



HAL
open science

Surveillance de la circulation du virus de la diarrhée virale bovine à large échelle : quelle stratégie de détection et quels élevage cibler ?

Yvann Elophe

► **To cite this version:**

Yvann Elophe. Surveillance de la circulation du virus de la diarrhée virale bovine à large échelle : quelle stratégie de détection et quels élevage cibler ?. Sciences du Vivant [q-bio]. 2024. dumas-04926227

HAL Id: dumas-04926227

<https://dumas.ccsd.cnrs.fr/dumas-04926227v1>

Submitted on 3 Feb 2025

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.

ANNEE 2024 - Thèse n°153

**SURVEILLANCE DE LA CIRCULATION DU VIRUS DE
LA DIARRHÉE VIRALE BOVINE À LARGE ÉCHELLE :
QUELLE STRATÉGIE DE SURVEILLANCE ET QUELS
ÉLEVAGES CIBLER ?**

THÈSE

pour l'obtention du diplôme d'État de

DOCTEUR VÉTÉRINAIRE

présentée et soutenue publiquement devant l'UFR de

la Faculté de Médecine de l'Université de Nantes

le 20/12/2024

par

Yvann Marcel Pierre René ELOPHE

Sous la direction de

Aurélien MADOUASSE

Président du jury : Madame BELLOC Catherine.....Professeur

Membres du jury : Madame CLERGUE Suzanne... Praticienne hospitalière

Monsieur MADOUASSE Aurélien.....Maître de conférences

ONIRIS – VetAgroBio Nantes

ÉCOLE NATIONALE VÉTÉRINAIRE,

AGROALIMENTAIRE ET DE L'ALIMENTATION

Site de la Chantrerie
101 route de Gachet
44307 Nantes Cedex 3



Département BPSA Biologie, Pathologie et Sciences de l'Aliment		
Responsable : Emmanuel JAFFRES – Adjointe : Frédérique NGUYEN		
Pharmacologie et Toxicologie	Jean-Claude DESFONTIS (Pr) Yassine MALLEM (Pr) Hervé POULIQUEN (Pr)	Antoine ROSTANG (MC) Meg-Anne MORICEAU (MC Stagiaire) Martine KAMMERER (Pr émérite) Marc GOGNY (Pr émérite)
Physiologie fonctionnelle, cellulaire et moléculaire	Jean-Marie BACH (Pr) Lionel MARTIGNAT (Pr)	Julie HERVE (Pr) Grégoire MIGNOT (MC)
Histologie et anatomie pathologique	Marie-Anne COLLE (Pr) Jérôme ABADIE (MC) Florian CHOCTEAU (MC stagiaire)	Laetitia JAILLARDON (MC) Frédérique NGUYEN (MC) Pierre CORDIER (CERC)
Biochimie alimentaire industrielle	Carole PROST (Pr) Joëlle GRUA (MC)	Clément CATANEO (MC) Alix KHALIL (MC) Laurent LE THUAUT (MC)
Microbiotech	Hervé PREVOST (Pr) Géraldine BOUE (MC) Nabila HADDAD (MC HDR) Emmanuel JAFFRES (MC HDR)	Mathilde MOSSER (MC) Boris MISERY (MC) Raouf TAREB (MC) Judith LORANT (MC stagiaire)
PACENV = VET1	Eléonore BOUGUYON (Pr Ag) Nicolas BROSSAUD (Pr Ag)	Charlotte MOCQUARD (Pr Ag) Aurore CALVEL (Pr Ag)
Département SAESP Santé des Animaux d'Élevage et Santé Publique		
Responsable : Raphaël GUATTEO – Adjoint : Jean-Michel CAPPELIER		
Élevage, nutrition et santé des animaux domestiques	Nathalie BAREILLE (Pr) François BEAUDEAU (Pr) Christine FOURICHON (Pr)	Juan Manuel ARIZA CHACON (MC) Ségolène CALVEZ (Pr) Aurélien MADOUASSE (MC HDR) Nora NAVARRO-GONZALES (MC)
Infectiologie	Alain CHAUVIN (Pr) Emmanuelle MOREAU (Pr) Nathalie RUVOEN-CLOUET (Pr) Pauline MAISONNASSE (CERC)	Albert AGOULON (MC) Suzanne BASTIAN (MC HDR) Léa LOISEL (AERC) Kenny OBERLE (MC) Nadine RAVINET (MC)
Médecine des animaux d'élevage	Catherine BELLOC (Pr) Raphaël GUATTEO (Pr) Anne RELUN (MC) Aurore BOISHARDY (CERC)	Sébastien ASSIE (MC) Isabelle BREYTON (MC) Mily LEBLANC MARIDOR (MC) Maud ROUAULT (AERC)
Hygiène et qualité des aliments	Jean-Michel CAPPELIER (Pr) Louis DELAUNAY (MC) Bruno LE BIZEC (Pr)	Sofia STRUBBIA (MC) Marie-France PILET (Pr)

Département DSC Sciences cliniques		
Responsable : Olivier GAUTHIER – Adjoint : Marion FUSELLIER		
Anatomie comparée	Eric BETTI (MC) Claude GUINTARD (MC)	
Pathologie chirurgicale et anesthésiologie	Eric AGUADO (Pr) Olivier GAUTHIER (Pr) Eric GOYENVALLE (Pr)	Pierre MAITRE (MC) Caroline TESSIER (MC) Claire DE-FOURMESTRAUX (MC)
Dermatologie, parasitologie des carnivores et des équidés, mycologie	Jacques GUILLOT (Pr) Emmanuel BENSIGNOR (Pr Ass) Vincent BRUET (MC)	Sabrina VIEU (AERC) Maria Dolores SANCHEZ (CERC)
Médecine interne, imagerie médicale et législation professionnelle vétérinaire	Anne COUROUCE (Pr) Jack-Yves DESCHAMPS (Pr) Françoise ROUX (Pr) Juan HERNANDEZ-RODRIGUEZ (Pr Ass) Nora BOUHSINA (MC)	Nicolas CHOUIN (MC) Amandine DRUT (MC) Marion FUSELLIER-TESSON (Pr) Catherine IBISCH (MC HDR) Aurélia LEROUX (MC) Odile SENECA (MC)
Biotechnologies et pathologie de la reproduction	Jean-François BRUYAS (Pr) François FIENI (Pr)	Djemil BENCHARIF (Pr) Lamia BRIAND (Pr)
Département GPA Génie des procédés alimentaires		
Responsable : Vanessa JURY – Adjointe : Cyril TOUBLANC		
Lionel BOILLEREAUX (Pr) Sébastien CURET-PLOQUIN (Pr) Marie DE LAMBALLERIE (Pr) Francine FAYOLLE (Pr) Michel HAVET (Pr)	Alain LEBAIL (Pr) Olivier ROUAUD (Pr) Kévin CROUVISIER-URION (MC) Vanessa JURY (Pr) Emilie KORBEL (MC)	Jean-Yves MONTEAU (MC HDR) Eve-Anne NORWOOD (MC) Raphaël PORYLES (MC) Laurence POTTIER (MC) Cyril TOUBLANC (MC)
PAC-ING	Cyril Gaillard (PCEA)	
Département MSC Management, statistiques et communication		
Responsable : Jean-Michel GALIHARRET – Adjointe : Sibylle DUCHAINE		
Mathématiques, statistiques, informatique	Chantal THORIN (Pr Ag) Evelyne VIGNEAU (Pr) Jean-Michel GALIHARRET (MC)	Véronique CARIOU (Pr) Benjamin MAHIEU (MC) Michel SEMENOU (MC)
Economie, gestion, législation	Jean-Marc FERRANDI (Pr) Pascal BARILLOT (MC) Ibrahima BARRY (MC) Florence BEAUGRAND (MC) Franck INSGNARES (IE)	Sibylle DUCHAINE (MC) Sonia MAHJOUB (MC) Samira ROUSSELIERE (MC) Christophe PAPINEAU (Ens. Cont.)
Langues et communication	Marc BRIDOU (PLPA) David GUYLER (Ens. Cont.) Nathalie GOODENOUGH (PCEA) Patricia JOSSE (Ens. Cont.)	Shaun MEEHAN (Ens. Cont.) Linda MORRIS (PCEA) Ian NICHOLSON (ENS. Cont.)
Formations Techniciens supérieurs		
Responsable : Laurence FRERET		
	Laurence FRERET (PCEA) Françoise BRICHET (IAE) Christophe CARON (PLPA) Virginie MAGIN (Ens.cont.)	

Pr Ag : Professeur Agrégé, Pr : Professeur, MC : Maître de Conférence, MCC : MC contractuel, PLPA : Professeur Lycée Professionnel Agricole, PCEA : Professeur Certifié Enseignement Agricole, HDR : Habilité à Diriger des Recherches, CERC : Chargé d'Enseignement et de Recherche Contractuel, Ens. Cont. : Enseignant Contractuel

La reproduction d'extraits de cette thèse est autorisée avec mention de la source. Toute reproduction partielle doit être fidèle au texte utilisé. Cette thèse devra donc être citée en incluant les éléments bibliographiques suivants :

- Nom et prénoms de l'auteur : Yvann ELOPHE
- Année de soutenance : 2024
- Titre de la thèse : Surveillance de la circulation du virus de la diarrhée virale bovine à large échelle : quelle stratégie de détection et quels élevages cibler ?
- Intitulé du diplôme : Thèse de doctorat vétérinaire
- Université de soutenance : Faculté de Médecine de Nantes.
- École de soutenance : VetAgroBio Nantes Oniris
- Nombre de pages : 160 p.

Remerciements

Au Professeur Catherine BELLOC

VetAgroBio Nantes, Oniris

Pour m'avoir fait l'honneur d'accepter de présider le jury de la soutenance de ma thèse.
Hommages respectueux

Au Docteur Suzanne CLERGUE

VetAgroBio Nantes, Oniris

Pour avoir accepté de faire partie de mon jury pour ma thèse.
Sincères remerciements

Au Docteur Aurélien MADOUASSE

VetAgroBio Nantes, Oniris

Pour avoir accepté d'être mon maître de thèse et pour toute l'aide apporté au cours de ce travail.
Pour votre soutien et vos conseils précieux ainsi que votre disponibilité, votre réactivité et votre porte de bureau toujours ouverte.
Un immense merci.

À l'ensemble de l'équipe DYNAMO, pour votre accueil, et tout particulièrement à Gaël BEAUNEE et Sandie ARNOU, pour l'aide apporté au cours de ce travail.
Toute ma gratitude

Aux stagiaires que j'ai pu côtoyer Angélique, Pierre, Sacha et Théo,
Bonne continuation.

Sommaire

Table des figures.....	10
Table des tableaux.....	14
Table des annexes.....	16
Liste des abréviations.....	18
Introduction.....	20
Partie 1 : Biologie et épidémiologie de l'infection des bovins par le virus de la diarrhée virale bovine	23
I Synthèse bibliographique sur le virus de la diarrhée virale bovine.....	24
A Généralité.....	24
B Pathogénie et infection.....	25
B-1 Pathogénie de l'infection horizontale.....	25
B-2 Pathogénie de l'infection verticale.....	26
B-3 Pathogénie de la maladie des muqueuses.....	27
C Épidémiologie.....	28
C-1 Épidémiologie descriptive.....	28
C-2 Épidémiologie analytique.....	28
D Diagnostic de laboratoire.....	29
D-1 Structure virale.....	29
D-2 Les différents tests en laboratoire.....	30
II Les programmes de surveillance du virus de la diarrhée virale bovine en Europe et en France	32
A Les programmes de surveillance.....	32
A-1 En zone endémique.....	32
A-2 En zone indemne.....	32
B La surveillance du virus de la diarrhée virale bovine en Europe.....	33
B-1 Réglementation au sein de l'Union Européenne.....	33
B-2 Les plans de surveillance en Europe.....	34

C La surveillance du virus de la diarrhée virale bovine en France.....	39
C-1 Réglementation en France.....	41
C-2 Les plans de lutte en France.....	43
C-3 Bilan de la lutte contre le virus de la diarrhée virale bovine depuis la mise en place du plan national.....	46
D La surveillance du virus de la diarrhée virale bovine en Bretagne.....	46
Partie 2 : Comparaison par modélisation de différents programmes de surveillance du virus de la diarrhée virale bovine en Bretagne, considérée comme une zone indemne pour l'étude.....	
	52
I Introduction.....	53
II Matériels et Méthodes.....	54
A Généralités sur la modélisation en épidémiologie.....	54
A-1 Objectifs de la modélisation en épidémiologie.....	54
A-2 Les différents types de modèles en épidémiologie.....	55
B Modèle épidémiologique utilisé.....	56
B-1 Présentation du modèle DYNAMO.....	56
B-2 Description des données.....	57
B-3 Dynamique du cycle de l'état de santé.....	58
B-4 Dynamique du cycle de vie.....	61
B-5 Paramètres d'introduction.....	64
B-6 Informations recueillies.....	65
C Choix des scénarios épidémiologiques.....	66
C-1 Aucune introduction.....	66
C-2 Pression d'infection aux frontières.....	66
C-3 Pression d'infection aux frontières et achat de vache de Troie depuis une zone non indemne.....	68
D Programmes de surveillance étudiées : choix et modélisation.....	71
D-1 Choix et modélisation des tests diagnostics.....	71
D-2 Choix et modélisation des fréquences des tests diagnostics.....	72
.....	73
D-3 Choix et modélisation de la population à cibler au sein de l'élevage.....	73
D-4 Choix et modélisation des élevages à cibler au sein de la métapopulation.....	74
E Déroulement des simulations.....	85
E-1 Choix du nombre de trajectoires épidémiologiques par scénario d'introduction.....	85
E-2 Choix du nombre de répétitions des programmes de surveillance appliqués aux scénarios d'introduction.....	87
E-3 Réalisation de mon modèle informatique.....	88
E-4 Présentation des résultats.....	90

III Résultats.....	91
A Scénario sans introduction du virus de la diarrhée virale bovine dans la métapopulation...	91
B Introduction du virus de la diarrhée virale bovine par contacts directs aux pâturages et sans achat de vache de Troie.....	93
B-1 Choix de la stratégie de surveillance.....	93
B-2 Choix des élevages à tester.....	95
B-2-a Choix des élevages à tester pour la Stratégie_vache.....	95
B-2-b Choix des élevages à tester pour la Stratégie_veau.....	97
C Introduction du virus de la diarrhée virale bovine par contacts directs aux pâturages et avec achat d'une vache de Troie.....	98
C-1 Choix de la stratégie de surveillance.....	98
C-2 Choix des élevages à tester.....	103
C-2-a Choix des élevages pour la Stratégie_vache.....	103
C-2-b Choix des élevages pour la Stratégie_veau.....	111
IV Discussion.....	117
A Discussion autour du modèle épidémiologique développé par l'équipe DYNAMO.....	117
A-1 Description des élevages.....	117
A-2 Propagation du virus de la diarrhée virale bovine au sein de la métapopulation.....	117
B Discussion autour de mon modèle de simulation des programmes de surveillance.....	118
B-1 Discussion autour de la modélisation des programmes de surveillance.....	118
B-2 Discussion autour de la modélisation des prélèvements et des tests diagnostics.....	119
B-3 Discussion autour du matériel utilisé.....	121
C Discussion autour des résultats.....	122
C-1 Comparaison des résultats avec la bibliographie.....	122
C-2 Limites et critique des résultats obtenus.....	123
D Perspectives.....	124
Conclusion.....	125
Bibliographie.....	128
Annexes.....	136

Table des figures

Figure 1 : Impact sur le fœtus d'une infection par le BVDV selon le stade de gestation.....	26
Figure 2 : Diagramme schématique du génome du BVDV.....	29
Figure 3 : Carte européenne des activités d'atténuation du BVDV (2019).....	34
Figure 4 : Infographie : Dernière ligne droite pour l'éradication de la BVD en Suisse – Plan de route.....	38
Figure 5 : Mise en place des programmes de lutte contre le BVDV selon le département et le type d'élevage	40
Figure 6 : Nombre de bovins (en milliers de tête) par départements.....	40
Figure 7 : Proportion des nouveaux foyers identifiés parmi les troupeaux dépistés en France métropolitaine (campagne 2019-2020).....	41
Figure 8 : Modalités de dépistage par département et type d'élevage (période du 1er juillet 2021 au 30 juin 2022).....	44
Figure 9 : Date d'intégration des départements au programme collectif de surveillance et d'éradication de la zone Sanitea.....	45
Figure 10 : Programme d'éradication puis de surveillance dans la zone Sanitea.....	45
Figure 11 : Éléments clés de l'éradication de la BVD en Bretagne.....	47
Figure 12 : Evolution des statuts BVD des élevages Bretons de 2001 à 2020.....	49
Figure 13 : Nombre de bovins IPI détectés et abattus par année en Bretagne depuis la mise en place du plan d'éradication.....	49
Figure 14 : Densité de vaches allaitantes (a) et laitières (b) en Bretagne en 2020.....	50
Figure 15 : Schéma de la dynamique de l'état de santé décrivant la transmission verticale et horizontale (au sein du troupeau ou par contact avec le voisinage).....	59
Figure 16 : Schéma de la dynamique du cycle de vie.....	62
Figure 17 : Pression d'infection lorsque les animaux sont aux pâturages.....	67
Figure 18 : Impact de la valeur du K_{ext} sur le nombre d'élevages nouvellement infectés par le BVDV en Bretagne, comparé à l'incidence annuelle de la Bretagne (en 2022 et 2023).....	68
Figure 19 : Pourcentage d'élevages différent entre ω et $\omega = 1$ dans les listes HRA.....	78
Figure 20 : Graphique illustrant les variations de précocité et de coût annuel pour une trajectoire épidémiologique choisie aléatoirement pour l'ensemble des scénarios épidémiologiques pour la Stratégie_vache pour les 10 définitions d'HRA testés.....	79

Figure 21 : Graphique illustrant les variations de précocité et de coût annuel pour une trajectoire épidémiologique choisie aléatoirement pour l'ensemble des scénarios épidémiologiques pour la Stratégie_veau pour les 10 définitions d'HRA testés.....	80
Figure 22 : Pourcentage d'élevages différent entre γ et $\gamma = 1$ dans les listes « Risque_élevé_voisin » et « Risque_moyen_voisin ».....	83
Figure 23 : Evolution de la moyenne et de l'écart type du temps de détection selon le nombre de trajectoires épidémiologiques dans le scénario avec introduction d'un veau IPI dans l'élevages FR29105123.....	86
Figure 24 : Evolution de la moyenne et de l'écart type du temps de détection selon le nombre de répétitions des programmes de surveillance pour la Stratégie_vache dans le scénario avec introduction d'un veau IPI dans l'élevages FR29105123.....	87
Figure 25 : Comparatif du nombre d'élevage faux positif et du coût annuel des tests pour la Stratégie_vache et la Stratégie_veau pour les différents choix d'élevages à tester.....	92
Figure 26 : Comparatif du temps de détection et du coût annuel des tests pour la Stratégie_vache et la Stratégie_veau pour les différents choix d'élevages à tester pour le scénario épidémiologique sans achat ainsi que pour l'ensemble de ses trajectoires.....	94
Figure 27 : Variation du temps de détection et du coût annuel du programme de surveillance selon les élevages testés pour la Stratégie_vache dans le scénario sans achat.....	96
Figure 28 : Variation du temps de détection et du coût annuel du programme de surveillance selon les élevages testés pour la Stratégie_veau dans le scénario sans achat.....	97
Figure 29 : Comparatif du temps de détection et du coût annuel des tests pour la Stratégie_vache et la Stratégie_veau selon les élevages testés pour le scénario épidémiologique avec achat d'une vache de Troie et naissance d'un veau IPI dans l'élevage FR22337170.....	99
Figure 30 : Comparatif du temps de détection et du coût annuel des tests pour la Stratégie_vache et la Stratégie_veau selon élevages à testés pour le scénario épidémiologique avec achat d'une vache de Troie et naissance d'un veau IPI dans l'élevage FR29105123.....	100
Figure 31 : Comparatif du temps de détection et du coût annuel des tests pour la Stratégie_vache et la Stratégie_veau selon les élevages testés pour le scénario épidémiologique avec achat d'une vache de Troie et naissance d'un veau IPI dans l'élevage FR35039006.....	101
Figure 32 : Comparatif du temps de détection et du coût annuel des tests pour la Stratégie_vache et la Stratégie_veau selon les élevages testés pour le scénario épidémiologique avec achat d'une vache de Troie et naissance d'un veau IPI dans l'élevage FR56147077.....	102
Figure 33 : Variation du temps de détection et du coût annuel du programme de surveillance selon les élevages testés pour la Stratégie_vache dans le scénario avec achat d'une vache de Troie et naissance d'un veau IPI dans l'élevage FR22337170.....	104

Figure 34 : Variation du temps de détection et du coût annuel du programme de surveillance selon les élevages testés pour la Stratégie_vache dans le scénario avec achat d'une vache de Troie et naissance d'un veau IPI dans l'élevage FR29105123.....	106
Figure 35 : Variation du temps de détection et du coût annuel du programme de surveillance selon les élevages testés pour la Stratégie_vache dans le scénario avec achat d'une vache de Troie et naissance d'un veau IPI dans l'élevage FR35039006.....	108
Figure 36 : Variation du temps de détection et du coût annuel du programme de surveillance selon les élevages testés pour la Stratégie_vache dans le scénario avec achat d'une vache de Troie et naissance d'un veau IPI dans l'élevage FR56147077.....	110
Figure 37 : Variation du temps de détection et du coût annuel du programme de surveillance selon les élevages testés pour la Stratégie_veau dans le scénario avec achat d'une vache de Troie et naissance d'un veau IPI dans l'élevage FR22337170.....	112
Figure 38 : Variation du temps de détection et du coût annuel du programme de surveillance selon les élevages testés pour la Stratégie_veau dans le scénario avec achat d'une vache de Troie et naissance d'un veau IPI dans l'élevage FR29105123.....	113
Figure 39 : Variation du temps de détection et du coût annuel du programme de surveillance selon les élevages testés pour la Stratégie_veau dans le scénario avec achat d'une vache de Troie et naissance d'un veau IPI dans l'élevage FR35039006.....	114
Figure 40 : Variation du temps de détection et du coût annuel du programme de surveillance selon les élevages testés pour la Stratégie_veau dans le scénario avec achat d'une vache de Troie et naissance d'un veau IPI dans l'élevage FR56147077.....	115

Table des tableaux

Tableau 1 : Caractéristiques des deux biotypes du BVDV	25
Tableau 2 : Statut virologique et sérologique des animaux IT et IPI, selon le stade d'infection	27
Tableau 3 : Sensibilité et spécificité des tests les plus couramment utilisés en pratique	31
Tableau 4 : Catégories des maladies réglementées selon le règlement d'exécution UE 2018/1882	33
Tableau 5 : Caractérisation du risque individuel selon le nombre de troupeaux auxquels l'élevage achète et vend des bovins.....	35
Tableau 6 : Définition des différents statuts des élevages vis à vis du BVDV en Bretagne.....	47
Tableau 7 : Les 5 états de santé décrits par le modèle.....	58
Tableau 8 : Critères de transition des individus entre les différents états de santé du modèle	60
Tableau 8a : Transmission verticale du BVDV.....	60
Tableau 8b : Transmission horizontale du BVDV.....	60
Tableau 9 : Catégories utilisées dans la dynamique du cycle de vie	61
Tableau 10 : Critères de transition des individus entre les différentes catégories du cycle de vie ...	63
Tableau 11 : Modélisation des deux stratégies de détection.....	72
Tableau 12 : Nombre d'élevages par département présents dans les élevages HRA selon la valeur de ω	81
Tableau 13 : Caractérisation des listes d'élevages à risque.....	84
Tableau 14 : Nombre d'élevage infecté sur l'année selon la trajectoire épidémiologique pour le scénario épidémiologique sans achat.....	94
Tableau 15 : Nombre d'élevage infecté sur l'année selon la trajectoire épidémiologique pour le scénario épidémiologique avec achat d'une vache de Troie et naissance d'un veau IPI dans l'élevage FR22337170.....	99
Tableau 16 : Nombre d'élevage infecté sur l'année selon la trajectoire épidémiologique pour le scénario épidémiologique avec achat d'une vache de Troie et naissance d'un veau IPI dans l'élevage FR29105123.....	100
Tableau 18 : Nombre d'élevage infecté sur l'année selon la trajectoire épidémiologique pour le scénario épidémiologique avec achat d'une vache de Troie et naissance d'un veau IPI dans l'élevage FR35039006.....	101

Tableau 19 : Nombre d'élevage infecté sur l'année selon la trajectoire épidémiologique pour le scénario épidémiologique avec achat d'une vache de Troie et naissance d'un veau IPI dans l'élevage FR35039006.....	102
Tableau 20 : Interprétation du pourcentage d'inhibition observé dans le lait de tank, et sa signification sur l'élevage	120
Tableau 21 : Statut du troupeau selon les notes obtenues lors des trois derniers tests sérologiques successifs.....	121

Table des annexes

Annexe 1 : Nombre de bovins par département en 2022 (d'après l'Insee)	136
Annexe 2 : Comparaison des moyennes et écarts-types du temps de détection (en semaines), selon le nombre de trajectoires épidémiologiques étudiées pour différents choix d'élevages dans le cadre de la Stratégie_vache	137
Annexe 3 : Comparaison des moyennes et écarts-types du temps de détection (en semaines), selon le nombre de trajectoires épidémiologiques étudiées pour différents choix d'élevages dans le cadre de la Stratégie_veau	138
Annexe 4 : Comparaison des moyennes et écarts-types du temps de détection (en semaines), selon le nombre de répétitions des programmes de surveillance dans le cadre de la Stratégie_vache, appliquée à différents choix d'élevages	139
Annexe 5 : Comparaison des moyennes et des quantiles 5 et 95 du coût annuel des tests (en euros), selon les élevages testés et la stratégie de surveillance appliquée	140
Annexe 6 : Comparaison des moyennes et des quantiles 5 et 95 du nombre d'élevages faux positifs annuels, selon les élevages testés dans le cadre de la Stratégie_vache	140
Annexe 7 : Moyennes, écarts-types et quantiles 5 et 95 du temps de détection (en semaines), selon les élevages testés pour chaque trajectoire épidémiologique dans le scénario d'introduction du BVDV dans la métapopulation sans achat de vache de Troie depuis l'extérieur de la Bretagne	141
Annexe 8 : Moyennes, écarts-types et quantiles 5 et 95 du temps de détection (en semaines), selon les élevages testés pour chaque trajectoire épidémiologique dans le scénario d'introduction du BVDV dans la métapopulation avec achat d'une vache de Troie dans l'élevage FR22337170	145
Annexe 9 : Moyennes, écarts-types et quantiles 5 et 95 du temps de détection (en semaines), selon les élevages testés pour chaque trajectoire épidémiologique dans le scénario d'introduction du BVDV dans la métapopulation avec achat d'une vache de Troie dans l'élevage FR29105123	149
Annexe 10 : Moyennes, écarts-types et quantiles 5 et 95 du temps de détection (en semaines), selon les élevages testés pour chaque trajectoire épidémiologique dans le scénario d'introduction du BVDV dans la métapopulation avec achat d'une vache de Troie dans l'élevage FR35039006	153
Annexe 11 : Moyennes, écarts-types et quantiles 5 et 95 du temps de détection (en semaines), selon les élevages testés pour chaque trajectoire épidémiologique dans le scénario d'introduction du BVDV dans la métapopulation avec achat d'une vache de Troie dans l'élevage FR56147077	157

Liste des abréviations

ARN : Acides Ribonucléiques

BDNI : Base de Données Nationale d'Identification

BIOEPAR : Biologie, Épidémiologie et Analyse de Risque en santé animale

BVD : *Bovine Viral Diarrhea* (Diarrhée virale bovine)

BVDV : *Bovine Viral Diarrhea Virus* (Virus de la diarrhée virale bovine)

BVD-MD : *Bovine Viral Diarrhea-Mucosal Disease* (Diarrhée virale bovine – Maladie des Muqueuses)

CP : Cytopathogène

GDS : Groupement de Défense Sanitaire

INRAE : Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'alimentation et l'Environnement

ICTV : *International Committee on Taxonomy of Viruses* (Comité international de taxonomie des virus)

IPI : Infecté Permanent Immunotolérant

IT : Infecté Transitoire

MD : *Mucosal Disease* (Maladie des muqueuses)

NCP : non-cytopathogène

OVS : Organisme à Vocation Sanitaire

PCR : *Polymerase Chain Reaction* (Réaction de polymérisation en chaîne)

RIBES : *Rindvieh-Beprobung im Schlachthof* (Prélèvement d'échantillons sur le bétail bovin à l'abattoir)

RT-PCR : *Reverse Transcriptase PCR* (PCR après transcription inverse)

UE : Union Européenne

Dans le modèle de simulation des programmes de surveillance :

Stratégie_vache : Programme de surveillance basé sur la sérologie. Sur le lait de tank pour les élevages laitiers ; sur mélange de sérum de bovins âgés de 24 à 48 mois pour les élevages allaitants.

Stratégie_veau : Programme de surveillance basé sur la virologie sur les veaux à la naissance lors de l'identification par bouclage auriculaire.

HRA = « Haut Risque Achat » : Concerne les 20 % d'élevages ayant réalisé le plus d'achats de bovins en Bretagne l'année précédente la simulation

RA = « Risque Achat » : Concerne les élevages ayant réalisé au moins un achat de bovins en Bretagne l'année précédente la simulation

HRV = « Haut Risque Voisin » : Concerne les 20 % d'élevages ayant le plus d'élevages voisin (dans un périmètre de 6km) en Bretagne

RV = « Risque Voisin » : Concerne les 50 % d'élevages ayant le plus d'élevages voisin (dans un périmètre de 6km) en Bretagne

HRA+HRV = « Haut Risque Achat » ou « Haut Risque Voisin » : Concerne les 20 % d'élevages ayant réalisé le plus d'achats de bovins en Bretagne l'année précédente la simulation OU les 20 % d'élevages ayant le plus d'élevages voisin (dans un périmètre de 6km) en Bretagne

RA+RV = « Risque Achat » ou « Risque Voisin » : Concerne les élevages ayant réalisé au moins un achat de bovins en Bretagne l'année précédente la simulation OU les 50 % d'élevages ayant le plus d'élevages voisin (dans un périmètre de 6km) en Bretagne

HRA+RV = « Haut Risque Achat » ou « Risque Voisin » : Concerne les 20 % d'élevages ayant réalisé le plus d'achats de bovins en Bretagne l'année précédente la simulation OU les 50 % d'élevages ayant le plus d'élevages voisin (dans un périmètre de 6km) en Bretagne

RA+HRV = « Risque Achat » ou « Haut Risque Voisin » : Concerne les 50 % d'élevages ayant le plus d'élevages voisin (dans un périmètre de 6km) en Bretagne OU les 20 % d'élevages ayant le plus d'élevages voisin (dans un périmètre de 6km) en Bretagne

Introduction

Le virus de la diarrhée virale bovine (BVDV) est un pathogène présent dans le monde entier. Il est à l'origine du complexe BVD-MD (diarrhée virale bovine et maladie des muqueuses), qui se manifeste sous deux formes pathogéniques, épidémiologiques et cliniques différentes. La diarrhée virale bovine (BVD) a été découverte aux États-Unis en 1946 par des vétérinaires du New York State Veterinary College, et la maladie des muqueuses (MD) a été identifiée en 1953 par des vétérinaires de l'Iowa State University College of Veterinary Medicine (1). Le BVDV est un agent infectieux important du bétail dans le monde entier et est répertorié par l'Organisation Mondiale de la Santé Animale (OMSA) (2,3).

Pour lutter contre ce virus, de nombreux pays européens ont mis en place avec succès des programmes d'éradication du BVDV et sont désormais passés à des plans de surveillance. D'autres pays, comme la France, sont encore en phase d'éradication, comme en témoigne l'arrêté du 31 juillet 2019 (révisé le 17 février 2020) (4).

Cet arrêté constitue la première étape de l'éradication du BVD, en imposant une surveillance obligatoire des troupeaux. Cette surveillance vise à prouver le statut indemne des élevages sains et à détecter l'infection dans les élevages contaminés afin de mettre en œuvre les mesures d'assainissement nécessaires.

Une fois l'éradication achevée, les zones indemnes bénéficient de ce statut. Il est alors impératif de maintenir une surveillance efficace pour éviter toute réintroduction du virus, sous peine de perdre ce statut, ce qui entraînerait des conséquences économiques significatives, telles que des difficultés à exporter les bovins et des coûts élevés pour retrouver le statut indemne. Cette surveillance a pour but de démontrer l'absence d'infection par le BVDV, mais elle présente plusieurs défis. Le principal défi est de prouver cette indemnité de manière fiable, ce qui nécessite des tests réguliers et rigoureux, ce qui peut s'avérer coûteux. Le coût de la surveillance est un enjeu majeur, car des dispositifs trop onéreux risquent d'être insoutenables à long terme. Il est donc crucial de concevoir un système permettant de prouver le statut indemne tout en minimisant les coûts.

Dans cette optique d'éradication puis de surveillance du BVDV, des modélisations épidémiologiques ont été développées pour évaluer et comparer l'efficacité de différents plans (5). La conception d'un modèle épidémiologique pour simuler la propagation du BVDV est un des nombreux projets porté par l'équipe DYNAMO de l'unité mixte de recherche de Biologie, Épidémiologie et Analyse de Risque en Santé Animale (BIOEPAR) de l'Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'alimentation et l'Environnement (INRAE) et d'Oniris - VetAgroBio. L'équipe a créé un modèle épidémiologique inter-troupeaux de propagation du BVDV, s'appuyant notamment sur les ressources de la Base de Données Nationale d'Identification (BDNI), pour obtenir les données les plus précises et exhaustives possibles. Ce modèle intègre les ateliers de production bovine allaitants et laitiers, et prend en compte la proximité entre troupeaux voisins (contact de voisinage), qui est une cause importante de

contamination inter-troupeaux dans les zones de forte densité ; et les déplacements commerciaux des bovins entre troupeaux (achat, vente), qui peuvent induire l'introduction du BVDV au sein d'un troupeau sain (6).

Au sein d'un troupeau, le modèle intègre la dynamique démographique (naissance, décès, achat, vente, réforme) et d'infection.

Ce modèle est actuellement utilisé à l'échelle de la Bretagne, région de France la plus proche d'avoir éradiqué le BVD avec près de 90 % d'élevages indemnes. La Bretagne est la première région d'élevages de France (7). Pour les bovins, cette région se classe cinquième région de France, avec plus de 10 % du cheptel français présent sur son territoire (8). La Bretagne est la première région laitière de France, avec 23,3 % du cheptel laitier français. Elle est également première région de France pour les veaux de boucherie avec 19 % du cheptel français.

L'objectif de cette thèse est d'évaluer et de comparer différentes modalités de surveillance du BVD en Bretagne, dans un contexte d'absence initiale et d'émergence de l'infection. Ces plans de surveillance seront modélisés à l'aide de Python, et évalués et comparés selon deux critères principaux : la précocité de détection et le coût. Le coût comprend le coût direct des tests lors du programme de surveillance, ainsi que le coût indirect lié aux conséquences du programme de surveillance, estimé proportionnellement à l'aide d'un facteur associé : le nombre d'élevages détectés faux positifs sur l'année. En effet, ces élevages faux positifs vont induire des mesures d'investigations coûteuses pour infirmer leur statut positif.

Cette étude permettra de déterminer quelle stratégie offre le meilleur compromis entre ces critères pour répondre aux besoins spécifiques de la Bretagne une fois que la région sera indemne de BVDV.

Cette étude sera précédée d'une synthèse bibliographique sur le BVDV et sur les plans de surveillance de la BVD.

Partie 1 : Biologie et épidémiologie de l'infection des bovins par le virus de la diarrhée virale bovine

I Synthèse bibliographique sur le virus de la diarrhée virale bovine

A Généralité

Le BVDV appartient à la famille des *Flaviviridae*, du genre *Pestivirus* tout comme le virus de la peste porcine classique et le virus de la maladie des frontières (9–11). Initialement considéré comme une seule espèce, le Comité International de Taxonomie des Virus (ICTV) scinde désormais le BVDV en deux espèces : BVDV-1 et BVDV-2 (11).

Au sein de ces deux espèces, de nombreux génotypes ont été retrouvés (12):

- 23 génotypes (de 1a à 1w) pour le BVDV-1
- 4 génotypes (de 2a à 2d) pour le BVDV-2

Le BVDV est à l'origine du complexe BVD-MD qui induit des pertes économiques importantes liées à une augmentation de la morbidité et de la mortalité dues à l'immunosuppression, des troubles de la reproduction et à une réduction de la production laitière (2,3).

Au sein de chaque souche du BVDV, il peut exister deux biotypes. Cette distinction est réalisée selon l'action du virus sur la cellule *in vitro*. Si les souches virales ont un effet cytopathique, les souches sont dites cytopathogènes (CP) sinon, les souches sont dites non-cytopathogènes (NCP) (13). Le pouvoir pathogène *in vitro* n'est pas corrélé au pouvoir pathogène *in vivo*. En effet, c'est le biotype NCP qui apparaît comme le plus important du point de vue épidémiologique et clinique sur le terrain (cf Tableau 1).

Tableau 1 : Caractéristiques des deux biotypes du BVDV (14)

Biotype	NCP	CP
Transmission horizontale	+++	+
Transmission verticale	+	-
Clinique	Signes très variables	Signes minimales
Réponse humorale	Apparition précoce (15 jours)	Apparition tardive (25 jours)
	Titres élevées	Titres faibles
	Persistance longue	Persistance courte
Distribution tissulaire	Large	Restreinte
Virémie	Fréquente	Rare

B Pathogénie et infection

B-1 Pathogénie de l'infection horizontale

En l'absence d'anticorps spécifiques (anticorps maternels chez le jeune veau de moins de 8 mois (15), ou acquis via une infection antérieure ou via la vaccination chez l'adulte) l'animal est sensible au virus et peut donc développer une infection virale. Il devient alors un infecté transitoire (IT). Cette infection est principalement réalisée par le biotype NCP, qui entraîne une virémie pendant une durée de 10 à 14 jours (3).

Le tropisme varié du BVDV associé à la réaction immunitaire humorale tardive (environ 15 jours après le début de l'infection) permet des localisations secondaires du virus. Ainsi, le BVDV peut être retrouvé dans le tube digestif, les poumons ou encore l'appareil génital, expliquant pourquoi le virus est excrété dans toutes les sécrétions corporelles (16).

B-2 Pathogénie de l'infection verticale

Le virus peut se développer dans l'appareil génital, et la mise en place tardive de l'immunité humorale permet au virus de franchir la barrière transplacentaire et de contaminer le fœtus *in-utero* si la vache est initialement naïve.

De plus, lors de la réplication, le BVDV de biotype NCP bloque la synthèse d'interféron de type 1 qui est un acteur clé de la défense antivirale du système immunitaire inné. Ainsi, si un BVDV de biotype NCP infecte le fœtus entre le 40^{ème} et le 125^{ème} jour de gestation (cf Figure 1) alors l'immunité adaptative du fœtus se développera en présence du virus et ne reconnaîtra pas celui-ci comme étranger à l'organisme et ne luttera donc pas contre lui. Il n'y aura donc pas de formation d'anticorps anti-BVDV (cf Tableau 2). Si la gestation est menée à terme, la naissance d'un veau infecté permanent immunotolérant (IPI) sera alors observée.

Les animaux IPI sont de forts excréteurs de virus, ce qui en fait des cibles privilégiées dans les plans de lutte contre le BVDV.

Les veaux IPI ont une faible espérance de vie (on estime que 90 % des IPI meurent avant l'âge de 3 ans) à cause de leur système immunitaire défaillant et de la maladie des muqueuses. Ils peuvent naître chétif ou malformé, auquel cas ils n'intégreront pas le cheptel reproducteur. Cependant, l'animal peut naître parfaitement normal et intégrer le troupeau reproducteur. Les mâles IPI produiront alors un sperme contaminé, les femelles IPI donneront forcément à un veau IPI. C'est ce qu'on appelle les lignées IPI (17).

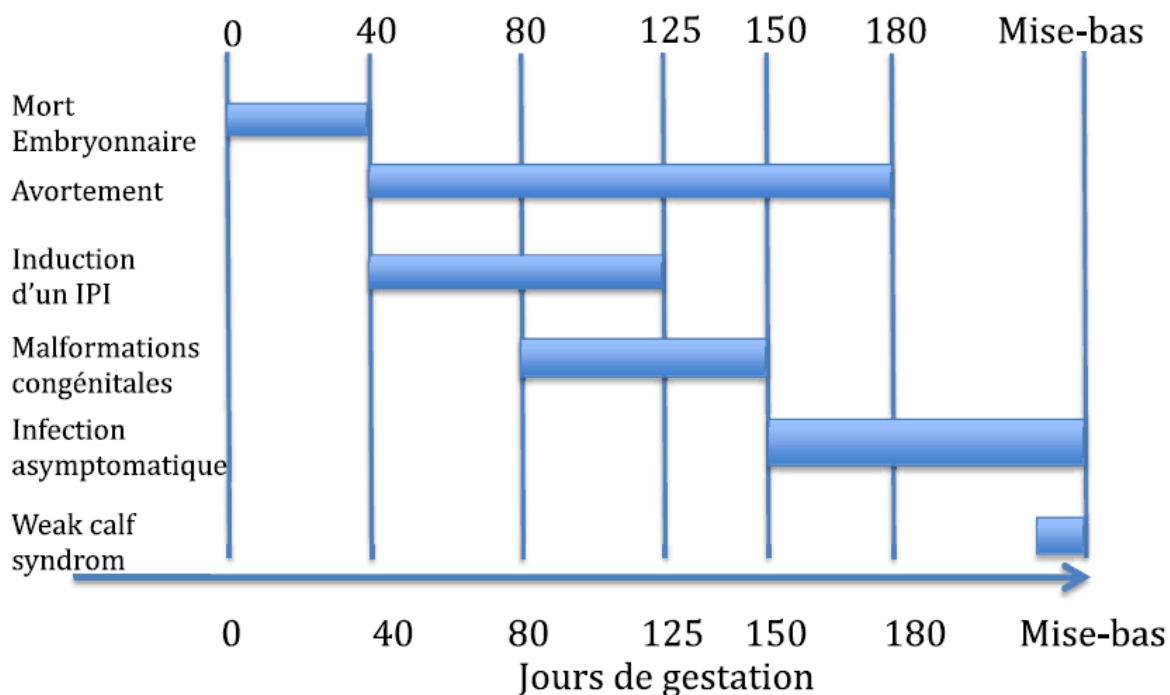


Figure 1 : Impact sur le fœtus d'une infection par le BVDV selon le stade de gestation (16).

Tableau 2 : Statut virologique et sérologique des IT et IPI selon le stade d'infection

	Statut virologique	Statut sérologique
IT en phase virémique	+	-
IT en post infection	-	+
IPI dans les 6-8 premiers mois de vie	+++	+ (anticorps maternel)
IPI de plus de 6 mois	+++	-

B-3 Pathogénie de la maladie des muqueuses

La MD est une maladie qui touche principalement les animaux IPI, principalement entre 6 et 24 mois d'âge, même si elle peut se déclarer à n'importe quel moment de la vie de l'animal IPI (18). Elle se déclare lorsque l'IPI est contaminé par une souche CP du BVDV apparenté antigéniquement à la souche NCP dont il est porteur.

La source de cette souche CP antigéniquement proche de la souche NCP infectant l'animal est majoritairement endogène, par mutation ponctuelle ou recombinaison d'ARN non homologue, touchant alors uniquement les IPI.

Toutefois, il existe également des souches exogènes, telles que celles dérivées de la vaccination avec des souches CP, qui peuvent affecter non seulement les IPI mais aussi les IT, à condition que la souche CP soit suffisamment proche antigéniquement de la souche NCP (19).

Quelques semaines après l'apparition de la souche CP apparentée, les symptômes de la MD se déclarent. La maladie conduit généralement l'animal IPI à la mort, en quelques jours à quelques semaines (20).

C Épidémiologie

C-1 Épidémiologie descriptive

Épidémiologie descriptive de la BVD

Le BVDV est présent dans la plupart des pays producteurs de bétail du monde (21,22).

En Europe, la prévalence de troupeaux positifs aux anticorps est très élevée mais en diminution notamment grâce à diverses politiques de gestion et/ou d'éradication dans divers pays du monde (cf VI) (21).

Les bovins peuvent se contaminer toute leur vie (et même avant leur naissance via la transmission verticale). Cependant, la pression d'infection fait que la majorité des bovins se contaminent avant l'âge de deux ans. De même, la contamination au sein d'un troupeau va dépendre de la pression d'infection (majoritairement dépendante du nombre d'IPI présents dans le troupeau, de la structure de l'élevage (densité, séparation des âges ...)), mais également de la virulence du BVDV NCP. Ainsi, en fonction de ces divers paramètres, la contamination d'un troupeau pourra prendre quelques semaines à quelques années (16).

Épidémiologie descriptive des IPI

Les IPI sont également présents partout à l'échelle mondiale. En Europe, la prévalence est en nette diminution (3,6 % avant 2008 contre 0,2 % après 2008). Ce qui s'explique par les diverses politiques de gestion et/ou d'éradication dans divers pays qui reposent principalement sur l'élimination des animaux IPI (21).

C-2 Épidémiologie analytique

La source principale de contamination par le BVDV est le bovin, principalement les IPI, mais les IT sont également une source importante de virus (14). La transmission se fera principalement par contact direct. Ces contacts peuvent avoir lieu au sein du troupeau (notamment suite à l'achat d'un nouvel animal), mais également avec les troupeaux voisins. Cependant, le virus étant excrété dans toutes les sécrétions corporelles de l'animal, le virus peut se retrouver dans l'environnement. Bien que sa survie soit faible dans l'environnement, la contamination d'un individu naïf par l'environnement est possible lorsque les mesures d'hygiène ne sont pas respectées (23). La contamination par voie aérienne est également possible sur de courtes distances (23,24).

Même si les autres voies de transmissions sont rares, elles existent quand même. Tout d'abord, le BVDV étant excrété dans le sperme, l'accouplement ou l'insémination (car le BVDV résiste à la congélation) peut être à l'origine de contamination des vaches (25). Ensuite, la contamination par la faune sauvage est également possible. Cela se fait par contact direct, contamination de l'environnement ou voie aérienne (26). Enfin, la contamination peut avoir lieu via un vecteur mécanique comme les aiguilles contaminées par exemple (23). Pour les vecteurs biologiques, cela semble possible (le virus a été retrouvé dans *Haematobia irritans* (27) et *Stomoxys calcitrans* (28)) mais ces études ne mentionnent pas de transmission.

D Diagnostic de laboratoire

D-1 Structure virale

Les différents tests permettant de mettre en évidence une infection par le BVDV s'appuient sur des marqueurs qui découlent de la structure virale.

Tout d'abord, le génome. Le génome du BVDV est un ARN monocaténaire à polarité positive de 12,3 à 16,5 kb, qui peut être divisé en différentes régions pour coder une polyprotéine qui est ensuite clivée en douze protéines post-traductionnellement (cf Figure 2) (10).

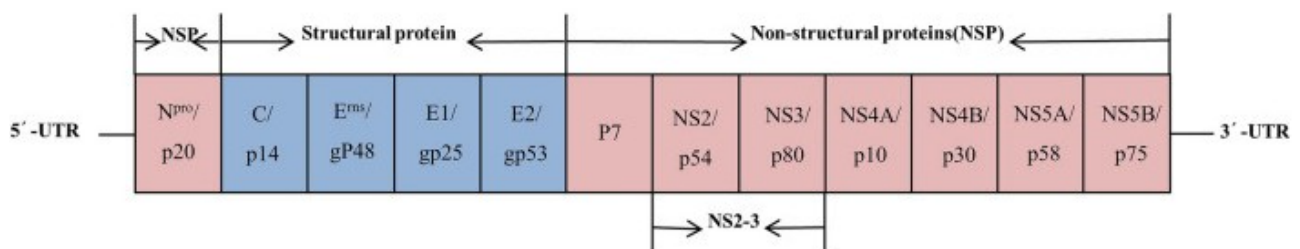


Figure 2 : Diagramme schématisique du génome du BVDV (10).

