



HAL
open science

Épidémiologie spatiale du risque d'influenza aviaire H9N2 en Tunisie

Marie Le Comte

► **To cite this version:**

Marie Le Comte. Épidémiologie spatiale du risque d'influenza aviaire H9N2 en Tunisie. Médecine vétérinaire et santé animale. 2015. dumas-04210958

HAL Id: dumas-04210958

<https://dumas.ccsd.cnrs.fr/dumas-04210958v1>

Submitted on 19 Sep 2023

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

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

EPIDEMIOLOGIE SPATIALE DU RISQUE D'INFLUENZA AVIAIRE H9N2 EN TUNISIE

THESE
pour obtenir le grade de
DOCTEUR VETERINAIRE

DIPLOME D'ETAT

*présentée et soutenue publiquement
devant l'Université Paul-Sabatier de Toulouse*

par

LE COMTE Marie

Directeur de thèse : Mme Mathilde PAUL

JURY

PRESIDENT :
Mme Christine ROQUES

Professeur à l'Université Paul-Sabatier de TOULOUSE

ASSESEURS :
Mme Mathilde PAUL
M. Jean-Luc GUERIN

Maître de Conférences à l'Ecole Nationale Vétérinaire de TOULOUSE
Professeur à l'Ecole Nationale Vétérinaire de TOULOUSE

**Ministère de l'Agriculture de l'Agroalimentaire et de la Forêt
ECOLE NATIONALE VETERINAIRE DE TOULOUSE**

Directrice : **Madame Isabelle CHMITELIN**

PROFESSEURS CLASSE EXCEPTIONNELLE

- M. **AUTEFAGE André**, *Pathologie chirurgicale*
- Mme **CLAUW Martine**, *Pharmacie-Toxicologie*
- M. **CONCORDET Didier**, *Mathématiques, Statistiques, Modélisation*
- M. **DELVERDIER Maxence**, *Anatomie Pathologique*
- M. **ENJALBERT Francis**, *Alimentation*
- M. **FRANC Michel**, *Parasitologie et Maladies parasitaires*
- M. **MARTINEAU Guy**, *Pathologie médicale du Bétail et des Animaux de Basse-cour*
- M. **PETIT Claude**, *Pharmacie et Toxicologie*
- M. **REGNIER Alain**, *Physiopathologie oculaire*
- M. **SHELCHER François**, *Pathologie médicale du Bétail et des Animaux de Basse-cour*

PROFESSEURS 1° CLASSE

- M. **BERTAGNOLI Stéphane**, *Pathologie infectieuse*
- M. **BERTHELOT Xavier**, *Pathologie de la Reproduction*
- M. **BOUSQUET-MELOU Alain**, *Physiologie et Thérapeutique*
- M. **DUCOS Alain**, *Zootecnie*
- M. **FOUCRAS Gilles**, *Pathologie des ruminants*
- Mme **GAYRARD-TROY Véronique**, *Physiologie de la Reproduction, Endocrinologie*
- Mme **HAGEN-PICARD, Nicole**, *Pathologie de la reproduction*
- M. **LEFEBVRE Hervé**, *Physiologie et Thérapeutique*
- M. **MEYER Gilles**, *Pathologie des ruminants*
- M. **SANS Pierre**, *Productions animales*
- Mme **TRUMEL Catherine**, *Biologie Médicale Animale et Comparée*

PROFESSEURS 2° CLASSE

- M. **BAILLY Jean-Denis**, *Hygiène et Industrie des aliments*
- Mme **BENARD Geneviève**, *Hygiène et Industrie des Denrées alimentaires d'Origine animale*
- Mme **BOURGES-ABELLA Nathalie**, *Histologie, Anatomie pathologique*
- M. **BRUGERE Hubert**, *Hygiène et Industrie des aliments d'Origine animale*
- Mme **CHASTANT-MAILLARD Sylvie**, *Pathologie de la Reproduction*
- M. **GUERRE Philippe**, *Pharmacie et Toxicologie*
- M. **GUERIN Jean-Luc**, *Aviculture et pathologie aviaire*
- M. **JACQUIET Philippe**, *Parasitologie et Maladies Parasitaires*
- M. **LIGNEREUX Yves**, *Anatomie*
- M. **PICAVET Dominique**, *Pathologie infectieuse*

PROFESSEURS CERTIFIES DE L'ENSEIGNEMENT AGRICOLE

- Mme **MICHAUD Françoise**, *Professeur d'Anglais*
- M. **SEVERAC Benoît**, *Professeur d'Anglais*

MAITRES DE CONFERENCES HORS CLASSE

- M. **BERGONIER Dominique**, *Pathologie de la Reproduction*
- Mme **BOUCLAINVILLE-CAMUS Christelle**, *Biologie cellulaire et moléculaire*
- Mlle **BOULLIER Séverine**, *Immunologie générale et médicale*
- Mlle **DIQUELOU Armelle**, *Pathologie médicale des Equidés et des Carnivores*
- M. **DOSSIN Olivier**, *Pathologie médicale des Equidés et des Carnivores*
- M. **JOUGLAR Jean-Yves**, *Pathologie médicale du Bétail et des Animaux de Basse-cour*
- Mme **LETRON-RAYMOND Isabelle**, *Anatomie pathologique*
- M. **LYAZRHI Faouzi**, *Statistiques biologiques et Mathématiques*
- M. **MATHON Didier**, *Pathologie chirurgicale*
- Mme **PRIYMENKO Nathalie**, *Alimentation*

MAITRES DE CONFERENCES (classe normale)

- M. **ASIMUS Erik**, *Pathologie chirurgicale*
- Mme **BENNIS-BRET Lydie**, *Physique et Chimie biologiques et médicales*
- Mlle **BIBBAL Delphine**, *Hygiène et Industrie des Denrées alimentaires d'Origine animale*
- Mme **BOUHSIRA Emilie**, *Parasitologie, maladies parasitaires*
- Mlle **CADIERGUES Marie-Christine**, *Dermatologie*
- M. **CONCHOU Fabrice**, *Imagerie médicale*
- M. **CORBIERE Fabien**, *Pathologie des ruminants*
- M. **CUEVAS RAMOS Gabriel**, *Chirurgie Equine*
- Mme **DANIELS Hélène**, *Microbiologie-Pathologie infectieuse*
- Mlle **DEVIERS Alexandra**, *Anatomie-Imagerie*
- M. **DOUET Jean-Yves**, *Ophthalmologie vétérinaire et comparée*
- Mlle **FERRAN Aude**, *Physiologie*
- M. **GUERIN Jean-Luc**, *Elevage et Santé avicoles et cunicoles*
- M. **JAEG Jean-Philippe**, *Pharmacie et Toxicologie*
- Mlle **LACROUX Caroline**, *Anatomie Pathologique des animaux de rente*
- Mlle **LAVOUE Rachel**, *Médecine Interne*
- M. **LIENARD Emmanuel**, *Parasitologie et maladies parasitaires*
- M. **MAILLARD Renaud**, *Pathologie des Ruminants*
- Mme **MEYNADIER Annabelle**, *Alimentation*
- Mme **MEYNAUD-COLLARD Patricia**, *Pathologie Chirurgicale*
- M. **MOGICATO Giovanni**, *Anatomie, Imagerie médicale*
- M. **NOUVEL Laurent**, *Pathologie de la reproduction (en disponibilité)*
- Mlle **PALIERNE Sophie**, *Chirurgie des animaux de compagnie*
- Mlle **PAUL Mathilde**, *Epidémiologie, gestion de la santé des élevages avicoles et porcins*
- Mme **PRADIER Sophie**, *Médecine interne des équidés*
- M. **RABOISSON Didier**, *Productions animales (ruminants)*
- M. **VOLMER Romain**, *Microbiologie et Infectiologie*
- M. **VERWAERDE Patrick**, *Anesthésie, Réanimation*
- Mme **WASET-SZKUTA Agnès**, *Production et pathologie porcine*

MAITRES DE CONFERENCES et AGENTS CONTRACTUELS

- M. **DAHAN Julien**, *Médecine Interne*

ASSISTANTS D'ENSEIGNEMENT ET DE RECHERCHE CONTRACTUELS

- Mme **COSTES Laura**, *Hygiène et industrie des aliments*
- Mme **LALLEMAND Elodie**, *Chirurgie des Equidés*
- M. **TANIS Jean-Benoît**, *Anatomie – Imagerie Médicale*

REMERCIEMENTS

À notre jury de thèse,

Madame Christine Roques

Professeur des Universités

Praticien Hospitalier

Université Paul Sabatier, Toulouse

Qui nous fait l'honneur d'accepter la présidence de notre jury de thèse.

Hommages respectueux.

Madame la Docteur Mathilde Paul

Maître de conférences à l'École Nationale Vétérinaire de Toulouse

Épidémiologie, gestion de la santé des élevages avicoles et porcins

Qui a accepté d'encadrer ce travail et de me guider tout au long de sa réalisation. Pour sa disponibilité et sa patience au cours de l'élaboration de ce manuscrit.

Sincères remerciements.

Monsieur le Professeur Jean-Luc Guérin

Professeur à l'École Nationale Vétérinaire de Toulouse

Aviculture et Pathologie Aviaire

Qui nous fait l'honneur de participer à notre jury de thèse.

DÉDICACES

À ma mère. Ton amour inconditionnel et infini m'a offert une enfance merveilleuse et les bases les plus solides pour grandir, on ne peut rêver d'une meilleure maman. Pour ça et pour tout le reste, merci. J'aurais aimé avoir la chance de connaître aussi la femme que tu étais, et de devenir ton amie. Le regret sera éternel. Je sais que tu aurais été extrêmement fière de moi aujourd'hui (ça aurait probablement même été assez embarrassant !), et ça me réchauffe le cœur. Je t'aime autant que tu me manques, plus que je ne saurais le dire.

À mon père. Merci de tenir le cap et d'honorer de manière si incroyable la promesse chuchotée ce si triste soir. J'espère avoir hérité de toi le meilleur : l'art de raconter des histoires, le goût de l'aventure et la mauvaise foi. Tu as toujours été mon héros, je t'aime autant que je t'admire.

À Françoise, que j'ai toujours considérée comme la mère que j'aurais voulu avoir...si la mienne n'avait pas déjà été absolument exceptionnelle ! Merci pour cette présence chaleureuse, même de loin. Je sais que, quoi qu'il arrive, je trouverais toujours chez toi une vraie maison.

Aux Biwanes : Céline, Sam, Yannis, Aurél, Juju, Marine, Ophélie, Tifenn, Clémentine, Kévin, Sophie, Jean, Antoine, Guillaume, Camille et Yannou. Vous êtes ma famille et vous m'avez sauvé la vie. Je pourrais (et devrais !) écrire une thèse entière de remerciements pour chacun d'entre vous, mais celle-ci m'a déjà donné du fil à retordre, alors je vais faire simple : merci pour ces milliards de moments inoubliables (même si certains ont parfois été oubliés.. !) et pour tous ceux à venir, bien plus nombreux.

À mes supers vétos. Merci pour ces 5 formidables années. J'avais une trouille terrible de ne plus être avec tous mes Biwanes chéris en arrivant dans cette école, et puis je suis tombée sur vous. Que pouvais-je espérer de mieux ?

Loulou-la-frite, merci pour ces deux années de colocation parfaites (tu es la seule personne au monde dont Frank soit jaloux !), merci pour ta motivation éternelle pour tout, merci pour ces voyages au bout du monde ou à Clermont-le-fort, merci pour ces fous-rires permanents (« J'ai une super idée ! »), merci pour ces soirées à re-re-re-regarder FPCFPC...mais pas merci de ne jamais me laisser gagner à Catane !
Bref, merci pour cette amitié qui m'est si chère et qui j'espère (vraiment) durera toujours. A-t-on déjà vu Tic abandonner Tac ? ☺

Sarah, merci pour tous ces « check points » et ces errances de boum, merci pour ces milliards de thés bus chez toi, merci pour toutes ces confidences et ces potins partagés, merci pour toutes ces soirées chez toi (« La fiole ! La fiole ! »), merci pour tes « bons plans » piques (« J'arrive pas à fermer la porte et il y a une tronçonneuse dans la grange ! »), merci d'être une hyperactive des soirées et de l'amitié (« On fait l'aller-retour à Paris pour une soirée, allez ! »)...Quand est-ce que je pourrais enfin venir dans ton petit paradis cadurcien (je sais bien que vous faites exprès d'y aller sans moi !) ?

Magic Jojo, merci pour ce voyage en Hollande (« C'est quoi du vla ? »), merci pour tous ces cinés et ces après-midis au « café de Flore », merci pour ta bonne humeur perpétuelle, merci pour ce petit grain de folie qui te caractérise (« Cap de mettre ce pantalon-pyjama en cours ! »), merci pour le ratafia de ton grand-père et tes soirées œno, merci pour tous ces vendredis soirs où on dormait toutes les deux chez Louise mais où j'avais le droit au matelas parce que tu te levais toujours aux aurores (« Laissez-moi, je préfère rester assise »), merci pour cette série de photos absolument géniales où tu es la seule déguisée, merci d'avoir appris aux poulots à imiter nos façons de danser ridicules (« Regarde, j'ai créé des minis-nous ! »)... J'espère qu'on se donnera encore rendez-vous à « l'Esquirol » – ou ailleurs – pendant très très très longtemps !

Mon petit Glotin d'amour, merci de toujours mettre les pieds dans le plat, merci pour ces semaines de folie au Frêne, merci pour tous ces apéros improvisés sur ton balcon (surtout ceux qui dégènèrent !), merci pour toutes ces heures passées au téléphone à se raconter nos vies (« Coucou, ça va ? »), merci de t'être lancée dans le horse-ball avec moi, merci d'être curieuse comme un pou (« Allez, vas-y, raconte ! »), merci d'avoir toujours envie qu'on soit tous ensemble et de tout faire pour, merci de ta frénésie récente pour les jeux de société (« J'ai craqué. Mais les dessins sont super beaux ! »)... N'espère pas te débarrasser de moi comme ça !

Laurène, merci de ce côté artiste et de ne jamais être au courant de rien, merci de toujours militer pour qu'on mette de la bonne musique en soirée mais de toujours finir par danser quand même, merci pour toutes ces cartes postales, merci d'avoir fait du rock acrobatique juste assez longtemps pour qu'on devienne amies mais pas assez pour qu'on maîtrise une seule figure, merci pour ces petites déclarations d'amour inattendues autour d'un verre de vin, merci pour ta connaissance approfondie de tous les bars et restos de Toulouse, merci pour le récit des milles et unes petites aventures rigolotes qui n'arrivent qu'à toi (« Il m'a dit de me faire un chèque à moi-même ! »)... Quand est-ce qu'on vient se dorer la pillule au Lavandou ?

Emma, merci pour tes talents de cuisinière et surtout ton gaspacho exceptionnel, merci d'ouvrir le bal des mariages et surtout de nous vouloir à tes côtés pour ça, merci de tous vos fameux Repas de Noël avec Jojo et autres apéros dinatoires malgré votre voisin chiant, merci pour ces échanges de regards désespérés pendant les partiels, merci de ton humour parfois piquant mais toujours très drôle, merci d'avoir vécu l'accueil à côté de moi sans te plaindre même si on n'a jamais réussi à chanter « Montagne montagne » convenablement, merci de ne pas faire maigrir Souki pour ne pas que Bibi soit le seul chat obèse du groupe... On est une team !

L'école est finie mais l'aventure continue ! Je vous aime et j'espère que vous savez que ça veut dire que vous pouvez compter sur moi, toujours.

Et enfin, à **Frank**. Le meilleur reste à venir, à l'autre bout du monde ou à Jouy-en-Josas. Je t'aime.

SOMMAIRE

SIGLES ET ABRÉVIATIONS.....	13
TABLE DES ILLUSTRATIONS.....	14
TABLE DES ANNEXES.....	15
INTRODUCTION.....	17

PARTIE 1 : ÉTUDE BIBLIOGRAPHIQUE : ÉLÉMENTS DE VIROLOGIE ET D'ÉPIDÉMIOLOGIE DU VIRUS H9N2	19
1.1. Éléments de virologie	19
1.2. Écologie des virus influenza de type A	22
1.3. Facteurs de risque spatialisés associés à l'influenza aviaire	25
1.4. Présentation de la filière avicole tunisienne et enjeux associés au virus H9N2.....	29
1.4.1. Caractéristiques de la filière avicole en Tunisie	29
1.4.2. Structuration et fonctionnement du réseau d'épidémiosurveillance des virus influenza en Tunisie.....	31
1.4.3. Enjeux associés au virus influenza H9N2	34

PARTIE 2 : ANALYSE DES FACTEURS SPATIAUX ASSOCIES AU RISQUE D'INFECTION PAR LE VIRUS H9N2 CHEZ LES VOLAILLES EN TUNISIE	37
2.1. Matériel et méthodes	37
2.1.1. Recueil des données sérologiques	37
2.1.2. Description des résultats sérologiques	37
2.1.3. Élaboration de cartes	38
2.1.3.1. Positionnement des élevages testés	38
2.1.3.2. Recueil de données spatiales sur la Tunisie	41
2.1.3.2.1. Les zones humides.....	41
2.1.3.2.2. Données démographiques et anthropiques	44
2.1.3.2.3. Infrastructure de la filière et densité avicole.....	47

2.1.3.2.4. Données bioclimatiques.....	50
2.1.4. Analyse statistique.....	53
2.1.4.1. Choix des variables explicatives et géotraitement.....	53
2.1.4.2. Modélisation par régression logistique	56
2.2. Résultats	57
2.3. Discussion	61
CONCLUSION	67
BIBLIOGRAPHIE	71
ANNEXES	81

SIGLES ET ABREVIATIONS

APA : Arrondissement de Production Animale

CPA : Circonscription de Production Animale

DGSV : Direction Nationale des Services Vétérinaires

ERGO : Environmental Research Group Oxford (groupe de recherche environnementale d'Oxford)

FAO : Food and Agriculture Organization (Organisation des Nations Unies pour l'Alimentation et l'Agriculture)

GIPAC : Groupement Interprofessionnel des Produits Avicoles et Cunicoles

IAFP : Influenza Aviaire Faiblement Pathogène

IAHP : Influenza Aviaire Hautement Pathogène

NDVI : Normalized Difference Vegetation Index

OIE : Office Internationale des Épizooties, nouvellement Organisation Mondiale de la Santé Animale

U.V. : Rayonnement ultraviolet

TABLE DES ILLUSTRATIONS

Fig. 1 : Sous-types et liens entre le réservoir naturel et les espèces hôtes des virus influenza de type A (Vittecoq <i>et al.</i> 2011)	21
Fig. 2 : Sélection du niveau de pathogénicité des virus influenza de type A (Lebarbenchon <i>et al.</i> 2010).....	23
Fig. 3 : Répartition géographique et résultats des prélèvements sérologiques. Les limites administratives sont celles des gouvernorats.	40
Fig. 4 : Zones humides tunisiennes	43
Fig. 5 : Répartition de la population humaine en Tunisie d'après le projet AfriPop ...	46
Fig. 6 : Occupation humaine en Tunisie	46
Fig. 7: Les élevages avicoles tunisiens recensés par le GIPAC	48
Fig. 8 : Couvoirs et abattoirs recensés par le GIPAC	49
Fig. 9 : Température moyenne annuelle (BIOCLIM)	52
Fig. 10 : Précipitations annuelles (BIOCLIM).....	52
Tableau 1 : Résultats de l'analyse univariée par modèle linéaire généralisé des facteurs de risque associés à la présence de H9N2.....	58
Tableau 2 : Résultats de l'analyse multivariée par modèle linéaire généralisé des facteurs de risque associés à la présence de H9N2.....	60

TABLE DES ANNEXES

ANNEXE 1 : Représentation spatiale des variables bioclimatiques et résultats sérologiques	81
ANNEXE 2 : Source des données spatiales	85
ANNEXE 3 : Liste et coordonnées des sites Ramsar en Tunisie.....	87
ANNEXE 4 : Liste des variables testées dans le modèle univarié (sans transformation)	91
ANNEXE 5 : Résultats des tests de corrélation de Pearson pour les variables associées au risque de H9N2 dans le modèle univarié (valeur du coefficient et degré de significativité)	98

INTRODUCTION

La première épidémie animale du virus influenza aviaire faiblement pathogène H9N2 a eu lieu dans la province de Guangdong, en Chine, entre Novembre 1992 et Mai 1994 (Sun, Liu 2015). Depuis, le virus circule toujours de manière endémique dans de nombreux pays d'Asie comme la Corée (Lee, Song 2013), le Bangladesh (Shanmuganatham *et al.* 2013) ou la Chine (Zhao *et al.* 2013), mais également au Moyen-Orient et en Afrique du Nord, comme en Égypte (Kandeil *et al.* 2014) et en Tunisie (Tombari *et al.* 2011). Chez les volailles, l'infection par le virus H9N2 est le plus souvent asymptomatique, bien qu'elle puisse parfois provoquer des symptômes non spécifiques, comme une chute de ponte, et une mortalité modérée (Lee, Song 2013).

Beaucoup de travaux ont été effectués pour évaluer et modéliser les risques d'apparition et de dissémination des virus influenza aviaries. La plupart des travaux d'épidémiologie spatio-temporelle, consistant à identifier des facteurs de risque spatialisés voire à cartographier le risque, concernent le virus hautement pathogène H5N1, et ont principalement été effectués en Asie. En effet, ce dernier est responsable d'une maladie systémique le plus souvent mortelle chez les volailles, et pouvant toucher également les humains, ce qui justifie la surveillance accrue dont il fait l'objet et la nécessité de comprendre ses mécanismes de transmission et de dissémination.

En revanche, peu d'études de ce genre ont été réalisées sur les virus faiblement pathogènes, et encore moins en Afrique. Pourtant, l'impact économique et sanitaire du virus H9N2 en Tunisie, par exemple, est reconnu depuis plusieurs années, et son aspect zoonotique associé à son potentiel de réassortiment avec des virus influenza hautement pathogènes en fait un virus à surveiller attentivement. Or, les raisons pour lesquelles le virus H9N2 reste endémique dans certains pays d'Afrique et notamment la Tunisie restent mal connues. Cette étude a donc pour but d'identifier des facteurs de risque spatiaux associés à la présence du virus Influenza aviaire faiblement pathogène H9N2, contribuant ainsi à mieux comprendre les mécanismes écologiques influençant la persistance et la diffusion du virus, et à orienter les stratégies de surveillance et de contrôle vers des zones à fort risque afin d'en optimiser l'efficacité.

PARTIE 1 : ÉTUDE BIBLIOGRAPHIQUE : ÉLÉMENTS DE VIROLOGIE ET D'ÉPIDÉMIOLOGIE DU VIRUS H9N2

1.1. Éléments de virologie

Cette partie s'appuie essentiellement sur des travaux de virologie fondamentale faisant référence dans le domaine de l'influenza (Webster *et al.* 1992 ; Manuguerra 2001).

Les virus influenza appartiennent à la famille des *Orthomyxoviridae*. D'après le Comité International de Taxonomie des Virus (2002), cette famille se divise en 5 genres, dont trois concernent des virus grippaux :

- Les virus influenza de type A ;
- Les virus influenza de type B ;
- Les virus influenza de type C ;
- Les Thogotovirus, responsables d'une maladie zoonotique grave transmise par les tiques ;
- L'Isavirus, responsable de l'anémie infectieuse du saumon.

Les virus influenza sont des petits virus (80 à 120 nm de diamètre) enveloppés, à ARN simple brin de polarité négative. Leur génome est segmenté en 8 fragments pour les virus de type A et B, et 7 pour les virus de type C. Ils codent différentes protéines :

- Les protéines du complexe réplicase-transcriptase : PB1, PB2 et PA ;
- Deux protéines de matrice : M1 et M2 ;

- Deux protéines membranaires : une hémagglutinine HA ou H, responsable de la liaison et de la fusion du virus aux cellules de l'hôte et une neuraminidase NA ou N qui participe à la libération des nouvelles particules virales formées des cellules de l'hôte ;
- Deux protéines non structurales : NS1 et NS2 ;
- Une nucléoprotéine NP.

