



N° d'ordre NNT : 2019LYSE1351

THESE de DOCTORAT DE L'UNIVERSITE DE LYON

opérée au sein de
l'Université Claude Bernard Lyon 1

Ecole Doctorale N° 341
Ecosystèmes Evolution Modélisation Microbiologie

Spécialité de doctorat : Epidémiologie

Soutenue publiquement le 17/12/2019, par :
Mr Pierre Benoît VILLARD

Évaluation de l'impact et de l'efficacité de la surveillance et de la lutte de la fièvre catarrhale ovine en France.

Devant le jury composé de :

Docteur Durand Benoit <i>Directeur de recherche, Anses</i>	Rapporteur
Docteur Hendrikx Pascal <i>Directeur de recherche, Anses</i>	Rapporteur
Professeure Maucort-Boulch Delphine <i>PU-PH, Université Claude Bernard Lyon 1</i>	Examinatrice et Directrice du jury
Professeur Saegerman Claude <i>PU, Université de Liège</i>	Examineur
Docteure Hénaux Viviane <i>Chargée de recherche, Anses</i>	Directrice de thèse
Docteur Lancelot Renaud <i>Chargé de recherche, Cirad</i>	Co-directeur de thèse

UNIVERSITE CLAUDE BERNARD – LYON 1

Président de l'Université	M. Frédéric FLEURY
Président du Conseil Académique	M. Hamda BEN HADID
Vice-Président du Conseil d'Administration	M. Didier REVEL
Vice-Président du Conseil des Etudes et de la Vie Universitaire	M. Philippe CHEVALLIER
Vice-Président de la Commission de Recherche	M. Fabrice VALLEE
Directeur Général des Services	M. Damien VERHAEGHE

COMPOSANTES DE SANTE

Faculté de Médecine Lyon-Est – Claude Bernard	Doyen : M. Gilles RODE
Faculté de Médecine et Maïeutique Lyon Sud Charles Mérieux	Doyenne : Mme Carole BURILLON
UFR d'Odontologie	Doyenne : Mme Dominique SEUX
Institut des Sciences Pharmaceutiques et Biologiques	Directrice : Mme Christine VINCIGUERRA
Institut des Sciences et Techniques de la Réadaptation	Directeur : M. Xavier PERROT
Département de Formation et Centre de Recherche en Biologie Humaine	Directrice : Mme Anne- Marie SCHOTT

COMPOSANTES & DEPARTEMENTS DE SCIENCES ET TECHNOLOGIES

UFR Biosciences	Directrice : Mme Kathrin GIESELER
Département Génie Electrique et des Procédés (GEP)	Directrice : Mme Rosaria FERRIGNO
Département Informatique	Directeur : M. Behzad SHARIAT
Département Mécanique	Directeur : M. Marc BUFFAT
UFR – Faculté des Sciences	Administrateur provisoire : M. Bruno ANDRIOLETTI
UFR (STAPS)	Directeur : M. Yannick VANPOULLE
Observatoire de Lyon	Directrice : Mme Isabelle DANIEL
Ecole Polytechnique Universitaire Lyon 1	Directeur : M. Emmanuel PERRIN
Ecole Supérieure de Chimie, Physique, Electronique (CPE Lyon)	Directeur : M. Bernard BIGOT
Institut Universitaire de Technologie de Lyon 1	Directeur : M. Christophe VITON
Institut de Science Financière et d'Assurances ESPE	Directeur : M. Nicolas LEBOISNE
	Administrateur Provisoire : M. Pierre CHAREYRON

« La souris¹ est un animal qui, tuée en quantité suffisante et dans des conditions contrôlées, produit une thèse de doctorat. »

Woody Allen

¹ Les seules souris à avoir été maltraitées au cours de ces trois années furent des souris d'ordinateurs.

Remerciements

Mes remerciements vont naturellement à Viviane Hénaux et Renaud Lancelot, mes directeurs de thèse pour l'encadrement sans faille qu'ils m'ont apporté. Merci pour la confiance qu'ils m'ont témoignée en me présentant les objectifs de cette thèse de doctorat, leur disponibilité, leur compréhension, et leur soutien infaillible depuis.

Je souhaite aussi apporter mes remerciements chaleureux aux membres du jury de cette thèse : Delphine Maucort-Boulch, la présidente, Benoit Durand et Pascal Hendrikx les rapporteurs et Claude Saegerman comme examinateur.

Je remercie également l'Ecole Doctorale Ecosystèmes Evolution Modélisation Microbiologie pour son accompagnement, la disponibilité de son personnel (Emmanuelle Gilot, Fabienne Macro et Sylvie Roberjot), ainsi que l'Anses et le Cirad.