Parmi l'ensemble de ces protéines, les tests utilisés seront principalement orientés vers les protéines les plus immunogènes qui sont : E^{ms}, NS2-3 et E2

D-2 Les différents tests en laboratoire

Le diagnostic de laboratoire est au cœur de la surveillance programmée de la BVD et donc au cœur des différentes stratégies de gestion et d'éradication de la BVD. Au niveau des tests, on observe deux méthodes distinctes : le diagnostic direct avec la mise en évidence du virus et le diagnostic indirect avec la mise en évidence des anticorps.

Les différents tests permettant de mettre en évidence le virus sont :

- La culture cellulaire

L'isolement viral par culture cellulaire est une méthode fiable (mais moins fiable que la technique ELISA et la RT-PCR (29)). De plus, elle est plus coûteuse, plus lourde à mettre en place (nécessitant des laboratoires possédant des installations de cultures cellulaires) et plus longues que les autres méthodes (3). C'est pourquoi elle n'est pas utilisée sur le terrain de nos jours.

- La recherche d'antigène par ELISA

La recherche d'antigènes par la méthode ELISA se focalise principalement de nos jours sur l'antigène E0 (il y a également des tests ELISA qui recherchent l'antigène NS2-3, mais celui-ci n'est pas détectable dans les biopsies auriculaires durant les premiers mois de vie de l'animal à cause des anticorps colostraux (30)). Cette méthode peut être utilisée sur biopsie cutanée et sérum (29). La méthode est rapide, très sensible, très spécifique et peu coûteuse (cf Tableau 3).

- La RT-PCR

La recherche du génome viral par RT-PCR est également une méthode reconnue sur le terrain. Cette méthode peut être utilisée sur biopsie cutanée et sérum (29). Elle est également rapide, et présente une sensibilité, une spécificité et un coût proche du test ELISA (cf Tableau 3)

Les différents tests permettant de mettre en évidence le passage du virus dans l'organisme via la recherche d'anticorps sont :

- La séroneutralisation

Ce test est le test de référence en Europe. Bien que hautement spécifique, il est peu utilisé sur le terrain car extrêmement coûteux et long, du fait de la nécessité de réaliser une culture cellulaire au préalable (3).

- La recherche d'anticorps par ELISA

Les anticorps sont orientés contre les protéines NS2-3 (31,32), E2 (33) ou E^{ms} (31). Cette méthode présente une très bonne sensibilité et spécificité, mais un peu plus faible que les méthodes directes. Elle est également peu coûteuse (cf Tableau 3).

Tableau 3 : Sensibilité et spécificité des tests les plus couramment utilisés en pratique

Test	Substrat	Sensibilité	Spécificité	Coût
Test direct				
ELISA (antigènes) (34)	Biopsie cutanée	100 %	100 %	4,50 (35)
RT-PCR (génom viral) (34)	Biopsie cutanée	100 %	99 %	4,10 (36) / 4,81 (37)
Test indirect				
ELISA (32)	Sérum (individuel)	96,70 %	97,80 %	5,82 (36)
	Lait (individuel)	96,90 %	97,30 %	

II Les programmes de surveillance du virus de la diarrhée virale bovine en Europe et en France

A Les programmes de surveillance

A-1 En zone endémique

Dans les zones endémiques où un plan d'assainissement a été mis en place (comme par exemple en France), le programme de surveillance sert :

- A évaluer l'efficacité des mesures mises en place en comparant les résultats du programme de surveillance de l'année n à ceux de l'année n-1.
- A détecter les nouvelles infections dans les troupeaux indemnes (incidence) afin d'intervenir le plus précocement possible pour assainir le troupeau.

Dans les zones endémiques où aucun plan d'assainissement n'a été mis en place, le programme de surveillance permet de dresser un état des lieux de la maladie sur le territoire.

A-2 En zone indemne

En zone indemne, le but d'un programme de surveillance est de maintenir le statut indemne de la région en assurant que la maladie ou l'agent pathogène ciblé n'a pas été réintroduit.

Dans ce contexte, la surveillance de la maladie présente deux objectifs :

- Détecter précocement toute apparition ou réintroduction de la maladie afin de réagir rapidement et de limiter sa propagation.
- Prouver l'absence d'infection.

Or, prouver avec une certitude parfaite l'absence de maladie nécessite un test parfait (sensibilité et spécificité de 100 %) et de tester l'ensemble de la population à un moment donné. Dans ce cas, l'absence de résultats positifs prouve avec certitude l'absence de maladie sur le territoire. Cependant, il n'existe pas de test parfait, et il est impossible de tester l'ensemble de la

population à un moment donné. Il est donc impossible de prouver avec une certitude absolue l'absence de maladie (38).

Donc, lorsqu'il n'existe aucune preuve que la maladie est sur le territoire, il faut estimer la probabilité de son absence. Pour cela, il faut supposer que la prévalence de la maladie soit supérieure à 0. Ainsi, la population est considérée comme indemne si la probabilité de ne pas détecter l'infection, si elle était présente au niveau de prévalence prévu, est inférieure à un niveau de confiance choisi (38).

Au sein de l'Union Européenne (UE), afin de maintenir le statut national "indemne de BVD", la surveillance doit permettre au minimum la détection, avec un niveau de confiance de 95 %, des troupeaux infectés par le BVDV à un taux de prévalence cible de 0,2 % des troupeaux (39).

B La surveillance du virus de la diarrhée virale bovine en Europe

B-1 Réglementation au sein de l'Union Européenne

Dans l'UE, suite au règlement européen UE 2016/429 , au règlement délégué UE 2018/1629 et au règlement d'exécution UE 2018/1882 ; la BVD-MD est une maladie réglementée de catégories C,D et E (cf Tableau 4) (40–42).

Tableau 4 : Catégories des maladies réglementées selon le règlement d'exécution UE 2018/1882 (41).

Catégorie	Définition
Maladie de catégorie A	Maladie répertoriée qui n'est habituellement pas présente dans l'UE et pour laquelle des mesures d'éradication immédiates doivent être prises dès qu'elle est détectée.
Maladie de catégorie B	Maladie répertoriée contre laquelle tous les États membres doivent lutter afin de l'éradiquer dans l'ensemble de l'UE.
Maladie de catégorie C	Maladie répertoriée qui concerne certains États membres et pour laquelle des mesures sont nécessaires pour empêcher sa propagation vers des parties de l'UE officiellement indemnes ou disposant d'un programme d'éradication.
Maladie de catégorie D	Maladie répertoriée pour laquelle des mesures sont nécessaires pour empêcher sa propagation en cas d'entrée dans l'UE ou de mouvements entre les États membres.
Maladie de catégorie E	Maladie répertoriée pour laquelle une surveillance est nécessaire au sein de l'UE.

B-2 Les plans de surveillance en Europe

En Europe, quelques pays (l'Europe de l'Ouest et les Pays Scandinaves majoritairement) ont mis en place des plans (nationaux ou régionaux) de contrôle (éviter la circulation du virus entre les élevages) ou d'éradication (se basant souvent sur la détection précoce et l'élimination rapide des IPI) du BVDV (cf Figure 3).

Les premiers plans de contrôle et d'éradication du BVDV débutent en Scandinavie (Suède et Norvège en 1993, Danemark en 1994 (43)), et sont considérés comme des succès (ces pays ont aujourd'hui convertis leur programme d'éradication en programme de surveillance (cf Figure 3)). Cette réussite a permis d'inspirer d'autres pays européens, mais aussi d'établir des éléments clés d'un programme d'éradication du BVDV, qui sont (44) :

- Identification des troupeaux infectés
- Identification précoce et élimination rapides des IPI
- Restrictions de déplacement pour les bovins sans statut clair
- Règles de quarantaine pour les animaux entrants.

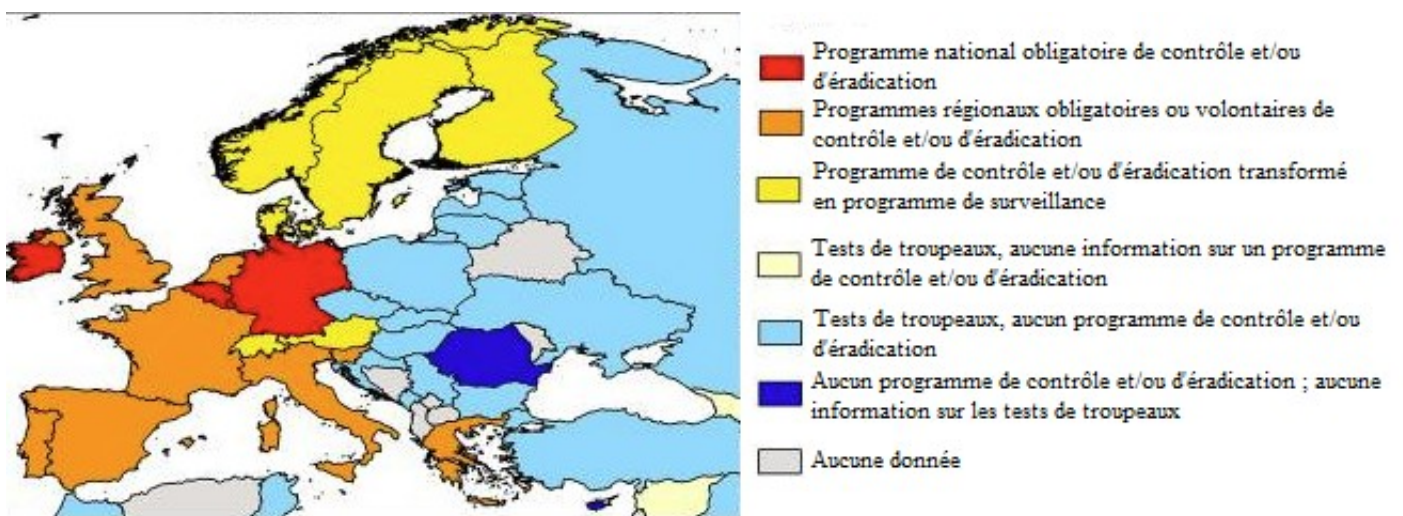


Figure 3 : Carte européenne des activités d'atténuation du BVDV (2019) (21).

* La France est passé en plan national en 2020 (45).

Le plan de surveillance Suédois (46)

La Suède est indemne de BVDV depuis 2014, et reconnue officiellement indemne par l'UE depuis 2022. Depuis 2018, le programme de surveillance s'appuie sur une définition du risque. Les troupeaux sont classés individuellement en fonction du nombre de troupeaux auxquels ils ont acheté et vendu des animaux au cours des 12 mois précédents (cf Tableau 5). Ce classement est mis à jour tous les ans au premier janvier.

Les troupeaux à risque élevé sont testés deux fois par an, les troupeaux à risque moyen sont testés une fois par an et les troupeaux à risque faible sont testés aléatoirement jusqu'à atteindre le nombre d'échantillon fixé par le programme de surveillance.

Les tests sont des tests sérologiques, réalisés sur le lait de tank pour les troupeaux livrant à la laiterie, et sur le sang lorsque les animaux sont envoyés à l'abattoir pour les autres. Le prélèvement d'échantillon, qu'importe le type de production, a donc lieu en continu sur l'année.

Tableau 5 : Caractérisation du risque individuel selon le nombre de troupeaux auxquels l'élevage achète et vend des bovins (46).

		Nombre de troupeaux auxquels on vend		
		0-1	2-4	>4
Nombre de troupeaux auxquels on achète	0-4	Risque faible	Risque moyen	Risque élevé
	>4	Risque moyen	Risque élevé	Risque élevé

Le plan Norvégien (47)

En Norvège, aucune ferme infectée par le BVDV n'a été trouvée depuis 2005, mais la Norvège n'a pas fait la demande pour être reconnue officiellement indemne à l'UE. Depuis 2007, l'objectif du plan Norvégien est la surveillance. Ce plan de surveillance repose sur le test aléatoire d'un échantillon des troupeaux Norvégien (minimum 10% des troupeaux doivent être testés). En 2023, l'échantillonnage des troupeaux s'est fait aléatoirement en testant 21,9 % des élevages (20,6 % des élevages laitiers et 23,3 % des élevages allaitant (47)).

Les tests sérologiques sont réalisés :

- Sur le lait de tank pour les exploitations livrant à la laiterie.
- Sur le sang d'animaux âgés de plus de 24 mois envoyés à l'abattoir, avec un maximum de 5 animaux par troupeau et par jour de prélèvement, et cela dans 19 abattoirs du pays pour les autres exploitations.

Le plan Danois (48)

Le Danemark est officiellement reconnu indemne de BVDV par l'UE depuis 2022. C'est en 2006 que le Danemark change son programme d'éradication en programme de surveillance. Le plan de surveillance consiste à tester tous les troupeaux tous les ans.

Pour les troupeaux livrant à la laiterie, les tests sérologiques sont réalisés sur le lait de tank, quatre fois par an. Si un test revient positif, il est suivi d'un test de confirmation. En cas de doute, les tests deviennent mensuels. Pour les troupeaux ne livrant pas à la laiterie, les tests sérologiques se font sur prélèvements sanguins réalisés à l'abattoir.

Le plan Finnois (49,50)

Le BVDV n'a pas été trouvé en Finlande depuis 2010, et la Finlande a été reconnue indemne de BVDV par l'UE en 2022.

A partir de 2010, le programme de surveillance finnois s'appuie sur le prélèvement d'un certain pourcentage d'élevages. Ainsi, pour les exploitations livrant à la laiterie, les tests sérologiques sont réalisés sur le lait de tank, entre janvier et mars, et au minimum 10 % des exploitations sont testés (en 2021 et 2022, pour obtenir le statut indemne, la Finlande a testé plus de 50 % de ses élevages, mais sinon le taux d'exploitations testées est entre 0 et 20%). Pour les exploitations ne livrant pas à la laiterie, les tests sérologiques sont effectués sur du sang, prélevé en abattoir. Chaque année, une liste d'élevages à tester est publiée dépendant des échantillons reçus les années précédentes (les élevages qui n'ont pas été testés les années précédentes sont testés en priorité). Dans ces élevages, 10 bovins sont testés. S'il n'y a pas suffisamment d'échantillons collectés (1300 échantillons et 200 élevages différents à la mi-août en 2022), un échantillonnage aléatoire de 10 à 20 % des élevages restants sera effectué. Ces prélèvements sont effectués dans les abattoirs abattant plus de 1000 bovins par an, et, comme pour la Norvège, un maximum de 5 bovins par jour et par exploitation a été fixé.

Le plan Autrichien

Le BVDV n'a pas été trouvé en Autriche depuis 2017, et l'Autriche est reconnue officiellement indemne de BVDV par l'UE depuis 2022 (51).

Le plan de surveillance du BVDV en Autriche s'appuie sur le règlement BVD 2007, dont la dernière modification date de 2015. Ainsi, la surveillance est annuelle, les tests sont des tests sérologiques pouvant se faire sur (52) :

- Lait de tank pour les exploitations livrant à la laiterie.

- Prélèvements individuel de lait ou de sang, lorsqu'il faut tester individuellement des jeunes animaux pour les anticorps anti-BVDV. Il faut alors tester au moins 15 % des jeunes vaches, avec un minimum de 5 animaux. Cette méthode s'applique pour les ateliers laitiers ayant beaucoup de jeunes et dont le lait de tank n'est pas représentatif de la population.

- Prélèvements individuels de sang, sur des animaux âgés de 6-24 mois. Il faut alors tester au moins 15 % du lot, avec un minimum de 5 animaux, avec un écart d'âge de minimum 4 mois. S'il n'y a pas 5 animaux, on complète l'échantillon avec les animaux les plus âgés. Cette méthode est utilisée pour les élevages ne livrant pas à la laiterie.

Pour les prélèvements individuels, les bovins pour lesquels des anticorps formés contre le BVD ont déjà été détectés lors d'un examen antérieur sont à exclure.

Depuis 2022, toutes les exploitations agricoles ne sont plus échantillonnées, seul des contrôles aléatoires ont lieu dans les élevages ne livrant pas à la laiterie. Pour les élevages livrant à la laiterie, ils sont toujours testés sur lait de tank annuellement (53,54).

Le plan Suisse

Suite à un programme d'éradication du BVDV de 2008 à 2012 qui a permis de faire baisser la prévalence des IPI de 1,4 % à 0,02 %, la Suisse a adopté un plan de surveillance. Ce plan de surveillance consiste à tester tous les élevages. Les exploitations livrant à la laiterie sont testés deux fois par an sur le lait de tank, les autres sont testés sur un prélèvement sanguin d'un groupe d'animaux de l'exploitation (en général 5 animaux), prélevés généralement à l'abattoir, mais parfois cela se fait directement à la ferme (si l'abattoir ne possède pas l'application de prélèvement d'échantillons sur le bétail bovin à l'abattoir (RIBES)).

De plus, des exploitations dites spéciales sont définies. Dans ces exploitations, des tests individuels par bouclage auriculaire sont réalisés. Les exploitations considérées spéciales sont celles pour lesquelles une surveillance sérologique n'est pas suffisante. Il peut s'agir d'entreprises de commerce de bétail ayant un gros volume commercial ou encore des unités d'élevages composées de plusieurs sites de production (55,56).

A compter du 1^{er} novembre 2024, la Suisse entrera dans "la dernière ligne droite" d'éradication du BVDV. Pour cette dernière phase, la Suisse souhaite prendre en compte le trafic d'animaux

important dans leur pays, expliquant la présence de cas isolés de BVD. Pour cela, une phase de transition de deux ans est prévue, avec au final, l'instauration d'un nouveau statut BVD le 1^{er} novembre 2026 (cf Figure 4) dépendant des trois critères suivant :

- Aucun animal IPI dans le troupeau : l'exploitation n'a pas eu d'animal IPI au cours des 18 derniers mois et ne compte actuellement aucun animal interdit de déplacement dans le troupeau ;
- Surveillance négative : il doit y avoir aucune suspicion de circulation du virus dans l'exploitation (résultats de la surveillance officielle négatifs sur une période suffisamment longue) ;
- Achat contrôlé des animaux : tous les bovins importés dans les 12 derniers mois doivent être issus d'élevages indemnes de BVD ou avoir un test sérologique négatif (57).

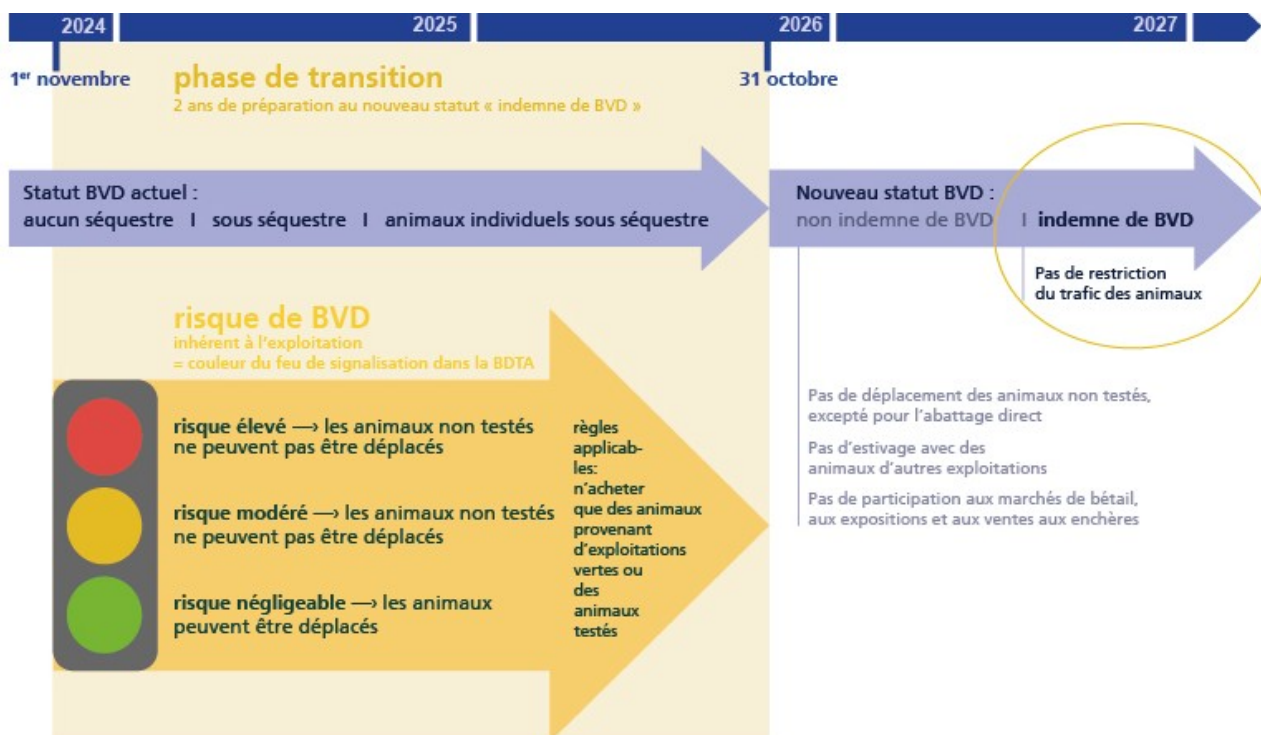


Figure 4 : Infographie : Dernière ligne droite pour l'éradication de la BVD en Suisse – Plan de route (57)

C La surveillance du virus de la diarrhée virale bovine en France

Depuis le 31 juillet 2020, le plan de lutte contre le BVDV est obligatoire dans tous les départements de France continental. Ce plan de lutte s'appuie sur l'arrêté ministériel du 31 juillet 2019, modifié le 17 février 2020 (58).

Avant la mise en place du plan de lutte national, il existait déjà des plans de luttés régionaux, dépendant des GDS, mis en place plus ou moins tôt (cf Figure 5). Seuls 28 départements n'avaient pas mis en place de plan de lutte avant le programme national (cf Figure 5). Parmi ces départements, 20 départements ont moins de 200 000 bovins (cf Figure 6).

Sur la campagne de prophylaxie 2019-2020, soit la première campagne de prophylaxie, une proportion réduite de cheptels nouvellement infectés a été identifiée (4,3 % des troupeaux (59)).

Lors de cette campagne, les départements présentant une incidence faible sont majoritairement les départements ayant mis en place un plan de lutte en amont du programme national. En effet, sur les 20 départements présentant une incidence inférieure à 1,5 % (cf Figure 7), 14 avaient mis en place un plan de lutte avant le programme national (cf Figure 5) (les 6 autres départements étant des départements possédant moins de 50 000 bovins (cf Figure 6)).

Les diversités départementales en termes d'élevages et de gestion du BVDV expliquent la situation hétérogène de la France vis-à-vis du virus à la mise en place du programme national.

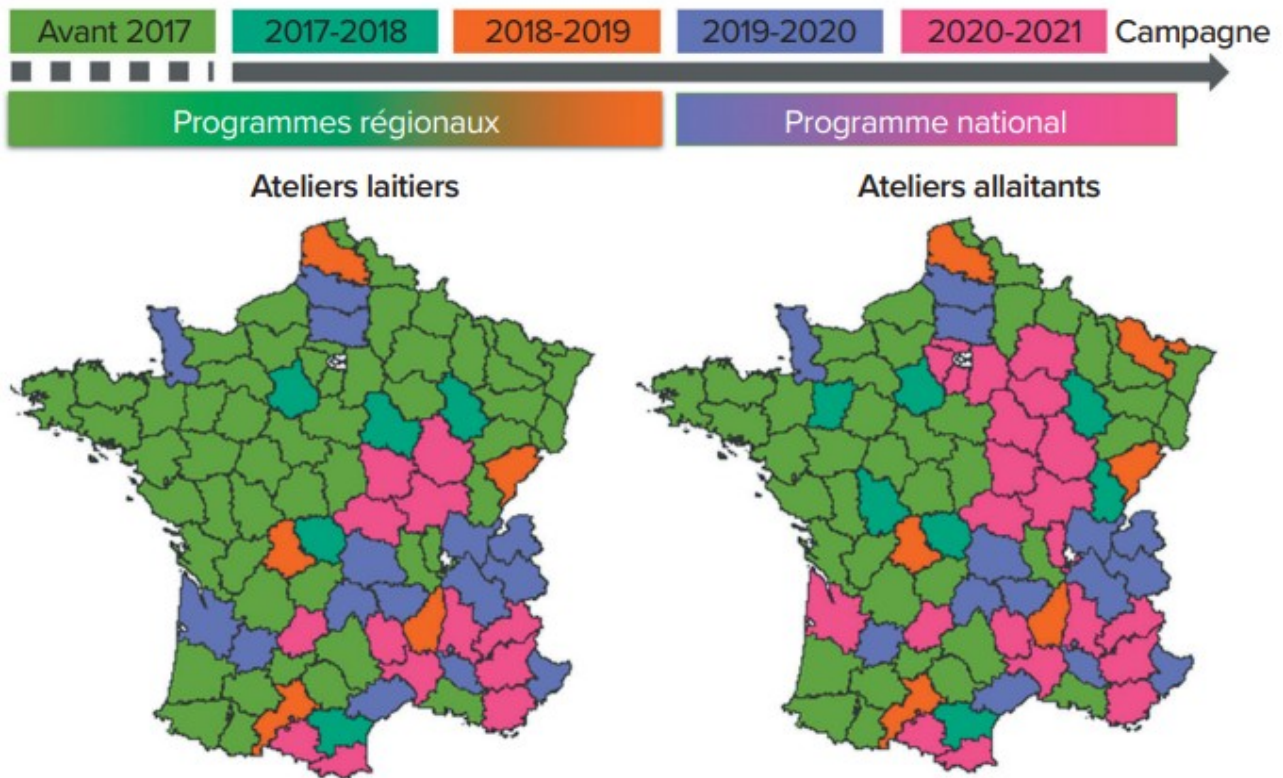


Figure 5 : Mise en place des programmes de lutte contre le BVDV selon le département et le type d'élevage (60).

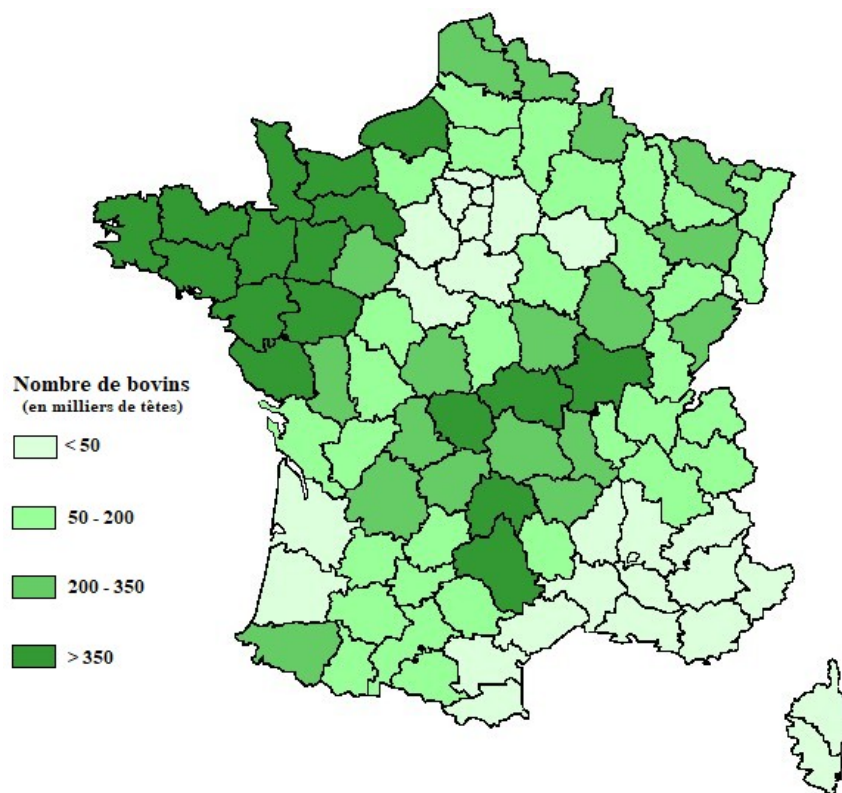


Figure 6 : Nombre de bovins (en milliers de tête) par départements (cf Annexe 1)

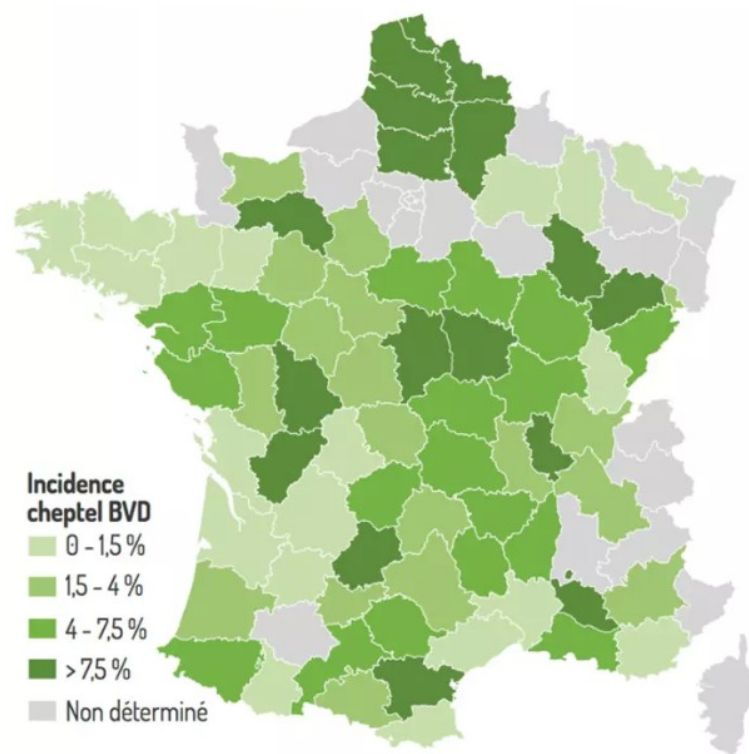


Figure 7 : Proportion des nouveaux foyers identifiés parmi les troupeaux dépistés en France métropolitaine (campagne 2019-2020) (59,61).

C-1 Réglementation en France

L'arrêté du 31 avril 2019, modifié par l'arrêté du 17 février 2020 met en place un plan national (à l'exception de la Corse et des départements et régions d'outre-mer et des collectivités d'outre-mer (article 15 (45))) de lutte contre le BVDV. Cet arrêté a pour objectif la collecte de données épidémiologiques afin de surveiller le BVDV, d'assainir les troupeaux infectés par l'élimination des IPI et l'application de mesures restrictives à la circulation des IPI (article 1 (45)). Le plan de lutte est confié par le préfet de chaque département à l'organisme à vocation sanitaire (OVS) reconnue compétent sur leur territoire (article 3 (45)).

La recherche des animaux infectés est rendue obligatoire pour tous les troupeaux de bovins. Les tests sont réalisés par des laboratoires agréés, et peuvent être (article 5 (45)) :

- La recherche directe du BVDV sur tous les animaux du troupeau dans les vingt jours suivant leur naissance ;
- La sérologie sur le lait de tank, minimum tous les semestres ;

- La sérologie annuelle sur du sérum de mélange issu d'un échantillon de bovins représentatif de l'élevage, non marqués sérologiquement et présent dans le troupeau depuis au moins trois mois.

En cas de résultats défavorables, les analyses sérologiques doivent être complétées par une recherche virologique directe des IPI.

Si les dépistages mettent en évidence la circulation virale ou la présence d'au moins un IPI dans le cheptel, le troupeau est reconnu comme infecté par le BVDV (article 7 (45)). Ce troupeau doit alors faire l'objet d'un assainissement par élimination des IPI le plus rapidement possible. Pour cela, on recherche directement le BVDV pour (article 8 (45)) :

- Tous les animaux du troupeau dont le statut infectieux n'est pas connu, dans le mois qui suit sa classification en troupeau infecté par le BVDV ;
- Tous les animaux naissant dans l'année suivant l'élimination du dernier IPI de l'élevage.

La vaccination est autorisée par l'arrêté pour les troupeaux infectés, les troupeaux épidémiologiquement en lien avec un troupeau infecté, et les troupeaux situés dans une zone où le BVDV circule. Pour les troupeaux qui mettraient en œuvre une vaccination, l'exploitant doit transmettre à l'OVS sous un mois après la vaccination une attestation de vaccination (contenant le vaccin utilisé, la date de vaccination et le numéro d'identification des bovins vaccinés) (article 11 (45)).

Enfin, il existe une dérogation au dépistage pour les troupeaux d'engraissement dont le devenir des animaux est exclusivement l'abattoir et qui sont élevés exclusivement en bâtiment (article 12 (45)).

Il est à souligner que l'article 9, interdisant la sortie d'animaux depuis un élevage infecté par le BVDV vers un autre élevage, initialement présent dans l'arrêté du 31 juillet 2019 a été abrogé par l'arrêté du 17 février 2020. De même, dans l'article 1, les mesures restrictives de circulation ne s'appliquaient pas qu'aux IPI, mais également aux IT (confirmé ou suspecté) (45,62).

C-2 Les plans de lutte en France

Avec l'arrêté du 31 juillet 2019, et à travers l'article 5, la France reconnaît divers tests, laissant le choix du plan de lutte et donc des analyses à effectuer aux OVS départementaux (d'après l'article 3) . Ainsi, on observe en France une diversité départementale des plans de dépistage du BVDV (cf Figure 8).

La méthode de surveillance la plus utilisée en France et le dépistage virologique. Elle est utilisée de manière exclusive pour les ateliers laitiers et allaitants par 31 départements (cf Figure 8). Parmi ces 31 départements, on observe que 19 d'entre eux n'avaient pas de plan de surveillance avant la mise en place d'un plan national (cf Figure 6). La surveillance exclusivement par sérologie sur sang ou lait de tank pour les ateliers laitiers et allaitants est principalement utilisée par des départements ayant mis en place un programme de lutte précoce. En effet, sur les quatorze départements ayant exclusivement recours aux dépistages sérologiques pour les troupeaux laitiers et allaitants (cf Figure 8), seule la Gironde (département où l'on trouve 38 100 bovins (cf Annexe 1)) a un programme de lutte qui ne date pas d'avant 2017 (cf Figure 6). Enfin, le plan de lutte s'appuyant sur une combinaison de sérologie ou de virologie dépendant de la situation du troupeau permet une bonne adaptabilité sur le terrain. Le double dépistage sérologique et virologique lui, est principalement utilisé en période de transition afin de disposer d'un historique sérologique avant l'arrêt des tests virologiques (60).

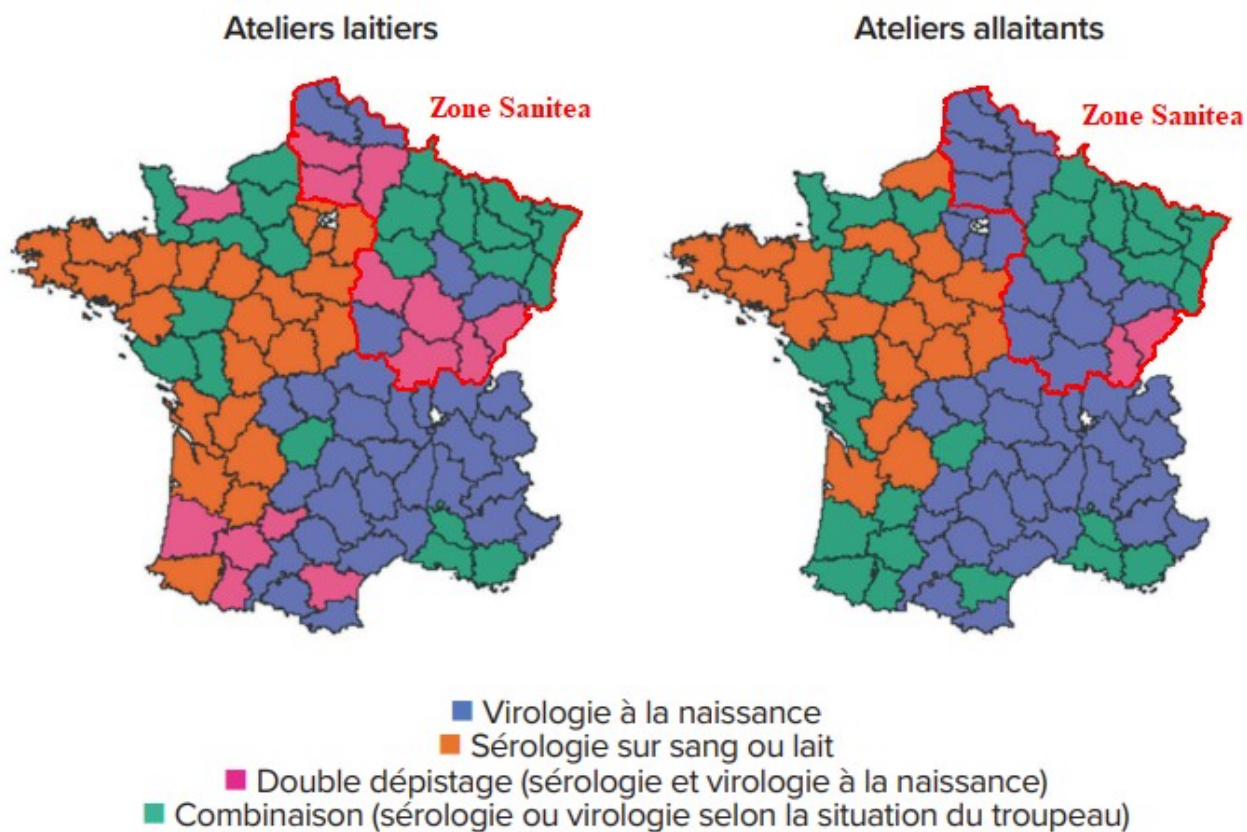


Figure 8 : Modalités de dépistage par département et type d'élevage (période du 1^{er} juillet 2021 au 30 juin 2022) (60).

La zone Sanitéa, un exemple de gestion collective de la BVD.

L'arrêté donne la gestion du plan de lutte aux départements. Cependant, à l'échelle nationale, on observe des gestions du BVDV à l'échelle régionale, comme pour la Bretagne par exemple (développé dans la partie VII-3). Il existe également dans le Nord-Est de la France, une gestion inter-régionale : il s'agit de la zone Sanitéa.

La zone Sanitéa est un regroupement de 23 départements (cf Figure 9). Créée en 2017, elle s'appuie sur le postulat que l'hétérogénéité des situations départementales est à l'origine des recontaminations des élevages et qu'une lutte efficace contre le BVDV ne peut s'envisager que si tous les acteurs combattent ensemble (63,64).

Initialement constituée de 8 départements, la zone s'étend à 18 départements en 2018 pour atteindre les 23 départements en 2020 (cf Figure 9).

Le programme d'éradication du BVDV dans la zone Sanitea est prévu en deux phases de quatre ans (cf Figure 10) suivies d'un programme de surveillance permanent par suivi sérologique de toutes les exploitations saines (63).

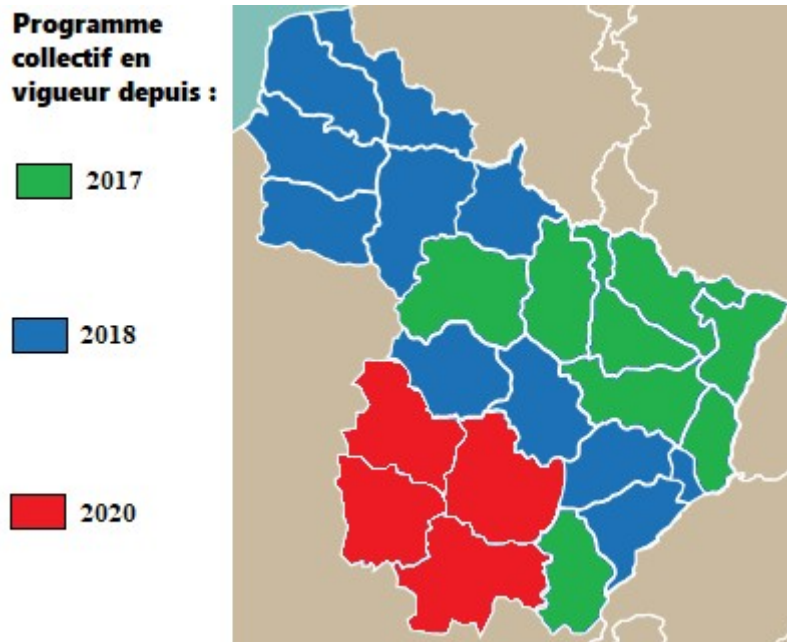


Figure 9 : Date d'intégration des départements au programme collectif de surveillance et d'éradication de la zone Sanitea (63).



Figure 10 : Programme d'éradication puis de surveillance dans la zone Sanitea (63).

C-3 Bilan de la lutte contre le virus de la diarrhée virale bovine depuis la mise en place du plan national

Les différents plans de lutte mis en place par les départements et leur généralisation grâce à l'arrêté du 31 juillet 2019 a permis une avancée importante dans la lutte contre le BVDV. En effet, en 2022, on comptait 70 % des troupeaux bénéficiant du statut « à résultat favorable » (58,60). De plus, l'évolution est rapide. Entre la campagne de prophylaxie 2020-2021 et la campagne de prophylaxie 2021-2022, le nombre de foyers nouvellement infectés est passé de 5953 (4,3%) à 2723 (1,8%), et le nombre de bovins considérés IPI est lui passé de 11315 à 7563 (60).

Cependant, malgré la nette amélioration observée entre les deux campagnes, les résultats sont hétérogènes entre les départements. La progression est rapide dans les départements ayant mis en place un plan de lutte récemment. Cependant, dans les départements ayant un plan de lutte plus ancien, les progrès sont plus limités ou pire, une dégradation de la situation est observée dans certains départements où la surveillance est réalisée par suivi sérologique uniquement. Cette dégradation s'explique par la difficulté de gestion du suivi sérologique car de nombreux bovins sont séropositifs (suite à une ancienne circulation du BVDV ou à la vaccination qui n'est pas interdite en France). De plus, les départements ayant un plan de lutte ancien se heurtent au problème de recontamination liée à l'absence de gestion des mouvements des bovins vis à vis du BVDV dans la modification de l'arrêté d'après GDS France (58,60).

D La surveillance du virus de la diarrhée virale bovine en Bretagne

Depuis 1986, les GDS Bretons ont mis en place des plans d'assainissement vis-à-vis de la BVD-MD. Ces plans se sont avérés efficaces. Cependant, de nombreux exemple de recontamination ont poussé l'Union Bretonne des GDS à songer à une gestion collective de la BVD-MD à partir de 1996. Pour mettre en place une gestion collective, des études préalables ont été indispensables. Ces études ont eu pour objectif d'évaluer la prévalence et l'incidence du BVDV dans les troupeaux et de déterminer la faisabilité d'une gestion collective et les modalités à appliquer (65,66).

Ainsi, après 5 ans d'études, en 2001, le plan de maîtrise Breton voit le jour (66). Ce plan repose sur la connaissance du statut individuel (cf Tableau 6) et sur la gestion des introductions (garantie « bovin non IPI ») (67). Le statut du cheptel est dépendant des résultats obtenus à la prophylaxie. En 2017, bien que le plan de maîtrise montre une belle efficacité, de nouvelles contaminations sont observées. La Bretagne engage une nouvelle étape et vise l'éradication du BVDV (68). Pour cela, le plan d'éradication Breton repose sur 5 éléments clés (cf Figure 11).

Tableau 6 : Définition des différents statuts des élevages vis à vis du BVDV en Bretagne (65,69–71).

Statut	Définition
Statut A	Troupeau indemne
Statut B	Troupeaux faiblement contaminé (à circulation virale ancienne, faible ou provisoirement stoppé)
Statut C	Troupeaux récemment infecté ou en cours d'infection
Statut D	Troupeaux à circulation virale généralisé
Statut E	Troupeaux à statut non caractérisé

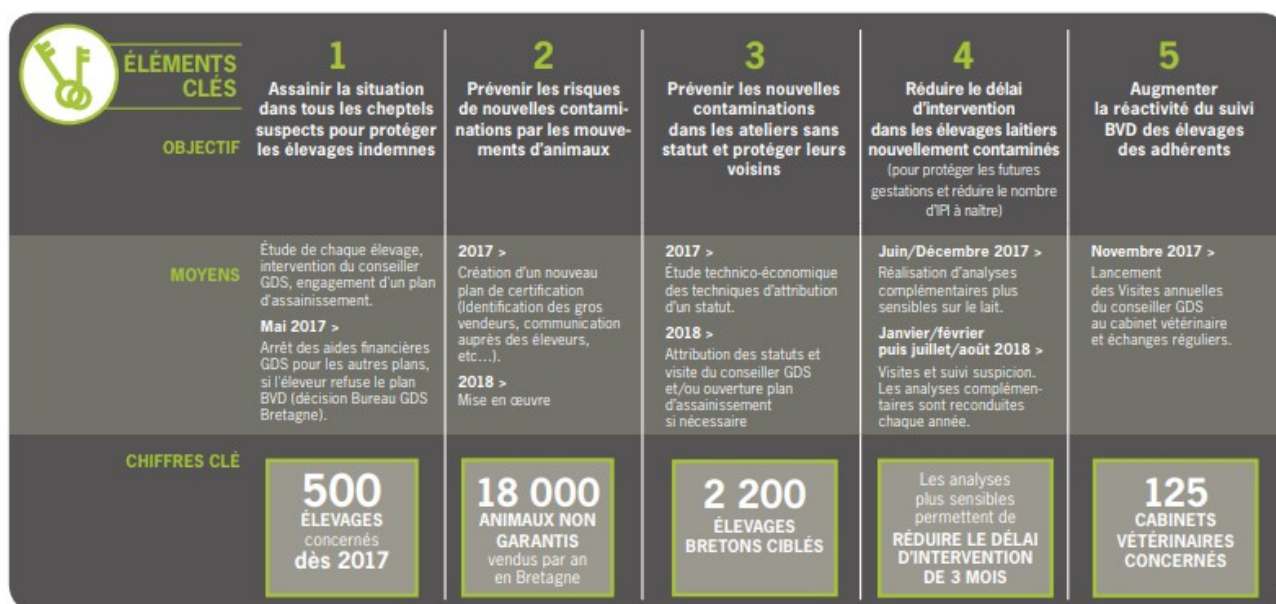


Figure 11 : Éléments clés de l'éradication de la BVD en Bretagne (72).

Prophylaxie en Bretagne (73).

Actuellement, la prophylaxie en Bretagne scinde les élevages bovins en deux : les ateliers livrant à la laiterie et les ateliers ne livrant pas à la laiterie.

Pour les ateliers livrant à la laiterie, les analyses sont effectuées sur le lait de tank prélevé par le laitier, tous les trimestres.

Pour les ateliers ne livrant pas à la laiterie, les analyses sont effectuées sur le sang prélevé par le vétérinaire sanitaire de l'éleveur. Le vétérinaire prélève alors tous les animaux entre 24 et 48 mois de l'atelier (à l'exception des bovins achetés ou vaccinés contre le BVDV). Si le nombre de prélèvements est inférieur à 10, un complément avec des bovins âgés de 6 à 24 mois et alors possible, mais non obligatoire. Les bovins âgés de plus de 24 mois sont également les bovins qui sont prélevés pour :

- La Brucellose (et la Leucose si la commune est en dépistage quinquennal) : si l'atelier compte plus de 10 bovins de plus de 24 mois, alors 20 % des bovins de plus de 24 mois sont à prélever avec un minimum de 10 prélèvements ; sinon tous les bovins de plus de 24 mois sont à prélever.

- L'IBR : Si le cheptel est indemne depuis plus de trois ans : si l'atelier compte plus de 40 bovins de plus de 24 mois, 40 bovins de plus de 24 mois sont à prélever ; sinon tous les bovins de plus de 24 mois sont à prélever.

Ainsi, le vétérinaire prélève les mêmes animaux pour diverses maladies ce qui simplifie le travail.

La Bretagne réalise uniquement des tests sérologiques comme analyse dans son plan de surveillance.

Efficacité du plan de lutte Breton

Depuis plus de 20 ans, le plan de maîtrise Breton a montré toute son efficacité. En effet, la proportion d'élevages disposant du statut A a plus que doublé pour atteindre 89 % en 2020 et la proportion d'élevages disposant du statut D a été divisé par plus de cinq pour atteindre 7,5 % en 2020 (cf Figure 12).

