	1661	1,20	0,23	1,95	1,17
Em_14j80km	18,588	58	1,47	17,804	490	1,81	47,313	1692	1,20	0,29	1,90	1,31
Em_21j80km	19,297	44	1,50	19,996	522	1,90	49,569	1706	1,21	0,35	1,88	1,41
Em_28j80km	10,490	36	1,68	9,629	285	1,94	46,311	1714	1,19	0,37	1,81	1,36
Em_7j100km	25,369	74	1,38	25,090	704	1,87	47,957	1676	1,20	0,26	1,94	1,25
Em_14j100km	24,551	41	1,45	25,737	687	1,66	43,683	1709	1,21	0,37	1,89	1,45
Em_21j100km	28,915	33	1,42	29,475	829	1,66	45,042	1717	1,21	0,40	1,83	1,35
Em_28j100km	17,426	26	1,62	15,942	423	1,63	46,423	1724	1,19	0,43	1,75	1,34
Em_7j300km	48,492	27	1,22	48,518	1654	1,36	38,178	1723	1,21	0,44	1,78	1,40
Em_14j300km	35,873	15	1,42	35,603	1004	1,19	36,637	1735	1,20	0,58	1,69	1,47
Em_21j300km	31,796	13	1,50	30,978	850	1,21	37,819	1737	1,20	0,61	1,66	1,45
Em_28j300km	23,941	11	1,69	24,140	588	1,21	39,356	1739	1,20	0,70	1,64	1,60

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) % d'occupation du sol dans un rayon de 5 km autour de la ferme (centroïde du sous-district correspondant) caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

	Test t: p-value <sup>(1)</sup>	Cas: sous-districts "émergents"						Témoins: autres sous-districts				
		Nbre de cas	Valeur moy <sup>(2)</sup>	p-value <sup>(3)</sup>	Rang <sup>(4)</sup>	Ecart-type	p-value <sup>(5)</sup>	Nbre de témoins	Valeur moy <sup>(2)</sup>	Ecart-type	Moyenne des écart-types <sup>(6)</sup>	Ecart-type des écart-types <sup>(7)</sup>
Sous-distr infectés	2,695	814	1,39	1,857	3952	2,99	4,158	6596	1,67	0,13	3,89	0,52
Em_7j5km	2,205	688	1,36	1,229	3975	3,15	9,958	6722	1,67	0,14	3,87	0,56
Em_14j5km	2,989	662	1,37	2,098	3945	3,19	13,071	6748	1,66	0,14	3,84	0,58
Em_21j5km	2,889	652	1,37	1,928	3947	3,21	13,374	6758	1,67	0,14	3,85	0,58
Em_28j5km	3,319	643	1,37	2,445	3937	3,23	15,058	6767	1,66	0,15	3,84	0,59
Em_7j10km	5,194	551	1,38	3,753	3887	3,43	26,968	6859	1,66	0,16	3,82	0,63
Em_14j10km	10,034	479	1,42	8,325	3709	3,63	40,048	6931	1,66	0,17	3,80	0,69
Em_21j10km	9,044	438	1,40	7,680	3722	3,72	46,132	6972	1,66	0,18	3,79	0,73
Em_28j10km	9,714	411	1,40	8,480	3697	3,82	46,994	6999	1,65	0,18	3,76	0,73
Em_7j40km	37,431	180	1,73	36,910	1383	5,23	7,250	7230	1,64	0,28	3,65	1,09
Em_14j40km	22,638	130	1,89	21,399	807	5,96	2,759	7280	1,63	0,33	3,55	1,25
Em_21j40km	17,075	109	1,99	16,882	632	6,47	1,607	7301	1,64	0,36	3,55	1,36
Em_28j40km	10,242	91	2,15	9,660	409	6,87	0,951	7319	1,63	0,40	3,49	1,45
Em_7j60km	32,968	114	1,80	32,216	1200	5,93	3,287	7296	1,63	0,35	3,56	1,29
Em_14j60km	6,938	75	2,29	7,121	347	7,18	1,110	7335	1,64	0,44	3,52	1,60
Em_21j60km	28,826	63	1,37	29,705	2669	1,88	18,552	7347	1,63	0,49	3,42	1,72
Em_28j60km	31,529	58	1,40	31,920	2565	1,89	19,115	7352	1,63	0,50	3,38	1,71
Em_7j100km	27,821	74	1,38	27,134	2807	1,87	15,259	7336	1,65	0,44	3,51	1,60
Em_14j100km	37,465	41	1,45	37,008	2236	1,66	19,934	7369	1,65	0,61	3,35	2,00
Em_21j100km	37,370	33	1,42	37,038	2281	1,66	22,291	7377	1,65	0,67	3,27	2,11
Em_28j100km	49,043	26	1,62	48,965	1657	1,63	24,503	7384	1,64	0,75	3,15	2,20
Em_7j300km	28,630	27	1,22	29,073	2651	1,36	20,902	7383	1,62	0,73	3,12	2,17
Em_14j300km	41,163	15	1,42	40,782	1943	1,19	25,165	7395	1,66	1,02	2,94	2,61
Em_21j300km	44,938	13	1,50	44,444	1744	1,21	26,116	7397	1,65	1,05	2,86	2,58
Em_28j300km	48,242	11	1,69	47,507	1385	1,21	28,207	7399	1,62	1,12	2,70	2,59

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) % d'occupation du sol dans un rayon de 5 km autour du centroïde du sous-district caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

**Facteur d'exposition : eau circulante (cours d'eau)**

	Test t: p-value <sup>(1)</sup>	Cas: fermes "émergentes"						Témoins: autres fermes				
		Nbre de cas	Valeur moy <sup>(2)</sup>	p-value <sup>(3)</sup>	Rang <sup>(4)</sup>	Ecart-type	p-value <sup>(5)</sup>	Nbre de témoins	Valeur moy <sup>(2)</sup>	Ecart-type	Moyenne des écart-types <sup>(6)</sup>	Ecart-type des écart-types <sup>(7)</sup>
Em_7j5km	44,851	922	0,88			1,56		828	0,87			
Em_14j5km	44,049	809	0,88	27,675	1139	1,61	0	941	0,87	0,02	1,37	0,02
Em_21j5km	44,838	761	0,88	35,131	1433	1,63	0	989	0,87	0,02	1,36	0,03
Em_28j5km	47,683	724	0,87	43,427	2282	1,64	0	1026	0,87	0,03	1,36	0,03
Em_7j10km	22,232	687	0,84	3,933	3841	1,63	0	1063	0,89	0,03	1,38	0,04
Em_14j10km	21,637	555	0,83	8,301	3666	1,68	2,20E-07	1195	0,89	0,04	1,38	0,05
Em_21j10km	13,080	489	0,81	3,732	3846	1,72	1,27E-06	1261	0,90	0,05	1,38	0,06
Em_28j10km	7,558	446	0,79	1,608	3936	1,73	5,90E-06	1304	0,90	0,05	1,39	0,06
Em_7j20km	7,907	363	0,77	3,107	3887	1,36	23,281	1387	0,90	0,07	1,50	0,19
Em_14j20km	9,198	275	0,76	5,779	3792	1,37	29,130	1475	0,89	0,08	1,49	0,22
Em_21j20km	6,091	232	0,73	3,768	3874	1,36	29,414	1518	0,89	0,09	1,49	0,24
Em_28j20km	6,071	213	0,73	3,885	3865	1,34	28,307	1537	0,89	0,10	1,48	0,25
Em_7j30km	14,580	250	0,78	11,453	3568	1,36	29,498	1500	0,89	0,09	1,49	0,23
Em_14j30km	40,290	184	0,85	38,338	2397	1,47	49,582	1566	0,88	0,10	1,47	0,27
Em_21j30km	17,504	155	0,77	15,220	3399	1,38	37,707	1595	0,88	0,11	1,47	0,28
Em_28j30km	26,277	129	0,79	26,010	2951	1,40	42,452	1621	0,87	0,13	1,45	0,30
Em_7j40km	18,476	187	0,78	16,364	3346	1,41	41,361	1563	0,88	0,10	1,46	0,25
Em_14j40km	25,534	131	0,79	24,042	3038	1,43	45,887	1619	0,88	0,12	1,46	0,29
Em_21j40km	17,972	110	0,75	16,638	3341	1,38	40,004	1640	0,88	0,14	1,46	0,33
Em_28j40km	48,568	91	0,88	49,511	1929	1,48	47,525	1659	0,88	0,15	1,46	0,35
Em_7j60km	41,601	116	0,84	41,037	2284	1,50	43,705	1634	0,87	0,13	1,45	0,31
Em_14j60km	18,574	76	1,02	16,855	657	1,65	26,745	1674	0,86	0,17	1,43	0,36
Em_21j60km	34,625	64	0,94	33,247	1279	1,61	29,415	1686	0,87	0,18	1,42	0,36
Em_28j60km	31,537	58	0,96	29,972	1152	1,60	32,340	1692	0,87	0,19	1,42	0,39
Em_7j100km	17,210	74	1,03	15,816	622	1,65	26,577	1676	0,86	0,17	1,43	0,35
Em_14j100km	9,621	41	1,17	9,691	396	1,56	38,756	1709	0,87	0,23	1,42	0,46
Em_21j100km	15,752	33	1,13	14,253	521	1,50	41,559	1717	0,86	0,25	1,40	0,47
Em_28j100km	8,941	26	1,26	9,092	365	1,45	46,670	1724	0,87	0,29	1,40	0,54
Em_7j300km	23,485	27	1,08	22,600	824	1,36	47,877	1723	0,86	0,28	1,39	0,48
Em_14j300km	17,491	15	1,23	19,085	691	1,16	37,005	1735	0,88	0,40	1,38	0,67
Em_21j300km	14,734	13	1,30	13,762	529	1,19	40,743	1737	0,86	0,40	1,34	0,62
Em_28j300km	9,533	11	1,46	9,412	386	1,22	43,887	1739	0,87	0,45	1,32	0,63

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) % d'occupation du sol dans un rayon de 5 km autour de la ferme (centroïde du sous-district correspondant) caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

	Test t: p-value <sup>(1)</sup>	Cas: sous-districts "émergents"						Témoins: autres sous-districts				
		Nbre de cas	Valeur moy <sup>(2)</sup>	p-value <sup>(3)</sup>	Rang <sup>(4)</sup>	Ecart-type	p-value <sup>(5)</sup>	Nbre de témoins	Valeur moy <sup>(2)</sup>	Ecart-type	Moyenne des écart-types <sup>(6)</sup>	Ecart-type des écart-types <sup>(7)</sup>
Sous-distr infectés	5,68E-05	814	0,95	1,00E-06	1	1,70	33,699	6596	0,65	0,05	1,61	0,20
Em_7j5km	0,036	688	0,89	6,50E-03	1	1,67	39,262	6722	0,66	0,06	1,61	0,21
Em_14j5km	0,052	662	0,88	0,012	2	1,67	38,997	6748	0,67	0,06	1,61	0,22
Em_21j5km	0,092	652	0,88	0,030	4	1,68	40,081	6758	0,67	0,06	1,62	0,22
Em_28j5km	0,087	643	0,88	0,024	3	1,68	37,986	6767	0,67	0,06	1,62	0,22
Em_7j10km	0,669	551	0,85	0,321	20	1,72	32,231	6859	0,67	0,07	1,61	0,23
Em_14j10km	2,031	479	0,83	1,302	64	1,74	29,089	6931	0,67	0,07	1,61	0,25
Em_21j10km	4,100	438	0,82	3,177	147	1,76	28,578	6972	0,68	0,08	1,61	0,27
Em_28j10km	6,645	411	0,80	5,230	242	1,77	26,203	6999	0,68	0,08	1,60	0,26
Em_7j40km	20,881	180	0,78	19,946	769	1,42	33,008	7230	0,68	0,12	1,58	0,38
Em_14j40km	21,541	130	0,80	21,262	822	1,43	36,884	7280	0,68	0,14	1,57	0,43
Em_21j40km	32,797	109	0,75	32,209	1163	1,38	34,737	7301	0,68	0,15	1,57	0,46
Em_28j40km	12,810	91	0,88	11,626	485	1,48	44,091	7319	0,68	0,17	1,55	0,48
Em_7j60km	12,526	114	0,86	12,396	497	1,51	44,536	7296	0,69	0,15	1,57	0,45
Em_14j60km	3,101	75	1,04	3,112	193	1,66	41,886	7335	0,68	0,19	1,55	0,52
Em_21j60km	8,997	63	0,96	9,090	375	1,62	44,572	7347	0,68	0,21	1,54	0,57
Em_28j60km	9,509	58	0,96	9,300	370	1,60	45,221	7352	0,68	0,22	1,53	0,60
Em_7j100km	3,294	74	1,03	2,924	165	1,65	42,243	7336	0,68	0,19	1,54	0,52
Em_14j100km	2,798	41	1,17	2,667	163	1,56	46,572	7369	0,68	0,25	1,50	0,64
Em_21j100km	5,846	33	1,13	6,503	300	1,50	49,998	7377	0,69	0,29	1,50	0,72
Em_28j100km	3,584	26	1,26	3,219	192	1,45	49,725	7384	0,68	0,31	1,45	0,73
Em_7j300km	10,542	27	1,08	9,495	394	1,36	44,642	7383	0,68	0,31	1,46	0,73
Em_14j300km	9,818	15	1,23	9,873	412	1,16	39,786	7395	0,68	0,42	1,37	0,83
Em_21j300km	8,631	13	1,30	8,516	358	1,19	42,814	7397	0,69	0,45	1,36	0,91
Em_28j300km	5,856	11	1,46	5,445	275	1,22	46,353	7399	0,68	0,48	1,31	0,92

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) % d'occupation du sol dans un rayon de 5 km autour du centroïde du sous-district caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

**Facteur d'exposition : champs paddy (tous types confondus)**

	Test t: p-value(1)	Cas: fermes "émergentes"					Témoins: autres fermes					
		Nbre de cas	Valeur moy(2)	p-value(3)	Rang(4)	Ecart-type	p-value(5)	Nbre de témoins	Valeur moy(2)	Ecart-type	Moyenne des écart-types(6)	Ecart-type des écart-types(7)
Em_7j5km	4,28E-04	922	60,61			30,66		828	66,86			
Em_14j5km	2,00E-07	809	59,13	0	4001	30,96	0	941	67,38	0,37	27,63	0,27
Em_21j5km	0	761	58,20	0	4001	31,18	0	989	67,69	0,48	27,44	0,37
Em_28j5km	0	724	57,67	0	4001	31,47	0	1026	67,72	0,55	27,28	0,42
Em_7j10km	0	687	56,76	0	4001	31,87	0	1063	67,96	0,62	26,98	0,48
Em_14j10km	0	555	53,22	0	4001	32,56	0	1195	68,37	0,83	26,63	0,67
Em_21j10km	0	489	51,28	0	4001	32,47	0	1261	68,32	0,95	26,79	0,75
Em_28j10km	0	446	50,83	0	4001	32,92	0	1304	67,94	1,03	26,87	0,79
Em_7j40km	0	187	45,82	0	4001	34,14	3,09E-04	1563	65,68	1,92	28,14	1,33
Em_14j40km	0	131	43,44	0	4001	34,45	0,010	1619	65,16	2,37	28,43	1,62
Em_21j40km	0	110	42,81	0	4001	34,55	0,034	1640	64,99	2,59	28,49	1,79
Em_28j40km	0	91	43,06	0	4001	35,72	0,017	1659	64,73	2,95	28,63	1,98
Em_7j60km	0	116	46,38	0	4001	33,68	0,205	1634	64,76	2,55	28,79	1,70
Em_14j60km	6,07E-04	76	49,16	2,42E-04	4001	33,19	3,075	1674	64,18	3,28	29,12	2,18
Em_21j60km	6,14E-03	64	49,72	2,55E-03	4001	34,66	0,909	1686	64,15	3,56	29,07	2,36
Em_28j60km	5,64E-03	58	48,92	3,35E-03	4001	35,14	0,653	1692	64,04	3,79	29,01	2,47
Em_7j100km	4,27E-04	74	48,71	8,90E-05	4001	32,86	4,148	1676	64,20	3,24	29,10	2,17
Em_14j100km	0,092	41	49,42	0,075	3994	33,22	8,778	1709	63,82	4,54	29,16	2,99
Em_21j100km	1,410	33	52,41	1,297	3946	33,73	8,695	1717	63,73	5,08	29,18	3,34
Em_28j100km	5,066	26	54,16	4,668	3788	33,56	12,596	1724	63,68	5,68	29,17	3,83
Em_7j200km	0,095	37	48,70	0,068	3999	33,32	9,447	1713	63,87	4,74	29,18	3,15
Em_14j200km	0,263	23	46,55	0,251	3982	34,27	10,205	1727	63,70	6,12	29,17	4,02
Em_21j200km	0,556	22	47,72	0,480	3977	34,60	9,829	1728	63,97	6,27	29,01	4,33
Em_28j200km	21,870	16	57,86	21,596	3145	32,29	26,384	1734	63,65	7,36	29,01	5,20
Em_7j300km	12,360	27	57,05	12,313	3501	32,53	18,744	1723	63,59	5,64	29,20	3,75
Em_14j300km	7,538	15	52,67	7,526	3667	32,20	27,154	1735	63,58	7,59	28,97	5,31
Em_21j300km	27,582	13	58,71	27,751	2903	30,07	42,144	1737	63,51	8,13	28,91	5,87
Em_28j300km	48,369	11	63,93	48,256	2028	29,19	47,971	1739	63,54	8,80	28,87	6,42

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) % d'occupation du sol dans un rayon de 5 km autour de la ferme (centroïde du sous-district correspondant) caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

	Test t: p-value(1)	Cas: sous-districts "émergents"						Témoins: autres sous-districts				
		Nbre de cas	Valeur moy(2)	p-value(3)	Rang(4)	Ecart-type	p-value(5)	Nbre de témoins	Valeur moy(2)	Ecart-type	Moyenne des écart-types(6)	Ecart-type des écart-types(7)
Sous-distr infectés	0	814	57,69	0	1	31,00	1,70E-07	6596	41,69	1,10	33,26	0,38
Em_7j5km	0	688	57,71	0	1	31,28	2,43E-04	6722	41,97	1,21	33,25	0,43
Em_14j5km	0	662	57,18	0	1	31,41	1,31E-03	6748	42,11	1,23	33,28	0,44
Em_21j5km	0	652	56,97	0	1	31,49	1,72E-03	6758	42,09	1,24	33,28	0,43
Em_28j5km	0	643	56,89	0	1	31,53	4,55E-03	6767	42,11	1,25	33,28	0,45
Em_7j10km	0	551	54,48	0	1	32,15	0,615	6859	42,56	1,37	33,35	0,48
Em_14j10km	2,50E-07	479	52,03	0	1	32,55	5,794	6931	42,81	1,48	33,37	0,52
Em_21j10km	6,34E-05	438	50,91	1,40E-05	1	32,47	4,029	6972	43,00	1,54	33,41	0,54
Em_28j10km	1,99E-04	411	50,80	4,50E-05	1	32,79	15,554	6999	42,98	1,59	33,37	0,57
Em_7j20km	0,675	320	47,93	0,475	27	32,86	20,072	7090	43,18	1,83	33,40	0,65
Em_14j20km	2,995	258	47,26	2,641	98	32,73	18,080	7152	43,33	2,03	33,40	0,73
Em_21j20km	17,552	224	45,47	16,418	656	33,15	38,082	7186	43,36	2,16	33,38	0,77
Em_28j20km	25,784	207	44,91	25,621	1019	33,41	47,873	7203	43,38	2,33	33,37	0,81
Em_7j30km	3,157	237	47,39	2,906	117	33,62	38,666	7173	43,36	2,12	33,40	0,77
Em_14j30km	20,605	182	45,43	20,059	823	34,26	15,460	7228	43,36	2,46	33,37	0,87
Em_21j30km	23,241	153	45,37	23,187	941	34,62	9,324	7257	43,40	2,70	33,36	0,95
Em_28j30km	42,705	129	43,96	43,406	1736	34,38	16,859	7281	43,48	2,88	33,40	1,02
Em_7j40km	17,088	180	45,76	17,539	701	34,21	16,754	7230	43,43	2,49	33,37	0,87
Em_14j40km	46,212	130	43,14	46,926	2112	34,41	15,400	7280	43,37	2,90	33,37	1,03
Em_21j40km	37,916	109	42,44	36,971	2542	34,49	15,546	7301	43,51	3,20	33,34	1,14
Em_28j40km	45,871	91	43,06	46,748	2117	35,72	2,578	7319	43,35	3,50	33,37	1,21
Em_7j60km	16,352	114	46,46	15,810	609	33,54	43,957	7296	43,38	3,08	33,37	1,12
Em_14j60km	8,368	75	48,72	8,213	338	33,19	45,053	7335	43,36	3,85	33,36	1,39
Em_21j60km	8,382	63	49,20	7,565	282	34,68	18,291	7347	43,29	4,12	33,32	1,51
Em_28j60km	10,414	58	48,92	9,528	360	35,14	13,660	7352	43,27	4,32	33,37	1,62
Em_7j100km	8,554	74	48,71	8,535	353	32,86	35,327	7336	43,41	3,87	33,37	1,37
Em_14j100km	12,430	41	49,42	11,851	483	33,22	46,548	7369	43,35	5,14	33,38	1,89
Em_21j100km	6,048	33	52,41	5,696	221	33,73	42,648	7377	43,31	5,76	33,33	2,17
Em_28j100km	5,019	26	54,16	4,974	199	33,56	46,636	7384	43,38	6,55	33,35	2,51
Em_7j300km	1,681	27	57,05	1,605	60	32,53	37,084	7383	43,27	6,43	33,33	2,44
Em_14j300km	14,141	15	52,67	13,864	553	32,20	38,061	7395	43,37	8,57	33,24	3,42
Em_21j300km	4,920	13	58,71	5,193	199	30,07	20,766	7397	43,71	9,22	33,19	3,83
Em_28j300km	2,074	11	63,93	2,302	97	29,19	18,630	7399	43,61	10,18	33,09	4,38