Un immense merci aux personnes des différentes équipes que j'ai pu croiser au cours de ces trois années et qui m'ont apporté des conseils, du soutien, un regard extérieur à mes travaux, et des moments de répit pendant les pauses thé. Pour l'unité EAS (Anses) : Jean-Philippe Amat, Pauline Bres, Julien Cauchard, Géraldine Cazeau, Romane Di Biagio, Céline Dupuy, Nathalie Jarrige, Sofia Mlala, Eric Morignat, Adler Moukouboulou, Christelle Philippon, Charlotte Rüger, Carole Sala, Charlotte Valat et Jean-Luc Vinard ; y compris celles et ceux partis avant moi : Clémence Bourély, Didier Calavas, Pauline De Jerphanion et Mathilde Saussac. Pour l'unité Astre (Cirad) : Thomas Balenghien, Thierry Baldet, Marisa Peyre et Facundo Muñoz. Pour l'équipe Lucinda (Université de Liverpool) : Matthew Baylis, Cyril Caminade, Anne Jones, Thomas Spooner et Joanne Turner. Pour l'Ecole nationale vétérinaire de Toulouse : Ahmed Ferchiou, Jean-Joseph Minviel et Didier Raboisson.

Je remercie aussi toutes les personnes qui ont permis, de près ou de loin, la réalisation des travaux présentés dans ce manuscrit : Stéphanie Desvaux de l'ONCFS ; Eric Guillemot, Philippe Nicollet de Lidia Zerrouki de l'Adilva ; Anne Bronner, Lisa Cavalerie, Alexandre Fediaevsky, Marie Grandcollot-Chabot de la DGAI ; Emmanuel Bréard, Corinne Sailleau et Cyril Viarouge du LNR Anses ; Xavier Allène, Claire Garros, Jonathan Lhoir et Ignace Rakotarivony du CIRAD ; Delphine Delécolle, Jean-Claude Delécolle, Bruno Mathieu de l'IPPTS ; Bethsabée Scheid, Marie-Laure Setier-Rio et Roger Venail de l'EID-Med.

J'adresse aussi mes remerciements chaleureux à ma famille qui m'a accompagné et supporté même si tous n'ont pas tout à fait compris mon travail. Je remercie en particulier mes grands-parents, mes parents, et mon frère pour leurs paroles encourageantes et leurs silences bienveillants.

Merci à mes amies et mes amis qui étaient là sans que j'ai eu besoin de leur faire signe et qui m'ont fait sortir à la lumière du jour : les infirmières, les improvisateurs et improvisatrices, les amis d'enfance, de lycée et tous les autres qui ne rentrent pas dans ces cases, mais qui ne me sont pas moins importants.

Un immense merci à Emma (qui se réjouit de me voir enfin quitter les études) pour m'avoir épaulé, rassuré et poussé chaque jour à me dépasser. Sans elle et son amour indéfectible, je ne serais pas l'homme que je suis aujourd'hui.

Enfin, mes remerciements ne vont certainement pas aux studios Disney et Pixar qui ont occupé beaucoup de mes soirées avec leur géniale et prolifique production animée.

« - Faire une thèse c'est pas une sinécure
- Ouais c'est pas faux ! »

Valorisation des travaux

ARTICLES SCIENTIFIQUES

Villard P., Brilleaud S., Hénaux V. Changes in cattle movement dynamics during the bluetongue epizootic of 2015-2016. Article en préparation.

Villard P., Bournez L., Baldet T., Hénaux V. Évaluation des coûts liés aux dispositifs de surveillance de la fièvre catarrhale ovine en France continentale suite à la réémergence de 2015. *Bulletin Epidémiologique Santé animale – Alimentation*, soumis.

Villard P., Muñoz F., Balenghien T., Baldet T., Lancelot R., Hénaux V. Modeling *Culicoides* abundance in mainland France: implications for surveillance. *Parasites & Vectors*, 2019.

COMMUNICATIONS ORALES LORS DE CONGRES SCIENTIFIQUES

ISVEE 15th (International symposium of veterinary epidemiology and economics), Use of entomology surveillance data for modeling *Culicoides* abundance in mainland France. Chiang Mai, Thaïlande, 2018.

Journée scientifiques et doctorales de l'Anses, Utilisation de données de surveillance entomologique à des fins de modélisation d'abondance de *Culicoides* en France continentale. Maison-Alfort, France, 2018.

POSTERS SCIENTIFIQUES LORS DE CONGRES SCIENTIFIQUES

ISVEE 15th (International symposium of veterinary epidemiology and economics), Factors associated with the movement of cows and replacement heifers in dairy herds in France: implications for disease surveillance. Chiang Mai, Thailand, 2018.

ISESSAH-InnovSur Conference, Use of entomology surveillance data for *Culicoides* abundance modeling in mainland France. Montpellier France, 2018.

Journées scientifiques et doctorales de l'Anses, Evaluation par simulation de l'efficacité du dispositif français de surveillance et de lutte de la fièvre catarrhale ovine. Maison-Alfort, France, 2017.