Avec la mise en place du plan d'éradication le nombre d'IPI détectés et abattus chaque année à drastiquement chuté, pour être divisé par plus de 5 entre 2018 et 2023 (cf Figure 13).

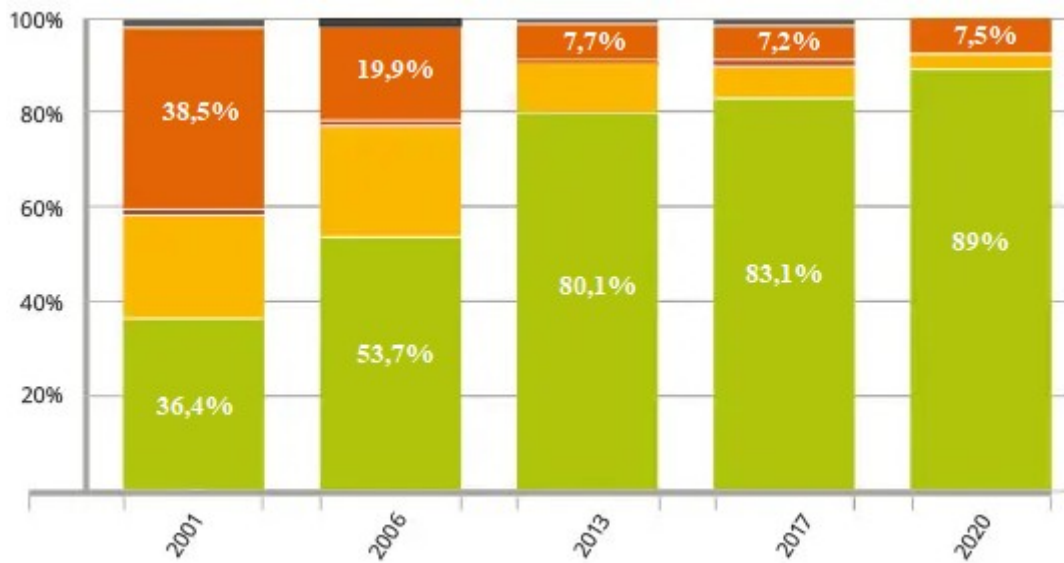


Figure 12 : Evolution des statuts BVD des élevages Bretons de 2001 à 2020 (67,68).

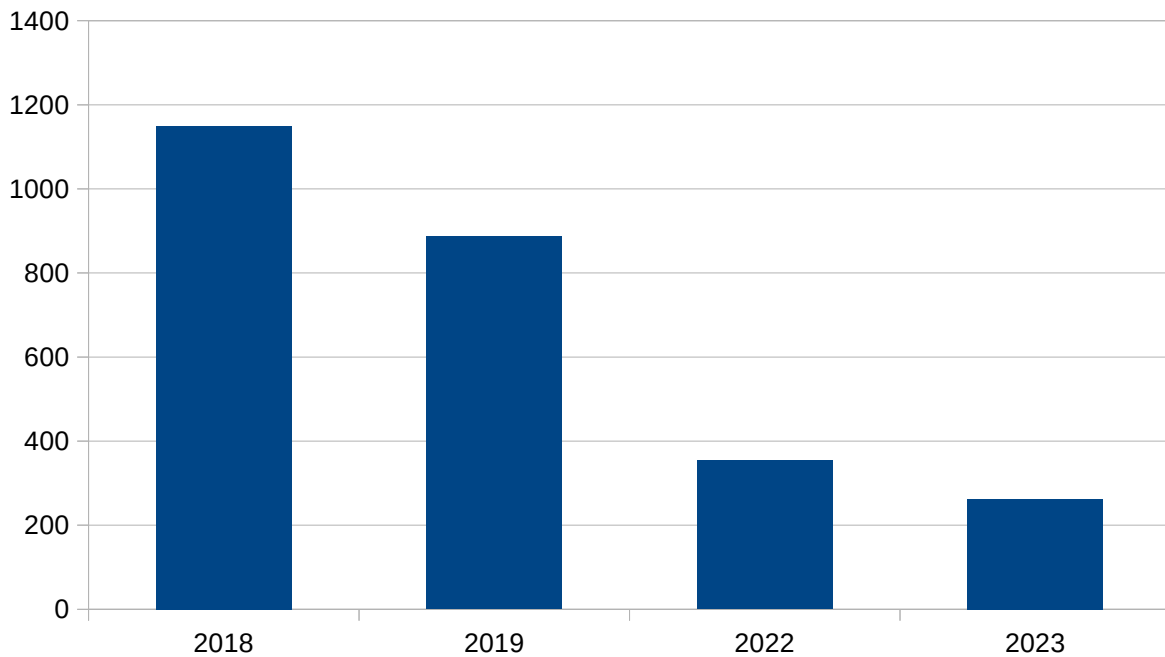


Figure 13 : Nombre de bovins IPI détectés et abattus par année en Bretagne depuis la mise en place du plan d'éradication (74-77).

Cependant, ces résultats ne sont pas uniformes à l'échelle de la Bretagne. En effet, là où le Morbihan et le Finistère présentent une proportion d'élevages de statut A avoisinant les 95 %, les Côtes - d'Armor ont une proportion d'élevages de statut A de 89,5 % et l'Ille-et-Vilaine de 80,5 % (67).

Les résultats moins bons observés en Ille-et-Vilaine par rapport aux autres départements bretons peuvent notamment s'expliquer par le nombre de bovins, bien plus important en Ille-et-Vilaine que dans les autres départements bretons (cf. Annexe 1). Cela peut également être dû à la densité des bovins selon les départements (cf. Figure 14), la source principale de contamination étant le contact direct entre bovins. La position géographique de l'Ille-et-Vilaine pourrait également être à l'origine des différences observées. En effet, l'Ille-et-Vilaine est située plus à l'intérieur des terres que les autres départements bretons, et est donc davantage en contact avec des régions moins avancées en termes d'éradication de la BVD. De ce point de vue, l'Ille-et-Vilaine présente une pression d'infection plus importante que les autres départements bretons.

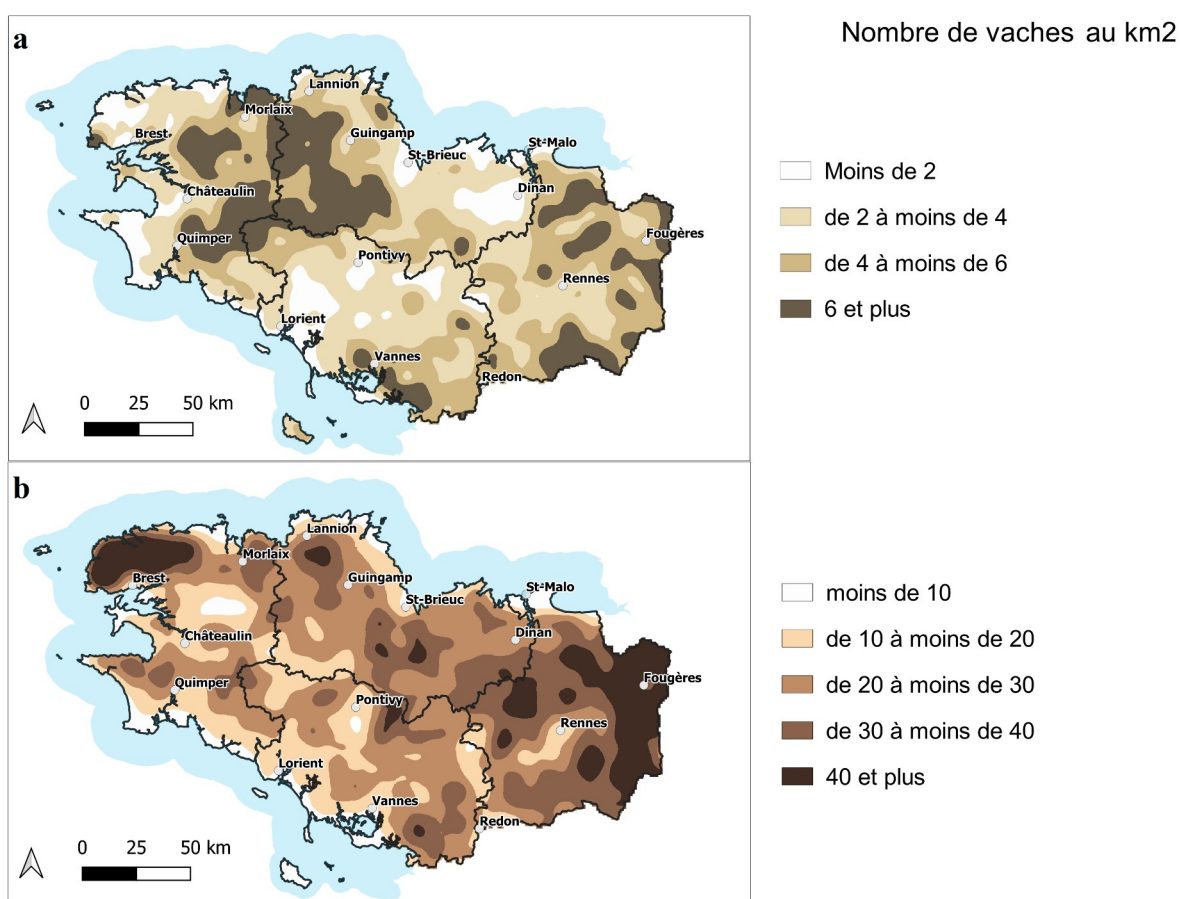


Figure 14 : Densité de vaches allaitantes (a) et laitières (b) en Bretagne en 2020 (78,79).

Partie 2 : Comparaison par modélisation de différents programmes de surveillance du virus de la diarrhée virale bovine en Bretagne, considérée comme une zone indemne pour l'étude

I Introduction

La Bretagne a lancé sa stratégie d'éradication du virus de la diarrhée virale bovine (BVDV) en 2001, ce qui en fait aujourd'hui la région de France la plus proche de l'obtention du statut indemne de BVDV. Une fois ce statut atteint, il sera essentiel de mettre en place un plan de surveillance rigoureux afin de détecter rapidement toute réintroduction du virus avant sa propagation. En effet, la perte du statut indemne entraînerait des conséquences économiques considérables, notamment en ce qui concerne les exportations bovines, ainsi que des coûts importants pour retrouver le statut indemne, incluant des programmes d'assainissement coûteux.

Mon étude s'inscrit dans ce contexte futur où la Bretagne serait indemne, mais les autres régions de France ne le seraient pas. Un plan de surveillance efficace sera donc indispensable en raison de la pression d'infection exercée aux frontières et du risque d'introduction par l'achat de bovins. Ce plan doit non seulement respecter les normes européennes, mais aussi assurer une détection précoce du virus tout en minimisant les coûts, qu'ils soient directs (prix des tests) ou indirects (liés aux faux positifs, qui peuvent entraîner des investigations inutiles).

Pour l'élaboration de ce plan, le premier point est le choix de la méthode de surveillance. Celle-ci doit offrir une sensibilité suffisante pour détecter efficacement le virus, une spécificité élevée pour éviter les faux positifs, tout en étant reconnue par l'arrêté du 31 juillet 2019. Ensuite, compte tenu de la démographie des élevages bovins en Bretagne et des nombreux échanges de bovins, une question clé est de déterminer quelles populations cibler dans ce plan de surveillance.

L'objectif de cette étude est donc de comparer différentes stratégies de surveillance en termes de précocité de détection, mais également en termes de coûts, qu'il s'agisse du coût direct des tests ou de coûts indirects (seuls les coûts des tests seront chiffrés dans cette étude, tandis que les coûts indirects seront évalués via des facteurs proportionnels comparables).

Pour cela, mes travaux s'appuient sur un modèle de simulation développé par l'équipe DYNAMO de l'unité mixte de recherche BIOEPAR d'INRAE et Oniris. Ce modèle simule la dynamique d'infection des troupeaux par le BVDV. Pour répondre à l'objectif, je réalise un modèle sur Python afin d'appliquer différents programmes de surveillance à une situation sanitaire connue de la Bretagne, situation générée par le modèle épidémiologique de l'équipe DYNAMO.

II Matériels et Méthodes

A Généralités sur la modélisation en épidémiologie

A-1 Objectifs de la modélisation en épidémiologie

La modélisation consiste à simuler un processus à l'aide de formules mathématiques. L'objectif d'un modèle est de représenter fidèlement les processus étudiés, en gardant à l'esprit que, comme le disait George EP Box : « *Tous les modèles sont faux, mais certains sont utiles.* » Ainsi, même s'il ne capture pas parfaitement toute la complexité de la réalité, un modèle reste pertinent s'il permet de mieux comprendre ou de prédire les dynamiques enregistrées. Il est donc essentiel de définir clairement les objectifs du modèle afin de le concevoir de manière adaptée et d'analyser correctement ses résultats.

Valleron identifie quatre objectifs principaux de la modélisation en épidémiologie (80):

1. **Décrire** : Par exemple, réaliser des études temporelles ou géographiques pour analyser un grand nombre de données.
2. **Comprendre** : Tester des hypothèses sur les mécanismes de transmission.
3. **Évaluer des paramètres cachés** : Calculer des valeurs comme le taux de transmission de base R_0 .
4. **Expérimenter** : Utiliser un modèle comme prototype pour simuler une expérimentation.

Il est important de trouver un équilibre entre la fidélité et la complexité du modèle. Un modèle trop complexe peut être difficile à construire et à interpréter, tandis qu'un modèle trop simplifié risque de produire des résultats moins transposables à la réalité. En épidémiologie, la modélisation repose généralement sur des données de terrain, qui dépendent souvent du temps (incidence, prévalence, mortalité, taux de transmission, etc.). Ces données constituent des outils essentiels pour évaluer et valider la fidélité du modèle par rapport à la réalité (81).

A-2 Les différents types de modèles en épidémiologie

Il existe plusieurs façons de présenter un modèle épidémiologique. L'une des caractéristiques majeures concerne la manière de modéliser les processus. Dans les **modèles déterministes**, l'évolution moyenne du processus est simulée, ce qui signifie que plusieurs simulations avec les mêmes paramètres donneront toujours les mêmes résultats. À l'inverse, un **modèle stochastique** simule non seulement l'évolution du processus, mais aussi sa variabilité, en utilisant des distributions de probabilités pour décrire les événements aléatoires qui impliquent les individus. Ainsi, dans un modèle stochastique, chaque simulation peut produire des résultats différents, et l'analyse nécessite de répéter plusieurs fois la même simulation afin d'étudier l'évolution moyenne et la variance des résultats.

Le choix entre ces deux types de modèles dépend de la taille de la population étudiée. En effet, il est généralement préférable d'utiliser un **modèle déterministe** lorsqu'on simule un grand nombre d'individus, car la loi des grands nombres réduit l'impact de la variabilité aléatoire. En revanche, pour des populations de petite taille, ou des événements rares, un **modèle stochastique** est plus adapté pour représenter fidèlement la variabilité du processus (81).

La stochasticité d'un modèle peut être (81):

- Une **stochasticité démographique**, où les individus sont exposés de manière aléatoire à un processus simulé ; dans ce cas, tous les individus ne subissent pas nécessairement le même événement. Par exemple, dans une épidémie, certains individus peuvent être exposés à l'infection tandis que d'autres ne le sont pas (en fonction de si l'élevage est infecté ou non, du groupe d'âge infecté au sein de l'élevage et s'il est en relation avec d'autres groupes d'âge au sein de la population).

- Une **stochasticité environnementale**, où le processus lui-même apparaît de manière aléatoire dans la simulation. Lorsqu'il est présent, il affecte l'ensemble de la population de manière uniforme.

Il est également possible de combiner ces deux types de stochasticité pour capturer à la fois l'aléa individuel et les variations environnementales. C'est le cas, par exemple, des prélèvements sanguins pour les tests diagnostiques qui ont lieu qu'une seule fois dans l'année, mais une fois présent, concerne de manière uniforme l'ensemble des individus d'un groupe d'âge ou d'une catégorie précise.

Une autre caractéristique importante d'un modèle est la façon dont il décrit la population. On distingue principalement les **modèles compartimentaux** et les **modèles individu-centrés**. Dans un **modèle compartimental**, les individus sont regroupés en différents compartiments selon leur état (par exemple : sensibles, infectés, résistants), et les calculs sont effectués sur les flux d'individus entre ces compartiments. Ce type de modèle nécessite moins de puissance de calcul, ce qui le rend particulièrement adapté aux grandes populations. En revanche, dans un **modèle individu-centré**, chaque individu est simulé sélectivement, permettant une représentation plus précise des dynamiques individuelles, mais nécessitant une puissance de calcul beaucoup plus importante (81).

B Modèle épidémiologique utilisé

B-1 Présentation du modèle DYNAMO

Le modèle épidémiologique utilisé dans cette étude a été développé par l'équipe DYNAMO de l'unité mixte de recherche BIOEPAR d'INRAE et Oniris. Il s'agit d'un modèle stochastique individu-centré à temps discret, conçu pour simuler la propagation du virus de la diarrhée virale bovine (BVDV) au sein des troupeaux, ainsi qu'entre eux. Le modèle intègre des troupeaux laitiers et allaitants, incluant ou non des activités d'engraissement.

Ce modèle individu-centré représente chaque animal selon ses principales caractéristiques, telles que l'âge, la race, le sexe et la parité, qui est répartie en six catégories :

- P0 pour les nullipares,
- P1 pour les primipares
- P2 à P4 pour les multipares ayant vêlé respectivement 2, 3 et 4 fois,
- P5 pour les animaux ayant vêlé cinq fois ou plus.

La stochasticité du modèle permet de simuler au mieux l'aléatoire inhérent aux phénomènes infectieux, reflétant la variabilité naturelle de la propagation du BVDV au sein et entre les troupeaux. Elle permet également de mieux représenter l'aléa lié à la vie de l'individu (probabilité de mourir, d'avorter, d'intégrer le troupeau reproducteur...)

Le temps est représenté de manière discret. Le pas de temps fixé à une semaine afin de prendre en compte au mieux la faible durée de l'infection transitoire, assurant ainsi une meilleure précision dans la simulation de la dynamique du virus.

L'état de santé de chaque individu vis-à-vis du BVDV est également modélisé. L'animal peut être dans l'un des états suivants :

- Sensible : Ne possède pas d'anticorps, donc susceptible à l'infection,
- Résistant : Immunisé à vie après une infection passée, ne peut plus être infecté,
- Sous anticorps maternels : Temporairement protégé par les anticorps maternels, mais deviendra sensible une fois ces anticorps disparus,
- Infecté : Soit en phase d'infection transitoire (IT), soit porteur permanent du virus (IPI).

L'objectif principal de ce modèle est de simuler la dynamique de transmission du BVDV en prenant en compte la variabilité des troupeaux et les interactions entre eux. Ce modèles repose sur deux dynamiques principales :

- La dynamique de santé (détaillée dans la partie B-3), permettant de représenter le plus fidèlement possible l'évolution du virus au sein de la population bovine.

- La dynamique du cycle de vie (détaillée dans la partie B-4), permettant de représenter le plus fidèlement possible l'évolution de chaque individu au cours de leur vie.

Les données sur les troupeaux utilisées dans ces simulations proviennent d'une analyse rétrospective des informations de la BDNI (détaillées dans la partie B-2).

B-2 Description des données

Les données relatives aux troupeaux sont issues de la BDNI pour la période de 2009 à 2013. Grâce à ces informations, pour chaque animal de chaque troupeau, on connaît ses caractéristiques telles que le sexe, la race, la date de naissance, la date d'entrée et de sortie de chaque exploitation, ainsi que la cause de ces mouvements (entrée par naissance ou achat, sortie par décès ou vente). La zone étudiée comprend au total 1 997 284 animaux répartis dans 19 042 élevages qui constitue la métapopulation.

Dans le cadre de ce modèle, le terme métapopulation fait référence à l'ensemble des populations animales réparties dans les différents élevages, qui sont interconnectées par les échanges d'animaux entre eux, ainsi que leur position géographique.

Les animaux destinés à la vente sont sélectionnés de manière aléatoire parmi les individus du troupeau possédant les caractéristiques requises (sexe, parité, cycle de vie, âge, date d'entrée dans le cycle de vie) en fonction des données d'échange de bétail. Ce processus est répété à chaque pas de temps.

B-3 Dynamique du cycle de l'état de santé

La transmission du BVDV est principalement influencée par :

- La structure de contact entre les jeunes animaux et les femelles reproductrice.
- La possibilité de transmission horizontale et verticale
- Le renouvellement rapide de la population (rendant difficile l'atteinte de l'immunité collective).

De cette façon, le modèle décrit 5 états de santé mutuellement exclusifs (cf Tableau 7). Le fonctionnement de la dynamique d'infection au sein du modèle est représenté dans la figure ci-dessous (cf Figure 15, cf Tableau 8 pour l'explication des différentes probabilités régissant les entrées et sorties de chaque état).

La dynamique de l'état de santé permet de déterminer l'état de santé d'un animal au pas de temps présent mais également les probabilité ou durée qui font varier ces états de santé, permettant ainsi de simuler une infection d'un individu par le BVDV et l'évolution de cette infection. Initialement, l'ensemble des individus de la métapopulation sont considérée comme sensible au BVDV (état S dans le modèle, cf Tableau 7). La présence du BVDV au sein du troupeau est donc caractérisé par la présence d'IPI (état P dans le modèle, cf Tableau 7) et d'IT (état T dans le modèle, cf Tableau 7). La trace d'une ancienne infection par le BVDV au sein d'un troupeau peut être mis en évidence grâce aux individus résistants (état R dans le modèle, cf Tableau 7).

Tableau 7 : Les 5 états de santé décrits par le modèle

Nom	Description
P	IPI
M	Sous anticorps maternel
S	Sensible
T	Infecté transitoire
R	Résistant

Figure 15 : Schéma de la dynamique de l'état de santé décrivant la transmission verticale et horizontale (au sein du troupeau ou par contact avec le voisinage) (82).

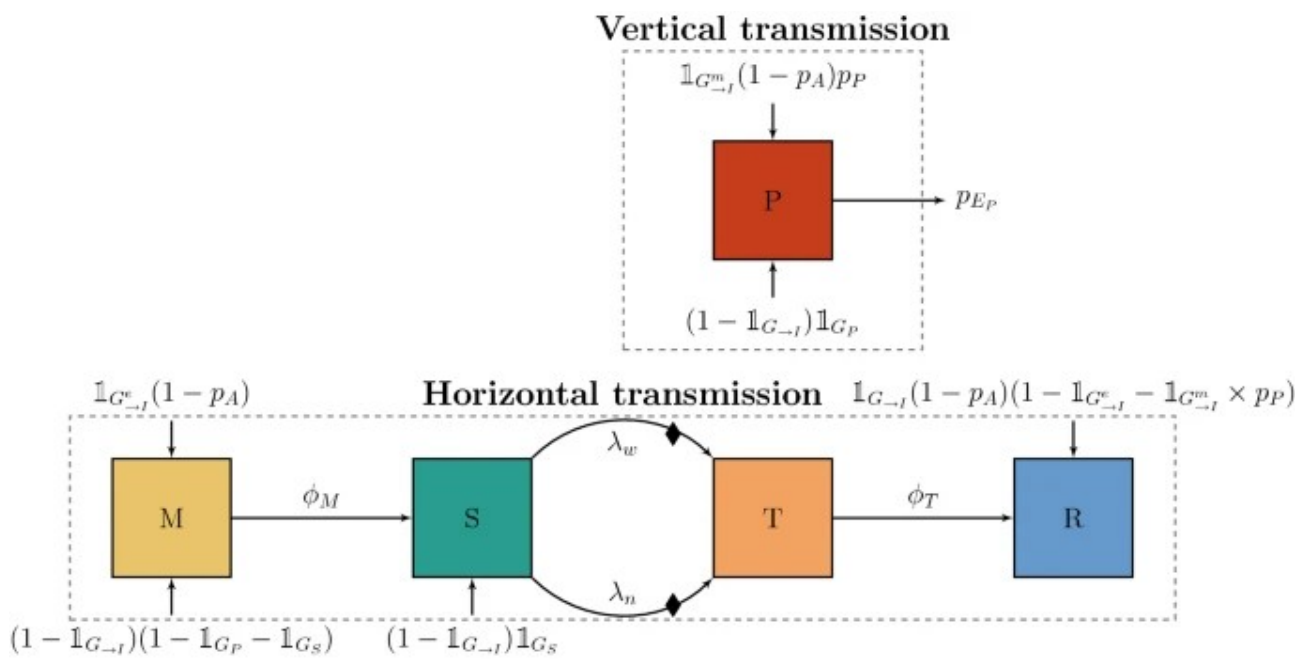


Tableau 8 : Critères de transition des individus entre les différents états de santé du modèle

Tableau 8a : Transmission verticale du BVDV

p_{EP}	Probabilité de mortalité liée à la maladie, en négligeant la mortalité à la naissance
$(1 - \mathbb{1}_{G_{-I}})\mathbb{1}_{G_P}$	Probabilité de naître d'une mère IPI
$\mathbb{1}_{G_{-I}^m}(1 - p_A)p_P$	Probabilité de naître d'une mère infectée par le BVDV dans le stade de gestation permettant la genèse d'IPI et qui n'avorte pas

Tableau 8b : Transmission horizontale du BVDV

$\mathbb{1}_{G_{-I}^e}(1 - p_A)$	Probabilité de naître d'une mère infectée par le BVDV en début de gestation
$(1 - \mathbb{1}_{G_{-I}})(1 - \mathbb{1}_{G_P} - \mathbb{1}_{G_S})$	Probabilité de naître d'une mère disposant d'anticorps anti-BVDV
ϕ_M	Durée de la protection conférée par l'immunité maternelle
$(1 - \mathbb{1}_{G_{-I}})\mathbb{1}_{G_S}$	Probabilité de naître d'une mère ne disposant pas d'anticorps anti-BVDV et qui n'a pas été infectée par le BVDV au cours de la gestation
λ_w	Transmission horizontale par contact au sein du troupeau
λ_n	Transmission horizontale à travers le voisinage géographique
ϕ_T	Durée de l'infection transitoire
$\mathbb{1}_{G_{-I}}(1 - p_A)(1 - \mathbb{1}_{G_{-I}^e} - \mathbb{1}_{G_{-I}^m} \times p_P)$	Probabilité de naître d'une mère infecté tardivement par le BVDV

B-4 Dynamique du cycle de vie

La dynamique du cycle de vie permet de suivre l'évolution de l'individu au sein du troupeau. Dans le modèle BVD, sept catégories sont considérées (cf. Tableau 9). Le schéma de la dynamique du cycle de vie est illustré dans la figure ci-dessous (cf. Figure 16, cf Tableau 10 pour l'explication des différentes probabilités régissant les entrées et sorties de chaque catégorie). Ces différentes catégories permettent de connaître les relations entre les individus et, par conséquent, les possibilités de contamination par le BVDV (il doit y avoir un contact entre les individus pour qu'il y ait contamination).

Une distinction est réalisée entre les animaux engraisés et les animaux reproducteurs (cf Figure 16). En effet, cette distinction, ainsi que l'âge et d'autres facteurs démographiques (gestation, non-gestation ou à abattre), ont un impact important sur la structure des contacts et, par conséquent, sur la transmission du BVDV.

Tableau 9 : Catégories utilisées dans la dynamique du cycle de vie

Nom	Description
Yfbirth	Jeune animal non destiné à la reproduction, c'est-à-dire de moins de 6 mois, qui ne vèlera jamais (veau mâle ou femelle non destiné à la reproduction)
OFbirth	Animal âgé engraisé dès la naissance, c'est-à-dire animal de plus de 6 mois qui ne vèlera jamais (vieux animal mâle ou femelle non destiné à la reproduction)
YJ	Femelle élevée pour la reproduction, âgée de moins de 6 mois
OJ	Femelle élevée pour la reproduction, entre 6 mois et le début de la première gestation
G	Femelle en gestation
NG	Femelle non gestante, c'est-à-dire dans la période entre le vêlage et le début de la prochaine gestation
Fadult	Femelle adulte engraisée, c'est-à-dire dans la période entre le dernier vêlage et la réforme

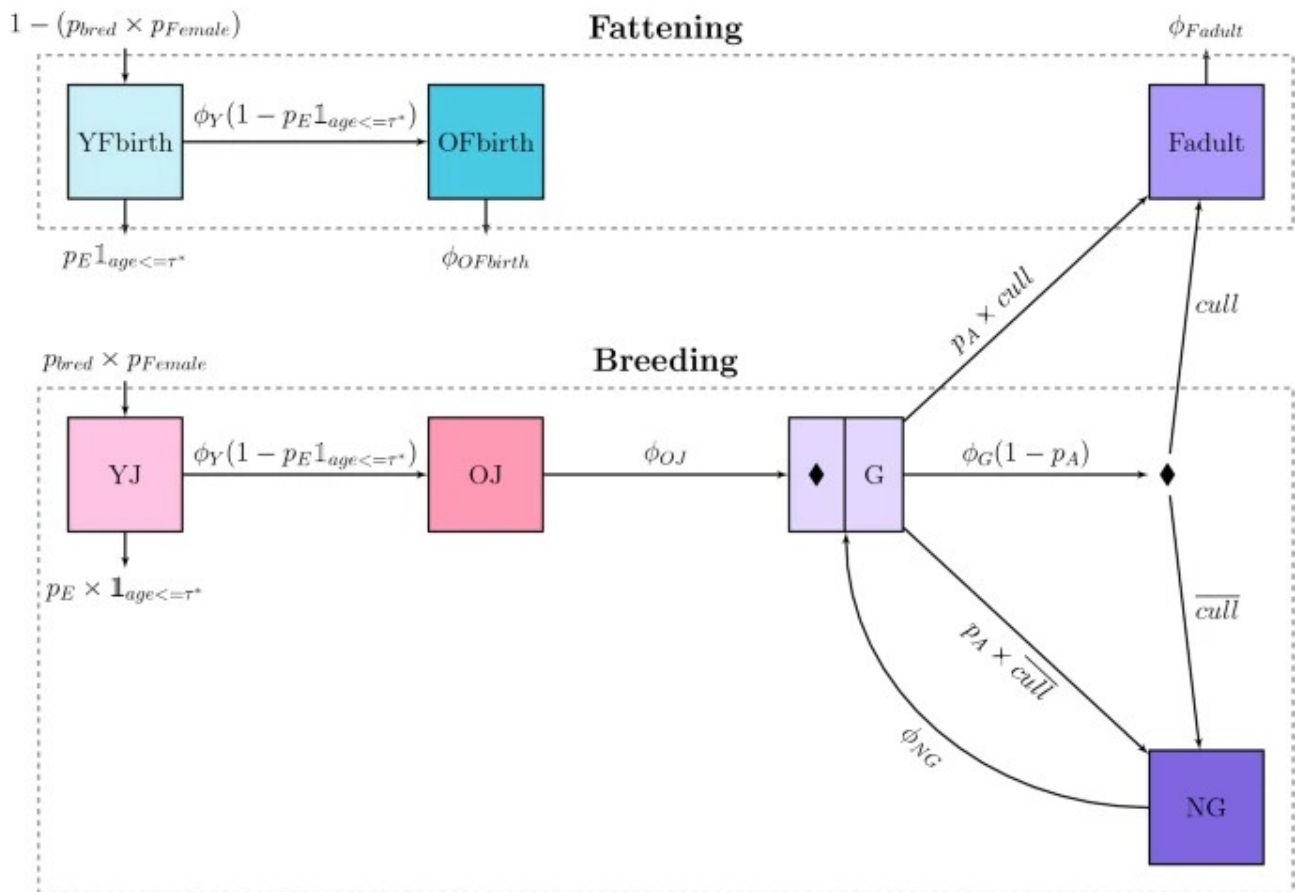


Figure 16 : Schéma de la dynamique du cycle de vie (82).

Tableau 10 : Critères de transition des individus entre les différentes catégories du cycle de vie

$p_{bred} \times p_{Female}$	Probabilité d'être née femelle et d'avoir été sélectionnée pour intégrer le troupeau reproducteur
$1 - (p_{bred} \times p_{Female})$	Probabilité de ne pas intégrer le troupeau reproducteur
$p_E \times \mathbf{1}_{age <= \tau^*}$	Probabilité de mourir avant l'âge de 6 mois
$\phi_Y(1 - p_E \mathbf{1}_{age <= \tau^*})$	Probabilité de survivre plus de 6 mois
$\phi_{OFbirth}$	Durée de 6 mois d'âge jusqu'au départ à l'abattoir
ϕ_{OJ}	Durée de 6 mois d'âge jusqu'au début de la gestation
$p_A \times cull$	Probabilité d'avorter et d'être réformée
$p_A \times \overline{cull}$	Probabilité d'avorter et de ne pas être réformée
$\phi_G(1 - p_A)$	Durée de la gestation si elle n'est pas interrompue
$cull$	Probabilité de réforme après le vêlage
\overline{cull}	Probabilité de rester dans le troupeau reproducteur après le vêlage
ϕ_{NG}	Durée de l'intervalle entre la fin de la gestation et la fécondation suivante
ϕ_{Fadult}	Durée de l'engraissement pour les individus envoyés à la réforme

B-5 Paramètres d'introduction

Dans le cadre de la simulation, l'ensemble de la zone d'étude est indemne de BVDV. Toute introduction de virus provient donc de l'extérieur de la zone. Ainsi, les paramètres à l'origine de l'introduction des virus le modèle épidémiologique sont :

- Les **achats** de bovins depuis des zones non indemnes
- Le **contact** à la frontière avec des élevages voisins en zone non indemne.

Dans le modèle épidémiologique de l'équipe DYNAMO, deux élevages sont considérés voisin si ils sont distants de 6 km ou moins. Les positions des élevages sur la carte, et donc la distance entre les élevages a été obtenue en géolocalisant les adresses administratif de l'ensemble des élevages de la métapopulation.

Ainsi, pour les paramètres d'introduction du virus dans le modèle deux possibilité existe :

- Introduction fixe :

On introduit manuellement un IPI dans un élevage. Cela permet de voir la propagation du virus dans la population depuis des élevages d'intérêt précis.

- Introduction aléatoire :

Grâce au modèle développé par l'équipe DYNAMO, il est également possible d'établir une pression d'infection en dehors de la zone d'étude. Ainsi, les élevages ayant des élevages voisins en zone non-indemne ont une probabilité non nul d'être infecté par le BVDV lors de la saison de pâturage.

Le choix de la méthode d'introduction du BVDV dans la métapopulation permet de générer une **trajectoire épidémiologique**. Une **trajectoire épidémiologique** est ici l'évolution temporelle de la situation sanitaire des élevages constituant la métapopulation sur un an, à compté du 1^{er} janvier 2010.

B-6 Informations recueillies

Pour chacune des trajectoires épidémiologiques généré par le modèle BVD de l'équipe DYNAMO, les informations suivantes sont collectées pour chaque pas de temps :

Informations global sur l'élevage :

Le nombre d'animaux, et plus particulièrement le nombre de vaches laitières et le nombre de vaches allaitantes, ainsi que des informations sur la démographie du troupeau (entrées : naissance, achat ; sorties : décès, vente, réforme).

Informations sur les veaux de l'élevage :

Le nombre de naissances et le nombre de naissances IPI. On dispose donc du statut virologique de tous les veaux.

Informations sur les vaches laitières de l'élevage :

Le statut sérologique de toutes les vaches gestantes et non gestantes (après la première gestation), ainsi que le statut de toutes les vaches durant leur première gestation (qui ne sont donc pas encore productrices). Cela permet de déduire le statut sérologique des vaches productrices et donc la présence ou non d'anticorps dans le lait de tank.

Informations sur les vaches allaitantes de l'élevage :

Le statut sérologique de toutes les vaches entre 24 mois et 48 mois, qui sont les vaches ciblées par la prophylaxie dans mon modèle.

C'est, sur ces informations collectées que sera appliqué mon modèle simulant différents programmes de surveillance.

C Choix des scénarios épidémiologiques

C-1 Aucune introduction

Le premier scénario épidémiologique testé correspond au cas où la Bretagne reste indemne. Ce choix de scénario permet de :

- Déterminer le coût annuel des tests dans le cas où la Bretagne conserve son statut indemne, ce qui est l'objectif recherché lorsque la région est effectivement indemne.

- Évaluer le nombre de faux positifs, en fonction de la stratégie de détection et du choix des élevages à tester.

En effet, si les élevages sont indemnes, chaque faux positif entraîne des coûts d'investigation inutiles pour confirmer ou infirmer la contamination de l'élevage et pour détecter les animaux IPI.

C-2 Pression d'infection aux frontières

Le deuxième scénario épidémiologique étudié concerne l'introduction du BVDV dans la zone d'étude par des contacts directs aux pâturages avec des élevages voisins situés en zone non indemne (introduction aléatoire).

Dans ce scénario, les achats d'animaux infectés provenant de l'extérieur de la zone indemne ont été considérés comme impossibles, pour plusieurs raisons :

- Lorsqu'un élevage achète un individu provenant d'un autre élevage, une quarantaine est censée être réalisée. Si cette quarantaine est correctement mise en œuvre, un animal en infection transitoire (IT) ne peut pas contaminer l'élevage.

- Lorsqu'un élevage breton achète un bovin sans la garantie « non-IPI », une analyse virologique doit impérativement être effectuée. Par conséquent, l'achat d'un individu IPI est considéré comme impossible dans cette étude.

- Si l'animal acheté est gestant, un test sérologique doit être réalisé, et une analyse virologique sur le veau est fortement recommandée par le GDS Bretagne.

Ainsi, la seule probabilité d'introduire le BVDV dans un élevage serait l'achat d'une « vache de Troie », dont le test sérologique serait faussement négatif et dont le veau n'aurait pas été soumis à un test virologique. Bien que rare, cette situation n'est pas impossible et fera l'objet d'une étude dans un second temps.

Au sein de la zone d'étude, l'achat d'individus infectés reste possible, comme expliqué dans la partie B-2.

Ce scénario modélise donc le principal risque d'introduction du BVDV en Bretagne (83). Pour cela, il est nécessaire de paramétrer cette pression d'infection dans le modèle de l'équipe DYNAMO (cf. Figure 17) en choisissant la valeur de K_{ext} .

Différentes valeurs de K_{ext} ont été testées, et le nombre d'élevages infectés sur l'année, dans chaque **trajectoire épidémiologique**, a été comparé à l'incidence annuelle actuelle du BVDV en Bretagne (84,85) (cf. Figure 18).

La valeur $K_{ext} = 10^{-7}$ s'est révélée la plus proche des observations actuelles, tout en étant légèrement inférieure, ce qui est attendu dans une Bretagne indemne. C'est donc cette valeur de K_{ext} qui a été retenue pour l'étude.

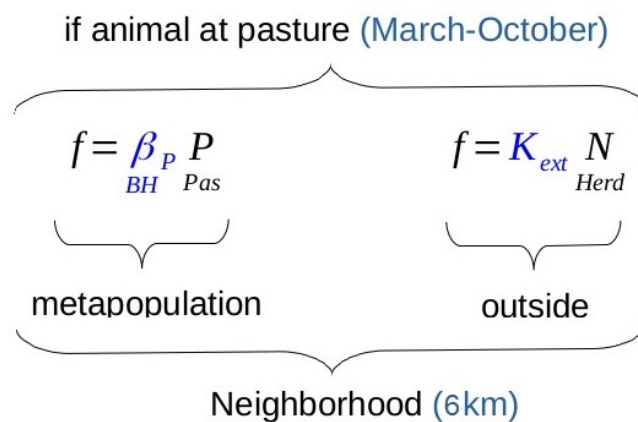


Figure 17 : Pression d'infection lorsque les animaux sont aux pâturages

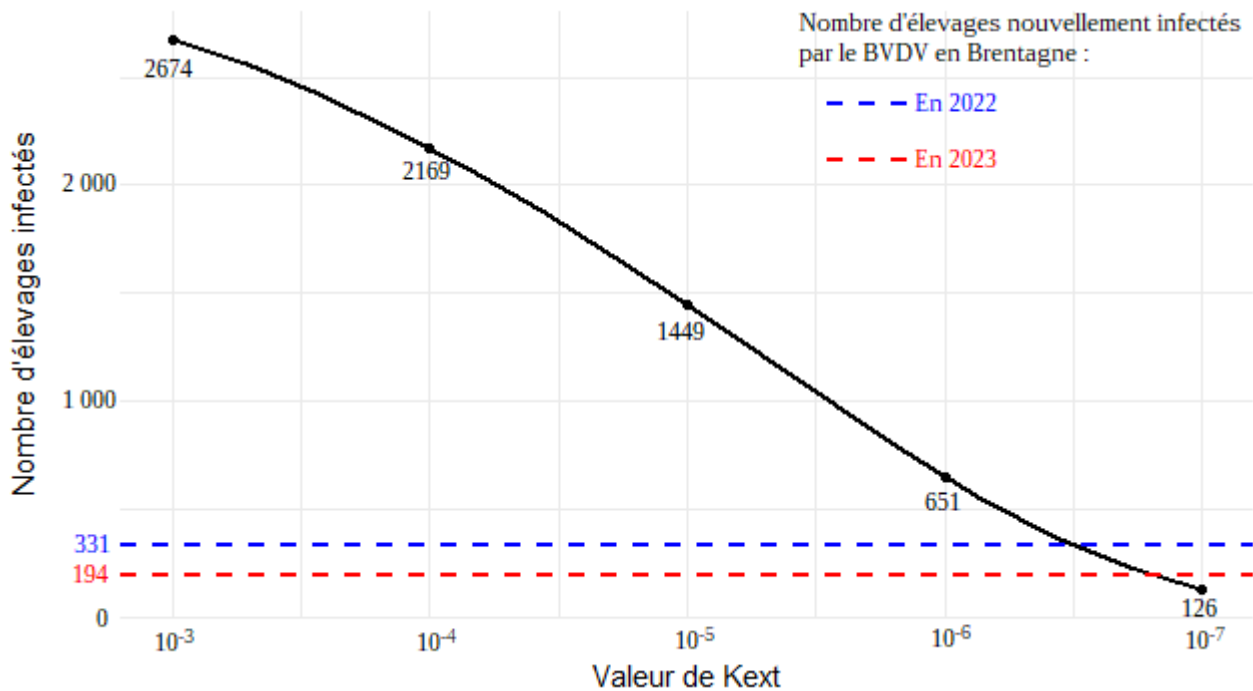


Figure 18 : Impact de la valeur du K_{ext} sur le nombre d'élevages nouvellement infectés par le BVDV en Bretagne, comparé à l'incidence annuelle de la Bretagne (en 2022 (84) et 2023 (85))

C-3 Pression d'infection aux frontières et achat de vache de Troie depuis une zone non indemne

Le troisième scénario épidémiologique étudié est l'introduction du BVDV dans la zone d'étude par des contacts directs aux pâturages avec des élevages voisins situés en zone non indemne (introduction aléatoire avec le même K_{ext} que précédemment), en combinaison avec l'achat de vaches de Troie. Pour les raisons évoquées dans la partie C-2, l'achat d'IT et d'IPI est considéré comme impossible ou non contaminant pour l'élevage.

Comme expliqué précédemment, l'introduction du BVDV par l'achat dans un élevage sain est un phénomène rare, en raison des contrôles en place (garantie « non-IPI », prise de sang à l'achat, etc.) (cf. Équation 1), mais cela n'est pas impossible et mérite donc d'être étudié. Cependant, le modèle développé par l'équipe DYNAMO ne prévoit pas d'introduction aléatoire suite à l'achat de bovins provenant de l'extérieur de la métapopulation.

Ainsi, pour simuler ce phénomène, il est nécessaire d'examiner le nombre de vaches de Troie achetées par an en Bretagne. Pour cela, j'ai développé un programme en Python qui prend en entrée l'ensemble des achats de bovins réalisés par les troupeaux bretons en 2009. Un premier filtre permet de n'examiner que les achats réalisés depuis des élevages situés en dehors de la zone indemne. Un deuxième filtre est appliqué pour ne considérer que les animaux gestants,

puisque l'introduction du BVDV est supposée être possible uniquement via l'achat d'une vache de Troie.

Ainsi, 157 individus sur l'année 2009 peuvent être des vaches de Troie. Étant donné la faible probabilité d'introduire une vache de Troie (cf. Équation 1), une seule vache parmi ces 157 est considérée comme une vache de Troie pour les scénarios étudiés. En effet, avec seulement 157 achats à risque sur l'année, la probabilité d'introduire deux vaches de Troie ou plus est infime (cf. Équation 2).

Pour ce type d'introduction, quatre scénarios épidémiologiques différents sont étudiés, avec l'introduction de vaches de Troie dans quatre élevages distincts. Ces élevages sont choisis aléatoirement parmi ceux ayant acheté une vache gestante dans chaque département (afin d'assurer qu'un élevage par département soit inclus). Ces achats doivent avoir été réalisés depuis la zone non indemne, et ce, depuis avril 2009, afin que la naissance du veau se produise l'année suivante. Si la naissance du veau n'a pas lieu l'année suivante, l'élevage est retiré et un autre élevage est choisi aléatoirement. En effet, ce n'est pas l'achat de la vache qui constitue l'événement infectieux pour l'élevage, mais la naissance du veau l'année suivante.

Pour déterminer la date de naissance du veau, l'état d'avancement de la gestation de la vache est sélectionné aléatoirement, en tenant compte des critères suivants :

- L'animal ne peut pas être une vache de Troie si elle est à moins de 30 jours de gestation, car la formation d'IPI débute à 30 jours de gestation (cf. Figure 1).

- L'animal ne peut pas être transporté pendant son dernier mois de gestation (les 30 derniers jours) conformément à la réglementation européenne (CE n°1/2005) (86).

Ainsi, l'état d'avancement de la gestation de l'animal est compris entre 30 jours et 250 jours. Une durée de gestation moyenne de 280 jours est utilisée pour l'étude.

Une fois toutes ces informations récupérées, la fonctionnalité d'introduction manuelle du modèle développé par l'équipe DYNAMO est utilisée, en entrant l'identifiant de l'élevage, le nombre d'individus infectieux (ici, un seul, car la naissance de jumeaux IPI n'a pas été pris en compte dans l'étude) et la date d'introduction (ici, la date de naissance du veau).

Les quatre scénarios étudiés sont donc les suivants, avec un $K_{\text{ext}} = 10^{-7}$:

- Naissance d'un veau IPI dans l'élevage laitier FR22337170, semaine 1 pour le premier scénario.
- Naissance d'un veau IPI dans l'élevage laitier FR29105123, semaine 5 pour le deuxième scénario.
- Naissance d'un veau IPI dans l'élevage allaitant FR35039006, semaine 15 pour le troisième scénario.
- Naissance d'un veau IPI dans l'élevage allaitant FR56147077, semaine 23 pour le quatrième scénario.

Dans l'étude de L. Van Duijn et al. (87), les chiffres suivants sont disponibles :

- Nombre de bovins testés sérologiquement : 46 727
- Nombre de bovins séropositifs : 9 588
- Nombre de bovins gestants séropositifs : 4 527
- Nombre de veaux nés viables de ces bovins gestants séropositifs : 4 341
- Nombre de veaux nés IPI : 40

Objectif : Déterminé la probabilité d'acheter une vache de Troie lorsque l'on achète une vache gestante

Dans l'étude, le nombre de veaux nés IPI dans la population est connu (40), mais pas le nombre de vache gestante.

Cependant, le statut sérologique et la gestation ne sont pas des événements interdépendants. Ainsi, on peut donc faire l'hypothèse que, si sur 9 588 bovins séropositifs achetés, 4 527 sont gestants (soit 47,2%), alors sur les 46 727 bovins de l'étude, 47,2 % sont gestants (soit 22 055 vaches).

Ainsi, parmi les vaches gestantes, le nombre de vache de Troie est de :
 $40/20055 = 0,0018$ soit environ 0,2 %

Or, en Bretagne, lors de l'achat d'une vache gestante, un test sérologique est obligatoire. Ce test, présente une sensibilité de 96,7 % (cf Tableau 3). C'est à dire qu'une vache de Troie à 3,3 % de chance d'être détecté faussement négatif.