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) % d'occupation du sol dans un rayon de 5 km autour du centroïde du sous-district caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

**Facteur d'exposition : champs paddy de type "broadcasted" (zones rizicoles situées le long de la Plaine centrale)**

	Test t: p-value(1)	Cas: fermes "émergentes"					Témoins: autres fermes					
		Nbre de cas	Valeur moy(2)	p-value(3)	Rang(4)	Ecart-type	p-value(5)	Nbre de témoins	Valeur moy(2)	Ecart-type	Moyenne des écart-types(6)	Ecart-type des écart-types(7)
Em_7j5km	3,73E-04	922	54,83			35,25		828	62,14			
Em_14j5km	4,00E-08	809	52,90	0	4001	35,51	0	941	62,92	0,43	32,52	0,26
Em_21j5km	0	761	51,66	0	4001	35,70	0	989	63,40	0,57	32,26	0,36
Em_28j5km	0	724	50,94	0	4001	35,93	0	1026	63,46	0,65	32,12	0,41
Em_7j10km	0	687	50,05	0	4001	36,32	0	1063	63,61	0,72	31,80	0,45
Em_14j10km	0	555	45,61	0	4001	36,67	0	1195	64,20	0,97	31,43	0,64
Em_21j10km	0	489	43,10	0	4001	36,38	0	1261	64,19	1,13	31,53	0,73
Em_28j10km	0	446	42,38	0	4001	36,70	0	1304	63,72	1,19	31,66	0,76
Em_7j40km	0	187	35,23	0	4001	37,10	0,037	1563	61,11	2,22	32,86	1,26
Em_14j40km	0	131	30,89	0	4001	36,88	0,556	1619	60,57	2,75	33,05	1,51
Em_21j40km	0	110	29,15	0	4001	36,75	1,672	1640	60,24	3,04	33,21	1,66
Em_28j40km	0	91	28,36	0	4001	37,38	1,266	1659	59,94	3,36	33,32	1,81
Em_7j60km	0	116	31,98	0	4001	36,74	1,638	1634	60,14	3,00	33,30	1,61
Em_14j60km	0	76	32,69	0	4001	37,27	3,406	1674	59,49	3,75	33,64	1,99
Em_21j60km	0	64	30,63	0	4001	38,74	0,955	1686	59,22	4,13	33,64	2,18
Em_28j60km	0	58	28,48	0	4001	38,28	2,212	1692	59,15	4,30	33,69	2,28
Em_7j100km	0	74	32,05	0	4001	37,56	2,604	1676	59,45	3,86	33,64	2,01
Em_14j100km	9,60E-07	41	28,80	0	4001	37,17	10,354	1709	59,08	5,14	33,77	2,70
Em_21j100km	8,96E-06	33	27,65	4,00E-06	4001	38,62	6,156	1717	58,94	5,81	33,82	3,11
Em_28j100km	5,65E-04	26	29,13	4,57E-04	4000	39,40	5,741	1724	58,72	6,67	33,78	3,57
Em_7j300km	0,139	27	38,74	0,117	3995	41,42	1,515	1723	58,62	6,53	33,94	3,45
Em_14j300km	0,231	15	33,36	0,179	3990	42,39	3,913	1735	58,36	8,58	33,85	4,85
Em_21j300km	1,827	13	38,49	1,623	3927	43,39	3,721	1737	58,59	9,40	33,76	5,40
Em_28j300km	10,594	11	45,42	10,129	3560	43,77	5,123	1739	58,60	10,34	33,45	6,32
Em_7j400km	2,797	20	43,72	2,443	3880	41,21	3,765	1730	58,49	7,50	33,99	4,06
Em_14j400km	4,565	12	41,63	4,435	3810	43,74	4,242	1738	58,50	9,91	33,67	5,85
Em_21j400km	14,108	9	46,02	14,706	3369	44,19	6,710	1741	58,19	11,60	33,54	7,12
Em_28j400km	29,528	8	51,78	29,652	2865	43,49	9,708	1742	58,31	12,22	33,27	7,87
Em_7j500km	7,430	17	46,33	6,805	3719	40,68	7,128	1733	58,52	8,17	33,91	4,62
Em_14j500km	14,108	9	46,02	13,436	3438	44,19	6,466	1741	58,54	11,31	33,55	7,01
Em_21j500km	47,271	7	59,17	46,341	1983	41,19	17,921	1743	57,95	13,28	33,25	8,64
Em_28j500km	47,271	7	59,17	48,312	1995	41,19	17,866	1743	58,62	13,06	32,94	8,96

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) % d'occupation du sol dans un rayon de 5 km autour de la ferme (centroïde du sous-district correspondant) caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

	Test t: p-value <sup>(1)</sup>	Cas: sous-districts "émergents"					Témoins: autres sous-districts					
		Nbre de cas	Valeur moy <sup>(2)</sup>	p-value <sup>(3)</sup>	Rang <sup>(4)</sup>	Ecart-type	p-value <sup>(5)</sup>	Nbre de témoins	Valeur moy <sup>(2)</sup>	Ecart-type	Moyenne des écart-types <sup>(6)</sup>	Ecart-type des écart-types <sup>(7)</sup>
Sous-distr infectés	0	814	50,70	0	1	35,66	0	6596	11,92	0,85	25,96	0,91
Em_7j5km	0	688	50,72	0	1	35,87	0	6722	12,62	0,98	26,63	1,00
Em_14j5km	0	662	50,00	0	1	35,96	0	6748	12,90	1,00	26,93	1,00
Em_21j5km	0	652	49,69	0	1	36,02	0	6758	12,96	1,00	27,00	1,01
Em_28j5km	0	643	49,63	0	1	36,01	0	6767	13,01	1,01	27,05	1,01
Em_7j10km	0	551	46,94	0	1	36,46	0	6859	13,75	1,15	27,74	1,11
Em_14j10km	0	479	43,63	0	1	36,61	0	6931	14,29	1,25	28,27	1,15
Em_21j10km	0	438	42,22	0	1	36,36	0	6972	14,56	1,30	28,53	1,20
Em_28j10km	0	411	42,03	0	1	36,58	1,00E-08	6999	14,69	1,38	28,60	1,25
Em_7j40km	0	180	34,76	0	1	37,20	1,76E-03	7230	15,74	2,20	29,39	1,89
Em_14j40km	1,60E-06	130	30,50	0	1	36,75	0,044	7280	15,91	2,54	29,49	2,18
Em_21j40km	5,29E-04	109	28,66	1,85E-04	1	36,56	0,144	7301	16,02	2,73	29,58	2,34
Em_28j40km	4,43E-03	91	28,36	4,68E-03	3	37,38	0,165	7319	16,14	3,13	29,61	2,65
Em_7j60km	8,00E-07	114	31,81	1,00E-06	1	36,64	0,130	7296	15,97	2,78	29,54	2,36
Em_14j60km	1,84E-04	75	32,02	1,03E-04	1	37,07	0,437	7335	15,99	3,38	29,51	2,88
Em_21j60km	1,35E-02	63	29,80	0,011	1	38,49	0,308	7347	16,01	3,73	29,46	3,30
Em_28j60km	8,07E-02	58	28,48	0,083	9	38,28	0,493	7352	16,06	3,95	29,45	3,42
Em_7j100km	2,07E-04	74	32,05	2,06E-04	1	37,56	0,376	7336	16,04	3,48	29,51	3,01
Em_14j100km	3,31E-01	41	28,80	0,314	21	37,17	2,999	7369	16,01	4,68	29,36	4,15
Em_21j100km	1,346	33	27,65	1,438	84	38,62	2,472	7377	16,20	5,24	29,42	4,68
Em_28j100km	1,332	26	29,13	1,328	80	39,40	2,950	7384	16,15	5,85	29,28	5,36
Em_7j300km	4,04E-03	27	38,74	3,48E-03	1	41,42	0,991	7383	16,06	5,70	29,20	5,24
Em_14j300km	1,277	15	33,36	1,398	89	42,39	3,928	7395	16,19	7,81	28,69	7,79
Em_21j300km	0,346	13	38,49	0,307	34	43,39	4,156	7397	16,07	8,18	28,47	8,61
Em_28j300km	0,056	11	45,42	0,055	13	43,77	5,484	7399	16,13	8,97	28,10	9,80
Em_7j500km	1,47E-03	17	46,33	9,13E-04	1	40,68	4,677	7393	15,98	7,08	28,81	7,08
Em_14j500km	0,132	9	46,02	0,126	23	44,19	7,059	7401	16,39	9,81	28,01	11,00
Em_21j500km	6,65E-03	7	59,17	8,28E-03	4	41,19	13,911	7403	16,29	11,39	26,61	13,44
Em_28j500km	6,65E-03	7	59,17	8,18E-03	3	41,19	13,918	7403	16,43	11,34	26,87	13,21
Em_7j800km	9,53E-03	16	43,94	8,02E-03	1	40,76	5,217	7394	16,17	7,36	28,89	7,30
Em_14j800km	6,65E-03	7	59,17	6,31E-03	5	41,19	13,698	7403	16,04	11,25	26,51	13,41
Em_21j800km	6,81E-04	6	69,04	8,57E-04	3	34,91	27,027	7404	16,31	12,26	25,95	14,64
Em_28j800km	6,81E-04	6	69,04	6,96E-04	3	34,91	26,632	7404	16,03	12,20	25,68	14,79

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) % d'occupation du sol dans un rayon de 5 km autour du centroïde du sous-district caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

**Facteur d'exposition : champs paddy de type "transplanted" (zones rizicoles situées à l'Est du pays)**

	Test t: p-value <sup>(1)</sup>	Cas: fermes "émergentes"					Témoins: autres fermes					
		Nbre de cas	Valeur moy <sup>(2)</sup>	p-value <sup>(3)</sup>	Rang <sup>(4)</sup>	Ecart-type	p-value <sup>(5)</sup>	Nbre de témoins	Valeur moy <sup>(2)</sup>	Ecart-type	Moyenne des écart-types <sup>(6)</sup>	Ecart-type des écart-types <sup>(7)</sup>
Em_7j5km	5,888	922	6,06	<b>0</b>		17,43		828	4,80			
Em_14j5km	0,664	809	6,53	<b>0</b>	1	18,07	1,00E-08	941	4,54	0,20	15,39	0,42
Em_21j5km	0,114	761	6,85	<b>0</b>	1	18,49	9,00E-08	989	4,39	0,26	15,10	0,56
Em_28j5km	0,050	724	7,02	<b>0</b>	1	18,76	2,30E-07	1026	4,36	0,30	14,99	0,64
Em_7j10km	0,084	687	7,02	<b>0</b>	1	18,19	0,032	1063	4,45	0,36	15,58	0,76
Em_14j10km	6,53E-04	555	8,01	<b>0</b>	1	19,27	3,58E-03	1195	4,27	0,47	15,18	1,03
Em_21j10km	3,52E-05	489	8,62	<b>0</b>	1	19,90	3,09E-03	1261	4,25	0,55	15,10	1,20
Em_28j10km	2,52E-05	446	8,87	<b>0</b>	1	20,35	9,39E-04	1304	4,29	0,58	15,04	1,24
Em_7j40km	1,06E-04	187	10,91	<b>2,00E-06</b>	1	21,94	0,294	1563	4,84	1,10	15,76	2,24
Em_14j40km	3,39E-06	131	12,98	<b>0</b>	1	23,12	0,348	1619	4,87	1,34	15,72	2,74
Em_21j40km	1,39E-06	110	13,96	<b>0</b>	1	23,74	0,361	1640	4,88	1,47	15,66	3,01
Em_28j40km	6,60E-07	91	15,07	<b>0</b>	1	25,15	0,203	1659	4,92	1,62	15,56	3,34
Em_7j60km	2,00E-08	116	14,76	<b>0</b>	1	25,16	0,057	1634	4,82	1,43	15,51	2,96
Em_14j60km	2,00E-08	76	17,03	<b>0</b>	1	26,26	0,206	1674	4,94	1,79	15,55	3,73
Em_21j60km	0	64	19,40	<b>0</b>	1	27,70	0,135	1686	4,93	1,97	15,34	4,12
Em_28j60km	0	58	20,77	<b>0</b>	1	28,63	0,109	1692	4,99	2,05	15,36	4,33
Em_7j100km	5,00E-08	74	16,97	<b>0</b>	1	26,15	0,219	1676	4,95	1,78	15,52	3,73
Em_14j100km	4,00E-08	41	21,18	<b>0</b>	1	29,27	0,414	1709	5,08	2,54	15,18	5,34
Em_21j100km	0	33	24,77	<b>0</b>	1	31,17	0,272	1717	5,07	2,74	14,94	5,84
Em_28j100km	6,00E-08	26	25,03	<b>0</b>	1	31,29	0,749	1724	5,15	3,15	14,70	6,82
Em_7j300km	2,67E-03	27	18,31	<b>9,56E-04</b>	3	28,48	1,992	1723	5,21	3,06	14,87	6,62
Em_14j300km	0,062	15	19,31	<b>0,040</b>	18	24,73	11,109	1735	5,25	4,19	13,72	9,02
Em_21j300km	0,068	13	20,22	<b>0,056</b>	25	26,42	9,164	1737	5,37	4,56	13,57	9,66
Em_28j300km	0,465	11	18,51	<b>0,402</b>	65	27,94	7,136	1739	5,27	5,00	12,74	10,37
Em_7j400km	22,134	20	8,32	23,079	880	15,34	48,068	1730	5,53	3,78	14,96	7,92
Em_14j400km	5,046	12	13,35	4,689	282	18,29	30,598	1738	5,34	4,77	13,20	10,03
Em_21j400km	13,343	9	11,63	12,505	513	19,24	26,090	1741	5,31	5,49	12,17	11,03
Em_28j400km	17,105	8	11,06	17,040	657	20,49	22,883	1742	5,43	5,92	11,93	11,52
Em_7j500km	37,112	17	6,79	36,945	1310	13,77	46,818	1733	5,47	3,97	14,44	8,42
Em_14j500km	26,470	9	8,96	26,753	1007	15,35	39,983	1741	5,49	5,58	12,53	11,08
Em_21j500km	44,996	7	6,26	45,239	1470	16,55	34,340	1743	5,51	6,23	11,72	11,98
Em_28j500km	44,996	7	6,26	46,364	1485	16,55	35,092	1743	5,65	6,60	11,86	12,25

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) % d'occupation du sol dans un rayon de 5 km autour de la ferme (centroïde du sous-district correspondant) caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

	Test t: p-value <sup>(1)</sup>	Cas: sous-districts "émergents"					Témoins: autres sous-districts					
		Nbre de cas	Valeur moy <sup>(2)</sup>	p-value <sup>(3)</sup>	Rang <sup>(4)</sup>	Ecart-type	p-value <sup>(5)</sup>	Nbre de témoins	Valeur moy <sup>(2)</sup>	Ecart-type	Moyenne des écart-types <sup>(6)</sup>	Ecart-type des écart-types <sup>(7)</sup>
Sous-distr infectés	0	814	7,24	0	4001	19,11	0	6596	29,80	1,08	33,05	0,51
Em_7j5km	0	688	7,25	0	4001	19,14	0	6722	29,37	1,20	32,98	0,57
Em_14j5km	0	662	7,46	0	4001	19,39	0	6748	29,26	1,22	32,96	0,58
Em_21j5km	0	652	7,56	0	4001	19,52	0	6758	29,24	1,20	32,97	0,59
Em_28j5km	0	643	7,55	0	4001	19,54	0	6767	29,23	1,22	32,97	0,59
Em_7j10km	0	551	7,85	0	4001	19,27	0	6859	28,89	1,36	32,92	0,67
Em_14j10km	0	479	8,75	0	4001	20,24	0	6931	28,62	1,46	32,89	0,72
Em_21j10km	0	438	9,06	0	4001	20,56	0	6972	28,46	1,51	32,84	0,76
Em_28j10km	0	411	9,16	0	4001	20,81	0	6999	28,40	1,57	32,84	0,78
Em_7j40km	0	180	11,33	0	4001	22,26	0	7230	27,71	2,40	32,68	1,25
Em_14j40km	2,42E-05	130	13,08	1,30E-05	4001	23,18	1,00E-08	7280	27,65	2,83	32,69	1,48
Em_21j40km	9,57E-04	109	14,09	7,42E-04	4001	23,81	3,83E-06	7301	27,52	3,10	32,64	1,64
Em_28j40km	0,015	91	15,07	0,014	4001	25,15	2,04E-03	7319	27,36	3,39	32,57	1,81
Em_7j60km	2,40E-03	114	15,02	1,55E-03	4001	25,31	1,35E-04	7296	27,51	3,00	32,62	1,56
Em_14j60km	0,359	75	17,26	0,347	3994	26,36	0,099	7335	27,36	3,74	32,55	2,00
Em_21j60km	3,130	63	19,71	2,894	3899	27,81	1,395	7347	27,42	4,07	32,57	2,16
Em_28j60km	6,223	58	20,77	6,178	3756	28,63	4,379	7352	27,38	4,29	32,57	2,31
Em_7j100km	0,301	74	16,97	0,303	3993	26,15	0,077	7336	27,45	3,82	32,55	2,02
Em_14j100km	11,326	41	21,18	10,973	3566	29,27	12,730	7369	27,38	5,05	32,48	2,82
Em_21j100km	32,603	33	24,77	32,233	2673	31,17	32,806	7377	27,39	5,68	32,54	3,06
Em_28j100km	36,009	26	25,03	36,320	2502	31,29	38,321	7384	27,29	6,44	32,34	3,55
Em_7j300km	7,494	27	18,31	7,061	3731	28,48	12,617	7383	27,49	6,24	32,43	3,45
Em_14j300km	17,041	15	19,31	16,669	3325	24,73	6,136	7395	27,44	8,40	32,32	4,92
Em_21j300km	21,593	13	20,22	21,541	3120	26,42	14,468	7397	27,52	9,26	32,26	5,51
Em_28j300km	18,479	11	18,51	17,954	3288	27,94	24,967	7399	27,45	9,75	32,10	6,17

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) % d'occupation du sol dans un rayon de 5 km autour du centroïde du sous-district caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