Résumé

Le sérotype 8 du virus de la fièvre catarrhale ovine (FCO), pour lequel la France était indemne depuis 2012, a été détecté en 2015 alors qu'il avait déjà diffusé sur une large partie du territoire national. Des restrictions de mouvements ont été mises en place pour limiter la diffusion de la maladie, obligeant les éleveurs à démontrer le statut indemne des animaux en amont de tout mouvement ou a modifié leurs pratiques d'échanges commerciaux et de réforme des bovins. Ces restrictions de mouvements peuvent être allégées en période d'inactivité vectorielle mais la mise en place d'une surveillance entomologique efficace permettant d'identifier les zones saisonnièrement indemnes nécessite au préalable la connaissance de la dynamique spatiotemporelle des espèces de culicoïdes, les vecteurs de la FCO. Enfin, face au risque d'introduction de nouveaux sérotypes de FCO, se pose la question de l'efficacité des dispositifs de surveillance programmée et des modalités de restrictions des mouvements. Dans ce contexte, cette thèse visait à apporter des éléments de connaissance et d'aide à la décision pour les gestionnaires. Le premier volet portant sur l'impact des mesures de surveillance et de lutte pour la filière bovine a permis d'une part de chiffrer à 14,6 millions € HT le coût de la surveillance entre septembre 2015 et décembre 2016 et de quantifier les modifications de dynamique de mouvements en fonction de la situation épidémiologique sanitaire des élevages. Dans le second volet de cette thèse, nous avons développé un modèle pour la prévision de l'abondance des vecteurs, basé sur les données historiques de captures de *Culicoides* et tenant compte des variations spatiotemporelles de températures. Enfin, nous avons utilisé un modèle de simulation de la transmission de la FCO entre exploitations pour évaluer l'efficacité de modalités alternatives de surveillance programmée et de lutte vis-à-vis de la FCO. Ces travaux apportent des informations indispensables dans une perspective d'amélioration de l'efficacité des actions sanitaires vis-à-vis de cette maladie et de réduction des conséquences économiques pour la filière.

Mots clés : fièvre catarrhale ovine, *Culicoides*, surveillance, lutte, coûts, impacts.

Abstract

Bluetongue virus (BTV) serotype 8, for which France had been declared free since 2012, was detected in 2015 when he had already spread over a large part of the national territory. Restrictions of movement were implemented to limit the spread of the disease, requiring farmers to demonstrate the free status of animals prior to any movement, or to change their practices of cattle trade and reform. These movement restrictions can be lifted during periods of vector inactivity, but the establishment of an efficient entomological surveillance to identify areas that are seasonally free-of-disease requires prior knowledge of the spatiotemporal dynamics of *Culicoides* species, which are BTV vectors. Finally, the risk of introducing new serotypes of BTV raises the question of the effectiveness of programmed surveillance and of the modalities of movement restrictions. In this context, this thesis aimed to provide elements of knowledge and decision-making for managers. The first part, which dealt with the impact of surveillance and control measures on the cattle sector, enabled to estimate to €14.6 million the cost of surveillance between September 2015 and December 2016 and to quantify the changes in movements' dynamics according to the epidemiological health situation of farms. In the second part of this thesis, we developed a model for the prediction of vector abundance, based on historical data of *Culicoides* captures and taking into account the spatiotemporal variations of temperatures. Finally, we used a model simulating the transmission of BTV between farms to evaluate the effectiveness of alternative modalities of programmed surveillance and control against BTV. This work provides essential information with a view to improving the efficiency of health actions with regard to this disease and reducing the economic consequences for the sector.

Keywords: bluetongue, *Culicoides*, surveillance, control, costs, impacts.

Table des matières

Index des tableaux.....	12
Index des figures	14
Index des annexes	17
Index des abréviations	18
Introduction générale.....	19
1 LA SANTE ANIMALE	19
2 LA FIEVRE CATARRHALE OVINE	21
2.1 <i>Présentation générale de la FCO</i>	21
2.2 <i>Le virus et ses conséquences sanitaires</i>	22
2.3 <i>Voie de transmission et cycle de réplication du virus</i>	23
3 UNE NOUVELLE DYNAMIQUE POUR LA FCO	24
3.1 <i>De fréquentes incursions à une pérennisation de l'infection</i>	24
3.2 <i>La détropicalisation des vecteurs</i>	25
4 LA FCO EN FRANCE	27
4.1 <i>Des mesures réglementaires imposées</i>	27
4.2 <i>Deux épisodes épidémiologiques de FCO</i>	28
4.2.1 De 2006 à 2009.....	28
4.2.1.a La situation.....	28
4.2.1.b Les mesures de surveillance et de contrôle	29
4.2.1.c Bilan	29
4.2.2 Depuis 2015.....	30
4.2.2.a La résurgence du virus	30
4.2.2.b Spécificité clinique de la souche résurgente	30
4.2.2.c Les mesures de surveillance et de contrôle	31
4.2.2.d Bilan	32
5 OBJECTIF ET STRATEGIE SCIENTIFIQUE	32
Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale	34
1 INTRODUCTION.....	34
2 EVALUATION DES COÛTS LIES AUX DISPOSITIFS DE SURVEILLANCE DE LA FCO EN FRANCE CONTINENTALE SUITE A LA REEMERGENCE DE 2015	35
2.1 <i>Matériel et méthodes</i>	37
2.1.1 Données d'interventions et d'analyses liées à la surveillance dans le cheptel bovin.....	37
2.1.2 Honoraires vétérinaires et coûts unitaires des analyses	39
2.1.3 Surveillance entomologique	40
2.2 <i>Résultats</i>	42
2.2.1 Honoraires vétérinaires et coûts des analyses	42
2.2.2 Coût de la surveillance	44
2.2.3 Coût du dispositif de surveillance entomologique	47
2.2.4 Répartition des coûts entre les éleveurs et l'Etat.....	48
2.3 <i>Discussion</i>	48
2.3.1 Evolution des modalités de surveillance depuis 2018.....	52