Ainsi, la probabilité d'acheté une vache de Troie en Bretagne est de :

$$0,0018 * 0,033 = 0,0000594 \text{ soit environ } 0,006 \%$$

Équation 1 : Probabilité d'acheter une vache de Troie lorsque l'on achète une vache gestante dans un élevage breton

Objectif : Déterminé la probabilité d'introduire une (ou plusieurs) vache(s) de Troie en Bretagne par achat

- Nombre de bovins gestants acheté par les élevages bretons depuis l'extérieur de la Bretagne : 157
- Probabilité d'acheté une vache de Troie : 0,006 %

Ainsi, la variable aléatoire noté A (correspondant au fait d'acheter une vache de Troie) suit une loi binomiale :

$$A \sim B(157, 0.00006)$$

Ainsi :

La probabilité d'acheter aucune vache de Troie sur l'année 2009 est de 99,06 %

La probabilité d'acheter une vache de Troie sur l'année 2009 est de 0,093 %

La probabilité d'acheter deux vache de Troie ou plus sur l'année 2009 est de 0,01 %

Équation 2 : Probabilité de voir l'introduction d'une vache de Troie en Bretagne sur l'année 2009.

D Programmes de surveillance étudiées : choix et modélisation

Pour élaborer un plan de surveillance, il est d'abord nécessaire de définir clairement l'objectif que l'on souhaite atteindre. Dans notre cas, étant donné que la zone d'étude est indemne, l'objectif principal du plan est de détecter rapidement toute apparition de la maladie en Bretagne. Cependant, le programme de surveillance a également pour objectif de prouver l'absence d'infection. Dans ce contexte, plusieurs hypothèses fréquemment posées sont les suivantes (38) :

- La méthode de diagnostic utilisée permet de différencier parfaitement les individus infectés des individus sains.
- Tous les individus de la population ont la même probabilité d'être infectés.
- Tous les individus de la population ont la même probabilité d'être testés.

Bien que ces hypothèses simplifient l'analyse des résultats, elles ne sont pas toujours réalistes. En s'en éloignant, l'analyse devient plus complexe, mais cela ouvre des opportunités intéressantes, comme la mise en place de stratégies de surveillance ciblant les animaux les plus à risque (38).

D-1 Choix et modélisation des tests diagnostics

Le premier élément à définir dans l'établissement d'une stratégie de surveillance est le choix des tests à effectuer. Ces tests doivent présenter une grande sensibilité, afin de limiter au maximum le nombre de faux négatifs, qui risqueraient de favoriser la propagation du BVDV dans la population en retardant sa détection. Les tests doivent également avoir une grande spécificité afin de limiter au maximum le nombre de faux positifs, qui entraîneraient des mesures d'investigation inutiles et coûteuses.

Dans notre étude, trois tests seront pris en compte :

- La virologie sur les nouveau-nés réalisée par biopsie cutanée prélevée grâce au bouclage auriculaire.
- La sérologie sur le lait de tank pour les élevages livrant à la laiterie.
- La sérologie sur un mélange de dix sérums, prélevés par prise de sang à la ferme.

Avec ces trois tests, deux stratégies seront modélisées (cf. Tableau 11) et comparées en termes de précocité de détection, coût annuel des tests et nombre d'élevages faussement détectés comme positifs.

Tableau 11 : Modélisation des deux stratégies de détection

	Stratégie_veau	Stratégie_vache (Stratégie actuellement utilisé en Bretagne)	
		Atelier livrant à la laiterie	Atelier ne livrant pas à la laiterie
Atelier	Tous	Atelier livrant à la laiterie	Atelier ne livrant pas à la laiterie
Test effectué	Virologie sur les nouveaux-nés	Sérologie lait de tank	Sérologie sur mélange de sérum
Sensibilité	1	0,969*	0,963*
Spécificité	1	0,973*	0,978*
Coût (88)	5€/animaux	6€/troupeau	7€/pool

* Les valeurs de sensibilité et spécificité sont ceux trouvé pour les tests individuels car aucun chiffre pour les mélanges n'a été trouvé.

Dans le modèle, le lait de tank est considéré positif si au moins 10 % des productrices sont positif ; le mélange de sérum est considéré positif si au moins 1 individu est positif.

D-2 Choix et modélisation des fréquences des tests diagnostics

La fréquence à laquelle les tests sont effectués a un impact direct sur la performance du système de surveillance. En effet, plus la fréquence des tests est faible, plus le temps entre l'introduction du virus sur le territoire et sa détection est long. À l'inverse, plus la fréquence est élevée, plus le coût de la surveillance est élevé, car un plus grand nombre de tests sont réalisés au cours de l'année.

Dans notre étude, les fréquences des tests ont été définies comme suit :

- Pour la Stratégie_veau : Les tests sont réalisés durant la même semaine que la naissance de l'individu (puisque le pas de temps du modèle est hebdomadaire).

- Pour la Stratégie_vache : La sérologie sur le lait de tank est réalisée trimestriellement, et la sérologie sur un mélange de sérums est effectuée une fois par an durant la prophylaxie (du 1er octobre au 30 avril (73)). Ce protocole correspond à la pratique actuellement en vigueur en Bretagne.

D-3 Choix et modélisation de la population à cibler au sein de l'élevage

Lorsque le virus est introduit dans un élevage, il se propage au sein de celui-ci. Pourtant, tous les individus de l'exploitation ne présentent pas la même probabilité d'être infectés par le virus. En effet, la principale voie de transmission du BVDV est le contact entre individus. Or, tous les individus d'une même exploitation ne sont pas nécessairement en contact (par exemple, dans les exploitations laitières, les veaux sont séparés des mères et n'ont donc pas de contact direct avec elles). Ainsi, la probabilité d'infection d'un individu dépend de ses interactions sociales possibles au sein du troupeau.

Il est donc intéressant de choisir un groupe pertinent d'individus à tester. Ne pas tester tous les individus du troupeau permet de réaliser moins de tests et, ainsi, de rendre le programme de surveillance moins coûteux. Toutefois, un choix mal ciblé des individus à tester pourrait réduire la sensibilité du test (par exemple, en ne testant que des individus négatifs dans un élevage positif).

Dans mon modèle, les sous-groupes ont été choisis de la manière suivante :

- Pour la Stratégie veau :

La population ciblée dans cette stratégie est constituée des veaux âgés de moins d'une semaine.

- Pour la Stratégie vache :

- Pour les ateliers livrant à la laiterie, la population ciblée est l'ensemble des individus producteurs.

- Pour les ateliers ne livrant pas à la laiterie, la population ciblée est l'ensemble des individus âgés de 24 à 48 mois (qui n'ont ni été achetés, ni été vaccinés).

Les choix de population de la Stratégie_vache correspondent à ceux actuellement mis en œuvre par le GDS Bretagne (73).

D-4 Choix et modélisation des élevages à cibler au sein de la métapopulation

En plus de la stratégie de détection à mettre en place, l'objectif de l'étude est de déterminer quels seraient les élevages à cibler. Pour cela, en se basant sur les pratiques observées dans les pays européens indemnes, trois grands types d'élevages se distinguent.

Tester tous les élevages de la zone d'étude

Le premier choix d'élevages, qui est actuellement utilisé en Bretagne, mais aussi dans des pays comme le Danemark ou l'Autriche, consiste à tester tous les troupeaux de la population. Ce choix présente l'avantage de permettre de connaître le statut de tous les troupeaux chaque année. En théorie, il semble également plus sensible, car en testant tous les élevages, on ne prend pas le risque de ne pas détecter un élevage positif. Cependant, l'inconvénient majeur réside dans son coût : plus on teste d'élevages, plus le nombre de tests augmente et, par conséquent, le coût global augmente également.

Tester une proportion aléatoire d'élevages de la zone d'étude

Le deuxième choix possible est de sélectionner aléatoirement une proportion définie d'élevages. Ce choix est notamment celui appliqué en Norvège et en Finlande.

Pour ce type de sélection, une première contrainte à respecter est le règlement européen, qui stipule que pour qu'une zone soit considérée indemne de BVDV, le plan de surveillance utilisé doit permettre, au minimum, la détection des troupeaux infectés avec un niveau de confiance de 95 %, à un taux de prévalence cible de 0,2 % des troupeaux. Cela signifie que si la prévalence du BVDV atteint 0,2 %, le plan de surveillance doit détecter au moins un élevage infecté, avec un niveau de confiance de 95 %.

Il convient donc de calculer le nombre minimal d'élevages à tester pour respecter cette contrainte. Ce nombre minimal est de 1 560 (cf. Équation 3), ce qui représente 8,2 % des élevages de la métapopulation. Ainsi, le plan de surveillance respecte les exigences européennes si plus de 8,2 % des élevages de la zone d'étude sont testés. Dans le modèle, entre 10 % et 90 % (par paliers de 10 %) des élevages sont sélectionnés aléatoirement pour être testés. Cette stratégie est moins coûteuse que la première, car moins d'élevages sont testés, mais elle semble en théorie moins précoce.

Probabilité qu'aucun élevage ne soit infecté dans la zone d'étude avec une prévalence de 0,2%

$$P_{\text{aucun infecté}} = (1-p)^n$$

Avec:

p = prévalence cible = 0,002

n = taille de l'échantillon

Ainsi, en passant à la complémentarité, on obtient :

Probabilité d'avoir au moins un élevage soit infecté dans la zone d'étude avec une prévalence de 0,2%

$$P_{\text{au moins un élevage infecté}} = 1 - P_{\text{aucun infecté}} = 1 - (1-p)^n$$

Ainsi, si l'on souhaite déterminer le nombre minimal d'élevages à tester pour que le virus soit détecté à une prévalence de 0,2 % avec un niveau de confiance d'au moins 95 %, on obtient :

$$P_{\text{au moins un élevage infecté}} \geq 0,95 \Leftrightarrow n = \frac{\ln(0,05)}{\ln(1-p)}$$

$$n = 1497 \text{ élevages}$$

Cette valeur de n est valable pour un test présentant une sensibilité et une spécificité parfaite. Or, la sérologie lait de tank présente une sensibilité de 96,9% et la sérologie mélange de sérum de 96,7%

Il faut donc ajuster l'échantillon de la manière suivante :

$$n' = \frac{n}{\text{sensibilité}}$$

$$n' = 1560 \text{ élevages}$$

Avec:

n' = taille de l'échantillon ajusté

sensibilité = 0,97

Équation 3 : Calcul du nombre minimal d'élevage à tester pour respecter le règlement européen en Bretagne

Tester les élevages les plus à risque d'être contaminé au sein de la zone d'étude

Le dernier choix est de sélectionner les élevages à risque, comme cela est actuellement pratiqué en Suède. En effet, tout comme au sein d'un élevage, où tous les groupes d'individus ne présentent pas la même probabilité d'être infectés, au sein d'un territoire, l'ensemble des élevages ne présente pas la même probabilité d'être contaminé.

Pour estimer les probabilités de contamination d'un élevage, il est nécessaire de s'intéresser aux paramètres à l'origine de l'introduction du BVDV dans l'élevage.

Dans sa définition des élevages à risque, la Suède se concentre principalement sur les achats et les ventes. Ces deux facteurs sont en effet des voies importantes d'introduction du virus au sein d'un élevage sain, mais ce ne sont pas les seules. Une autre voie importante d'introduction du BVDV est le contact direct avec des animaux d'un troupeau contaminé, notamment lors de la saison de pâturage.

Ces deux voies constituent les principales sources d'introduction du BVDV dans les élevages (83). C'est sur ces deux points que reposera notre définition des risques.

Risque par achat :

La première cause d'introduction du BVDV sur laquelle je vais travailler pour établir une liste d'élevages à risque est l'achat, comme cela est fait en Suède.

Avec cette définition, deux listes d'élevages à risque seront établies :

- La première, nommée HRA, est la liste des 20 % des élevages de la métapopulation considérés comme étant les plus à risque.

- La deuxième, nommée RA, est la liste de l'ensemble des élevages de la métapopulation ayant effectué des achats en 2009, soit 8682 élevages, représentant environ 45 % de la métapopulation.

En théorie, plus un élevage effectue des achats auprès de différents élevages, plus il court le risque d'introduire le BVDV dans son troupeau.

Ainsi, une première définition de « Risque_achat » pourrait être la suivante :

Risque_achat = Nombre d'élevages fournisseurs
--

Cette première définition soulève néanmoins une question importante : tous les élevages fournisseurs présentent-ils le même risque de contamination pour l'élevage d'intérêt ? En effet, dans notre étude, la Bretagne est considérée indemne, mais ce n'est pas le cas pour le reste de la France. Or, les élevages bretons n'achètent pas exclusivement des animaux d'élevages bretons, mais également des animaux provenant d'élevages extérieurs à la Bretagne, qui sont en zone non indemne dans l'étude.

Il semble donc pertinent de se demander s'il serait utile d'introduire un coefficient ω pour augmenter l'impact des élevages fournisseurs situés hors de la zone indemne dans la définition du risque, de la manière suivante :

$$\text{Risque_achat} = \text{Nombre d'élevages fournisseurs en zone indemne} + \omega * \text{Nombre d'élevages fournisseurs en zone non indemne}$$

Mais dans ce cas, quelle valeur utiliser pour ω ? Et y a-t-il une grande différence entre les valeurs de ω ?

Pour répondre à ces questions, j'ai écrit un programme en Python prenant en entrée l'ensemble des achats et des ventes réalisés par les élevages bretons de 2009 à 2013, obtenus lors des travaux antérieurs de l'équipe DYNAMO grâce à la BDNI.

Dans mon programme, un premier filtre est appliqué pour ne conserver que les achats réalisés par les éleveurs bretons en 2009. Ensuite, le programme différencie les élevages fournisseurs situés en zone indemne de ceux situés en zone non indemne, afin de pouvoir appliquer la définition de « Risque_achat » que je souhaite tester.

J'ai ensuite fait varier le coefficient ω de 1 (ce qui signifie ne pas augmenter l'impact des élevages fournisseurs situés hors zone indemne) à 100, puis j'ai étudié l'évolution du nombre d'élevages dans HRA (cf. Figure 19).

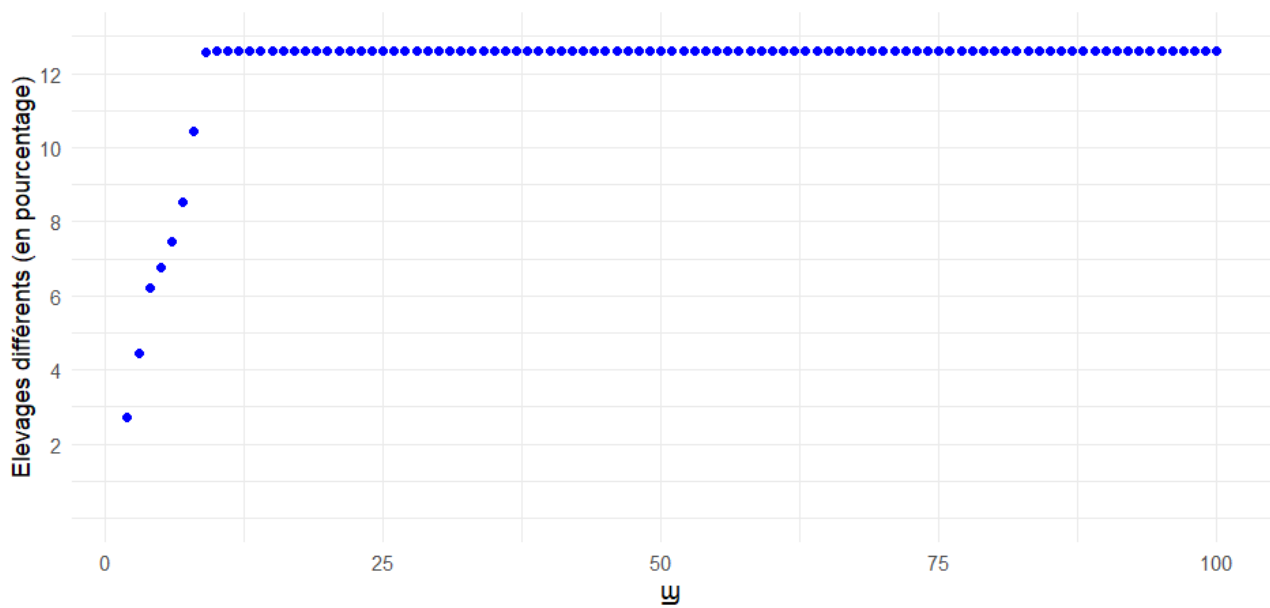


Figure 19 : Pourcentage d'élevages différent entre ω et $\omega = 1$ dans les listes HRA

Pour HRA, la différence d'élevages si l'on prend $\omega = 1$ et $\omega = 10$ est de 12,6 % (soit 481 élevages sur 3810) (cf. Figure 19). Entre $\omega = 10$ et $\omega = 100$, il n'y a plus aucune différence.

La question qui se pose est de savoir quel est l'impact de ces 12,6 % de différence (soit une différence de 2,5 % dans la métapopulation) ? Quelles différences observables apparaissent lorsque l'on fait varier ω de 1 à 10 ?

Pour y répondre, les 10 listes HRA seront utilisées sur les différentes trajectoires épidémiologiques afin de déterminer si des différences significatives en termes de précocité et de coûts sont observées (cf. Figures 20 et 21). Ensuite, la répartition des élevages de HRA sera également étudiée pour visualiser le maillage territorial (cf. Tableau 12).

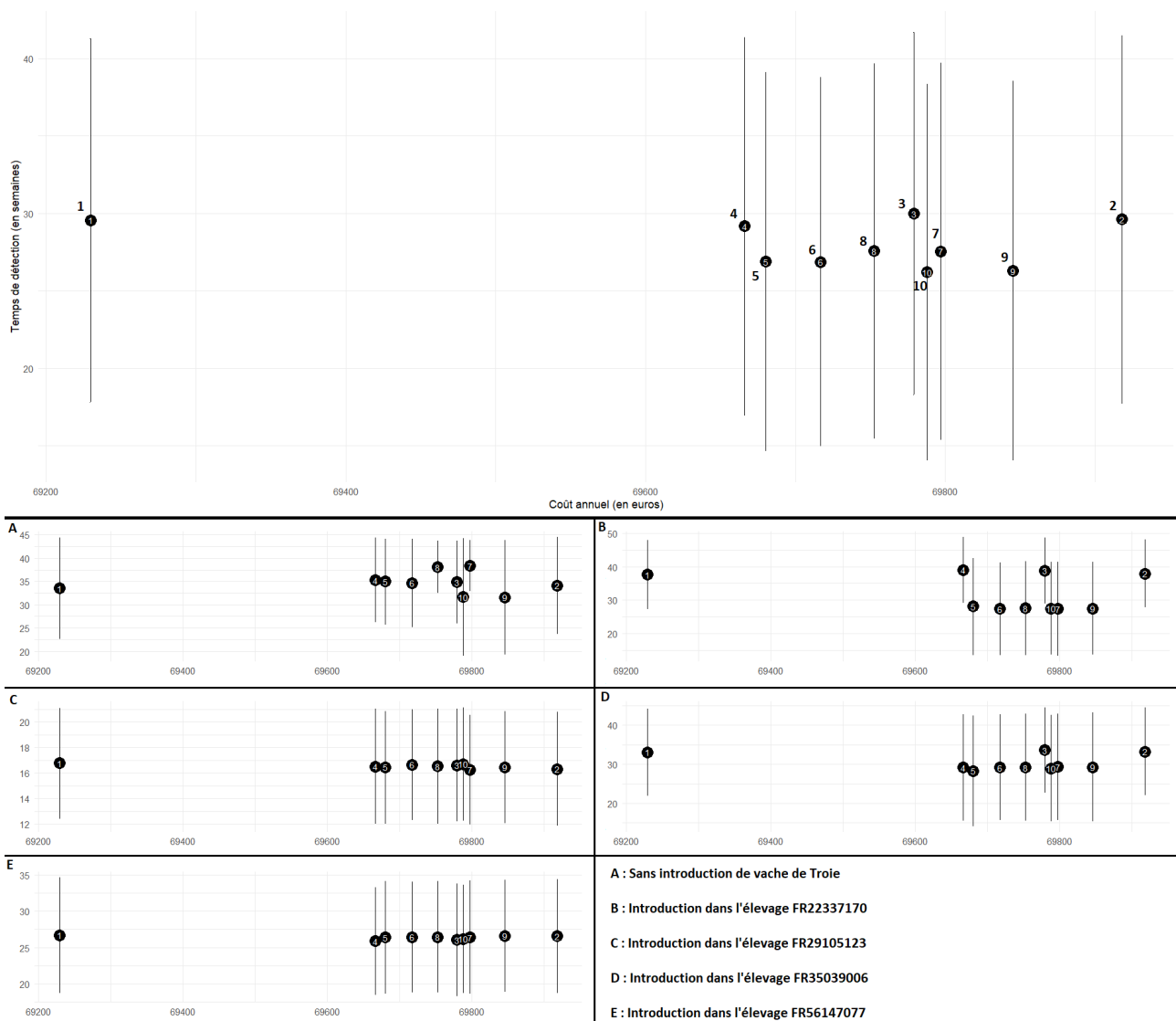


Figure 20 : Graphique illustrant les variations de précocité et de coût annuel pour une trajectoire épidémiologique choisie aléatoirement pour l'ensemble des scénarios épidémiologiques pour la Stratégie vache pour les 10 définitions d'HRA testés.

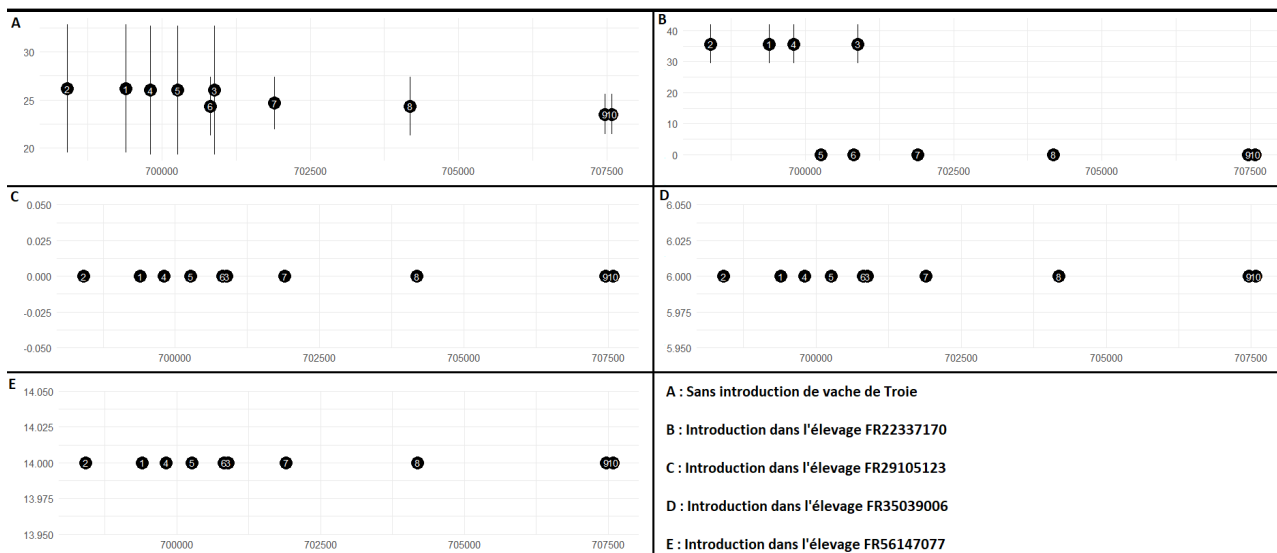
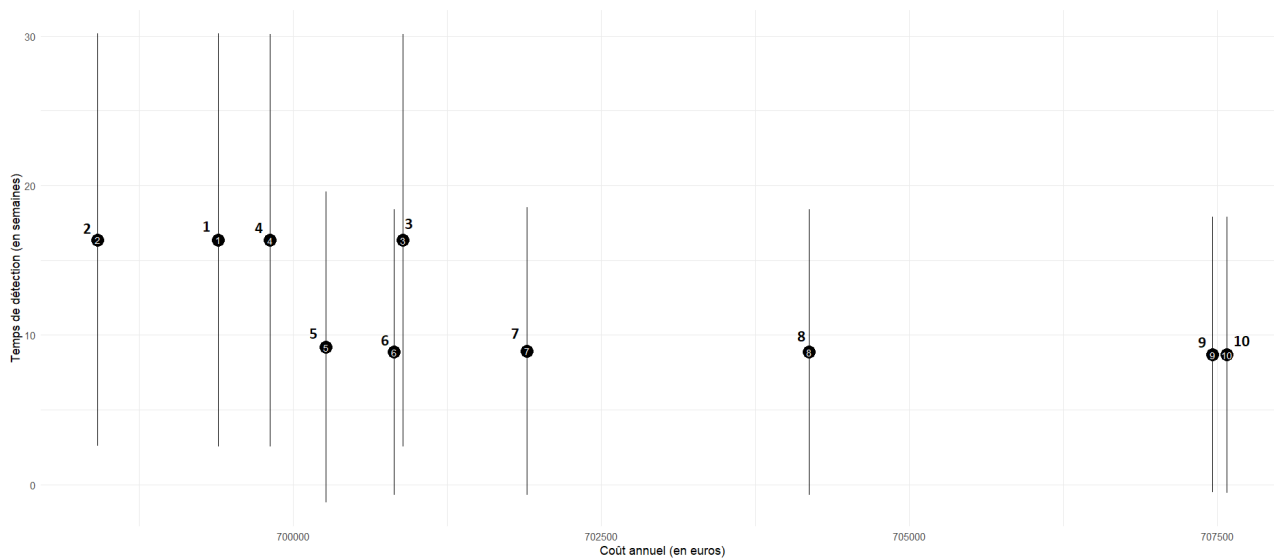


Figure 21 : Graphique illustrant les variations de précocité et de coût annuel pour une trajectoire épidémiologique choisie aléatoirement pour l'ensemble des scénarios épidémiologiques pour la Stratégie veau pour les 10 définitions d'HRA testés.

Tableau 12 : Nombre d'élevages par département présents dans les élevages HRA selon la valeur de ω

	$\omega=1$	$\omega=2$	$\omega=3$	$\omega=4$	$\omega=5$	$\omega=6$	$\omega=7$	$\omega=8$	$\omega=9$	$\omega=10$
Côte d'Armor	919 (24,1%)	902 (23,7%)	875 (23,0%)	866 (22,7%)	863 (22,6%)	865 (22,7%)	860 (22,6%)	854 (22,4%)	850 (22,3%)	851 (22,3%)
Finistère	728 (19,1%)	715 (18,8%)	709 (18,6%)	704 (18,5%)	705 (18,5%)	700 (18,4%)	687 (18,0%)	662 (17,4%)	664 (17,4%)	665 (17,5%)
Ille-et-Vilaine	1405 (36,9%)	1440 (37,8%)	1472 (38,6%)	1492 (39,2%)	1493 (39,2%)	1499 (39,3%)	1512 (39,7%)	1560 (40,9%)	1545 (40,6%)	1543 (40,5%)
Morbihan	758 (19,9%)	753 (19,7%)	754 (19,8%)	748 (19,6%)	749 (19,7%)	746 (19,6%)	751 (19,7%)	734 (19,3%)	751 (19,7%)	751 (19,7%)
Bretagne	3810 (100%)	3810 (100%)	3810 (100%)	3810 (100%)	3810 (100%)	3810 (100%)	3810 (100%)	3810 (100%)	3810 (100%)	3810 (100%)

Si l'on s'intéresse au coût annuel, les différentes sélections d'élevages HRA présentent trop peu de différences pour que cela constitue un critère de choix (entre 69 000 et 70 000 euros pour la Stratégie_vache, et entre 698 000 et 708 000 euros pour la Stratégie_veau). Le paramètre du coût ne permet donc pas de dégager une valeur optimale de ω .

Ensuite, si l'on s'intéresse à la précocité de détection, pour la Stratégie_vache, celle-ci oscille entre 25 et 30 semaines en général, avec une variabilité importante (cf. Figure 20). Pour la Stratégie_veau, l'ensemble des scénarios épidémiologiques est équivalent, à l'exception du scénario avec l'introduction d'une vache de Troie dans l'élevage FR22337170.

Le paramètre de la précocité de détection ne permet également pas de trancher pour une valeur particulière de ω .

Enfin, si l'on s'intéresse à la répartition départementale des élevages à risque (cf. Tableau 12), on observe que l'Ille-et-Vilaine est le département le plus représenté, et sa prédominance croît avec l'augmentation de ω jusqu'à 8, puis diminue légèrement pour $\omega = 9$ et $\omega = 10$.

Ainsi, aucun de ces paramètres ne permet de dégager une significativité suffisante pour trancher.

Mon choix s'est donc porté sur $\omega = 1$.

Tout d'abord, bien que ce choix ne soit pas significatif, ce coefficient présente l'avantage d'avoir la meilleure répartition départementale des élevages à risque, ainsi qu'un coût très intéressant (le coût le plus bas en moyenne pour la Stratégie_vache, et le deuxième plus bas pour la Stratégie_veau), bien qu'il tende à être plus tardif que d'autres choix de coefficient en termes de précocité (notamment par rapport aux coefficients plus élevés, surtout pour la Stratégie_veau). Le deuxième argument est que c'est le coefficient qui permet d'obtenir le plus d'informations intra-Bretagne. En effet, plus on augmente le coefficient, plus on obtient d'informations concernant la Bretagne-extérieur, et par conséquent, moins on a d'informations intra-Bretagne. Si l'on détecte le BVDV et que l'on prouve que l'introduction est due à un achat, on peut remonter au vendeur et savoir qu'il est également positif. Si ce vendeur est breton, cela permet d'optimiser le plan de surveillance en Bretagne.

Risque par le voisinage :

La seconde cause d'introduction du BVDV sur laquelle je vais m'appuyer pour définir les élevages à risque est le contact entre voisins.

Pour cette définition, deux listes d'élevages à risque seront établies :

- La première, appelée RV, regroupe les 50 % des élevages de la métapopulation considérés comme étant les plus à risque.

- La deuxième, appelée HRV, regroupe les 20 % des élevages les plus à risque.

En théorie, plus un élevage est situé près d'autres élevages, plus il court le risque d'introduire le BVDV dans son troupeau à cause de contacts directs.

Ainsi, une première définition de « Risque_voisin » pourrait être :

$$\text{Risque_voisin} = \text{Nombre d'élevages voisins}$$

Cependant, tout comme pour « Risque_achat », cette définition soulève une question importante : tous les élevages voisins présentent-ils le même risque de contamination pour l'élevage d'intérêt ?

Il est donc pertinent de s'interroger sur l'utilité d'introduire un coefficient α , afin d'apporter plus de poids aux élevages voisins situés en dehors de la zone indemne. La définition de « Risque_voisin » pourrait alors se formuler comme suit :

$$\text{Risque_voisin} = \text{Nombre élevages voisins zone indemne} + \alpha * \text{Nombre élevages voisins zone non indemne}$$

La question qui se pose est : ce coefficient α a-t-il un impact significatif, et si oui, quelle valeur choisir ?

Pour répondre à cette question, j'ai développé un programme Python qui prend en entrée un ensemble de paires d'élevages situés à moins de 10 km les uns des autres. Ce fichier a été obtenu grâce à un travail antérieur de l'équipe DYNAMO, qui a récupéré les coordonnées GPS de l'adresse administrative de chaque élevage de la métapopulation.

Dans le programme, un premier filtre est appliqué afin de ne conserver que les élevages situés à moins de 6 km, distance choisie pour correspondre à la définition de "voisinage" utilisée dans le modèle de l'équipe DYNAMO.

Un second filtre permet ensuite de distinguer les élevages en zone indemne de ceux situés en zone non indemne, afin d'appliquer la formule de « Risque_voisin » que je souhaite tester.

Enfin, j'ai fait varier le coefficient ψ de 1 (ce qui ne modifie pas l'impact des élevages voisins en dehors de la zone indemne) à 100, puis étudié les variations du nombre d'élevages dans les catégories HRV et RV (cf. Figure 22).

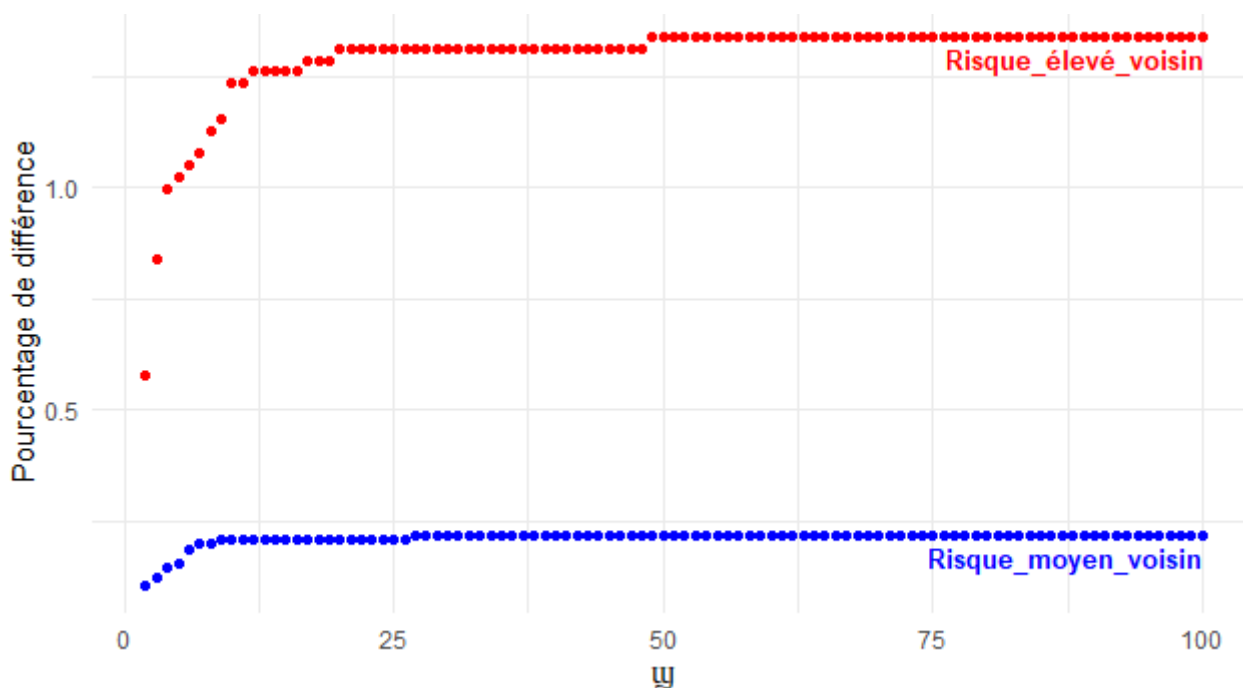


Figure 22 : Pourcentage d'élevages différent entre ψ et $\psi = 1$ dans les listes "Risque élevé voisin" et "Risque moyen voisin".

Pour HRV, la variation d'élevages entre $\psi = 1$ et $\psi = 100$ est de 1,3 % (soit 51 élevages sur 3810) (cf. Figure 22).

Pour RV, cette variation est de 0,2 % (soit 21 élevages sur 9521) (cf. Figure 22).

Au vu des résultats obtenus précédemment pour HRA, il est raisonnable de penser que des différences de 1,3 % et 0,2 % au sein des listes n'apportent pas de différence significative. Ainsi, pour cette étude, la définition de « Risque_voisin » sera retenue avec $\psi = 1$, pour les mêmes raisons que celles avancées pour « Risque_achat ».

Risque combiné :

Deux sources d'introduction du BVDV dans un élevage sain ont été utilisées pour dresser quatre listes d'élevages à risque (HRA, RA, HRV, RV). Toutefois, il est possible de combiner ces listes pour tenir compte à la fois du risque d'introduction par achat et du risque d'introduction par voisinage. Ces combinaisons de listes sont nommées : HRA+HRV, RA+RV, HRA+RV et RA+RV.

Tableau 13 : Caractérisation des listes d'élevages à risque

	Côte d'Armor	Finistère	Ille-et-Vilaine	Morbihan	Bretagne
HRA	919 (18 %)	728 (18 %)	1405 (24 %)	758 (19 %)	3810 (20 %)
RA	2299 (45 %)	1757 (43 %)	2777 (48 %)	1848 (46 %)	8681 (45 %)
HRV	594 (12 %)	386 (9 %)	2676 (46 %)	154 (4 %)	3810 (20%)
RV	2506 (49 %)	1389 (34 %)	4533 (78 %)	1093 (27 %)	9521 (50 %)
HRA+HRV	1474 (29 %)	1050 (26 %)	3307 (57 %)	868 (22 %)	6629 (35 %)
RA+RV	2956 (58 %)	1860 (45 %)	4521 (78 %)	1613 (40 %)	10950 (58 %)
HRA+RV	2624 (52%)	1995 (49 %)	4098 (70 %)	1913 (48 %)	10630 (56 %)
RA+HRV	3651 (72 %)	2549 (62 %)	4923 (84 %)	2415 (60 %)	13538 (71 %)
Tous les élevages de la métapopulation	5080 (100 %)	4102 (100 %)	5833 (100 %)	4027 (100 %)	19042 (100 %)

Lorsque l'on observe ce tableau, on observe que :

- Les départements du Finistère et du Morbihan présente souvent une proportion d'élevages à risque inférieur à la proportion d'élevage à risque moyenne de la Bretagne.

- Le département des Côte d'Armor présente souvent une proportion d'élevages à risque similaire à la proportion d'élevage à risque moyenne de la Bretagne.

- Le département d'Ille-et-Vilaine présente toujours une proportion d'élevages à risque supérieur à la proportion d'élevage à risque moyenne de la Bretagne.

Ces observations, peuvent être mis en parallèle avec les valeurs données à la Partie II-D , ou la proportion d'élevage indemne dans les Côtes d'Armor est similaire a la proportion d'élevage indemne de la Bretagne, celle du Finistère et du Morbihan est supérieur et celle d'Ille-et-Vilaine est inférieur.

Les élevages bretons où naissent les veaux IPI (décrits dans la partie II-C-3) appartiennent à différentes catégories d'élevages à risque :

- FR22337170 : fait partie des élevages RA, RV, RA+HRV, HRA+RV et RA+RV.
- FR29105123 et FR35039006 : font partie des élevages HRA, RA, HRA+HRV, HRA+RV, RA+HRV et RA+RV.
- FR56147077 : fait partie de toutes les catégories d'élevages à risque.

E Déroulement des simulations

E-1 Choix du nombre de trajectoires épidémiologiques par scénario d'introduction

Le modèle développé par l'équipe DYNAMO étant un modèle stochastique, les trajectoires épidémiologiques ne seront pas identiques, même pour des conditions d'introduction du BVDV identiques sur le territoire. Afin de limiter les biais dus à la stochasticité du modèle, je vais appliquer mes stratégies de surveillance à plusieurs trajectoires épidémiologiques.

L'idée initiale était d'utiliser 10 trajectoires épidémiologiques par scénarios d'introduction du BVDV, et d'appliquer 100 fois les programmes de surveillance stochastique à chaque trajectoire épidémiologique.

Mais au cours d'observation sur le premier scénario (sans achat), il ne semblait pas y avoir de différence notable entre 5 ou 10 trajectoires. Il s'est alors posé la question de la possibilité de réduire le nombre de trajectoire épidémiologique.

En effet, même si le nombre de trajectoires doit être suffisamment élevé pour réduire le biais lié à la stochasticité des résultats, plus il sera faible, plus le programme pourra s'exécuter rapidement.

Pour déterminer le nombre de trajectoires à utiliser, j'ai étudié la moyenne et l'écart type de la précocité de détection (en semaines) en fonction du nombre de trajectoires épidémiologiques utilisées (cf. Figure 23 pour les résultats obtenue lorsque l'on test 10 % et 100 % des élevages de la métapopulation avec la Stratégie_vache et Annexe 2 et 3 pour les résultats totaux pour la Stratégie_vache et la Stratégie_veau).

Mon modèle présentant lui même de programmes de surveillance stochastique, ceux ci seront répété 100 fois afin de limiter l'impact de la stochasticité. Ce nombre de répétition sera remis en question dans la partie suivante.

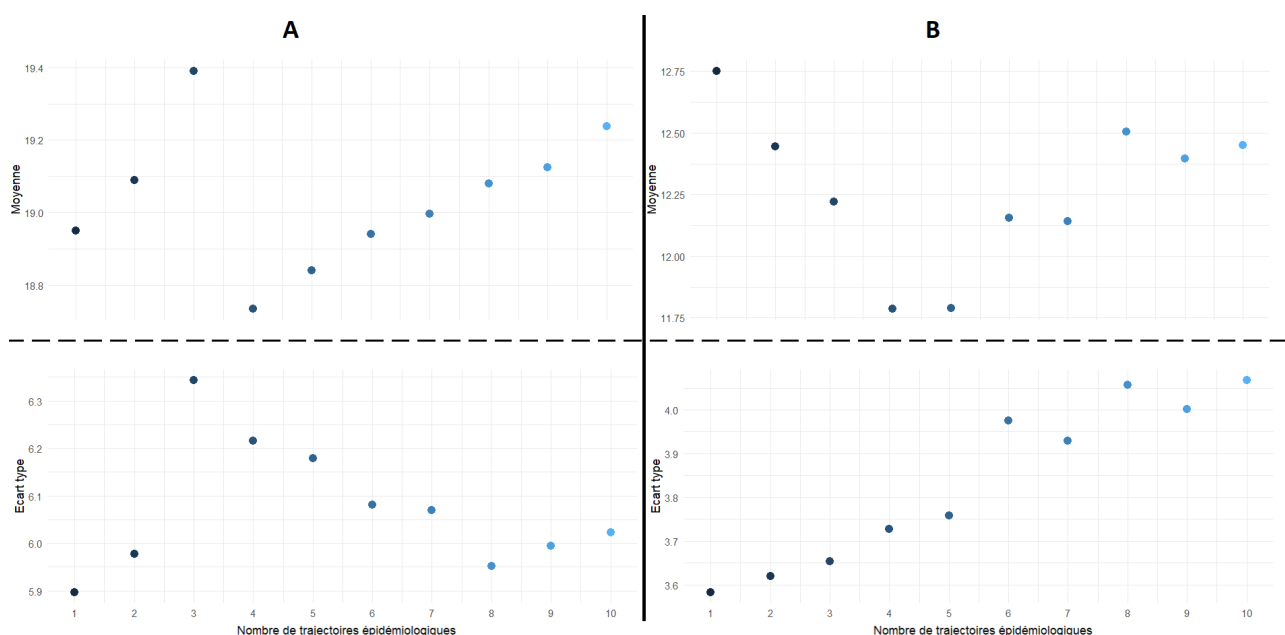


Figure 23 : Evolution de la moyenne et de l'écart type du temps de détection selon le nombre de trajectoires épidémiologiques dans le scénario avec introduction d'un veau IPI dans l'élevages FR29105123

Pour un choix de 10 % aléatoire des élevages de la métapopulation à tester, quel que soit le nombre de trajectoires épidémiologiques utilisé, on observe que la moyenne est comprise entre 18,7 et 19,4 semaines, sans indication de convergence. L'écart-type est quant à lui compris entre 5,9 et 6,4 semaines et ne semble pas non plus converger.

Lorsque l'on choisit de tester l'ensemble des élevages de la métapopulation, la moyenne se situe entre 11,75 et 12,75 semaines, sans non plus montrer de convergence. L'écart-type varie entre 3,5 et 4,1 semaines et semble augmenter avec le nombre de trajectoires épidémiologiques. Une légère convergence peut être observée dans ce cas, car entre l'utilisation d'une seule trajectoire épidémiologique et six, l'écart-type varie de 3,5 à 4 semaines, soit une différence de 0,5 semaine. En revanche, entre l'utilisation de six trajectoires épidémiologiques et dix, l'écart-type est compris entre 3,9 et 4,1 semaines, soit une variation de seulement 0,2 semaine.

Les écarts observés en termes de moyennes et d'écart-type sont faibles. En tenant compte de l'observation légère des écarts-types sur le graphique lorsque l'on choisit de tester l'ensemble des élevages, il apparaît que le nombre optimal de trajectoires épidémiologiques à utiliser par critère d'introduction serait de 6. Ce choix est également motivé par le désir d'optimiser la durée d'obtention des résultats via le programme et le traitement de ces résultats.

E-2 Choix du nombre de répétitions des programmes de surveillance appliqués aux scénarios d'introduction

Mon modèle étant également stochastique (à l'exception de la Stratégie_veau, lorsque le choix des élevages n'est pas aléatoire), il est nécessaire de réaliser plusieurs simulations pour chaque stratégie de surveillance, afin de limiter le biais dû à la stochasticité du modèle. De plus, ces simulations doivent être effectuées sur une même trajectoire épidémiologique pour réduire le biais lié à la stochasticité de cette trajectoire.

Pour déterminer combien de simulations effectuer sur chaque trajectoire épidémiologique, j'utilise la première trajectoire épidémiologique, qui modélise l'introduction du BVDV avec une pression d'infection aux frontières et l'introduction d'une vache de Troie dans l'élevage FR29105123. Je compare ensuite la moyenne et l'écart-type de la précocité de détection (en semaines) pour différentes valeurs de répétition (allant de 10 à 1000) sur la Stratégie_vache (qui est la stratégie présentant le plus de variation) (cf. Figure 24 pour le choix d'élevages à 10 % et 100 %, Annexe 4 pour l'ensemble des choix d'élevages).

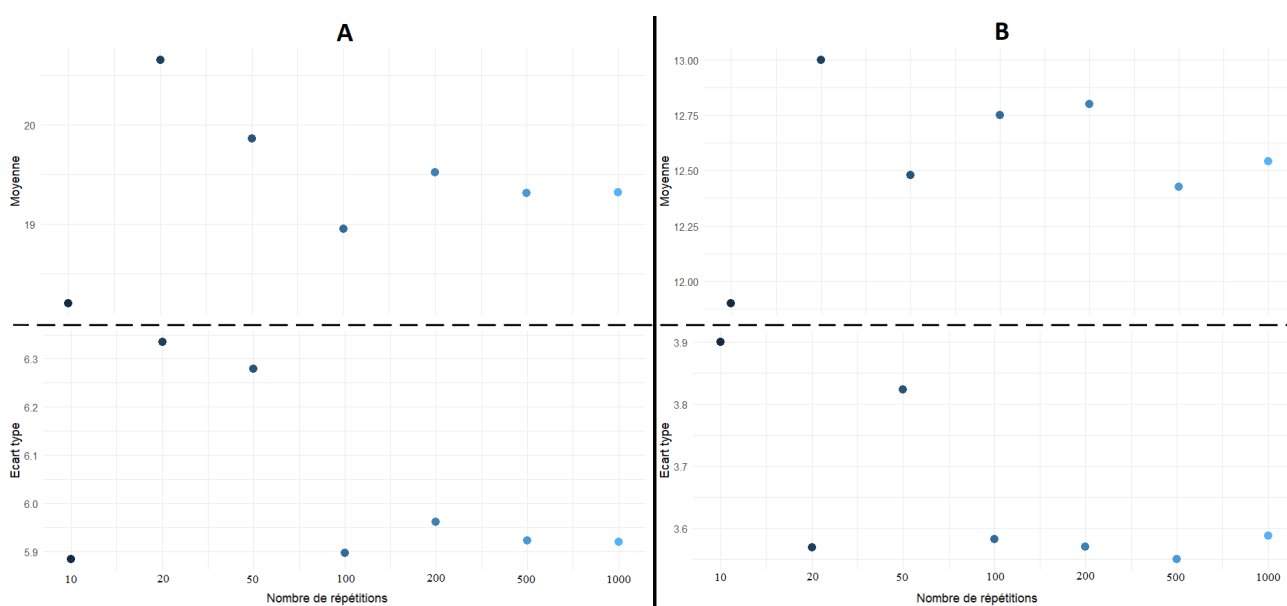


Figure 24 : Evolution de la moyenne et de l'écart type du temps de détection selon le nombre de répétitions des programmes de surveillance pour la Stratégie_vache dans le scénario avec introduction d'un veau IPI dans l'élevage FR29105123

Pour un choix de 10 % aléatoire des élevages de la métapopulation à tester, on observe que la moyenne est comprise entre 18,X et 20,X semaines. Elle semble converger entre 19 et 19,5 semaines à partir de 100 répétitions. Quant à l'écart-type, il est compris entre 5,8 et 6,4 semaines et semble converger vers 5,9 semaines à partir de 100 répétitions (cf. Figure 24).