**Facteur d'exposition : champs paddy abandonnés**

	Test t: p-value <sup>(1)</sup>	Cas: fermes "émergentes"						Témoins: autres fermes				
		Nbre de cas	Valeur moy <sup>(2)</sup>	p-value <sup>(3)</sup>	Rang <sup>(4)</sup>	Ecart-type	p-value <sup>(5)</sup>	Nbre de témoins	Valeur moy <sup>(2)</sup>	Ecart-type	Moyenne des écart-types <sup>(6)</sup>	Ecart-type des écart-types <sup>(7)</sup>
Em_7j5km	21,302	922	0,41	<b>0,081</b>		1,90		828	0,35			
Em_14j5km	10,690	809	0,44	<b>1,50E-05</b>	1	1,99	0,054	941	0,33	0,02	1,52	0,15
Em_21j5km	11,406	761	0,44	<b>7,37E-03</b>	1	1,99	0,605	989	0,34	0,03	1,55	0,18
Em_28j5km	34,194	724	0,40	13,983	590	1,91	7,429	1026	0,37	0,03	1,62	0,20
Em_7j10km	4,111	687	0,47	<b>6,38E-04</b>	1	2,09	0,490	1063	0,32	0,03	1,49	0,23
Em_14j10km	13,841	555	0,45	2,245	80	2,05	4,530	1195	0,35	0,05	1,57	0,29
Em_21j10km	7,339	489	0,48	<b>0,706</b>	32	2,17	2,374	1261	0,35	0,05	1,54	0,32
Em_28j10km	14,395	446	0,46	4,683	225	2,19	2,823	1304	0,36	0,06	1,54	0,34
Em_7j40km	<b>0,878</b>	187	0,67	<b>0,184</b>	18	2,95	0,299	1563	0,35	0,11	1,48	0,53
Em_14j40km	2,305	131	0,68	<b>0,918</b>	81	3,19	0,281	1619	0,36	0,13	1,48	0,62
Em_21j40km	<b>0,593</b>	110	0,79	<b>0,139</b>	39	3,47	0,078	1640	0,35	0,15	1,42	0,65
Em_28j40km	33,894	91	0,46	34,141	1235	2,31	17,678	1659	0,38	0,18	1,56	0,81
Em_7j60km	<b>0,036</b>	116	0,91	<b>0,001</b>	1	3,67	0,016	1634	0,34	0,14	1,39	0,63
Em_14j60km	18,974	76	0,56	18,726	710	2,55	11,692	1674	0,38	0,20	1,52	0,86
Em_21j60km	18,317	64	0,58	16,648	648	2,73	7,519	1686	0,37	0,21	1,44	0,89
Em_28j60km	13,315	58	0,63	12,334	523	2,86	6,110	1692	0,37	0,22	1,43	0,93
Em_7j100km	4,166	74	0,73	3,091	218	3,09	2,525	1676	0,37	0,19	1,44	0,84
Em_14j100km	9,224	41	0,74	6,476	355	3,38	1,720	1709	0,36	0,25	1,31	0,98
Em_21j100km	9,167	33	0,78	7,584	391	3,71	1,239	1717	0,37	0,29	1,30	1,07
Em_28j100km	5,109	26	0,94	4,883	317	4,17	0,614	1724	0,38	0,34	1,27	1,16
Em_7j300km	<b>0,159</b>	27	1,37	<b>0,079</b>	68	4,94	0,037	1723	0,37	0,32	1,22	1,11
Em_14j300km	1,037	15	1,43	<b>0,773</b>	161	5,49	0,037	1735	0,38	0,43	1,09	1,30
Em_21j300km	21,556	13	0	20,902	3566	0,00	21,588	1737	0,39	0,48	1,10	1,40
Em_28j300km	23,461	11	0	23,460	3360	0,00	23,872	1739	0,37	0,52	0,98	1,38
Em_7j400km	3,571	20	1,09	3,163	237	4,75	0,234	1730	0,38	0,38	1,19	1,26
Em_14j400km	23,112	12	0,01	22,522	3414	0,04	23,378	1738	0,37	0,48	1,02	1,36
Em_21j400km	25,647	9	0	25,340	3074	0	25,940	1741	0,39	0,59	0,97	1,51
Em_28j400km	26,873	8	0	26,345	2926	0	26,695	1742	0,37	0,59	0,89	1,44
Em_7j500km	20,079	17	0,03	19,868	3519	0,08	20,544	1733	0,38	0,41	1,13	1,29
Em_14j500km	26,437	9	0,01	25,992	3029	0,04	26,310	1741	0,40	0,60	0,98	1,48
Em_21j500km	28,208	7	0	27,987	2712	0	28,129	1743	0,37	0,64	0,85	1,47
Em_28j500km	28,208	7	0	28,006	2756	0	28,322	1743	0,39	0,67	0,89	1,55

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) % d'occupation du sol dans un rayon de 5 km autour de la ferme (centroïde du sous-district correspondant) caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

	Test t: p-value <sup>(1)</sup>	Cas: sous-districts "émergents"						Témoins: autres sous-districts				
		Nbre de cas	Valeur moy <sup>(2)</sup>	p-value <sup>(3)</sup>	Rang <sup>(4)</sup>	Ecart-type	p-value <sup>(5)</sup>	Nbre de témoins	Valeur moy <sup>(2)</sup>	Ecart-type	Moyenne des écart-types <sup>(6)</sup>	Ecart-type des écart-types <sup>(7)</sup>
Sous-distr infectés	5,293	814	0,49	3,925	3886	2,13	4,742	6596	0,66	0,10	2,99	0,52
Em_7j5km	3,709	688	0,46	2,736	3927	2,02	4,506	6722	0,67	0,11	2,98	0,57
Em_14j5km	4,618	662	0,46	3,607	3890	2,05	5,773	6748	0,66	0,11	2,96	0,58
Em_21j5km	5,193	652	0,47	4,477	3871	2,07	6,445	6758	0,66	0,11	2,95	0,58
Em_28j5km	3,294	643	0,44	2,404	3952	2,01	4,798	6767	0,67	0,11	2,98	0,59
Em_7j10km	14,390	551	0,52	12,530	3538	2,21	12,492	6859	0,66	0,12	2,94	0,63
Em_14j10km	13,781	479	0,50	13,046	3509	2,19	15,128	6931	0,65	0,13	2,89	0,67
Em_21j10km	19,625	438	0,53	19,052	3214	2,29	19,977	6972	0,65	0,14	2,89	0,71
Em_28j10km	14,454	411	0,50	12,511	3538	2,28	19,337	6999	0,66	0,14	2,90	0,72
Em_7j40km	43,524	180	0,68	43,248	1579	3,00	40,541	7230	0,65	0,22	2,75	1,04
Em_14j40km	44,632	130	0,68	44,833	1554	3,20	34,062	7280	0,65	0,26	2,69	1,24
Em_21j40km	29,636	109	0,80	29,427	1041	3,48	25,329	7301	0,64	0,28	2,63	1,28
Em_28j40km	26,787	91	0,46	26,687	2786	2,31	41,662	7319	0,65	0,31	2,61	1,40
Em_7j60km	15,094	114	0,93	14,806	594	3,70	20,447	7296	0,65	0,27	2,65	1,27
Em_14j60km	40,189	75	0,56	40,964	2075	2,56	49,046	7335	0,64	0,35	2,53	1,52
Em_21j60km	43,454	63	0,59	43,122	1937	2,75	43,829	7347	0,65	0,36	2,50	1,58
Em_28j60km	48,688	58	0,63	48,280	1703	2,86	41,230	7352	0,65	0,40	2,49	1,67
Em_7j100km	40,605	74	0,73	39,181	1313	3,09	34,472	7336	0,64	0,34	2,50	1,48
Em_14j100km	41,808	41	0,74	41,422	1304	3,38	26,839	7369	0,64	0,46	2,29	1,77
Em_21j100km	39,360	33	0,78	39,477	1180	3,71	22,050	7377	0,65	0,51	2,24	1,91
Em_28j100km	30,521	26	0,94	30,953	867	4,17	16,774	7384	0,64	0,60	2,14	2,11
Em_7j300km	10,061	27	1,37	9,246	429	4,94	7,772	7383	0,64	0,55	2,15	1,97
Em_14j300km	15,256	15	1,43	15,862	507	5,49	6,155	7395	0,66	0,77	1,90	2,33
Em_21j300km	21,443	13	0	21,905	3685	0	22,349	7397	0,65	0,84	1,80	2,36
Em_28j300km	23,341	11	0	23,217	3524	0	24,075	7399	0,67	0,91	1,78	2,52

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) % d'occupation du sol dans un rayon de 5 km autour du centroïde du sous-district caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

**Facteur d'exposition : zones irriguées**

	Test t: p-value(1)	Cas: fermes "émergentes"					Témoins: autres fermes					
		Nbre de cas	Valeur moy(2)	p-value(3)	Rang(4)	Ecart-type	p-value(5)	Nbre de témoins	Valeur moy(2)	Ecart-type	Moyenne des écart-types(6)	Ecart-type des écart-types(7)
Em_7j5km	0,649	922	16,86			30,58		828	20,62			
Em_14j5km	0,127	809	16,18	0	4001	29,92	0	941	20,75	0,44	33,03	0,27
Em_21j5km	0,117	761	16,02	0	4001	29,69	0	989	20,66	0,58	33,05	0,36
Em_28j5km	0,335	724	16,20	0	4001	29,86	0	1026	20,38	0,66	32,86	0,41
Em_7j10km	2,86E-03	687	14,86	0	4001	28,87	0	1063	21,09	0,75	33,19	0,44
Em_14j10km	5,35E-05	555	13,25	0	4001	27,08	0	1195	21,13	1,03	33,33	0,62
Em_21j10km	2,46E-05	489	12,56	0	4001	26,32	0	1261	20,99	1,18	33,26	0,70
Em_28j10km	2,21E-05	446	12,14	0	4001	26,13	0	1304	20,85	1,31	33,09	0,80
Em_7j40km	2,47E-03	187	9,79	4,72E-04	4001	24,04	9,60E-07	1563	19,74	2,25	32,33	1,47
Em_14j40km	7,55E-03	131	8,58	3,02E-03	4001	22,92	1,91E-05	1619	19,46	2,71	32,13	1,82
Em_21j40km	0,042	110	8,91	0,020	4000	23,51	1,36E-03	1640	19,26	2,93	31,99	2,02
Em_28j40km	0,111	91	8,76	0,074	4001	23,35	8,78E-03	1659	19,15	3,27	31,91	2,28
Em_7j60km	0,125	116	10,06	0,065	4000	24,61	7,08E-03	1634	19,24	2,85	31,98	1,94
Em_14j60km	1,140	76	10,55	0,859	3978	25,84	0,815	1674	19,02	3,55	31,84	2,50
Em_21j60km	2,162	64	10,79	2,034	3936	26,79	4,127	1686	18,88	3,96	31,66	2,80
Em_28j60km	1,934	58	10,19	1,493	3956	25,39	1,462	1692	18,90	4,01	31,70	2,89
Em_7j100km	0,309	74	8,79	0,214	3998	23,88	0,082	1676	18,96	3,56	31,78	2,51
Em_14j100km	8,532	41	11,94	7,535	3715	28,20	16,387	1709	18,96	4,89	31,67	3,54
Em_21j100km	7,251	33	10,68	6,672	3771	27,62	16,601	1717	18,87	5,46	31,60	4,10
Em_28j100km	7,419	26	9,72	7,435	3709	25,15	9,736	1724	18,82	6,30	31,42	4,83
Em_7j200km	15,266	37	13,35	14,772	3425	28,08	18,210	1713	18,78	5,18	31,60	3,89
Em_14j200km	11,353	23	10,71	11,405	3551	26,62	18,421	1727	18,65	6,58	31,29	5,19
Em_21j200km	13,382	22	11,20	12,683	3518	27,15	20,364	1728	18,94	6,79	31,42	5,16
Em_28j200km	33,432	16	15,26	33,972	2561	31,09	48,967	1734	18,54	7,93	30,92	6,64
Em_7j300km	40,690	27	17,21	40,500	2318	31,87	45,939	1723	18,67	6,05	31,40	4,66
Em_14j300km	39,270	15	16,42	39,029	2338	31,83	45,295	1735	18,68	8,11	31,04	6,72
Em_21j300km	49,342	13	18,79	49,356	1940	33,71	35,786	1737	18,93	8,75	30,90	7,73
Em_28j300km	35,441	11	22,20	35,926	1373	35,79	27,733	1739	18,78	9,49	30,64	8,71

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) % d'occupation du sol dans un rayon de 5 km autour de la ferme (centroïde du sous-district correspondant) caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

	Test t: p-value <sup>(1)</sup>	Cas: sous-districts "émergents"						Témoins: autres sous-districts				
		Nbre de cas	Valeur moy <sup>(2)</sup>	p-value <sup>(3)</sup>	Rang <sup>(4)</sup>	Ecart-type	p-value <sup>(5)</sup>	Nbre de témoins	Valeur moy <sup>(2)</sup>	Ecart-type	Moyenne des écart-types <sup>(6)</sup>	Ecart-type des écart-types <sup>(7)</sup>
Sous-distr infectés	0	814	19,58	0	1	31,79	0	6596	8,27	0,72	21,75	0,98
Em_7j5km	0	688	18,04	0	1	31,02	0	6722	8,63	0,80	22,20	1,07
Em_14j5km	0	662	17,61	0	1	30,69	0	6748	8,74	0,84	22,35	1,10
Em_21j5km	0	652	17,05	0	1	30,27	0	6758	8,79	0,84	22,42	1,12
Em_28j5km	0	643	16,84	0	1	30,12	0	6767	8,82	0,85	22,45	1,11
Em_7j10km	0	551	15,99	0	1	29,56	3,30E-07	6859	9,00	0,91	22,67	1,19
Em_14j10km	6,36E-04	479	14,02	1,21E-04	1	27,62	0,019	6931	9,24	1,01	23,00	1,30
Em_21j10km	0,045	438	13,11	0,021	3	26,65	0,486	6972	9,33	1,07	23,11	1,37
Em_28j10km	0,250	411	12,66	0,126	9	26,41	0,915	6999	9,34	1,10	23,12	1,40
Em_7j20km	5,675	320	11,54	4,849	207	24,95	14,249	7090	9,41	1,29	23,20	1,63
Em_14j20km	7,736	258	11,55	7,666	314	25,02	16,609	7152	9,46	1,46	23,24	1,83
Em_21j20km	22,224	224	10,69	21,061	830	24,35	28,187	7186	9,45	1,54	23,23	1,94
Em_28j20km	36,468	207	10,07	35,494	1400	24,04	34,588	7203	9,49	1,58	23,25	2,00
Em_7j40km	47,414	180	9,41	46,606	2087	23,42	47,784	7230	9,55	1,73	23,30	2,16
Em_14j40km	21,046	130	7,88	20,060	3190	21,56	25,134	7280	9,56	2,00	23,25	2,53
Em_21j40km	25,787	109	8,08	25,793	2949	21,94	33,275	7301	9,49	2,18	23,14	2,79
Em_28j40km	37,800	91	8,76	37,034	2435	23,35	47,735	7319	9,55	2,39	23,18	3,07
Em_7j60km	47,225	114	9,37	49,516	1952	23,33	45,622	7296	9,39	2,11	23,03	2,73
Em_14j60km	47,738	75	9,37	46,758	2045	23,84	42,518	7335	9,58	2,65	23,20	3,41
Em_21j60km	48,078	63	9,38	48,714	1983	24,50	34,451	7347	9,47	2,93	22,98	3,82
Em_28j60km	41,358	58	10,19	40,220	1542	25,39	26,856	7352	9,43	3,06	22,88	4,07
Em_7j100km	39,308	74	8,79	38,903	2363	23,88	41,138	7336	9,54	2,66	23,11	3,42
Em_14j100km	25,300	41	11,94	24,239	922	28,20	12,809	7369	9,46	3,55	22,80	4,76
Em_21j100km	38,768	33	10,68	37,969	1439	27,62	18,495	7377	9,44	4,03	22,55	5,66
Em_28j100km	48,201	26	9,72	47,719	1782	25,15	33,312	7384	9,46	4,55	22,31	6,58
Em_7j300km	4,316	27	17,21	4,466	219	31,87	7,112	7383	9,63	4,47	22,59	6,33
Em_14j300km	12,600	15	16,42	12,536	517	31,83	13,361	7395	9,47	6,05	21,27	9,53
Em_21j300km	7,613	13	18,79	7,308	355	33,71	10,593	7397	9,46	6,41	20,96	10,21
Em_28j300km	3,577	11	22,20	3,408	209	35,79	8,581	7399	9,36	7,04	20,20	11,40

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) % d'occupation du sol dans un rayon de 5 km autour du centroïde du sous-district caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

**Facteur d'exposition : zones construites et habitées**

	Test t: p-value <sup>(1)</sup>	Cas: fermes "émergentes"						Témoins: autres fermes				
		Nbre de cas	Valeur moy <sup>(2)</sup>	p-value <sup>(3)</sup>	Rang <sup>(4)</sup>	Ecart-type	p-value <sup>(5)</sup>	Nbre de témoins	Valeur moy <sup>(2)</sup>	Ecart-type	Moyenne des écart-types <sup>(6)</sup>	Ecart-type des écart-types <sup>(7)</sup>
Em_7j5km	0,017	922	10,35			10,32		828	12,21			
Em_14j5km	0,107	809	10,37	0	4001	10,59	3,243	941	11,97	0,14	11,05	0,25
Em_21j5km	0,064	761	10,28	0	4001	10,58	9,928	989	11,96	0,19	11,02	0,33
Em_28j5km	0,031	724	10,18	0	4001	10,67	24,635	1026	11,97	0,22	10,93	0,39
Em_7j10km	2,42E-03	687	9,92	0	4001	10,71	35,398	1063	12,08	0,25	10,87	0,42
Em_14j10km	2,99E-03	555	9,71	0	4001	11,25	11,333	1195	11,94	0,32	10,58	0,55
Em_21j10km	1,23E-03	489	9,48	0	4001	10,93	38,334	1261	11,91	0,38	10,74	0,65
Em_28j10km	2,60E-05	446	9,02	0	4001	10,66	42,080	1304	11,98	0,42	10,80	0,70
Em_7j40km	0,094	187	8,90	0,025	4001	10,48	41,008	1563	11,49	0,74	10,78	1,30
Em_14j40km	0,058	131	8,27	0,022	4001	10,15	34,743	1619	11,44	0,90	10,75	1,54
Em_21j40km	0,010	110	7,52	4,61E-03	4001	9,21	17,373	1640	11,50	1,02	10,81	1,69
Em_28j40km	0,027	91	7,40	0,016	4001	9,49	25,866	1659	11,42	1,12	10,69	1,86
Em_7j60km	2,418	116	9,31	1,758	3959	10,93	44,676	1634	11,36	0,97	10,71	1,69
Em_14j60km	10,129	76	9,68	9,221	3656	11,83	28,841	1674	11,33	1,25	10,68	2,07
Em_21j60km	1,851	64	8,45	1,407	3966	10,64	49,920	1686	11,35	1,32	10,63	2,27
Em_28j60km	2,362	58	8,45	2,104	3963	11,08	40,737	1692	11,32	1,41	10,54	2,33
Em_7j100km	13,533	74	9,87	12,019	3519	12,07	23,529	1676	11,31	1,23	10,58	2,07
Em_14j100km	12,388	41	9,29	12,033	3516	10,64	47,903	1709	11,27	1,68	10,49	2,79
Em_21j100km	2,708	33	7,63	2,514	3955	6,55	10,209	1717	11,36	1,91	10,50	3,11
Em_28j100km	6,297	26	8,00	6,452	3821	6,76	14,996	1724	11,26	2,15	10,31	3,42
Em_7j300km	17,479	27	9,29	16,712	3332	8,00	23,771	1723	11,31	2,09	10,39	3,34
Em_14j300km	25,580	15	9,40	25,659	2903	6,15	18,150	1735	11,23	2,80	10,01	4,24
Em_21j300km	30,735	13	9,72	29,893	2712	6,32	20,775	1737	11,32	3,04	10,06	4,60
Em_28j300km	34,809	11	9,96	34,216	2438	6,88	26,840	1739	11,27	3,23	9,82	4,76

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) % d'occupation du sol dans un rayon de 5 km autour de la ferme (centroïde du sous-district correspondant) caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