La distinction des types de virus influenza s'effectue à partir des protéines NP et M1, supports des principaux antigènes internes.

À ce jour, 17 hémagglutinines, numérotées de H1 à H17, ont été identifiées, ainsi que 9 neuraminidases, classées de N1 à N9 (Gamblin, Skehel 2010; Tong *et al.* 2012). La combinaison HxNy de ces deux glycoprotéines de surface définit des sous-types de virus influenza de type A.

Parmi les trois genres de virus grippaux, les virus influenza de type A sont ceux qui possèdent la plus grande variété d'espèces cibles : les oiseaux, et des mammifères aussi bien terrestres (hommes, porcs, chevaux) qu'aquatiques (baleines, dauphins, phoques). Toutefois, il semble que les oiseaux aquatiques sauvages, et principalement ceux des ordres des Anseriformes (canards, oies...) et des Charadriiformes (goélands, mouettes...), constituent le réservoir primaire dont sont issus tous les sous-types de virus circulant parmi les autres espèces cibles. Toutefois, toutes les espèces cibles ne peuvent être infectées par toutes les combinaisons HxNy : ces sous-types sont inféodés à certaines espèces en particulier (Fig.1). Concernant la population humaine, il est important de noter que seulement trois sous-types (H1N1, H2N2 et H3N2) sont à transmission interhumaine (Vittecoq *et al.* 2011).

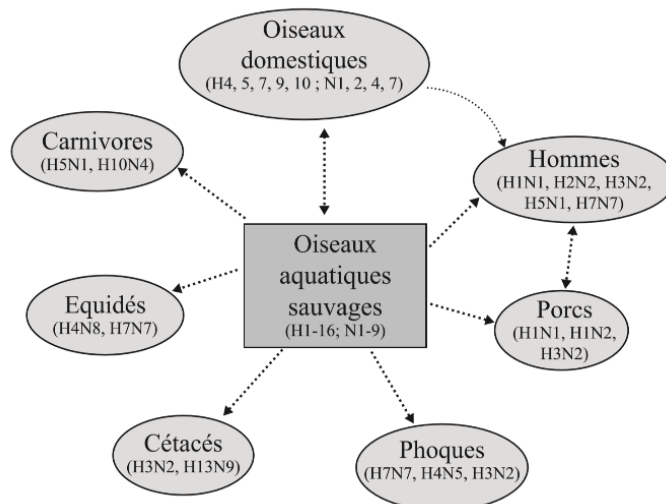


Fig. 1 : Sous-types et liens entre le réservoir naturel et les espèces hôtes des virus influenza de type A (Vittecoq et al. 2011)

Les virus de type B, quant à eux, ne sont pathogènes que pour les humains, bien qu'ils n'aient jamais été à l'origine d'aucune pandémie, probablement par manque de réservoir sauvage où le virus pourrait évoluer. Enfin, les virus de type C peuvent infecter les humains ainsi que les porcs, mais ils n'ont jamais été associés à aucune épidémie ou pandémie dans la population humaine (Kaye, Pringle 2005).

Les virus influenza de type A sont génétiquement instables, et ceci pour deux raisons principales :

- Un taux d'erreur de transcription très élevé associé à une absence de système de correction d'épreuve : le nombre de mutations des ARN polymérases virales est estimé entre 10^{-4} et 10^{-6} par paire de base par génération, soit entre 100 et 10000 fois plus que le taux de mutation du génome humain (Lauring, Frydman, Andino 2013) ; les mutations affectant un site antigénique peuvent ainsi causer une dérive antigénique (« antigenic drift ») permettant au virus d'échapper au système immunitaire de son hôte ;
- La possibilité de réassortiment génétique lors de co-infection par deux sous-types de virus. La segmentation du génome permet le mélange et l'encapsidation de fragments, ce qui génère un nouveau sous-type de virus au

génomique hybride, avec possible modification de la combinaison HxNy. On parle de cassure antigénique (« antigenic shift »).

La pathogénicité des virus influenza de type A chez les oiseaux permet d'établir deux pathotypes :

- Les virus Influenza Aviaires Faiblement Pathogènes (IAFP ou Low Pathogenic Avian Influenza : LPAI) ne provoquant pas ou peu de signes cliniques parmi les oiseaux ;
- Les virus Influenza Aviaire Hautement Pathogènes (IAHP ou Highly Pathogenic Avian Influenza : HPAI) à l'origine d'une maladie systémique provoquant de soudains épisodes de mortalité, pouvant atteindre 100% en quelques jours.

À ce jour, tous les sous-types IAHP isolés présentaient une hémagglutinine H5 ou H7 porteuse d'un acide aminé basique au niveau du site de clivage. Cette évolution peut s'effectuer spontanément après l'introduction du virus chez des volailles domestiques (Röhm *et al.* 1995). Toutefois, tous les virus porteurs d'une hémagglutinine H5 ou H7 ne sont pas hautement pathogènes. La raison pour laquelle seuls les virus porteurs d'une hémagglutinine H5 ou H7 peuvent devenir hautement pathogènes reste imprécise (Monne *et al.* 2014).

1.2. Écologie des virus influenza de type A

Comme dans tous les systèmes hôte-pathogène, la survie du virus est étroitement liée à celle de l'hôte et aux conditions environnementales dans lesquelles s'effectue la transmission. La virulence du virus est donc le résultat d'une pression de sélection exercée par les conditions écologiques (Fig.2)

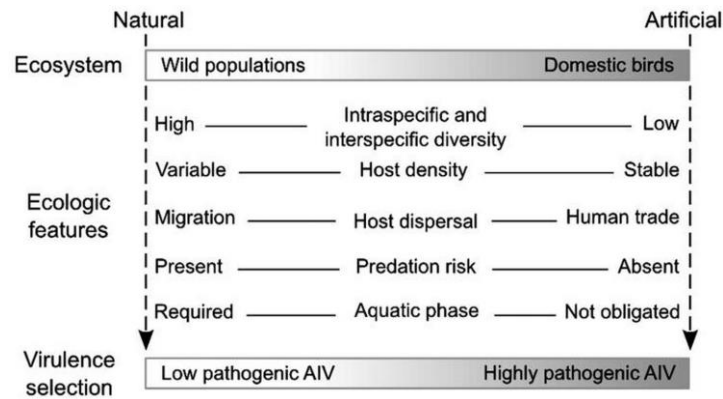


Fig. 2 : Sélection du niveau de pathogénicité des virus influenza de type A (Lebarbenchon et al. 2010)

Les populations d'oiseaux sauvages, d'une part, semblent essentiellement porteuses de virus influenza faiblement pathogènes. La transmission du virus se fait principalement par voie oro-fécale, d'un individu à l'autre, par ingestion de fientes contaminées (Lebarbenchon *et al.* 2010). Elle peut également se faire, et c'est le cas en particulier pour la transmission entre espèces différentes qui ne migrent pas au même moment par exemple, par ingestion d'eau contaminée. La persistance du virus dans l'environnement, associée une durée d'excrétion pouvant être assez longue (jusqu'à plus de 28 jours chez les canards de Pékin) permet la maintenance du cycle dans les populations sauvages, même éloignées (Stallknecht, Brown 2008).

D'autre part, les volailles domestiques peuvent héberger des sous-types hautement pathogènes. La concentration importante des oiseaux domestiques en élevage permet la transmission du virus dans ce compartiment malgré la rapide mortalité provoquée. Il est intéressant de constater que, même dans les régions où un sous-type hautement pathogène est endémique chez les volailles domestiques, il n'est que peu fréquemment détecté chez les populations sauvages (Lebarbenchon *et al.* 2010). La transmission des sous-types hautement pathogènes au sein d'un élevage se fait principalement par excrétion oropharyngée et inhalation d'aérosols contaminés, d'un individu à l'autre.

Il semble maintenant clair que l'introduction initiale de virus influenza dans les élevages de volailles domestiques est le plus souvent liée à des contacts direct avec des oiseaux sauvages infectés par des sous-types faiblement pathogènes, d'ingestion d'eau contaminée ou de contacts indirects avec des vecteurs passifs contaminés (matériel, vêtements... souillés par des fèces ou des sécrétions respiratoires d'oiseaux

sauvages infectés). Ces sous-types initialement peu adaptés aux volailles domestiques peuvent alors évoluer en un sous-type hautement pathogène ou provoquer des infections individuelles sporadiques sans transmission d'individu à individu. Dans un second temps, la transmission du virus entre les élevages est principalement liée aux activités humaines. En effet, les contacts direct par transport d'animaux infectés, comme la livraison de poulettes dans des élevages de pondeuses, et indirect par le passage d'une ferme infectée à une ferme non infectée d'équipements, de vêtements, de chaussures porteurs de virus sont les deux principales causes de la diffusion du virus à grande échelle chez les volailles domestiques (Swayne 2008).

Chez les humains, la transmission se fait essentiellement par voie aérienne avec inhalation de gouttelettes porteuses de particules virales, ainsi que par contact direct (Vittecoq *et al.* 2011).

La transmission du virus entre individus nécessitant un passage dans le milieu extérieur (aérien ou aquatique), sa résistance aux conditions du milieu est primordiale. Toutefois, à l'heure actuelle, la connaissance de cette persistante virale dans le milieu est encore incomplète. Dans le milieu aquatique, les trois facteurs les plus étudiés sont la température, le pH et la salinité (Vittecoq *et al.* 2011). La persistance des virus influenza de type A apparaît maximale à température faible et constante, à faible salinité, et à pH légèrement basique. Dans ces conditions optimales, les virus peuvent survivre jusqu'à 190 jours et rester infectieux pendant 60 jours (Brown *et al.* 2007). En milieu aérien, ce sont surtout l'humidité et la température qui influent sur la survie du virus : elle est maximale avec une faible température et une faible humidité, qu'elle soit absolue ou relative. La nature du substrat, dans le cas de transmission par contact direct, joue également un rôle : la persistance du virus sera d'autant plus importante que le substrat est poreux et que les particules virales sont incluses dans des sécrétions corporelles (Vittecoq *et al.* 2011). Par exemple, à faible température (4°C), le virus peut survivre dans les fientes d'oiseaux jusqu'à 35 jours (OIE 2014). Il est important de noter que la résistance des virus est variable suivant les sous-types, et que, dans des conditions expérimentales, les sous-types faiblement pathogènes ont tendance à persister plus longtemps, au moins dans l'eau, que les sous-types hautement pathogènes (Lebarbenchon *et al.* 2010).

Toutefois, comme la plupart des virus enveloppés, les virus influenza sont inactivés par les désinfectants usuels (eau de Javel, agents oxydants, chlore, ammoniums quaternaires..), les U.V., une forte chaleur (56 à 60°C pendant 60 minutes), les rayonnements ionisants ainsi que des pH extrêmes (pH<3 ou pH>10) (Vittecoq *et al.* 2011; Conan 2008; OIE 2014).

1.3. Facteurs de risque spatialisés associés à l'influenza aviaire

De nombreux travaux d'épidémiologie spatiale, consistant à identifier des facteurs de risque spatialisés et à cartographier le risque d'infection des élevages par les virus influenza ont été menés ces dernières années. La plupart concernent les sous-types hautement pathogènes, comme le H5N1, et plus particulièrement en Asie. En effet, la gravité, le caractère zoonotique de cette maladie systémique le plus souvent mortelle chez les volailles, ainsi que la rapidité de son extension en font une menace importante aussi bien pour la santé publique que pour l'économie. C'est pourquoi les infections par les virus IAHP sont classées par l'OIE (Organisation Mondiale de la Santé Animale) comme maladies à déclaration obligatoire et font l'objet d'une surveillance épidémiologique renforcée.

Un récent article de revue a permis de synthétiser les connaissances actuelles sur les facteurs de risque spatiaux le plus souvent associés au risque d'infection par le virus H5N1 chez les volailles (Gilbert, Pfeiffer 2012).

Tout d'abord, une densité d'oiseaux aquatiques domestiques – le plus souvent des canards – importante à proximité constitue un facteur de risque très important. On sait que le virus H5N1 est beaucoup moins symptomatique chez les canards que chez les poulets, permettant ainsi au virus de se répliquer et de « diffuser » de manière silencieuse dans ce compartiment (Hulse-Post *et al.* 2005; Kwon *et al.* 2011). Il a été montré que les zones de persistance du virus IAHP H5N1 correspondaient également à des zones à forte densité de canards, et ce dans différents agro-écosystèmes : en Thaïlande (Gilbert *et al.* 2008), au Vietnam (Pfeiffer *et al.* 2007; Gilbert *et al.* 2008), et dans toute l'Asie du Sud et du Sud-Est (Gilbert *et al.* 2010). Toutefois, les modes de transmission du virus des canards aux autres volailles domestiques en condition de

terrain restent encore flous, et il semblerait qu'ils varient en fonction des situations et des conditions agro-environnementales, qui varient elles-mêmes beaucoup en Asie (Gilbert, Pfeiffer 2012).

Ensuite, la proximité des zones humides a été fréquemment identifiée comme un facteur de risque associé au virus H5N1: c'est le cas en Chine (Fang *et al.* 2008; Cao *et al.* 2010), au Bangladesh (Biswas *et al.* 2009) et en Thaïlande, par exemple (Paul *et al.* 2011a). En effet, les zones humides peuvent être un lieu de contamination pour la volaille domestique à la fois par contact avec les oiseaux sauvages infectés (notamment pour les oiseaux sauvages aquatiques, chez qui l'infection par H5N1 est le plus souvent asymptomatique) et à la fois par ingestion d'eau contaminée, en raison de la survie et de la conservation du caractère infectieux du virus dans l'eau, même aux températures élevées rencontrées en Asie du Sud-Est (Nazir *et al.* 2010).

Ces deux facteurs – la présence de canards domestiques et la présence de zones humides – sont retrouvés simultanément en Asie du Sud-Est dans les zones de rizières, qui sont des zones fréquemment inondées et où des canards domestiques sont élevés en plein air. En Thaïlande, par exemple, la culture de riz et l'élevage extensif de canards apparaissent ainsi fortement associés tous les deux à la présence de H5N1. Les indicateurs associés à la culture de riz – nombre de cultures par an, durée d'inondation des rizières, ... – peuvent donc être considérés comme des facteurs de risque fiables et facilement évaluables par télédétection à grande comme à petite échelle (Gilbert *et al.* 2007, 2008).

La proximité ou la densité des routes a également été montrée comme étant significativement associée à la présence de virus H5N1 au Bangladesh (Loth *et al.* 2010), en Thaïlande (Paul *et al.* 2010) et en Indonésie (Yupiana *et al.* 2010). En effet, il est maintenant avéré que les hommes participent, mécaniquement, à la diffusion du virus entre les élevages (Alexander 2007; Swayne 2008). Ce transfert est donc d'autant plus facile que les élevages sont accessibles et connectés les uns aux autres. À l'échelle de l'élevage, il a été montré au Nigéria que le commerce de volailles vivantes et la circulation des hommes entre élevages voisins sont significativement associés à la présence du virus H5N1 (Fasina *et al.* 2011), de même qu'en Thaïlande

(Paul *et al.* 2011a). Ces mouvements sont souvent difficiles à tracer, mais ils peuvent en effet être approchés par l'analyse du réseau routier à proximité des élevages.

De la même manière, plusieurs travaux ont montré que la proximité des villes ou une densité de population importante étaient étroitement associées à la présence du virus H5N1: au Vietnam (Pfeiffer *et al.* 2007), en Thaïlande (Paul *et al.* 2010), au Bangladesh (Loth *et al.* 2010), en Chine (Martin, Pfeiffer, *et al.* 2011)... Ce type de facteur est le plus souvent analysé avec pour objectif d'approcher l'effet d'autres variables comme la présence de marchés et de lieux d'échange de volailles vivantes, plus difficiles à cartographier (ou pour lesquelles les données ne sont pas disponibles). La présence de tels lieux de rassemblement de volailles augmente en effet le risque : en Indonésie, par exemple, le virus H5N1 a circulé dans 47% des marchés de volailles vivantes étudiés dans trois provinces (Indriani *et al.* 2010). Enfin, il faut noter qu'un effet de confusion lié à une surveillance et une détection plus importante dans les zones fortement peuplées est envisageable. Ce n'est toutefois pas le cas en Thaïlande par exemple, où une association positive entre la présence de virus et la densité de population a été mise en évidence alors que s'exerce une surveillance active très intense dans tout le pays avec le programme « X-ray » dirigé par le Département du Développement de l'Élevage en collaboration avec le Ministère de la Santé Publique, et dont l'objectif est de tester la présence du virus dans chaque village, et plus de 230 000 prélèvements furent analysés rien qu'en 2004 (Tiensin *et al.* 2005).

D'autres facteurs de risque ont également été identifiés, mais de façon moins constante entre les études. C'est le cas par exemple de la densité de poulets : les recherches ont mis en évidence une association avec le risque de virus H5N1 au Vietnam, mais pas en Thaïlande (Gilbert *et al.* 2008). De plus, la présence des abattoirs a parfois été montrée comme significativement associée au risque influenza, mais ce facteur reste peu étudié. En Thaïlande, les sous-districts possédant des abattoirs sont plus fréquemment infectés que ceux n'en possédant pas (Tiensin *et al.* 2009). En effet, des volailles d'origine variée s'y retrouvent et le mouvement des équipements de transport comme les cages peut permettre la dissémination du virus dans les fermes en lien avec ces abattoirs. Les élevages de la province de Phitsanulok, en Thaïlande, visités par des « collecteurs » revendant les volailles vivantes aux abattoirs sont ainsi plus exposés au virus (Paul *et al.* 2013). Il est possible que la

diversité importante des contextes agro-environnementaux (niveaux de biosécurité extrêmement variables, types d'élevages différents (commerciaux ou de basse-cour), oiseaux nés sur place ou sélectionnés...) puisse expliquer les différences observées dans les études. Cependant, la principale raison qui sous-tend la diversité des variables identifiées dans ces travaux reste la difficulté à collecter de manière homogène un ensemble commun de variables dans différents pays.

Enfin, d'autres types de facteurs, moins étudiés en raison de la difficulté d'obtenir des données précises et fiables à une fine résolution spatiale, pourraient jouer un rôle dans la transmission du virus. C'est le cas par exemple du pouvoir d'achat par habitant qui, en Chine, en Indonésie et en Inde, semble être inversement lié au risque de virus H5N1 (Hogerwerf *et al.* 2010). Le commerce – légal et illégal – semble également lié : au Vietnam, il a été montré que les commerçants de volailles vivantes se rendant de fermes en fermes pour ensuite les revendre dans les marchés participaient à la maintenance et à la diffusion du virus (Magalhães *et al.* 2010). Le rôle des oiseaux sauvages migrateurs a également été étudié directement, et il a été montré que la dissémination du virus H5N1 pendant les trois vagues d'épidémies entre 2004 et 2006 correspondaient aux motifs migratoires des oiseaux sauvages (Si *et al.* 2009). Ces travaux appuient l'hypothèse d'un rôle important dans la transmission à courte et longue distance du virus des oiseaux sauvages, le plus souvent porteurs asymptomatiques. Ce facteur de risque se retrouve également à plus petite échelle : les élevages traditionnels dont les volailles peuvent être en contact direct avec des oiseaux sauvages sont plus fréquemment infectés que les autres (Williams, Peterson 2009; Paul *et al.* 2013).

Concernant l'Afrique, peu de travaux d'épidémiologie spatiale ont été menés à ce jour. Bien que, depuis 2006, des foyers de H5N1 soient régulièrement reportés sur ce continent, aussi bien chez les volailles que chez les humains (WHO, 2014), le nombre relativement restreint de cas observés limite grandement la possibilité d'utiliser les modèles statistiques classiquement utilisés en épidémiologie spatiale, et conduit à se tourner vers d'autres familles de modèles. Williams *et al.* ont utilisé des modèles de niches écologiques au Nigéria et en Afrique de l'Ouest (Williams, Fasina, Peterson 2008) ainsi que dans le Nord-Est africain et au Moyen-Orient (Williams, Peterson 2009). Ces modèles sont basés sur l'idée que les organismes et les phénomènes

biologiques, comme les transmissions de maladie, ont des exigences écologiques qui déterminent leur apparition dans l'espace et dans le temps. Ainsi, au Nigéria et en Afrique de l'Ouest, les niches écologiques sont définies par les valeurs de réflectance de la surface terrestre et suivant la phénologie des plantes (Williams, Fasina, Peterson 2008). En Afrique du Nord et au Moyen-Orient (Williams, Peterson 2009), ce sont les variations saisonnières des valeurs de NDVI (Normalized Difference Vegetation Index), un indice permettant de rendre compte du stade de croissance végétale (Bannari *et al.* 1995), qui ont été utilisées pour définir les niches écologiques. Les régions avec un large éventail de valeurs de NDVI, c'est-à-dire les zones où la densité du couvert végétal connaît de grandes variations au cours de l'année, ont ainsi été reconnues comme significativement associées au risque de virus.

1.4. Présentation de la filière avicole tunisienne et enjeux associés au virus H9N2

Depuis 2012, aucun rapport officiel sur la filière avicole tunisienne et son dispositif sanitaire concernant la lutte contre les virus influenza n'est disponible. Les informations apportées dans les paragraphes suivants ne sont pour certaines peut-être plus d'actualité. Toutefois, elles reflètent la réalité de la période (2010 - 2011) à laquelle ont été réalisés les prélèvements analysés ici et sont donc pertinentes pour cette étude.

1.4.1. Caractéristiques de la filière avicole en Tunisie

À partir des années 70, la filière avicole tunisienne s'est industrialisée et les élevages familiaux de basse-cour ont peu à peu reculés au profit des élevages commerciaux. Toutefois, les élevages traditionnels n'ont pas disparu, une certaine catégorie de la population – les personnes âgées vivant en milieu rural notamment – ayant gardé une préférence pour les produits issus de ce mode de production. En revanche, en 2006, des rumeurs à propos de la présence du virus IAHP H5N1 ont circulé en Tunisie, et près de 30% des basses-cours traditionnelles auraient été

décimées par leurs propriétaires craignant notamment la contagion humaine. Après cet épisode, le nombre d'élevages traditionnels a remonté (Karma 2011).

Depuis les années 70, l'industrie avicole tunisienne a beaucoup évolué, en grande partie grâce à l'implication du gouvernement qui a participé financièrement au début puis sur le plan organisationnel à travers la mise en place du GIPAC (Groupement Interprofessionnel des Produits Avicoles et Cunicoles). Durant les 20 dernières années, des engagements politiques ont également été adoptés : un cahier des charges relatif « au commerce de distribution des volailles et dérivés » a été adopté en 2005 et la mise à niveau des abattoirs et des points de vente a été encouragée, notamment par des exonérations de TVA, et la possibilité d'obtenir des crédits à taux préférentiels. Aujourd'hui, la filière avicole tunisienne est une des mieux organisées des pays du Maghreb. En 2010, plus de 4000 élevages de poulets de chair produisaient 100 050 tonnes de viande et environ 300 élevages de dindes produisaient 48 200 tonnes. Les 350 élevages de poules pondeuses du pays, quant à eux, produisaient la même année 1 700 000 œufs. La production dans ces deux secteurs est en constante augmentation dans le pays (5,9% de croissance annuelle depuis 1995) et la libéralisation des quotas en 2011 a vraisemblablement renforcé cette tendance. En 2010, la viande de volaille constituait 56% du volume total de viandes produites en Tunisie (Karma 2011).