Lorsque l'on choisit de tester 100 % de la population, la moyenne est comprise entre 11,75 et 13 semaines, et les résultats semblent converger à partir de 50 répétitions, entre 12,3 et 12,8 semaines. Concernant l'écart-type, il varie entre 3,5 et 3,9 semaines, et une convergence entre 3,5 et 3,6 semaines semble s'observer autour de 100 répétitions.

Les écarts observés en termes de moyennes ne sont pas drastiques, et les écarts-types semblent converger vers des valeurs similaires à partir de 100 répétitions, ce qui signifie que la variabilité reste comparable, que ce soit avec 100 ou 1000 répétitions. Ainsi, le choix a été fait de réaliser 100 répétitions pour chaque stratégie de surveillance sur chaque trajectoire épidémiologique (à l'exception des stratégies de surveillance déterministes, qui ne seront testées qu'une seule fois).

E-3 Réalisation de mon modèle informatique

Mon modèle, permettant d'appliquer différents programmes de surveillance, a été développé en Python en utilisant la bibliothèque Pandas. Cette dernière est utilisée pour convertir le fichier CSV de sortie du modèle épidémiologique de l'équipe DYNAMO en dictionnaire. Cela permet d'optimiser la recherche des informations clés et de réduire ainsi le temps d'exécution du programme.

Pour chaque scénario d'introduction du BVDV dans la métapopulation (à l'exception du scénario sans introduction), 6 trajectoires épidémiologiques différentes seront utilisées. Sur chacune de ces trajectoires, les stratégies de surveillance stochastiques seront testées 100 fois. En revanche, les stratégies de surveillance déterministes ne seront testées qu'une seule fois.

Pour le scénario sans introduction du BVDV dans la métapopulation, une seule trajectoire épidémiologique sera utilisée.

Détermination des résultats des tests :

Dans ce programme, les sensibilités et spécificités des tests utilisés sont celles trouvées dans la bibliographie et décrites dans le Tableau 3. Le statut sanitaire des animaux étant connu dans la trajectoire épidémiologique utilisée, la détermination des résultats se fait comme suit :

- Si l'échantillon est positif : Le résultat du test suit une épreuve de Bernoulli où la probabilité d'obtenir un résultat positif est égale à la sensibilité. La probabilité d'obtenir un résultat négatif (faux négatif) est donc $1 - \text{sensibilité}$.
- Si l'échantillon est négatif : Le résultat du test suit également une épreuve de Bernoulli où la probabilité d'obtenir un résultat négatif est égale à la spécificité. La probabilité d'obtenir un résultat positif (faux positif) est $1 - \text{spécificité}$.

Gestion des dates de prélèvement :

Pour les biopsie auriculaire, les prélèvement se font à la naissance du veau, pour les prélèvements nécessaires à la sérologie, ils se font de la manière suivante.

- Prélèvements de lait : Aucune date précise n'ayant été trouvée dans la bibliographie, le premier prélèvement est déterminé aléatoirement entre la 1ère et la 13ème semaine (correspondant au premier trimestre). Par la suite, les prélèvements sont espacés de treize semaines.

- Prélèvements de sérum : Les élevages allaitants sont testés une seule fois, soit entre la 1ère et la 18ème semaine, soit entre la 40ème et la 50ème semaine. Ces périodes correspondent aux semaines durant lesquelles la prophylaxie est réalisée en Bretagne. Chaque semaine de prophylaxie correspond à un tirage sans remise des élevages soumis à ce programme.

Critères d'arrêt du modèle :

Le modèle appliquant les différents programmes de surveillance s'arrête dans les cas suivants :

- Le virus est réellement détecté (un test positif dans un élevage réellement infecté).
- L'année est terminée (le programme ne tourne que sur un an, car au-delà, le fichier d'entrée devient trop volumineux et ne peut pas être lu).

Fichier CSV de sortie :

Un fichier CSV est généré à la fin de l'exécution du programme contenant les informations suivantes :

- La simulation sur laquelle les programmes de surveillance ont été appliqués.
- Le temps (en semaines) entre l'introduction du virus et sa détection dans la métapopulation.
- Le coût des tests nécessaires pour détecter la présence du virus dans la métapopulation.
- Le nombre d'élevages infectés au moment de la détection.
- Le nombre de faux positifs.

E-4 Présentation des résultats

Les résultats sont présentés sous forme de graphiques réalisés avec R.

Scénario sans introduction de BVDV :

Dans ce cas, un graphique est produit pour comparer deux aspects essentiels du programme de surveillance :

- Le nombre moyen de faux positifs détectés sur l'année (en ordonnée).
- Le coût annuel moyen du programme de surveillance (en abscisse).

Ce graphique inclut également des barres noires représentant les quantiles 5 et 95 pour les deux variables, permettant ainsi de visualiser la variabilité du nombre de faux positifs et du coût.

Scénarios avec introduction de BVDV :

Pour ces scénarios, trois figures distinctes sont générées, chacune suivant une structure similaire, composée de sept graphiques. Le graphique principal donne une vue d'ensemble du scénario épidémiologique en représentant le temps moyen de détection du BVDV (en semaines) et le coût annuel moyen (en euros) associé à la surveillance. En complément, six graphiques secondaires montrent les résultats pour chacune des trajectoires épidémiologiques. Les quantiles 5 et 95 du temps de détection y sont également représentés.

Les trois figures permettent d'examiner les résultats sous différents angles :

- Comparaison globale entre les stratégies Stratégie_vache et Stratégie_veau.
- Analyse spécifique de la Stratégie_vache.
- Analyse spécifique de la Stratégie_veau.

Ces graphiques facilitent la comparaison des performances des différentes stratégies, en tenant compte à la fois du coût et de la précision des détections.

III Résultats

A Scénario sans introduction du virus de la diarrhée virale bovine dans la métapopulation

Dans ce scénario, la métapopulation n'est pas contaminée par le BVDV, ce qui correspond à l'objectif lorsque la région dispose du statut indemne de BVDV. Ce premier scénario permet ainsi d'évaluer le coût annuel des différentes stratégies selon le choix des élevages effectués, mais aussi d'analyser le nombre d'élevages détectés faussement positifs sur une année.

Tout d'abord, on observe que la Stratégie_vache présente un coût nettement inférieur à la Stratégie_veau (cf. Figure 25). En effet, le coût de la Stratégie_vache est environ dix fois moins élevé que celui de la Stratégie_veau, pour un même échantillon d'élevages testés (cf. Figure 25 et Annexe 5).

En ce qui concerne les faux positifs, la virologie sur biopsie auriculaire, présentant une spécificité de 100 %, garantit que la Stratégie_veau ne produit aucun faux positif et n'entraîne donc pas de coûts d'investigation inutiles. À l'inverse, la sérologie sur lait de tank et sur sérum n'affiche pas une spécificité parfaite, ce qui conduit à des faux positifs. Le nombre d'élevages faussement positifs peut même être assez élevé sur une année. En effet, lorsque l'on teste 100 % des élevages de la population, on obtient en moyenne 1629 faux positifs (cf Annexe 6), soit environ 8,6 % de la métapopulation.

Pour la Stratégie_vache, le nombre d'élevages faux positifs semble proportionnel au coût annuel. Une corrélation linéaire existe entre ces deux variables, avec un coefficient de corrélation $R^2=1$:

Nombre d'élevages faux positifs = 1,213 + 0,00422 × Coût annuel

En examinant la significativité des coefficients, l'ordonnée à l'origine (1,213) présente une p-value de 0,21 ($> 0,05$), ce qui n'est pas significatif. Cependant, cela importe peu, car la relation entre les variables est l'élément clé ici. En revanche, la pente (0,00422) affiche une p-value inférieure à 2.10^{-16} , indiquant une significativité élevée. Ainsi, le nombre d'élevages faux positifs est bien proportionnel au coût annuel, ce qui s'explique par le fait que ces deux variables dépendent directement du nombre de tests effectués. De ce fait, en appliquant la Stratégie_vache à un nombre d'élevages donné, le nombre d'élevages faux positif sera environ 8,6 % du nombre d'élevages initialement testé (cf Annexe 6)

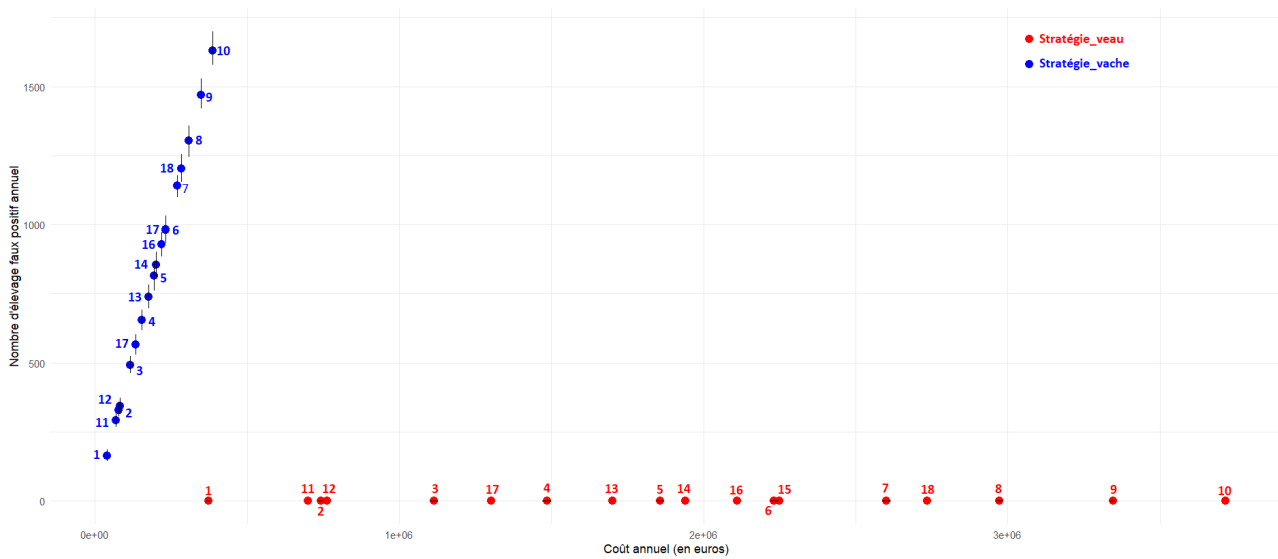


Figure 25 : Comparatif du nombre d'élevage faux positif et du coût annuel des tests pour la Stratégie_vache et la Stratégie_veau pour les différents choix d'élevages à tester

Même si la Stratégie_veau présente une spécificité parfaite, évitant ainsi les faux positifs et les coûts d'investigation inutiles associés, le coût annuel du programme de surveillance reste nettement plus élevé que celui de la Stratégie_vache. Par conséquent, sur le seul critère du coût, la Stratégie_vache est plus avantageuse.

B Introduction du virus de la diarrhée virale bovine par contacts directs aux pâturages et sans achat de vache de Troie

B-1 Choix de la stratégie de surveillance

Dans ce scénario épidémiologique, la seule cause d'introduction du BVDV dans la métapopulation étudiée est le contact au pâturage avec des voisins issus de zones non indemnes. Pour ce mode d'introduction, la Stratégie_vache s'avère en moyenne plus précoce que la Stratégie_veau lorsque l'échantillon d'élevages testés dépasse 80 % ou lorsqu'on cible l'ensemble des élevages à risque (hors HRA) (cf. Figure 26 et Annexe 7). En revanche, pour des échantillons plus restreints ou lorsqu'on considère spécifiquement les élevages HRA, la Stratégie_veau se révèle plus précoce en moyenne (cf Figure 26 et Annexe 7).

En examinant les résultats par trajectoire épidémiologique, on observe que les trajectoires 1, 5 et 6 indiquent une détection plus rapide avec la Stratégie_vache, tandis que les trajectoires 2 et 4 favorisent la Stratégie_veau (cf. Figure 26). Quant à la trajectoire 3, elle ne montre pas de différence notable entre les deux stratégies. Les trajectoires où la Stratégie_vache est moins efficace ou équivalente à la Stratégie_veau correspondent à celles où le nombre d'élevages infectés à la fin de l'année est le plus faible (cf. Tableau 14).

En termes de précocité de détection, la Stratégie_veau est plus stable (entre 20 et 25 semaines pour toutes les trajectoires) que la Stratégie_vache (entre 10 et 35 semaines). Cela suggère que la Stratégie_vache est davantage influencée par la dynamique de propagation du BVDV au sein de la métapopulation que la Stratégie_veau. Cette différence de stabilité pourrait être un critère important pour le choix de la stratégie de surveillance en fonction du contexte épidémiologique. Cependant, l'écart de coût annuel entre les deux stratégies est trop important alors que la précocité de détection ne semble pas varier suffisamment pour justifier un choix entre les deux. Par conséquent, pour ce scénario, la Stratégie_vache s'avère plus intéressante en raison de son coût bien plus faible sans compromettre la précocité de détection.

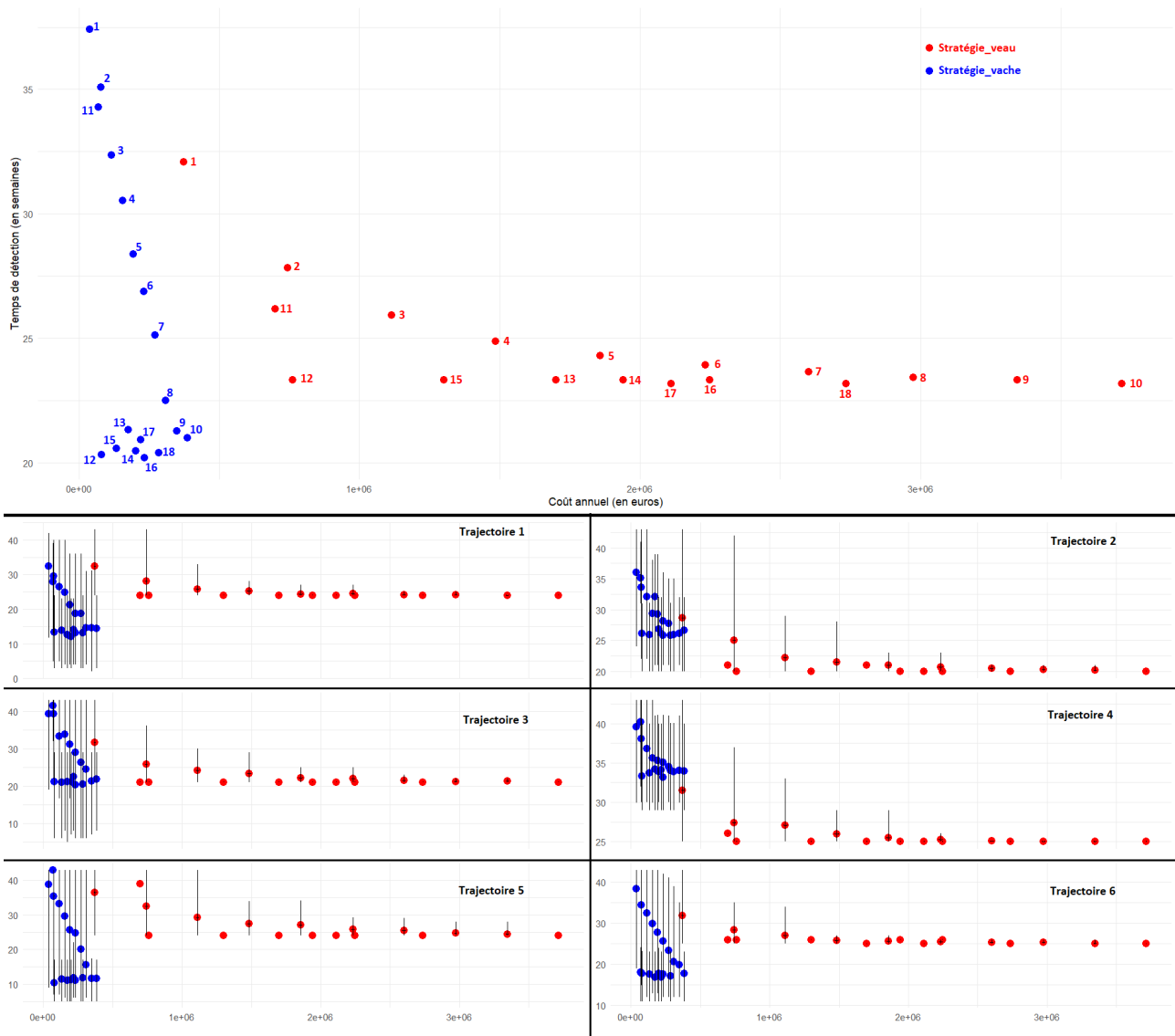


Figure 26 : Comparatif du temps de détection et du coût annuel des tests pour la Stratégie vache et la Stratégie veau pour les différents choix d'élevages à tester pour le scénario épidémiologique sans achat ainsi que pour l'ensemble de ses trajectoires.

Tableau 14 : Nombre d'élevage infecté sur l'année selon la trajectoire épidémiologique pour le scénario épidémiologique sans achat

Trajectoire	1	2	3	4	5	6
Nombre d'élevages infectés au bout d'un an	179	145	153	126	237	173

B-2 Choix des élevages à tester

B-2-a Choix des élevages à tester pour la

Stratégie_vache

Pour la Stratégie_vache, dans ce scénario épidémiologique, la première observation est que, pour un choix aléatoire des élevages, plus l'échantillon testé est important, plus le coût de la surveillance augmente, tandis que la précocité de détection s'améliore (cf. Figure 27).

Cette tendance permet d'évaluer l'efficacité des différentes définitions d'élevages à risque. En effet, si la définition des élevages à risque n'a aucun impact, tester ces élevages reviendrait à la même précocité de détection que tester un échantillon aléatoire de même taille. Si, au contraire, la définition des élevages à risque s'avère pertinente, on devrait observer une précocité de détection améliorée par rapport à un échantillon aléatoire de même taille. Toutefois, il est aussi possible que la définition des élevages à risque soit moins efficace que le choix aléatoire, dans ce cas, la détection serait plus lente que pour un échantillon aléatoire d'élevages.

En moyenne, on observe que pour tous les choix d'élevages à risque, la précocité de détection est équivalente à celle observée lorsque l'on teste 90 à 100 % des élevages, à l'exception de la définition HRA, qui ne montre aucun avantage par rapport à un échantillon aléatoire de même taille (cf. Figure 27).

En analysant les trajectoires épidémiologiques une par une, on constate que pour les six trajectoires, tester les élevages à risque en fonction du voisinage (c'est-à-dire HRV, RV, HRA+HRV, HRA+RV, RA+HRV, RA+RV) permet d'obtenir une précocité de détection équivalente à celle obtenue en testant 100 % des élevages (entre 20,3 et 20,9 semaines pour ces élevages à risque contre 21 semaines lorsque l'on teste tous les élevages), tout en réduisant considérablement le coût de surveillance (jusqu'à quatre fois moins cher en testant uniquement les élevages HRV par rapport à un test de 100 % des élevages).

La définition RA présente une précocité de détection similaire à celle des élevages à risque tenant compte du voisinage pour cinq trajectoires sur six. Cependant, pour la trajectoire 2, la détection est moins précoce que pour un échantillon aléatoire de même taille.

Enfin, pour la définition HRA, à l'exception de la trajectoire 6, la précocité de détection est similaire à celle observée pour un échantillon d'élevages aléatoires de même taille.

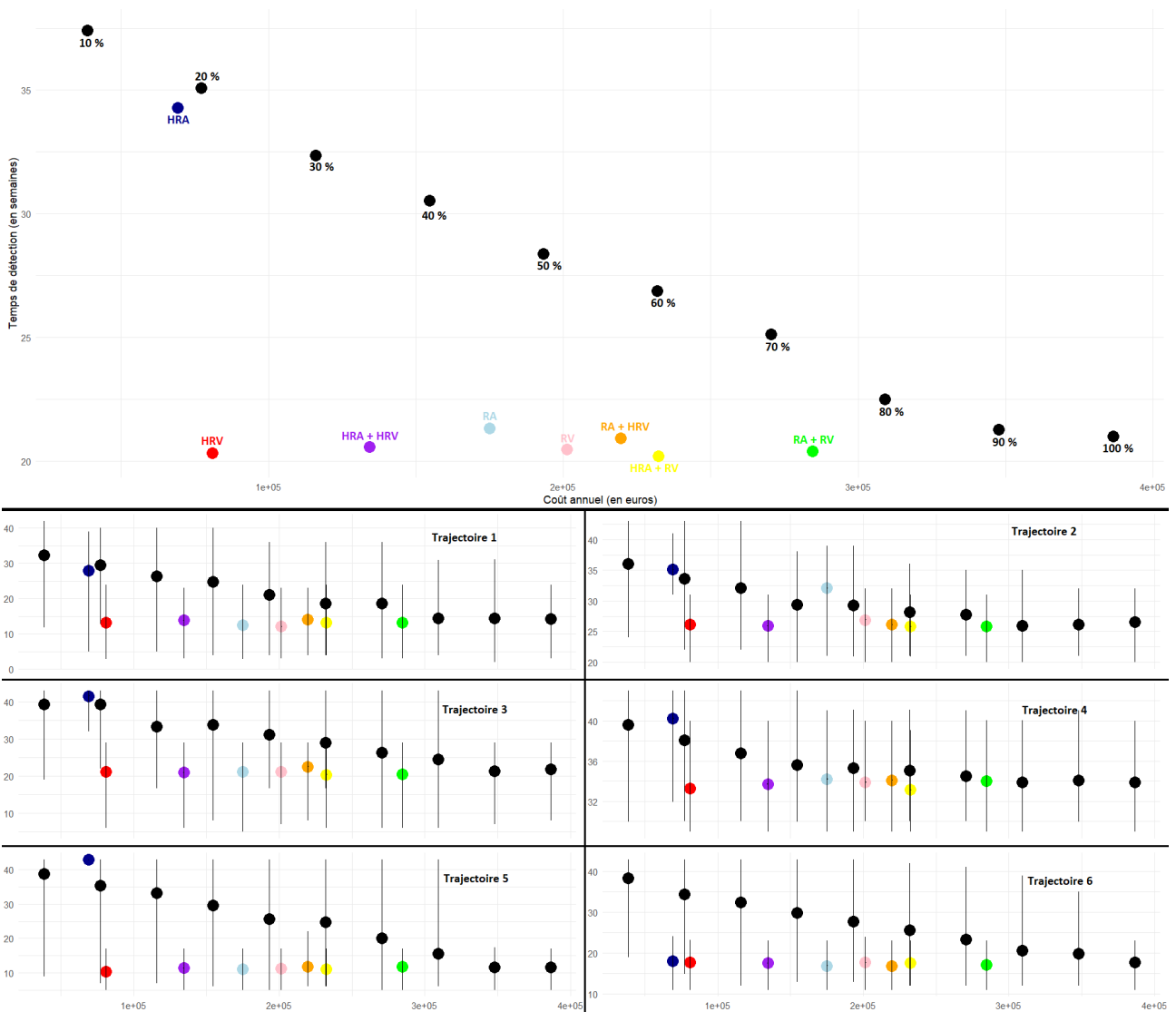


Figure 27 : Variation du temps de détection et du coût annuel du programme de surveillance selon les élevages testés pour la Stratégie vache dans le scénario sans achat.

B-2-b Choix des élevages à tester pour la Stratégie_veau

Pour la Stratégie_veau, tester les élevages à risque s'avère en moyenne plus précoce que de tester un échantillon aléatoire d'élevages de même taille. De plus, à l'exception des élevages HRA, la détection est légèrement plus rapide lorsqu'on cible les élevages à risque par rapport à un programme de surveillance couvrant l'ensemble des élevages (cf. Figure 28).

En examinant les trajectoires épidémiologiques individuellement, on observe que tester les élevages à risque offre une précocité de détection comparable à celle obtenue en testant l'ensemble des élevages. Toutefois, pour la trajectoire 5, tester les élevages HRA s'avère moins efficace que de tester un échantillon aléatoire de même taille (cf. Figure 28). La surveillance des élevages HRA

n'étant pas stochastique dans mon modèle, cette différence de précocité observée à la trajectoire 5 peut être expliquée par la stochasticité du modèle épidémiologique de l'équipe DYNAMO.

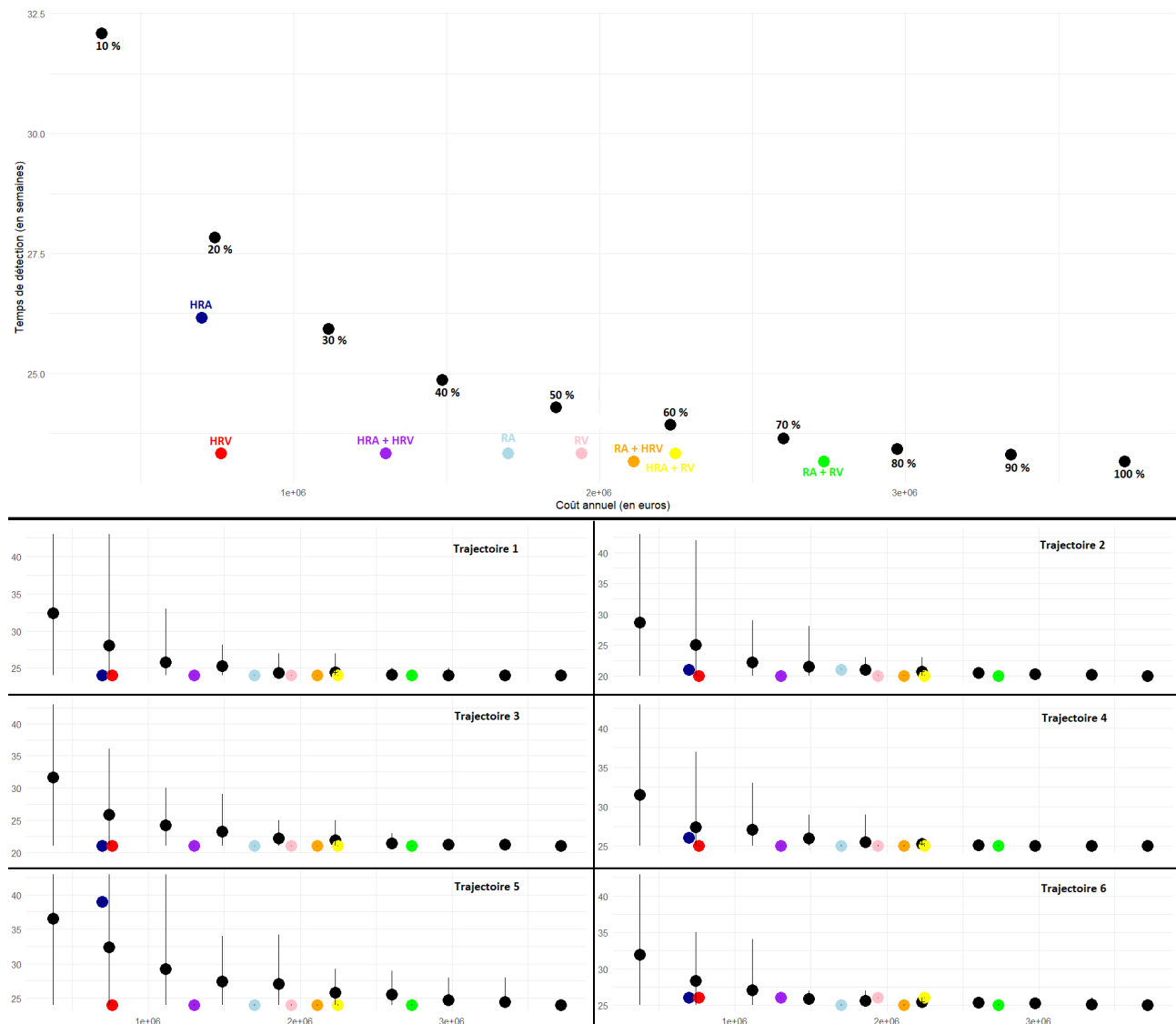


Figure 28 : Variation du temps de détection et du coût annuel du programme de surveillance selon les élevages testés pour la Stratégie veau dans le scénario sans achat.

Ainsi, que ce soit pour la Stratégie_vache ou la Stratégie_veau, la surveillance des élevages à risque, à l'exception des élevages HRA, montre une précocité de détection particulièrement efficace. Dans ce scénario épidémiologique, le programme de surveillance le plus performant s'avère être le suivi sérologique des élevages HRV, offrant un compromis optimal entre coût et efficacité.

C Introduction du virus de la diarrhée virale bovine par contacts directs aux pâturages et avec achat d'une vache de Troie

C-1 Choix de la stratégie de surveillance

Dans ces scénarios épidémiologiques, les causes d'introduction du BVDV dans la métapopulation étudiée sont le contact au pâturage avec des voisins provenant de zones non indemnes et la naissance d'un veau IPI suite à l'achat d'une vache de Troie. Le nombre d'élevages infectés au cours de l'année pour chaque trajectoire épidémiologique est présenté dans les Tableaux 15, 16, 17 et 18.

En moyenne, la Stratégie_veau se révèle plus précoce que la Stratégie_vache pour les quatre scénarios étudiés (cf. Figures 29, 30, 31 et 32). Cependant, plus la naissance du veau IPI est tardive (1ère semaine pour la Figure 29, 5ème semaine pour la Figure 30, 15ème semaine pour la Figure 31, et 23ème semaine pour la Figure 32), moins la différence de précocité entre les deux stratégies est marquée. En effet, l'écart dans la durée de détection entre les deux stratégies est de :

- Environ 22 semaines d'écart pour un veau IPI né dès la 1ère semaine
- Environ 12 semaines pour une naissance à la 5ème semaine
- Environ 12 semaines également pour une naissance à la 15ème semaine
- Environ 4 semaines pour une naissance à la 23ème semaine.

Ces observations s'appliquent à l'ensemble des trajectoires épidémiologiques de chaque scénario, à l'exception de la trajectoire 6 du dernier scénario, où la Stratégie_vache est légèrement plus précoce que la Stratégie_veau pour certains choix d'élevages.

Ainsi, la Stratégie_veau apparaît plus efficace pour détecter l'introduction du BVDV dans la métapopulation, avec un avantage en précocité d'autant plus marqué que la naissance du veau IPI intervient tôt dans l'année.

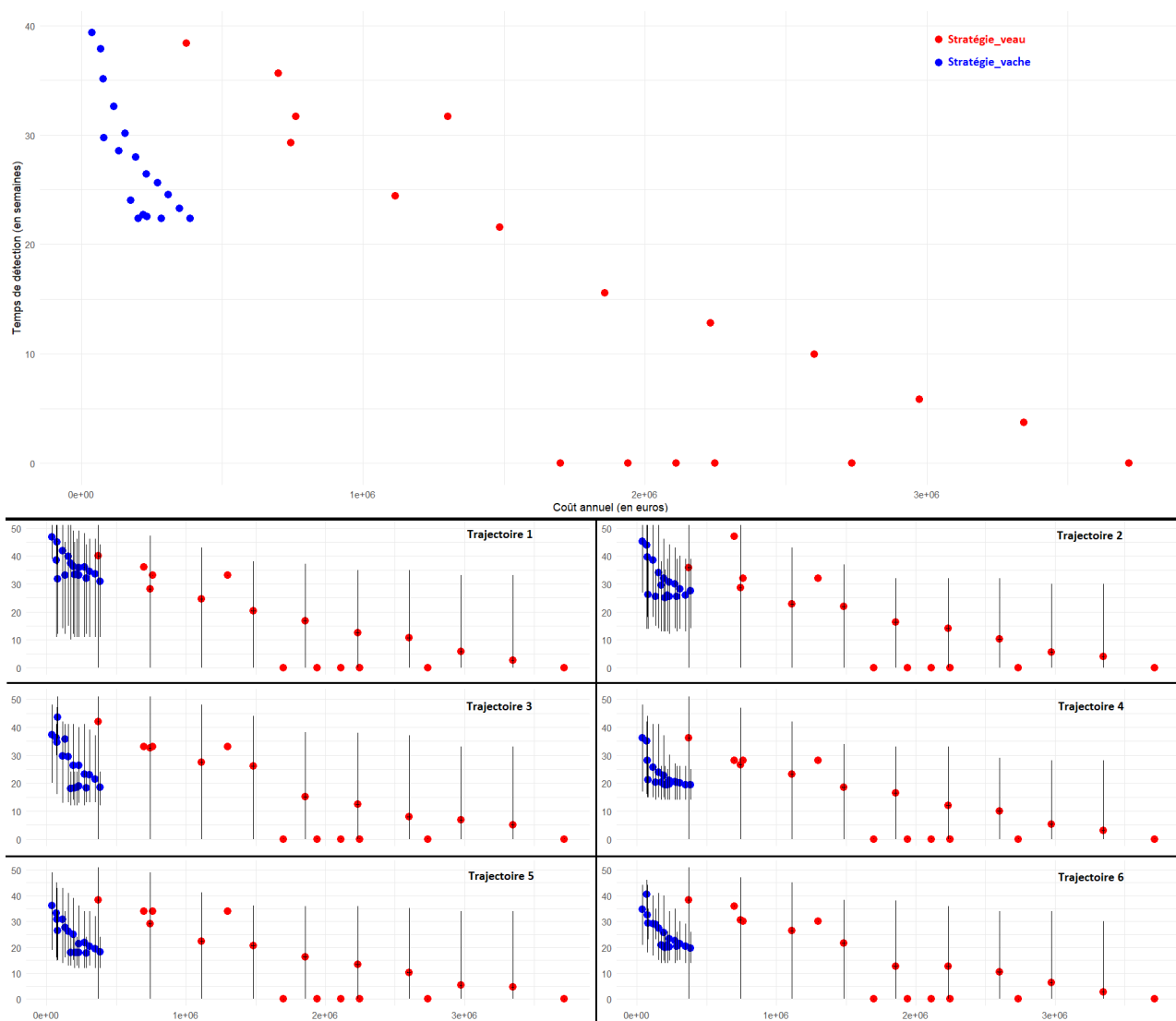


Figure 29 : Comparatif du temps de détection et du coût annuel des tests pour la Stratégie vache et la Stratégie veau selon les élevages testés pour le scénario épidémiologique avec achat d’une vache de Troie et naissance d’un veau IPI dans l’élevage FR22337170.

Tableau 15 : Nombre d’élevage infecté sur l’année selon la trajectoire épidémiologique pour le scénario épidémiologique avec achat d’une vache de Troie et naissance d’un veau IPI dans l’élevage FR22337170

Trajectoire	1	2	3	4	5	6
Nombre d’élevages infectés au bout d’un an	213	130	205	237	217	338

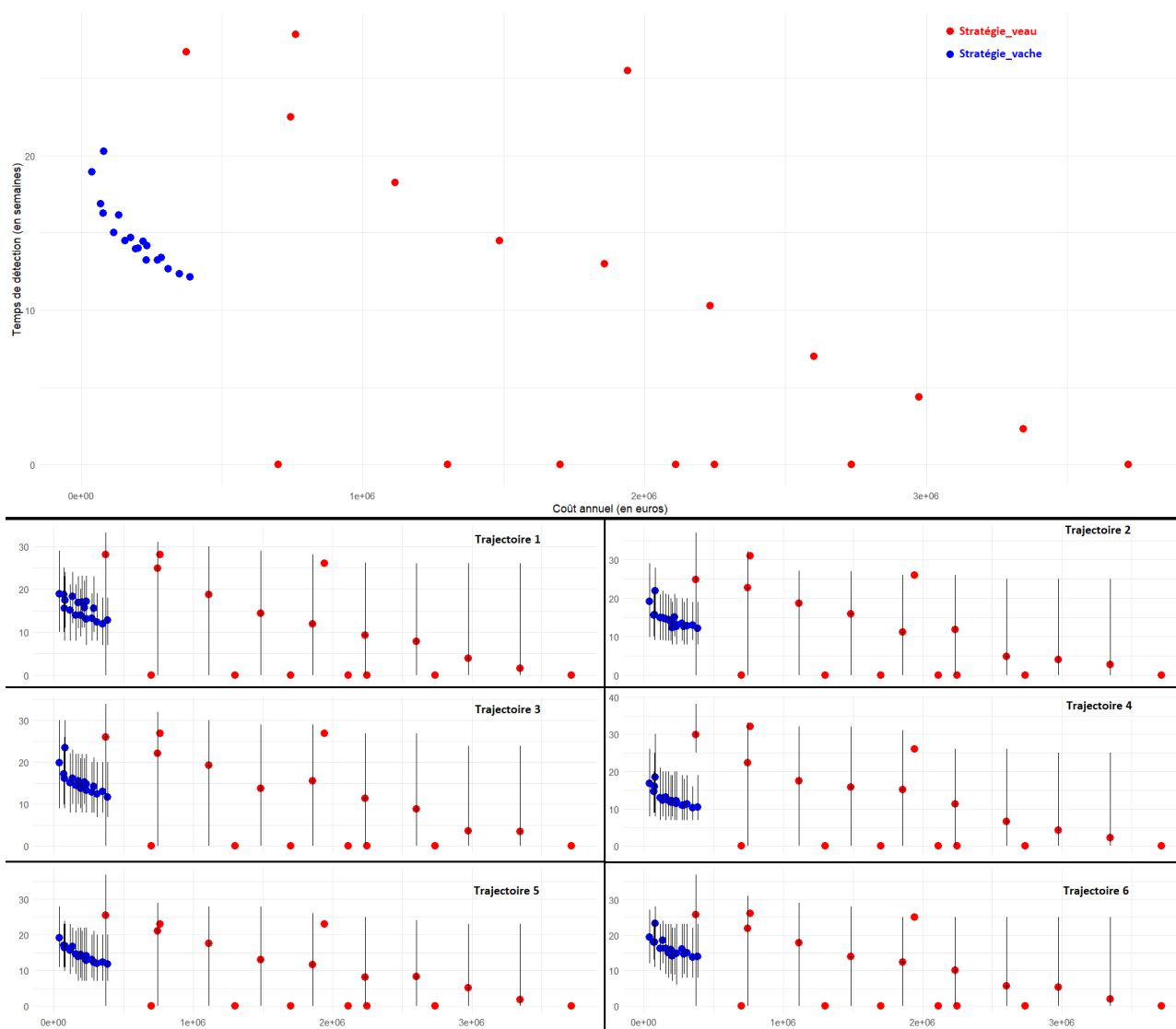


Figure 30 : Comparatif du temps de détection et du coût annuel des tests pour la Stratégie vache et la Stratégie veau selon les élevages testés pour le scénario épidémiologique avec achat d’une vache de Troie et naissance d’un veau IPI dans l’élevage FR29105123.

Tableau 16 : Nombre d’élevage infecté sur l’année selon la trajectoire épidémiologique pour le scénario épidémiologique avec achat d’une vache de Troie et naissance d’un veau IPI dans l’élevage FR29105123

Trajectoire	1	2	3	4	5	6
Nombre d’élevages infectés au bout d’un an	314	292	307	257	271	239

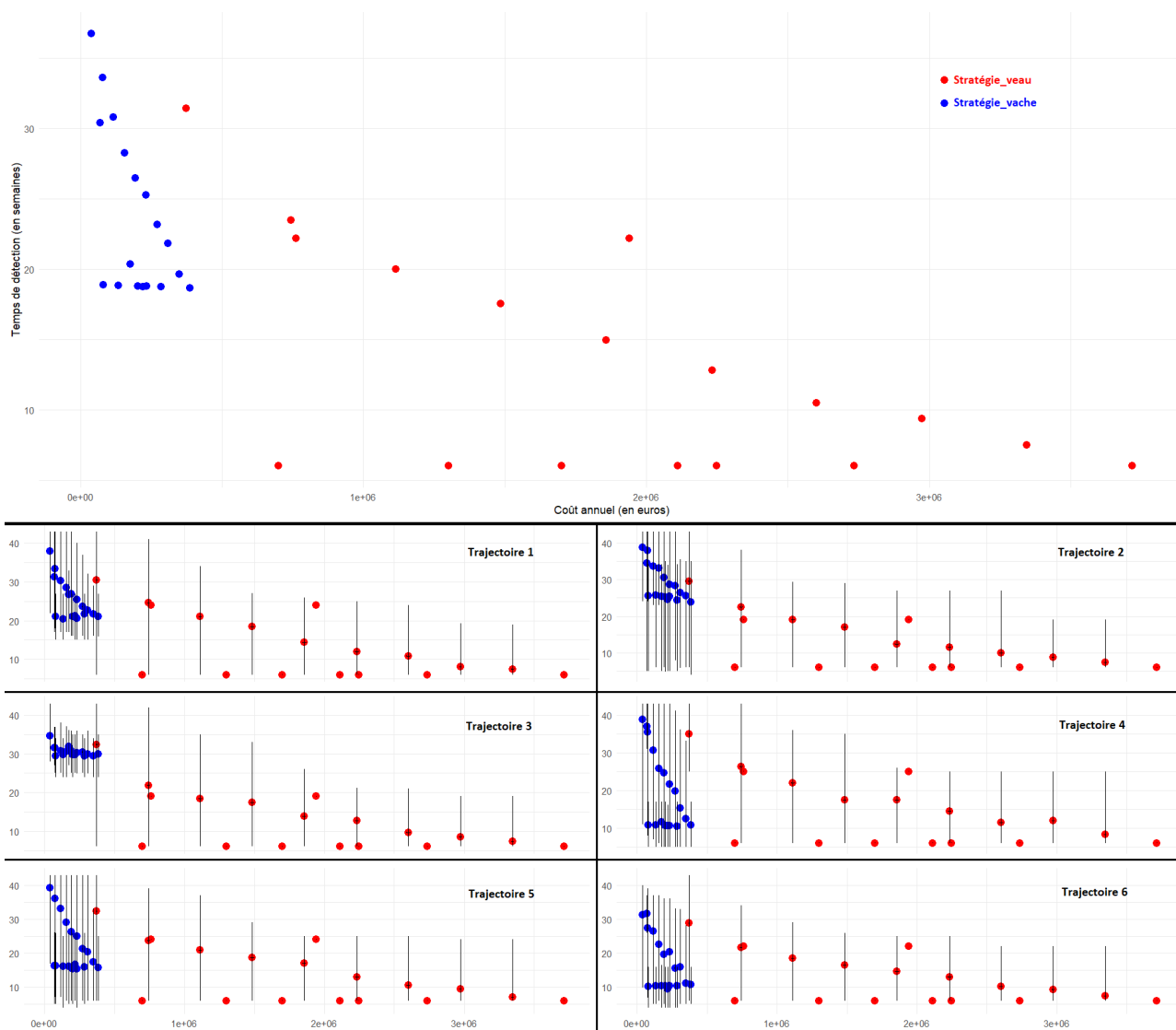


Figure 31 : Comparatif du temps de détection et du coût annuel des tests pour la Stratégie vache et la Stratégie veau selon les élevages testés pour le scénario épidémiologique avec achat d’une vache de Troie et naissance d’un veau IPI dans l’élevage FR35039006.

Tableau 18 : Nombre d’élevage infecté sur l’année selon la trajectoire épidémiologique pour le scénario épidémiologique avec achat d’une vache de Troie et naissance d’un veau IPI dans l’élevage FR35039006

Trajectoire	1	2	3	4	5	6
Nombre d’élevages infectés au bout d’un an	150	150	143	221	217	229

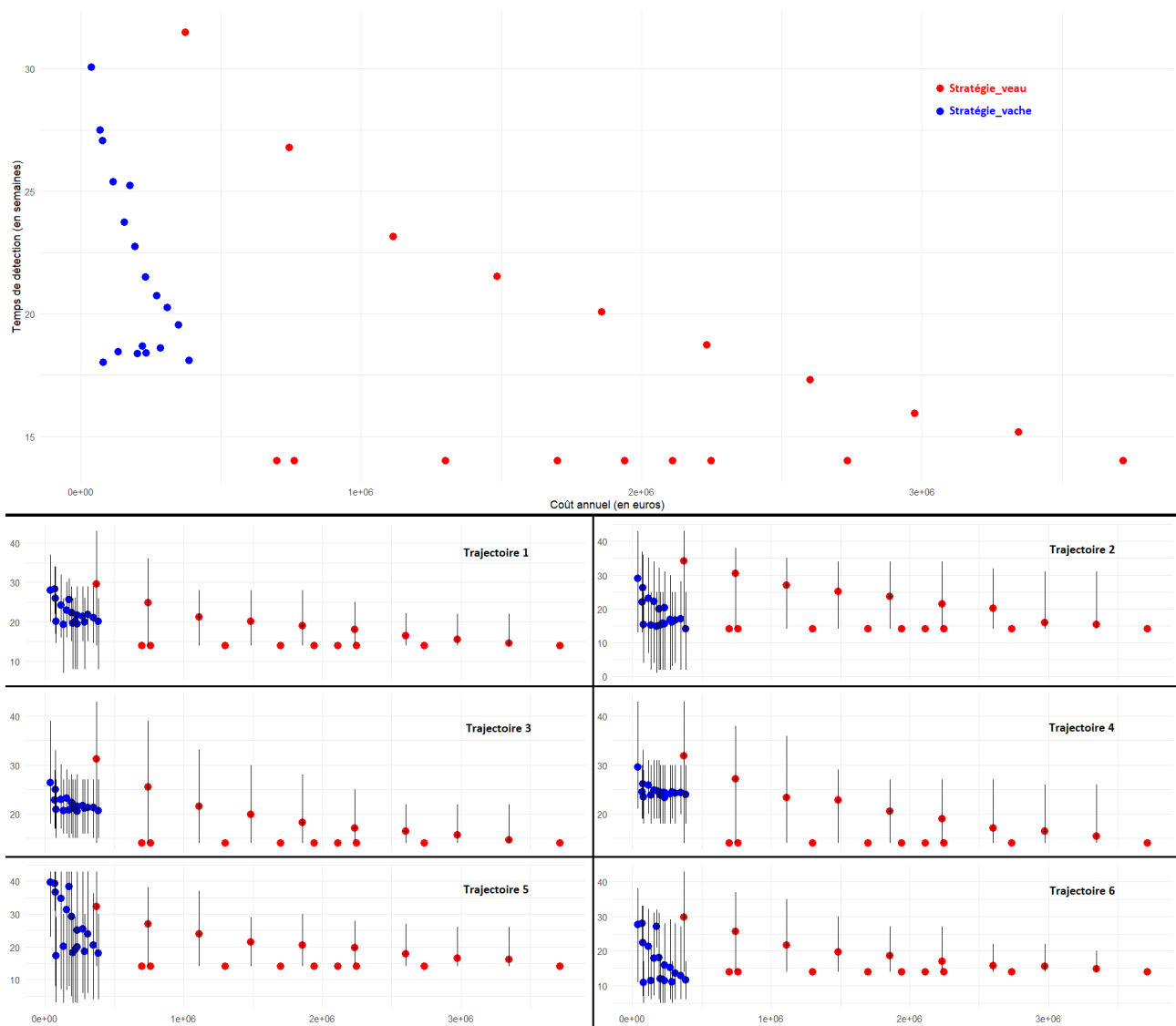


Figure 32 : Comparatif du temps de détection et du coût annuel des tests pour la Stratégie vache et la Stratégie veau selon les élevages testés pour le scénario épidémiologique avec achat d’une vache de Troie et naissance d’un veau IPI dans l’élevage FR56147077.

Tableau 19 : Nombre d’élevage infecté sur l’année selon la trajectoire épidémiologique pour le scénario épidémiologique avec achat d’une vache de Troie et naissance d’un veau IPI dans l’élevage FR35039006

Trajectoire	1	2	3	4	5	6
Nombre d’élevages infectés au bout d’un an	204	179	189	194	148	195

C-2 Choix des élevages à tester.

C-2-a Choix des élevages pour la Stratégie_vache

Dans ces scénarios épidémiologiques, la Stratégie_vache ne présente pas un schéma unique de résultats ; chaque scénario présente des variations en termes de précocité de détection selon les élevages testés. Afin de mieux appréhender ces différences, nous analyserons les résultats distinctement pour chaque scénario épidémiologique.

- Naissance d'un veau IPI la première semaine dans l'élevage FR22337170

Dans ce premier scénario avec achat, les élevages à risque (RV, HRA+RV, RA+HRV, RA+RV) présentent une précocité de détection comparable à celle obtenue en testant l'ensemble des élevages de la métapopulation. Cette similarité est observable à la fois en moyenne (avec une précocité de détection comprise entre 22,3 et 22,7 semaines pour les élevages à risque, contre 22,4 semaines pour l'ensemble des élevages, cf. Annexe 8) et sur l'ensemble des trajectoires épidémiologiques (cf. Figure 33).