	Test t: p-value <sup>(1)</sup>	Cas: sous-districts "émergents"						Témoins: autres sous-districts				
		Nbre de cas	Valeur moy <sup>(2)</sup>	p-value <sup>(3)</sup>	Rang <sup>(4)</sup>	Ecart-type	p-value <sup>(5)</sup>	Nbre de témoins	Valeur moy <sup>(2)</sup>	Ecart-type	Moyenne des écart-types <sup>(6)</sup>	Ecart-type des écart-types <sup>(7)</sup>
Sous-distr infectés	3,30E-07	814	11,31	<b>0</b>	1	11,47	2,115	6596	8,50	0,44	13,19	0,85
Em_7j5km	4,56E-03	688	10,66	<b>7,46E-04</b>	2	10,75	0,391	6722	8,61	0,47	13,22	0,93
Em_14j5km	0,027	662	10,48	<b>7,74E-03</b>	1	10,67	0,361	6748	8,65	0,49	13,22	0,95
Em_21j5km	0,049	652	10,42	<b>0,021</b>	3	10,70	0,536	6758	8,65	0,50	13,21	0,98
Em_28j5km	0,058	643	10,40	<b>0,021</b>	3	10,73	0,518	6767	8,66	0,49	13,22	0,97
Em_7j10km	0,334	551	10,26	<b>0,158</b>	13	10,95	1,635	6859	8,68	0,53	13,16	1,04
Em_14j10km	2,573	479	9,93	2,003	97	11,22	4,808	6931	8,73	0,58	13,11	1,13
Em_21j10km	7,094	438	9,70	6,410	260	10,98	3,388	6972	8,76	0,61	13,14	1,18
Em_28j10km	27,636	411	9,18	26,758	1099	10,54	1,301	6999	8,80	0,61	13,18	1,18
Em_7j40km	44,293	180	8,94	43,485	1680	10,61	10,213	7230	8,79	0,96	12,96	1,85
Em_14j40km	29,696	130	8,20	29,040	2812	10,15	10,026	7280	8,82	1,12	12,94	2,18
Em_21j40km	13,352	109	7,43	13,118	3483	9,21	6,514	7301	8,82	1,24	12,88	2,43
Em_28j40km	15,119	91	7,40	14,536	3439	9,49	10,084	7319	8,87	1,39	12,91	2,68
Em_7j60km	34,360	114	9,30	34,596	1316	10,99	21,299	7296	8,81	1,22	12,91	2,41
Em_14j60km	30,432	75	9,57	30,865	1157	11,88	38,365	7335	8,82	1,51	12,75	2,95
Em_21j60km	38,119	63	8,31	38,733	2340	10,66	26,882	7347	8,78	1,64	12,63	3,20
Em_28j60km	41,731	58	8,45	42,466	2159	11,08	32,303	7352	8,77	1,70	12,62	3,35
Em_7j100km	24,083	74	9,87	24,506	921	12,07	40,430	7336	8,82	1,52	12,78	2,94
Em_14j100km	40,548	41	9,29	40,570	1493	10,64	32,627	7369	8,80	2,05	12,44	3,99
Em_21j100km	30,151	33	7,63	29,880	2690	6,55	9,568	7377	8,81	2,24	12,30	4,40
Em_28j100km	37,565	26	8,00	37,783	2365	6,76	13,682	7384	8,78	2,52	12,07	4,85
Em_7j300km	42,354	27	9,29	41,857	1467	8,00	20,088	7383	8,77	2,53	12,05	4,83
Em_14j300km	43,035	15	9,40	43,510	1557	6,15	18,754	7395	8,85	3,36	11,59	6,14
Em_21j300km	40,039	13	9,72	40,453	1406	6,32	21,778	7397	8,84	3,63	11,42	6,55
Em_28j300km	38,511	11	9,96	36,931	1274	6,88	27,631	7399	8,68	3,81	10,87	6,72

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) % d'occupation du sol dans un rayon de 5 km autour du centroïde du sous-district caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

**Facteur d'exposition : forêt**

	Test t: p-value(1)	Cas: fermes "émergentes"						Témoins: autres fermes				
		Nbre de cas	Valeur moy(2)	p-value(3)	Rang(4)	Ecart-type	p-value(5)	Nbre de témoins	Valeur moy(2)	Ecart-type	Moyenne des écart-types(6)	Ecart-type des écart-types(7)
Em_7j5km	0,050	922	5,62			15,94		828	3,31			
Em_14j5km	1,37E-03	809	6,11	0	1	16,66	0	941	3,16	0,17	12,72	0,50
Em_21j5km	7,91E-04	761	6,25	0	1	16,76	8,00E-08	989	3,20	0,22	12,83	0,65
Em_28j5km	2,72E-04	724	6,42	0	1	16,94	2,72E-06	1026	3,19	0,26	12,81	0,76
Em_7j10km	1,00E-08	687	7,27	0	1	18,06	0	1063	2,74	0,27	11,74	0,87
Em_14j10km	0	555	8,53	0	1	19,50	0	1195	2,67	0,36	11,40	1,19
Em_21j10km	0	489	9,22	0	1	20,14	0	1261	2,70	0,40	11,44	1,33
Em_28j10km	0	446	9,63	0	1	20,48	4,00E-08	1304	2,79	0,45	11,61	1,44
Em_7j40km	0	187	14,45	0	1	25,65	3,96E-06	1563	3,36	0,85	12,15	2,51
Em_14j40km	0	131	15,78	0	1	25,86	8,17E-04	1619	3,60	1,08	12,65	3,07
Em_21j40km	0	110	17,12	0	1	26,74	2,16E-03	1640	3,70	1,22	12,74	3,42
Em_28j40km	0	91	17,87	0	1	28,12	4,32E-03	1659	3,81	1,39	12,77	3,91
Em_7j60km	0	116	13,63	0	1	23,97	0,060	1634	3,88	1,22	13,20	3,33
Em_14j60km	6,34E-04	76	11,71	1,86E-04	1	19,71	8,273	1674	4,18	1,63	13,69	4,33
Em_21j60km	3,89E-04	64	12,57	1,27E-04	2	20,99	5,932	1686	4,23	1,77	13,65	4,70
Em_28j60km	1,34E-03	58	12,49	2,81E-04	1	21,61	4,814	1692	4,25	1,81	13,55	4,85
Em_7j100km	1,03E-03	74	11,64	4,83E-04	2	20,68	5,786	1676	4,24	1,67	13,78	4,39
Em_14j100km	0,015	41	12,74	8,03E-03	6	21,08	9,100	1709	4,34	2,23	13,29	5,84
Em_21j100km	0,022	33	13,43	0,015	11	22,75	6,360	1717	4,28	2,53	12,71	6,59
Em_28j100km	6,841	26	8,80	5,814	315	17,33	26,162	1724	4,41	2,79	12,72	7,22
Em_7j200km	0,788	37	10,31	0,610	69	17,74	23,455	1713	4,39	2,36	13,25	6,21
Em_14j200km	0,341	23	12,78	0,287	58	19,92	16,672	1727	4,42	3,03	12,46	7,72
Em_21j200km	0,837	22	11,99	0,781	83	20,02	16,624	1728	4,47	3,11	12,43	7,83
Em_28j200km	5,699	16	10,33	4,705	288	21,14	13,617	1734	4,42	3,53	11,56	8,73
Em_7j300km	15,922	27	7,34	15,708	625	12,50	47,120	1723	4,53	2,79	13,02	7,12
Em_14j300km	10,109	15	9,36	9,476	443	14,21	38,513	1735	4,44	3,75	11,55	9,10
Em_21j300km	18,432	13	8,19	17,906	685	14,00	38,685	1737	4,50	4,01	11,28	9,46
Em_28j300km	28,694	11	7,02	27,654	1013	13,51	39,094	1739	4,44	4,34	10,75	9,97

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) % d'occupation du sol dans un rayon de 5 km autour de la ferme (centroïde du sous-district correspondant) caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

	Test t: p-value <sup>(1)</sup>	Cas: sous-districts "émergents"						Témoins: autres sous-districts				
		Nbre de cas	Valeur moy <sup>(2)</sup>	p-value <sup>(3)</sup>	Rang <sup>(4)</sup>	Ecart-type	p-value <sup>(5)</sup>	Nbre de témoins	Valeur moy <sup>(2)</sup>	Ecart-type	Moyenne des écart-types <sup>(6)</sup>	Ecart-type des écart-types <sup>(7)</sup>
Sous-distr infectés	0	814	6,28	0	4001	16,75	0	6596	16,55	0,82	24,99	0,85
Em_7j5km	0	688	6,67	0	4001	17,26	0	6722	16,33	0,90	24,88	0,94
Em_14j5km	0	662	6,86	0	4001	17,51	0	6748	16,24	0,92	24,83	0,96
Em_21j5km	0	652	6,88	0	4001	17,52	0	6758	16,23	0,92	24,82	0,96
Em_28j5km	0	643	6,86	0	4001	17,43	0	6767	16,22	0,92	24,83	0,98
Em_7j10km	0	551	8,04	0	4001	18,91	2,24E-06	6859	15,99	1,00	24,70	1,06
Em_14j10km	1,90E-07	479	9,07	0	4001	19,99	3,22E-03	6931	15,88	1,09	24,64	1,16
Em_21j10km	2,07E-05	438	9,70	4,00E-06	4001	20,61	0,044	6972	15,78	1,14	24,61	1,20
Em_28j10km	1,66E-04	411	9,98	5,70E-05	4001	20,73	0,115	6999	15,71	1,18	24,57	1,26
Em_7j20km	0,063	320	11,12	0,041	4001	21,97	4,140	7090	15,62	1,35	24,50	1,46
Em_14j20km	0,358	258	11,40	0,237	3996	22,31	8,912	7152	15,60	1,49	24,49	1,62
Em_21j20km	3,283	224	12,46	3,131	3884	22,91	20,034	7186	15,49	1,63	24,39	1,77
Em_28j20km	8,034	207	13,07	7,651	3697	23,58	32,951	7203	15,49	1,69	24,40	1,85
Em_7j30km	2,354	237	12,32	1,955	3945	23,44	28,414	7173	15,54	1,56	24,42	1,71
Em_14j30km	12,801	182	13,39	12,735	3507	23,55	33,726	7228	15,44	1,80	24,37	1,95
Em_21j30km	41,042	153	14,98	42,090	2273	25,10	35,311	7257	15,38	1,98	24,30	2,13
Em_28j30km	34,919	129	16,25	33,686	1342	26,12	21,720	7281	15,37	2,09	24,29	2,34
Em_7j40km	26,956	180	14,32	26,758	2876	25,57	25,811	7230	15,43	1,80	24,31	1,93
Em_14j40km	41,153	130	15,90	41,154	1612	25,92	24,408	7280	15,43	2,11	24,32	2,31
Em_21j40km	21,216	109	17,28	19,985	806	26,81	15,854	7301	15,39	2,25	24,28	2,53
Em_28j40km	16,865	91	17,87	16,032	635	28,12	7,939	7319	15,39	2,50	24,25	2,75
Em_7j60km	21,239	114	13,61	20,795	3176	24,10	46,352	7296	15,46	2,28	24,33	2,48
Em_14j60km	10,288	75	11,87	10,414	3602	19,79	7,559	7335	15,44	2,84	24,28	3,13
Em_21j60km	19,390	63	12,77	18,880	3234	21,10	17,263	7347	15,51	3,10	24,35	3,44
Em_28j60km	17,929	58	12,49	17,470	3281	21,61	22,890	7352	15,47	3,19	24,28	3,59
Em_7j100km	9,023	74	11,64	8,982	3658	20,68	12,757	7336	15,40	2,81	24,21	3,10
Em_14j100km	24,039	41	12,74	23,954	3000	21,08	24,733	7369	15,40	3,75	24,00	4,28
Em_21j100km	31,918	33	13,43	32,588	2630	22,75	41,006	7377	15,36	4,28	23,87	4,90
Em_28j100km	8,307	26	8,80	8,717	3706	17,33	12,687	7384	15,31	4,80	23,63	5,52
Em_7j300km	4,251	27	7,34	4,467	3877	12,50	1,927	7383	15,45	4,78	23,86	5,49
Em_14j300km	16,818	15	9,36	16,957	3299	14,21	11,391	7395	15,39	6,30	23,25	7,50
Em_21j300km	14,282	13	8,19	13,740	3434	14,00	12,616	7397	15,57	6,76	23,26	8,09
Em_28j300km	12,695	11	7,02	13,010	3509	13,51	15,325	7399	15,38	7,42	22,68	8,97

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) % d'occupation du sol dans un rayon de 5 km autour du centroïde du sous-district caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

**Facteur d'exposition : végétation rase et broussailles**

	Test t: p-value(1)	Cas: fermes "émergentes"					Témoins: autres fermes					
		Nbre de cas	Valeur moy(2)	p-value(3)	Rang(4)	Ecart-type	p-value(5)	Nbre de témoins	Valeur moy(2)	Ecart-type	Moyenne des écart-types(6)	Ecart-type des écart-types(7)
Em_7j5km	0,299	922	1,08			4,47		828	0,59			
Em_14j5km	0,046	809	1,17	0	1	4,67	0	941	0,57	0,04	2,70	0,14
Em_21j5km	0,017	761	1,22	0	1	4,77	0	989	0,57	0,05	2,68	0,18
Em_28j5km	5,25E-03	724	1,26	0	1	4,89	0	1026	0,56	0,05	2,64	0,21
Em_7j10km	2,91E-04	687	1,35	0	1	5,04	0	1063	0,53	0,06	2,55	0,24
Em_14j10km	2,20E-07	555	1,62	0	1	5,56	0	1195	0,49	0,08	2,41	0,33
Em_21j10km	8,00E-08	489	1,71	0	1	5,79	0	1261	0,52	0,09	2,46	0,36
Em_28j10km	3,00E-08	446	1,79	0	1	5,98	0	1304	0,53	0,10	2,49	0,38
Em_7j40km	4,47E-05	187	2,12	0	1	6,07	0,421	1563	0,69	0,23	3,13	1,12
Em_14j40km	1,10E-07	131	2,72	0	1	6,97	0,120	1619	0,70	0,28	3,06	1,29
Em_21j40km	1,42E-06	110	2,76	0	1	7,13	0,209	1640	0,72	0,32	3,10	1,41
Em_28j40km	2,00E-08	91	3,22	0	1	7,73	0,079	1659	0,72	0,34	3,01	1,49
Em_7j60km	2,69E-03	116	2,21	1,97E-04	1	5,96	3,039	1634	0,75	0,32	3,24	1,45
Em_14j60km	0,012	76	2,39	4,59E-03	7	6,41	2,770	1674	0,79	0,41	3,19	1,68
Em_21j60km	0,021	64	2,47	8,80E-03	11	6,72	2,346	1686	0,80	0,45	3,15	1,80
Em_28j60km	5,13E-03	58	2,73	1,86E-03	8	7,02	1,696	1692	0,79	0,47	3,09	1,85
Em_7j100km	0,139	74	2,13	0,055	27	6,42	2,940	1676	0,79	0,41	3,18	1,72
Em_14j100km	1,100	41	2,18	0,978	126	5,25	14,807	1709	0,82	0,58	3,02	2,14
Em_21j100km	1,508	33	2,25	1,189	132	5,32	14,066	1717	0,82	0,63	2,90	2,25
Em_28j100km	0,394	26	2,79	0,326	97	5,89	10,230	1724	0,81	0,73	2,74	2,49
Em_7j200km	3,763	37	1,94	3,407	251	5,08	18,063	1713	0,83	0,61	3,00	2,27
Em_14j200km	0,962	23	2,67	0,658	123	6,11	8,242	1727	0,81	0,75	2,67	2,48
Em_21j200km	0,731	22	2,79	0,865	141	6,22	10,500	1728	0,85	0,82	2,79	2,74
Em_28j200km	8,581	16	2,13	8,699	368	3,30	39,171	1734	0,85	0,94	2,53	2,79
Em_7j300km	37,865	27	0,63	37,928	2114	1,61	29,764	1723	0,85	0,71	2,86	2,34
Em_14j300km	49,754	15	0,86	49,285	1388	1,98	43,289	1735	0,84	0,96	2,45	2,78
Em_21j300km	44,721	13	0,99	44,219	1165	2,10	47,007	1737	0,83	1,06	2,32	2,93
Em_28j300km	40,784	11	0,59	41,390	1682	1,45	39,929	1739	0,82	1,08	2,18	2,87

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) % d'occupation du sol dans un rayon de 5 km autour de la ferme (centroïde du sous-district correspondant) caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

	Test t: p-value <sup>(1)</sup>	Cas: sous-districts "émergents"						Témoins: autres sous-districts				
		Nbre de cas	Valeur moy <sup>(2)</sup>	p-value <sup>(3)</sup>	Rang <sup>(4)</sup>	Ecart-type	p-value <sup>(5)</sup>	Nbre de témoins	Valeur moy <sup>(2)</sup>	Ecart-type	Moyenne des écart-types <sup>(6)</sup>	Ecart-type des écart-types <sup>(7)</sup>
Sous-distr infectés	6,00E-08	814	1,27	0	4001	4,81	4,42E-03	6596	2,85	0,24	7,20	0,61
Em_7j5km	6,26E-06	688	1,33	0	4001	5,03	0,063	6722	2,82	0,26	7,16	0,66
Em_14j5km	3,30E-05	662	1,38	5,00E-06	4001	5,12	0,153	6748	2,81	0,27	7,15	0,69
Em_21j5km	3,68E-05	652	1,38	4,00E-06	4001	5,12	0,156	6758	2,81	0,27	7,15	0,69
Em_28j5km	5,51E-05	643	1,39	1,10E-05	4001	5,15	0,230	6767	2,80	0,27	7,13	0,70
Em_7j10km	0,011	551	1,61	4,75E-03	4001	5,57	2,541	6859	2,76	0,29	7,08	0,78
Em_14j10km	0,313	479	1,83	0,230	4001	5,94	8,986	6931	2,74	0,32	7,04	0,83
Em_21j10km	0,651	438	1,87	0,417	3994	6,08	13,137	6972	2,73	0,33	7,04	0,86
Em_28j10km	1,075	411	1,90	0,748	3990	6,19	17,609	6999	2,72	0,34	7,02	0,89
Em_7j20km	7,858	320	2,13	7,211	3734	6,59	35,860	7090	2,70	0,39	6,96	1,01
Em_14j20km	5,480	258	1,99	4,758	3844	5,82	15,450	7152	2,71	0,43	6,99	1,15
Em_21j20km	8,900	224	2,05	8,076	3710	5,96	21,147	7186	2,69	0,45	6,92	1,20
Em_28j20km	16,391	207	2,21	15,618	3379	6,17	27,752	7203	2,69	0,47	6,92	1,26
Em_7j40km	16,872	180	2,18	16,247	3352	6,18	28,612	7230	2,69	0,52	6,95	1,37
Em_14j40km	45,775	130	2,74	46,422	1777	6,99	47,097	7280	2,69	0,62	6,87	1,63
Em_21j40km	43,538	109	2,79	42,352	1610	7,16	41,149	7301	2,66	0,65	6,77	1,74
Em_28j40km	22,916	91	3,22	22,798	880	7,73	30,459	7319	2,66	0,75	6,73	1,95
Em_7j60km	25,420	114	2,25	25,591	2916	6,00	32,066	7296	2,68	0,66	6,81	1,73
Em_14j60km	37,607	75	2,42	37,460	2353	6,45	45,223	7335	2,68	0,81	6,70	2,10
Em_21j60km	42,555	63	2,51	42,670	2162	6,77	48,187	7347	2,67	0,87	6,66	2,30
Em_28j60km	47,786	58	2,73	46,585	1695	7,02	42,670	7352	2,65	0,92	6,58	2,36
Em_7j100km	24,921	74	2,13	24,707	2951	6,42	44,180	7336	2,68	0,81	6,73	2,11
Em_14j100km	32,396	41	2,18	31,736	2593	5,25	32,370	7369	2,71	1,11	6,52	2,79
Em_21j100km	36,437	33	2,25	35,920	2359	5,32	36,547	7377	2,70	1,23	6,37	3,04
Em_28j100km	46,701	26	2,79	46,670	1629	5,89	46,310	7384	2,68	1,38	6,20	3,31
Em_7j300km	6,465	27	0,63	6,517	3912	1,61	7,926	7383	2,68	1,35	6,19	3,24
Em_14j300km	15,767	15	0,86	15,990	3502	1,98	17,565	7395	2,68	1,84	5,79	4,10
Em_21j300km	19,299	13	0,99	19,052	3310	2,10	19,777	7397	2,75	2,02	5,78	4,33
Em_28j300km	16,190	11	0,59	16,390	3513	1,45	18,557	7399	2,70	2,16	5,46	4,48

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) % d'occupation du sol dans un rayon de 5 km autour du centroïde du sous-district caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