La filière avicole tunisienne est très bien organisée, surtout au niveau de la production : on voit apparaître de plus en plus de groupes intégrés, avec de plus en plus de bâtiments équipés de systèmes de refroidissement, permettant une ambiance contrôlée. Ce sont les élevages de poulets de chair qui présentent la plus grande variabilité d'un point de vue de la biosécurité, avec des grosses exploitations très bien équipées et également des plus petits élevages regroupant parfois des éleveurs d'âge différents et où les consignes de biosécurité ne sont pas toujours appliquées.

Au niveau des secteurs de l'abattage et de la distribution en revanche, d'importantes améliorations restent encore nécessaires. Les abattoirs industriels contrôlés ont fait de vrais efforts et satisfont les normes de biosécurité, mais en 2011, 40% de la viande de poulets de chair transitait encore par des tueries clandestines ou des marchés dans lesquels les volailles sont vendues vivantes, et ne sont pas

inspectées. De plus, le transport de la viande issue de ces tueries se fait le plus souvent sans respect de la chaîne du froid, avec des camions rarement réfrigérés, et la traçabilité des produits s'arrête aux points de vente. Beaucoup d'éleveurs n'ont encore pas réussi à trouver de terrains d'entente avec les abattoirs contrôlés qui assument des charges importantes qu'ils essaient de répercuter sur le prix payé à l'éleveur, leur permettant d'établir une relation permanente basée sur un contrat. Concernant la filière dinde, en revanche, la proportion de viande non contrôlée est nettement plus faible, puisque cela représente moins de 10% de la production. La demande de viande de dinde progresse plus rapidement que celle de poulet de chair et les circuits de distribution sont généralement bien établis puisque les sociétés qui commercialisent la dinde ont leur propre chaîne de points de vente et de dépôts en gros, en plus des contrats qu'ils établissent avec des collectivités (Karma 2011).

1.4.2. Structuration et fonctionnement du réseau d'épidémiosurveillance des virus influenza en Tunisie

Le décret 2001/419 du 13 février 2001 fixe l'organisation du Ministère de l'Agriculture et des Ressources Hydrauliques, et en particulier celle des services vétérinaires tunisiens. La Direction Générale des Services Vétérinaires (DGSV) constitue l'échelon central des services vétérinaires d'État et est chargée de « la gestion du risque et de l'élaboration du dispositif de contrôle et de la lutte contre les maladies animales, du contrôle en frontières, et du contrôle de la profession vétérinaire ». À l'échelle du gouvernorat, c'est l'Arrondissement de Production Animale (APA) qui a pour rôle de mettre en œuvre les notes de service de la DGSV dans les domaines de la surveillance et de la lutte contre les maladies animales. Jusqu'en 2011, 270 vétérinaires d'État, dont la majorité dans les APA et les Circonscriptions de Production Animale (CPA), subdivision des APA. 100 nouveaux vétérinaires d'État ont été recrutés au printemps 2011 pour venir renforcer l'équipe des 270 vétérinaires encadrant 500 auxiliaires vétérinaires déjà en poste (Dupuy 2012).

En 2006, lors des rumeurs sur la circulation du virus IAHP en Tunisie, une Commission nationale de la grippe aviaire, associant les ministères de la Santé, de l'Intérieur, de l'Agriculture, de la Défense, et du Commerce, a été créée afin de mettre

en place un dispositif national de surveillance des virus influenza. Ce dispositif repose sur 4 volets (Dupuy 2012) :

- Le recensement des élevages avicoles tunisiens ;
- La vérification de la mise en œuvre des mesures de biosécurité définies dans l'arrêté du ministère de l'Agriculture du 17 juin 1982 relatif aux « mesures à prendre en vue de la protection du cheptel avicole contre les maladies infectieuses » par les vétérinaires d'État des APA et des CPA lors de visites d'élevages ;
- Les contrôles à l'importation selon la loi du 9 mars 1999 relative aux « contrôles sanitaires à l'importation et à l'exportation ». Il s'agit de contrôles documentaires à la frontière et de contrôles physiques de bonne santé à destination, réalisés par les services vétérinaires ;
- L'élaboration d'un plan de surveillance épidémiologique de la population avicole sauvage d'une part et des volailles domestiques d'autre part. Concernant l'avifaune sauvage, un réseau d'épidémiogigilance de l'influenza aviaire hautement et faiblement pathogène chez les oiseaux migrateurs, le réseau REPIOM, a été mis en place suite à la note de service 200-2008 du 19 novembre 2008. Ce réseau mobilise à la fois une composante de surveillance passive, assurée par des tournées de recherche d'oiseaux morts sur lesquels sont réalisées des analyses virologiques et par la constitution d'un réseau de personnes susceptibles de fournir des observations sur l'état de santé des oiseaux sauvages (randonneurs, chasseurs...), et une composante de surveillance active basée sur la capture d'oiseaux migrateurs sur lesquels sont également réalisés des analyses virologiques. Le dispositif de surveillance des volailles domestiques varie selon les types d'élevages. La surveillance des élevages traditionnels est principalement passive, basée sur une surveillance clinique confiée aux vétérinaires d'État de CPA et des APA, qui doivent produire un rapport envoyé à la DGSV une fois par semaine. La surveillance des élevages industriels, pour sa part, est régie par la note de service 200/17 du 23 janvier 2012 et comporte une composante active. Cette composante prévoit un

tirage au sort annuel des élevages sur lesquels des prélèvements sont effectués et envoyés au laboratoire pour chacun des 24 gouvernorats. La liste des élevages inclut parfois des élevages non officiellement déclarés et/ou connus comme présentant un niveau de biosécurité très faible, ajoutés par les vétérinaires d'État.

En cas de détection de virus IAHP, un « plan d'intervention contre les épizooties » a été élaboré par la DGSV en 2012, mais les informations sur les mesures à mettre en œuvre ne sont pas disponibles à ce jour.

Toutefois, l'évaluation de ce dispositif de surveillance conduite en 2013 (Dupuy 2012) a mis en évidence un certain nombre de faiblesses. En effet, la DGSV manque de moyens pour atteindre les objectifs de sa politique sanitaire. La communication, ascendante comme descendante, dont la rapidité est primordiale dans le cadre d'une maladie hautement contagieuse comme c'est le cas de l'influenza, est fortement freinée par le manque de moyens de communication. Par exemple, de nombreux APA ne possèdent pas de ligne fixe propre. L'autre point matériel évoqué est le manque de véhicules fonctionnels nécessaires aux vétérinaires d'État pour les visites des élevages et un acheminement rapide des prélèvements auprès des laboratoires. Les laboratoires – l'Institut Pasteur de Tunis pour les prélèvements issus des élevages industriels et l'Institut de Recherche Vétérinaire de Tunis pour ceux issus des élevages traditionnels et des oiseaux sauvages – ont également des difficultés d'approvisionnement. Sur un plan plus général, le réseau REPIOM ne procède plus à aucune analyse depuis 2010 et le plan d'échantillonnage des élevages industriels, qui est biaisé d'une part par le recensement lacunaire des élevages et d'autre part par l'ajout de certains élevages par les vétérinaires, n'est pas respecté. Pour l'année 2012 par exemple, seuls 50% des élevages, au niveau national, ont réellement fait l'objet d'analyses. Enfin, le plan d'intervention en cas de foyer avéré prévoit une méthode d'euthanasie non réalisable en Tunisie (absence de caisson pour une euthanasie par inhalation de monoxyde de carbone), requiert l'enfouissement des cadavres (en raison de l'absence de société d'équarrissage) et ne prévoit aucune indemnisation des éleveurs. De plus, ce plan d'intervention semble mal connu et donc mal maîtrisé – et d'autant plus en situation de crise – des agents des services vétérinaires.

1.4.3. Enjeux associés au virus influenza H9N2

Le virus H9N2 circule toujours de manière endémique en Afrique, et notamment en Égypte (Kandeil *et al.* 2014). Chez les volailles, l'infection par le virus H9N2 est le plus souvent asymptomatique, bien qu'elle puisse parfois provoquer de légers symptômes non spécifiques (Lee, Song 2013). Toutefois, elle augmente la sensibilité des volailles à d'autres agents infectieux, comme *Escherichia coli*, provoquant une mortalité qui peut atteindre les 10%, et, si elle survient en période de ponte, la production peut être diminuée jusqu'à 20%. De plus, la production de mucus dans la trachée est augmentée lors d'infection par le virus H9N2, ce qui, dans un environnement mal aéré, peut conduire à d'importantes difficultés respiratoires entraînant un retard de croissance voire la mort (Sun, Liu 2015). Enfin, des travaux récents de génotypage sur des virus circulant en Chine ont montré que certaines mutations déjà présentes (une substitution de l'acide aminé 136 de l'hémagglutinine par exemple) accentuaient la virulence du H9N2 chez les poulets et les souris (Sun *et al.* 2013). Pour toutes ces raisons, les pertes économiques dues au virus H9N2 sont considérables. Ces pertes sont d'autant plus importantes que le sous-type H9N2 est un des plus fréquemment rencontrés dans le monde (Lee, Song 2013).

Par ailleurs, le virus H9N2 est également capable d'infecter des mammifères, et en particulier l'homme. Les premiers cas documentés ont eu lieu en 1998 en Chine dans la province de Guangdong et en 1999 à Hong Kong (WHO). La circulation du virus dans la population humaine serait d'ailleurs bien supérieure aux nombres de cas officiellement déclarés. Une récente étude conduite en Égypte a montré que le personnel travaillant dans les fermes avicoles constitueraient une population plus touchée par cette infection (jusqu'à 7,5% de prévalence) car plus exposée que les autres individus (Gomaa *et al.* 2015).

Un autre aspect préoccupant du sous-type H9N2 concerne son évolution. En effet, depuis quelques années, il a été prouvé qu'il subissait de nombreux réassortiments avec d'autres sous-type de virus influenza, et notamment des virus hautement pathogènes comme le sous-type H5N1 avec qui il coexiste en Égypte et au Bangladesh, par exemple (Xu *et al.* 2007; Dong *et al.* 2011; Gomaa *et al.* 2015; Shanmuganatham *et al.* 2013). Ces réassortiments ont par exemple donné lieu à

l'émergence de nouveaux sous-types parfois mortels chez l'homme : le virus H7N9 d'origine aviaire a ainsi provoqué la mort de 101 personnes en Chine entre février 2013 et février 2014. De la même façon, le sous-type H10N8 dérive du H9N2 circulant parmi les volailles. Le virus H9N2 constitue donc un candidat potentiel à une nouvelle pandémie, et nécessite donc une surveillance adaptée.

Au Moyen-Orient et notamment en Tunisie, les raisons de la persistance du H9N2 restent floues en raison de l'absence de populations importantes de palmipèdes réservoir du virus, telles qu'on les trouve en Asie ou dans la vallée du Nil (Ducatez *et al.* 2012). En Tunisie, des épidémies de H9N2 chez les volailles ont lieu tous les ans depuis 2009, causant des pertes économiques importantes. D'après les professionnels du secteur, il semble y avoir une augmentation de l'incidence d'année en année, mais aucune donnée fiable de suivi ne permet de l'affirmer (Ducatez *et al.* 2012). La seule étude réalisée sur le sujet (Tombari *et al.* 2013) a permis de montrer que la séroprévalence en 2010 – 2011 s'élevait à 28,7% dans les élevages commerciaux, à l'échelle du pays. Il apparaît que les régions côtières, qui sont aussi celles possédant le plus d'élevages industriels, sont les plus touchées. Une variation « saisonnière », avec des prévalences plus élevées en hiver et en automne a également été mise en évidence. En 2012, la question de la vaccination, qui ne supprime pas totalement l'excrétion du virus mais diminue les symptômes cliniques, était discutée par la DGSV, les intérêts économiques et techniques n'ayant pas encore été réellement évalués. À ce jour, aucune donnée publique ne permet de savoir si cette vaccination a été pratiquée ou non.

Des analyses phylogénétiques ont permis de montrer que les sous-types H9N2 tunisiens et égyptiens partageaient des gènes avec ceux présents au Moyen-Orient, comme en Jordanie et en Israël (Tombari *et al.* 2011; Monne *et al.* 2013).

De plus, des travaux de génotypage ont montré que plusieurs protéines virales portaient des substitutions semblables à celles portées par certaines souches de H5N1, signe de réassortiment. En outre, la séquence du site de clivage de l'hémagglutinine est telle qu'elle permettrait l'acquisition d'acides aminés basiques nécessaires à l'évolution de ce virus en un virus hautement pathogène (Tombari *et al.*

2011). Il apparaît donc très important de surveiller activement la circulation et l'évolution du sous-type H9N2 en Tunisie.

L'étude spatiale des facteurs de risque d'émergence et de diffusion du virus H9N2 peut permettre d'identifier des zones à fort risque, et ainsi contribuer à optimiser les ressources financières et humaines allouées à la surveillance et au contrôle de ce virus. Cette analyse fait l'objet de la deuxième partie du présent travail.

PARTIE 2 : ANALYSE DES FACTEURS SPATIAUX ASSOCIES AU RISQUE D'INFECTION PAR LE VIRUS H9N2 CHEZ LES VOLAILLES EN TUNISIE

2.1. Matériel et méthodes

2.1.1. Recueil des données sérologiques

Les résultats sérologiques utilisés dans ce travail ont été recueillis lors d'une étude séro-épidémiologique transversale destinée à évaluer la prévalence de l'infection au virus influenza A à l'échelle des élevages, en Tunisie. Cette étude de contrôle et de surveillance a été mise en place par l'Institut Pasteur de Tunisie et le Ministère de l'Agriculture tunisien et s'est tenue sur la période d'Octobre 2010 à Mai 2011. Elle a été menée sur 800 élevages avicoles commerciaux non vaccinés situés dans 22 des 24 gouvernorats tunisiens, et dont la répartition est la suivante :

- 453 élevages de poulets de chair ;
- 187 élevages de poules pondeuses ;
- 102 élevages de dindes ;
- 58 élevages de reproducteurs.

La majorité des élevages ayant participé à l'étude avaient enregistré la présence de symptômes respiratoires, de la mortalité ou une chute de production d'œufs. Aucun d'eux n'avait reçu de vaccination influenza A.

Le protocole de cette étude est détaillé dans un article portant sur la circulation du virus H9N2 en Tunisie (Tombari *et al.* 2013).

2.1.2. Description des résultats sérologiques

Un élevage est considéré comme sain si tous les prélèvements qui y ont été collectés sont négatifs. Si un au moins de ces prélèvements est positif, l'élevage est considéré comme atteint par le virus H9N2.

Les 800 élevages étudiés ont donné lieu à 797 résultats sérologiques, qui se répartissent comme suit :

- 220 élevages séropositifs (27,6%) ;
- 554 élevages séronégatifs (69,5%) ;
- 23 élevages douteux (2,9%).

Pour plus de simplicité de l'analyse statistique et en absence de définition claire, les élevages classés comme douteux ont été retirés de l'étude.

2.1.3. Élaboration de cartes

2.1.3.1. Positionnement des élevages testés

Afin de travailler à la résolution spatiale la plus fine possible, l'objectif premier de cette étude était de travailler à l'échelle de l'élevage, à l'aide des coordonnées GPS des élevages recensés fournies par le Groupement Interprofessionnel des Produits Avicoles et Cunicoles (GIPAC). Malheureusement, seuls 12 élevages sur les 797 testés ont pu se voir attribuer de façon certaine une unique paire de coordonnées GPS, soit 1,5% seulement des élevages. Il a donc été décidé de travailler à l'échelle d'une unité géographique plus grande.

La Tunisie possède 3 niveaux de subdivisions administratives :

- Les gouvernorats : il y en a 24 ;
- Les délégations : la Tunisie en compte 264 ;
- Les imadas ou secteurs : ils sont au nombre de 2073. C'est ce niveau de subdivision administrative qui a été choisi pour la suite de l'étude.

Les élevages testés se répartissent dans les imadas de la façon suivante :

- 669 situés dans 241 imadas identifiées ;

- 128 situés dans des imadas dont le nom est inconnu : ces élevages ont été exclus de l'étude.

Les imadas sont recensées dans le Journal Officiel de la République tunisienne, mais leurs coordonnées et leur localisation ne sont pas accessibles sur une liste officielle. Il a donc fallu réunir les coordonnées GPS des 241 imadas identifiées. Cette recherche a été réalisée selon le protocole suivant :

- 1) Recherche des coordonnées d'élevages situés dans les imadas à localiser, parmi celles fournies par le GIPAC. Les coordonnées ainsi trouvées ont été utilisées et considérées comme étant celles du centre de l'imada. Quand plusieurs coordonnées étaient disponibles pour une même imada, ce sont les coordonnées du barycentre qui ont été utilisées. 116 imadas ont ainsi pu être localisées.
- 2) Recherche des coordonnées des imadas à localiser parmi celles fournies par le gazetteer de GEOnet Names Server®, disponible sur <http://download.geonames.org/export/dump/>. 31 imadas ont reçu des coordonnées.
- 3) Recherche des coordonnées du centroïde de l'imada définie par Google Maps®. 37 imadas ont ainsi été localisées.
- 4) Recherche des coordonnées des imadas à localiser parmi celles fournies par le gazetteer de Diva-Gis®, disponible sur <http://www.diva-gis.org/datadown>. 7 imadas ont reçu des coordonnées.

Au total, 191 imadas ont ainsi pu être localisées géographiquement, correspondant à 537 élevages testés. Ces élevages sont les seuls à avoir été gardés dans l'analyse.

La carte suivante (Fig.3) illustre la répartition géographique des prélèvements utilisés pour l'analyse.

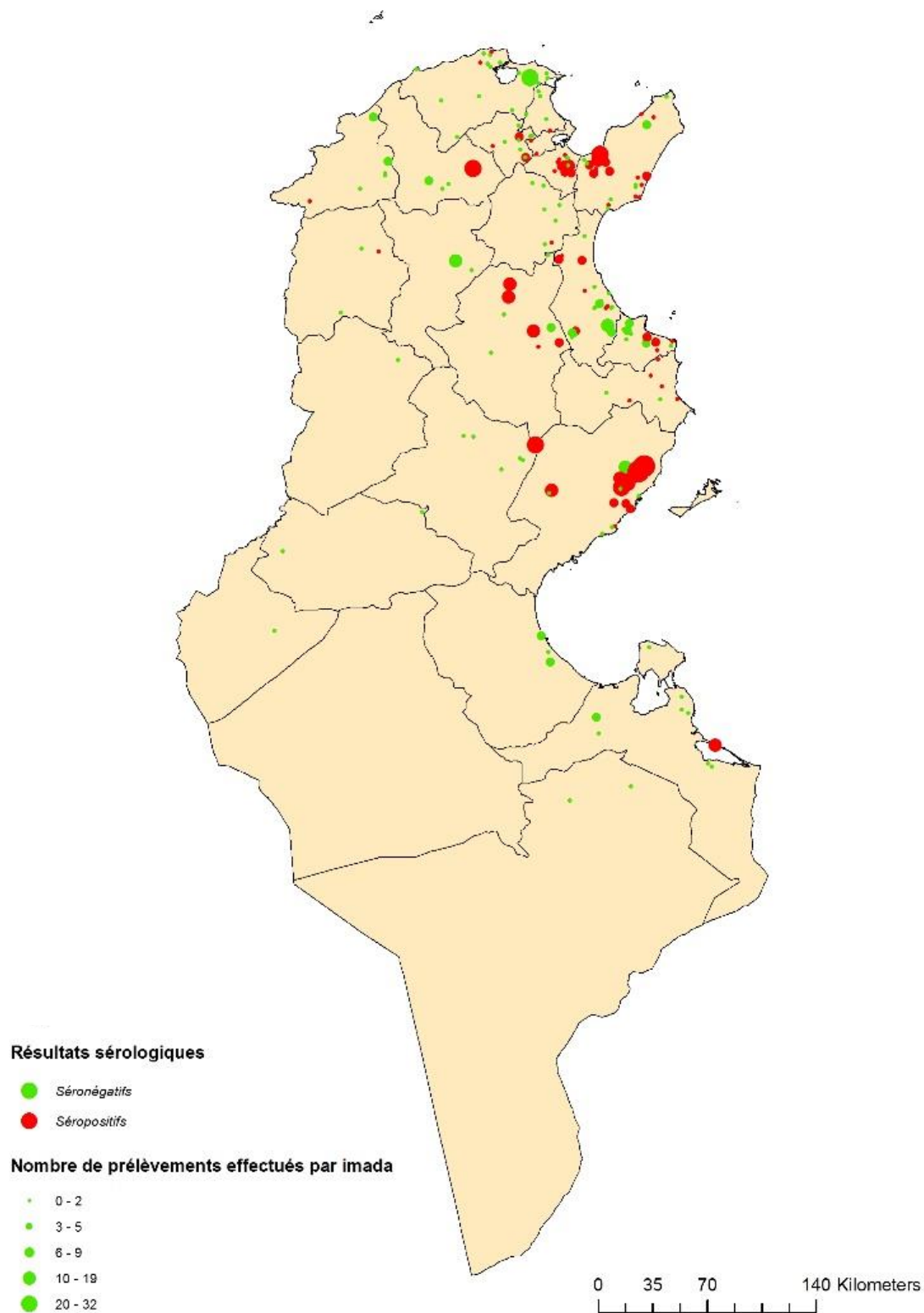


Fig. 3 : Répartition géographique et résultats des prélèvements sérologiques. Les limites administratives sont celles des gouvernorats.

De la même façon que pour les prélèvements au sein d'un élevage, une imada est considérée comme séropositive si un au moins des élevages situés dans cette imada est séropositif, et comme séronégative si tous ses élevages sont séronégatifs.

2.1.3.2. Recueil de données spatiales sur la Tunisie

L'objectif de cette étude est d'identifier des facteurs spatiaux susceptibles de favoriser – ou au contraire de diminuer – le risque d'apparition du virus H9N2 dans les imadas. La collecte de données spatiales sur la Tunisie constitue donc un point clé de l'étude, et concerne plusieurs types de données. Toutes ces données ont ensuite été traitées avec le logiciel d'information géographique ArcGis®.

2.1.3.2.1. Les zones humides

La présence et/ou la distance aux zones humides constitue un facteur très souvent étudié dans les travaux similaires, en raison de leur rôle probable dans la transmission du virus entre les oiseaux d'eau sauvages.

Deux bases de données ont été utilisées :

- Les plans d'eau, canaux et rivières recensés par Diva-Gis®, et accessibles sur www.diva-gis.org. Ces éléments sont regroupés dans deux fichiers (plans d'eau d'une part et rivières et canaux d'autre part) dans un format vecteur. Diva-Gis® est une source de données géographiques fiable et utilisée dans de nombreux travaux similaires, mais aucune information sur la permanence des rivières ou des plans d'eau tout au long de l'année n'est disponible ;
- La liste des sites recensés par la convention Ramsar. Il s'agit d'un traité intergouvernemental adopté le 2 février 1971 à Ramsar, en Iran, et qui regroupe 159 pays. Cette convention a pour mission de veiller à « la conservation et l'utilisation rationnelle des zones humides par des actions locales, régionales et nationales et par la coopération internationale, en tant que contribution à la réalisation du développement durable dans le monde

entier» (<http://www.ramsar.org/>). La définition des zones humides adoptée par la convention est large et comprend tous les lacs et cours d'eau, les aquifères souterrains, les marécages et marais, les prairies humides, les tourbières, les oasis, les estuaires, les deltas et étendues intertidales, les mangroves et autres zones côtières, les récifs coralliens et tous les sites artificiels, tels que les étangs de pisciculture, les rizières, les retenues et les marais salés. En 2015, la Tunisie compte 41 sites Ramsar, tous identifiés par leurs coordonnées, ce qui correspond à un total de 840 363 hectares. 5 de ces sites sont fragmentés en plusieurs sous-sites : au total, 63 paires de coordonnées ont été utilisées dans l'étude (Annexe 3).