Tester les élevages RA donne également une précocité de détection meilleure, en moyenne, que celle obtenue avec un échantillon aléatoire d'élevages de même taille. Lorsqu'on examine les trajectoires épidémiologiques, cette catégorie d'élevages permet une détection aussi précoce que celle de l'ensemble de la métapopulation dans quatre trajectoires sur six (cf. Figure 33).

Les définitions ciblant moins d'élevages (HRA, HRV, et HRA+HRV) sont globalement moins performantes dans ce scénario.

Les élevages HRV et HRA+HRV offrent tout de même une meilleure précocité de détection en moyenne par rapport à un échantillon aléatoire de même taille (cf. Figure 33). Cependant, lorsqu'on examine chaque trajectoire, elles présentent une précocité similaire à celle des 100 % d'élevages testés dans les trajectoires 1, 2 et 4. En revanche, pour la trajectoire 3, ces élevages sont moins précoces, et pour les trajectoires 5 et 6, leur précocité est équivalente à celle de l'échantillon aléatoire (cf. Figure 33).

Les élevages HRA présente, en moyenne, une précocité inférieure à celle d'un échantillon aléatoire. Par trajectoire, les résultats varient : la détection est plus précoce pour la trajectoire 1, moins précoce pour la trajectoire 6, et similaire pour les autres trajectoires, bien que systématiquement un peu plus tardive en moyenne (cf. Figure 33).

Ces différences de précocité s'expliquent par le fait que l'élevage FR22337170 n'appartient pas aux catégories HRA ou HRV et donc HRA+HRV (cf. II-D-4). Cela peut expliquer pourquoi ces définitions d'élevages à risque sont moins efficaces pour ce scénario spécifique.

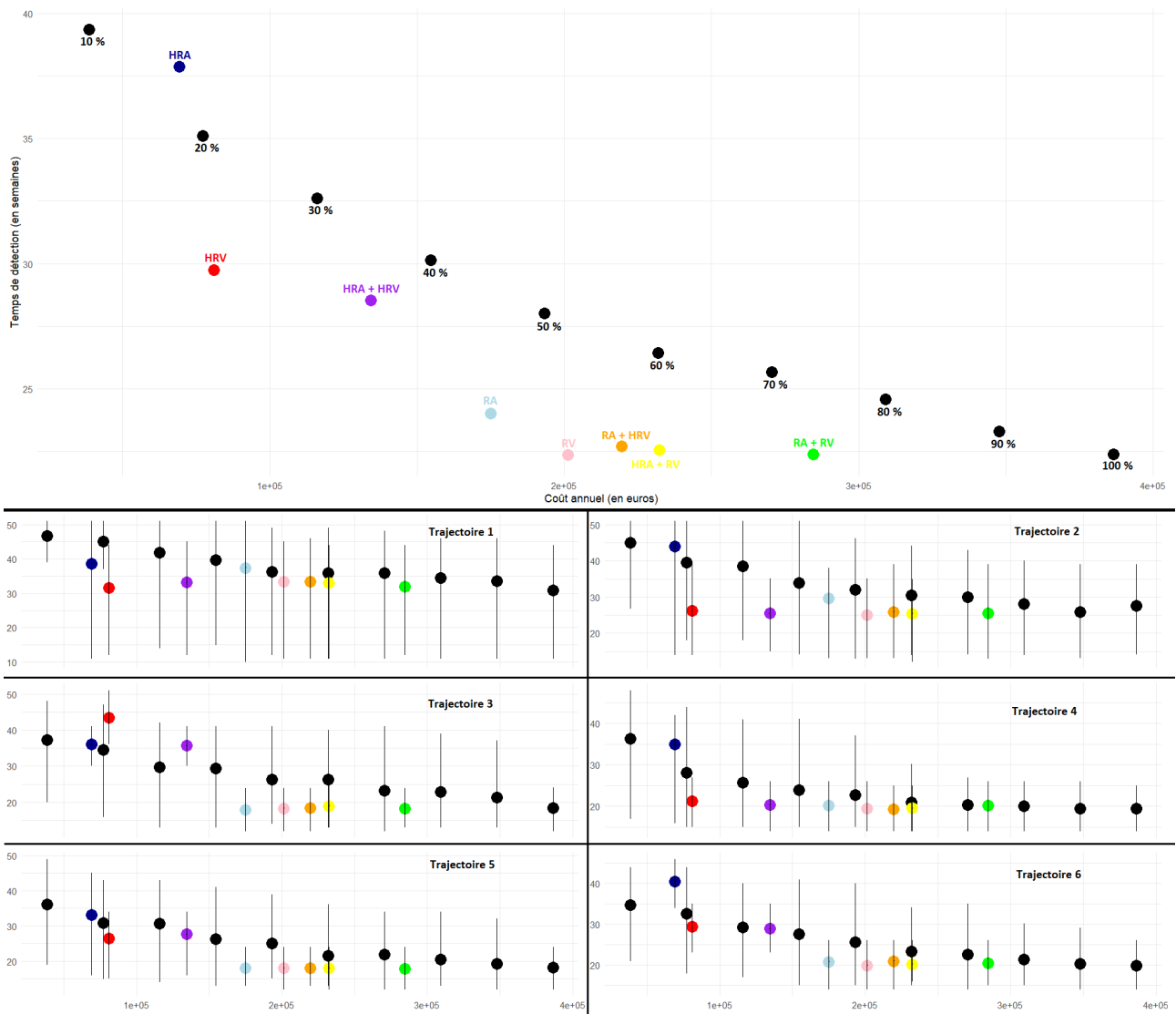


Figure 33 : Variation du temps de détection et du coût annuel du programme de surveillance selon les élevages testés pour la Stratégie vache dans le scénario avec achat d'une vache de Troie et naissance d'un veau IPI dans l'élevage FR22337170.

Ainsi, dans ce scénario épidémiologique, les élevages qui semblent les plus intéressants à tester sont les élevages RA, RV, ainsi que toutes les combinaisons les incluant.

- Naissance d'un veau IPI la cinquième semaine dans l'élevage FR29105123

Ce deuxième scénario avec achat présente des résultats surprenants. En effet, quel que soit l'élevage à risque testé, la précocité de détection est, en moyenne, équivalente à celle d'un échantillon aléatoire d'élevages de même taille, à l'exception des élevages HRV, où la précocité est moins bonne que celle obtenue avec un échantillon aléatoire. Ces observations se retrouvent également dans l'ensemble des trajectoires épidémiologiques.

La première question soulevée par ces résultats est : pourquoi tester les élevages à risque n'est il pas plus efficace que de tester un échantillon aléatoire d'élevages de même taille ?

Si l'on se penche sur les valeurs elles-mêmes, on remarque que les élevages à risque ne sont pas moins précoces dans ce scénario que dans les scénarios précédemment étudiés. Par exemple, pour les élevages HRV, la précocité de détection est de 20,3 semaines, tant dans le scénario sans achat que dans ce scénario (cf. Annexe 9). Cependant, tester des échantillons aléatoires d'élevages s'avère nettement plus efficace dans ce scénario que dans les autres. En effet, lorsqu'on teste aléatoirement 10 % des élevages de la métapopulation, la précocité de détection dépasse les 30 semaines dans tous les autres scénarios, tandis qu'elle est de seulement 19 semaines dans ce scénario (cf. Annexe 9).

Cette différence pourrait s'expliquer par le nombre d'élevages infectés dans ce scénario. En effet, c'est le scénario avec le plus grand nombre d'élevages infectés sur l'année (cf. Tableaux 14, 15, 16, 17, 18 et 19). Cela pourrait expliquer pourquoi la détection est plus rapide lorsque l'on teste aléatoirement des échantillons d'élevages : plus il y a d'élevages infectés dans la métapopulation, plus il est probable de détecter un élevage infecté rapidement.

Cependant, la question reste : pourquoi la précocité de détection dans les élevages à risque n'est-elle pas alors meilleure dans ce scénario par rapport aux autres scénarios ?

Si l'on se concentre sur la partie "Voisinage" de la définition des élevages à risque, on observe que l'élevage FR29105123, où débute l'infection dans la métapopulation, ne fait partie ni des élevages HRV ni des élevages RV (cf. II-D-4). De plus, peu d'élevages dans le Finistère sont concernés par ces définitions : seulement 9 % des élevages appartiennent à la catégorie HRV, et 34 % à la catégorie RV (cf. Tableau 13). Cela pourrait expliquer pourquoi tester les élevages RV donne une précocité de détection similaire à celle obtenue avec un échantillon aléatoire. Cependant, il est plus difficile d'expliquer pourquoi tester les élevages HRV donne une précocité de détection moins bonne que celle d'un échantillon aléatoire, notamment dans 4 des 6 trajectoires épidémiologiques de ce scénario.

Pour ce qui est de la partie "Achat" de la définition des élevages à risque, l'élevage FR29105123 appartient à la catégorie HRA et RA. La question qui se pose alors est : pourquoi la contamination ne se propage-t-elle pas au sein de cet élevage ?

L'élevage FR29105123 étant un élevage laitier, les animaux testés sont les animaux producteurs. Or, l'animal contaminé est un veau, qui n'entre pas en contact direct avec les animaux producteurs et ne peut donc pas les infecter. Cela pourrait expliquer pourquoi cet élevage n'est pas détecté positivement par la Stratégie_vache.

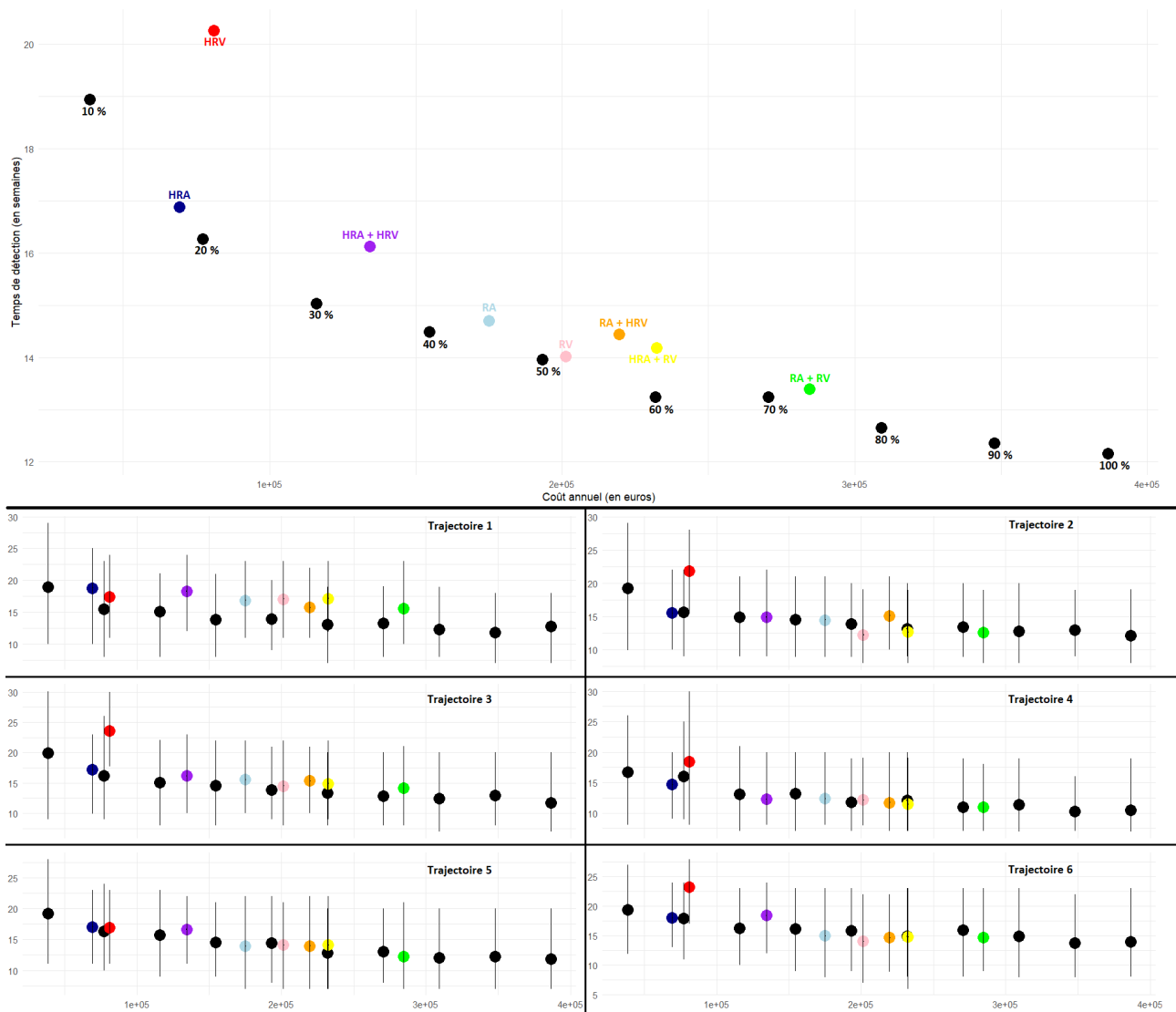


Figure 34 : Variation du temps de détection et du coût annuel du programme de surveillance selon les élevages testés pour la Stratégie vache dans le scénario avec achat d'une vache de Troie et naissance d'un veau IPI dans l'élevage FR29105123.

Ainsi, dans ce scénario, tester les élevages à risque ne semble pas être la stratégie la plus efficace. Il serait préférable de tester l'ensemble de la métapopulation ou un pourcentage élevé de celle-ci.

- Naissance d'un veau IPI la quinzième semaine dans l'élevage FR35039006

Les résultats obtenus dans ce troisième scénario sont presque identiques à ceux du scénario sans introduction par achat (cf. Figures 27 et 35). En effet, tester les élevages à risque montre en moyenne une précocité de détection bien plus intéressante que tester des échantillons aléatoires d'élevages de même taille. La seule exception concerne les élevages HRA, où la précocité de détection n'est pas significativement différente de celle observée lorsque l'on teste un échantillon aléatoire. En effet, la détection dans les élevages HRA survient en 30,4 semaines, contre 33,6 semaines pour un échantillon aléatoire de 20 % des élevages (cf. Annexe 10).

Si l'on examine les résultats trajectoire par trajectoire, on observe que pour toutes les trajectoires, tester les élevages à risque incluant le voisinage est aussi précoce que tester l'ensemble des élevages de la métapopulation (cf. Figure 35).

Lorsqu'on teste les élevages RA, on constate que pour les trajectoires 2, 4, 5 et 6, la précocité de détection est comparable à celle obtenue lorsqu'on teste l'ensemble des élevages de la métapopulation. Pour les trajectoires 1 et 3, tester les élevages RA donne des résultats de précocité similaires, voire légèrement moins précoces pour la trajectoire 3, par rapport à un échantillon aléatoire de même taille.

Enfin, en ce qui concerne les élevages HRA, à l'exception de la trajectoire 5 où tester ces élevages présente une précocité de détection comparable à celle observé lorsqu'on teste l'ensemble des élevages de la métapopulation (16,34 semaines pour les élevages HRA contre 15,80 semaines pour l'ensemble des élevages de la métapopulation, cf. Annexe 10), tester ces élevages donne, dans les autres trajectoires, un temps de détection similaires à ceux obtenus avec un échantillon aléatoire d'élevages de même taille.

Cette exception observée pour la trajectoire 5 dans les élevages HRA peut être expliquée par la stochasticité du modèle épidémiologique utilisé par l'équipe DYNAMO, qui, dans ce cas particulier, entraîne une infection rapide des élevages HRA. Ce phénomène ne se vérifie pas dans la majorité des cas, puisque pour 5 des 6 trajectoires, il n'y a aucune différence notable de précocité entre tester les élevages HRA et tester un échantillon aléatoire d'élevages de même taille.

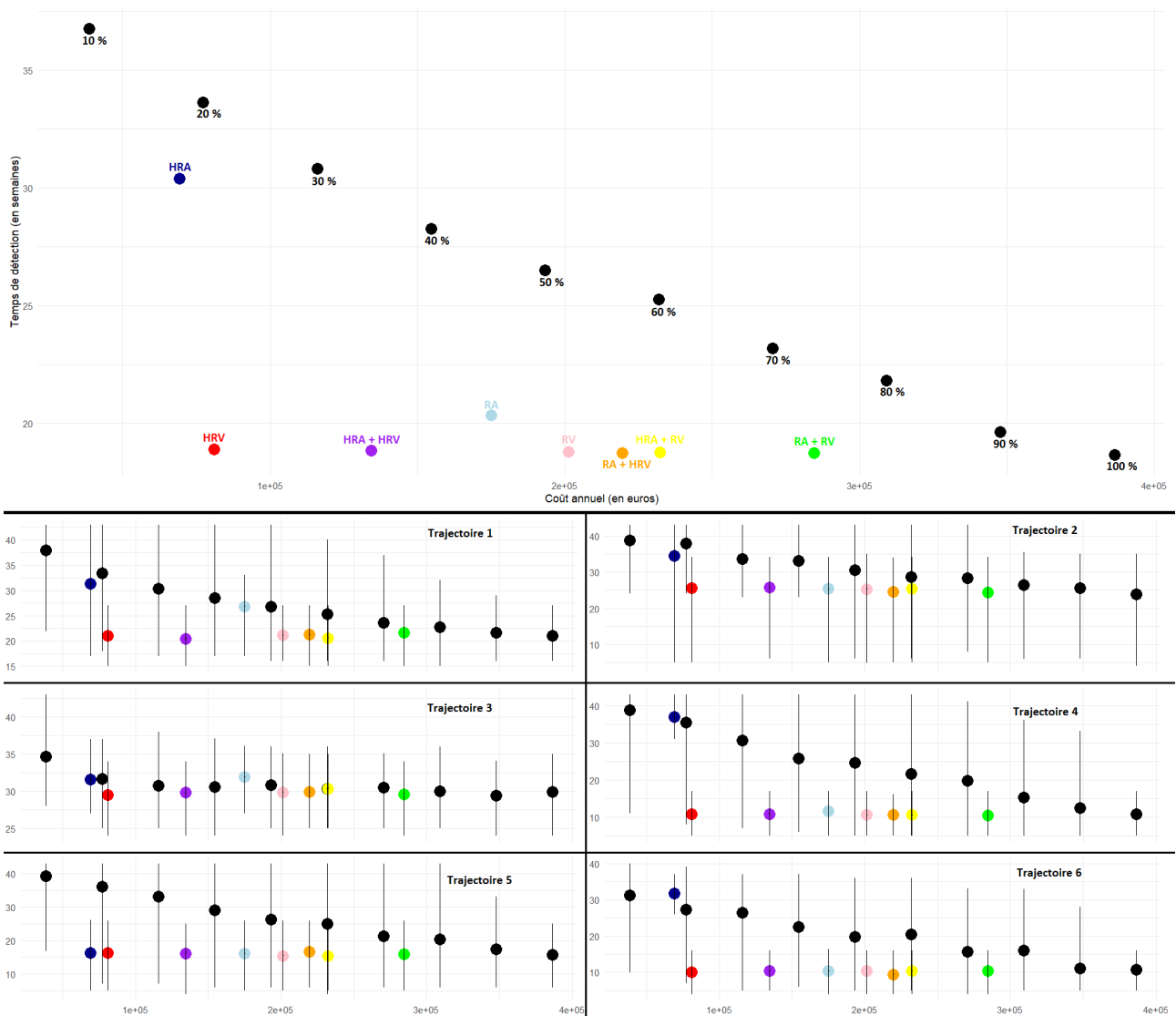


Figure 35 : Variation du temps de détection et du coût annuel du programme de surveillance selon les élevages testés pour la Stratégie vache dans le scénario avec achat d'une vache de Troie et naissance d'un veau IPI dans l'élevage FR35039006.

Ainsi, tout comme dans le scénario sans achat, les élevages HRV sont les plus intéressants à tester, car cela permet d'obtenir le meilleur compromis entre coût annuel et précocité de détection optimale.

- Naissance d'un veau IPI la vingt-troisième semaine dans l'élevage FR56147077

Dans ce scénario épidémiologique, il est à noter qu'en moyenne, la précocité de détection des élevages à risque intégrant le voisinage dans leur définition est similaire à celle observée lorsque l'on teste l'ensemble des élevages de la métapopulation. En effet, la précocité de détection varie entre 18 et 18,7 semaines pour les élevages à risque intégrant le voisinage, tandis qu'elle est de 18,1 semaines lorsque l'on teste l'ensemble des élevages de la métapopulation (cf. Annexe 11). Et lorsque l'on examine les résultats trajectoire par trajectoire, cette tendance reste valable pour l'ensemble des six trajectoires.

À l'inverse, dans ce scénario, lorsqu'on teste uniquement les élevages à risque reposant sur l'achat, la précocité de détection n'est pas aussi favorable par rapport à celle observée lorsqu'on teste un échantillon d'élevages de même taille (cf. Figure 36). En effet, lorsque l'on teste les élevages HRA, la précocité de détection est de 27,5 semaines, soit similaire à celle observée lorsqu'on teste aléatoirement 20 % de la métapopulation (27,1 semaines, cf. Annexe 11). Quant aux élevages RA (représentant 45 % de la métapopulation), la durée de détection (25,2 semaines, cf. Annexe 11) est supérieure à celle obtenue lorsqu'on teste aléatoirement 40 % des élevages de la métapopulation (23,7 semaines, cf. Annexe 11).

En détaillant les trajectoires, on observe que pour les six trajectoires, tester les élevages HRA présente une précocité de détection similaire à celle obtenue en testant aléatoirement 20 % des élevages de la métapopulation. En moyenne, la précocité de détection est légèrement meilleure lorsque l'on teste les élevages HRA par rapport à un échantillon aléatoire de 20 %, notamment pour les trajectoires 2, 3 et 4. En revanche, pour les trajectoires 1, 5 et 6, elle est légèrement moins bonne.

Concernant les élevages RA, la durée de détection observée est supérieure en moyenne, en particulier pour les trajectoires 5 et 6.

Ce manque de précocité de détection, lorsqu'on teste les élevages à risque reposant uniquement sur l'achat, est intrigant, car il y a bien une introduction par achat. Contrairement à l'élevage FR29105123, cet élevage est allaitant, et le veau IPI, étant en contact avec sa mère, peut contaminer les autres mères du troupeau. Cependant, le veau naît à la 23ème semaine. Or, la prophylaxie s'arrête à la 18ème semaine dans le modèle et reprend à la 40ème semaine. Par conséquent, cet élevage est soit testé avant la naissance du veau, soit bien après. Cela pourrait expliquer pourquoi la précocité de détection n'est pas aussi bonne que celle des élevages HRA.

Cependant, cette explication ne résout pas le fait que la précocité de détection est moindre pour les élevages RA par rapport à celle observée lorsqu'on teste un échantillon aléatoire d'élevages de même taille. De plus, la durée de détection pour les élevages RA est supérieure dans ce scénario (25,2 semaines, cf. Annexe 11) par rapport au scénario sans achat (21,3 semaines). Aucune explication logique n'a été trouvée pour ce phénomène, mais cela pourrait être lié à la trajectoire 5, qui présente une détection à 38,3 semaines (cf. Annexe 11) lorsque l'on teste les élevages RA. Cette durée de détection très longue par rapport aux autres trajectoires pourrait s'expliquer par le faible nombre d'élevages infectés dans cette trajectoire (148 dans la trajectoire 5 contre 179 ou plus dans les autres trajectoires de ce scénario, cf. Tableau 19). Cependant, dans le scénario sans achat, la

trajectoire 2, qui présente un nombre d'élevages infectés similaire après un an (145, cf. Tableau 14), a un temps de détection de 32,1 semaines (cf. Annexe 11) lorsque l'on teste les élevages RA.

L'écart de 6 semaines observé entre la trajectoire 5 de ce scénario et la trajectoire 2 du scénario sans achat peut être attribué à la stochasticité du modèle épidémiologique de l'équipe DYNAMO, avec une infection des élevages RA plus tardive dans la trajectoire 5 de ce scénario par rapport aux autres trajectoires.

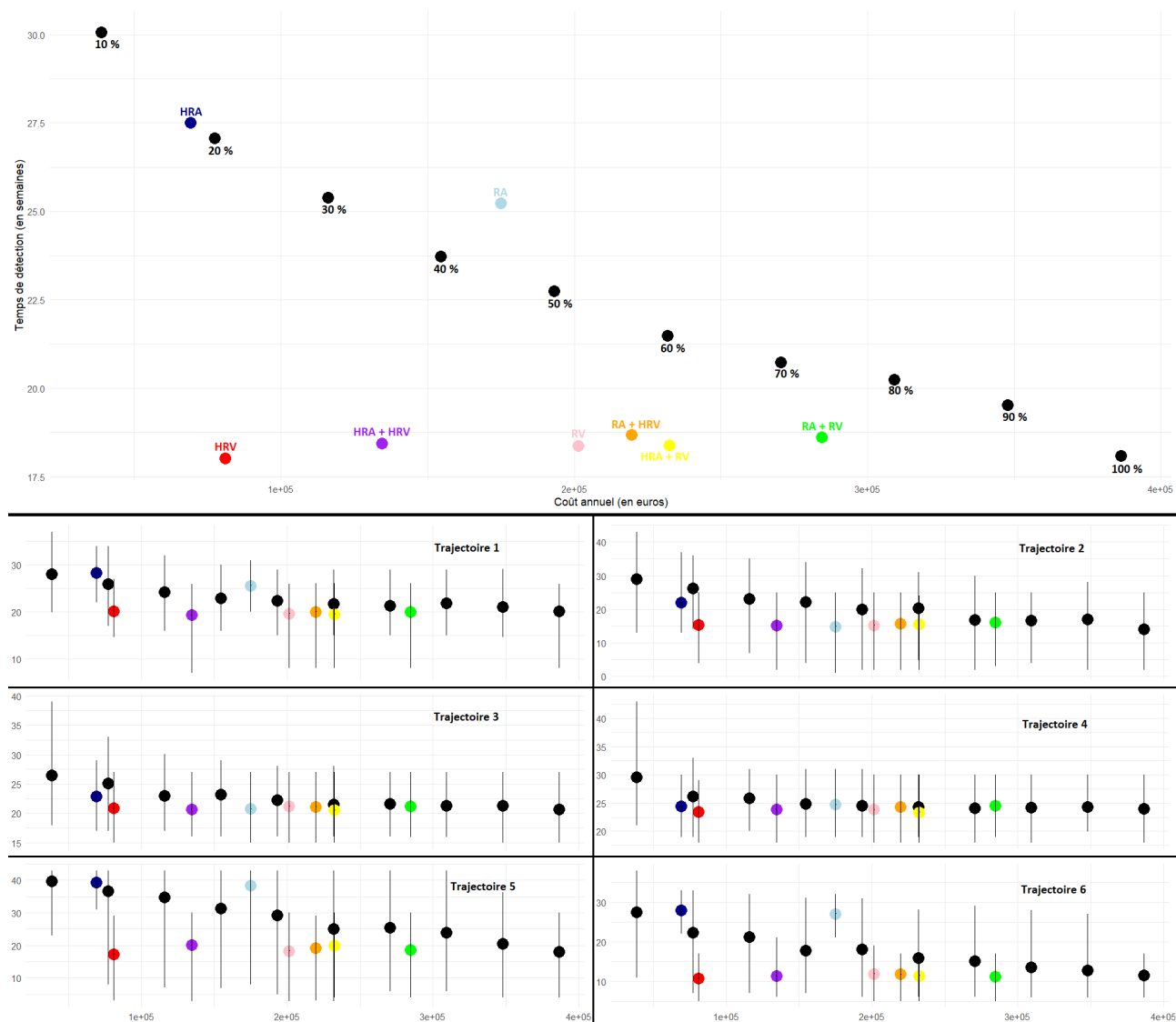


Figure 36 : Variation du temps de détection et du coût annuel du programme de surveillance selon les élevages testés pour la Stratégie vache dans le scénario avec achat d'une vache de Troie et naissance d'un veau IPI dans l'élevage FR56147077

Pour ce scénario également, en termes de précocité de détection et de coût annuel des tests, le meilleur choix d'élevages à tester reste celui des élevages HRV.

C-2-b Choix des élevages pour la Stratégie_veau

Pour la **Stratégie_veau**, les résultats sont attendus, mais ouvrent la voie à une discussion sur l'adaptation potentielle de la stratégie. En effet, dans les quatre scénarios avec achat, on observe que les groupes d'élevages à risque qui présentent une précocité de détection identique à celle obtenue en testant l'ensemble des élevages de la métapopulation sont ceux qui incluent l'élevage où naît le premier veau IPI. Par exemple, lorsque le veau IPI naît dans l'élevage FR22337170, les groupes d'élevages RA, RV, HRA+RV, RV+HRA, et RA+RV présentent une précocité de détection identique à celle observée pour l'ensemble de la métapopulation (cf Figure 37). De même, lorsqu'un veau naît dans les élevages FR29105123 ou FR35039006, qui appartiennent aux groupes à risque HRA, RA, HRA+HRV, HRA+RV, RA+HRV et RA+RV, on obtient la même précocité de détection (cf Figure 38 et 39). Enfin, lorsque le veau naît dans l'élevage FR56147077, qui appartient à tous les groupes à risque, tester n'importe quel groupe d'élevages à risque donne la même précocité de détection que tester l'ensemble de la métapopulation (cf Figure 40). Cela s'explique par le fait que le veau IPI, né de la vache de Troie, est détecté par la Stratégie_veau, ce qui accélère la détection de l'infection. Cela explique également pourquoi la Stratégie_veau est plus rapide que la Stratégie_vache dans ces scénarios.

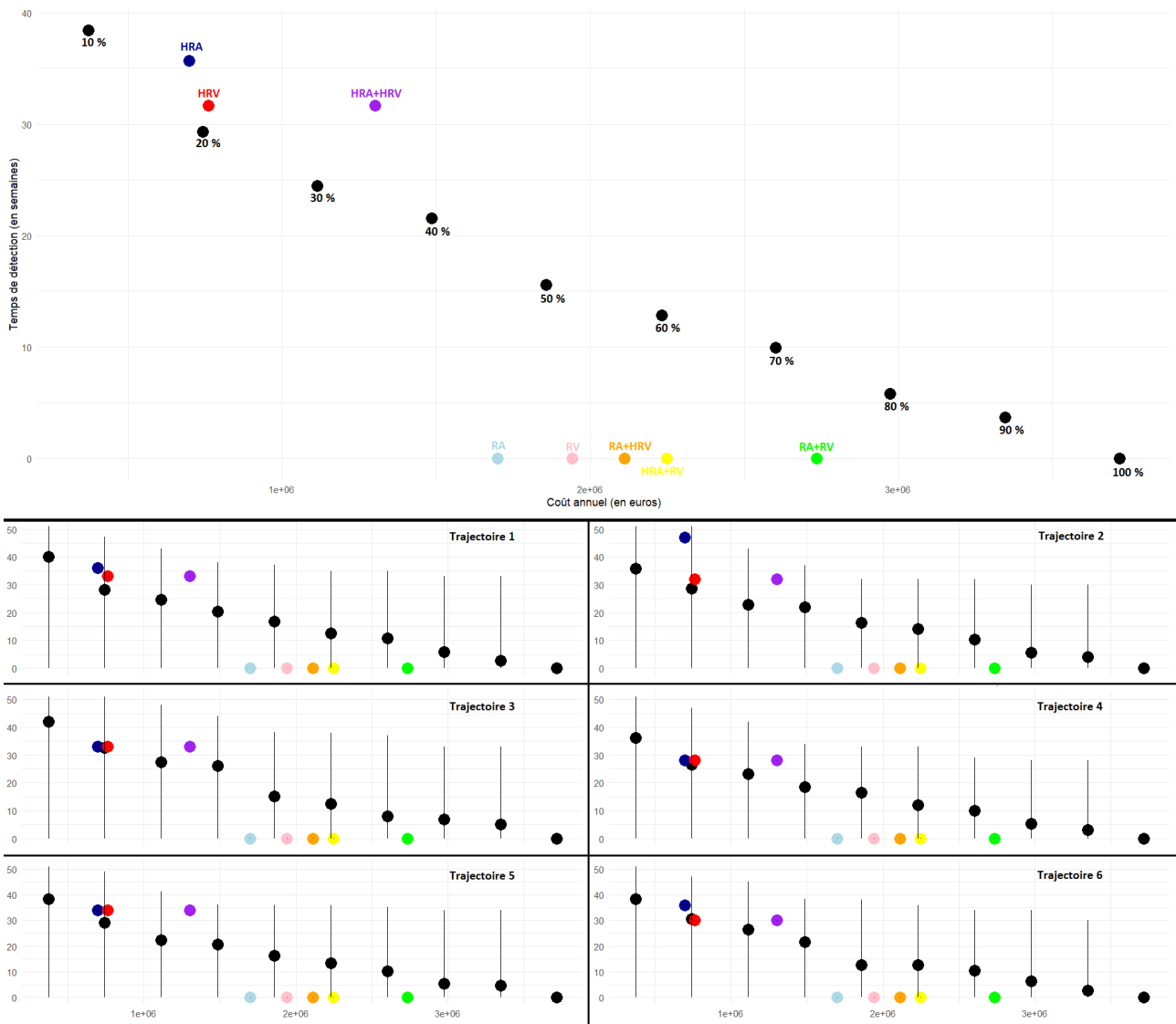


Figure 37 : Variation du temps de détection et du coût annuel du programme de surveillance selon les élevages testés pour la Stratégie veau dans le scénario avec achat d'une vache de Troie et naissance d'un veau IPI dans l'élevage FR22337170.

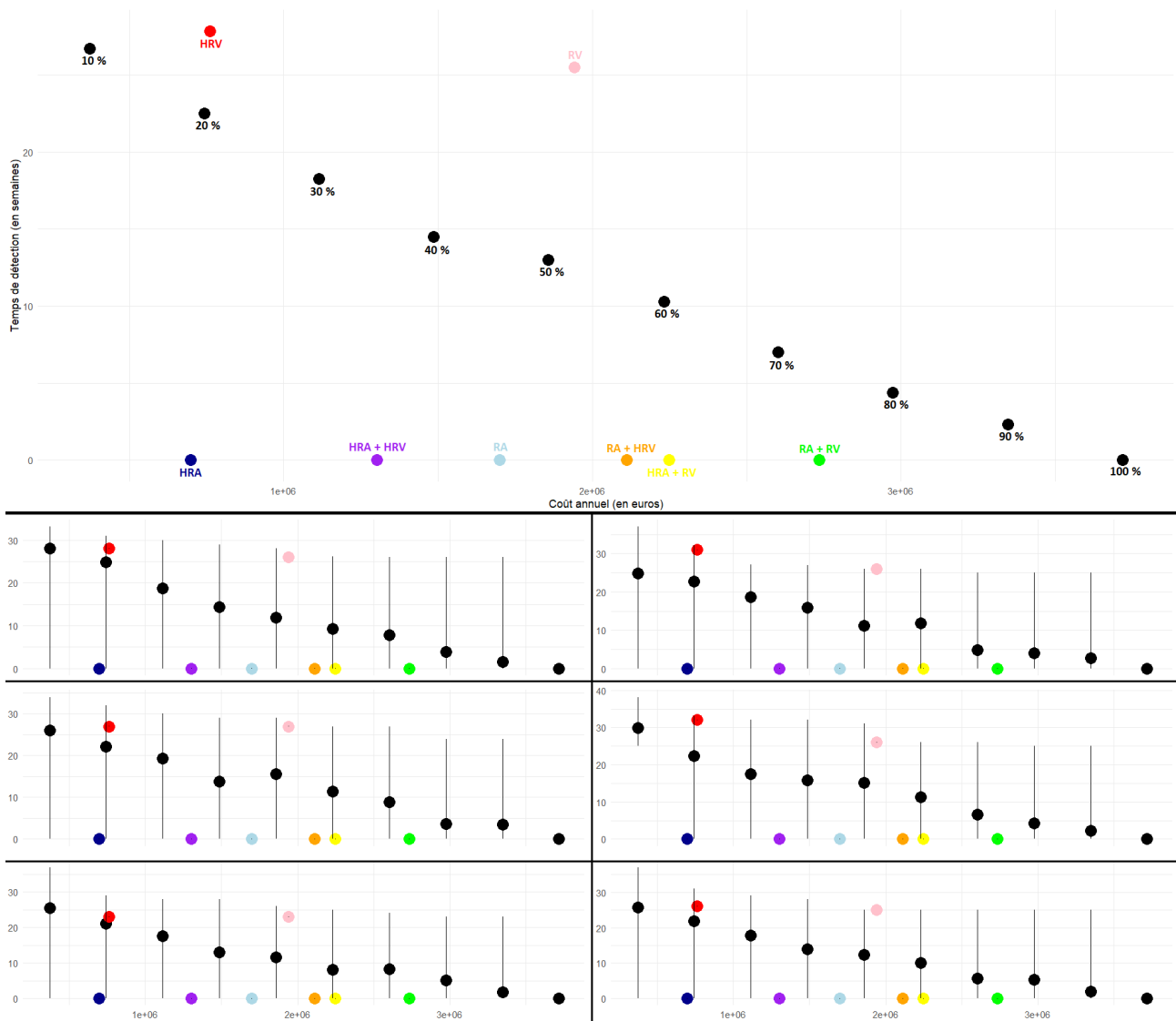


Figure 38 : Variation du temps de détection et du coût annuel du programme de surveillance selon les élevages testés pour la Stratégie veau dans le scénario avec achat d'une vache de Troie et naissance d'un veau IPI dans l'élevage FR29105123.

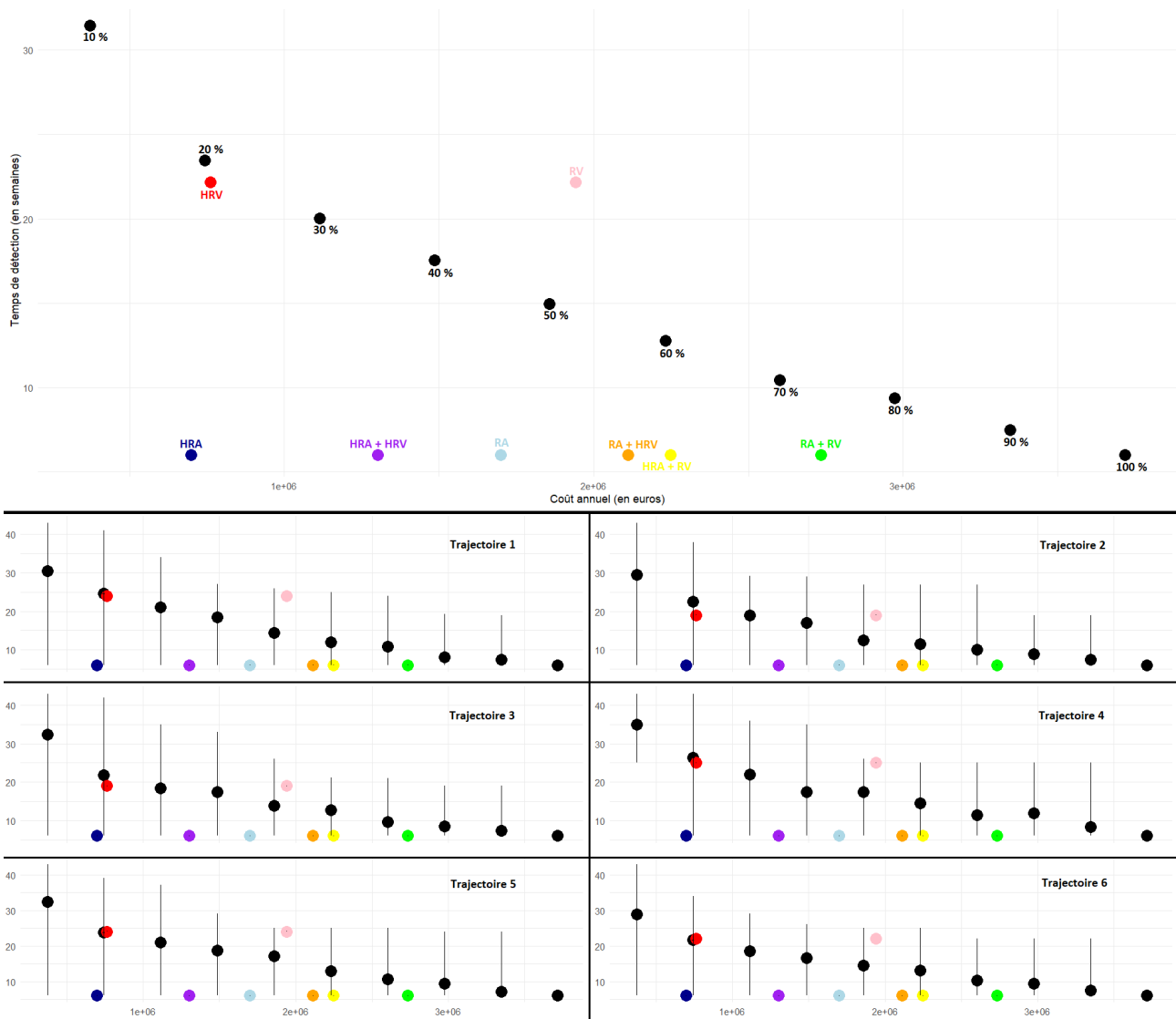


Figure 39 : Variation du temps de détection et du coût annuel du programme de surveillance selon les élevages testés pour la Stratégie veau dans le scénario avec achat d'une vache de Troie et naissance d'un veau IPI dans l'élevage FR35039006.

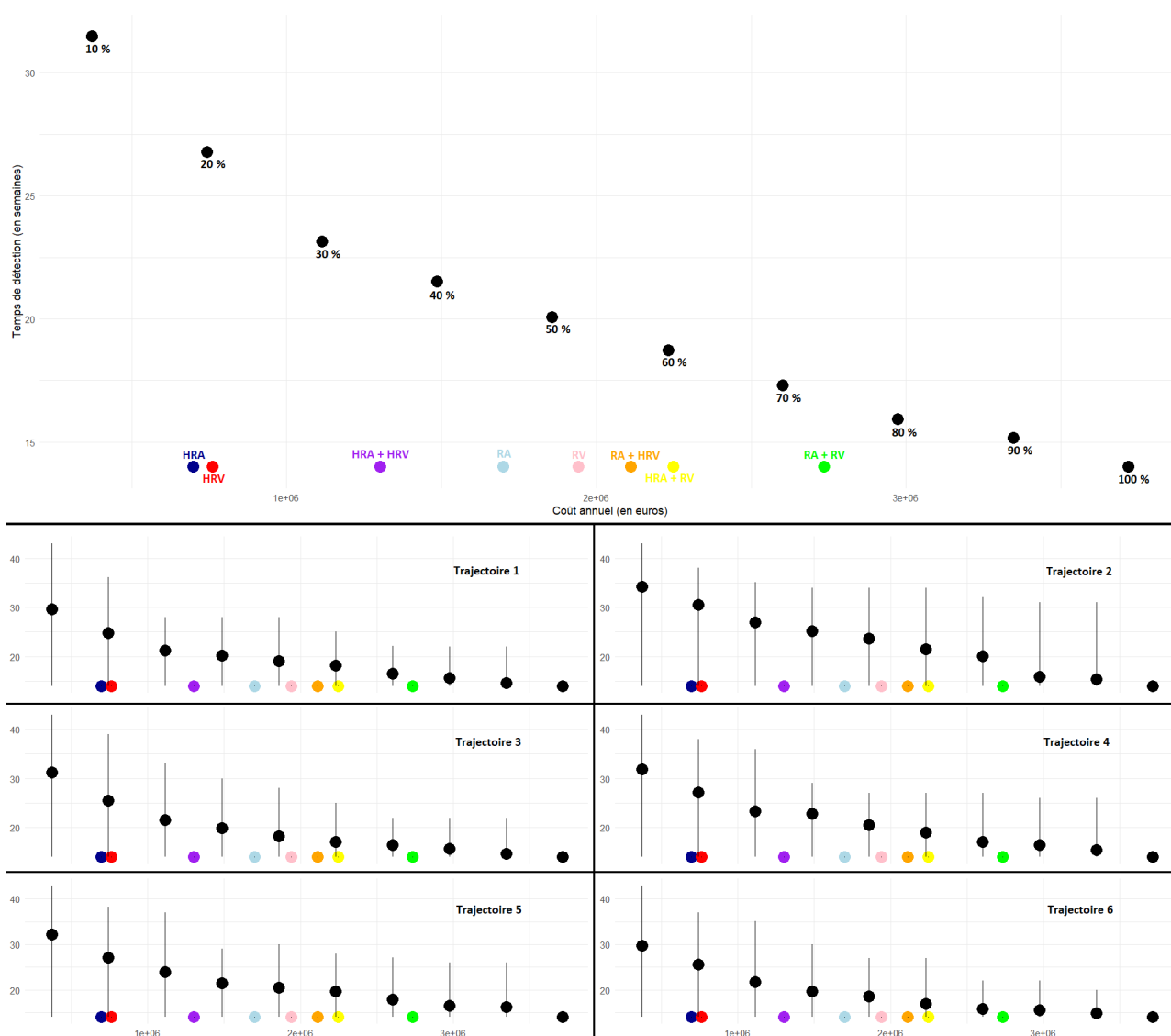


Figure 40 : Variation du temps de détection et du coût annuel du programme de surveillance selon les élevages testés pour la Stratégie veau dans le scénario avec achat d'une vache de Troie et naissance d'un veau IPI dans l'élevage FR56147077

Dans les scénarios épidémiologiques avec achat, la **Stratégie veau** apparaît plus précoce que la **Stratégie vache**, mais est nettement plus coûteuse à l'année. Cependant, cette détection plus rapide observée pour la **Stratégie veau** s'explique par le fait qu'elle détecte les veaux IPI issus des vaches de Troie achetées. Ainsi, il est possible de réduire considérablement le coût de cette stratégie. En effet, puisque le premier veau détecté est toujours celui né d'une vache de Troie (dans les scénarios épidémiologique étudiés), il serait plus économique de limiter la **Stratégie veau** aux veaux nés de mères achetées gestantes provenant de zones non indemnes, plutôt que de tester l'ensemble des veaux de la métapopulation. Cela permettrait de réduire le coût annuel en passant de plusieurs centaines de milliers de veaux à tester à une centaines (157 en 2009, par exemple).

BILAN

En fonction des critères de coût annuel des tests, de la précocité de détection et de la minimisation des faux positifs, le programme de surveillance optimal consisterait à réaliser des tests sérologiques sur les vaches des 20 % d'élevages ayant le plus de voisins, associés à des tests virologiques sur les veaux nés de mères achetées gestantes provenant de zones non qualifiées indemnes de BVDV.

IV Discussion

A Discussion autour du modèle épidémiologique développé par l'équipe DYNAMO

Le modèle épidémiologique développé par l'équipe DYNAMO est très complet et permet de simuler efficacement la dynamique de propagation du BVDV. Cependant, comme tout modèle, il comporte des simplifications et ne peut pas retranscrire l'intégralité de la complexité des dynamiques réelles.

A-1 Description des élevages

Le modèle épidémiologique développé par l'équipe DYNAMO distingue les ateliers laitiers et allaitant permettant de retranscrire les caractéristique propre des ces différents modèles de production qui ont un impact sur la transmission du BVDV dans l'élevage. En effet, si on prend l'exemple des veaux, ceux ci sont séparé du troupeau producteur dans les élevages laitiers et ont donc peut de chance de le contaminer, alors que dans les élevages allaitant, les veaux sont avec leur mère ce qui peut entraîner la contamination du troupeau par les veaux. Cependant, chaque élevages à un accès aux pâtures et en même temps, de mars à septembre, période durant laquelle les animaux peuvent se contaminer par contacts au voisinage.