**Facteur d'exposition : « poultry-type » canard**

	Khi2	Cas: fermes "émergentes"			Témoins: autres fermes			
		Nbre de cas	Fréquence <sup>(1)</sup>	p-value <sup>(2)</sup>	Rang <sup>(3)</sup>	Nbre de témoins	Fréquence <sup>(1)</sup>	Ecart-type
Em_7j5km	2,795	922	26,36	<b>0</b>		828	29,95	
Em_14j5km	<b>7,688</b>	809	24,85	<b>0</b>	4001	941	30,80	0,60
Em_21j5km	<b>10,726</b>	761	24,05	<b>0</b>	4001	989	31,14	0,81
Em_28j5km	<b>14,407</b>	724	23,20	<b>0</b>	4001	1026	31,47	0,97
Em_7j10km	5,617	687	24,89	<b>1,70E-05</b>	4001	1063	30,09	1,02
Em_14j10km	<b>13,150</b>	555	22,34	<b>1,00E-06</b>	4001	1195	30,72	1,47
Em_21j10km	<b>16,445</b>	489	21,06	<b>0</b>	4001	1261	30,74	1,64
Em_28j10km	<b>26,465</b>	446	18,61	<b>0</b>	4001	1304	31,32	1,79
Em_7j40km	<b>16,335</b>	187	15,51	<b>3,77E-04</b>	4001	1563	29,50	3,13
Em_14j40km	<b>17,609</b>	131	12,21	<b>5,02E-04</b>	4001	1619	29,35	3,88
Em_21j40km	<b>13,666</b>	110	12,73	<b>5,25E-03</b>	4001	1640	29,05	4,21
Em_28j40km	<b>10,516</b>	91	13,19	<b>0,027</b>	4001	1659	28,93	4,55
Em_7j60km	<b>12,523</b>	116	13,79	<b>0,009</b>	4001	1634	29,08	4,07
Em_14j60km	<b>8,738</b>	76	13,16	<b>0,117</b>	3996	1674	28,64	5,09
Em_21j60km	<b>7,965</b>	64	12,50	<b>0,210</b>	3994	1686	28,66	5,64
Em_28j60km	<b>7,597</b>	58	12,07	<b>0,255</b>	3989	1692	28,60	5,90
Em_7j100km	<b>9,671</b>	74	12,16	<b>0,093</b>	3998	1676	28,78	5,34
Em_14j100km	<b>6,966</b>	41	9,76	<b>0,387</b>	3986	1709	28,46	7,02
Em_21j100km	4,232	33	12,12	1,459	3982	1717	28,57	7,54
Em_28j100km	2,100	26	15,38	7,354	3846	1724	28,12	8,78
Em_7j200km	<b>7,452</b>	37	8,11	<b>0,294</b>	4000	1713	28,40	7,37
Em_14j200km	4,328	23	8,70	1,722	3915	1727	28,21	9,23
Em_21j200km	3,971	22	9,09	2,167	3978	1728	28,37	9,54
Em_28j200km	1,936	16	12,50	8,361	3472	1734	28,00	11,22
Em_7j300km	5,793	27	7,41	<b>0,741</b>	3994	1723	28,33	8,59
Em_14j300km	1,625	15	13,33	10,096	3790	1735	28,06	11,54
Em_21j300km	1,042	13	15,38	15,096	3674	1737	28,24	12,45
Em_28j300km	0,535	11	18,18	23,199	3444	1739	28,20	13,69

(1) Proportion de cas ou de témoins dont l'attribut "poultry type" correspond à la modalité étudiée

(2) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(3) Sur 4000 simulations

RQ: Les valeurs de Khi2 ou de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

**Facteur d'exposition : « poultry-type » poulet**

	Khi2	Cas: fermes "émergentes"				Témoins: autres fermes		
		Nbre de cas	Fréquence <sup>(1)</sup>	p-value <sup>(2)</sup>	Rang <sup>(3)</sup>	Nbre de témoins	Fréquence <sup>(1)</sup>	Ecart-type
Em_7j5km	3,544	922	70,61	<b>0</b>		828	66,43	
Em_14j5km	<b>8,249</b>	809	72,06	<b>0</b>	1	941	65,68	0,62
Em_21j5km	<b>10,878</b>	761	72,80	<b>0</b>	1	989	65,40	0,81
Em_28j5km	<b>14,283</b>	724	73,62	<b>0</b>	1	1026	65,11	0,96
Em_7j10km	5,646	687	71,91	<b>2,10E-05</b>	1	1063	66,51	1,07
Em_14j10km	<b>15,109</b>	555	74,96	<b>0</b>	1	1195	65,73	1,46
Em_21j10km	<b>17,471</b>	489	76,07	<b>0</b>	1	1261	65,71	1,66
Em_28j10km	<b>25,742</b>	446	78,25	<b>0</b>	1	1304	65,36	1,83
Em_7j40km	<b>14,285</b>	187	80,75	<b>1,44E-03</b>	1	1563	67,13	3,26
Em_14j40km	<b>18,712</b>	131	85,50	<b>2,09E-04</b>	1	1619	67,32	3,95
Em_21j40km	<b>15,435</b>	110	85,45	<b>1,50E-03</b>	1	1640	67,46	4,31
Em_28j40km	<b>13,016</b>	91	85,71	<b>9,32E-03</b>	1	1659	67,66	4,83
Em_7j60km	<b>11,521</b>	116	82,76	<b>0,015</b>	1	1634	67,66	4,17
Em_14j60km	<b>8,960</b>	76	84,21	<b>0,108</b>	7	1674	67,97	5,29
Em_21j60km	<b>7,650</b>	64	84,38	<b>0,182</b>	2	1686	67,92	5,66
Em_28j60km	<b>8,610</b>	58	86,21	<b>0,121</b>	2	1692	67,85	6,05
Em_7j100km	<b>8,243</b>	74	83,78	<b>0,134</b>	5	1676	67,94	5,28
Em_14j100km	5,463	41	85,37	<b>0,668</b>	11	1709	68,11	6,98
Em_21j100km	2,718	33	81,82	4,622	98	1717	68,51	7,91
Em_28j100km	1,807	26	80,77	8,791	509	1724	68,56	9,02
Em_7j200km	4,032	37	83,78	2,284	46	1713	68,40	7,70
Em_14j200km	2,116	23	82,61	6,606	137	1727	68,15	9,60
Em_21j200km	1,800	22	81,82	8,744	196	1728	68,34	9,94
Em_28j200km	1,195	16	81,25	14,241	331	1734	68,88	11,57
Em_7j300km	2,104	27	81,48	6,846	156	1723	68,56	8,69
Em_14j300km	0,156	15	73,33	34,731	1882	1735	68,66	11,92
Em_21j300km	0,002	13	69,23	47,957	1517	1737	68,57	12,91
Em_28j300km	0,086	11	72,73	36,968	1044	1739	68,10	13,90

(1) Proportion de cas ou de témoins dont l'attribut "poultry type" correspond à la modalité étudiée

(2) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(3) Sur 4000 simulations

RQ: Les valeurs de Khi2 ou de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

**Facteur d'exposition : « poultry-type » élevage domestique**

	Khi2	Cas: fermes "émergentes"				Témoins: autres fermes		
		Nbre de cas	Fréquence <sup>(1)</sup>	p-value <sup>(2)</sup>	Rang <sup>(3)</sup>	Nbre de témoins	Fréquence <sup>(1)</sup>	Ecart-type
Em_7j5km	0,293	922	60,09			828	61,35	
Em_14j5km	0,353	809	61,43	<b>1,289</b>	44	941	60,02	0,63
Em_21j5km	1,010	761	62,02	<b>0,272</b>	11	989	59,65	0,86
Em_28j5km	2,414	724	62,85	<b>0,012</b>	3	1026	59,18	1,00
Em_7j10km	8,30E-03	687	60,55	42,447	2387	1063	60,76	1,11
Em_14j10km	1,925	555	63,06	1,115	43	1195	59,57	1,53
Em_21j10km	2,765	489	63,80	<b>0,675</b>	29	1261	59,46	1,76
Em_28j10km	5,219	446	65,25	<b>0,056</b>	4	1304	59,10	1,89
Em_7j40km	0,512	187	63,10	20,012	900	1563	60,31	3,31
Em_14j40km	3,814	131	68,70	1,648	52	1619	60,02	4,07
Em_21j40km	3,476	110	69,09	2,557	122	1640	60,19	4,57
Em_28j40km	2,938	91	69,23	3,320	101	1659	60,16	4,94
Em_7j60km	1,216	116	65,52	12,621	603	1634	60,49	4,39
Em_14j60km	1,993	76	68,42	6,711	216	1674	60,10	5,56
Em_21j60km	0,679	64	65,63	19,389	628	1686	60,51	5,92
Em_28j60km	1,081	58	67,24	13,823	422	1692	60,35	6,33
Em_7j100km	0,991	74	66,22	14,587	719	1676	60,44	5,48
Em_14j100km	1,018	41	68,29	14,478	431	1709	60,37	7,48
Em_21j100km	1,00E-04	33	60,61	49,503	1770	1717	60,71	8,57
Em_28j100km	0,008	26	61,54	46,180	1561	1724	60,62	9,61
Em_7j300km	0,411	27	66,67	25,421	779	1723	60,55	9,25
Em_14j300km	0,343	15	53,33	28,465	3199	1735	60,52	12,62
Em_21j300km	1,159	13	46,15	13,553	3660	1737	61,05	13,54
Em_28j300km	0,175	11	54,55	33,904	2231	1739	60,64	14,67

(1) Proportion de cas ou de témoins dont l'attribut "poultry type" correspond à la modalité étudiée

(2) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(3) Sur 4000 simulations

RQ: Les valeurs de Khi2 ou de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

**Facteur d'exposition : « poultry-type » élevage de canards domestiques**

	Khi2	Cas: fermes "émergentes"				Témoins: autres fermes		
		Nbre de cas	Fréquence(1)	p-value(2)	Rang(3)	Nbre de témoins	Fréquence(1)	Ecart-type
Em_7j5km	6,221	922	0,54	<b>0</b>		828	1,81	
Em_14j5km	3,668	809	0,62	<b>0</b>	4001	941	1,59	0,17
Em_21j5km	2,813	761	0,66	<b>2,24E-03</b>	4001	989	1,52	0,21
Em_28j5km	2,236	724	0,69	<b>0,082</b>	3999	1026	1,46	0,24
Em_7j10km	3,146	687	0,58	<b>0,054</b>	4000	1063	1,50	0,28
Em_14j10km	1,282	555	0,72	4,231	3908	1195	1,34	0,36
Em_21j10km	0,634	489	0,82	12,675	3235	1261	1,26	0,39
Em_28j10km	0,321	446	0,90	20,852	2787	1304	1,24	0,42
Em_7j20km	0,406	363	0,83	20,995	3469	1387	1,22	0,49
Em_14j20km	7,80E-03	275	1,09	45,867	2567	1475	1,15	0,57
Em_21j20km	0,053	232	1,29	40,825	2046	1518	1,14	0,64
Em_28j20km	0,151	213	1,41	31,902	791	1537	1,10	0,66
Em_7j40km	0,395	187	1,60	23,460	543	1563	1,08	0,72
Em_14j40km	0,185	131	1,53	32,703	1781	1619	1,13	0,88
Em_21j40km	0,474	110	1,82	22,359	443	1640	1,09	0,95
Em_28j40km	0,946	91	2,20	14,155	1044	1659	1,08	1,04
Em_7j60km	0,372	116	1,72	26,022	1542	1634	1,12	0,93
Em_14j60km	0,021	76	1,32	43,601	849	1674	1,13	1,18
Em_21j60km	0,104	64	1,56	36,292	657	1686	1,11	1,30
Em_28j60km	0,179	58	1,72	31,064	1907	1692	1,07	1,31
Em_7j100km	0,030	74	1,35	43,078	813	1676	1,14	1,19
Em_14j100km	0,485	41	0	24,307	1519	1709	1,14	1,64
Em_21j100km	0,389	33	0	25,899	1334	1717	1,20	1,86
Em_28j100km	0,305	26	0	28,591	1068	1724	1,15	2,04
Em_7j300km	0,317	27	0	29,064	1032	1723	1,08	1,95
Em_14j300km	0,175	15	0	33,466	664	1735	1,20	2,81
Em_21j300km	0,151	13	0	35,209	539	1737	1,11	2,93
Em_28j300km	0,128	11	0	35,496	512	1739	1,22	3,28

(1) Proportion de cas ou de témoins dont l'attribut "poultry type" correspond à la modalité étudiée

(2) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(3) Sur 4000 simulations

RQ: Les valeurs de Khi2 ou de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

**Facteur d'exposition : « poultry-type » élevage de poulets domestiques**

	Khi2	Cas: fermes "émergentes"				Témoins: autres fermes		
		Nbre de cas	Fréquence(1)	p-value(2)	Rang(3)	Nbre de témoins	Fréquence(1)	Ecart-type
Em_7j5km	0,325	922	59,44	<b>0,685</b>		828	58,09	
Em_14j5km	2,524	809	60,82	<b>0</b>	1	941	57,06	0,64
Em_21j5km	3,662	761	61,37	<b>1,20E-05</b>	1	989	56,84	0,88
Em_28j5km	5,737	724	62,15	<b>1,00E-06</b>	1	1026	56,45	1,00
Em_7j10km	0,491	687	59,83	6,673	299	1063	58,14	1,13
Em_14j10km	4,210	555	62,34	<b>0,043</b>	4	1195	57,16	1,56
Em_21j10km	4,908	489	62,99	<b>0,043</b>	1	1261	57,15	1,75
Em_28j10km	<b>7,610</b>	446	64,35	<b>3,79E-03</b>	1	1304	56,95	1,87
Em_7j20km	4,422	363	63,64	<b>0,288</b>	7	1387	57,51	2,22
Em_14j20km	3,150	275	63,64	1,751	54	1475	57,88	2,73
Em_21j20km	3,248	232	64,22	1,935	89	1518	58,00	3,01
Em_28j20km	4,805	213	65,73	<b>0,507</b>	19	1537	57,80	3,08
Em_7j40km	0,629	187	61,50	18,942	860	1563	58,50	3,40
Em_14j40km	4,100	131	67,18	1,377	36	1619	58,08	4,13
Em_21j40km	3,478	110	67,27	2,366	118	1640	58,23	4,56
Em_28j40km	2,686	91	67,03	4,102	111	1659	58,40	4,97
Em_7j60km	1,279	116	63,79	11,954	559	1634	58,55	4,46
Em_14j60km	2,262	76	67,11	5,741	176	1674	58,30	5,59
Em_21j60km	0,759	64	64,06	18,026	587	1686	58,59	5,98
Em_28j60km	1,117	58	65,52	13,604	664	1692	58,41	6,47
Em_7j100km	1,173	74	64,86	13,009	410	1676	58,62	5,55
Em_14j100km	1,562	41	68,29	10,281	308	1709	58,61	7,65
Em_21j100km	0,045	33	60,61	41,488	1420	1717	58,76	8,57
Em_28j100km	0,082	26	61,54	39,337	1308	1724	58,93	9,63
Em_7j300km	0,701	27	66,67	19,585	582	1723	58,56	9,47
Em_14j300km	0,187	15	53,33	33,034	3036	1735	58,81	12,48
Em_21j300km	0,865	13	46,15	17,591	3554	1737	58,86	13,65
Em_28j300km	0,083	11	54,55	38,827	1994	1739	58,76	14,86

(1) Proportion de cas ou de témoins dont l'attribut "poultry type" correspond à la modalité étudiée

(2) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(3) Sur 4000 simulations

RQ: Les valeurs de Khi2 ou de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

**Facteur d'exposition : « poultry-type » canards « free-range »**

	Khi2	Cas: fermes "émergentes"				Témoins: autres fermes		
		Nbre de cas	Fréquence <sup>(1)</sup>	p-value <sup>(2)</sup>	Rang <sup>(3)</sup>	Nbre de témoins	Fréquence <sup>(1)</sup>	Ecart-type
Em_7j5km	1,042	922	1,95			828	1,33	
Em_14j5km	0,358	809	1,85	1,165	1	941	1,49	0,16
Em_21j5km	0,275	761	1,84	6,566	81	989	1,51	0,22
Em_28j5km	0,580	724	1,93	2,539	159	1026	1,46	0,24
Em_7j10km	0,384	687	1,89	7,816	151	1063	1,51	0,27
Em_14j10km	6,30E-03	555	1,62	44,936	2549	1195	1,67	0,40
Em_21j10km	1,90E-03	489	1,64	48,484	1621	1261	1,65	0,45
Em_28j10km	0,357	446	1,35	20,304	2891	1304	1,77	0,51
Em_7j40km	1,328	187	2,67	9,432	244	1563	1,56	0,85
Em_14j40km	0,015	131	1,53	45,870	2585	1619	1,64	1,06
Em_21j40km	0,403	110	0,91	24,755	2286	1640	1,71	1,18
Em_28j40km	0,184	91	1,10	33,699	3140	1659	1,65	1,32
Em_7j60km	3,40E-03	116	1,72	46,117	2294	1634	1,61	1,12
Em_14j60km	0,057	76	1,32	40,449	1436	1674	1,66	1,42
Em_21j60km	3,70E-03	64	1,56	47,939	1142	1686	1,64	1,56
Em_28j60km	1,70E-03	58	1,72	48,327	2538	1692	1,66	1,61
Em_7j100km	1,302	74	0	12,205	2938	1676	1,75	1,50
Em_14j100km	0,708	41	0	18,922	2089	1709	1,73	1,97
Em_21j100km	0,567	33	0	22,556	1703	1717	1,64	2,17
Em_28j100km	0,445	26	0	24,740	1466	1724	1,71	2,50
Em_7j300km	0,462	27	0	24,714	1481	1723	1,69	2,47
Em_14j300km	0,255	15	0	30,202	916	1735	1,67	3,21
Em_21j300km	0,221	13	0	31,385	825	1737	1,73	3,58
Em_28j300km	0,187	11	0	32,979	693	1739	1,70	3,85

(1) Proportion de cas ou de témoins dont l'attribut "poultry type" correspond à la modalité étudiée

(2) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(3) Sur 4000 simulations

RQ: Les valeurs de Khi2 ou de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

**Facteur d'exposition : « poultry-type » canards pondteurs**

	Khi2	Cas: fermes "émergentes"				Témoins: autres fermes		
		Nbre de cas	Fréquence(1)	p-value(2)	Rang(3)	Nbre de témoins	Fréquence(1)	Ecart-type
Em_7j5km	1,098	922	16,05			828	14,25	
Em_14j5km	0,019	809	15,33	30,374	1087	941	15,08	0,48
Em_21j5km	0,580	761	14,45	1,563	3911	989	15,80	0,62
Em_28j5km	3,112	724	13,40	<b>1,34E-03</b>	4001	1026	16,50	0,74
Em_7j10km	0,364	687	14,56	9,593	3669	1063	15,63	0,83
Em_14j10km	3,127	555	12,97	<b>0,216</b>	3997	1195	16,22	1,14
Em_21j10km	<b>7,396</b>	489	11,45	<b>4,43E-03</b>	4001	1261	16,68	1,33
Em_28j10km	<b>12,127</b>	446	10,09	<b>9,90E-05</b>	4001	1304	16,93	1,44
Em_7j20km	<b>14,484</b>	363	8,82	<b>8,90E-05</b>	4001	1387	16,91	1,70
Em_14j20km	<b>11,830</b>	275	8,36	<b>2,80E-03</b>	4001	1475	16,47	2,01
Em_21j20km	<b>14,306</b>	232	6,90	<b>1,01E-03</b>	4001	1518	16,53	2,26
Em_28j20km	<b>12,521</b>	213	7,04	<b>2,67E-03</b>	4001	1537	16,31	2,29
Em_7j40km	<b>11,051</b>	187	6,95	<b>0,010</b>	4001	1563	16,15	2,48
Em_14j40km	<b>9,083</b>	131	6,11	<b>0,069</b>	4000	1619	15,99	3,09
Em_21j40km	<b>7,110</b>	110	6,36	<b>0,275</b>	3999	1640	15,89	3,43
Em_28j40km	<b>7,015</b>	91	5,49	<b>0,302</b>	3999	1659	15,83	3,76
Em_7j60km	<b>6,645</b>	116	6,90	<b>0,308</b>	3990	1634	15,76	3,24
Em_14j60km	4,581	76	6,58	1,234	3983	1674	15,57	4,00
Em_21j60km	5,696	64	4,69	<b>0,753</b>	3971	1686	15,59	4,48
Em_28j60km	6,427	58	3,45	<b>0,473</b>	3983	1692	15,59	4,68
Em_7j100km	4,273	74	6,76	1,728	3926	1676	15,57	4,17
Em_14j100km	5,304	41	2,44	<b>0,874</b>	4000	1709	15,59	5,53
Em_21j100km	3,865	33	3,03	2,385	3995	1717	15,55	6,32
Em_28j100km	2,640	26	3,85	5,366	3704	1724	15,49	7,23
Em_7j300km	2,812	27	3,70	4,189	3960	1723	15,48	6,81
Em_14j300km	0,855	15	6,67	18,044	2762	1735	15,22	9,36
Em_21j300km	0,573	13	7,69	22,251	3548	1737	15,38	10,06
Em_28j300km	0,321	11	9,09	28,028	3383	1739	15,37	10,79