Neuf critères sont pris en compte pour l'inscription d'un site Ramsar. Parmi eux, deux sont relatifs à la population d'oiseaux sauvages qui y est abritée (Convention Ramsar, 1971) :

- Le critère 5 : « Une zone humide devrait être considérée comme un site d'importance internationale si elle abrite, habituellement, 20 000 oiseaux d'eau ou plus » ;
- Le critère 6 : « Une zone humide devrait être considérée comme un site d'importance internationale si elle abrite, habituellement, 1% des individus d'une population d'une espèce ou sous-espèce d'oiseau d'eau ».

En raison de leur rôle très probable dans la transmission du virus H9N2, les sites répondant à l'un et/ou l'autre de ces deux critères ont donc fait l'objet d'une analyse particulière.

La carte suivante (Fig.4) illustre les zones humides tunisiennes recensées par la convention Ramsar et par Diva-Gis®.

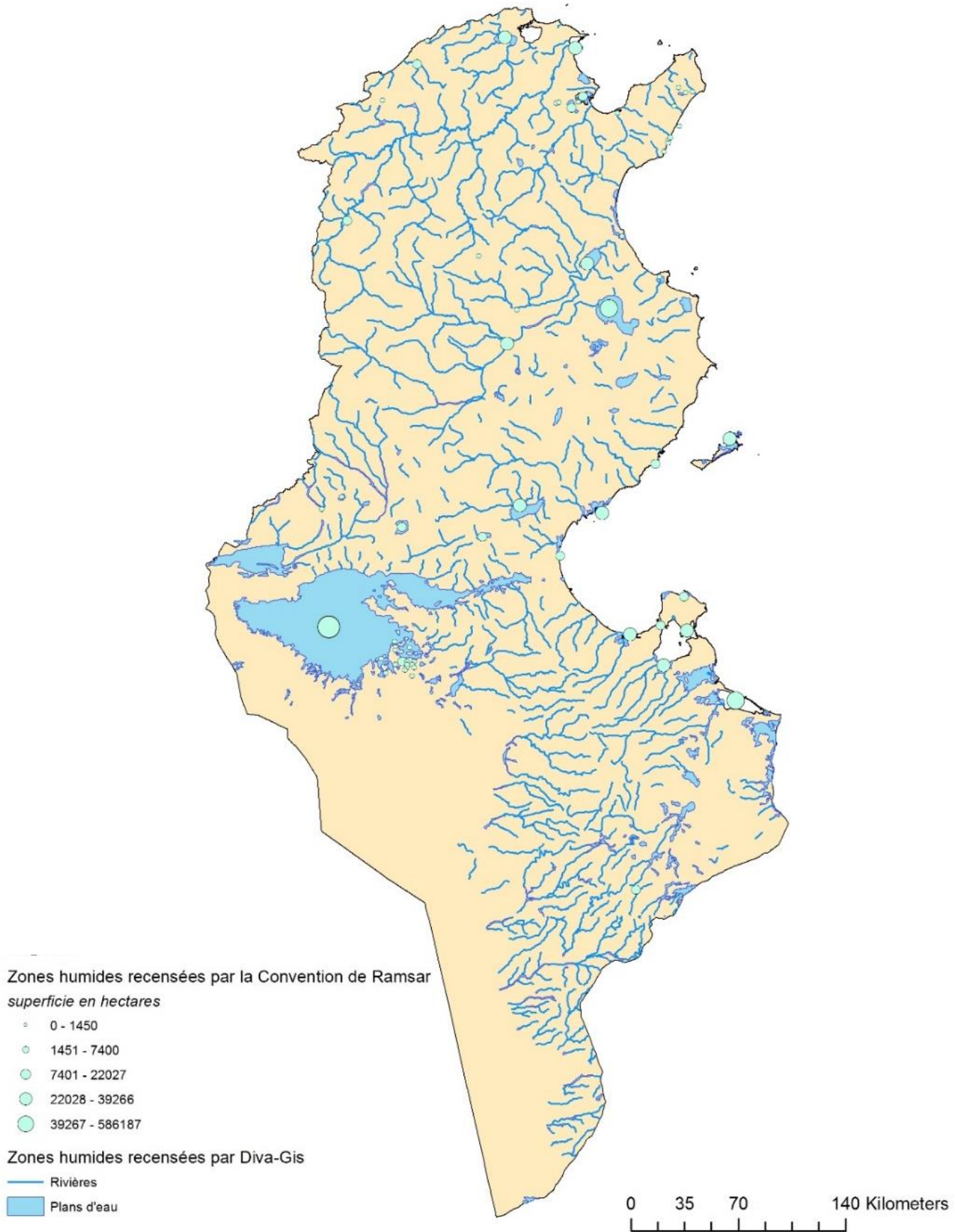


Fig. 4 : Zones humides en Tunisie

2.1.3.2.2. Données démographiques et anthropiques

La transmission mécanique du virus par les hommes, par transport d'oiseaux infectés ou de matériel inerte contaminé, a été mise en évidence (Alexander 2007). Des données démographiques concernant la densité de population humaine et d'autres relatives aux infrastructures routières ont donc été rassemblées pour l'étude

- Densité de population humaine : les valeurs de densité de population humaine utilisées sont celles du projet AfriPop, disponibles sur <http://www.worldpop.org.uk/>. Il s'agit de la partie africaine du projet mondial WorldPop initié en octobre 2013 et destiné à fournir un accès gratuit aux données démographiques les plus récentes et précises d'Asie, d'Afrique et d'Amérique centrale et du sud. Ce projet combine des données sur l'utilisation du sol issues d'images acquises par le spectromètre imageur de résolution moyenne MERIS (Medium Resolution Imaging Spectrometer) embarqué à bord du satellite ENVISAT lancé en 2002, avec des données de recensement, telles que celles fournies par les Nations Unies. La méthode de cartographie utilisée pour combiner ces deux types de données est détaillée dans un article spécifique (Linard *et al.* 2012). Ces valeurs de densité de population se présentent sous la forme d'un raster de 0.000833333 degrés décimaux de résolution, soit approximativement 100m à l'équateur (Fig.5)
- Capitales de gouvernorat : il n'a pas été possible de trouver des données précises permettant de sélectionner des villes en fonction de leur nombre d'habitants. Il a donc été décidé, pour caractériser l'urbanisation de la Tunisie, de ne prendre en compte que les capitales de gouvernorat. Leurs coordonnées proviennent du gazetteer de de GEOnet Names Server® (Fig. 6).
- Routes : les tracés des routes proviennent de la carte numérique gratuitement accessible la plus détaillée, Digital Chart of the World. Seuls les réseaux de routes primaires, secondaires et tertiaires ont été gardés

pour l'étude, et analysés ensemble et séparément (Fig. 6). Ces données sont disponibles sous le format vecteur sur le site <http://www.mapcruzin.com/>.



Fig. 5 : Répartition de la population humaine en Tunisie d'après le projet AfriPop

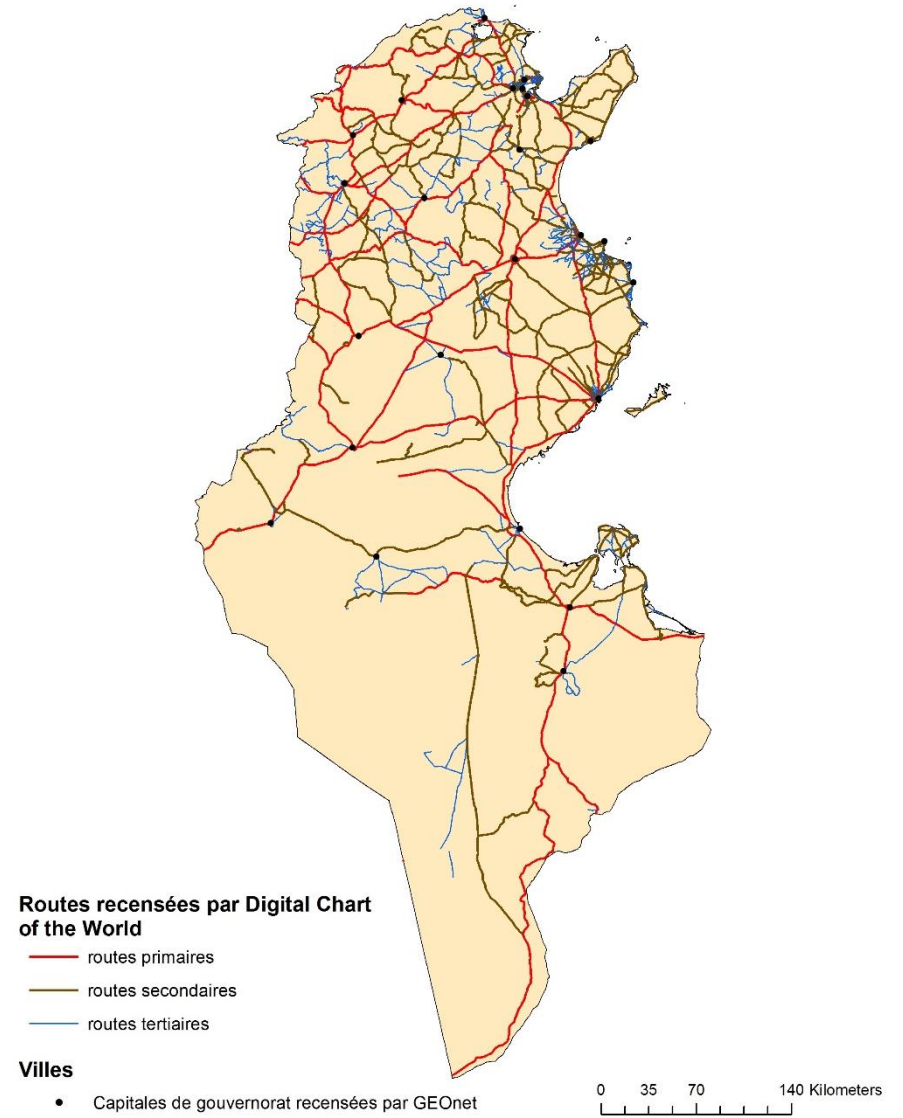


Fig. 6 : Occupation humaine en Tunisie

2.1.3.2.3. Infrastructure de la filière et densité avicole

Concernant les infrastructures de la filière avicole, les données ont été fournies par le GIPAC. Il s'agit des données de localisation :

- Des différents types d'élevages recensés : poulets de chair (n=4722), poules pondeuses (n=380), poulettes (n=36), reproducteurs (n=98) et dindes (n=117) ;
- Des différents types de couvoirs : poulets de chair (n=36), poules pondeuses (n=4) et dindes (n=3) (Fig. 7) ;
- Des abattoirs : parmi eux, le GIPAC distingue une liste d'abattoirs agréés, c'est-à-dire déclarés et conformes à la réglementation tunisienne (*Arrêté du Ministre de l'Agriculture du 6 Août 1996 relatif aux normes d'hygiène et à l'inspection sanitaire vétérinaire dans les établissements industriels d'abattage et de découpe de volailles*). Toutefois, cette liste ne correspond pas complètement à la liste des 30 abattoirs industriels recensés par la FAO (Karma 2011) dont les coordonnées sont inaccessibles. La distinction faite par le GIPAC entre abattoirs agréés et non agréés est donc probablement à manipuler prudemment. L'étude porte donc sur les abattoirs déclarés agréés (n=10), les autres (n=19) et sur ces deux catégories regroupées.

En 2007, la FAO, en association avec le groupe de recherche environnementale d'Oxford (ERGO), avait mis au point une base de données concernant la distribution mondiale des principales espèces de productions animales (Gridded Livestock of the World). Ce projet s'est enrichi des travaux de Robinson *et al.* (2014) qui ont affiné le degré de résolution spatiale des données. Les valeurs de densité d'animaux (bovins, porcs, poulets et canards) sont désormais accessibles sur le portail <http://www.livestock.geo-wiki.org> sous le format raster à une résolution de 1 km. Seules les données concernant les poulets ont été utilisées dans cette étude, celles concernant la distribution des canards étant incomplètes et ne couvrant pas la Tunisie.

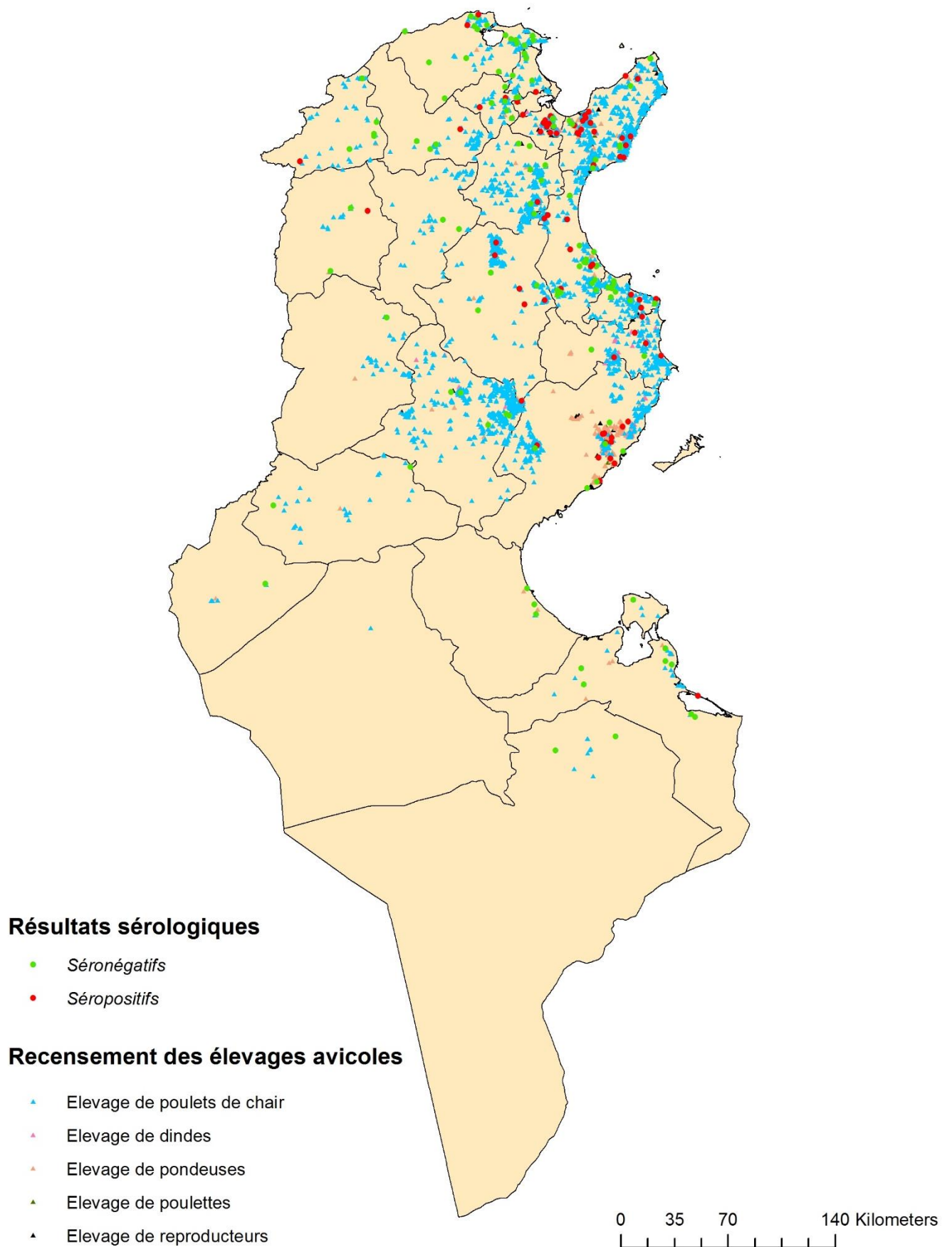


Fig. 7: Les élevages avicoles tunisiens recensés par le GIPAC. Les limites administratives sont celles des gouvernorats.

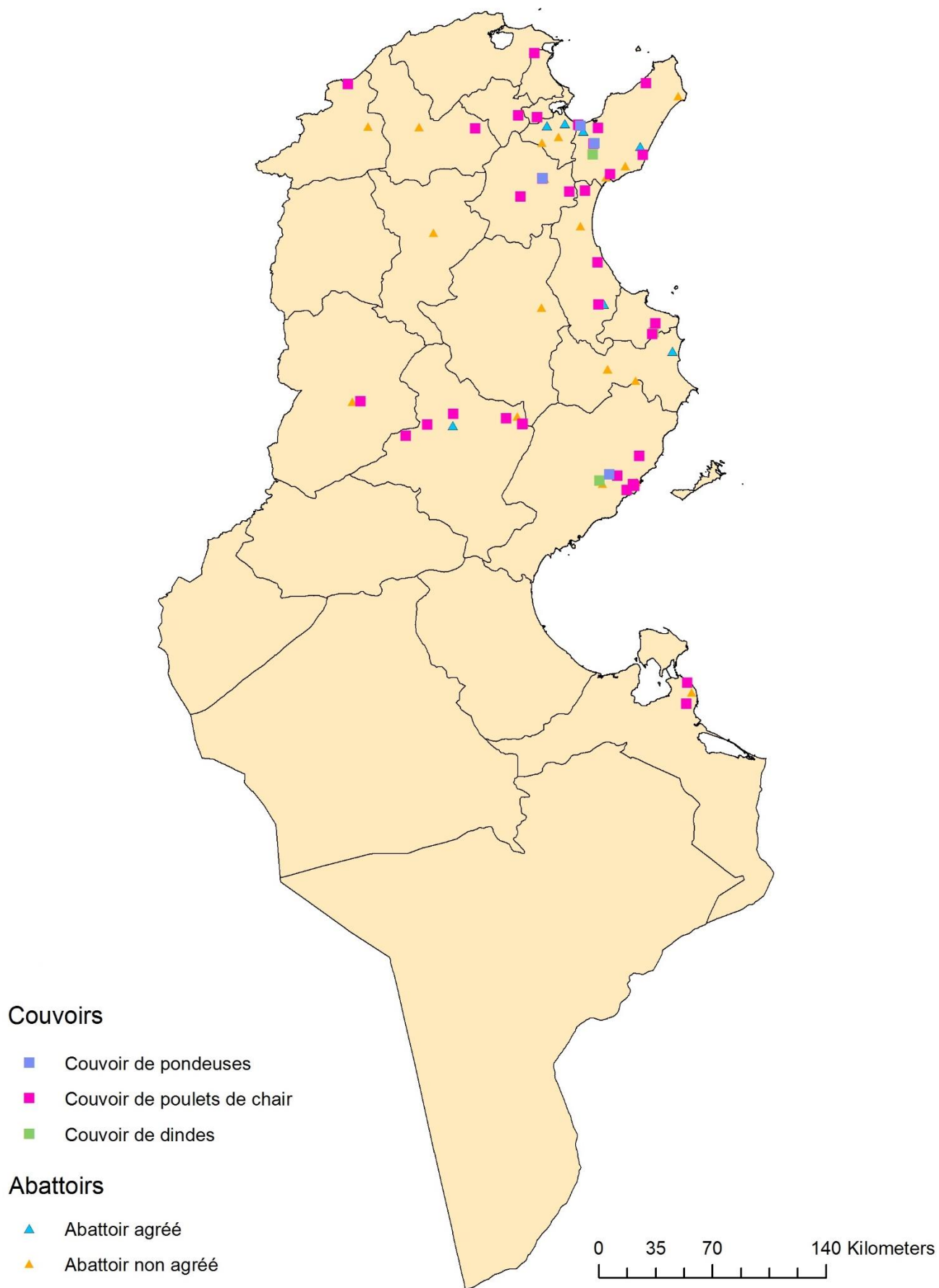


Fig. 8 : Couvoirs et abattoirs recensés par le GIPAC. Les limites administratives sont celles des gouvernorats.

2.1.3.2.4. Données bioclimatiques

La transmission du virus H9N2 nécessite son passage dans le milieu extérieur (Vittecoq *et al.* 2011). Les conditions bioclimatiques environnantes influent donc directement sur la survie et la transmission du virus. Les variables ci-dessous concernant la température et les précipitations proviennent de la base de données bioclimatiques BIOCLIM, accessible sur le site <http://www.worldclim.org/>. Les données BIOCLIM sont largement utilisées dans les travaux de modélisation des changements climatiques ainsi que des réponses potentielles de nombreuses espèces à ces changements (Beaumont, Hughes, Poulsen 2005). Elles proviennent de plus de 45 000 stations météos réparties dans le monde permettant d'obtenir une résolution de 30 arcs seconde pour ces données. La méthode d'interpolation utilisée est détaillée dans une étude spécifique (Hijmans *et al.* 2005).

Les variables utilisées, disponibles au format raster, sont les suivantes :

- La température annuelle moyenne (Fig. 7) ;
- La température maximale du mois le plus chaud (sur une année) ;
- La température minimale du mois le plus froid (sur une année) ;
- L'isotherme, définie comme

$$\frac{\text{Moyenne mensuelle (Température maximale – Température minimale)}}{\text{Température maximale du mois le plus chaud – Température minimale du mois le plus froid}} \times 100$$

Cette valeur quantifie l'intervalle de variation des températures journalières par rapport aux variations annuelles (été – hiver). Une valeur de 100 indique que la variation de température sur une journée est équivalente à sa variation sur une année. Toute valeur inférieure à 100 indique quant à elle que la température varie dans un intervalle plus grand entre l'été et l'hiver qu'entre le jour et la nuit. L'isotherme est surtout utilisée dans les environnements tropicaux, insulaires ou maritimes (O'Donnell, Ignizio 2012) ;

- La saisonnalité de la température, exprimée par la déviation standard (variance) des températures mensuelles d'une année, multipliée par cent. Cela correspond à la variabilité de température sur une année : plus

cette valeur est élevée, plus la variabilité de la température pendant l'année est importante ;

- Les précipitations annuelles, qui correspondent au total des précipitations de l'année (Fig. 8) ;
- Les précipitations du mois le plus sec ;
- Les précipitations du mois le plus humide ;
- La saisonnalité des précipitations, qui mesure la variabilité des précipitations mensuelles sur une année. Il s'agit du ratio de la déviation standard (variance) des précipitations mensuelles d'une année sur la valeur mensuelle moyenne des précipitations de la même année. C'est un pourcentage.

Les valeurs de températures (y compris celles de la saisonnalité de la température) sont exprimées en degrés Celsius multipliés par dix, et les valeurs de précipitations en millimètres.

Les cartes représentant la répartition des variables bioclimatiques (à l'exception des températures moyennes et des précipitations annuelles) sont présentées dans l'Annexe 1.