A-2 Propagation du virus de la diarrhée virale bovine au sein de la métapopulation

Tout d'abord, l'introduction aléatoire se fait uniquement par une pression d'infection au voisinage, ce qui exclut les contaminations liées à l'achat de bovins, à la faune sauvage ou au matériel souillé. Ces méthodes de contamination peuvent toutefois être simulées à l'aide de l'introduction fixe, qui permet d'introduire des animaux IPI dans n'importe quel élevage, à n'importe quel moment. Cependant, l'introduction d'une vache de Troie n'est pas possible par ce biais ; il faut définir manuellement la naissance du veau et l'introduire dans l'élevage, comme cela a été fait dans cette étude. Une fois le virus introduit dans la métapopulation, celui-ci peut se propager soit par contact aux pâtures, soit par achat d'un individu malade depuis un élevage au sein de la métapopulation. Au sein de l'élevage, la propagation du virus est dépendant des interactions entres les différents bovins du troupeau.

Ensuite, deux valeurs importantes du modèle reposent sur des choix méthodologiques et des essais, et non sur des données bibliographiques. La première valeur concerne le coefficient K_{ext} , fixé à 10^{-7} dans l'étude. Cette valeur a été choisie en se basant sur l'incidence actuelle des troupeaux bretons

nouvellement infectés par le BVDV. Cependant, dans un contexte où la Bretagne serait indemne, cette incidence pourrait être bien plus faible, en particulier à l'avenir, lorsque la France progresse vers l'éradication du BVDV. Ce coefficient essentiel doit être défini avant le lancement des simulations, et sa valeur peut être modifiée en fonction de l'évolution du statut sanitaire de la France, ou pour adapter le modèle à d'autres régions ou pays. Donc si la valeur 10^{-7} ne convient, d'autres études pourront être réalisées avec une valeur différente.

La seconde variable importante est la distance maximale entre deux élevages voisins, fixée à 6 km. Cette variable peut également être adaptée selon les besoins de l'utilisateur. Toutefois, le modèle simplifie la probabilité de contamination en la rendant uniforme, peu importe que la distance soit de 1 ou 6 km alors que la proximité entre deux élevages joue un rôle clé dans la transmission du BVDV. Cette simplification a été choisie pour optimiser le temps d'exécution du programme. En effet, il est plus rapide de diviser l'espace en deux zones autour des élevages contaminés : une zone où les élevages peuvent être contaminés avec une probabilité βp (cf. Figure 17), et une autre où la contamination est impossible. Ce choix permet de réduire les calculs complexes liés à la distance réelle. De plus, dans le modèles, les adresses utilisés pour les élevages sont les adresses administratifs. Or là contamination qui se fait lors de la saison des pâturages se fait justement aux pâturages, qui ne sont pas forcément au même endroit que l'adresse administratif et peuvent même être éloigné de plusieurs kilomètre de cette adresse administratif.

Enfin, le modèle choisi est un modèle individu-centré, et non compartimenté. Bien qu'un modèle compartimenté aurait permis de réduire le temps d'exécution, il n'aurait pas reproduit de manière aussi fidèle les interactions individuelles et la dynamique de transmission du BVDV, ce qui justifie le choix du modèle individu-centré.

B Discussion autour de mon modèle de simulation des programmes de surveillance

B-1 Discussion autour de la modélisation des programmes de surveillance

Dans la construction de mon modèle de surveillance, plusieurs choix ont été faits en raison des limitations inhérentes au modèle épidémiologique de base sur lequel il repose. Tout d'abord, j'ai décidé de ne pas tenir compte des ateliers dérogatoires. Ceux-ci sont donc traités de la même manière que les autres élevages. Cette décision découle du fait que le modèle épidémiologique utilisé pour alimenter ma modélisation des programmes de surveillance ne distingue pas ces élevages des autres. L'absence de données spécifiques concernant les ateliers dérogatoires dans le modèle de référence a conduit à une simplification de la réalité. Il est important de souligner que cette simplification pourrait, dans un contexte réel, conduire à une sous-estimation des risques associés aux élevages dérogatoires, mais elle est justifiée par les données disponibles dans le modèle épidémiologique de base.

En second lieu, j'ai choisi de ne pas intégrer la surveillance événementielle dans mon modèle. Bien que cette méthode de surveillance soit indispensable et très efficace sur le terrain, où l'observation de signes cliniques évocateurs de la BVDV mène à des prélèvements ciblés, sa mise en œuvre dans

un modèle nécessite de prendre en compte des événements spécifiques tels que les avortements. Cela nécessiterait de tester chaque vache qui avorte, mais avec plus de 2 millions de bovins dans la métapopulation, la collecte des informations nécessaires, comme la gestion de la gestation et son issue (menée à terme ou non), s'avère trop lourde et irréaliste avec les ressources et le matériel à ma disposition.

De plus, ne pas intégrer la surveillance événementielle permet d'évaluer l'efficacité de la surveillance programmée seule, tout en étant conscient que sur le terrain, la surveillance événementielle existe et pourrait optimiser la précocité de la détection du BVDV.

B-2 Discussion autour de la modélisation des prélèvements et des tests diagnostics

Les prélèvements constituent la première étape des tests diagnostiques. Toutefois, des approximations ont dû être faites dans mon modèle concernant les dates de prélèvement.

Pour les prélèvements de sérum, réalisés dans les élevages allaitants, les dates de prélèvements correspondent à la réalité, puisque dans le modèle, les prélèvements sanguins sont effectués sur les dates de la campagne de prophylaxie. Ces dates ont été obtenues grâce à une recherche bibliographique. En revanche, pour les prélèvements de lait, aucune date précise n'a été trouvée. Le seul élément disponible est que ces prélèvements sont effectués de manière trimestrielle. Par conséquent, pour chaque répétition de mon programme, la date de prélèvement de lait est déterminée de manière aléatoire. Le premier prélèvement a lieu entre la 1^{ère} et la 13^{ème} semaine. Les autres prélèvements sont espacés de 13 semaines.

Enfin, pour les prélèvements d'échantillons chez les veaux, réalisés lors de l'identification par bouclage auriculaire, ceux-ci sont effectués la même semaine que la naissance du veau dans mon modèles. Or, bien que l'identification dans la première semaine soit recommandée, la loi autorise un délai de 20 jours pour effectuer ce prélèvement. Cependant, n'ayant pas trouvé de données sur la proportion de veaux identifiés lors de la première, deuxième ou troisième semaine suivant leur naissance, j'ai choisi de supposer, dans mon modèle, que tous les veaux étaient identifiés au cours de la première semaine. Cette approximation permet d'éviter de ralentir l'exécution du modèle en ajoutant un calcul aléatoire pour chaque naissance afin de déterminer au bout de combien de semaines le veau serait identifié.

Concernant les tests sérologiques et les programmes de surveillance qui les utilisent, plusieurs simplifications ont été réalisées.

Tout d'abord, pour la sérologie sur sérum, celle-ci est bien réalisée sur un mélange de sérum. Si le résultat est positif, le programme détermine s'il s'agit d'un vrai positif ou d'un faux positif. Si c'est un vrai positif, l'exécution du programme s'arrête, sinon le nombre de faux positifs augmente, ce qui est correct.

Cependant, pour la sérologie sur le lait de tank, il n'y a que deux résultats possibles : positif ou négatif. Dès qu'un résultat est réellement positif, le programme interrompt son exécution. Or, sur le terrain, les tests sérologique sur le lait de tank peuvent révéler plusieurs catégories de résultats (cf. Tableau 20). Les élevages ne sont pas positifs ou simplement négatifs, mais peuvent avoir jusqu'à cinq statuts différents, selon le résultat obtenues à trois tests successifs (cf Tableau 21). Ainsi, le programme de surveillance utilisé dans mon modèle ne reflète pas parfaitement la réalité, ce qui peut entraîner des différences de précocité de détection entre mon programme et la réalité. En effet, là où, sur le terrain, des analyses plus fines seraient réalisées pour un résultat de type 0,2,0 ou 2,2,0 (élevage de catégorie E), dans mon modèle, un résultat de type 0 serait immédiatement interprété comme négatif et aucune action ne serait entreprise. Inversement, un résultat de type 0,0,1, où peu de vaches seraient considérées comme séropositives, entraînerait une concentration sur la protection de ce cheptel dans la réalité pour éviter l'introduction du BVDV, mais dans mon modèle, ce cheptel apparaîtrait directement comme positif.

Cette simplification a été mise en place pour limiter le nombre de calculs et ainsi réduire le temps d'exécution du programme. De plus, étant donné que la Bretagne est supposée indemne dans le modèle, tous les résultats initiaux sont égaux à 0 avant le début de la simulation. Par conséquent, même un faible résultat positif serait classé dans les catégories B ou C. Une modification possible dans le modèle aurait consisté à fixer la positivité du lait de tank à 0,3 au lieu de 0,1, ce qui aurait forcé le passage de la catégorie A à catégorie C. Cela aurait probablement allongé la durée de détection du BVDV dans la Stratégie_vache .

Tableau 20 : Interprétation du pourcentage d'inhibition observé dans le lait de tank, et sa signification sur l'élevage (89)

Notes	Pourcentage d'inhibition	Taux estimé de vaches séropositives
0	Inférieur à 35 %	Moins de 10%
1	Entre 35% et 60%	De 10% à 30%
2	Supérieur à 60%	Plus de 30%

Tableau 21 : Statut du troupeau selon les notes obtenues lors des trois derniers tests sérologiques successifs (89)

Combinaison	Evolution du taux de vaches séropositives	Interprétation	Statut
000 – 010 – 100 110 – 200 – 210	Pas ou peu de vaches séropositives	Probablement indemne (= sensible)	A
001 – 011 – 101 111 – 211	Peu de vaches séropositives	9 fois sur 10 indemne (= sensible)	B
012 – 021 – 002 102 – 022 – 112	En augmentation rapide	Séroconversion Infection en cours ?	C
121 – 222 221 – 122 – 212	Pourcentage important et persistant de vaches séropositives	Infection récente (moins de 2 ans), voire encore circulante ou vaccination ⁽²⁾	D
220 – 202 – 201 020 – 120	Evolution du taux d'anticorps en dent de scie	Pas de statut déterminé ; A interpréter en fonction du contexte d'élevage	E

Pour les tests sérologiques, les sensibilités et spécificités utilisées sont celles des sérologies sur lait ou sur sérum individuel. Toutefois, les valeurs de sensibilité et de spécificité peuvent différer entre échantillons individuels et ceux de mélange, ce qui pourrait induire un plus grand nombre de faux négatif ou de faux positifs selon le type d'échantillon utilisé. Ces paramètres étant fixés dans mon programme, il est cependant facile de les modifier pour évaluer leur impact sur les résultats.

B-3 Discussion autour du matériel utilisé

Dans cette étude, j'ai utilisé mon ordinateur personnel sous Windows. La version moderne de LibreOffice Calc permet de lire jusqu'à 1 048 576 lignes , ce qui est suffisant pour traiter une trajectoire épidémiologique sur une année (1 009 226 lignes), mais limite la lecture à des fichiers plus grands.

Malgré cette contrainte, cela ne semble pas avoir constitué un obstacle majeur pour l'obtention de mes résultats. Cependant, cette limite m'a contraint à travailler avec un fichier CSV par trajectoire épidémiologique, soit un total de 31 fichiers CSV . Cela m'a obligé à implémenter une boucle de lecture dans mon modèle, ce qui, bien que plus lent que la lecture d'un seul fichier CSV, n'a pas eu un impact significatif sur la performance du traitement global.

C Discussion autour des résultats

C-1 Comparaison des résultats avec la bibliographie

Tout d'abord, les résultats obtenus montrent qu'en se basant sur les paramètres étudiés (coût annuel du programme de surveillance, nombre d'élevages faux positifs et précocité de détection), le meilleur programme de surveillance dans mon étude est : La **Stratégie_vache** appliquée aux élevages HRV, associée à la **Stratégie_veau** appliquée aux veaux nés de mères gestantes achetées en dehors de la zone indemne.

En comparant ces résultats avec ceux de la bibliographie, plusieurs points se dégagent : Tout d'abord, en France, bon nombre de GDS, dont le GDS breton, recommandent fortement de tester les veaux nés de mères achetées gestantes. Cela illustre l'importance de cette mesure, confirmée par les résultats de mon étude comme étant un élément clé d'un programme de surveillance optimal.

Concernant la partie sérologique, on observe que cette stratégie de détection est utilisée par l'ensemble des pays européens indemnes de BVDV, ainsi que par les départements français les plus avancés en matière d'éradication du virus.

En ce qui concerne le choix des élevages à cibler, je n'ai pas trouvé dans la bibliographie de travaux confirmant ou infirmant mes résultats. Toutefois, l'étude d'A.K. Ersbøll et al. (2010) souligne clairement l'impact important du voisinage dans la propagation du BVDV, ce qui soutient indirectement mes conclusions (90).

Il convient cependant de nuancer ces résultats :

Mon étude a été réalisée en considérant uniquement les paramètres évalués. Le programme de surveillance optimal identifié est en effet moins coûteux et génère beaucoup moins de faux positifs que le dépistage de l'ensemble des élevages bretons. Cependant, tester systématiquement tous les élevages présente un avantage majeur : il permet de connaître le statut sanitaire complet de chaque exploitation, ce qui est extrêmement utile, notamment pour la recherche.

C-2 Limites et critique des résultats obtenus

Dans mon étude, les élevages à risque voisin (HRV et RV) correspondent respectivement à 20 % et 50 % des résultats. Il aurait été intéressant de tester d'autres proportions, par exemple 10 % des élevages ayant le plus de voisins, afin d'évaluer si une réduction de la proportion testée pourrait maintenir une bonne précocité de détection tout en réduisant le coût de la surveillance. De plus, le voisinage a été déterminé en fonction de l'adresse administrative de l'élevage. Dans la réalité, il serait préférable de considérer le voisinage en fonction des voisins de pâture. Cette approche pourrait potentiellement modifier la précocité de détection observée dans l'étude.

En dehors du choix des élevages, un autre point qui aurait pu être exploré, mais qui ne l'a pas été par manque de temps (notamment à cause d'une panne d'ordinateur), concerne la question des élevages sentinelles.

En effet, si l'on infecte un seul élevage dans la métapopulation (et que c'est la seule source d'infection), comment le virus se propage-t-il ? Quels élevages sont infectés au cours de l'année ? En répétant l'expérience plusieurs fois, en infectant à chaque fois un élevage différent, observe-t-on des élevages régulièrement contaminés dans les différents scénarios ?

Si tel est le cas, quelles sont les caractéristiques de ces élevages ?

Au vu des résultats obtenus, on pourrait supposer qu'il s'agit des élevages disposant de nombreux voisins, car en ayant beaucoup de voisins, ils pourraient également avoir des voisins de voisins, mais ce n'est pas nécessairement le cas. Ainsi, déterminer les caractéristiques des élevages régulièrement infectés pourrait avoir permis d'identifier les types d'élevages à tester prioritairement.

D Perspectives

Cette étude s'est consacré sur quelle stratégie de surveillance mettre en place et quels élevages cibler. Cependant, de nombreux autres paramètres peuvent et doit être étudiée pour évaluer l'efficacité d'un programme de surveillance.

Tout d'abord la fréquence des tests. Plus on augmente la fréquence, plus on devrait détecter précocement le BVDV, mais plus le coût du programme de surveillance sera cher. Quel serait alors le bon compromis ? Par exemple, pour les élevages laitier est ce que les tester de manière trimestrielle est suffisant ?

Ce qui est intéressant avec ce paramètre et qu'il interoge aussi sur l'effort de mise en place du programme de surveillance. En effet, pour la sérologie lait, l'effort de prélèvement est pas trop important. Mais, pour le prélèvement de sérum, celui-ci est très compliqué. Il faut attraper et contenir les vaches, faire passer le vétérinaire. Ainsi réaliser deux prélèvement dans l'année devrait présenter une précocité de détection vraiment exceptionnel pour expliquer l'augmentation du coût de la surveillance et surtout des efforts nécessaire pour la mettre en place. A l'inverse, est ce que tester les élevages tous les deux aurait un impact si néfaste sur la précocité de détection.

Un second point qui pourrait être étudié est au sein de l'élevages, qu'elle groupe d'animaux cibler ? Par exemple pour les ateliers allaitant j'ai décidé de tester les bovins âgées de 24 à 48 mois, mais ne serait il pas plus intéressant de tester les 6 à 24 mois.

Le modèle épidémiologique de l'équipe DYNAMO permet déjà d'obtenir les informations du statut de santé des animaux selon leur groupe d'âge. Et apportant quelque légère modification à mon modèle, il sera possible de choisir la fréquence des tests, et le groupe d'âge que l'on souhaite cibler au sein des élevages.

Conclusion

L'étude effectuée a permis, dans un premier temps, d'utiliser la nouvelle version du modèle épidémiologique sur la propagation du BVDV développé par l'équipe DYNAMO. Ce modèle est plus performant que l'ancien et fonctionne désormais à plus grande échelle, couvrant une région entière, alors qu'il était auparavant limité à une zone géographique restreinte au sein d'un département.

Ensuite, cette étude a permis d'élaborer divers programmes de surveillance en cherchant à refléter au mieux la réalité du terrain (choix des animaux à tester, durée de prophylaxie de 40 semaines, prise en compte de la sensibilité et de la spécificité des tests, etc.). Les simulations ont montré que lorsqu'une zone d'intérêt approche de l'éradication du BVDV, il est plus judicieux de surveiller les élevages à l'aide de tests sérologiques. En effet, cette stratégie, en plus d'être nettement moins coûteuse que celle consistant à tester tous les veaux par virologie sur biopsie auriculaire, offre une meilleure précocité de détection pour les élevages ciblés (comme les élevages présentant le plus grand nombre de voisins).

L'étude illustre également l'importance de tester les veaux issus de vache gestante récemment achetées, permettant ainsi de détecter rapidement l'introduction d'un animal IPI par achat.

Il ressort également de cette étude l'intérêt de cibler les élevages avec un grand nombre de voisins. Tester 20 % des élevages présentant le plus grand nombre de voisins permet d'obtenir une précocité de détection similaire, voire supérieure, à celle observée en testant l'ensemble des élevages de la métapopulation, lorsque l'achat n'est pas à l'origine de la contamination. Cela se traduit par un coût annuel réduit et un nombre de faux positifs nettement inférieur. De plus, en cas de contamination par achat, tester les veaux nés de mères achetées permet une détection presque instantanée.

Ainsi, en termes purement de coût (direct lié au coût annuel du programme de surveillance, et indirect lié à la présence d'élevages faux positifs induisant des coûts d'investigation infructueux) et de précocité de détection, le meilleur programme de surveillance semble être de tester par sérologie (sur le lait pour les ateliers livrant à la laiterie, sur le sérum pour les autres) les élevages présentant le plus grand nombre de voisins (pour l'étude, 20 % des élevages de la population présentant le plus de voisins est suffisant), associé au test systématique à la naissance des veaux issus de mères achetées.

Pour approfondir cette étude, il serait intéressant d'explorer d'autres paramètres de ciblage au sein des élevages. En effet, dans les élevages allaitants, plusieurs populations cibles peuvent être envisagées : tester les animaux âgés de 6 à 24 mois, de 24 à 48 mois (comme dans cette étude) ou encore l'ensemble des animaux. Il serait pertinent d'évaluer si le choix de ces catégories influence la précocité de détection et le coût annuel du programme de surveillance.

Bibliographie

1. Woods A. Writing the History of Endemic Viral Disease: The Case of Bovine Viral Diarrhoea, c.1945–1980. *Soc Hist Med.* 1 août 2022;35(3):847-66.
2. Richter V, Lebl K, Baumgartner W, Obritzhauser W, Käsbohrer A, Pinior B. A systematic worldwide review of the direct monetary losses in cattle due to bovine viral diarrhoea virus infection. *Vet J.* 1 févr 2017;220:80-7.
3. Lanyon SR, Hill FI, Reichel MP, Brownlie J. Bovine viral diarrhoea: pathogenesis and diagnosis. *Vet J Lond Engl* 1997. févr 2014;199(2):201-9.
4. Arrêté du 31 juillet 2019 fixant des mesures de surveillance et de lutte contre la maladie des muqueuses/diarrhée virale bovine (BVD). Disponible sur : <https://www.legifrance.gouv.fr/loda/id/JORFTEXT000038858861/2024-12-04/>
5. Ezanno P, Andraud M, Beaunée G, Hoch T, Krebs S, Rault A, et al. How mechanistic modelling supports decision making for the control of enzootic infectious diseases. *Epidemics.* sept 2020;32:100398.
6. Qi L, Beaunée G, Arnoux S, Dutta BL, Joly A, Vergu E, et al. Neighbourhood contacts and trade movements drive the regional spread of bovine viral diarrhoea virus (BVDV). *Vet Res.* 29 avr 2019;50(1):30.
7. Haye A. AgriEco. 2022 [cité 2 août 2024]. Quelles évolutions de l'élevage en Bretagne ces dix dernières années ? Disponible sur: <https://blog-eco-bzh.chambres-agriculture.fr/productions-animales/quelles-evolutions-de-lelevage-en-bretagne-ces-dix-dernieres-annees/>
8. Cheptel présent dans les exploitations agricoles en fin d'année 2022 | Insee [Internet]. [cité 27 juin 2024]. Disponible sur: https://www.insee.fr/fr/statistiques/2012795#tableau-TCRD_073_tab1_regions2016
9. Schweizer M, Stalder H, Haslebacher A, Grisiger M, Schwermer H, Di Labio E. Eradication of Bovine Viral Diarrhoea (BVD) in Cattle in Switzerland: Lessons Taught by the Complex Biology of the Virus. *Front Vet Sci* [Internet]. 9 juill 2021 [cité 19 juin 2024];8. Disponible sur: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34557540/>
10. Chi S, Chen S, Jia W, He Y, Ren L, Wang X. Non-structural proteins of bovine viral diarrhoea virus. *Virus Genes.* déc 2022;58(6):491-500.
11. Taxon Details | ICTV [Internet]. [cité 21 juin 2024]. Disponible sur: https://ictv.global/taxonomy/taxondetails?taxnode_id=202303153
12. Rivas J, Hasanaj A, Deblon C, Gisbert P, Garigliany MM. Genetic diversity of Bovine Viral Diarrhoea Virus in cattle in France between 2018 and 2020. *Front Vet Sci.* 2022;9:1028866.
13. Ammari M, McCarthy FM, Nanduri B, Pinchuk LM. Analysis of Bovine Viral Diarrhoea Viruses-infected monocytes: identification of cytopathic and non-cytopathic biotype differences. *BMC Bioinformatics.* 7 oct 2010;11 Suppl 6(Suppl 6):S9.

14. BVD observatoire [Internet]. [cité 24 juin 2024]. *Epidemiologie / BVD : La maladie / BVD observatoire*. Disponible sur:
<https://www.bvdobservatoire.com/BVD-La-maladie/Epidemiologie>
15. Chamorro MF, Walz PH, Haines DM, Passler T, Earleywine T, Palomares RA, et al. Comparison of levels and duration of detection of antibodies to bovine viral diarrhoea virus 1, bovine viral diarrhoea virus 2, bovine respiratory syncytial virus, bovine herpesvirus 1, and bovine parainfluenza virus 3 in calves fed maternal colostrum or a colostrum-replacement product. *Can J Vet Res*. avr 2014;78(2):81-8.
16. A.Douart, R.Guatteo. Polycopié Pathologie infectieuse de l'intestin : La Diarrhée Virale Bovine (Bovine Viral Diarrhoea BVD).
17. Khodakaram-Tafti A, Farjanikish GH. Persistent bovine viral diarrhoea virus (BVDV) infection in cattle herds. *Iran J Vet Res*. 2017;18(3):154-63.
18. Baker JC. The clinical manifestations of bovine viral diarrhoea infection. *Vet Clin North Am Food Anim Pract*. nov 1995;11(3):425-45.
19. Merck Veterinary Manual [Internet]. [cité 1 oct 2024]. *Bovine Viral Diarrhoea and Mucosal Disease Complex - Generalized Conditions*. Disponible sur:
<https://www.merckvetmanual.com/generalized-conditions/bovine-viral-diarrhoea/bovine-viral-diarrhoea-and-mucosal-disease-complex>
20. Liebler-Tenorio EM, Lanwehr A, Greiser-Wilke I, Loehr BI, Pohlenz J. Comparative investigation of tissue alterations and distribution of BVD-viral antigen in cattle with early onset versus late onset mucosal disease. *Vet Microbiol*. 15 nov 2000;77(1):163-74.
21. Richter V, Kattwinkel E, Firth CL, Marschik T, Dangelmaier M, Trauffer M, et al. Mapping the global prevalence of bovine viral diarrhoea virus infection and its associated mitigation programmes. *Vet Rec*. 8 juin 2019;184(23):711.
22. Greiser-Wilke I, Grummer B, Moennig V. Bovine viral diarrhoea eradication and control programmes in Europe. *Biol J Int Assoc Biol Stand*. juin 2003;31(2):113-8.
23. Niskanen R, Lindberg A. Transmission of bovine viral diarrhoea virus by unhygienic vaccination procedures, ambient air, and from contaminated pens. *Vet J Lond Engl* 1997. mars 2003;165(2):125-30.
24. Mars MH, Brusckhe CJ, van Oirschot JT. Airborne transmission of BHV1, BRSV, and BVDV among cattle is possible under experimental conditions. *Vet Microbiol*. 19 avr 1999;66(3):197-207.
25. Rahim Tayefeh A, Talebkhan Garoussi M, Heidari F, Bakhshesh M, Shirazi A, Vahidi M. Effect of bovine viral diarrhoea virus biotypes exposure on bovine gametes in early embryonic development in vitro. *Vet Res Forum Int Q J*. 2023;14(4):207-12.
26. Rodríguez-Prieto V, Kukielka D, Rivera-Arroyo B, Martínez-López B, de las Heras AI, Sánchez-Vizcaíno JM, et al. Evidence of shared bovine viral diarrhoea infections between red deer and extensively raised cattle in south-central Spain. *BMC Vet Res*. 14 janv 2016;12:11.

27. Chamorro MF, Passler T, Givens MD, Edmondson MA, Wolfe DF, Walz PH. Evaluation of transmission of bovine viral diarrhoea virus (BVDV) between persistently infected and naive cattle by the horn fly (*Haematobia irritans*). *Vet Res Commun.* févr 2011;35(2):123-9.
28. Carlson JM, Vander Ley BL, Lee SI, Grotelueschen DM, Walz PH, Workman AM, et al. Detection of bovine viral diarrhoea virus in stable flies following consumption of blood from persistently infected cattle. *J Vet Diagn Investig Off Publ Am Assoc Vet Lab Diagn Inc.* janv 2020;32(1):108-11.
29. Wernike K, Beer M. Comparison of bovine viral diarrhoea virus detection methods: Results of an international proficiency trial. *Vet Microbiol.* mars 2024;290:109985.
30. IDEXX. ÉRADICHER LA BVD, C'EST AVANT TOUT UNE QUESTION DE DÉTECTION. Broch BVD - GDS. janv 2019;
31. Wernike K, Beer M. International proficiency trial for bovine viral diarrhoea virus (BVDV) antibody detection: limitations of milk serology. *BMC Vet Res.* 6 mai 2022;18(1):168.
32. Beaudeau F, Belloc Catherine, Seegers H, Assié S, Sellal E, Joly Alain. Evaluation of a blocking ELISA for the detection of bovine viral diarrhoea virus (BVDV) antibodies in serum and milk. *Vet Microbiol [Internet].* 22 juin 2001 [cité 19 juin 2024];80(4). Disponible sur: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/11348769/>
33. Liu X, Cheng Z, Zhang W, Mao L, Pan Z, Yang L, et al. Development and evaluation of a monoclonal antibody-based blocking ELISA to detect antibodies against the E2 protein of bovine viral diarrhoea virus-1. *J Virol Methods.* janv 2024;323:114851.
34. Hilbe M, Stalder H, Peterhans E, Haessig M, Nussbaumer M, Egli C, et al. Comparison of five diagnostic methods for detecting bovine viral diarrhoea virus infection in calves. *J Vet Diagn Investig Off Publ Am Assoc Vet Lab Diagn Inc.* janv 2007;19(1):28-34.
35. IDEXX DIAGNOSTIQUE BVD [Internet]. [cité 24 juin 2024]. Expériences françaises. Disponible sur: <https://www.idexxdiagnosticbvd.fr/experiences-francaises/>
36. GDS 19. BVD : Le point sur le plan d'éradication en Corrèze. mars 2022;
37. FRGDS Auvergne Rhône-Alpes [Internet]. [cité 24 juin 2024]. Disponible sur: https://www.frgdsaura.fr/FRGDS_des_Savoie_73_560_6958_La-boucle-BVD
38. Meletis E, Conrady B, Hopp P, Lurier T, Frössling J, Rosendal T, et al. Review state-of-the-art of output-based methodological approaches for substantiating freedom from infection. *Front Vet Sci [Internet].* 14 mars 2024 [cité 30 août 2024];11. Disponible sur: <https://www.frontiersin.org/journals/veterinary-science/articles/10.3389/fvets.2024.1337661/full>
39. Règlement délégué (UE) 2020/689 de la Commission du 17 décembre 2019 complétant le règlement (UE) 2016/429 du Parlement européen et du Conseil en ce qui concerne les règles applicables à la surveillance, aux programmes d'éradication et au statut indemne de certaines maladies répertoriées et émergentes (Texte présentant de l'intérêt pour l'EEE). Disponible sur: <http://data.europa.eu/eli/reg/2020/689/oj/fra>
40. Règlement (UE) 2016/429 du Parlement Européen et du Conseil du 9 mars 2016 relatif aux maladies animales transmissibles et modifiant et abrogeant certains actes dans le domaine de la

santé animale («législation sur la santé animale») (Texte présentant de l'intérêt pour l'EEE) [Internet]. OJ L mars 9, 2016. Disponible sur: <http://data.europa.eu/eli/reg/2016/429/oj/fra>

41. Règlement d'exécution (UE) 2018/1882 de la Commission du 3 décembre 2018 sur l'application de certaines dispositions en matière de prévention et de lutte contre les maladies à des catégories de maladies répertoriées et établissant une liste des espèces et des groupes d'espèces qui présentent un risque considérable du point de vue de la propagation de ces maladies répertoriées (Texte présentant de l'intérêt pour l'EEE.) [Internet]. OJ L déc 3, 2018. Disponible sur: http://data.europa.eu/eli/reg_impl/2018/1882/oj/fra
42. Règlement délégué (UE) 2018/1629 de la Commission du 25 juillet 2018 modifiant la liste de maladies figurant à l'annexe II du règlement (UE) 2016/429 du Parlement européen et du Conseil relatif aux maladies animales transmissibles et modifiant et abrogeant certains actes dans le domaine de la santé animale («législation sur la santé animale») (Texte présentant de l'intérêt pour l'EEE.) [Internet]. OJ L juill 25, 2018. Disponible sur: http://data.europa.eu/eli/reg_del/2018/1629/oj/fra
43. Moennig V, Becher P. Control of Bovine Viral Diarrhea. *Pathogens*. mars 2018;7(1):29.
44. Moennig V, Yarnall MJ. The Long Journey to BVD Eradication. *Pathogens*. oct 2021;10(10):1292.
45. Arrêté du 31 juillet 2019 fixant des mesures de surveillance et de lutte contre la maladie des muqueuses/diarrhée virale bovine (BVD). <https://www.legifrance.gouv.fr/loda/id/JORFTEXT000038858861>
46. Sjukdomsrapporter: om SVA:s övervakning - SVA [Internet]. [cité 26 juill 2024]. Disponible sur: <https://3b06bbe9-73a1-4198-b7fd-a3d5e6f3220c.azurewebsites.net/amnesomraden/smittlage/sjukdomsrapporter-om-sva-s-overvakning>
47. Marie Myklatun Krosnes, Johan Åkerstedt, Jørgen Dalaker, Siv Klevar. Diarrhée virale bovine (BVD) chez les bovins - The surveillance programme for bovine virus diarrhoea (BVD) in Norway 2023 [Internet]. [cité 26 juill 2024]. Disponible sur: https://www.vetinst-no.translate.goog/overvaking/bvd-storfe?_x_tr_sl=no&_x_tr_tl=fr&_x_tr_hl=fr&_x_tr_pto=sc
48. Pedersen L. LandbrugsInfo. 2020 [cité 26 juill 2024]. SEGES' overvågning af smitsomme sygdomme hos kvæg – årlig rapport. Disponible sur: https://www.landbrugsinfo.dk/public/7/3/0/sundhed_velfard_segese_overvagning_smitsomme_sygdomme_kvæg
49. RUOKAVIRASTO. Eläintaudit Suomessa 2022. mars 2023
Disponible sur : https://www.ruokavirasto.fi/globalassets/tietoa-meista/julkaisut/julkaisusarjat/julkaisuja/elaimet/ruokaviraston_julkaisuja_3_2023_elaintaudit_suomessa_2022.pdf
50. RUOKAVIRASTO. Eläintautien valvonta- ja seurantaohjelmat 2023, versio 2. févr 2023;
Disponible sur : https://www.ruokavirasto.fi/globalassets/elaimet/elainten-terveys-ja-elaintaudit/elaintautien-seuranta--ja-valvontaohjelmat-2023_2.pdf

51. AGES. AGES. [cité 30 juill 2024]. Bovine Virusdiarrhoe. Disponible sur:
<https://www.ages.at/mensch/krankheit/krankheitserreger-von-a-bis-z/bovine-virusdiarrhoe/mucosal-disease>

52. Bundesministerin für Gesundheit, Familie und Jugend. Verordnung der Bundesministerin für Gesundheit, Familie und Jugend über ein Untersuchungsprogramm zur Bekämpfung der Bovinen Virusdiarrhoe und der Mucosal Disease bei Rindern (BVD-Verordnung 2007). 2015 Disponible sur : <https://www.ris.bka.gv.at/GeltendeFassung.wxe?Abfrage=Bundesnormen&Gesetzesnummer=20005403&ShowPrintPreview=True>

53. Bovine Virusdiarrhoe (BVD) - Land Burgenland [Internet]. [cité 30 juill 2024]. Disponible sur:
<https://www.burgenland.at/themen/agrartiergesundheitsdienst-burgenland/bovine-virusdiarrhoe-bvd/>

54. BVD-Freiheit für ganz Österreich! - Land Salzburg [Internet]. [cité 30 juill 2024]. Disponible sur: <https://www.salzburg.gv.at/themen/aw/veterinaermedizin/BVD-S>

55. OSAV. Programmes d'éradication de la BVD de 2008 à 2012. mars 2016; Disponible sur : https://www.google.com/url?sa=t&source=web&rct=j&opi=89978449&url=https://www.blv.admin.ch/dam/blv/fr/dokumente/tiere/tierkrankheiten-und-arzneimittel/praevention/bvd-ausrottungsprogramm.pdf.download.pdf/Das_BVD-Ausrottungsprogramm_2008-2012_FR.pdf&ved=2ahUKEwip1fDXvI6KAxUuVKQEHYQgCr4QFnoECB0QAQ&usq=AOvVaw0rTdEgaP4FSGXDveClxnW6

56. OSAV. Rapport concernant la surveillance et la détection précoce des épizooties. 2 juill 2024; Disponible sur : <https://www.blv.admin.ch/blv/fr/home/tiere/tiergesundheit/frueherkennung.html>

57. OSAV O fédéral de la sécurité alimentaire et des affaires vétérinaires. Dernière ligne droite pour l'éradication de la BVD [Internet]. [cité 30 juill 2024]. Disponible sur:
<https://www.blv.admin.ch/blv/fr/home/tiere/tierseuchen/bekaempfung/ausrottung-bvd.html>

58. Marjorie. GDS France. 2023 [cité 31 juill 2024]. La Lettre de GDS France - Juillet 2023. Disponible sur: <https://www.gdsfrance.org/la-lettre-de-gds-france-juillet-2023/>

59. Marjorie. GDS France. 2021 [cité 1 août 2024]. Rapport d'activité 2020. Disponible sur:
<https://www.gdsfrance.org/rapport-dactivite-2020/>

60. Sala Carole, Perié Paul. ÉRADICATION DE LA BVD EN FRANCE : POINTS DE SITUATION ET PERSPECTIVES DU DISPOSITIF DE SURVEILLANCE. Point Vét. sept 2023;(445):76-9.

61. L'éradication de la BVD est en marche dans les élevages bovins lait et viande | Réussir lait [Internet]. 2024 [cité 1 août 2024]. Disponible sur: <https://www.reussir.fr/lait/leradication-de-la-bvd-est-en-marche-dans-les-elevages-bovins-lait-et-viande>

62. Arrêté du 31 juillet 2019 fixant des mesures de surveillance et de lutte contre la maladie des muqueuses/diarrhée virale bovine (BVD).
<https://www.legifrance.gouv.fr/loda/id/JORFTEXT000038858861/>

63. Calendrier d'éradication [Internet]. BVD. [cité 5 août 2024]. Disponible sur: <https://contrelabvd.com/calendrier-d-eradication/>
64. Le rôle des GDS [Internet]. BVD. [cité 5 août 2024]. Disponible sur: <https://contrelabvd.com/le-role-des-gds/>
65. Joly A, Beaudeau F. Evaluation de la prévalence et de la dynamique de l'infection par le virus de la diarrhée virale bovine (BVD) dans les troupeaux laitiers bretons Assessing the prevalence and the dynamics of BVDV infection in dairy herds from Brittany.
66. Alain Joly, Rémy Vermesse, Gilles Roger, Thierry Le Falher, Marie-Hélène Garrec, Loïc Maurin. Gestion de la B.V.D. par une action collective. Résultats et perspectives en Bretagne. 2010;4(16):24-36.
67. BVD, le plan d'éradication de GDS Bretagne [Internet]. GDS Bretagne. [cité 13 août 2024]. Disponible sur: <https://www.gds-bretagne.fr/mes-besoins/bvd-plan-deradication-de-gds-bretagne/>
68. AdminAEB. L'éradication de la BVD [Internet]. GDS Bretagne. 2017 [cité 19 août 2024]. Disponible sur: <https://www.gds-bretagne.fr/leradication-de-bvd/>
69. Joly A, Fourichon C, Beaudeau F. Description and first results of a BVDV control scheme in Brittany (western France). *Prev Vet Med.* 15 nov 2005;72(1-2):209-13; discussion 215-219.
70. Petit H. Différentes stratégies de lutte contre la BVD menées en France par les Groupements de Défense Sanitaire. 2003;
71. KIOSK13-GDS-Bretagne.pdf [Internet]. [cité 20 août 2024]. Disponible sur: <https://www.gds-bretagne.fr/wp-content/uploads/2017/09/KIOSK13-GDS-Bretagne.pdf>
72. Guermonprez J. Retrouvons-nous au SPACE ! 2017; <https://www.gds-bretagne.fr/wp-content/uploads/2018/11/K19web.pdf>
73. Le suivi de la prophylaxie des élevages bovins [Internet]. GDS Bretagne. [cité 19 août 2024]. Disponible sur: <https://www.gds-bretagne.fr/mes-besoins/le-suivi-de-la-prophylaxie-des-elevages-bovins-par-gds-bretagne/>
74. GDS Bretagne accompagne les éleveurs tout au long de la vie de leur élevage, depuis l'installation jusqu'à la transmission. 2019; Disponible sur : https://www.gds-bretagne.fr/wp-content/uploads/2020/09/GDS_rapport185x275_2020VF.pdf
75. GDS_rapport20-09-2019.pdf [Internet]. [cité 20 août 2024]. Disponible sur: https://www.gds-bretagne.fr/wp-content/uploads/2019/09/GDS_rapport20-09-2019.pdf
76. GDS_rapport185x275_2023_evolution.pdf [Internet]. [cité 20 août 2024]. Disponible sur: https://www.gds-bretagne.fr/wp-content/uploads/2023/06/GDS_rapport185x275_2023_evolution.pdf
77. rapport185x275_BDed03-1.pdf [Internet]. [cité 20 août 2024]. Disponible sur: https://www.gds-bretagne.fr/wp-content/uploads/2024/06/rapport185x275_BDed03-1.pdf

78. Bretagne D. Draaf Bretagne. 2023 [cité 19 août 2024]. Densité de vaches allaitantes en 2010 et 2020. Disponible sur: <https://draaf.bretagne.agriculture.gouv.fr/densite-de-vaches-allaitantes-en-2010-et-2020-a3035.html>
79. Bretagne D. Draaf Bretagne. 2023 [cité 19 août 2024]. Densité de vaches laitières en 2010 et 2020. Disponible sur: <https://draaf.bretagne.agriculture.gouv.fr/densite-de-vaches-laitieres-en-2010-et-2020-a3034.html>
80. Valleron AJ. Les rôles de la modélisation en épidémiologie. *Comptes Rendus Académie Sci - Ser III - Sci Vie.* 1 mai 2000;323(5):429-33.
81. Choisy M, Guégan JF, Rohani P. Mathematical Modeling of Infectious Diseases Dynamics. In: *Encyclopedia of Infectious Diseases* [Internet]. John Wiley & Sons, Ltd; 2007 [cité 24 nov 2024]. p. 379-404. Disponible sur: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/9780470114209.ch22>
82. Cristancho-Fajardo L, Vergu E, Beaunée G, Arnoux S, Ezanno P. Learning and strategic imitation in modelling farmers' dynamic decisions on bovine viral diarrhoea vaccination. *Vet Res.* 2 déc 2022;53(1):102.
83. Qi L, Beaunée G, Arnoux S, Dutta BL, Joly A, Vergu E, et al. Neighbourhood contacts and trade movements drive the regional spread of bovine viral diarrhoea virus (BVDV). *Vet Res.* 29 avr 2019;50(1):30.
84. GDS_rapport185x275_2023_evolution.pdf [Internet]. [cité 14 oct 2024]. Disponible sur: https://www.gds-bretagne.fr/wp-content/uploads/2023/06/GDS_rapport185x275_2023_evolution.pdf
85. rapport185x275_BDed03-1.pdf [Internet]. [cité 14 oct 2024]. Disponible sur: https://www.gds-bretagne.fr/wp-content/uploads/2024/06/rapport185x275_BDed03-1.pdf
86. Règlement (CE) n° 1/2005 du Conseil du 22 décembre 2004 relatif à la protection des animaux pendant le transport et les opérations annexes et modifiant les directives 64/432/CEE et 93/119/CE et le règlement (CE) n° 1255/97 [Internet]. OJ L déc 22, 2004. Disponible sur: <http://data.europa.eu/eli/reg/2005/1/oj/fra>
87. Van Duijn L, Santman-Berends I, Biesheuvel M, Mars J, Waldeck F, van Schaik G. Why Test Purchased Cattle in BVDV Control Programs? *Front Vet Sci* [Internet]. 27 août 2021 [cité 2 déc 2024];8. Disponible sur: <https://www.frontiersin.org/journals/veterinary-science/articles/10.3389/fvets.2021.686257/full>
88. UP-2022-03-24.pdf [Internet]. [cité 10 sept 2024]. Disponible sur: <https://gds19.org/Docs/PDF/UP/2022/UP-2022-03-24.pdf>
89. Depistage_BVD_lait_de_tank.pdf [Internet]. [cité 27 nov 2024]. Disponible sur: https://www.frgdsaura.fr/assets/uploads/GDS%20des%20Savoie/Menu%20Bovin/Depistage_BVD_lait_de_tank.pdf
90. Ersbøll AK, Ersbøll BK, Houe H, Alban L, Kjeldsen AM. Spatial modelling of the between-herd infection dynamics of bovine virus diarrhoea virus (BVDV) in dairy herds in Denmark. *Prev Vet Med.* 1 nov 2010;97(2):83-9.