(1) Proportion de cas ou de témoins dont l'attribut "poultry type" correspond à la modalité étudiée

(2) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(3) Sur 4000 simulations

RQ: Les valeurs de Khi2 ou de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

**Facteur d'exposition : « poultry-type » poules pondeuses**

	Khi2	Cas: fermes "émergentes"			Témoins: autres fermes			
		Nbre de cas	Fréquence <sup>(1)</sup>	p-value <sup>(2)</sup>	Rang <sup>(3)</sup>	Nbre de témoins	Fréquence <sup>(1)</sup>	Ecart-type
Em_7j5km	3,121	922	5,53	<b>0</b>		828	3,74	
Em_14j5km	5,243	809	5,93	<b>0</b>	1	941	3,62	0,25
Em_21j5km	5,568	761	6,04	<b>0</b>	1	989	3,64	0,32
Em_28j5km	4,345	724	5,94	<b>1,00E-06</b>	1	1026	3,81	0,38
Em_7j10km	5,163	687	6,11	<b>3,00E-06</b>	1	1063	3,77	0,44
Em_14j10km	<b>9,976</b>	555	7,03	<b>0</b>	1	1195	3,60	0,57
Em_21j10km	<b>10,883</b>	489	7,36	<b>1,00E-06</b>	1	1261	3,66	0,66
Em_28j10km	<b>13,398</b>	446	7,85	<b>0</b>	1	1304	3,60	0,71
Em_7j20km	<b>11,190</b>	363	7,99	<b>6,60E-05</b>	1	1387	3,82	0,86
Em_14j20km	<b>16,614</b>	275	9,45	<b>2,00E-06</b>	1	1475	3,80	1,03
Em_21j20km	<b>16,368</b>	232	9,91	<b>1,20E-05</b>	1	1518	3,90	1,17
Em_28j20km	<b>7,697</b>	213	8,45	<b>0,029</b>	5	1537	4,16	1,25
Em_7j30km	<b>15,772</b>	250	9,60	<b>1,10E-05</b>	1	1500	3,86	1,11
Em_14j30km	<b>11,960</b>	184	9,78	<b>2,16E-03</b>	1	1566	4,10	1,39
Em_21j30km	<b>9,488</b>	155	9,68	<b>0,014</b>	5	1595	4,19	1,51
Em_28j30km	<b>2,932</b>	129	7,75	<b>2,974</b>	237	1621	4,43	1,76
Em_7j40km	<b>16,930</b>	187	10,70	<b>1,80E-05</b>	1	1563	3,96	1,32
Em_14j40km	<b>8,699</b>	131	9,92	<b>0,058</b>	6	1619	4,27	1,74
Em_21j40km	<b>3,212</b>	110	8,18	<b>2,634</b>	237	1640	4,45	1,93
Em_28j40km	<b>1,943</b>	91	7,69	<b>7,705</b>	492	1659	4,57	2,19
Em_7j60km	<b>8,909</b>	116	10,34	<b>0,044</b>	15	1634	4,28	1,82
Em_14j60km	<b>3,642</b>	76	9,21	<b>2,177</b>	209	1674	4,49	2,34
Em_21j60km	<b>5,814</b>	64	10,94	<b>0,440</b>	25	1686	4,47	2,47
Em_28j60km	<b>4,302</b>	58	10,34	<b>1,454</b>	183	1692	4,48	2,69
Em_7j100km	<b>9,671</b>	74	12,16	<b>0,037</b>	5	1676	4,34	2,32
Em_14j100km	<b>2,417</b>	41	9,76	<b>5,321</b>	146	1709	4,53	3,24
Em_21j100km	<b>4,164</b>	33	12,12	<b>1,764</b>	228	1717	4,53	3,61
Em_28j100km	<b>6,764</b>	26	15,38	<b>0,504</b>	130	1724	4,68	4,16
Em_7j300km	<b>6,300</b>	27	14,81	<b>0,469</b>	120	1723	4,52	3,96
Em_14j300km	<b>7,945</b>	15	20,00	<b>0,184</b>	12	1735	4,54	5,32
Em_21j300km	<b>9,919</b>	13	23,08	<b>0,038</b>	54	1737	4,38	5,55
Em_28j300km	<b>4,515</b>	11	18,18	<b>1,316</b>	349	1739	4,51	6,15

(1) Proportion de cas ou de témoins dont l'attribut "poultry type" correspond à la modalité étudiée

(2) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(3) Sur 4000 simulations

RQ: Les valeurs de Khi2 ou de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins

sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

**Facteur d'exposition : « poultry-type » poulets de chair**

	Khi2	Cas: fermes "émergentes"				Témoins: autres fermes		
		Nbre de cas	Fréquence <sup>(1)</sup>	p-value <sup>(2)</sup>	Rang <sup>(3)</sup>	Nbre de témoins	Fréquence <sup>(1)</sup>	Ecart-type
Em_7j5km	0,987	922	5,64			828	4,59	
Em_14j5km	0,092	809	5,32	12,392	686	941	4,99	0,28
Em_21j5km	0,165	761	5,39	12,308	651	989	4,95	0,38
Em_28j5km	0,369	724	5,52	6,281	161	1026	4,87	0,43
Em_7j10km	1,578	687	5,97	<b>0,201</b>	3	1063	4,61	0,47
Em_14j10km	0,327	555	5,59	17,008	548	1195	4,95	0,66
Em_21j10km	0,473	489	5,73	14,996	491	1261	4,92	0,77
Em_28j10km	1,018	446	6,05	7,078	371	1304	4,84	0,83
Em_7j20km	0,791	363	6,06	11,997	590	1387	4,92	0,97
Em_14j20km	0,065	275	5,45	38,663	1734	1475	5,11	1,19
Em_21j20km	0,116	232	5,60	35,995	1652	1518	5,12	1,34
Em_28j20km	0,120	213	5,63	35,048	1629	1537	5,10	1,38
Em_7j30km	1,642	250	6,80	6,078	362	1500	4,88	1,24
Em_14j30km	0,801	184	6,52	15,502	779	1566	4,99	1,51
Em_21j30km	1,331	155	7,10	9,560	279	1595	4,96	1,64
Em_28j30km	1,943	129	7,75	6,420	398	1621	4,94	1,85
Em_7j40km	5,000	187	8,56	<b>0,377</b>	44	1563	4,71	1,44
Em_14j40km	3,074	131	8,40	2,559	185	1619	4,87	1,81
Em_21j40km	5,676	110	10,00	<b>0,433</b>	27	1640	4,83	1,97
Em_28j40km	<b>6,725</b>	91	10,99	<b>0,223</b>	39	1659	4,81	2,17
Em_7j60km	3,080	116	8,62	2,680	84	1634	4,92	1,92
Em_14j60km	1,233	76	7,89	11,688	665	1674	4,98	2,45
Em_21j60km	2,439	64	9,38	5,024	164	1686	4,99	2,67
Em_28j60km	3,328	58	10,34	2,663	255	1692	4,96	2,79
Em_7j100km	0,413	74	6,76	25,081	679	1676	5,09	2,49
Em_14j100km	0,407	41	7,32	25,020	599	1709	5,05	3,36
Em_21j100km	1,075	33	9,09	14,162	922	1717	5,08	3,74
Em_28j100km	0,091	26	3,85	38,130	1576	1724	5,16	4,34
Em_7j300km	1,487	27	0	11,096	3049	1723	5,22	4,27
Em_14j300km	0,820	15	0	18,014	2219	1735	5,30	5,79
Em_21j300km	0,710	13	0	19,397	2019	1737	5,13	5,94
Em_28j300km	0,600	11	0	21,863	1798	1739	5,34	6,88

(1) Proportion de cas ou de témoins dont l'attribut "poultry type" correspond à la modalité étudiée

(2) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(3) Sur 4000 simulations

RQ: Les valeurs de Khi2 ou de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins

sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

**Facteur d'exposition : densité de fermes à canards**

	Test t: p-value <sup>(1)</sup>	Cas: fermes "émergentes"					Témoins: autres fermes					
		Nbre de cas	Valeur moy <sup>(2)</sup>	p-value <sup>(3)</sup>	Rang <sup>(4)</sup>	Ecart-type	p-value <sup>(5)</sup>	Nbre de témoins	Valeur moy <sup>(2)</sup>	Ecart-type	Moyenne des écart-types <sup>(6)</sup>	Ecart-type des écart-types <sup>(7)</sup>
Em_7j5km	8,053	922	0,66	<b>0</b>		1,16		810	0,73			
Em_14j5km	3,045	809	0,64	<b>0</b>	4001	1,19	2,32E-06	922	0,74	0,01	1,01	0,03
Em_21j5km	1,621	761	0,63	<b>0</b>	4001	1,20	8,44E-04	970	0,74	0,02	1,01	0,04
Em_28j5km	3,587	724	0,63	<b>5,70E-05</b>	4001	1,22	5,87E-04	1007	0,73	0,02	1,00	0,05
Em_7j10km	<b>0,350</b>	687	0,60	<b>0</b>	4001	1,09	45,437	1045	0,75	0,02	1,10	0,10
Em_14j10km	<b>0,202</b>	555	0,58	<b>3,40E-05</b>	4001	1,12	38,925	1176	0,74	0,03	1,08	0,13
Em_21j10km	<b>0,698</b>	489	0,59	<b>7,56E-03</b>	4001	1,16	24,920	1242	0,73	0,04	1,06	0,14
Em_28j10km	<b>0,943</b>	446	0,58	<b>0,033</b>	4001	1,17	24,273	1282	0,73	0,04	1,06	0,15
Em_7j40km	30,319	187	0,73	27,560	1054	1,57	1,058	1538	0,69	0,07	1,01	0,24
Em_14j40km	22,376	131	0,76	19,335	760	1,74	0,261	1594	0,69	0,09	1,00	0,27
Em_21j40km	34,995	110	0,73	33,147	1251	1,81	0,341	1615	0,69	0,09	1,01	0,30
Em_28j40km	42,109	91	0,71	41,515	1516	1,95	0,117	1634	0,69	0,11	0,99	0,32
Em_7j60km	1,452	116	0,91	<b>0,555</b>	46	1,89	0,068	1609	0,68	0,09	0,98	0,28
Em_14j60km	1,287	76	0,97	<b>0,675</b>	65	2,13	0,027	1649	0,68	0,12	0,97	0,33
Em_21j60km	<b>0,361</b>	64	1,05	<b>0,112</b>	26	2,31	5,97E-03	1661	0,67	0,12	0,96	0,35
Em_28j60km	<b>0,851</b>	58	1,03	<b>0,442</b>	70	2,40	6,09E-03	1667	0,68	0,13	0,96	0,37
Em_7j100km	<b>3,29E-03</b>	74	1,19	<b>2,76E-04</b>	3	2,26	6,64E-03	1651	0,67	0,12	0,96	0,34
Em_14j100km	<b>1,30E-04</b>	41	1,48	<b>1,20E-05</b>	1	2,78	1,67E-04	1683	0,67	0,16	0,93	0,40
Em_21j100km	<b>4,35E-05</b>	33	1,62	<b>4,00E-06</b>	1	3,05	8,20E-05	1691	0,67	0,18	0,93	0,44
Em_28j100km	<b>1,76E-06</b>	26	1,86	<b>0</b>	2	3,37	1,54E-05	1698	0,68	0,20	0,93	0,48
Em_7j300km	<b>3,15E-05</b>	27	1,73	<b>4,00E-06</b>	2	3,26	1,89E-05	1697	0,68	0,20	0,92	0,46
Em_14j300km	<b>2,10E-07</b>	15	2,34	<b>0</b>	1	4,18	2,00E-08	1709	0,67	0,26	0,87	0,53
Em_21j300km	<b>3,30E-07</b>	13	2,44	<b>0</b>	1	4,45	0	1711	0,68	0,28	0,86	0,55
Em_28j300km	<b>1,64E-04</b>	11	2,23	<b>4,70E-05</b>	9	4,81	0	1713	0,69	0,31	0,86	0,59

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) Densités de fermes à canards des sous-districts caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ1: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

RQ2: En raison de valeurs manquantes dans certains sous-districts, les nombres de témoins sont inférieurs à la normale

**Facteur d'exposition : densité de fermes à poulets**

	Test t: p-value(1)	Cas: fermes "émergentes"					Témoins: autres fermes					
		Nbre de cas	Valeur moy(2)	p-value(3)	Rang(4)	Ecart-type	p-value(5)	Nbre de témoins	Valeur moy(2)	Ecart-type	Moyenne des écart-types(6)	Ecart-type des écart-types(7)
Em_7j5km	12,136	922	2,78	<b>4,80E-05</b>		4,25		810	3,00			
Em_14j5km	8,978	809	2,74	<b>0</b>	4001	4,38		922	3,00	0,04	3,56	0,06
Em_21j5km	1,490	761	2,65	<b>0</b>	4001	4,12	2,348	970	3,06	0,06	3,83	0,15
Em_28j5km	2,912	724	2,67	<b>4,80E-05</b>	4001	4,17	1,538	1007	3,03	0,07	3,80	0,17
Em_7j10km	1,565	687	2,63	<b>1,70E-05</b>	4001	4,31	0,016	1045	3,05	0,08	3,71	0,17
Em_14j10km	1,466	555	2,58	<b>3,57E-03</b>	4001	4,54	3,26E-03	1176	3,02	0,11	3,65	0,22
Em_21j10km	<b>0,883</b>	489	2,52	<b>9,16E-03</b>	4001	4,30	7,103	1242	3,02	0,13	3,81	0,33
Em_28j10km	<b>0,331</b>	446	2,44	<b>7,09E-03</b>	4001	3,86	39,237	1282	3,04	0,16	3,97	0,42
Em_7j40km	17,178	187	2,62	13,857	3426	4,54	15,496	1538	2,91	0,27	3,83	0,69
Em_14j40km	17,731	131	2,57	15,734	3352	4,63	16,592	1594	2,91	0,34	3,83	0,82
Em_21j40km	12,133	110	2,45	10,400	3614	4,70	15,184	1615	2,91	0,36	3,81	0,86
Em_28j40km	13,113	91	2,43	11,699	3583	4,99	9,717	1634	2,90	0,39	3,77	0,94
Em_7j60km	20,187	116	3,18	17,257	661	5,36	2,754	1609	2,86	0,34	3,74	0,84
Em_14j60km	32,543	76	3,08	30,990	1157	5,39	5,246	1649	2,87	0,43	3,76	1,01
Em_21j60km	24,629	64	3,22	23,914	946	5,81	2,864	1661	2,87	0,49	3,73	1,09
Em_28j60km	26,265	58	3,21	25,269	934	6,08	1,766	1667	2,87	0,50	3,72	1,12
Em_7j100km	1,498	74	3,86	<b>0,935</b>	82	6,02	1,146	1651	2,83	0,44	3,70	1,02
Em_14j100km	<b>0,366</b>	41	4,52	<b>0,212</b>	34	6,90	0,367	1683	2,84	0,59	3,61	1,23
Em_21j100km	<b>0,157</b>	33	4,90	<b>0,098</b>	16	7,58	0,170	1691	2,85	0,66	3,61	1,35
Em_28j100km	<b>0,039</b>	26	5,47	<b>0,020</b>	20	8,40	0,059	1698	2,84	0,74	3,55	1,49
Em_7j300km	<b>0,128</b>	27	5,16	<b>0,099</b>	28	8,26	0,125	1697	2,87	0,74	3,60	1,54
Em_14j300km	<b>0,005</b>	15	6,85	<b>2,64E-03</b>	14	10,49	2,31E-03	1709	2,85	0,99	3,40	1,74
Em_21j300km	<b>0,002</b>	13	7,42	<b>5,50E-04</b>	9	11,17	5,79E-04	1711	2,82	1,05	3,30	1,79
Em_28j300km	<b>0,073</b>	11	6,67	<b>0,050</b>	38	11,68	1,59E-03	1713	2,86	1,16	3,35	2,00

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) Densités de fermes à poulets des sous-districts caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ1: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

RQ2: En raison de valeurs manquantes dans certains sous-districts, les nombres de témoins sont inférieurs à la normale

**Facteur d'exposition : densité de canards**

	Test t: p-value(1)	Cas: fermes "émergentes"					Témoins: autres fermes					
		Nbre de cas	Valeur moy(2)	p-value(3)	Rang(4)	Ecart-type	p-value(5)	Nbre de témoins	Valeur moy(2)	Ecart-type	Moyenne des écart-types(6)	Ecart-type des écart-types(7)
Em_7j5km	0,040	922	361,90	0		932,28		810	555,39			
Em_14j5km	8,41E-03	809	336,71	0	4001	891,64	0	922	554,47	17,08	1413,60	54,89
Em_21j5km	2,73E-03	761	321,22	0	4001	878,50	0	970	555,48	23,58	1395,70	76,10
Em_28j5km	5,61E-03	724	321,17	0	4001	894,23	5,46E-06	1007	546,03	27,27	1370,88	89,75
Em_7j10km	9,23E-04	687	300,30	0	4001	880,88	5,54E-05	1045	551,58	30,47	1359,34	98,21
Em_14j10km	3,80E-05	555	245,39	0	4001	779,86	1,40E-03	1176	549,31	41,64	1338,57	133,34
Em_21j10km	1,85E-05	489	219,54	0	4001	614,47	1,15E-04	1242	544,06	47,42	1347,62	155,16
Em_28j10km	1,59E-04	446	225,16	0	4001	636,68	1,81E-03	1282	532,29	50,41	1328,12	167,39
Em_7j40km	0,142	187	205,37	0,056	4001	584,86	1,759	1538	483,83	85,43	1217,64	300,43
Em_14j40km	0,244	131	168,82	0,149	4001	541,67	3,897	1594	477,92	104,08	1185,40	365,19
Em_21j40km	0,698	110	180,27	0,489	4001	587,42	7,478	1615	470,96	112,52	1163,25	399,58
Em_28j40km	0,921	91	163,75	0,784	4001	605,09	10,868	1634	470,91	127,13	1153,93	444,91
Em_7j60km	1,332	116	213,84	0,896	3993	598,50	6,671	1609	468,57	107,62	1168,77	379,98
Em_14j60km	4,565	76	225,00	3,959	3965	694,70	17,956	1649	464,21	136,26	1128,27	472,78
Em_21j60km	6,541	64	229,83	5,795	3906	750,25	24,265	1661	459,45	146,05	1102,51	504,81
Em_28j60km	5,653	58	206,73	5,447	3954	747,84	26,472	1667	459,39	157,62	1083,47	533,72
Em_7j100km	7,596	74	256,74	7,066	3845	716,39	19,369	1651	464,57	141,29	1136,28	485,78
Em_14j100km	18,677	41	287,59	18,327	3287	873,55	38,274	1683	461,86	192,99	1056,63	613,77
Em_21j100km	28,283	33	333,63	28,060	2674	966,76	47,167	1691	455,33	209,46	1013,36	655,77
Em_28j100km	42,222	26	406,85	42,608	1872	1081,23	44,324	1698	451,59	240,09	979,48	712,73
Em_7j300km	35,486	27	367,27	35,300	2249	1046,95	46,067	1697	453,62	228,91	979,26	685,49
Em_14j300km	38,973	15	539,47	37,695	1053	1361,85	26,611	1709	443,56	305,91	866,83	792,53
Em_21j300km	30,836	13	619,28	30,646	874	1453,26	23,493	1711	451,37	331,88	858,74	822,65
Em_28j300km	24,258	11	705,35	22,676	650	1575,18	18,237	1713	443,31	349,58	813,23	840,67