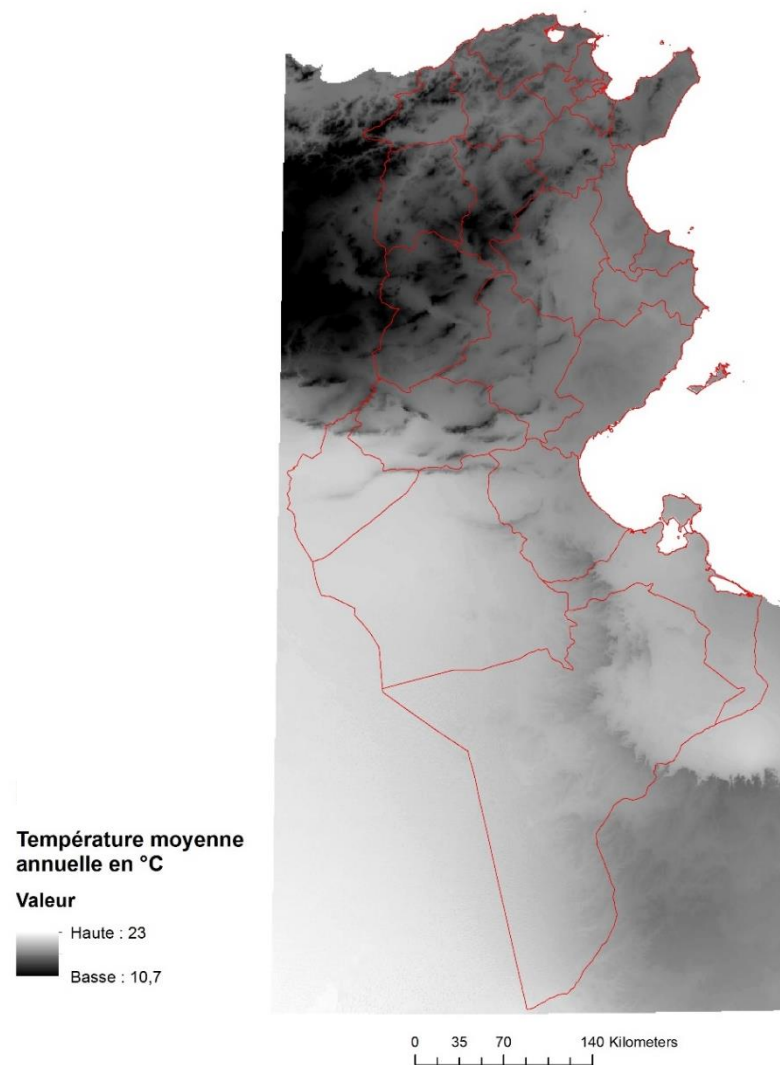


Fig. 9 : Température moyenne annuelle (BIOCLIM). Les limites administratives sont celles des gouvernorats.

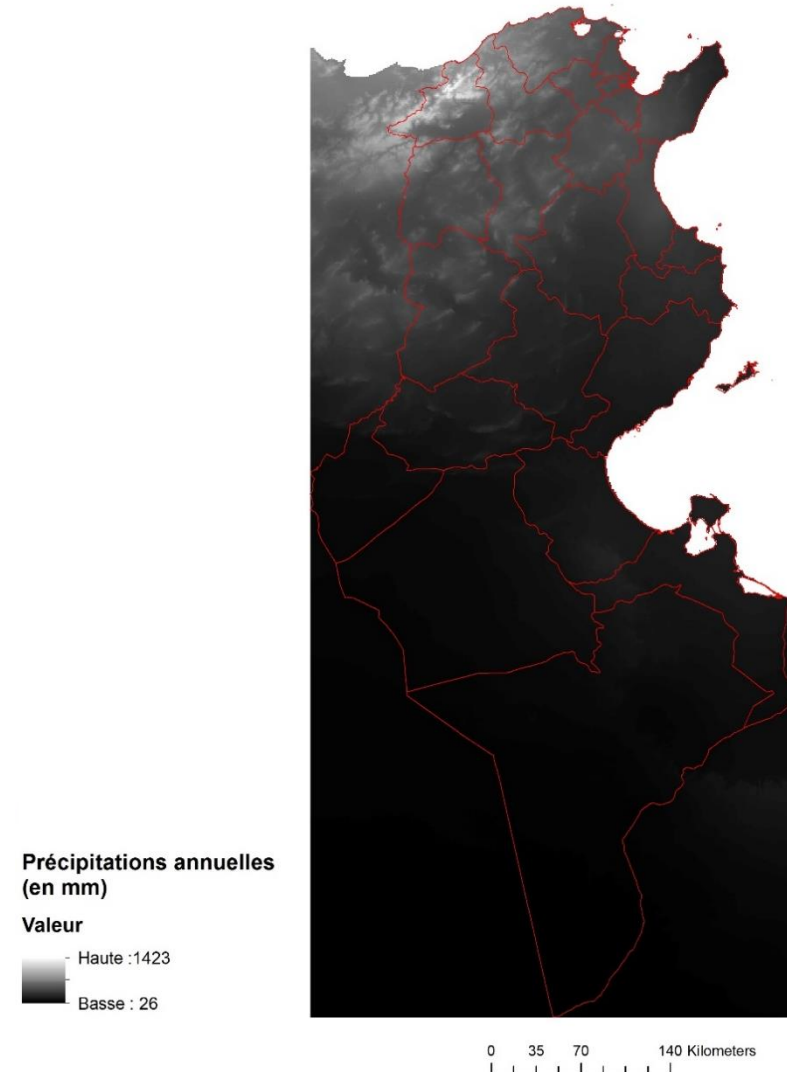


Fig. 10 : Précipitations annuelles (BIOCLIM). Les limites administratives sont celles des gouvernorats

Les sources des données géographiques utilisées sont récapitulées dans l'Annexe 2. Toutes les données ont été projetées en UTM 32N.

2.1.4. Analyse statistique

En raison de la façon dont elles ont été collectées, les coordonnées GPS de chaque imada ne reflètent pas nécessairement la zone exacte sur laquelle les animaux testés se distribuent. Pour pouvoir associer des variables prédictives aux imadas, il a donc été nécessaire d'assigner une zone tampon à chaque coordonnée. Basées sur la valeur moyenne du rayon des imadas (1,2 km, calculée sur un échantillon pris au hasard de 33 imadas) et sur les valeurs utilisées dans d'autres études, trois valeurs de distance ont été choisies : 1 km, 2 km et 5 km. Toutes les variables de densité ont été calculées pour ces trois zones tampons.

2.1.4.1. Choix des variables explicatives et géotraitement

Pour chaque information apportée par les bases de données détaillées plus haut, plusieurs variables ont été construites. Elles sont détaillées ci-dessous, par catégorie :

- Zones humides :
 - Plans d'eau : en raison de leur faible densité sur le territoire tunisien, de nombreuses imadas n'en comptent pas dans leurs zones tampons (y compris celle de 5 km de diamètre). Pour pouvoir associer une valeur à chaque imada, il a donc été décidé de ne tenir compte que de la distance du centre de l'imada aux plans d'eau. Trois variables ont ainsi été construites : la distance aux sites (sans distinction de critères) de zones humides recensés par la convention Ramsar, la distance aux sites de la convention Ramsar répondant aux critères 5 et/ou 6 évoqués plus haut, et enfin la distance aux plans d'eau recensés par Diva-Gis®.

- Rivières et canaux : en raison de leur caractère linéaire, la densité des rivières et canaux n'a que peu d'intérêt. Les variables créées sont donc de deux types : des variables de longueurs (longueur des rivières et canaux traversant les zones tampons de 1, 2 et 5 km) et des variables de distance (distance du centre de l'imada à la rivière la plus proche). Enfin, une dernière variable, la distance à la rivière ou au plan d'eau (recensé par Diva-Gis®) le plus proche, a été créée, afin d'illustrer la proximité à une zone humide, quelle qu'elle soit.
- Données démographiques et anthropiques :
- Densité de population humaine : les données de densité de population humaine (nombre d'habitants par hectare) issues du projet WorldPop n'ont pas été transformées. Toutefois, une variable de densité moyenne a été créée pour chaque zone tampon (1, 2 et 5 km).
 - Capitales de gouvernorat : en raison de leur faible nombre (24), seules 9 imadas comptent une capitale de gouvernorat dans leur zone tampon de 5 km. Afin d'avoir des données pour chaque imada, c'est la variable distance à la capitale de gouvernorat la plus proche qui a été créée.
 - Routes : de la même manière que pour les rivières et canaux, ce sont des variables de distance et de longueur qui ont été créées. Pour chacun de ces deux types de variables, les réseaux routiers principal d'une part, et secondaire et tertiaire d'autre part, ont fait l'objet de variables séparées. Enfin, ces trois niveaux de réseaux ont également été regroupés pour créer les variables distance à la route la plus proche (qu'elle soit principale, secondaire ou tertiaire) et distance totale des routes (tout type confondu) dans les 3 zones tampons.

- Infrastructures de la filière avicole et densité avicole :
 - Types d'élevage : deux catégories de variables ont été créées. Il s'agit, d'une part, de variables continues, et d'autre part de variables catégorielles. La première catégorie est constituée des variables de distance à l'élevage avicole le plus proche (par type d'élevage : poulets de chair, pondeuses, poulettes, reproducteurs et dindes, et également tout type d'élevage confondu), du nombre d'élevages par zone tampon (par type d'élevages et tout type confondu) et enfin d'une densité moyenne, par zone tampon, de poulets (données du projet Mapping the global distribution of the livestock). Dans la deuxième catégorie de variable, les élevages de dindes, de poulettes, de pondeuses et de reproducteurs, moins nombreux et donc absents dans de nombreuses zones tampon, ont été traités séparément des élevages de poulets de chair et des élevages avicoles toutes espèces confondues. Les premiers ont été étudiés via des variables d'absence ou de présence dans les 3 zones tampons, tandis que les seconds ont été mis en classes. Pour chacune des trois zones tampon, les variables ont été découpées en 3, 4 et 5 classes, délimitées par des bornes dépendantes de la répartition du nombre d'élevages. En effet, pour des raisons de validité statistique, chaque classe doit contenir au moins 10% de l'effectif total, soit ici au moins 20 imadas.
 - Abattoirs : de la même manière que pour les élevages, des variables continues et catégorielles ont été construites. Il s'agit de la distance à l'abattoir le plus proche et du nombre d'abattoirs par zone tampon pour les variables continues et de variables de présence ou d'absence d'abattoirs par zone tampon pour les variables catégorielles. Toutes ces variables ont été calculées pour les abattoirs agréés, les abattoirs non agréés et l'ensemble de ces abattoirs.
 - Couvoirs : les couvoirs ont été étudiés par type (poulets de chair, pondeuses et dindes) ainsi que tous types confondus. Les variables

étudiées sont les mêmes que celles concernant les abattoirs : distance au couvoir le plus proche, nombre de couvoirs par zone tampon et variable de présence ou d'absence par zone tampon.

- Données bioclimatiques : toutes les variables exposées dans la partie 2.1.3.2.4. Données bioclimatiques ont été utilisées sans transformation. Elles ont cependant toutes fait l'objet d'une moyenne dans les trois zones tampon (1, 2 et 5 km).

L'ensemble des variables testées est présenté dans l'annexe 4.

2.1.4.2. Modélisation par régression logistique

Les variables continues présentées ci-dessus ont subi des transformations classiques : logarithmique, inverse, racine carré, et carré. Puis, de même que les variables catégorielles, elles ont fait l'objet d'une analyse univariée basée sur un modèle linéaire généralisé (régression logistique). Les p-values obtenues dans la phase univariée sont regroupées dans l'annexe 5. Toutes les analyses statistiques ont été effectuées avec le logiciel statistique R (version 3.2.1).

Pour chaque groupe de variables (variables associées aux routes, aux capitales de gouvernorat, aux différents types d'élevages, aux températures, ...), la variable ayant la plus petite p-value (et nécessairement inférieure à 0,05) a été retenue. La corrélation de ces variables a ensuite été testée à l'aide d'un test de Pearson (fonction *corstars*). Les variables fortement corrélées (coefficient de Pearson supérieur à 0,7) et biologiquement reliées ont été réunies en une seule variable, utilisée dans le modèle d'analyse multivarié.

Dans le cadre de maladies contagieuses, telles que l'influenza aviaire, la survenue d'un cas dans un élevage n'est pas indépendante de la présence du virus dans les élevages voisins. Ainsi, il est probable que le statut (infecté/non infecté) d'une imada dépende fortement de celui de ses voisines. Si tel est le cas, l'hypothèse d'indépendance des observations, nécessaire afin de pouvoir appliquer un modèle

logistique classique, n'est pas respectée. La présence d'une dépendance spatiale entre les imadas a donc été testée. L'analyse du corrélogramme a permis de mettre en évidence une autocorrélation spatiale entre les statuts sérologiques des imadas éloignées par une distance de moins de 30 km. Un terme d'autocorrélation spatiale a donc été créé (fonction *autocov_dist*) puis testé dans le modèle linéaire généralisé univarié (p-value = $1,99 \times 10^{-10}$).

La phase d'analyse multivariée repose sur un processus d'élimination par étapes des variables selon la vraisemblance du modèle, approchée par le critère d'information d'Akaike (fonction *stepAIC*).

2.2. Résultats

31 variables ont été testées dans la phase univariée. Parmi elles, 19 ont été trouvées comme significativement associées à la présence de H9N2. Les résultats de l'analyse univariée sont rassemblés dans le tableau 1.

Tableau 1 : Résultats de l'analyse univariée par modèle linéaire généralisé des facteurs de risque associés à la présence de H9N2

Variable	Estimate	Standard error	p-value
Inverse de la distance à la route la plus proche	25.2456	5.4932	4.31e-06 ***
Distance à la capitale de gouvernorat la plus proche	-2.896e-05	7.704e-06	0.00017 ***
Présence ou absence d'élevages de dindes dans la zone tampon de 5 km	1.3132	0.1995	4.63e-11 ***
Logarithme de la distance à l'élevage de poulets de chair le plus proche	0.09673	0.04659	0.0379 *
Logarithme de la distance à l'élevage de pondeuses le plus proche	-0.19799	0.04948	6.3e-05 ***
Logarithme de la distance à l'élevage de reproducteurs le plus proche	-0.41210	0.07066	5.47e-09 ***
Logarithme de la distance à l'élevage de poulettes le plus proche	-0.54015	0.06874	3.91e-15 ***
Température annuelle moyenne dans la zone tampon de 1 km	0.02403	0.01357	0.0766 .
Précipitations annuelles dans la zone tampon de 1 km	-0.0017804	0.0007705	0.0208 *
Précipitations du mois le plus sec dans la zone tampon de 1 km	-0.2205	0.0608	0.000287 ***
Distance au site Ramsar répondant au critère 5 et/ou 6 le plus proche	-2.592e-05	6.510e-06	6.87e-05 ***
Logarithme de la distance à la rivière la plus proche	-0.11796	0.07152	0.0991 .
Logarithme de la distance à l'abattoir le plus proche	-0.4772	0.1105	1.57e-05 ***
Logarithme de la distance à l'abattoir non agréé le plus proche	-0.6389	0.1229	2.03e-07 ***
Distance au couvoir de dindes le plus proche	-2.734e-05	3.983e-06	6.67e-12 ***
Distance au couvoir de poulets de chair le plus proche	-3.568e-05	7.857e-06	5.59e-06 ***
Distance au couvoir de pondeuses le plus proche	-2.884e-05	3.671e-06	3.94e-15 ***
Distance au couvoir le plus proche	-3.579e-05	7.886e-06	5.68e-06 ***
Inverse de la densité de population humaine dans la zone tampon de 5 km	-0.9667	0.3473	0.00538 **

Significativité : < 0,001 : *** ; < 0,001 : ** ; < 0,05 : * ; < 0.01 : .

La corrélation deux à deux de ces variables a été testée par un test de Pearson (Annexe 7). Deux variables sont considérées comme fortement corrélées lorsque la valeur absolue du coefficient de Pearson est supérieure à 0,7 (Mukaka 2012). Plusieurs variables répondent à ce critère :

- La variable de distance au couvoir de dindes le plus proche est très corrélée aux variables de distance au couvoir de poulets de chair le plus proche (coefficient : 0,72***), de distance au couvoir de pondeuses le plus proche (coefficient : 0,81***), ainsi qu'à la variable de distance au couvoir (de poulets de chair, pondeuses et dindes confondus) le plus proche (coefficient : 0,72***). Seule la variable de distance au couvoir le plus proche (tous types confondus) a donc été gardée pour l'analyse multivariée ;
- Les variables logarithme de la distance à l'abattoir le plus proche et logarithme de la distance à l'abattoir non agréé le plus proche apparaissent également corrélées (coefficient : 0,81***). En raison de la non-conformité de la liste des abattoirs agréés fournie par le GIPAC avec celle des 30 abattoirs industriels recensés dans le document de travail de 2011 de la FAO « Évolution du secteur avicole en Tunisie », des réserves peuvent être émises quant à la distinction entre abattoirs agréés et non agréés effectuée par le GIPAC. Il a donc été décidé de ne conserver que la variable logarithme de la distance à l'abattoir (agréé ou non agréé) le plus proche pour l'analyse multivariée.

15 variables, dont le terme d'autocorrélation spatiale, ont donc fait l'objet d'une analyse multivariée par modèle linéaire généralisé. Les résultats sont donnés dans le tableau 2.

Tableau 2 : Résultats de l'analyse multivariée par modèle linéaire généralisé des facteurs de risque associés à la présence de H9N2

Variable	Estimate	Standard error	p-value
(Intercept)	1.097e+00	1.083e+00	0.311026
Ac ¹	3.220e+06	8.540e+05	0.000163 ***
Inverse de la distance à la route la plus proche	2.127e+01	5.646e+00	0.000165 ***
Présence d'élevages de dindes dans la zone tampon de 5 km	1.074e+00	2.732e-01	8.49e-05 ***
Logarithme de la distance à la rivière la plus proche	-5.519e-01	1.983e-01	0.005373 **
Logarithme de la distance à l'élevage de pondeuses le plus proche	4.121e-01	2.002e-01	0.039557 *
Logarithme de la distance à l'élevage de poulettes le plus proche	-4.654e-01	2.220e-01	0.036017 *
Précipitations annuelles dans la zone tampon de 1 km	-1.885e-03	1.006e-03	0.061006 .

¹Ac désigne le terme fixe d'autocorrélation spatiale calculé avec la fonction *autocov_dist*.
Significativité : < 0,001 : *** ; < 0,001 : ** ; < 0,05 : * ; < 0.01 : .

En plus du terme d'autocorrélation spatiale, deux variables sont fortement et positivement associées au risque de H9N2. Il s'agit de l'inverse de la distance à la route (primaire, secondaire ou tertiaire) la plus proche et de la présence d'un élevage de dindes dans la zone tampon de 5 km. Pour la première, cela signifie que plus la distance à la route la plus proche est faible, plus le risque de H9N2 est important. De plus, une variable, la transformation logarithmique de la distance à la rivière la plus proche, est significativement et négativement associée à la présence du virus H9N2 : là encore, plus la distance à la rivière la plus proche est faible, plus le risque de H9N2 est élevé.

Trois autres variables apparaissent nettement moins significatives (bien que la p-value reste <0.05 ou proche de cette valeur). Parmi elles, deux sont négativement associées à la présence de H9N2 : le logarithme de la distance à l'élevage de poulettes le plus proche et les précipitations annuelles moyennes dans la zone tampon de 1 km. Pour la première, cela signifie que plus la distance à l'élevage de poulettes le plus proche est faible, plus le risque de H9N2 est important. Concernant la variable de précipitations annuelles, ce résultat signifie que plus il pleut pendant l'année, moins le risque de H9N2 est important. Enfin, la transformation logarithmique de la distance à l'élevage de pondeuses le plus proche est positivement significativement associée à

la présence du virus : plus la distance à l'élevage de poules est faible, plus le risque est faible.

2.3. Discussion

La présente étude vient compléter un travail déjà réalisé sur les facteurs de risque de présence du virus influenza aviaire faiblement pathogène H9N2 dans des élevages commerciaux de volailles en Tunisie (Tombari *et al.* 2013).

La proximité des routes a été identifiée dans cette étude comme un facteur significativement associé à la présence du virus. Ce résultat est cohérent avec ceux de plusieurs études ayant déjà étudié et établi une association significative entre cette variable et la présence de virus influenza H5N1, en Chine et en Thaïlande notamment (Fang *et al.* 2008; Cao *et al.* 2010; Paul *et al.* 2010). En effet, les élevages situés à proximité des routes, et donc plus accessibles, sont plus susceptibles que les autres d'avoir été en contact avec le virus, s'il a été transporté par voie routière. On sait effectivement que le transfert mécanique de fèces infectées où le virus peut rester infectieux jusqu'à plus de 44 jours, participe grandement à la transmission – à courtes et longues distances – du virus (Alexander 2007). Cette transmission mécanique peut s'effectuer par les camions transportant les volailles, ainsi que directement par les hommes. Les risques pour ces élevages proches des routes sont d'autant plus importants si à leur situation géographique s'ajoutent des mesures de biosécurité limitées : pénétration des camions dans l'enceinte des élevages, mauvaise désinfection des camions entre deux voyages, passage important de personnes en contact avec d'autres volailles... Si de réels efforts sont faits en Tunisie concernant le nettoyage et l'hygiène des camions transportant les volailles et les mesures de biosécurité grandissantes dans les élevages, il n'en reste pas moins que des abattoirs clandestins existent toujours et échappent aux mesures sanitaires indispensables pour maîtriser l'influenza aviaire, pouvant ainsi être sources de transmission du virus via la voie routière. Par ailleurs, ces élevages sont davantage connectés aux marchés, et bien que les marchés de volailles vivantes soient interdits en Tunisie depuis 2007, on sait qu'il en existe toujours, et notamment dans le gouvernorat de Sfax (Karma 2011) où cette interdiction n'est pas effective. Ces marchés peuvent mettre en contact des

volailles saines avec d'autres volailles infectées mais asymptomatiques, ou bien directement avec des vecteurs passifs du virus comme des fientes infectées, et contribuer ainsi à la diffusion du virus. Des études menées au Vietnam et en Chine suggèrent ainsi une association significative entre l'accessibilité aux marchés et le risque de H5N1 hautement pathogène (Magalhães *et al.* 2010; Martin, Zhou, *et al.* 2011). Enfin, la proximité avec les routes reflète une zone plus dense en termes de population, plus urbanisée, et où la surveillance pourrait être de meilleure qualité, ce qui augmenterait la probabilité de détection du virus dans ces zones. Toutefois, l'existence d'un plan national actif d'épidémiologie-surveillance ainsi que le fait que la densité humaine, testée en tant que telle, n'a pas été identifiée comme un facteur significativement associé à la présence du virus H9N2 lors de l'analyse multivariée diminuent la plausibilité de cette hypothèse.

L'analyse multivariée met en évidence une association significative entre la présence du virus H9N2 et la proximité d'une rivière. Là encore, de nombreuses études obtiennent des résultats similaires avec le virus H5N1 et des variables relatives à la présence d'eau : au Bangladesh (Biswas *et al.* 2009), en Chine (Cao *et al.* 2010), en Thaïlande, au Vietnam et à Madagascar (Paul *et al.* 2011b, 2014), en Roumanie (Ward *et al.* 2008). En effet, les rivières et les plans d'eau constituent une part importante du milieu naturel des oiseaux d'eau sauvages et migrateurs. Les zones humides tunisiennes constituent d'ailleurs un point d'arrêt des voies migratoires des oiseaux venant d'Europe centrale et d'Asie et se dirigeant vers le sud : parmi eux, on estime à plus de 5 millions la population de canards venant passer l'hiver en zone subsaharienne (Gaidet *et al.* 2007). On sait par ailleurs que les oiseaux d'eau sauvages constituent le réservoir naturel des virus influenza de type A (Webster *et al.* 1992), et que des prélèvements cloacaux d'oiseaux sauvages réalisés en Tunisie lors d'une opération de surveillance épidémiologique menée en Afrique ont montré la présence de sous-type H5 faiblement pathogènes (Gaidet *et al.* 2007). La présence de zones humides, par le biais des oiseaux sauvages qu'elles abritent, semble donc jouer un rôle important dans la diffusion du virus, bien que les mécanismes exacts ne soient pas encore connus, et semblent être variables suivant les endroits. Il est connu toutefois que la contamination des volailles domestiques peut avoir lieu par ingestion d'eau contaminée par les fèces porteuses de virus des oiseaux sauvages infectés par le virus, d'autant que les virus influenza de type A peuvent rester infectieux de

quelques jours à quelques semaines aux températures mesurées en Tunisie (Nazir *et al.* 2010).