Annexes

Annexe 1 : Nombre de bovins par département en 2022 (d'après l'Insee) (8)

Département	Nombre de bovins (en milliers de tête)	Département	Nombre de bovins (en milliers de tête)
Ain	159,9	Aisne	180,4
Allier	495,9	Alpes-de-Haute-Provence	14,5
Hautes-Alpes	32,1	Alpes-Maritimes	2,5
Ardèche	49,7	Ardennes	234,7
Ariège	76	Aube	46,5
Aude	24,2	Aveyron	437,7
Bouches-du-Rhône	18,4	Calvados	358,9
Cantal	465,4	Charente	130,2
Charente-Maritime	87,5	Cher	152,8
Corrèze	266,6	Corse-du-Sud	19
Haute-Corse	31,8	Côte-d'Or	217,9
Côtes-d'Armor	476	Creuse	411,6
Dordogne	203	Doubs	239
Drôme	31,5	Eure	141,4
Eure-et-Loir	34,5	Finistère	395,9
Gard	15,1	Haute-Garonne	91,2
Gers	80,2	Gironde	38,1
Hérault	12,8	Ille-et-Vilaine	601,6
Indre	212,6	Indre-et-Loire	78
Isère	145,5	Jura	148,5
Landes	40,1	Loir-et-Cher	46,9
Loire	286,7	Haute-Loire	209,4
Loire-Atlantique	438,6	Loiret	33,5
Lot	122,9	Lot-et-Garonne	55,4
Lozère	149,6	Maine-et-Loire	436,1
Manche	706,7	Marne	58,5
Haute-Marne	190,3	Mayenne	540,6
Meurthe-et-Moselle	178,1	Meuse	198,2
Morbihan	360,5	Moselle	232,9
Nièvre	327,8	Nord	308,6
Oise	96,6	Orne	423,2
Pas-de-Calais	347	Puy-de-Dôme	325,1
Pyrénées-Atlantique	234,7	Hautes Pyrénées	99,2
Pyrénées-Orientales	15,8	Bas-Rhin	105,9
Haut-Rhin	53,6	Rhône	96,1
Haute-Saône	188,5	Saône-et-Loire	589,3
Sarthe	285,4	Savoie	67,3
Haute-Savoie	105,6	Paris	0
Seine-Maritime	376,2	Seine-et-Marne	14,6
Yvelines	6,1	Deux-Sèvres	317,2
Somme	186,3	Tarn	138,1
Tarn-et-Garonne	53	Var	1,4
Vaucluse	0,6	Vendée	502,3
Vienne	133,8	Haute-Vienne	322,2
Vosges	235,8	Yonne	98,2
Territoire de Belfort	17,6	Essonne	0,4
Hauts-de-Seine	0	Seine-Saint-Denis	0
Val-de-Marne	0	Val-d'Oise	2,9

Annexe 2 : Comparaison des moyennes et écarts-types du temps de détection (en semaines), selon le nombre de trajectoires épidémiologiques étudiées pour différents choix d'élevages dans le cadre de la Stratégie vache

Stratégie_vache		Nombre de trajectoires épidémiologiques									
		1		2		3		4		5	
		Moyenne	Écart-type	Moyenne	Écart-type	Moyenne	Écart-type	Moyenne	Écart-type	Moyenne	Écart-type
Choix des élevages à tester	10 %	18.95	5.897055	19.090	5.977504	19.39000	6.343398	18.7350	6.215009	18.840	6.179220
	20 %	15.50	4.654747	15.590	4.489172	15.79000	4.865334	15.8500	4.877702	15.942	4.842886
	30 %	15.09	4.327724	15.010	4.218874	15.04333	4.275792	14.5425	4.500982	14.784	4.499092
	40 %	13.87	4.071718	14.200	4.212926	14.33333	4.286038	14.0425	4.293224	14.150	4.284415
	50 %	13.94	3.865987	13.945	3.828218	13.90333	3.952137	13.3700	4.030349	13.582	4.217921
	60 %	13.13	3.680840	13.160	3.724751	13.21333	3.848444	12.9375	3.873125	12.916	3.947164
	70 %	13.28	4.104887	13.350	3.955468	13.17667	3.941731	12.6225	4.032449	12.700	4.048058
	80 %	12.33	3.393562	12.560	3.651447	12.52667	3.716899	12.2300	3.787871	12.188	3.862965
	90 %	11.83	3.530688	12.430	3.441558	12.61667	3.822533	12.0375	3.831814	12.086	3.908601
	100 %	12.75	3.582717	12.445	3.619736	12.22000	3.653687	11.7875	3.727880	11.790	3.758477
	HRA	18.78	4.584956	17.175	4.522904	17.18333	4.527477	16.5525	4.471827	16.650	4.343412
	HRV	17.42	4.408852	19.635	5.145303	20.94667	5.374642	20.3175	6.399929	19.648	6.184221
	RA	16.87	4.298590	15.685	4.346289	15.63667	4.317421	14.8150	4.461001	14.632	4.549062
	RV	17.06	4.153178	14.655	4.602378	14.59667	4.696899	13.9800	4.602996	14.008	4.643604
	HRA+HRV	18.33	4.094971	16.630	4.386262	16.47333	4.358817	15.4225	4.670495	15.670	4.542948
	HRA+RV	17.16	4.130987	14.930	4.464837	14.91333	4.407256	14.0525	4.505051	14.062	4.607017
RA+HRV	15.75	4.112988	15.450	4.039690	15.42000	3.919371	14.4850	4.252055	14.382	4.383892	
RA+RV	15.61	4.199315	14.100	4.118838	14.12667	4.246260	13.3400	4.269657	13.130	4.312574	

Stratégie_vache		Nombre de trajectoires épidémiologiques									
		6		7		8		9		10	
		Moyenne	Écart-type	Moyenne	Écart-type	Moyenne	Écart-type	Moyenne	Écart-type	Moyenne	Écart-type
Choix des élevages à tester	10 %	18.94000	6.080956	18.99714	6.069223	19.08000	5.951923	19.12444	5.994998	19.239	6.023634
	20 %	16.27167	4.853912	16.32429	4.937577	16.40625	4.852385	16.39778	4.884380	16.527	4.898905
	30 %	15.02500	4.519042	15.00714	4.528556	15.11750	4.453480	15.21444	4.492437	15.317	4.501197
	40 %	14.48667	4.376652	14.55857	4.386316	14.83125	4.389403	14.80444	4.395819	14.826	4.412618
	50 %	13.95667	4.395109	13.92857	4.360446	14.17250	4.341233	14.11444	4.333332	14.188	4.331445
	60 %	13.24167	4.198728	13.23714	4.186742	13.55375	4.231370	13.46667	4.216869	13.621	4.275469
	70 %	13.24667	4.370086	13.22571	4.322205	13.40750	4.276892	13.35222	4.240457	13.417	4.274972
	80 %	12.65167	4.186431	12.71857	4.160850	12.99375	4.185165	12.83111	4.111939	12.947	4.156136
	90 %	12.36333	4.037965	12.34000	3.985503	12.66875	4.050559	12.66444	4.055601	12.776	4.106664
	100 %	12.15667	3.975147	12.14286	3.929223	12.50500	4.056543	12.39667	4.001861	12.451	4.067941
	HRA	16.87833	4.269337	16.84286	4.237025	17.26375	4.301141	17.38333	4.240641	17.881	4.467975
	HRV	20.25500	6.027481	23.69857	10.204027	24.16000	10.150403	25.59000	10.452270	26.856	10.683042
	RA	14.69500	4.653106	14.45286	4.605378	14.48000	4.504438	14.38444	4.469770	14.453	4.480610
	RV	14.01833	4.619910	13.86571	4.602882	14.10500	4.519625	13.94000	4.465012	14.427	4.843153
	HRA+HRV	16.13000	4.523701	16.21714	4.445344	16.68625	4.533045	16.93222	4.512110	17.431	4.671945
	HRA+RV	14.18000	4.664461	14.09857	4.566814	14.21000	4.509303	14.15889	4.410560	14.711	4.830405
RA+HRV	14.43667	4.417221	14.28714	4.347114	14.35375	4.272169	14.26111	4.218403	14.385	4.225711	
RA+RV	13.39333	4.446148	13.24714	4.419078	13.39125	4.373738	13.39556	4.322019	13.435	4.393755	

Annexe 3 : Comparaison des moyennes et écarts-types du temps de détection (en semaines), selon le nombre de trajectoires épidémiologiques étudiées pour différents choix d'élevages dans le cadre de la Stratégie veau

Stratégie_veau		Nombre de trajectoires épidémiologiques									
		1		2		3		4		5	
		Moyenne	Écart-type	Moyenne	Écart-type	Moyenne	Écart-type	Moyenne	Écart-type	Moyenne	Écart-type
Choix des élevages à tester	10 %	28.05	7.617597	26.470	9.425673	26.336667	9.8536102	27.2425	9.335769	26.884	9.366644
	20 %	24.82	9.371545	23.740	10.241918	23.200000	10.7417231	22.9900	11.056696	22.624	10.895506
	30 %	18.67	12.942807	18.650	12.329134	18.863333	12.2833597	18.5225	12.557616	18.326	12.380399
	40 %	14.32	13.592095	15.095	13.052117	14.670000	13.0822367	14.9775	13.170636	14.574	13.071735
	50 %	11.93	13.274305	11.580	12.988731	12.910000	13.0643596	13.4800	13.089038	13.120	12.887738
	60 %	9.22	12.638389	10.520	12.663785	10.800000	12.6493750	10.9250	12.684108	10.354	12.464808
	70 %	7.85	12.056580	6.310	11.110858	7.186667	11.4648724	7.0325	11.374308	7.272	11.354817
	80 %	3.90	9.330627	3.955	9.259681	3.856667	9.0843017	3.9600	9.175449	4.184	9.265952
	90 %	1.56	6.205765	2.155	7.089590	2.576667	7.6085757	2.4950	7.498703	2.364	7.268643
	100 %	0.00	NA	0.000	0.000000	0.000000	0.0000000	0.0000	0.000000	0.000	0.000000
	HRA	0.00	NA	0.000	0.000000	0.000000	0.0000000	0.0000	0.000000	0.000	0.000000
	HRV	28.00	NA	29.500	2.121320	28.666667	2.0816660	29.5000	2.380476	28.200	3.563706
	RA	0.00	NA	0.000	0.000000	0.000000	0.0000000	0.0000	0.000000	0.000	0.000000
	RV	26.00	NA	26.000	0.000000	26.333333	0.5773503	26.2500	0.500000	25.600	1.516575
	HRA+HRV	0.00	NA	0.000	0.000000	0.000000	0.0000000	0.0000	0.000000	0.000	0.000000
HRA+RV	0.00	NA	0.000	0.000000	0.000000	0.0000000	0.0000	0.000000	0.000	0.000000	
RA+HRV	0.00	NA	0.000	0.000000	0.000000	0.0000000	0.0000	0.000000	0.000	0.000000	
RA+RV	0.00	NA	0.000	0.000000	0.000000	0.0000000	0.0000	0.000000	0.000	0.000000	

Stratégie_veau		Nombre de trajectoires épidémiologiques									
		6		7		8		9		10	
		Moyenne	Écart-type	Moyenne	Écart-type	Moyenne	Écart-type	Moyenne	Écart-type	Moyenne	Écart-type
Choix des élevages à tester	10 %	26.703333	9.473731	26.907143	9.164446	26.92875	9.236358	26.655556	9.429867	26.538	9.497935
	20 %	22.498333	10.827992	22.387143	10.926211	22.65875	10.872560	22.476667	10.898281	22.347	10.934448
	30 %	18.245000	12.324154	18.494286	12.161584	18.33250	12.293631	18.466667	12.199309	18.547	12.116625
	40 %	14.471667	13.004527	14.622857	12.969781	14.91750	12.923117	14.721111	12.907259	14.931	12.855018
	50 %	12.986667	12.839701	12.988571	12.794173	13.13625	12.789044	13.050000	12.774712	12.945	12.732875
	60 %	10.295000	12.429486	10.435714	12.443412	10.44250	12.405505	10.356667	12.375948	10.372	12.354523
	70 %	7.018333	11.234249	6.752857	11.087391	6.82750	11.077054	6.695556	11.002608	6.685	10.961018
	80 %	4.361667	9.433585	4.544286	9.577157	4.41875	9.448147	4.363333	9.399441	4.393	9.392485
	90 %	2.303333	7.191025	2.560000	7.513696	2.41250	7.299071	2.442222	7.336804	2.315	7.154926
	100 %	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000	0.00000	0.000000	0.000000	0.000000	0.000	0.000000
	HRA	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000	0.00000	0.000000	0.000000	0.000000	0.000	0.000000
	HRV	27.833333	3.311596	27.714286	3.039424	28.12500	3.044316	27.666667	3.162278	27.700	2.983287
	RA	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000	0.00000	0.000000	0.000000	0.000000	0.000	0.000000
	RV	25.500000	1.378405	25.571429	1.272418	25.62500	1.187735	25.444444	1.236033	25.400	1.173788
	HRA+HRV	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000	0.00000	0.000000	0.000000	0.000000	0.000	0.000000
HRA+RV	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000	0.00000	0.000000	0.000000	0.000000	0.000	0.000000	
RA+HRV	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000	0.00000	0.000000	0.000000	0.000000	0.000	0.000000	
RA+RV	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000	0.00000	0.000000	0.000000	0.000000	0.000	0.000000	

Annexe 4 : Comparaison des moyennes et écarts-types du temps de détection (en semaines), selon le nombre de répétitions des programmes de surveillance dans le cadre de la Stratégie vache, appliquée à différents choix d'élevages

Stratégie_vache		Nombre de répétition							
		10		20		50		100	
		Moyenne	Écart-type	Moyenne	Écart-type	Moyenne	Écart-type	Moyenne	Écart-type
Choix des élevages à tester	10 %	18,2	5.884065	20.65	6.335157	19.86	6.279250	18.95	5.897055
	20 %	14,7	4.347413	15.30	4.995788	16.64	5.240190	15.50	4.654747
	30 %	12,9	3.142893	14.55	4.593760	14.52	4.343609	15.09	4.327724
	40 %	16,2	6.088240	14.70	4.725073	13.54	3.985740	13.87	4.071718
	50 %	17,1	4.121758	14.30	4.001316	14.54	4.319911	13.94	3.865987
	60 %	13,9	4.748099	12.95	3.394655	14.10	4.006372	13.13	3.680840
	70 %	13,8	3.224903	13.40	4.441432	12.94	3.930052	13.28	4.104887
	80 %	12,6	3.470511	14.00	4.611199	12.54	4.385551	12.33	3.393562
	90 %	13,9	4.148628	12.20	4.200251	13.62	3.269463	11.83	3.530688
	100 %	11,9	3.900142	13.00	3.568871	12.48	3.823878	12.75	3.582717
	HRA	18,1	4.383048	18.10	4.811171	18.76	4.701541	18.78	4.584956
	HRV	21,9	9.122012	17.50	7.943882	17.62	4.246920	17.42	4.408852
	RA	15,1	4.605552	16.95	3.859029	15.62	4.294705	16.87	4.298590
	RV	18	3.800585	18.50	4.135851	16.04	4.844353	17.06	4.153178
	HRA+HRV	18,8	4.802777	16.60	4.615762	18.36	4.089609	18.33	4.094971
	HRA+RV	19,7	4.083844	17.80	3.679245	17.30	3.759342	17.16	4.130987
RA+HRV	15,3	5.618422	17.25	4.722566	16.36	4.188225	15.75	4.112988	
RA+RV	14,6	2.951459	16.15	3.828907	17.08	4.303961	15.61	4.199315	

Stratégie_vache		Nombre de répétition							
		100		200		500		1000	
		Moyenne	Écart-type	Moyenne	Écart-type	Moyenne	Écart-type	Moyenne	Écart-type
Choix des élevages à tester	10 %	18.95	5.897055	19.520	5.961316	19.312	5.921891	19.317	5.919084
	20 %	15.50	4.654747	16.335	4.863232	16.844	5.084818	17.107	5.087576
	30 %	15.09	4.327724	15.640	4.624644	15.234	4.559476	15.301	4.477102
	40 %	13.87	4.071718	13.910	4.565756	14.182	4.067181	14.288	4.430653
	50 %	13.94	3.865987	13.655	4.266967	13.684	3.986971	14.121	4.127881
	60 %	13.13	3.680840	13.395	4.056012	13.540	3.926734	13.439	4.026722
	70 %	13.28	4.104887	12.985	3.757040	13.200	3.852491	12.747	3.672121
	80 %	12.33	3.393562	12.850	3.818429	12.896	3.771157	12.730	3.798359
	90 %	11.83	3.530688	12.450	3.522719	12.430	3.623169	12.463	3.525771
	100 %	12.75	3.582717	12.800	3.569835	12.426	3.688324	12.542	3.656721
	HRA	18.78	4.584956	18.810	4.658585	19.116	4.328512	19.277	4.500280
	HRV	17.42	4.408852	17.850	4.353419	17.512	5.182622	17.767	4.747341
	RA	16.87	4.298590	15.435	4.082783	15.860	4.171715	15.626	4.243127
	RV	17.06	4.153178	17.305	3.927992	17.224	4.280007	17.415	4.055518
	HRA+HRV	18.33	4.094971	17.195	4.055764	17.236	4.098035	17.509	4.112521
	HRA+RV	17.16	4.130987	17.355	4.293149	17.496	4.171905	17.417	4.201043
RA+HRV	15.75	4.112988	15.720	4.162720	15.548	4.189846	15.537	4.228062	
RA+RV	15.61	4.199315	15.630	4.143543	15.432	4.119140	15.802	4.270484	

Annexe 5 : Comparaison des moyennes et des quantiles 5 et 95 du coût annuel des tests (en euros), selon les élevages testés et la stratégie de surveillance appliquée

		Coût annuel des tests (en euros)					
		Stratégie_vache			Stratégie_veau		
		Moyenne	Quantile 5	Quantile 95	Moyenne	Quantile 5	Quantile 95
Choix des élevages à tester	10 %	38667.43	38460.30	38945.05	372422.65	365498.75	379928.25
	20 %	77303.36	76964.00	77671.35	742706.00	732813.25	752513.50
	30 %	115944.40	115591.25	116307.00	1113815.20	1101793.00	1127447.25
	40 %	154567.31	154103.00	154986.05	1485603.00	1471251.25	1499540.75
	50 %	193183.72	192783.95	193639.35	1856880.60	1845453.00	1868955.50
	60 %	231839.53	231490.30	232233.00	2232071.85	2219809.75	2246731.25
	70 %	270441.58	270070.65	270744.40	2601828.10	2587608.75	2615462.25
	80 %	309145.41	308747.95	309505.00	2973224.65	2963663.50	2984335.25
	90 %	347782.11	347487.55	348060.50	3345541.35	3337032.50	3353625.75
	100 %	386401.32	386178.65	386634.70	3716335.00	3716335.00	3716335.00
	HRA	69229.62	69111.95	69358.70	699395.00	699395.00	699395.00
	HRV	81051.43	80978.00	81132.00	762170.00	762170.00	762170.00
	RA	174990.52	174811.95	175156.00	1700470.00	1700470.00	1700470.00
	RV	201328.61	201186.65	201475.05	1940690.00	1940690.00	1940690.00
	HRA+HRV	134394.11	134220.65	134529.35	1301285.00	1301285.00	1301285.00
	HRA+RV	232378.55	232205.65	232542.35	2248510.00	2248510.00	2248510.00
RA+HRV	219538.44	219348.25	219749.35	2111030.00	2111030.00	2111030.00	
RA+RV	284457.62	284306.00	284642.70	2734125.00	2734125.00	2734125.00	

Annexe 6 : Comparaison des moyennes et des quantiles 5 et 95 du nombre d'élevages faux positifs annuels, selon les élevages testés dans le cadre de la Stratégie vache

Stratégie_vache		Nombre d'élevages faux positifs sur une année		
		Moyenne	Quantile 5	Quantile 95
Choix des élevages à tester	10 %	162.91	142.90	185.00
	20 %	327.63	305.95	355.00
	30 %	491.32	460.95	525.05
	40 %	655.64	617.00	691.00
	50 %	816.13	761.65	866.65
	60 %	980.31	933.95	1032.00
	70 %	1142.07	1100.00	1179.25
	80 %	1305.36	1245.80	1358.25
	90 %	1468.92	1419.90	1529.15
	100 %	1629.12	1578.95	1699.20
	HRA	291.60	267.75	319.05
	HRV	344.82	314.00	374.15
	RA	738.06	696.00	782.25
	RV	853.83	811.75	902.15
	HRA+HRV	564.88	529.95	602.00
	HRA+RV	982.44	940.80	1027.00
RA+HRV	928.87	883.90	973.40	
RA+RV	1203.06	1152.95	1254.25	

Annexe 7 : Moyennes, écarts-types et quantiles 5 et 95 du temps de détection (en semaines), selon les élevages testés pour chaque trajectoire épidémiologique dans le scénario d'introduction du BVDV dans la métapopulation sans achat de vache de Troie depuis l'extérieur de la Bretagne

Choix d'élevages	Trajectoire	Moyenne	Ecart-Type	Quantile 5	Quantile 95
10 %	Total	37.41167	8.437467	-	-
	1	32.44	9.121315	11.80	42.00
	2	36.01	6.122479	24.00	43.00
	3	39.24	8.412497	18.95	43.00
	4	39.59	4.666872	29.95	43.00
	5	38.85	10.633827	8.95	43.00
	6	38.34	8.145421	18.95	43.00
20 %	Total	35.08667	9.326170		
	1	29.60	8.737473	12.95	40.00
	2	33.65	6.176487	22.00	43.00
	3	39.26	7.494941	21.90	43.00
	4	38.06	4.505485	30.00	43.00
	5	35.48	13.662956	7.00	43.0
	6	34.47	9.437145	14.95	43.00
30 %	Total	32.36667	10.782516	-	-
	1	26.48	10.969637	4.95	40.00
	2	32.09	6.130063	22.00	43.00
	3	33.21	11.390493	16.55	43.00
	4	36.77	4.433242	30.00	43.00
	5	33.19	14.939403	7.00	43.0
	6	32.46	10.810975	12.00	43.00
40 %	Total	30.53000	10.944194	-	-
	1	24.84	11.522240	3.95	40.00
	2	29.40	5.590396	20.00	38.05
	3	33.81	11.208488	8.00	43.00
	4	35.59	4.185340	29.95	43.00
	5	29.71	15.258907	6.00	43.0
	6	29.83	10.621167	12.95	43.00
50 %	Total	28.39000	11.253250	-	-
	1	21.21	11.081238	4.00	36.00
	2	29.27	5.885876	20.95	39.00
	3	31.09	10.272150	16.55	43.00
	4	35.30	3.658393	29.00	41.05
	5	25.68	15.937935	5.00	43.0
	6	27.79	10.937190	12.95	43.00

60 %	Total	26.86667	11.364747	-	-
	1	18.75	11.033809	4.00	36.00
	2	28.15	4.797674	21.00	36.00
	3	28.90	10.566289	16.55	43.00
	4	35.06	3.928194	30.00	41.05
	5	24.72	15.886644	6.00	43.0
	6	25.62	10.527290	12.00	42.00
70 %	Total	25.11500	11.056469	-	-
	1	18.69	10.657851	3.00	36.00
	2	27.78	4.549570	21.00	35.05
	3	26.26	10.488686	6.00	43.00
	4	34.48	3.349898	30.00	41.00
	5	20.14	14.957867	5.00	43.0
	6	23.34	9.665329	12.00	41.05
80 %	Total	22.50667	10.741769	-	-
	1	14.55	8.946954	3.95	31.00
	2	25.96	4.917337	20.00	35.05
	3	24.42	10.851784	6.00	43.00
	4	33.89	3.472533	29.00	40.05
	5	15.65	11.349699	6.00	43.0
	6	20.57	8.568506	11.95	39.00
90 %	Total	21.27833	9.893297	-	-
	1	14.54	9.141337	2.00	31.05
	2	26.17	3.662684	21.00	32.00
	3	21.33	7.419678	7.00	29.00
	4	34.06	3.299281	29.95	41.00
	5	11.68	7.263969	5.00	17.4
	6	19.89	6.816343	12.00	35.00
100 %	Total	20.99000	9.181343	-	-
	1	14.34	7.600133	3.00	24.00
	2	26.60	3.592922	20.00	32.00
	3	21.73	6.085012	7.95	29.00
	4	33.92	3.371539	29.00	40.00
	5	11.54	4.470826	5.00	17.0
	6	17.81	4.967968	11.00	23.10

HRA	Total	34.29667	10.590826	-	-
	1	27.90	11.948120	4.95	39.05
	2	35.11	3.240822	31.00	41.00
	3	41.49	3.450940	32.00	43.00
	4	40.20	4.360057	31.95	43.00
	5	43.00	0.000000	43.00	43.0
	6	18.08	4.781446	11.00	24.15
HRV	Total	20.31833	9.393298	-	-
	1	13.29	7.566934	2.95	24.00
	2	26.14	3.490304	20.00	31.00
	3	21.13	7.131740	6.00	29.00
	4	33.31	3.332409	29.00	40.00
	5	10.28	3.858822	5.00	17.0
	6	17.76	4.886841	11.00	23.20
RA	Total	21.31667	10.651705	-	-
	1	12.55	8.004260	2.95	24.00
	2	32.06	5.449159	21.00	39.00
	3	21.12	7.739809	5.00	29.00
	4	34.19	3.678205	29.00	41.00
	5	11.06	4.215939	5.00	17.0
	6	16.92	3.751579	11.00	23.00
RV	Total	20.48333	9.643896	-	-
	1	12.10	7.186547	3.00	23.05
	2	26.87	3.966157	20.00	32.00
	3	21.10	6.750234	7.00	29.00
	4	33.88	3.309857	30.00	40.00
	5	11.25	4.744747	5.00	17.0
	6	17.70	5.339958	11.00	24.00
HRA+HRV	Total	20.58333	8.950414	-	-
	1	13.91	6.780982	3.00	23.00
	2	25.91	3.516469	20.00	31.05
	3	20.93	5.929306	6.00	29.00
	4	33.72	3.621150	29.00	40.00
	5	11.45	4.402421	5.00	17.0
	6	17.58	4.154054	11.00	23.00

HRA+RV	Total	20.19333	9.098017	-	-
	1	13.24	7.408867	3.95	24.00
	2	25.81	3.708290	20.95	31.05
	3	20.33	7.010893	6.00	28.05
	4	33.13	3.080256	29.00	39.05
	5	11.02	4.060104	5.95	17.0
	6	17.63	3.955957	12.00	23.00
RA+HRV	Total	20.92167	9.168550	-	-
	1	14.12	6.677688	3.95	23.00
	2	26.14	3.964540	20.00	32.00
	3	22.53	6.025962	7.95	29.00
	4	34.10	3.456804	29.00	40.00
	5	11.79	5.111475	6.00	22.1
	6	16.85	4.546894	11.00	23.00
RA+RV	Total	20.40833	9.367917	-	-
	1	13.22	8.010826	3.00	24.00
	2	25.81	3.639555	20.00	31.05
	3	20.44	7.097190	6.00	29.00
	4	34.04	3.446327	29.00	40.05
	5	11.72	4.431476	5.00	17.0
	6	17.22	3.973600	11.00	23.00

Annexe 8 : Moyennes, écarts-types et quantiles 5 et 95 du temps de détection (en semaines), selon les élevages testés pour chaque trajectoire épidémiologique dans le scénario d'introduction du BVDV dans la métapopulation avec achat d'une vache de Troie dans l'élevage FR22337170

Choix d'élevages	Trajectoire	Moyenne	Ecart-Type	Quantile 5	Quantile 95
10 %	Total	39.35500	9.461404	-	-
	1	46.71	5.350909	39.00	51.00
	2	45.08	9.245998	26.80	51.00
	3	37.29	8.165331	19.95	48.05
	4	36.26	9.575453	16.95	48.00
	5	36.06	9.223181	19.00	49.00
	6	34.73	7.055129	20.95	44.00
20 %	Total	35.09667	10.717062	-	-
	1	45.04	6.400631	37.00	51.00
	2	39.49	11.101456	18.00	51.00
	3	34.53	9.291524	15.95	47.05
	4	28.13	9.693958	15.00	44.00
	5	30.85	9.297958	14.95	43.00
	6	32.54	8.392421	17.90	44.00
30 %	Total	32.60500	11.099594	-	-
	1	41.89	10.486061	14.00	51.00
	2	38.50	9.970157	18.00	51.00
	3	29.68	10.232529	12.95	42.00
	4	25.67	9.422791	15.00	41.00
	5	30.70	9.078223	14.00	43.00
	6	29.19	8.081273	16.90	40.05
40 %	Total	30.14333	10.720277	-	-
	1	39.76	10.047483	14.95	51.00
	2	33.91	10.771357	14.00	51.00
	3	29.48	9.975202	13.00	41.05
	4	23.91	8.076772	15.00	41.05
	5	26.26	8.610095	13.00	41.00
	6	27.54	8.365900	15.00	41.00
50 %	Total	28.00000	10.297738	-	-
	1	36.31	12.764926	11.95	49.00
	2	32.02	10.106484	12.95	46.15
	3	26.30	9.378139	13.95	41.00
	4	22.70	6.199544	15.00	37.00
	5	25.03	7.327070	15.00	39.00
	6	25.64	8.034672	14.95	40.05

60 %	Total	26.43333	10.317120	-	-
	1	35.85	12.535505	11.00	49.10
	2	30.55	10.079858	13.95	44.15
	3	26.39	9.294177	13.00	40.05
	4	20.93	5.339495	14.00	30.15
	5	21.49	7.556514	12.95	36.15
	6	23.39	6.479018	14.95	34.05
70 %	Total	25.66000	10.061633	-	-
	1	35.96	12.295125	11.00	48.05
	2	29.99	8.863152	14.00	43.00
	3	23.18	9.118058	12.00	41.00
	4	20.38	4.798527	14.00	27.00
	5	21.87	7.054843	12.00	34.05
	6	22.58	6.504358	14.00	35.00
80 %	Total	24.57167	9.515730	-	-
	1	34.43	12.287182	11.00	46.05
	2	28.15	8.518992	13.95	40.00
	3	22.94	8.604462	13.00	39.05
	4	20.11	4.111809	14.00	26.00
	5	20.46	6.840787	13.00	34.00
	6	21.34	5.005492	15.00	30.10
90 %	Total	23.30000	9.144363	-	-
	1	33.57	12.353591	10.95	46.00
	2	25.85	8.214763	13.00	39.00
	3	21.29	7.410469	13.00	37.15
	4	19.41	3.814102	14.00	26.00
	5	19.37	5.813004	12.00	32.00
	6	20.31	5.048642	14.00	29.15
100 %	Total	22.38333	8.765336	-	-
	1	30.94	13.534707	10.95	44.05
	2	27.51	7.967732	14.00	39.00
	3	18.40	4.794778	12.00	24.15
	4	19.43	3.795944	14.00	25.00
	5	18.23	3.722319	12.00	24.00
	6	19.79	4.168896	14.00	26.00

HRA	Total	37.86833	10.019063	-	-
	1	38.54	14.841533	10.95	51.00
	2	43.92	12.602453	13.95	51.00
	3	36.12	3.423862	30.00	41.00
	4	34.98	6.717954	15.95	42.00
	5	33.13	8.907669	15.95	45.05
	6	40.52	3.650045	34.00	46.00
HRV	Total	29.73500	9.949695	-	-
	1	31.66	12.638901	12.00	44.00
	2	26.14	7.229317	13.90	39.00
	3	43.50	5.080165	36.00	51.00
	4	21.25	4.231615	15.00	27.00
	5	26.49	5.540475	15.00	34.00
	6	29.37	4.569674	23.00	35.00
RA	Total	24.01500	10.279310	-	-
	1	37.42	13.956773	10.00	51.00
	2	29.62	7.959214	13.00	38.00
	3	17.95	4.413878	12.00	24.00
	4	20.22	3.677889	14.00	26.00
	5	18.06	3.816022	12.95	24.00
	6	20.82	4.746886	14.00	26.00
RV	Total	22.34833	8.713603	-	-
	1	33.40	12.332105	11.00	45.00
	2	24.98	7.591835	13.00	35.15
	3	18.33	4.460953	12.00	24.00
	4	19.46	4.088466	14.00	26.00
	5	18.01	4.212763	12.00	24.00
	6	19.91	3.897927	14.00	26.00
HRA+HRV	Total	28.54333	8.346910	-	-
	1	33.18	12.543564	12.00	45.00
	2	25.45	6.624678	14.95	35.10
	3	35.69	3.410308	30.00	41.00
	4	20.34	3.877467	14.00	26.00
	5	27.69	4.817256	16.00	34.00
	6	28.91	4.316038	23.00	35.00

HRA+RV	Total	22.54000	8.556309	-	-
	1	33.01	12.218131	11.00	44.00
	2	25.43	7.690024	12.00	35.00
	3	19.03	5.001929	12.95	27.10
	4	19.57	3.652189	14.00	25.00
	5	18.01	3.929929	12.00	24.00
	6	20.19	3.730017	15.95	26.00
RA+HRV	Total	22.69167	8.757154	-	-
	1	33.41	12.595570	11.00	46.00
	2	25.94	7.778265	13.00	39.00
	3	18.43	3.998118	12.00	24.00
	4	19.31	3.656170	14.00	25.00
	5	18.09	4.092602	12.95	24.00
	6	20.97	4.215064	14.00	26.10
RA+RV	Total	22.37000	8.324578	-	-
	1	31.91	12.207048	12.00	44.00
	2	25.50	7.873366	12.95	39.00
	3	18.23	4.012241	13.00	24.00
	4	20.27	3.845120	14.00	26.00
	5	17.87	3.716344	12.00	24.00
	6	20.44	3.972939	14.95	26.00

Annexe 9 : Moyennes, écarts-types et quantiles 5 et 95 du temps de détection (en semaines), selon les élevages testés pour chaque trajectoire épidémiologique dans le scénario d'introduction du BVDV dans la métapopulation avec achat d'une vache de Troie dans l'élevage FR29105123

Choix d'élevages	Trajectoire	Moyenne	Ecart-Type	Quantile 5	Quantile 95
10 %	Total	18.94000	6.080956	-	-
	1	18.95	5.897055	9.95	29.00
	2	19.23	6.083352	9.95	29.05
	3	19.99	7.011527	9.00	30.10
	4	16.77	5.380201	8.00	26.00
	5	19.26	6.046320	11.00	28.05
	6	19.44	5.565623	11.95	27.05
20 %	Total	16.27167	4.853912	-	-
	1	15.50	4.654747	8.00	23.00
	2	15.68	4.338878	9.00	22.05
	3	16.19	5.544485	9.00	26.00
	4	16.03	4.934838	8.95	25.05
	5	16.31	4.706958	9.95	24.00
	6	17.92	4.587378	11.00	24.00
30 %	Total	15.02500	4.519042	-	-
	1	15.09	4.327724	8.00	21.10
	2	14.93	4.127403	9.00	21.00
	3	15.11	4.408199	8.00	22.10
	4	13.04	4.836561	7.00	21.00
	5	15.75	4.381723	9.00	23.00
	6	16.23	4.446892	10.00	23.00
40 %	Total	14.48667	4.376652	-	-
	1	13.87	4.071718	8.00	21.00
	2	14.53	4.344868	8.95	21.05
	3	14.60	4.438127	8.00	22.00
	4	13.17	4.216502	7.00	20.00
	5	14.58	4.243069	8.95	21.05
	6	16.17	4.465479	9.00	23.00
50 %	Total	13.95667	4.395109	-	-
	1	13.94	3.865987	9.00	20.05
	2	13.95	3.809544	8.95	20.00
	3	13.82	4.207689	9.00	21.00
	4	11.77	3.852993	7.00	19.00
	5	14.43	4.826809	8.00	22.05
	6	15.83	4.790679	9.00	23.00

60 %	Total	13.24167	4.198728	-	-
	1	13.13	3.680840	7.00	19.00
	2	13.19	3.786459	9.00	20.00
	3	13.32	4.101934	8.00	20.00
	4	12.11	3.847851	7.00	20.00
	5	12.83	4.249908	7.00	20.05
	6	14.87	4.992226	8.00	23.00
70 %	Total	13.24667	4.370086	-	-
	1	13.28	4.104887	8.00	19.10
	2	13.42	3.819620	8.95	20.00
	3	12.83	3.910760	8.00	20.00
	4	10.96	3.858403	7.00	19.00
	5	13.01	4.115737	8.00	20.00
	6	15.98	4.888618	8.00	23.00
80 %	Total	12.65167	4.186431	-	-
	1	12.33	3.393562	7.95	19.00
	2	12.79	3.895854	8.00	20.00
	3	12.46	3.862328	7.00	20.00
	4	11.34	3.877467	6.95	19.00
	5	12.02	4.165709	7.00	20.00
	6	14.97	4.930743	7.95	23.00
90 %	Total	12.36333	4.037965	-	-
	1	11.83	3.530688	7.00	18.00
	2	13.03	3.258106	9.00	19.00
	3	12.99	4.484530	7.95	20.00
	4	10.30	3.313578	7.00	16.05
	5	12.28	4.216562	7.00	20.05
	6	13.75	4.395533	7.95	22.00
100 %	Total	12.15667	3.975147	-	-
	1	12.75	3.582717	7.00	18.00
	2	12.14	3.648772	8.00	19.05
	3	11.77	3.697815	7.00	20.00
	4	10.49	3.663897	6.95	19.00
	5	11.80	3.897681	7.00	20.00
	6	13.99	4.509239	8.00	23.00

HRA	Total	16.87833	4.269337	-	-
	1	18.78	4.584956	10.00	25.00
	2	15.57	3.859280	10.00	22.00
	3	17.20	4.559373	9.95	23.00
	4	14.66	3.723309	9.00	20.00
	5	17.04	3.781721	11.00	23.00
	6	18.02	3.689954	13.00	24.00
HRV	Total	20.25500	6.027481	-	-
	1	17.42	4.408852	11.00	24.00
	2	21.85	4.885301	15.80	28.00
	3	23.57	4.858097	17.70	30.00
	4	18.43	8.546078	8.00	30.00
	5	16.97	4.316880	11.00	23.00
	6	23.29	3.985567	17.00	28.00
RA	Total	14.69500	4.653106	-	-
	1	16.87	4.298590	10.95	23.00
	2	14.50	4.081246	8.95	21.00
	3	15.54	4.279196	10.00	22.00
	4	12.35	3.965444	8.00	20.00
	5	13.90	4.839860	7.00	22.00
	6	15.01	5.155158	7.95	23.00
RV	Total	14.01833	4.619910	-	-
	1	17.06	4.153178	11.00	23.05
	2	12.25	3.693770	8.00	19.05
	3	14.48	4.902030	8.00	22.00
	4	12.13	3.762266	7.95	19.05
	5	14.12	4.824768	7.00	21.05
	6	14.07	4.522123	7.00	22.00
HRA+HRV	Total	16.13000	4.523701	-	-
	1	18.33	4.094971	12.00	24.00
	2	14.93	4.008211	9.00	22.00
	3	16.16	4.308132	10.00	23.00
	4	12.27	4.141085	8.00	20.00
	5	16.66	3.856570	11.00	22.00
	6	18.43	3.657716	12.00	24.00

HRA+RV	Total	14.18000	4.664461	-	-
	1	17.16	4.130987	11.95	23.05
	2	12.70	3.599944	8.00	19.00
	3	14.88	4.311788	8.95	22.00
	4	11.47	3.761729	7.00	19.05
	5	14.10	5.018149	7.00	22.00
	6	14.77	4.923362	6.00	23.00
RA+HRV	Total	14.43667	4.417221	-	-
	1	15.75	4.112988	11.00	22.00
	2	15.15	3.962896	10.00	21.05
	3	15.36	3.685955	10.00	21.00
	4	11.68	3.984515	7.00	20.00
	5	13.97	4.877189	7.00	22.00
	6	14.71	4.593133	8.90	22.00
RA+RV	Total	13.39333	4.446148	-	-
	1	15.61	4.199315	9.95	23.00
	2	12.59	3.443908	8.00	19.00
	3	14.18	4.511221	8.00	21.05
	4	10.98	3.393339	7.00	18.00
	5	12.29	4.402238	7.00	21.05
	6	14.71	4.874786	9.00	23.00

Annexe 10 : Moyennes, écarts-types et quantiles 5 et 95 du temps de détection (en semaines), selon les élevages testés pour chaque trajectoire épidémiologique dans le scénario d'introduction du BVDV dans la métapopulation avec achat d'une vache de Troie dans l'élevage FR35039006

Choix d'élevages	Trajectoire	Moyenne	Ecart-Type	Quantile 5	Quantile 95
10 %	Total	36.75167	8.418122	-	-
	1	37.97	7.595127	21.85	43.00
	2	38.71	7.148207	24.00	43.00
	3	34.63	4.758098	27.95	43.00
	4	38.84	9.774963	10.90	43.00
	5	39.16	8.999125	16.95	43.00
	6	31.20	8.336363	9.90	40.00
20 %	Total	33.63333	10.171922	-	-
	1	33.38	9.274468	18.00	43.00
	2	37.85	8.426000	23.95	43.00
	3	31.62	3.700341	25.00	37.00
	4	35.49	11.587607	8.00	43.00
	5	36.14	11.998333	7.00	43.00
	6	27.32	10.241409	6.95	39.00
30 %	Total	30.81667	10.748905	-	-
	1	30.36	9.252376	17.00	43.00
	2	33.62	9.350396	23.00	43.00
	3	30.70	3.965763	25.00	38.00
	4	30.61	14.087673	7.00	43.00
	5	33.18	12.918845	7.00	43.00
	6	26.43	10.567011	5.00	37.00
40 %	Total	28.25833	11.168684	-	-
	1	28.56	8.079554	16.95	43.00
	2	33.04	8.179699	23.00	43.00
	3	30.60	3.824430	24.00	37.05
	4	25.83	14.879350	5.95	43.00
	5	28.97	13.682884	6.00	43.00
	6	22.55	11.454235	5.95	37.00
50 %	Total	26.48667	11.057589	-	-
	1	26.85	7.855224	16.00	43.00
	2	30.54	9.316457	6.00	43.00
	3	30.81	3.208873	25.00	36.00
	4	24.67	13.911012	5.00	43.00
	5	26.34	13.403015	5.95	43.00
	6	19.71	11.067557	5.00	36.00

60 %	Total	25.25167	10.868235	-	-
	1	25.38	7.312339	16.00	40.05
	2	28.72	9.176254	6.00	43.00
	3	30.29	3.373381	25.00	36.00
	4	21.65	14.230693	5.00	43.00
	5	25.07	13.252219	4.00	43.00
	6	20.40	10.619213	5.00	36.00
70 %	Total	23.17833	10.581579	-	-
	1	23.59	6.367682	16.00	37.00
	2	28.33	8.284164	7.90	43.00
	3	30.48	3.282891	25.00	35.05
	4	19.71	13.473727	5.00	41.05
	5	21.33	10.893474	6.00	43.00
	6	15.63	10.164958	4.00	33.05
80 %	Total	21.82333	10.089026	-	-
	1	22.73	5.480645	15.00	32.05
	2	26.45	9.612045	5.95	35.40
	3	29.99	3.497459	24.95	36.00
	4	15.29	10.345833	5.00	36.05
	5	20.46	10.769786	6.00	43.00
	6	16.02	9.452679	5.00	33.00
90 %	Total	19.63500	9.646599	-	-
	1	21.69	4.298684	16.00	29.00
	2	25.60	8.512617	6.00	35.00
	3	29.43	3.325005	24.00	34.05
	4	12.44	8.268621	5.00	33.10
	5	17.48	9.136982	5.95	33.20
	6	11.17	6.535150	4.95	28.05
100 %	Total	18.65333	9.198778	-	-
	1	21.00	3.749747	15.95	27.00
	2	23.78	9.933699	4.00	35.00
	3	29.93	3.616056	24.00	35.00
	4	10.74	4.906438	5.00	17.00
	5	15.80	7.180220	5.95	25.05
	6	10.67	3.757968	5.00	16.00

HRA	Total	30.39833	10.490460	-	-
	1	31.38	9.423568	17.00	43.00
	2	34.47	14.611090	5.00	43.00
	3	31.56	3.270066	27.00	37.00
	4	36.96	3.722495	31.00	43.00
	5	16.34	7.939443	4.95	26.10
	6	31.68	3.481205	26.00	37.00
HRV	Total	18.89000	9.203391	-	-
	1	21.06	3.808072	15.00	27.00
	2	25.59	8.685405	5.00	34.05
	3	29.45	3.173040	24.00	34.00
	4	10.84	5.139901	5.00	17.00
	5	16.28	7.535881	4.95	26.00
	6	10.12	4.063337	4.00	16.00
RA	Total	20.33667	10.196401	-	-
	1	26.82	4.905944	17.00	33.00
	2	25.32	9.012763	5.00	34.05
	3	31.86	2.737764	27.00	36.05
	4	11.63	5.340251	5.00	17.00
	5	16.03	7.608415	5.00	26.00
	6	10.36	5.686276	4.00	16.45
RV	Total	18.78500	9.555852	-	-
	1	21.12	3.562657	16.00	27.00
	2	25.29	9.436973	4.95	35.00
	3	29.85	3.391537	24.00	35.05
	4	10.54	5.311356	5.00	17.00
	5	15.47	7.547098	5.00	26.00
	6	10.44	5.660995	4.00	16.00
HRA+HRV	Total	18.84833	9.219200	-	-
	1	20.45	4.304977	15.00	27.00
	2	25.76	8.799816	6.00	34.05
	3	29.79	3.160025	24.00	34.00
	4	10.72	3.749963	5.00	17.00
	5	16.04	7.475103	4.00	25.05
	6	10.33	4.311261	4.95	16.00

HRA+RV	Total	18.76667	9.469160	-	-
	1	20.55	4.122799	15.00	27.00
	2	25.41	9.176270	5.00	34.05
	3	30.32	3.051345	24.95	35.00
	4	10.55	4.753255	5.00	17.00
	5	15.42	7.297682	5.00	25.00
	6	10.35	4.740488	4.00	16.05
RA+HRV	Total	18.72667	9.470557	-	-
	1	21.23	4.131317	15.00	27.00
	2	24.56	9.312010	5.00	34.00
	3	29.86	3.272228	25.00	35.00
	4	10.61	6.129734	5.00	16.05
	5	16.66	6.983704	5.95	26.00
	6	9.44	4.238639	4.00	16.00
RA+RV	Total	18.73333	9.220118	-	-
	1	21.68	3.784284	15.00	27.00
	2	24.33	9.831977	5.00	34.05
	3	29.52	3.082961	24.00	34.00
	4	10.51	4.689328	5.00	17.00
	5	15.98	7.344317	5.00	26.00
	6	10.38	3.681183	4.00	16.00

Annexe 11 : Moyennes, écarts-types et quantiles 5 et 95 du temps de détection (en semaines), selon les élevages testés pour chaque trajectoire épidémiologique dans le scénario d'introduction du BVDV dans la métapopulation avec achat d'une vache de Troie dans l'élevage FR56147077

Choix d'élevages	Trajectoire	Moyenne	Ecart-Type	Quantile 5	Quantile 95
10 %	Total	30.06333	8.452321	-	-
	1	28.01	5.383279	19.95	37.00
	2	29.10	8.695175	13.00	43.00
	3	26.42	6.172896	17.95	39.05
	4	29.60	6.236096	21.00	43.00
	5	39.70	8.044698	22.95	43.00
	6	27.55	8.182730	10.95	38.05
20 %	Total	27.07333	8.481618	-	-
	1	25.89	5.511961	17.00	34.00
	2	26.30	7.273169	14.00	36.05
	3	25.05	5.276927	17.00	33.00
	4	26.15	4.434427	19.00	33.00
	5	36.68	10.531223	7.95	43.00
	6	22.37	8.425137	6.95	33.00
30 %	Total	25.39667	8.583051	-	-
	1	24.26	5.296502	15.95	32.00
	2	23.18	8.097113	6.95	35.00
	3	23.02	4.387724	17.00	30.05
	4	25.85	3.745368	20.00	31.05
	5	34.80	11.262703	7.00	43.00
	6	21.27	8.560958	6.95	32.05
40 %	Total	23.72667	8.648504	-	-
	1	22.97	4.934838	16.00	30.05
	2	22.15	8.311335	3.90	34.00
	3	23.18	4.214885	16.00	29.05
	4	24.92	4.036901	19.00	31.05
	5	31.29	12.777264	6.95	43.00
	6	17.85	8.019389	7.00	31.05
50 %	Total	22.74167	8.355714	-	-
	1	22.35	4.987611	15.00	29.00
	2	19.90	8.959505	2.00	32.05
	3	22.30	3.888600	16.00	28.00
	4	24.54	4.110642	19.00	31.00
	5	29.25	11.969975	5.00	43.00
	6	18.11	8.108974	6.00	31.00

60 %	Total	21.49167	8.004794	-	-
	1	21.68	4.675057	15.00	29.00
	2	20.38	7.526089	4.90	31.00
	3	21.50	3.911909	16.00	28.00
	4	24.38	3.784017	19.00	30.00
	5	25.10	13.268403	2.95	43.00
	6	15.91	7.013832	6.00	28.05
70 %	Total	20.74000	7.840377	-	-
	1	21.37	4.951594	15.00	29.00
	2	16.82	8.643769	2.00	30.00
	3	21.64	3.647387	16.00	27.00
	4	24.15	3.952687	18.00	30.00
	5	25.36	10.636814	5.95	43.00
	6	15.10	6.960930	6.00	29.00
80 %	Total	20.24167	7.623656	-	-
	1	21.89	4.929595	15.00	29.00
	2	16.68	6.819283	3.95	25.00
	3	21.28	3.733766	15.95	27.00
	4	24.18	4.110543	18.00	30.00
	5	23.92	10.727742	5.90	43.00
	6	13.50	6.560519	5.95	28.00
90 %	Total	19.53167	7.533719	-	-
	1	21.11	5.254906	14.65	29.05
	2	16.99	7.708706	2.00	28.05
	3	21.33	3.964629	15.00	27.00
	4	24.34	3.573810	19.95	30.00
	5	20.58	10.502698	3.95	36.20
	6	12.84	5.964067	5.95	27.05
100 %	Total	18.08500	7.311649	-	-
	1	20.17	5.191397	8.00	26.00
	2	14.02	7.870133	2.00	25.00
	3	20.68	3.673217	15.00	27.00
	4	23.97	3.891080	18.00	30.00
	5	18.10	9.133687	3.95	30.00
	6	11.57	4.095464	5.95	17.00

HRA	Total	27.50500	7.812706	-	-
	1	28.33	3.570516	22.00	34.00
	2	22.01	7.596510	13.00	37.00
	3	22.89	3.524503	17.00	29.00
	4	24.49	3.557593	19.00	30.00
	5	39.30	7.666667	31.00	43.00
	6	28.01	3.511870	22.00	33.00
HRV	Total	18.01500	6.979443	-	-
	1	20.18	4.799790	14.65	27.00
	2	15.45	6.155190	4.00	25.00
	3	20.91	3.832595	15.00	27.00
	4	23.46	3.582844	18.00	29.00
	5	17.31	9.264568	3.00	29.05
	6	10.78	4.157456	5.00	17.00
RA	Total	25.23500	9.030265	-	-
	1	25.60	3.673547	20.00	31.00
	2	14.88	7.233871	1.00	25.00
	3	20.76	3.476094	15.00	27.00
	4	24.76	3.992721	19.00	31.00
	5	38.34	8.934351	7.95	43.00
	6	27.07	3.734240	21.00	32.00
RV	Total	18.37000	7.390363	-	-
	1	19.70	5.153208	8.00	26.00
	2	15.24	7.845889	2.00	25.00
	3	21.21	4.045936	15.00	27.00
	4	23.87	3.983945	18.00	30.00
	5	18.32	9.509039	2.95	30.00
	6	11.88	5.172343	5.00	19.05
HRA+HRV	Total	18.44333	7.315234	-	-
	1	19.35	5.368022	7.00	26.00
	2	15.27	8.144968	1.95	25.00
	3	20.67	3.478810	16.00	27.00
	4	23.90	3.780599	18.00	30.00
	5	20.08	8.732477	2.95	30.00
	6	11.39	5.189140	6.00	21.10

HRA+RV	Total	18.38667	7.157225	-	-
	1	19.53	4.949145	8.00	26.05
	2	15.57	7.250573	2.00	24.05
	3	20.52	3.799202	15.00	27.00
	4	23.37	3.914890	18.00	30.00
	5	19.94	9.721184	3.95	30.00
	6	11.39	4.208925	5.00	17.00
RA+HRV	Total	18.68792	7.049638	-	-
	1	20.07	5.097543	8.00	26.05
	2	15.72	7.321037	2.00	25.00
	3	21.11	3.637334	15.00	27.00
	4	24.33	3.646099	18.00	30.00
	5	19.15	8.826470	3.00	29.05
	6	11.76	4.311413	5.00	17.00
RA+RV	Total	18.60833	7.180124	-	-
	1	19.98	4.824140	8.00	26.05
	2	16.14	7.106719	3.00	25.00
	3	21.16	3.498109	15.95	27.00
	4	24.53	3.952892	19.00	30.00
	5	18.71	8.857223	4.00	30.00
	6	11.13	5.028515	5.00	17.00