3	VARIATIONS DES DYNAMIQUES DE MOUVEMENTS DE BOVINS LORS DE L'ÉPIZOOTIE DE FIEVRE CATARRHALE OVINE DE 2015-2016	54
3.1	<i>Matériel et méthodes</i>	54
3.1.1	Matériel.....	54
3.1.2	Méthodes.....	56
3.2	<i>Résultats</i>	58
3.2.1	Descriptif des données de mouvements.....	58
3.2.2	Modélisation.....	62
3.3	<i>Discussion</i>	67
4	CONCLUSION.....	70
Chapitre 2 : Evaluation de la dynamique des <i>Culicoides</i> en France continentale		73
1	INTRODUCTION.....	73
2	MATERIEL ET METHODES.....	75
2.1	<i>Données</i>	75
2.2	<i>Modèle</i>	76
2.3	<i>Comparaison de différents partitionnements du territoire</i>	77
2.4	<i>Prédictions du modèle</i>	78
3	RESULTATS.....	79
3.1	<i>Partitionnement iso-hygro-thermique</i>	79
3.2	<i>Ajustement du modèle aux données</i>	80
3.3	<i>Prédictions du modèle</i>	82
4	DISCUSSION.....	88
5	CONCLUSION.....	92
Chapitre 3 : Amélioration des dispositifs de surveillance et de lutte contre le BTV-8		93
1	INTRODUCTION.....	93
2	MATERIEL ET METHODES.....	94
2.1	<i>Modèle de diffusion de la FCO</i>	94
2.1.1	Présentation du modèle original.....	94
2.1.2	Adaptation du modèle au système d'élevage français.....	98
2.2	<i>Modalités de surveillance et de contrôle simulées dans le modèle</i>	102
2.3	<i>Données utilisées et implémentation du modèle</i>	104
3	RESULTATS.....	104
3.1	<i>Description du jeu de données</i>	104
3.2	<i>Efficacité des mesures de surveillance et de lutte dans le modèle BASE</i>	105
3.3	<i>Comparaison de l'efficacité de mesures de surveillance alternatives</i>	105
3.4	<i>Comparaison de l'efficacité des mesures de lutte</i>	106
3.5	<i>Comparaison de l'efficacité des mesures de surveillance et de lutte alternatives</i>	107
3.7	<i>Comparatif des coûts des différentes combinaisons de surveillance et de lutte</i>	109
4	DISCUSSION.....	109
Discussion générale		114
1	REMISE EN CONTEXTE DES OBJECTIFS.....	114
2	LA FCO : UNE MALADIE ANIMALE A FORT IMPACT SUR LA FILIERE BOVINE.....	114
3	LES <i>CULICOIDES</i> , VECTEURS DE MALADIE ET VECTEURS D'INFORMATIONS.....	117

4	LA MODELISATION MATHEMATIQUE AU SERVICE DE L'AMELIORATION DE LA SURVEILLANCE	118
5	CONCLUSION.....	119
	Références	120
	Annexes	141