De plus, la présence d'au moins un élevage de dindes dans la zone tampon de 5 km apparaît comme un facteur de risque pour le virus H9N2. À l'inverse des deux premières variables, ce résultat n'a, à notre connaissance, pas été mis en évidence dans d'autres études du même type. Cette variable n'a que peu (voire jamais) été étudiée, la majorité des études conduites en Asie se focalisant sur l'effet de la densité de canards. La Tunisie ne possédant qu'un seul élevage commercial de canards, cette variable n'a pas été étudiée. L'élevage de dindes est en revanche une vraie particularité du système avicole tunisien : cette filière est en grande progression, elle a connu un taux de croissance de 9,35% entre 1996 et 2011, contre 5,91% pour toute la filière avicole viande (Karma 2011). Il s'agit d'un système de production différent de celui des poulets, car, bien qu'il s'agisse en général des mêmes bâtiments, la durée des rotations est très différente. Les poulets de chair sont en effet abattus avant 40 jours tandis que les dindes sont élevées durant 30 semaines. Cette période de production plus longue implique une durée d'exposition au virus plus longue et surtout une transmission plus importante car pouvant s'effectuer plus longtemps. De plus, les dindes sont plus sensibles aux virus influenza de type A que les poulets. La dose infectieuse 50, c'est-à-dire la quantité de virus nécessaire pour infecter 50% de la population testée, est en effet mille fois plus petite chez les dindes que chez ces derniers, et le temps d'exposition est également plus faible (Pillai *et al.* 2010). Ces éléments combinés suggèrent que les dindes pourraient jouer un rôle dans la transmission et la diffusion du virus. Par ailleurs, les dindes possèdent à la fois des récepteurs au virus de type humain et de type aviaire, ce qui renforce l'hypothèse que les dindes seraient un potentiel hôte intermédiaire entre les oiseaux et les mammifères, chez qui des réassortiments de virus pourraient avoir lieu (Pillai *et al.* 2010). Pour cette raison, il semble donc important de surveiller la présence et la pathogénicité des virus influenza de type A dans les élevages de dindes, pour limiter le risque zoonotique.

Enfin, de manière moins forte mais néanmoins significative, trois variables supplémentaires sont également associées au risque de présence du virus H9N2 :

- La proximité des élevages de poulettes : si beaucoup de travaux ont étudié séparément les différentes espèces de volailles (Minh *et al.* 2009 ; Guerrini *et al.* 2014), peu semblent s'être intéressés aux différentes productions au sein d'une même espèce. C'est pourquoi ce résultat n'a, à notre connaissance, pas été mis en évidence dans d'autres études du même genre. Cette association pourrait s'expliquer par le fait que les élevages de poulettes sont des zones de passage importantes. En effet, une fois prêtes, les poulettes sont envoyées par camion dans les élevages de pondeuses. Ce transport, s'il est réalisé dans de mauvaises conditions d'hygiène, pourrait être à l'origine d'une diffusion du virus, où l'élevage de poulettes tiendrait une place centrale et serait le plus exposé ;
- De faibles précipitations annuelles dans la zone tampon de 1 km : un résultat similaire a été mis en évidence dans une étude sur les facteurs de risque environnementaux du virus H5N1 en Chine (Fang *et al.* 2008). La Tunisie, en raison de son climat aride et semi-aride, possède de nombreux plans d'eau temporaires. De faibles précipitations annuelles pourraient donc entraîner la diminution du nombre de plans d'eau et ainsi la concentration des oiseaux d'eau sauvages autour des plans d'eau existants. Le risque de contamination de l'eau et des oiseaux entre eux serait alors augmenté (Fang *et al.* 2008), et il est maintenant reconnu que l'activité des oiseaux d'eau sauvages constitue la cause primaire d'introduction des virus influenza dans les élevages avicole (Capua, Alexander 2009) ;
- L'éloignement par rapport aux élevages de pondeuses : de la même manière que pour la proximité des élevages de poulettes, c'est un résultat qui n'a pas été discuté dans d'autres études. En Tunisie, la technicité des élevages de poules pondeuses est supérieure à celle des élevages de poulets de chair, avec des éleveurs qui consentent de gros investissements dans des bâtiments et du matériel de qualité, et qui accordent beaucoup d'attention à la biosécurité (Karma 2011). Ces différences zootechniques pourraient ainsi expliquer l'aspect « protecteur » des élevages de poules pondeuses par rapport au virus H9N2.

Plusieurs limites à cette étude doivent toutefois être mentionnées. Tout d'abord, la difficulté d'obtenir des données fiables et récentes a parfois imposé l'utilisation de données anciennes et qui donc peuvent ne plus correspondre tout à fait à la réalité. C'est le cas par exemple du réseau routier utilisé, qui est à ce jour le seul disponible mais dont la dernière mise à jour date de 1992. De plus, l'approche d'épidémiologie spatiale développée dans cette étude ne prend pas en compte des variables, telles que les pratiques d'élevage et les mesures de biosécurité mises en place, qui sont pourtant connues pour jouer un rôle dans la diffusion du virus. Le rôle des facteurs de risque à l'échelle de l'élevage a fait l'objet d'une précédente étude conduite en Tunisie, à partir du même jeu de données sérologiques (Tombari *et al.* 2013). Le travail d'épidémiologie spatiale se place en complément de ce dernier, et vise donc à identifier, plus que des « pratiques à risque », des « agro-écosystèmes à risque », dans lesquels il serait possible de renforcer la surveillance épidémiologique. Enfin, alors que l'objectif initial était de travailler à partir de la localisation (coordonnées GPS) exacte des élevages suivis dans le cadre du protocole de surveillance influenza, l'analyse a dû être réorientée vers une échelle un peu plus large, celle des imada. En effet, seules les coordonnées de 12 élevages ont pu être retrouvées à partir des bases d'identification des élevages. Pour l'analyse, l'unité statistique retenue a donc finalement été l'imada. Mais ne disposant pas non plus des contours géographiques de ces entités administratives, les imadas ont finalement été traités sous la forme de données ponctuelles (analyses de type « semis de points »). Les coordonnées géographiques retenues pour chaque imada correspondent soit à celles de la ville principale de l'imada, soit à celles de l'élevage avicole présent dans l'imada, soit à celles du centroïde de l'imada. Ce manque de résolution spatiale dans la localisation des imadas a cependant été pris en compte dans le choix des valeurs de rayon des zones tampons (1, 2 et 5 km), et ne devrait donc pas perturber les résultats du modèle.

Les perspectives d'approfondissement de ce travail reposent essentiellement sur trois axes. D'une part, il est envisagé à très court terme de produire une carte de risque à partir des facteurs de risque spatialisés identifiés dans cette étude. Une fois les variables identifiées et leur « poids » estimé dans le modèle statistique, il est en effet possible d'appliquer ces coefficients aux valeurs des variables pour chaque pixel, et ainsi obtenir une carte prédictive du risque H9N2 pour l'ensemble de la Tunisie. Ce type d'approche, déjà appliqué sur l'influenza aviaire à Madagascar (Guerrini *et al.*

2014), pourrait aisément être transposé à la Tunisie à partir des résultats de cette étude. D'autre part, il serait intéressant d'intégrer d'autres variables explicatives, telles que les voies migratoires des oiseaux sauvages, ou le commerce de volailles (localisation des marchés de volailles, des tueries par exemple). Cependant, ce type de données est généralement peu accessible, et surtout rarement disponible à un niveau de résolution spatiale suffisamment fin. Enfin, à plus long terme, il serait souhaitable d'intégrer une dimension temporelle à l'analyse. Ceci permettrait d'étudier plus finement les hypothèses sur la saisonnalité des épidémies (notamment via l'influence des variables bioclimatiques) et de caractériser des « hotspots » spatio-temporels de risque H9N2, comme évoqué par Gilbert *et al.* en 2008 pour le virus H5N1.

CONCLUSION

Bien que peu d'informations soient à ce jour disponibles, l'ensemble des acteurs de la filière avicole s'accordent à dire que l'impact économique des infections causées par le virus H9N2 en élevage avicole est considérable. De plus, le potentiel zoonotique de virus, associé à des possibilités de réassortiments avec des variants hautement pathogènes (qui circulent dans plusieurs pays de la région, dont l'Égypte) font de la surveillance et du contrôle de ce virus un enjeu majeur pour la Tunisie.

Cette étude d'épidémiologie spatiale, conduite à partir d'une base de données sérologiques et d'une série de variables agro-environnementales, permet d'identifier plusieurs déterminants spatiaux significativement associés au risque d'infection des élevages par le virus H9N2. Les résultats montrent que le risque d'influenza aviaire faiblement pathogène H9N2 en Tunisie est significativement et positivement associé avec la proximité des routes (primaires, secondaires ou tertiaires), la proximité des rivières et enfin la présence d'au moins un élevage de dindes dans la zone tampon de 5 km autour de l'élevage testé. Dans une moindre mesure, la proximité des élevages de poulettes, de faibles précipitations annuelles et l'éloignement des élevages de poules pondeuses sont également associées à ce risque. Ces résultats peuvent permettre d'identifier des zones à risque, dans lesquelles la surveillance épidémiologique du virus ainsi que les mesures de contrôle associées pourraient être renforcées.

BIBLIOGRAPHIE

ALEXANDER D (2007). An overview of the epidemiology of avian influenza. *Vaccine*, **25(30)**, 5637-5644.

BANNARI A, MORIN D, BONN F et HUETE A (1995). A review of vegetation indices. *Remote Sensing Reviews*, **13(1-2)**, 95-120.

BEAUMONT L, HUGHES L et POULSEN M (2005). Predicting species distributions : use of climatic parameters in BIOCLIM and its impact on predictions of species' current and future distributions. *Ecological Modelling*, **186(2)**, 251-270.

BISWAS P, CHRISTENSEN J, AHMED S, DAS A, RAHMAN M, BARUA H, GIASUDDIN M, HANNAN A, HABIB M et DEBNATH N (2009). Risk for Infection with Highly Pathogenic Avian Influenza Virus (H5N1) in Backyard Chickens, Bangladesh. *Emerging Infectious Diseases*, **15(12)**, 1931-1936.

BROWN J, SWAYNE D, COOPER R., BURNS R et STALLKNECHT D (2007). Persistence of H5 and H7 Avian Influenza Viruses in Water. *Avian Diseases*, **51**, 285-289.

CAO C, XU M, CHANG C, XUE Y, ZHONG S, FANG L, CAO W, ZHANG H, GAO M, HE Q, ZHAO J, CHEN W, ZHENG S et LI X, (2010). Risk analysis for the highly pathogenic avian influenza in Mainland China using meta-modeling. *Chinese Science Bulletin*, **55(36)**, 4168-4178.

CAPUA I et ALEXANDER D (2009). Ecology, Epidemiology and Human Health Implications of Avian Influenza Virus Infections. In : *Avian Influenza and Newcastle Disease* [en ligne]. Springer : Milan. p. 1-18. (consulté le 21 septembre 2015).

CONAN A (2008). *Définition clinique d'un cas d'Influenza Aviaire Hautement Pathogène H5N1 dans les élevages au Cambodge. Application aux données de*

surveillance de 2006 dans 6 provinces. Thèse vétérinaire. Ecole Nationale Vétérinaire de Nantes. 117 p.

DONG G, XU C, WANG C, WU B, LUO J, ZHANG H, NOLTE D, DELIBERTO T, DUAN M, JI G et HE H (2011). Reassortant H9N2 Influenza Viruses Containing H5N1-Like PB1 Genes Isolated from Black-Billed Magpies in Southern China. *PLoS ONE*, **6(9)**, e25808.

DUCATEZ M, GUÉRIN JL, MOLIA S et PAUL M (2012). *Rapport de la partie Formation sur la surveillance de la grippe aviaire et les maladies aviaires*. Tunis, Tunisie : INRA, INP-ENVT, CIRAD.

DUPUY C (2012). *Projet UTF/TUN/036 TUN de renforcement de capacités d'épidémiosurveillance et de biosécurité de la grippe aviaire en Tunisie. Évaluation dans le contexte de menace de l'IAHP, du fonctionnement du système de surveillance en place et de l'efficacité d'un système d'alerte précoce et de maîtrise d'un foyer de grippe aviaire*. 49 p.

FANG LQ, DE VLAS SJ, LIANG S, LOOMAN C, GONG P, XU B, YAN L, YANG H, RICHARDUS JH et CAO WC (2008). Environmental Factors Contributing to the Spread of H5N1 Avian Influenza in Mainland China. *PLoS ONE*, **3(5)**, e2268.

FASINA FO, RIVAS AL, BISSCHOP S, STEGEMAN AJ et HERNANDEZ JA (2011). Identification of risk factors associated with highly pathogenic avian influenza H5N1 virus infection in poultry farms, in Nigeria during the epidemic of 2006-2007. *Preventive Veterinary Medicine*, **98(2-3)**, 204-208.

GAIDET N, DODMAN T, CARON A, BALANÇA G, DESVAUX S, GOUTARD F, CATTOLI G, LAMARQUE F, HAGEMEIJER W et MONICAT F (2007). Avian Influenza Viruses in Water Birds, Africa. *Emerging Infectious Diseases*, **13(4)**, 626-629.

GAMBLIN SJ. et SKEHEL JJ (2010). Influenza Hemagglutinin and Neuraminidase Membrane Glycoproteins. *The Journal of Biological Chemistry*, **285(37)**, 28403-28409.

GILBERT M, NEWMAN, SH, TAKEKAWA JY., LOTH L, BIRADAR C, PROSSER DJ, BALACHANDRAN S, SUBBA RAO MV, MUNDKUR T, YAN B, XING Z, HOU Y, BATBAYAR N, NATSAGDORJ T, HOGERWERF L, SLINGENBERGH J et XIAO X (2010). Flying Over an Infected Landscape : Distribution of Highly Pathogenic Avian Influenza H5N1 Risk in South Asia and Satellite Tracking of Wild Waterfowl. *EcoHealth*, **7(4)**, 448-458.

GILBERT M et PFEIFFER DU (2012). Risk factor modelling of the spatio-temporal patterns of highly pathogenic avian influenza (HPAIV) H5N1: A review. *Spatial and Spatio-temporal Epidemiology*, **3(3)**, 173-183.

GILBERT M, XIAO X, CHAITAWEE SUB P, KALPRAVIDH W, PREMASHHIRA S, BOLES S et SLINGENBERGH J (2007). Avian influenza, domestic ducks and rice agriculture in Thailand. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, **119 (3-4)**, 409-415.

GILBERT M, XIAO X, PFEIFFER DU, EPPRECHT M, BOLES S, CZARNECKI C, CHAITAWEE SUB P, KALPRAVIDH W, MINH PQ, OTTE MJ, MARTIN V et SLINGENBERGH J (2008). Mapping H5N1 highly pathogenic avian influenza risk in Southeast Asia. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, **105(12)**, 4769-4774.

GOMAA MR, KAYED AS, ELABD MA, ZEID DA, ZAKI SA, RIFAY A, SHERIF LS, MCKENZIE PP, WEBSTER RG, WEBBY RJ, ALI MA et KAYALI G (2015). Avian Influenza A(H5N1) and A(H9N2) Seroprevalence and Risk Factors for Infection Among Egyptians: A Prospective, Controlled Seroepidemiological Study. *Journal of Infectious Diseases*, **211(9)**, 1399-1407.

GUERRINI L, PAUL M, LEGER L, ANDRIAMANIVO HR, MAMINIAINA OF, JOURDAN M, MOLIA S, RAKOTONDRAVAO R et CHEVALIER V (2014). Landscape attributes driving avian influenza virus circulation in the Lake Alaotra region of Madagascar. *Geospatial health*, **8(2)**, 445-453.

HIJMANS R, CAMERON S, PARRA J, JONES P et JARVIS A (2005). Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. *International Journal of Climatology*, **25(15)**, 1965-1978.

HOGERWERF L, WALLACE R, OTTAVIANI D, SLINGENBERGH J, PROSSER D, BERGMANN L et GILBERT M (2010). Persistence of Highly Pathogenic Avian Influenza H5N1 Virus Defined by Agro-Ecological Niche. *EcoHealth*, **7(2)**, 213-225.

HULSE-POST D, STURM-RAMIREZ K, HUMBERD J, SEILER P, GOVORKOVA E, KRAUSS S, SCHOLTISSEK C, PUTHAVATHANA P, BURANATHAI C, NGUYEN T, LONG H, NAIPOSPOS T, CHEN H, ELLIS T, GUAN Y, PEIRIS J et WEBSTER R (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 United States of America*, **102(30)**, 10682-10687.

INDRIANI R, SAMAN G, GULTOM A, LOTH L, INDRYANI S, ADJID R, DHARMAYANTI N, WEAVER J, MUMFORD E, LOKUGE K et KELLY P (2010). Environmental Sampling for Avian Influenza Virus A (H5N1) in Live-Bird Markets, Indonesia. *Emerging Infectious Diseases*, **16(12)**, 1889-1895.

KANDEIL A, EL-SHESHENY R, MAATOUQ A, MOATASIM Y, SHEHATA M, BAGATO O, RUBRUM A, SHANMUGANATHAM K, WEBBY R, ALI M et KAYALI G (2014). Genetic and antigenic evolution of H9N2 avian influenza viruses circulating in Egypt between 2011 and 2013. *Archives of Virology*, **159(11)**, 2861-2876.

KARMA R (2011). *Évolution du secteur avicole en Tunisie*. FAO, Production et santé animales.

KAYE D et PRINGLE C (2005). Avian Influenza Viruses and their Implication for Human Health. *Clinical Infectious Diseases*, **40(1)**, 108-112.

KWON H, SONG MS, PASCUA P, BAEK YH, LEE JH, HONG SP, RHO JB, KIM JK, POO H, KIM CJ et CHOI YK (2011). Genetic characterization and pathogenicity

assessment of highly pathogenic H5N1 avian influenza viruses isolated from migratory wild birds in 2011, South Korea. *Virus Research*, **160(1-2)**, 305-315.

LAURING A, FRYDMAN J et ANDINO R (2013). The role of mutational robustness in RNA virus evolution. *Nature Reviews Microbiology*, **11(5)**, 327-336.

LEBARBENCHON C, FEARE C, RENAUD F, THOMAS F et GAUTHIER-CLERC M (2010). Persistence of Highly Pathogenic Avian Influenza Viruses in Natural Ecosystems. *Emerging Infectious Diseases*, **16(7)**, 1057-1062.

LEE DH et SONG CS (2013). H9N2 avian influenza virus in Korea: evolution and vaccination. *Clinical and Experimental Vaccine Research*, **2(1)**, 26-33.

LINARD C, GILBERT M, SNOW R, NOOR A et TATEM A (2012). Population Distribution, Settlement Patterns and Accessibility across Africa in 2010. *PLoS ONE*, **7(2)**, e31743.

LOTH L, GILBERT M, OSMANI M, KALAM A et XIAO X (2010). Risk factors and clusters of Highly Pathogenic Avian Influenza H5N1 outbreaks in Bangladesh. *Preventive Veterinary Medicine*, **96(1-2)**, 104-113.

MAGALHÃES R, ORTIZ-PELAEZ A, THI K, DINH Q, OTTE J et PFEIFFER D (2010). Associations between attributes of live poultry trade and HPAI H5N1 outbreaks: a descriptive and network analysis study in northern Vietnam. *BMC Veterinary Research*, **6(1)**, 10.

MANUGUERRA JC (2001). Ecologie, biodiversité et évolution des virus grippaux. *Virologie*, 5(3), 195-205.

MARTIN V, PFEIFFER D, ZHOU X, XIAO X, PROSSER D, GUO F et GILBERT M (2011). Spatial Distribution and Risk Factors of Highly Pathogenic Avian Influenza (HPAI) H5N1 in China. *PLoS Pathog*, **7(3)**, e1001308.

MARTIN V, ZHOU X, MARSHALL E, JIA B, FUSHENG G, FRANCODIXON MA, DEHAAN N, PFEIFFER D, SOARES MAGALHÃES R et GILBERT M (2011). Risk-based surveillance for avian influenza control along poultry market chains in South China : The value of social network analysis. *Preventive Veterinary Medicine*, **102(3)**, 196-205.

MINH P, MORRIS R, SCHAUER B, STEVENSON M, BENSCHOP J, NAM H et JACKSON R (2009). Spatio-temporal epidemiology of highly pathogenic avian influenza outbreaks in the two deltas of Vietnam during 2003–2007. *Preventive Veterinary Medicine*, **89(1–2)**, 16-24.

MONNE I, HUSSEIN H, FUSARO A, VALASTRO V, HAMOUD M, KHALEFA R, DARDIR S, RADWAN M, CAPUA I et CATTOLI G (2013). H9N2 influenza A virus circulates in H5N1 endemically infected poultry population in Egypt. *Influenza and Other Respiratory Viruses*, **7(3)**, 240-243.

MUKAKA MM (2012). A guide to appropriate use of Correlation coefficient in medical research. *Malawi Medical Journal : The Journal of Medical Association of Malawi*, **24(3)**, 69-71.

NAZIR J, HAUMACHER R, IKE A, STUMPF P, BÖHM R et MARSCHANG R (2010). Long-Term Study on Tenacity of Avian Influenza Viruses in Water (Distilled Water, Normal Saline, and Surface Water) at Different Temperatures. *Avian Diseases*, **54(s1)**, 720-724.

O'DONNELL M et IGNIZIO D (2012). Bioclimatic predictors for supporting ecological applications in the conterminous United States. *US Geological Survey Data Series* [en ligne], **691(10)**. <http://pubs.usgs.gov/ds/691/> (consulté le 12 août 2015).

OIE (2014). *Avian Influenza* [en ligne] http://cybercemetery.unt.edu/archive/nisic/20110629235840/http://www.oie.int/fileadmin/Home/eng/Media_Center/docs/pdf/Disease_cards/AI-EN.pdf (consulté le 20 août 2015).

PAUL M, BARITAUX V, WONGNARKPET S, POOLKHET C, THANAPONGTHARM W, ROGER F, BONNET P et DUCROT C (2013). Practices associated with Highly Pathogenic Avian Influenza spread in traditional poultry marketing chains: Social and economic perspectives. *Acta Tropica*, **126(1)**, 43-53.

PAUL M, GILBERT M, DESVAUX S, RASAMOELINA ANDRIAMANIVO H, PEYRE M, KHONG NV, THANAPONGTHARM W et CHEVALIER V (2014). Agro-Environmental Determinants of Avian Influenza Circulation: A Multisite Study in Thailand, Vietnam and Madagascar. *PLoS ONE*, **9(7)**, e101958.

PAUL M, TAVORNPANICH S, ABRIAL D, GASQUI P, CHARRAS-GARRIDO M, THANAPONGTHARM W, XIAO X, GILBERT M, ROGER F et DUCROT C (2010). Anthropogenic factors and the risk of highly pathogenic avian influenza H5N1: prospects from a spatial-based model. *Veterinary Research*, **41(3)**, 28.

PAUL M, WONGNARKPET S, GASQUI P, POOLKHET C, THONGRATSAKUL S, DUCROT C et ROGER F (2011a). Risk factors for highly pathogenic avian influenza (HPAI) H5N1 infection in backyard chicken farms, Thailand. *Acta Tropica*, **118(3)**, 209-216.

PFEIFFER D, MINH P, MARTIN V, EPPRECHT M et OTTE M (2007). An analysis of the spatial and temporal patterns of highly pathogenic avian influenza occurrence in Vietnam using national surveillance data. *The Veterinary Journal*, **174(2)**, 302-309.

PILLAI S, PANTIN-JACKWOOD M, YASSINE H, SAIF Y et LEE C (2010). The High Susceptibility of Turkeys to Influenza Viruses of Different Origins Implies Their Importance as Potential Intermediate Hosts. *Avian Diseases*, **54(1)**, 522-526.

RÖHM C, HORIMOTO T, KAWAOKA Y, SÜSS J et WEBSTER R (1995). Do hemagglutinin genes of highly pathogenic avian influenza viruses constitute unique phylogenetic lineages? *Virology*, **209(2)**, 664-670.