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) Densités de canards des sous-districts caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ1: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

RQ2: En raison de valeurs manquantes dans certains sous-districts, les nombres de témoins sont inférieurs à la normale

**Facteur d'exposition : densité de poulets**

	Test t: p-value(1)	Cas: fermes "émergentes"					Témoins: autres fermes					
		Nbre de cas	Valeur moy(2)	p-value(3)	Rang(4)	Ecart-type	p-value(5)	Nbre de témoins	Valeur moy(2)	Ecart-type	Moyenne des écart-types(6)	Ecart-type des écart-types(7)
Em_7j5km	8,346	922	1270,14	<b>0</b>		3128,42		810	1478,41			
Em_14j5km	1,412	809	1191,32	<b>0</b>	4001	2987,07	5,372	922	1521,07	40,83	3234,92	153,97
Em_21j5km	3,906	761	1217,87	<b>2,00E-05</b>	4001	3066,20	30,957	970	1485,44	52,80	3168,49	205,79
Em_28j5km	5,705	724	1227,31	<b>4,79E-03</b>	4001	3129,67	48,100	1007	1467,30	61,52	3118,24	239,88
Em_7j10km	6,106	687	1223,95	<b>0,023</b>	4001	3332,28	8,279	1045	1460,54	67,61	2971,10	260,49
Em_14j10km	6,678	555	1203,06	<b>0,538</b>	3987	3333,50	18,196	1176	1444,51	94,67	3008,48	357,99
Em_21j10km	8,142	489	1199,97	1,364	3950	3464,89	11,130	1242	1434,38	106,19	2967,72	407,64
Em_28j10km	5,130	446	1159,24	<b>0,918</b>	3977	3127,84	46,790	1282	1439,86	118,99	3089,44	476,79
Em_7j40km	48,637	187	1375,39	48,774	1857	4032,50	8,178	1538	1369,02	207,35	2889,76	820,21
Em_14j40km	32,284	131	1247,03	31,476	2635	3339,18	34,443	1594	1371,68	258,40	2921,09	1044,18
Em_21j40km	25,457	110	1177,21	24,087	2974	3429,78	31,189	1615	1378,43	286,03	2886,20	1108,20
Em_28j40km	23,213	91	1134,09	22,253	3053	3687,46	23,188	1634	1372,99	312,85	2820,05	1183,89
Em_7j60km	20,567	116	1137,26	18,891	3253	3223,69	38,618	1609	1384,18	279,97	2911,92	1077,71
Em_14j60km	38,328	76	1263,67	38,301	2285	3900,50	18,962	1649	1367,77	349,83	2786,42	1266,99
Em_21j60km	44,872	64	1318,45	44,946	1979	4205,32	14,042	1661	1366,68	379,68	2753,45	1346,30
Em_28j60km	44,464	58	1311,68	43,183	1997	4386,07	12,059	1667	1379,92	397,44	2759,07	1388,17
Em_7j100km	30,129	74	1182,46	28,899	2724	3915,95	20,253	1651	1378,71	352,75	2827,38	1307,41
Em_14j100km	38,871	41	1504,61	38,154	1230	5145,59	5,059	1683	1359,54	481,24	2613,39	1544,79
Em_21j100km	35,415	33	1570,06	32,949	1049	5687,38	2,742	1691	1346,36	506,86	2540,20	1639,02
Em_28j100km	24,101	26	1796,70	23,531	748	6375,73	1,467	1698	1366,21	596,68	2502,84	1777,46
Em_7j300km	18,449	27	1905,36	15,852	561	6275,53	1,121	1697	1338,14	566,89	2434,67	1682,36
Em_14j300km	3,983	15	2779,76	3,673	247	8366,22	0,115	1709	1359,44	793,48	2296,94	1990,43
Em_21j300km	3,335	13	2955,89	2,938	206	8999,52	0,050	1711	1363,41	842,63	2274,36	2042,95
Em_28j300km	1,631	11	3380,95	1,640	204	9791,68	0,036	1713	1368,42	942,82	2232,51	2236,07

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) Densités de poulets des sous-districts caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ1: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

RQ2: En raison de valeurs manquantes dans certains sous-districts, les nombres de témoins sont inférieurs à la normale

**Facteur d'exposition : densité de canards pondéurs**

	Test t: p-value(1)	Cas: fermes "émergentes"					Témoins: autres fermes					
		Nbre de cas	Valeur moy(2)	p-value(3)	Rang(4)	Ecart-type	p-value(5)	Nbre de témoins	Valeur moy(2)	Ecart-type	Moyenne des écart-types(6)	Ecart-type des écart-types(7)
Em_7j5km	0,238	922	264,05	0		791,82		810	408,40			
Em_14j5km	0,139	809	250,04	0	4001	766,61	0	922	403,17	15,58	1264,29	60,86
Em_21j5km	0,038	761	234,59	0	4001	748,48	3,00E-08	970	407,07	21,12	1249,60	80,97
Em_28j5km	0,052	724	232,86	0	4001	760,32	5,12E-05	1007	401,63	24,41	1227,05	95,50
Em_7j10km	5,06E-03	687	209,24	0	4001	730,88	2,13E-04	1045	411,53	27,81	1224,50	107,35
Em_14j10km	5,45E-04	555	168,36	0	4001	656,42	7,89E-03	1176	407,16	36,90	1190,46	141,33
Em_21j10km	1,01E-04	489	138,76	0	4001	420,78	8,47E-05	1242	405,71	42,22	1205,78	163,98
Em_28j10km	4,66E-04	446	140,11	2,00E-06	4001	433,65	2,71E-03	1282	398,06	47,09	1185,32	186,20
Em_7j40km	0,341	187	133,20	0,177	4001	396,04	1,688	1538	356,96	76,71	1073,10	318,95
Em_14j40km	0,883	131	119,86	0,669	4001	416,64	5,639	1594	348,87	92,58	1025,67	384,03
Em_21j40km	2,063	110	131,46	1,629	4000	451,92	8,940	1615	346,50	100,61	1012,34	416,83
Em_28j40km	2,575	91	120,38	2,325	3998	442,92	11,809	1634	340,94	110,78	981,06	454,30
Em_7j60km	3,205	116	155,12	2,477	3983	464,69	8,152	1609	348,05	98,24	1028,47	404,17
Em_14j60km	8,054	76	164,47	7,557	3852	532,29	18,702	1649	340,68	122,75	971,86	494,49
Em_21j60km	10,824	64	170,39	10,353	3766	573,51	23,944	1661	337,89	132,76	948,25	529,21
Em_28j60km	9,298	58	150,03	8,709	3868	543,59	23,486	1667	339,56	139,48	932,60	538,09
Em_7j100km	11,257	74	184,93	10,345	3726	551,97	20,301	1651	338,68	121,82	968,13	500,84
Em_14j100km	20,723	41	197,75	20,274	3171	633,72	34,199	1683	334,55	164,45	880,56	606,42
Em_21j100km	31,005	33	240,83	30,313	2525	701,43	40,518	1691	335,82	184,29	857,03	648,44
Em_28j100km	44,365	26	302,49	44,021	1778	781,66	47,930	1698	333,59	206,79	817,16	684,02
Em_7j300km	37,074	27	264,77	37,200	2100	738,78	45,429	1697	330,80	202,20	817,13	682,36
Em_14j300km	42,957	15	380,47	44,160	1217	944,53	40,090	1709	339,08	281,74	745,26	793,88
Em_21j300km	35,924	13	437,99	34,533	942	1006,95	33,683	1711	325,20	283,42	685,55	763,17
Em_28j300km	29,347	11	505,83	28,977	755	1088,05	30,320	1713	330,27	316,86	668,22	814,87

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) Densités de canards pondéurs des sous-districts caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ1: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

RQ2: En raison de valeurs manquantes dans certains sous-districts, les nombres de témoins sont inférieurs à la normale

**Facteur d'exposition : densité de poules pondeuses**

	Test t: p-value <sup>(1)</sup>	Cas: fermes "émergentes"						Témoins: autres fermes				
		Nbre de cas	Valeur moy <sup>(2)</sup>	p-value <sup>(3)</sup>	Rang <sup>(4)</sup>	Ecart-type	p-value <sup>(5)</sup>	Nbre de témoins	Valeur moy <sup>(2)</sup>	Ecart-type	Moyenne des écart-types <sup>(6)</sup>	Ecart-type des écart-types <sup>(7)</sup>
Em_7j5km	42,290	922	382,21	22,149		2061,53		810	399,01			
Em_14j5km	2,554	809	300,12	<b>0</b>	4001	1857,34	4,423	922	468,37	21,40	1727,42	76,27
Em_21j5km	4,456	761	307,14	<b>6,00E-06</b>	4001	1910,75	1,529	970	454,70	27,87	1689,69	102,23
Em_28j5km	5,257	724	307,48	<b>1,07E-03</b>	4001	1953,28	0,851	1007	448,53	33,19	1660,15	1660,15
Em_7j10km	37,142	687	372,58	19,044	3226	2179,03	4,00E-08	1045	401,63	33,16	1484,83	113,09
Em_14j10km	12,307	555	317,04	1,342	3954	2167,86	0,062	1176	424,34	48,47	1576,60	183,16
Em_21j10km	10,102	489	302,11	1,341	3953	2232,85	0,077	1242	425,60	55,77	1578,08	206,67
Em_28j10km	14,701	446	313,18	3,939	3864	2327,73	0,035	1282	418,14	59,71	1553,75	228,17
Em_7j40km	37,154	187	349,52	35,381	2435	1856,85	37,665	1538	395,27	122,00	1627,84	728,67
Em_14j40km	36,941	131	339,89	36,022	2387	2025,17	28,104	1594	391,85	145,20	1557,86	806,03
Em_21j40km	30,316	110	304,85	30,240	2636	2016,78	28,957	1615	390,36	165,24	1533,00	872,26
Em_28j40km	36,195	91	325,46	35,359	2368	2212,67	21,011	1634	392,06	177,29	1496,90	888,02
Em_7j60km	34,455	116	325,77	32,650	2543	1981,31	31,248	1609	397,83	160,26	1566,84	847,85
Em_14j60km	47,336	76	376,66	47,342	1854	2407,63	15,542	1649	389,60	194,00	1463,15	931,94
Em_21j60km	41,616	64	436,71	41,585	1316	2625,36	11,616	1661	390,71	216,41	1432,44	998,77
Em_28j60km	40,016	58	448,69	40,028	1272	2756,05	10,233	1667	391,48	226,46	1426,25	1048,42
Em_7j100km	45,617	74	412,57	44,873	1477	2458,74	14,930	1651	386,57	201,70	1455,16	965,49
Em_14j100km	25,565	41	571,84	23,904	731	3245,71	4,270	1683	386,06	261,88	1331,70	1112,66
Em_21j100km	17,257	33	681,98	17,203	528	3619,25	2,740	1691	390,62	307,93	1287,17	1214,38
Em_28j100km	9,378	26	850,08	7,944	320	4077,28	0,942	1698	380,44	333,34	1188,89	1229,82
Em_7j300km	5,514	27	936,79	4,527	226	4022,40	1,044	1697	384,13	326,52	1218,92	1213,46
Em_14j300km	1,115	15	1443,79	<b>0,648</b>	111	5365,20	0,043	1709	384,04	426,43	1045,41	1296,23
Em_21j300km	<b>0,508</b>	13	1663,77	<b>0,221</b>	77	5761,06	0,021	1711	371,38	454,03	980,00	1356,90
Em_28j300km	<b>0,188</b>	11	1951,86	<b>0,132</b>	71	6263,67	0,014	1713	373,74	524,71	932,54	1464,97

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) Densités de poules pondeuses des sous-districts caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ1: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

RQ2: En raison de valeurs manquantes dans certains sous-districts, les nombres de témoins sont inférieurs à la normale

**Facteur d'exposition : densité de poulets de chair**

	Test t: p-value <sup>(1)</sup>	Cas: fermes "émergentes"						Témoins: autres fermes				
		Nbre de cas	Valeur moy <sup>(2)</sup>	p-value <sup>(3)</sup>	Rang <sup>(4)</sup>	Ecart-type	p-value <sup>(5)</sup>	Nbre de témoins	Valeur moy <sup>(2)</sup>	Ecart-type	Moyenne des écart-types <sup>(6)</sup>	Ecart-type des écart-types <sup>(7)</sup>
Em_7j5km	11,235	922	772,17	<b>0</b>		2119,18		810	915,71			
Em_14j5km	16,030	809	776,78	<b>0,018</b>	3993	2188,90	0,203	922	894,24	32,94	2663,03	164,96
Em_21j5km	27,432	761	799,47	4,981	3756	2244,50	5,551	970	870,18	42,94	2598,20	221,94
Em_28j5km	32,491	724	807,87	14,569	3388	2286,51	15,332	1007	861,68	51,00	2553,83	261,49
Em_7j10km	10,141	687	746,52	<b>0,385</b>	3981	2217,41	9,518	1045	900,82	57,90	2589,86	284,42
Em_14j10km	25,597	555	783,01	14,200	3429	2364,36	39,416	1176	865,49	76,99	2467,73	384,97
Em_21j10km	33,138	489	798,40	26,001	2906	2461,19	44,961	1242	853,94	86,33	2405,91	436,45
Em_28j10km	18,401	446	749,26	10,719	3587	1812,18	6,264	1282	872,91	99,59	2601,94	515,16
Em_7j40km	31,382	187	921,98	28,020	1060	3187,75	10,320	1538	827,73	161,88	2217,73	767,71
Em_14j40km	44,264	131	809,82	43,925	2027	1782,09	30,774	1594	841,56	207,60	2284,48	1000,24
Em_21j40km	39,691	110	780,34	40,255	2156	1734,13	32,492	1615	837,79	232,83	2223,28	1077,48
Em_28j40km	32,069	91	722,80	31,948	2538	1784,33	35,970	1634	844,04	258,40	2193,45	1138,78
Em_7j60km	26,175	116	699,02	25,398	2875	1415,60	20,183	1609	843,39	218,08	2271,97	1025,45
Em_14j60km	40,105	76	770,52	39,617	2162	1655,13	33,173	1649	844,92	282,61	2191,37	1232,32
Em_21j60km	41,101	64	771,79	40,878	2072	1721,90	38,082	1661	841,14	300,63	2103,46	1257,93
Em_28j60km	38,781	58	749,18	38,364	2162	1751,11	39,372	1667	845,50	325,49	2109,28	1328,38
Em_7j100km	22,600	74	629,41	21,775	3072	1566,20	30,579	1651	855,53	289,95	2204,66	1257,28
Em_14j100km	41,946	41	762,54	42,387	1938	1995,03	49,611	1683	833,86	371,42	1981,29	1410,61
Em_21j100km	39,094	33	722,32	39,062	2085	2122,55	45,026	1691	840,96	427,22	1931,80	1525,82
Em_28j100km	42,794	26	752,75	42,780	1861	2309,21	39,450	1698	841,04	485,15	1875,48	1620,72
Em_7j300km	45,248	27	783,59	44,880	1793	2314,38	39,390	1697	844,91	476,49	1883,46	1600,96
Em_14j300km	34,273	15	1095,49	35,128	885	3020,94	23,236	1709	846,73	651,43	1700,15	1806,62
Em_21j300km	39,664	13	1017,57	39,644	1005	3189,05	19,851	1711	843,57	662,71	1654,80	1811,50
Em_28j300km	32,168	11	1181,63	30,674	751	3465,66	14,258	1713	824,13	707,76	1546,59	1795,52

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) Densités de poulets de chair des sous-districts caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ1: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

RQ2: En raison de valeurs manquantes dans certains sous-districts, les nombres de témoins sont inférieurs à la normale

**Facteur d'exposition : densité de poulets « native »**

	Test t: p-value(1)	Cas: fermes "émergentes"					Témoins: autres fermes					
		Nbre de cas	Valeur moy(2)	p-value(3)	Rang(4)	Ecart-type	p-value(5)	Nbre de témoins	Valeur moy(2)	Ecart-type	Moyenne des écart-types(6)	Ecart-type des écart-types(7)
Em_7j5km	7,48E-03	922	115,76	0		174,57		810	163,69			
Em_14j5km	0,021	809	114,43	0	4001	179,72	0	922	159,04	3,99	317,80	14,80
Em_21j5km	7,95E-03	761	111,26	0	4001	173,72	0	970	159,40	5,27	315,26	19,06
Em_28j5km	0,022	724	111,96	0	4001	175,82	4,30E-07	1007	157,04	6,17	309,95	23,30
Em_7j10km	9,27E-04	687	104,85	0	4001	167,09	8,20E-07	1045	160,02	6,73	308,36	25,02
Em_14j10km	6,55E-03	555	103,00	1,00E-06	4001	175,90	0,045	1176	154,55	9,10	292,26	35,06
Em_21j10km	6,04E-03	489	99,47	9,00E-06	4001	161,95	0,062	1242	153,38	10,34	290,09	39,69
Em_28j10km	5,59E-03	446	96,80	2,40E-05	4001	150,41	0,061	1282	152,58	11,07	288,24	42,61
Em_7j40km	2,948	187	103,88	1,769	3977	186,31	14,569	1538	143,20	18,69	264,55	74,16
Em_14j40km	3,222	131	97,32	2,413	3974	164,96	15,183	1594	141,04	22,14	253,90	86,47
Em_21j40km	2,865	110	92,02	2,268	3984	169,98	18,750	1615	141,84	24,89	253,76	94,43
Em_28j40km	2,561	91	85,82	2,204	3992	164,02	20,652	1634	140,80	27,31	247,76	102,30
Em_7j60km	13,779	116	112,47	12,327	3562	179,16	21,596	1609	140,10	23,84	251,91	92,56
Em_14j60km	23,086	76	116,49	22,137	3067	193,77	32,219	1649	139,08	29,44	244,10	109,02
Em_21j60km	19,086	64	109,95	18,622	3249	190,33	33,982	1661	139,01	32,57	238,14	115,77
Em_28j60km	23,630	58	113,80	23,400	3007	199,05	38,221	1667	138,40	33,89	234,76	119,18
Em_7j100km	47,077	74	140,48	47,296	1666	204,13	36,164	1651	138,43	30,17	243,31	110,68
Em_14j100km	21,627	41	170,24	21,296	784	244,74	44,520	1683	137,27	41,41	226,22	134,43
Em_21j100km	27,291	33	165,76	27,816	921	244,69	44,573	1691	138,70	45,99	224,92	144,94
Em_28j100km	13,954	26	193,86	13,669	546	268,51	36,803	1698	137,25	51,69	216,93	153,02
Em_7j300km	17,702	27	184,97	18,196	634	265,95	37,920	1697	138,25	51,46	219,01	152,63
Em_14j300km	6,590	15	240,48	6,163	338	333,46	22,172	1709	137,25	66,98	201,82	171,76
Em_21j300km	3,074	13	274,55	4,090	303	346,81	22,597	1711	140,51	77,02	205,04	188,47
Em_28j300km	8,428	11	247,46	8,548	344	343,05	19,968	1713	138,30	79,73	191,16	180,23

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) Densités de poulets de type "native" des sous-districts caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ1: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

RQ2: En raison de valeurs manquantes dans certains sous-districts, les nombres de témoins sont inférieurs à la normale