Index des tableaux

Tableau 1 : Honoraires vétérinaires et tarifs des analyses (en € HT) dans le cadre des opérations de la surveillance de la FCO en 2015 et 2016.....	43
Tableau 2 : Nombre d'opérations techniques et d'analyses par dispositif de surveillance de la FCO entre septembre et décembre 2015 et coûts associés en € HT.....	45
Tableau 3 : Nombre d'opérations techniques et d'analyses par dispositif de surveillance de la FCO en 2016 et coûts associés en € HT.....	45
Tableau 4 : Nombre d'opérations techniques et d'analyses pour la surveillance visant à établir les ZSI au cours de l'hiver 2015-2016 et coûts associés en € HT.....	46
Tableau 5 : Nombre d'élevages soumis à des dépistages pré-mouvements vers des zones indemnes pour 2015 (septembre-décembre) et 2016 et distribution des coûts totaux (visites, prélèvements et analyses) entre élevages en € HT.	46
Tableau 6 : Coûts par piège et coûts totaux de la surveillance entomologique pour novembre-décembre 2015 (343 piégeages) et pour l'année 2016 (1 126 piégeages) en €....	47
Tableau 7 : Nombre de bovins échangés au cours des campagnes de production 2013-2014 et 2014-2015, par classe d'âge et en fonction de la destination du mouvement.	58
Tableau 8 : Somme cumulée des mouvements selon les destinations par campagne de production.....	62
Tableau 9 : Période d'activité vectorielle prédite pour chaque zone vectorielle en France métropolitaine, en supposant une activité vectorielle au-delà d'un seuil de dix culicoïdes...	85
Tableau 10 : Effets des variables « température minimum » et « différence de températures » sur l'abondance relative des culicoïdes au sein de chaque zone vectorielle (moyenne et intervalle de confiance - IC - à 95 %), estimé à partir d'un modèle de Poisson. Les P-value significatives sont marquées d'un *.....	87
Tableau 11 : Définitions des statuts possibles pour une exploitations dans le modèle.....	95
Tableau 12 : Modalités d'échantillonnage pour différentes prévalences limites. Ces tailles d'échantillons ont été obtenues grâce au site Epitools (Sergent 2018).....	99

Tableau 13 : Fonctions et paramètres nécessaires aux calculs de probabilités pour les transitions entre les statuts des exploitations (Turner, Bowers, et Baylis 2012).	99
Tableau 14 : Fonctions et paramètres nécessaires au modèle intra-exploitation (Turner <i>et al.</i> 2019).....	101
Tableau 15 : Indicateurs de performance et d'impact des mesures de surveillance vis-à-vis de la FCO.....	106
Tableau 16 : Indicateurs de performance et d'impact des mesures de contrôle vis-à-vis de la FCO.	107
Tableau 17 : Indicateurs de performance et d'impact des mesures de surveillance et de contrôle vis-à-vis de la FCO.	108
Tableau 18 : Coûts des différents dispositifs pour les scénarios testés.....	109

Index des figures

Figure 1 : Classification des coûts.	20
Figure 2 : Cycle de transmission du BTV	24
Figure 3 : Carte des zones touchées par le BTV entre 1998 et 2007 en Europe (Purse <i>et al.</i> 2008).....	25
Figure 4 : Cycle de vie des <i>Culicoides</i> (Slama, Babba, et Chaker 2017). La sous-partie du cycle encerclée en pointillés correspond au cycle gonotrophique.....	26
Figure 5 : Progression du front de progression de l'épizootie de FCO à BTV-8 prédite par un modèle spatial (Pioz <i>et al.</i> 2011).....	28
Figure 6 : Nombre d'article référencés sur PubMed portant sur l'économie de la santé animale (Medline 1946). La requête exacte lancée pour obtenir ces résultats était (animal health[Title/Abstract]) AND (economic[Title/Abstract] OR cost[Title/Abstract]).	34
Figure 7 : Tarifs des méthodes de diagnostic de la FCO appliqués par les laboratoires en 2015 et 2016. Pour chaque boîte à moustache (boxplot), les traits verticaux représentent les premiers et neuvièmes déciles, les extrémités de la « boîte » représentent les premier (à gauche) et troisième (à droite) quartiles, le trait en gras représente la médiane et les points sont les valeurs extrêmes.....	43
Figure 8 : Transect d'étude des mouvements de bovins. A : Rhône ; B : Allier ; C : Cher ; D : Loir-et-Cher ; E : Sarthe; F : Orne; G : Manche.....	55
Figure 9 : Classification des départements en fonction de leur statut épidémiologique et de la présence ou absence de foyer de FCO-8 au cours de la période d'étude.	56
Figure 10 : Evolution des nombres de mouvements de bovins en fonction du type de mouvement pour les trois campagnes de production.....	59
Figure 11 : Volumes de mouvements en fonction de la destination pour chaque groupe de départements entre septembre 2013 et août 2016.	61
Figure 12 : Distribution temporelle des excès et déficits mensuels de mouvements par destination et classes d'âges à l'échelle nationale entre septembre 2015 et août 2016. Le pourcentage représente le ratio entre la valeur observée et la valeur prédite par le modèle de décomposition. Seules les anomalies significatives à 5 % sont représentées.	63