SHANMUGANATHAM K, FEEROZ M, JONES-ENGEL L, SMITH G, FOURMENT M, WALKER D, MCCLENAGHAN L, ALAM S, HASAN M, SEILER P, FRANKS J, DANNER A, BARMAN S, MCKENZIE P, KRAUSS S, WEBBY R et WEBSTER R(2013). Antigenic and Molecular Characterization of Avian Influenza A(H9N2) Viruses, Bangladesh. *Emerging Infectious Diseases*, **19(9)**, 1393-1402.

SI Y, SKIDMORE A, WANG T, DE BOER W, DEBBA P, TOXOPEUS A LI L et PRINS H (2009). Spatio-temporal dynamics of global H5N1 outbreaks match bird migration patterns. *Geospatial Health*, **4(1)**, 65-78.

SUN Y et LIU J (2015). H9N2 influenza virus in China: a cause of concern. *Protein & Cell*, **6(1)**, 18-25.

SWAYNE D, (2008). Epidemiology of Avian Influenza in Agricultural and Other Man-Made Systems. In : *Avian Influenza* [en ligne]. Blackwell Publishing Ltd, p. 59-85. (consulté le 24 septembre 2015).

TIENSIN T, AHMED S, ROJANASTHIEN S, SONGSERM T, RATANAKORN P, CHAICHOUN K, KALPRAVIDH W, WONGKASEMJIT S, PATCHIMASIRI T, CHANACHAI K, THANAPONGTHAM W, CHOTINAN S, STEGEMAN A et NIELEN M (2009). Ecologic Risk Factor Investigation of Clusters of Avian Influenza A (H5N1) Virus Infection in Thailand. *The Journal of Infectious Diseases*, **199(12)**, 1735-1743.

TIENSIN T, CHAITAWEE SUB P, SONGSERM T, CHAISINGH A, HOONSUWAN W, BURANATHAI C, PARAKAMAWONGSA T, PREMASHHIRA S, AMONSIN A, GILBERT M, NIELEN M et STEGEMAN A (2005). Highly Pathogenic Avian Influenza H5N1, Thailand, 2004. *Emerging Infectious Diseases*, **11(11)**, 1664-1672.

TOMBARI W, NSIRI J, LARBI I, GUERIN JL et GHRAM A (2011). Genetic evolution of low pathogenicity H9N2 Avian influenza viruses in Tunisia: acquisition of new mutations. *Virology Journal*, **8**, 467.

TOMBARI W, PAUL M, BETTAIEB J, LARBI I, NSIRI J, ELBEHI I, GRIBAA L et GHRAM A (2013). Risk Factors and Characteristics of Low Pathogenic Avian Influenza Virus Isolated from Commercial Poultry in Tunisia. *PLoS ONE*, **8(1)**, e53524.

TONG S, LI Y, RIVAILLER P, CONRARDY C, CASTILLO D, CHEN LM, RECUENCO S, ELLISON J, DAVIS C, YORK I, TURMELLE A, MORAN D, ROGERS S, SHI M, TAO Y, WEIL M, TANG K, ROWE L, SAMMONS S, XU X, FRACE M, LINDBLADE K, COX N, ANDERSON L, RUPPRECHT C et DONIS R (2012). A distinct lineage of influenza A virus from bats. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, **109(11)**, 4269-4274.

VITTECOQ M, OTTMANN M, RENAUD F, THOMAS F et GAUTHIER-CLERC M (2011). Persistence des virus influenza A en fonction des paramètres environnementaux. *Virologie*, **15(6)**, 371-379.

WARD M, MAFTEI D, APOSTU C et SURU A (2008). Environmental and anthropogenic risk factors for highly pathogenic avian influenza subtype H5N1 outbreaks in Romania, 2005--2006. *Veterinary Research Communications*, **32(8)**, 627-634.

WEBSTER R, BEAN W, GORMAN O, CHAMBERS T et KAWAOKA Y (1992). Evolution and ecology of influenza A viruses. *Microbiological Reviews*, **56(1)**, 152-179.

WHO (2014). *H5N1 avian influenza: Timeline of major events*. [en ligne]. http://www.who.int/influenza/human_animal_interface/avian_influenza/H5N1_avian_influenza_update.pdf (consulté le 17 juillet 2015).

WHO. *Avian influenza in China*. [en ligne]. http://www.wpro.who.int/china/mediacentre/factsheets/avian_influenza/en/ (consulté le 6 août 2015).

WILLIAMS R, FASINA F et PETERSON A (2008). Predictable ecology and geography of avian influenza (H5N1) transmission in Nigeria and West Africa. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, **102(5)**, 471-479.

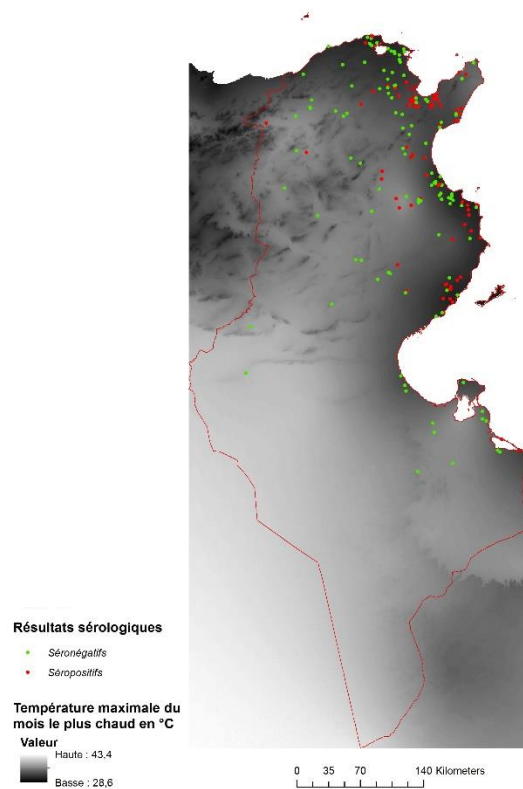
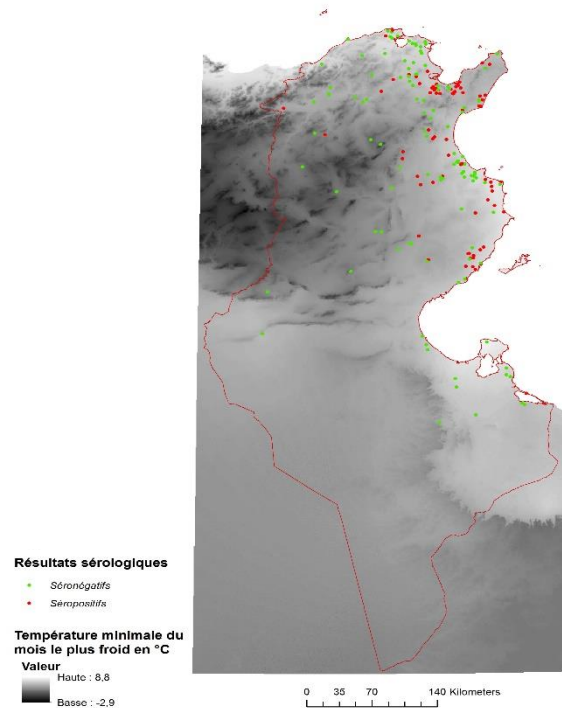
WILLIAMS R et PETERSON A (2009). Ecology and geography of avian influenza (HPAI H5N1) transmission in the Middle East and northeastern Africa. *International Journal of Health Geographics*, **8(1)**, 47.

XU K, LI K, SMITH G, LI J, TAI H, ZHANG J, WEBSTER R, PEIRIS J, CHEN H et GUAN Y (2007). Evolution and Molecular Epidemiology of H9N2 Influenza A Viruses from Quail in Southern China, 2000 to 2005. *Journal of Virology*, **81(6)**, 2635-2645.

YUPIANA Y, DE VLAS S, ADNAN N et RICHARDUS J (2010). Risk factors of poultry outbreaks and human cases of H5N1 avian influenza virus infection in West Java Province, Indonesia. *International journal of infectious diseases : official publication of the International Society for Infectious Diseases*, **14(9)**, e800-805.

ZHAO M, LIU Q, SUN Q, ZHANG W, ZHAO G, GU M, WANG X, HU S, LIU X et LIU X (2013). Full Genome Sequence of a Natural Reassortant H9N2 Avian Influenza Virus Isolated from Domestic Ducks in Jiangsu Province, China. *Genome Announcements* [en ligne], **1(4)**. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3715665/> (consulté le 6 août 2015).

ANNEXE 1 : Représentation spatiale des variables bioclimatiques et résultats sérologiques

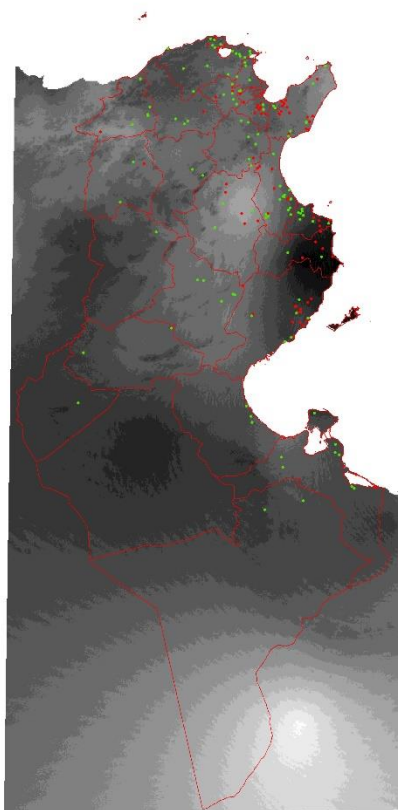


Résultats sérologiques

- Séronégatifs
- Séropositifs

**Isothermes
(en pourcentage)**

Valeur
Haute : 48
Basse : 34



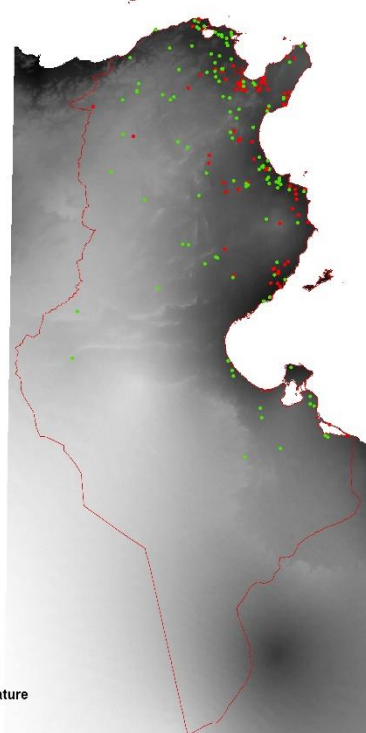
0 35 70 140 Kilometers

Résultats sérologiques

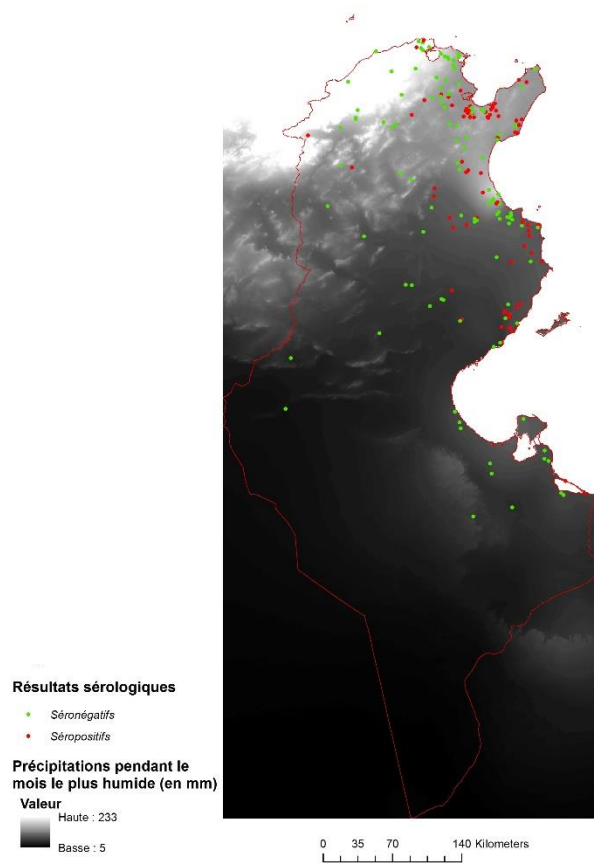
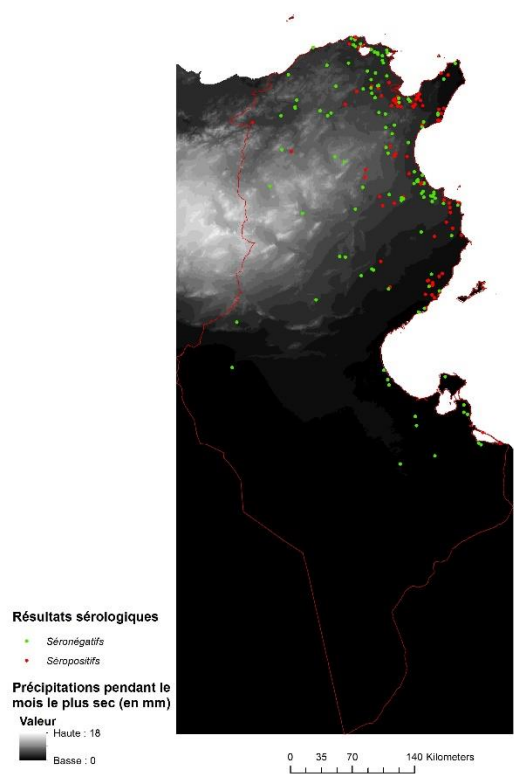
- Séronégatifs
- Séropositifs

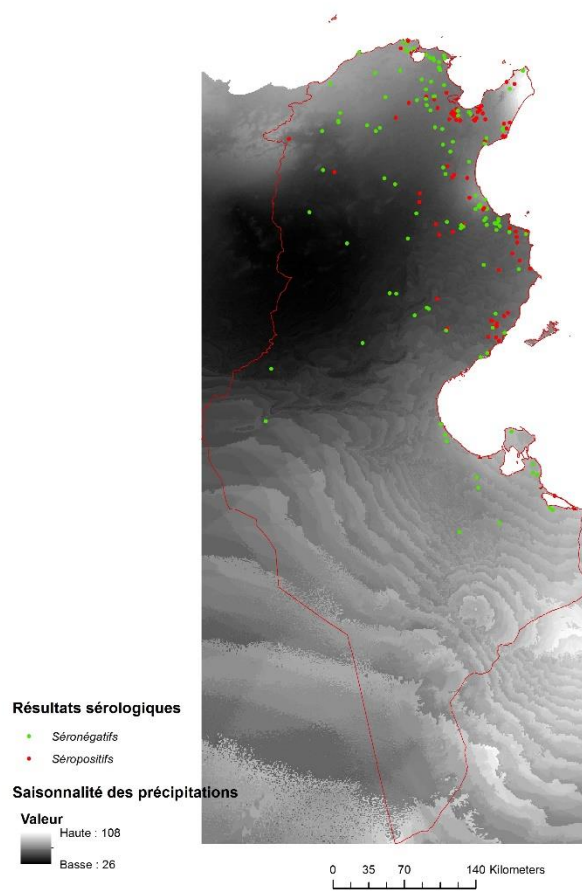
**Saisonnalité de la température
(déviatiion standard*100)**

Valeur
Haute : 8412
Basse : 4748



0 35 70 140 Kilometers





ANNEXE 2 : Source des données spatiales

Type de données	Source	Résolution	Format	Mise à jour	Méthode/Description
Frontières administratives	www.diva-gis.org	-	Vecteur	-	Frontières tunisiennes et 2 niveaux de subdivision (gouvernorats et délégations)
Démographie	www.worldpop.org (http://www.worldpop.org.uk/data/summary/?contselect=Africa&countselect=Tunisia&type select=Population)	0.000833333 degrés décimaux (approx. 100m à l'équateur)	Raster	Janvier 2013	Nombre d'habitants par unité spatiale. Approche basée sur l'exploitation du landcover Globcover (images acquises entre Décembre 2004 et Juin 2006) combinée à des informations détaillées sur les zones peuplées (Linard et al., 2012)
	GEOnet Names Server (http://geonames.nga.mil/gns/html/namefiles.html)	-	Vecteur	16/01/2015	Banque de données officielle de la nomenclature géographique étrangère, validée par le Bureau américain des noms géographiques (US BGN)
	www.diva-gis.org	-	DBF	-	Banque de données de la nomenclature géographique étrangère de l'US National Imagery and Mapping Agency (NIMA)
Variables bioclimatiques	www.worldclim.org (http://www.worldclim.org/current)	30 arc seconde	Raster	-	Interpolation de données climatiques moyennes

					mensuelles issues de stations météo offrant une résolution d'1km ² : température moyenne annuelle, minimale, maximale, précipitations annuelles, minimales, maximales... (Hijmans et al.,2005)
Zones humides	www.diva-gis.org	-	Vecteur	-	Rivières, canaux et plans d'eau
	www.ramsar.org (http://www.ramsar.org/fr/zone-humide/tunisie)	-	Vecteur	Janvier 2013	Liste et description des sites Ramsar, zones humides reconnues d'importance internationale
Routes	Digital Chart of the World (http://www.mapcruzin.com/free-tunisia-country-city-place-gis-shapefiles.htm)	-	Vecteur	1992	Réseau routier
Elevages	Groupement Interprofessionnel des Produits Avicoles et Cunicoles (GIPAC)	-	-	-	Liste et coordonnées des élevages et des infrastructures (abattoirs et couvoirs) avicoles tunisiens
	Mapping the global distribution of livestock (http://www.livestock.geo-wiki.org/)	30 arc seconde	Raster	-	Nombre d'oiseaux par km ² . Amélioration du projet Gridded Livestock of the World, publié en 2007. (Robinson et al., 2014)
Infrastructures avicoles	Groupement Interprofessionnel des Produits Avicoles et Cunicoles (GIPAC)	-	-	-	Liste et coordonnées des abattoirs et couvoirs tunisiens

ANNEXE 3 : Liste et coordonnées des sites Ramsar en Tunisie

Nom du site	Gouvernorat	Superficie (Ha)	Longitude	Latitude	Critère 5*	Critère 6**	Numéro Ramsar	Mise à jour des informations
Barrage Oued el Hajar	Nabeul	254	681329,639	4078021,81	Oui	Non	2013	2011
Barrage Mlaabi	Nabeul	98	677053,918	4077438,62	Non	Oui	2077	2012
Barrage Sidi Abdelmoneem	Nabeul	31	672354,033	4080641,11	Non	Non	2016	2011
Barrage Lebna	Nabeul	1147	669621,601	4068531,79	Oui	Oui	1698	2007
Sebkhet Soliman	Nabeul	880	632478,405	4064176,63	Non	Oui	1713	2007
Lagunes du cap Bon Oriental : - lagune de Korba Nord - lagune de Korba Sud - lagune de Tazarka - lagune de Maamoura	Nabeul	504	665585,222	4046256,41	Oui	Oui	1707	2007
		307	672858,769	4055648,12				
		19	667041,27	4048134,25				
		51	665620,781	4044407,41				
		94	662741,025	4038803,7				
Sebkhet Sejoumi	Tunis	2979	602662,288	4067465,18	Oui	Oui	1712	2007
Complexe lac de Tunis : - lac nord - terre plein 4	Tunis	2243	610006,534	4074953,33	Non	Oui	2096	2013
		2200	610006,534	4074953,33				
		43	607079,687	4071217,66				
Complexe des zones humides de barrage Ghdir El Goulla et barrage El Mornaguia : - barrage El Mornaguia - barrage Ghdir El Golla	Ariana	273	592609,648	4070493,71	Non	Oui	2101	2013
			592609,648	4070493,71				
			594314,94	4070974,68				
Barrage Oued Ermal	Zaghouan	620	621017,279	4023201,27	Oui	Oui	2014	2011
Lagune de Gharl El Melh et delta de la Mejerda	Bizerte Ariana	10168	605156,271	4106328,63	Non	Oui	1706	2007

Nom du site	Gouvernorat	Superficie (Ha)	Longitude	Latitude	Critère 5*	Critère 6**	Numéro Ramsar	Mise à jour des informations
Ichkeul	Bizerte	12600	559190,276	4113277,11	Oui	Non	213	1992
Lac et tourbière de Mejen Ech Chitan : - lac - tourbière	Bizerte	7	508880,433	4111224,83	Non	Non	1705	2007
		5	508683,046	4111286,31				
		2	508535,135	4111162,8				
Barrage de Sidi el Barrack	Beja	2734	501927,629	4095844,1	Non	Oui	2017	2011
Les tourbières de Dar Fatma	Jendouba	13	479183,907	4072420,35	Non	Non	1708	2007
Ain Dahab	Seliana	560	542123,129	3970821,44	Non	Non	1687	2007
Réserve naturelle de Saddine	Le Kef	2610	456161,204	3993782,98	Non	Non	2220	2220
Sebkhet Halk Elmanzel et Oued Essed	Sousse	1450	635469,171	3983564,56	Non	Oui	2006	2011
Salines de Monastir	Monastir	1000	659740,421	3957372,41	Non	Non	2015	2011
Sebkhet Kelbia	Sousse	8732	612903,047	3965896,56	Non	Non	1710	2007
Sebkhet Sidi Elhani	Sousse Mahdia	36000	626874,04	3936502,59	Oui	Non	2019	2011
Barrage Merguellil (barrage El Haouareb)	Kairouan	714	566935,241	3935759,34	Non	Oui	2010	2011
Barrage de Sidi Saad	Kairouan	8650	560564,477	3913624,7	Non	Oui	2018	2011
Salines de Thyna	Sfax	3343	657326,732	3835288,31	Oui	Oui	1709	2007
Iles Kerkennah	Sfax	15000	705712,05	3851806,64	Oui	Non	2012	2011
Iles Kneiss et zones intertidales	Sfax	22027	622607,183	3803336,66	Oui	Oui	1704	2007
Sebkhet Noual	Sidi Bouzid Sfax	17060	568924,006	3808330,28	Non	Oui	1711	2007
Garaet Sidi Mansour	Gafsa	2426	544514,092	3787852,96	Non	Oui	1703	2007
Complexe des zones humides des Chott El Guetayate et Sebkhet Dhreia et Oueds Akarit, Rekhama et Meleh	Sfax Gabes	4845	594967,921	3775259,64	Non	Non	2076	2012

Nom du site	Gouvernorat	Superficie (Ha)	Longitude	Latitude	Critère 5*	Critère 6**	Numéro Ramsar	Mise à jour des informations
Chott Elguetar	Gafsa	7400	492049,123	3794064,67	Non	Non	2005	2011
Marais d'eau douce Garaet Douza	Gafsa	1400	452547,523	3813740,47	Oui	Non	2007	2011
Les gorges de Thelja	Gafsa	675	439636,763	3805714,24	Non	Non	2009	2011
Chott El Jerid	Tozeur Kebili	586187	444394,969	3728776,72	Oui	Oui	1699	2007
Zones humides oasiennes de Kebili : - jemna - Mechiouha - Grad - Zarzara/Ghoula - Zlala/Douz W - Mhelhel/Hsay - Snam/Smida - Douz Laala - Zaafrane - Ghidma - Noueil - Klibia - Blidet - Beni M'hemmed	Kebili	2419	492259,317	3706445,05	Non	Oui	1714	2007
		200	500000	3706441,94				
		350	496906,716	3715681,16				
		200	498451,53	3704594,3				
		150	495355,572	3706443,06				
		100	500000	3702746,51				
		150	498450,345	3697203,47				
		119	495353,793	3702747,63				
		100	495354,682	3704595,29				
		100	493803,841	3700900,74				
		150	481408,047	3699068,87				
		200	487612,513	3704602,12				
		200	478330,165	3708314,09				
200	487624,387	3713840,94						
200	487331,524	3719384,25						
Complexe des zones humides de Sebkhet Oum Ez-Zessar et Sebkhet el Grine	Medenine	9195	640643,952	3724103,43	Oui	Non	2100	2013
Djerba Ras Rmel	Medenine	1856	675752,929	3748717,74	Non	Oui	1702	2007
Djerba Bin El Ouedian	Djerba	12082	677707,396	3726567,74	Non	Oui	1700	2007
Djerba Guellala	Medenine	2285	660645,083	3729963,67	Non	Non	1701	2007
Golfe de Boughrara	Medenine	12880	662627,231	3704116,35	Oui	Oui	2008	2011

Nom du site	Gouvernorat	Superficie (Ha)	Longitude	Latitude	Critère 5*	Critère 6**	Numéro Ramsar	Mise à jour des informations
Bahiret el Bibane	Medenine	39266	709619,645	3680983,84	Oui	Oui	1697	2007
Oued Dekouk	Tataouine	5750	644607,54	3557821,4	Non	Non	2011	2011

* Critère 5 : « Une zone humide devrait être considérée comme un site d'importance internationale si elle abrite, habituellement, 20 000 oiseaux d'eau ou plus ».