**Facteur d'exposition : densité de population**

	Test t: p-value <sup>(1)</sup>	Cas: fermes "émergentes"						Témoins: autres fermes				
		Nbre de cas	Valeur moy <sup>(2)</sup>	p-value <sup>(3)</sup>	Rang <sup>(4)</sup>	Ecart-type	p-value <sup>(5)</sup>	Nbre de témoins	Valeur moy <sup>(2)</sup>	Ecart-type	Moyenne des écart-types <sup>(6)</sup>	Ecart-type des écart-types <sup>(7)</sup>
Em_7j5km	18,886	922	311,73	0,028		760,39	0	828	340,77			
Em_14j5km	26,703	809	314,45	0,425	3967	793,00	0	941	335,00	7,81	581,77	21,66
Em_21j5km	32,981	761	317,22	6,826	3735	814,69	0	989	332,05	9,96	570,76	27,65
Em_28j5km	37,557	724	319,27	16,716	3315	833,86	0	1026	330,09	11,21	561,94	31,19
Em_7j10km	29,723	687	314,59	9,062	3618	834,30	0	1063	332,21	13,18	571,03	36,53
Em_14j10km	30,506	555	313,17	17,847	3270	840,57	0,049	1195	330,68	19,00	597,90	73,66
Em_21j10km	19,864	489	303,13	8,332	3680	803,46	3,437	1261	334,48	22,66	632,39	93,99
Em_28j10km	9,607	446	288,82	2,491	3941	785,04	8,017	1304	337,89	25,02	644,58	100,04
Em_7j40km	35,846	187	308,24	33,219	2560	927,10	4,355	1563	327,84	45,19	627,95	174,85
Em_14j40km	11,446	131	255,97	9,528	3704	725,76	36,147	1619	331,07	57,38	644,43	229,41
Em_21j40km	12,853	110	253,55	11,017	3634	776,81	28,759	1640	330,64	62,89	636,98	249,49
Em_28j40km	19,745	91	265,76	17,882	3261	851,97	19,942	1659	329,68	69,49	623,31	271,02
Em_7j60km	48,826	116	323,66	48,416	1917	832,33	21,080	1634	326,06	60,60	636,10	244,17
Em_14j60km	44,682	76	335,79	44,072	1568	941,21	12,609	1674	324,48	75,81	606,83	292,01
Em_21j60km	41,558	64	343,47	41,241	1445	1007,98	9,222	1686	325,09	83,04	596,11	310,33
Em_28j60km	35,500	58	358,50	34,611	1186	1058,29	7,469	1692	324,42	86,10	591,00	324,11
Em_7j100km	31,524	74	363,11	30,751	1124	953,70	12,051	1676	324,43	76,92	607,82	295,01
Em_14j100km	25,122	41	254,32	24,942	2841	282,46	22,141	1709	327,74	108,57	580,45	388,29
Em_21j100km	17,623	33	215,27	17,708	3404	158,25	16,546	1717	325,32	118,77	551,65	404,62
Em_28j100km	25,633	26	237,87	25,075	2814	169,45	19,851	1724	329,82	136,81	548,08	447,06
Em_7j300km	31,114	27	260,80	30,605	2453	215,26	22,466	1723	327,22	130,98	540,90	430,42
Em_14j300km	32,351	15	244,54	32,046	2275	156,34	25,717	1735	329,32	181,76	486,67	506,57
Em_21j300km	33,066	13	242,25	32,794	2244	164,22	27,855	1737	330,01	196,95	473,75	527,16
Em_28j300km	35,148	11	246,68	35,354	2015	177,49	31,000	1739	320,99	197,75	431,25	511,77

(1) Calcul habituel de la p-value selon le test de comparaison de moyennes de Student

(2) Densités de population des sous-districts caractérisant les cas ou les témoins

(3) Calcul de la p-value selon la méthode de Monte-Carlo (p-value retenue pour l'analyse graphique)

(4) Sur 4000 simulations

(5) P-value correspondant au test de comparaison entre écart-types (entre les cas et les valeurs simulées sur les témoins)

(6) Moyenne calculée sur l'ensemble des simulations effectuées, traduisant la variabilité moyenne des 4000 sous-ensembles simulés

(7) Ecart-type traduisant la variabilité des valeurs d'écart-type obtenues pour les différents sous-ensembles simulés

RQ1: Les valeurs de p-value traduisant une différence significative entre cas et témoins sont surlignées en jaune (risque fixé à 1%)

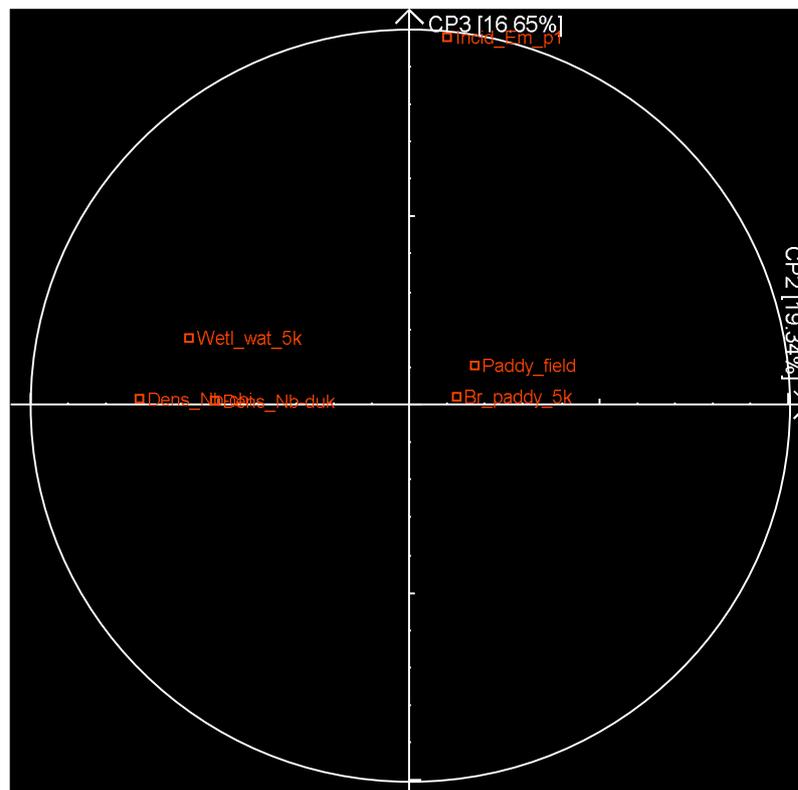
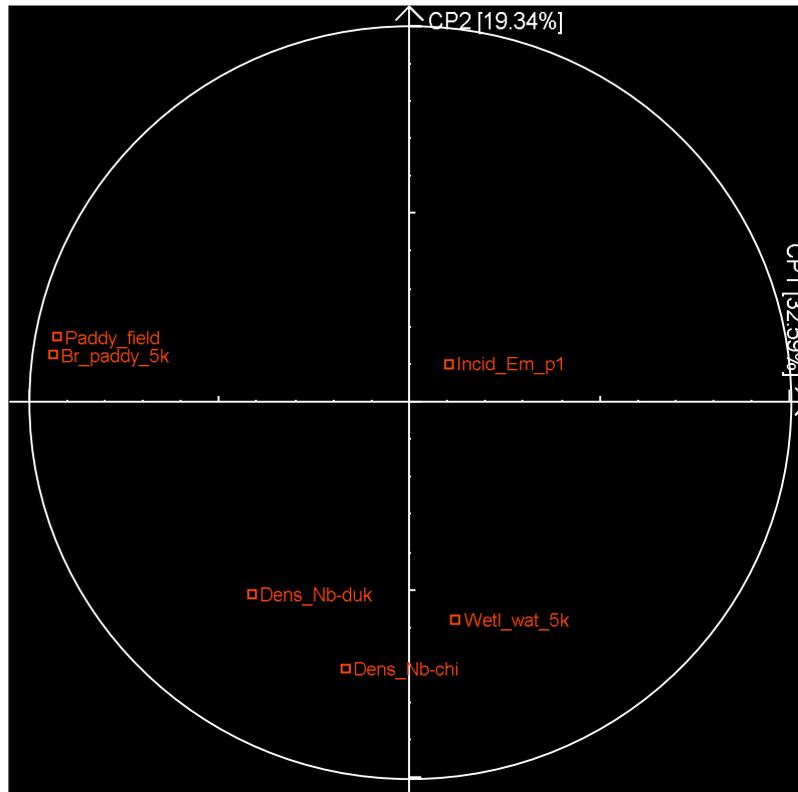
RQ2: En raison de valeurs manquantes dans certains sous-districts, les nombres de témoins sont inférieurs à la normale

## Annexe 6 : Essais d'analyses multi-factorielles, quelques résultats

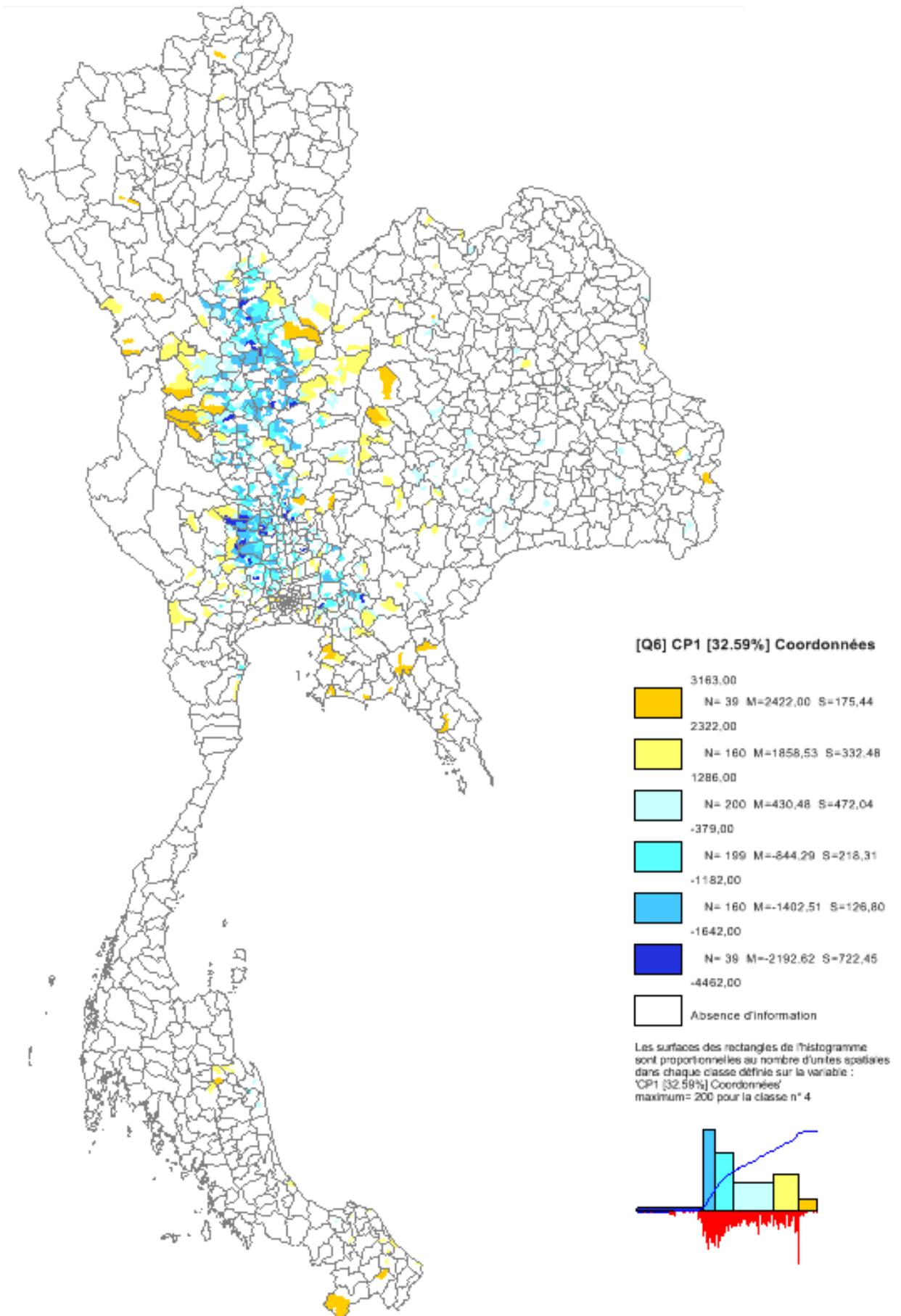
ACP, 6 variables analysées :

Wetl\_wat, Paddy\_field, Br\_paddy, Dens\_Nb-duck, Dens\_Nb-chick, Incid\_Em

Graphes factoriels :



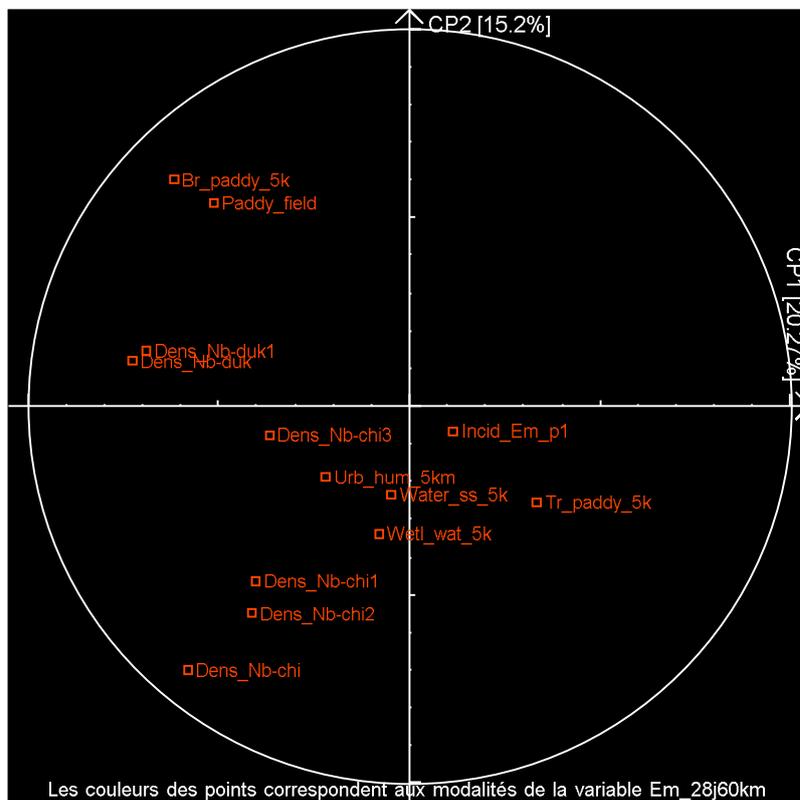
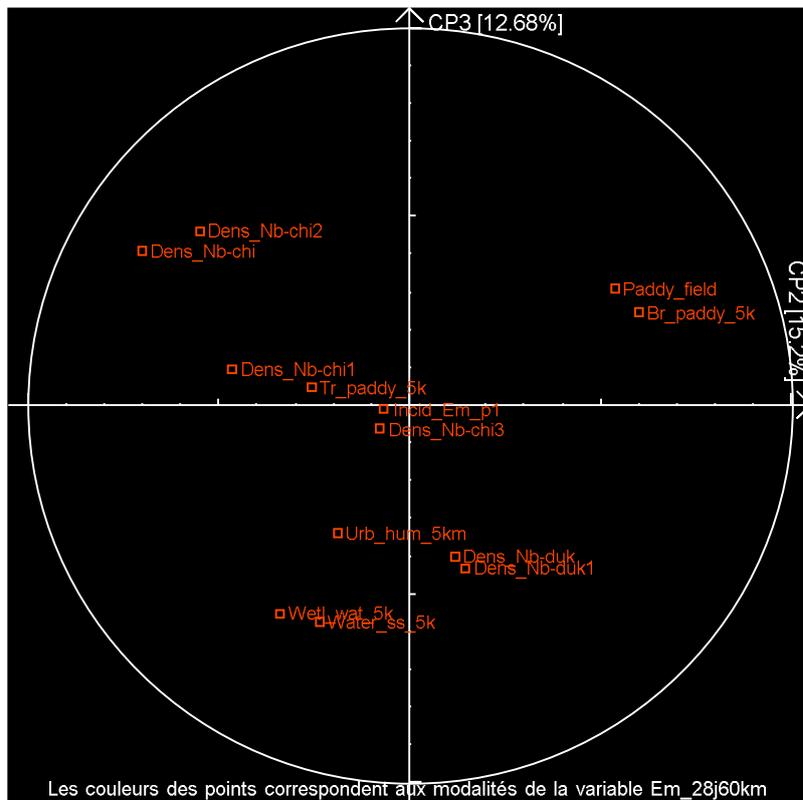
Distribution spatiale des valeurs de projection du facteur 1 de l'ACP, à l'échelle des sous-districts :



ACP, 13 variables analysées :

Wetl\_wat, Water\_ss, Paddy\_field, Br\_paddy, Tr\_paddy, Urb\_hum, Dens\_Nb-duck, Dens\_Nb-ducklay, Dens\_Nb-chick, Dens\_Nb-chicklay, Dens\_Nb-chickbroi, Dens\_Nb-chicknat, Incid\_Em

Graphes factoriels :



## RÉSUMÉ

### Approche géographique du risque d'émergence de l'influenza aviaire à H5N1 au sein des élevages de volailles de Thaïlande

L'influenza aviaire hautement pathogène (HPAI) du type H5N1 constitue toujours un danger majeur pour la santé humaine comme animale, tandis que les mécanismes d'émergence et de ré-émergence de la maladie restent largement méconnus. Plusieurs études antérieures se sont intéressées au processus de diffusion du virus et ont mis en évidence certains facteurs de risque associés à la maladie en général, sans que les foyers émergents ne soient étudiés à part entière. En vue de contrôler efficacement la propagation des épizooties chez les volailles, l'une des actions prioritaires consiste à présent à identifier et à caractériser les lieux d'émergence et leur contexte environnemental et humain. Dans cette étude rétrospective, des données épidémiologiques de Thaïlande, pays qui a connu des vagues épizootiques successives importantes et qui a mis en place un système de report des cas positifs depuis 2004, sont utilisées pour analyser le processus d'émergence au travers d'une approche spatiale. Cette étude complète les travaux relatifs au caractère aléatoire de la distribution spatiale des foyers d'émergence, menés par Souris M. et al. en 2007-2008. Après intégration des données dans un système d'information géographique, les lieux d'émergence sont séparés des sites où le virus diffuse ultérieurement au moyen de méthodes de sélection faisant intervenir la date, la position, et l'arrangement géographique des foyers. Une analyse de la discrimination entre ces deux groupes de foyers est conduite pour différentes combinaisons de temps et de distance, au moyen de tests géostatistiques et de divers facteurs environnementaux. Cette procédure permet d'identifier la combinaison discriminant le mieux les sites d'émergence. Le fait de distinguer les processus d'émergence et de diffusion permet, dans une dernière phase d'analyse, de mettre en évidence d'éventuels facteurs environnementaux ou anthropiques liés à une augmentation du risque d'émergence, tels que les zones rizicoles de la Plaine centrale de Thaïlande où se concentrait auparavant une forte activité de libre parcours des canards. Bien que le potentiel d'introduction du virus par les oiseaux sauvages ne peut être ignoré dans d'autres contextes, nos résultats suggèrent que l'émergence du virus dans les unités de production avicole de Thaïlande est probablement davantage liée à des pratiques humaines d'élevage et commerciales spécifiques ou occasionnelles. D'une manière générale, l'étude a démontré l'utilité d'une approche spatio-temporelle et environnementale combinée pour la caractérisation des lieux d'émergence et de ré-émergence, ouvrant des perspectives nouvelles dans l'analyse du risque d'HPAI.

## SUMMARY

### Spatial analysis of H5N1 avian influenza emergence in poultry production units in Thailand

The highly pathogenic avian influenza (HPAI) H5N1 virus remains a worldwide threat to human and animal health, while the mechanisms and factors explaining its epizootic emergence and re-emergence are largely unknown. Several past studies have analysed virus spread and have identified a few risk factors associated to disease occurrence globally, without focusing on emerging foci. In order to efficiently control the dissemination of the epizootics in poultry, the most important action consists now in the identification and characterization of emergence sites, including their environment and human contexts. Data from Thailand, a country that experienced significant epizootic waves and has recorded positive cases of HPAI since 2004, are used here to study the process of emergence through a spatial approach. This work completes the analyses conducted by Souris M. et al. in 2007-2008 with regard to randomness of spatial distribution of emergence foci. After data integration in a geographic information system, sites where epizootics originate are filtered from those to which virus subsequently spreads using screening procedures that involve date, location and geographical arrangement of epizootic cases. Discrimination of both groups of foci is analyzed for different combinations of time and distance, using geostatistical tests and several environmental factors. The most suitable combination for the identification of emergence sites is consequently determined. Distinguishing the process of emergence from the dissemination one allows us in a last stage to identify potential environmental or anthropogenic conditions that are specifically associated to an increasing risk of emergence, such as rice paddies localized along the Central plains of Thailand and which previously supported "free-grazing duck" activity. Although the potential of virus introduction by wild birds cannot be ignored in other contexts, our results suggest that poultry infection emergence is more likely associated with specific human (commercial and raising) practices. Finally, using spatio-temporal analysis and environmental factors for the characterization of emergence or reemergence sites appears to be a suitable approach to improve the statistical analysis on HPAI risk in the future.