Figure 13 : Distribution temporelle des excès et déficits mensuels de mouvements par destination et classes d'âges pour les départements du transect entre septembre 2015 et août 2016. Le pourcentage représente le ratio entre la valeur observée et la valeur prédite par le modèle de décomposition. Seules les anomalies significatives à 5 % sont représentées. L'excès de mouvement de jeunes vers la boucherie du département E en février 2016 était de 2 863 %.	65
Figure 14 : Piège utilisé pour la capture de culicoïdes vivants. Photo prise par M. Fall (Cirad).	75
Figure 15 : Partitionnement iso-hygro-thermique de la France métropolitaine basé sur les données météorologique de 2009 à 2012.	79
Figure 16 : Courbes ROC pour les trois possibilités de partitionnement. La surface grise délimite l'intervalle de confiance de la courbe ROC pour le modèle sans partitionnement, celle en rouge correspond au modèle avec le partitionnement vectoriel, et celle en bleu, au modèle avec le partitionnement iso-hygro-thermique.	80
Figure 17 : Boîtes à moustaches et distribution de la proportion de valeurs observées comprises dans les intervalles de confiance prédits par le modèle pour les trois échelles spatiales. La couleur grise correspond au modèle sans partitionnement, le rouge correspond au modèle avec le partitionnement vectoriel, et le bleu, au modèle avec le partitionnement iso-hygro-thermique.	81
Figure 18 : Abondance de <i>Culicoides</i> prédites par le modèle en considérant la France métropolitaine comme une seule zone (sans partitionnement). Les points représentent les données de piégeage, la ligne pleine représente les prédictions du modèle et les lignes pointillées l'intervalle de confiance à 95 %.	82
Figure 19 : Abondance de <i>Culicoides</i> prédites par le modèle pour chaque zone iso-hygro-thermique en France métropolitaine. Les points représentent les données de piégeage, la ligne pleine représente les prédictions du modèle et les lignes pointillées l'intervalle de confiance à 95 %.	83
Figure 20 : Abondance de <i>Culicoides</i> prédites par le modèle pour chaque zone vectorielle en France métropolitaine basée sur les données de piégeage collectées entre 2009 et 2012. Les points représentent les données de piégeage, la ligne pleine représente les prédictions du modèle et les lignes pointillées l'intervalle de confiance à 95 %.	84

Figure 21 : Abondance hebdomadaire moyenne de culicoïdes dans chaque zone vectorielle en France métropolitaine (représentée avec une échelle logarithmique). Certaines zones vectorielles sont constituées de deux zones non-contiguës. 86

Figure 22: Statuts épidémiologiques possibles pour les exploitations et transitions entre ces statuts dans le modèle original décrivant la propagation de la FCO en Grande Bretagne (Turner, Bowers, et Baylis 2012). Les couleurs des flèches indiquent les raisons de changement de statut possible. Transitions de E à T_{EI} et de S à T_{SI} (orange) : introduction d'au moins un animal infectieux ; transition de S à T_{SE} (bleu foncé) : introduction d'au moins un animal exposé ; transition de S à E (gris) : infection d'au moins un animal par un vecteur infectieux ; transitions de E à I et de T_{SE} à T_{SI} (vert) : au moins un animal exposé devient infectieux ; transitions de T_{SE} à E, de T_{EI} à I et de T_{SI} à I (bleu clair) : la quarantaine de six jours est levée ; transitions de T_{EI} , I et T_{SI} vers D (noir) : détection d'au moins un cas ; transition de D vers S (jaune) : plus aucun animal n'est infectieux..... 96

Figure 23: Statuts possibles pour les exploitations et les transitions possibles entre ces statuts dans le modèle adapté à la situation en France. Les couleurs des flèches indiquent les raisons de changement de statut possible : transitions de S et E vers I (orange) : introduction d'au moins un animal infectieux ; transition de S à E (gris) : infection d'au moins un animal par un vecteur infectieux ; transition de E à I (vert) : au moins un animal exposé devient infectieux ; transition de I à D (noir) : détection d'au moins un cas ; transitions de I et D vers S (jaune) : plus aucun animal n'est infectieux. 98

Index des annexes

Annexe 1 : Article sur la modélisation de l'abondance de <i>Culicoides</i>	141
Annexe 2 : Ajustement du modèle de décomposition des séries de mouvements de bovins aux données	151
Annexe 3 : Anomalies détectées dans les différentes aires d'étude.....	153
Annexe 4 : Distribution des variations météorologiques dans les zones issues du partitionnement iso-hygro-thermique.....	156
Annexe 5 : Ajustement du modèle de prédiction d'abondance relative des culicoïdes aux données	160

Index des abréviations

AUC: Aire sous la courbe (*area under the curve*)

BDNI: Base de données nationale d'identification

BTV: Virus de la fièvre catarrhale ovine (*bluetongue virus*)

DGAI: Direction générale de l'alimentation du Ministère de l'agriculture et de l'alimentation

EARS: Système de signalement d'aberration précoces (*Early Aberration Reporting System*)

EID-Méd: Entente interdépartementale pour la démoustication du littoral méditerranéen

ESA: Epidémiosurveillance en santé animale

FCO: Fièvre catarrhale ovine

IC: intervalle de confiance

IPPTS: Institut de parasitologie et de pathologie tropicale de Strasbourg

LDA: Laboratoire départemental d'analyses

Lucinda: Climat et maladie infectieuses animales, Université de Liverpool (*Liverpool University Climate and Infectious Diseases of Animals*)

MAE: Erreur absolue moyenne (*mean absolute error*)

MPE: Pourcentage d'erreur moyen (*mean percentage error*)