** Critère 6 : « Une zone humide devrait être considérée comme un site d'importance internationale si elle abrite, habituellement, 1% des individus d'une population d'une espèce ou sous-espèce d'oiseau d'eau ».

ANNEXE 4 : Liste des variables testées dans le modèle univarié (sans transformation)

Explication de la variable	Nom de la variable	Unité
ROUTES (données issues de Digital Chart of the World)		
Distance à la route la plus proche, qu'elle soit principale, secondaire ou tertiaire	d_pst_ro	Mètre
Distance à la route principale la plus proche	d_p_ro	Mètre
Distance à la route secondaire ou tertiaire la plus proche	d_st_ro	Mètre
Longueur totale des routes principales dans la zone tampon de 1 km	l_p_ro_1	Mètre
Longueur totale des routes principales dans la zone tampon de 2 km	l_p_ro_2	Mètre
Longueur totale des routes principales dans la zone tampon de 5 km	l_p_ro_5	Mètre
Longueur totale des routes principales, secondaires et tertiaires dans la zone tampon de 1 km	l_psro_1	Mètre
Longueur totale des routes principales, secondaires et tertiaires dans la zone tampon de 2 km	l_psro_2	Mètre
Longueur totale des routes principales, secondaires et tertiaires dans la zone tampon de 5 km	l_psro_5	Mètre
Longueur totale des routes secondaires et tertiaires dans la zone tampon de 1 km	l_s_ro_1	Mètre
Longueur totale des routes secondaires et tertiaires dans la zone tampon de 2 km	l_s_ro_2	Mètre
Longueur totale des routes secondaires et tertiaires dans la zone tampon de 5 km	l_s_ro_5	Mètre
ZONES HUMIDES (données issues de Diva-Gis® et de la Convention Ramsar)		
Distance au site Ramsar répondant aux critères 5 et/ou 6 le plus proche	d_ram56	Mètre
Distance au site Ramsar le plus proche	d_ram	Mètre
Longueur totale des rivières dans la zone tampon de 1 km	l_riv_1	Mètre
Longueur totale des rivières dans la zone tampon de 2 km	l_riv_2	Mètre
Longueur totale des rivières dans la zone tampon de 5 km	l_riv_5	Mètre
Distance à la rivière la plus proche	d_rivers	Mètre
Distance à la rivière ou au plan d'eau le plus proche	d_rivwa	Mètre
Distance au plan d'eau le plus proche	d_watar	Mètre
VILLES		
Distance à la capitale de gouvernorat la plus proche	d_capgov	Mètre

ÉLEVAGES (données issues du GIPAC)		
Nombre d'élevages de dindes dans la zone tampon de 1 km	dindes_1	Nombre
Nombre d'élevages de dindes dans la zone tampon de 2 km	dindes_2	Nombre
Nombre d'élevages de dindes dans la zone tampon de 5 km	dindes_5	Nombre
Nombre d'élevages de pondeuses dans la zone tampon de 1 km	pond_1	Nombre
Nombre d'élevages de pondeuses dans la zone tampon de 2 km	pond_2	Nombre
Nombre d'élevages de pondeuses dans la zone tampon de 5 km	pond_5	Nombre
Nombre d'élevages de poulets de chair dans la zone tampon de 1 km	pc_1	Nombre
Nombre d'élevages de poulets de chair dans la zone tampon de 2 km	pc_2	Nombre
Nombre d'élevages de poulets de chair dans la zone tampon de 5 km	pc_5	Nombre
Nombre d'élevages de poulettes dans la zone tampon de 1 km	poul_1	Nombre Seules 7 imadas en possèdent => variable non utilisée
Nombre d'élevages de poulettes dans la zone tampon de 2 km	poul_2	Nombre
Nombre d'élevages de poulettes dans la zone tampon de 5 km	poul_5	Nombre
Nombre d'élevages de reproducteurs dans la zone tampon de 1 km	repro_1	Nombre
Nombre d'élevages de reproducteurs dans la zone tampon de 2 km	repro_2	Nombre
Nombre d'élevages de reproducteurs dans la zone tampon de 5 km	repro_5	Nombre
Distance à l'élevage de volailles le plus proche	d_elev	Mètre
Distance à l'élevage de poulets de chair le plus proche	d_pc	Mètre
Distance à l'élevage de dindes le plus proche	d_dindes	Mètre
Distance à l'élevage de pondeuses le plus proche	d_pond	Mètre
Distance à l'élevage de reproducteurs le plus proche	d_repro	Mètre
Distance à l'élevage de poulettes le plus proche	d_poul	Mètre
Densité moyenne de poulets dans la zone tampon de 1 km (données issues du projet Mapping the global distribution of livestock)	chkds_1k	Nombre/km ²
Densité moyenne de poulets dans la zone tampon de 2 km (données issues du projet Mapping the global distribution of livestock)	chkds_2k	Nombre/km ²
Densité moyenne de poulets dans la zone tampon de 5 km (données issues du projet Mapping the global distribution of livestock)	chkds_5k	Nombre/km ²
Nombre d'élevages de poulets de chair dans la zone tampon de 1 km, classé en 3 classes	cl_PC1_3	Nombre
Nombre d'élevages de poulets de chair dans la zone tampon de 1 km, classé en 4 classes	cl_PC1_4	Nombre

Nombre d'élevages de poulets de chair dans la zone tampon de 1 km, classé en 5 classes	cl_PC1_5	Nombre
Nombre d'élevages de poulets de chair dans la zone tampon de 2 km, classé en 3 classes	cl_PC2_3	Nombre
Nombre d'élevages de poulets de chair dans la zone tampon de 2 km, classé en 4 classes	cl_PC2_4	Nombre
Nombre d'élevages de poulets de chair dans la zone tampon de 2 km, classé en 5 classes	cl_PC2_5	Nombre
Nombre d'élevages de poulets de chair dans la zone tampon de 5 km, classé en 3 classes	cl_PC5_3	Nombre
Nombre d'élevages de poulets de chair dans la zone tampon de 5 km, classé en 4 classes	cl_PC5_4	Nombre
Nombre d'élevages de poulets de chair dans la zone tampon de 5 km, classé en 5 classes	cl_PC5_5	Nombre
Nombre d'élevages de volailles dans la zone tampon de 1 km, classés en 3 classes	cl_ELEV1_3	Nombre
Nombre d'élevages de volailles dans la zone tampon de 1 km, classés en 4 classes	cl_ELEV1_4	Nombre
Nombre d'élevages de volailles dans la zone tampon de 1 km, classés en 5 classes	cl_ELEV1_5	Nombre
Nombre d'élevages de volailles dans la zone tampon de 2 km, classés en 3 classes	cl_ELEV2_3	Nombre
Nombre d'élevages de volailles dans la zone tampon de 2 km, classés en 4 classes	cl_ELEV2_4	Nombre
Nombre d'élevages de volailles dans la zone tampon de 2 km, classés en 5 classes	cl_ELEV2_5	Nombre
Nombre d'élevages de volailles dans la zone tampon de 5 km, classés en 3 classes	cl_ELEV5_3	Nombre
Nombre d'élevages de volailles dans la zone tampon de 5 km, classés en 4 classes	cl_ELEV5_4	Nombre
Nombre d'élevages de volailles dans la zone tampon de 5 km, classés en 5 classes	cl_ELEV5_5	Nombre
Nombre d'élevages de volailles dans la zone tampon de 1 km	ELEV_1	Nombre
Nombre d'élevages de volailles dans la zone tampon de 2 km	ELEV_2	Nombre
Nombre d'élevages de volailles dans la zone tampon de 5 km	ELEV_5	Nombre
Absence ou présence d'élevages de dindes dans la zone tampon de 1 km	DINDES1	-
Absence ou présence d'élevages de dindes dans la zone tampon de 2 km	DINDES2	-
Absence ou présence d'élevages de dindes dans la zone tampon de 5 km	DINDES5	-
Absence ou présence d'élevages de poulettes dans la zone tampon de 1 km	POUL1	-
Absence ou présence d'élevages de poulettes dans la zone tampon de 2 km	POUL2	-
Absence ou présence d'élevages de poulettes dans la zone tampon de 5 km	POUL5	-
Absence ou présence d'élevages de reproducteurs dans la zone tampon de 1 km	REPRO1	-
Absence ou présence d'élevages de reproducteurs dans la zone tampon de 2 km	REPRO2	-
Absence ou présence d'élevages de reproducteurs dans la zone tampon de 5 km	REPRO5	-
Absence ou présence d'élevages de pondeuses dans la zone tampon de 1 km	POND1	-

Absence ou présence d'élevages de pondeuses dans la zone tampon de 2 km	POND2	-
Absence ou présence d'élevages de pondeuses dans la zone tampon de 5 km	POND5	-
ABATTOIRS, COUVOIRS (données issues du GIPAC)		
Nombre d'abattoirs, agréés ou non, dans la zone tampon de 1 km	abat_1	Nombre 1 seule imada en possède => variable non utilisée
Nombre d'abattoirs, agréés ou non, dans la zone tampon de 2 km	abat_2	Nombre
Nombre d'abattoirs, agréés ou non, dans la zone tampon de 5 km	abat_5	Nombre
Nombre d'abattoirs agréés dans la zone tampon de 1 km	abat_a_1	Nombre 0 dans toutes les imadas => variable non utilisée
Nombre d'abattoirs agréés dans la zone tampon de 2 km	abat_a_2	Nombre
Nombre d'abattoirs agréés dans la zone tampon de 5 km	abat_a_5	Nombre
Nombre d'abattoirs non agréés dans la zone tampon de 1 km	abat_na1	Nombre 1 seule imada en possède => variable non utilisée
Nombre d'abattoirs non agréés dans la zone tampon de 2 km	abat_na2	Nombre
Nombre d'abattoirs non agréés dans la zone tampon de 5 km	abat_na5	Nombre
Distance à l'abattoir agréé ou non le plus proche	d_abat	Mètre
Distance à l'abattoir agréé le plus proche	d_abata	Mètre
Distance à l'abattoir non agréé le plus proche	d_abatna	Mètre
Absence ou présence d'abattoirs dans la zone tampon de 1 km	ABAT1	-
Absence ou présence d'abattoirs dans la zone tampon de 2 km	ABAT2	-
Absence ou présence d'abattoirs dans la zone tampon de 5 km	ABAT5	-
Absence ou présence d'abattoirs agréés dans la zone tampon de 1 km	ABATA1	ABSENCE pour toutes les imadas => variable non utilisée
Absence ou présence d'abattoirs agréés dans la zone tampon de 2 km	ABATA2	-
Absence ou présence d'abattoirs agréés dans la zone tampon de 5 km	ABATA5	-
Absence ou présence d'abattoirs non agréés dans la zone tampon de 1 km	ABATNA1	-
Absence ou présence d'abattoirs non agréés dans la zone tampon de 2 km	ABATNA2	-
Absence ou présence d'abattoirs non agréés dans la zone tampon de 5 km	ABATNA5	-
Nombre de couvoirs de poulets de chair dans la zone tampon de 1 km	couv_c_1	Nombre Seules 3 imadas en possèdent => variable non utilisée

Nombre de couvoirs de poulets de chair dans la zone tampon de 2 km	couv_c_2	Nombre Seules 6 imadas en possèdent => variable non utilisée
Nombre de couvoirs de poulets de chair dans la zone tampon de 5 km	couv_c_5	Nombre
Nombre de couvoirs de dindes dans la zone tampon de 1 km	couv_d_1	Nombre 0 dans toutes les imadas => variable non utilisée
Nombre de couvoirs de dindes dans la zone tampon de 2 km	couv_d_2	Nombre 0 dans toutes les imadas => variable non utilisée
Nombre de couvoirs de dindes dans la zone tampon de 5 km	couv_d_5	Nombre Seules 2 imadas en possèdent => variable non utilisée
Nombre de couvoirs de pondeuses dans la zone tampon de 1 km	couv_p_1	Nombre 0 dans toutes les imadas => variable non utilisée
Nombre de couvoirs de pondeuses dans la zone tampon de 2 km	couv_p_2	Nombre Seules 2 imadas en possèdent => variable non utilisée
Nombre de couvoirs de pondeuses dans la zone tampon de 5 km	couv_p_5	Nombre Seules 6 imadas en possèdent => variable non utilisée
Distance au couvoir de poulets de chair le plus proche	d_couvpc	Mètre
Distance au couvoir de dindes le plus proche	d_couvdi	Mètre
Distance au couvoir de pondeuses le plus proche	d_couvpo	Mètre
Distance au couvoir (poulets de chair, dindes ou pondeuse) le plus proche	d_couv	Mètre
Absence ou présence de couvoirs dans la zone tampon de 1 km	COUV1	-
Absence ou présence de couvoirs dans la zone tampon de 2 km	COUV2	-
Absence ou présence de couvoirs dans la zone tampon de 5 km	COUV5	-
Absence ou présence de couvoirs de poulets de chair dans la zone tampon de 1 km	COUV_PC1	-
Absence ou présence de couvoirs de poulets de chair dans la zone tampon de 2 km	COUV_PC2	-
Absence ou présence de couvoirs de poulets de chair dans la zone tampon de 5 km	COUV_PC5	-
Absence ou présence de couvoirs de dindes dans la zone tampon de 1 km	COUV_DI1	ABSENCE pour toutes les imadas => variable non utilisée
Absence ou présence de couvoirs de dindes dans la zone tampon de 2 km	COUV_DI2	ABSENCE pour toutes les imadas => variable non utilisée
Absence ou présence de couvoirs de dindes dans la zone tampon de 5 km	COUV_DI5	-

Absence ou présence de couvoirs de pondeuses dans la zone tampon de 1 km	COUV_P1	ABSENCE pour toutes les imadas => variable non utilisée
Absence ou présence de couvoirs de pondeuses dans la zone tampon de 2 km	COUV_P2	-
Absence ou présence de couvoirs de pondeuses dans la zone tampon de 5 km	COUV_P5	-
TEMPÉRATURE (données issues de la base de données BIOCLIM)		
Température annuelle moyenne dans la zone tampon de 1 km	antemp_1	°C * 10
Température annuelle moyenne dans la zone tampon de 2 km	antemp_2	°C * 10
Température annuelle moyenne dans la zone tampon de 5 km	antemp_5	°C * 10
Isotherme moyenne dans la zone tampon de 1 km	isot_1k	(moyenne mensuelle (Tmax-Tmin)/maxtwm-mintcm)*100
Isotherme moyenne dans la zone tampon de 2 km	isot_2k	(moyenne mensuelle (Tmax-Tmin)/maxtwm-mintcm)*100
Isotherme moyenne dans la zone tampon de 5 km	isot_5k	(moyenne mensuelle (Tmax-Tmin)/maxtwm-mintcm)*100
Température maximale moyenne du mois le plus chaud dans la zone tampon de 1 km	maxtwm_1	°C * 10
Température maximale moyenne du mois le plus chaud dans la zone tampon de 2 km	maxtwm_2	°C * 10
Température maximale moyenne du mois le plus chaud dans la zone tampon de 5 km	maxtwm_5	°C * 10
Température minimale moyenne du mois le plus froid dans la zone tampon de 1 km	mintcm_1	°C * 10
Température minimale moyenne du mois le plus froid dans la zone tampon de 2 km	mintcm_2	°C * 10
Température minimale moyenne du mois le plus froid dans la zone tampon de 5 km	mintcm_5	°C * 10
Saisonnalité moyenne de la température dans la zone tampon de 1 km	tpseas_1	Standard deviation * 100
Saisonnalité moyenne de la température dans la zone tampon de 2 km	tpseas_2	Standard deviation * 100
Saisonnalité moyenne de la température dans la zone tampon de 5 km	tpseas_5	Standard deviation * 100
PRÉCIPITATIONS (données issues de la base de données BIOCLIM)		
Précipitations annuelles moyennes dans la zone tampon de 1 km	anprec_1	Millimètre
Précipitations annuelles moyennes dans la zone tampon de 2 km	anprec_2	Millimètre
Précipitations annuelles moyennes dans la zone tampon de 5 km	anprec_5	Millimètre
Précipitations moyennes du mois le plus sec dans la zone tampon de 1 km	precdm_1	Millimètre

Précipitations moyennes du mois le plus sec dans la zone tampon de 2 km	precdm_2	Millimètre
Précipitations moyennes du mois le plus sec dans la zone tampon de 5 km	precdm_5	Millimètre
Saisonnalité moyenne des précipitations dans la zone tampon de 1 km	precse_1	Coefficient de variation
Saisonnalité moyenne des précipitations dans la zone tampon de 2 km	precse_2	Coefficient de variation
Saisonnalité moyenne des précipitations dans la zone tampon de 5 km	precse_5	Coefficient de variation
Précipitations moyennes du mois le plus humide dans la zone tampon de 1 km	precwm_1	Millimètre
Précipitations moyennes du mois le plus humide dans la zone tampon de 2 km	precwm_2	Millimètre
Précipitations moyennes du mois le plus humide dans la zone tampon de 5 km	precwm_5	Millimètre
POPULATION (données issues du projet WorldPop)		
Densité moyenne d'habitants dans la zone tampon de 1 km	hupop_1	Nombre d'habitants/hectare
Densité moyenne d'habitants dans la zone tampon de 2 km	hupop_2	Nombre d'habitants/hectare
Densité moyenne d'habitants dans la zone tampon de 5 km	hupop_5	Nombre d'habitants/hectare

ANNEXE 5 : Résultats des tests de corrélation de Pearson pour les variables associées au risque de H9N2 dans le modèle univarié
(valeur du coefficient et degré de significativité)

	Inv_d_pst_ro	d_capgov	Lg_d_dindes	Lg_d_pc	Lg_d_pond	Lg_d_repro	Lg_d_poul	antemp_1	anprec_1	precdm_1	d_ram56	Lg_d_rivers	Lg_d_abat	Lg_d_abatna	d_couvdi	d_couvpc	d_couvpo	d_couv
d_capgov	-0.10																	
Lg_d_dindes	-0.06	0.22**																
Lg_d_pc	0.03	0.15*	-0.03															
Lg_d_pond	-0.04	0.06	0.24***	0.02														
Lg_d_repro	-0.19**	0.20**	0.53***	0.10	0.10													
Lg_d_poul	-0.18*	0.36***	0.52***	0.06	0.26***	0.51***												
antemp_1	0.02	0.12	0.16*	0.08	-0.15*	0.11	0.11											
anprec_1	-0.05	-0.22**	-0.09	-0.20**	0.05	-0.06	-0.01	-0.67***										
precdm_1	-0.09	-0.15*	0.11	-0.13	0.25***	0.19**	0.19**	-0.77***	0.61***									
d_ram56	-0.04	0.12	0.28***	0.15*	0.14	0.43***	0.53***	-0.10	-0.10	0.35***								
Lg_d_rivers	0.02	0.04	-0.01	-0.03	0.01	-0.03	-0.01	0.18*	-0.15*	-0.22**	-0.09							
Lg_d_abat	-0.01	0.22**	0.53***	0.06	0.03	0.44***	0.45***	0.07	0.03	0.03	0.24***	0.05						
Lg_d_abatna	0.05	0.08	0.42***	0.01	0.03	0.29***	0.28***	0.03	0.01	0.01	0.21**	0.13	0.81***					
d_couvdi	-0.15*	0.35***	0.58***	0.08	0.11	0.59***	0.74***	0.18*	0.05	0.13	0.36***	-0.01	0.62***	0.43***				
d_couvpc	-0.09	0.10	0.49***	0.18*	0.11	0.65***	0.60***	0.20**	-0.11	0.14	0.53***	0.00	0.56***	0.41***	0.72***			
d_couvpo	-0.07	0.29***	0.63***	0.06	0.16*	0.51***	0.70***	0.38***	-0.20**	-0.03	0.45***	0.11	0.52***	0.53***	0.81***	0.65***		
d_couv	-0.09	0.10	0.49***	0.18*	0.11	0.65***	0.60***	0.20**	-0.11	0.14*	0.53***	0.00	0.56***	0.41***	0.72***	1.00***	0.65***	
Inv_hupop_5	-0.06	0.24**	0.16*	0.15*	0.09	0.06	0.17*	0.23**	-0.19**	-0.16*	-0.01	0.05	0.13	0.09	0.26***	0.12	0.27***	0.12

Significativité : < 0,001 : *** ; < 0,001 : ** ; < 0,05 : * ; < 0.01 : .

NOM : Le Comte

PRENOM : Marie

TITRE : Épidémiologie spatiale du risque d'influenza aviaire H9N2 en Tunisie

Depuis 2009, le virus de l'influenza aviaire faiblement pathogène H9N2 circule en Tunisie, provoquant d'importantes pertes économiques pour la filière avicole et suscitant des inquiétudes de par son potentiel zoonotique. Cette étude analyse une série de variables agro-environnementales dans le but d'identifier des facteurs de risque spatiaux associés au virus H9N2 en élevage avicole. L'analyse porte sur des données sérologiques collectées entre octobre 2010 et mai dans 800 élevages commerciaux non vaccinés de poulets de chair, poules pondeuses, reproducteurs et dindes, situés dans 20 des 24 gouvernorats tunisiens. Trois variables ont été identifiées comme fortement associées à la présence du virus: la distance à la rivière la plus proche, la distance à la route la plus proche et enfin la présence d'élevages de dindes dans une zone tampon de 5 km. Dans une moindre mesure, la distance aux élevages de poulettes et de poules pondeuses, ainsi que les précipitations annuelles ont également été trouvés associés au risque d'infection des élevages par H9N2. Ces résultats pourront permettre d'orienter et d'intensifier la surveillance dans les zones les plus à risque.

Mots clé : épidémiologie, cartographie du risque, influenza, volailles, Tunisie

TITLE : Spatial epidemiology of avian influenza H9N2 risk in Tunisia

The Low Pathogenic Avian Influenza (LPAI) caused by the H9N2 virus has been circulating in Tunisia since 2009, causing major economic losses in the poultry sector and important concern due to its zoonotic potential. This study analyzes a series of agri-environmental determinants in order to identify spatial risk factors for occurrence of H9N2 virus in poultry farms. Serological data, collected from October 2010 to May 2011 in 800 commercial non-vaccinated flocks of broiler chickens, layers, breeders and turkeys in 20 governorates of Tunisia were analyzed. Three variables were found strongly associated with the risk of LPAI H9N2: distance to the closest river, distance to the closest road and presence of turkey flocks in a buffer of 5 km radius. To a lesser extent, distance to the closest pullet and laying flocks were also found associated with the risk of LPAI H9N2. Results from the present study may help to tailor and strengthen epidemiological surveillance in high risk areas.

Keywords : epidemiology, risk mapping, influenza, poultry, Tunisia