OIE: Office international des épizooties devenu l'organisation mondiale de la santé animale

Omar: Observatoire de la mortalité des animaux de rente

ONCFS: Office national de la chasse et de la faune sauvage

PI: Périmètre interdit

RMSE: Erreur moyenne quadratique (*root-mean-square error*)

ROC: Fonction d'efficacité du récepteur (*receiver operating characteristic*)

Rt-PCR: Réaction en chaîne par polymérase et transcriptase inverse (*reverse transcriptase polymerase chain reaction*)

ZI: Zone indemne

ZP: Zone de protection

ZR: Zone réglementée

ZS: Zone de surveillance

ZSI: Zone saisonnièrement indemne

Introduction générale

1 La santé animale

Au cours du siècle dernier, les populations humaines se sont déplacées de plus en plus facilement, régulièrement et en couvrant de plus grandes distances. La course effrénée vers le progrès et la croissance ont entraîné des mutations profondes pour notre environnement avec le dérèglement climatique, la complexification de l'accès aux ressources naturelles, ainsi que le morcellement des écosystèmes naturels. La mondialisation a aussi rendu possible les mouvements d'animaux d'élevage ou non, sur toute la planète, et donc de nouvelles interactions entre les espèces vivantes ; en particulier les agents pathogènes. Depuis 1940, 60 % des maladies infectieuses émergentes² sont zoonotiques (c.-à-d. transmissibles des animaux vertébrés à l'Homme, et inversement), dont plus de 70 % trouvent leur origine dans la faune sauvage (Jones *et al.* 2008). Les maladies émergentes présentent donc autant un risque pour la sécurité sanitaire des productions animales que pour la santé humaine. C'est d'ailleurs dans ce contexte que, dans les années 2000, l'initiative *One Health* (c.-à-d. « une seule santé ») se développe pour promouvoir une approche systémique et collégiale de la santé publique, animale et environnementale, depuis l'échelle locale à l'échelle mondiale. La prévention et la lutte contre la diffusion de maladies émergentes doivent être pensées et appliquées de sorte à minimiser les impacts sanitaires, sociaux et économiques pour les populations.

En ce sens, la surveillance épidémiologique, qui consiste au « [...] recueil systématique et continu de données pertinentes ainsi que leur consolidation et leur évaluation efficaces, s'accompagnant de la diffusion rapide des résultats aux personnes concernées, en particulier celles en mesure d'agir », est un outil important de la santé publique (Organisation Mondiale de la Santé 2019) . Les données ainsi récoltées permettent de garantir la sécurité sanitaire vis-à-vis des seuils fixés par l'OIE (Organisation mondiale de la santé animale). Elles peuvent aussi servir à des fins étiologiques, à des études d'impact de facteurs environnementaux (canicules, pollution, invasion d'espèces exotiques, ...), à des études d'évolution de comportements, ayant ou pouvant avoir un effet sur la santé, ou à mettre en place des mesures de prévention, de surveillance et de lutte vis-à-vis des maladies ciblées plus adaptées. Les études peuvent porter autant sur des indicateurs sanitaires

² L'OIE les définit comme des infections nouvelles, causées par l'évolution ou la modification d'un agent pathogène ou d'un parasite existant

Introduction générale

qu'économiques. En effet, la composante économique est très importante dans les études d'impacts sur une filière quelle qu'elle soit (Evans 2003; Horst *et al.* 1999; OCDE 2007) et différents types de coûts peuvent être distingués (Figure 1).

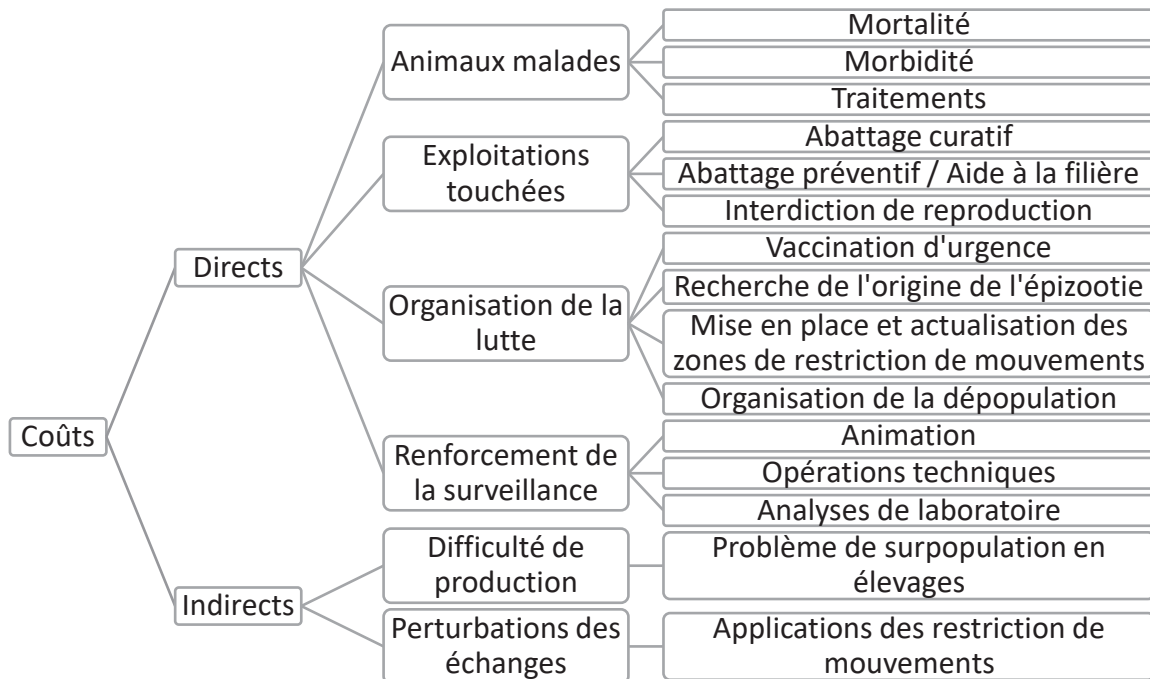


Figure 1 : Classification des coûts.

Les mesures de police sanitaire (c.-à-d. Surveillance événementielle³, gestion des suspicions et de lutte) vis-à-vis des maladies réglementées sont prises en charge par l'Etat. Les mesures de surveillance programmée⁴ et certaines mesures de lutte sont à la charge des éleveurs auxquels s'ajoutent les pertes économiques liées à la circulation de la maladie dans les élevages qui peuvent être catastrophiques pour les éleveurs. La Plateforme d'épidémiosurveillance en santé animale (ESA), qui associe l'ensemble des acteurs majeurs

³ On qualifie d'événementielle toute activité de surveillance qui repose sur la déclaration spontanée de cas ou de suspicions de la maladie surveillée par les acteurs sources de données. Dans un dispositif de surveillance événementielle, il est donc impossible de connaître à l'avance le nombre, la nature et la localisation des données qui seront collectées.

⁴ On qualifie de programmé tout dispositif de surveillance reposant sur l'acquisition des données par des actions programmées à l'avance et selon une méthodologie permettant d'inférer les résultats trouvés à la population suivie. Par opposition à la surveillance événementielle, il est possible de définir à l'avance le nombre, la nature et la localisation des données qui vont être collectées par le dispositif. La surveillance programmée peut être conduite de manière exhaustive (sur l'ensemble de la population cible) ou sur un échantillon de cette population. Lorsqu'elle est conduite sur un échantillon, celui-ci peut être représentatif (par sélection aléatoire), avec des collectes ponctuelles de données (enquêtes), ou répétées (population sentinelle). L'échantillon peut également être orienté sur une sous-population à risque.

Introduction générale

de la surveillance au niveau national, s'est donnée comme objectifs d'évaluer et d'améliorer l'efficacité des différents dispositifs de surveillance de maladies réglementées (Calavas 2017). Les analyses d'efficacité ont pour but d'identifier la manière économiquement la plus efficace de réaliser un objectif préétabli et apportent des éléments de décision aux gestionnaires de la santé publique (Tago *et al.* 2014; Hénaux *et al.* 2015; Waret-Szkuta *et al.* 2017; Hénaux *et al.* 2017; Rivière *et al.* 2017; Raboisson *et al.* 2018).

Les études socio-économiques conduites par l'OIE ont montré que le coût des dispositifs de surveillance et de prévention des maladies émergentes et ré-émergentes peuvent être considérés comme minimes, comparés au coût des crises sanitaires (Organisation Internationale des Epizooties 2013). En effet, la détection précoce des foyers, suivie de la mise en place d'un dispositif de lutte adapté peut contribuer à réduire à la fois l'impact sanitaire et économique de la maladie détectée. Plus la détection est précoce, plus la réponse apportée peut être réfléchie, murie et donc adaptée à la situation (Organisation Mondiale de la Santé 2005).

Pourtant, malgré la surveillance épidémiologique et les dispositifs de lutte vis-à-vis des dangers sanitaires réglementés présents sur le territoire, ces trente dernières années ont vu se succéder des maladies à fort impact socio-économique qui ont mis en exergue la faillibilité des dispositifs alors en place : la réémergence de l'encéphalopathie spongiforme bovine en France en 2001, la grippe aviaire H5N1 apparue en France en 2006, la grippe mexicaine H1N1 d'origine porcine en 2009, la tuberculose bovine depuis 2010, et la fièvre catarrhale ovine (FCO) qui a ré-émergé en 2015, après un premier épisode épizootique, qui avait fortement impacté les éleveurs, en 2007-2009 (Lesage 2014).

2 La Fièvre Catarrhale Ovine

2.1 Présentation générale de la FCO

La fièvre catarrhale ovine est une arbovirose (c.-à-d. une maladie transmise par la piqûre d'arthropodes hématophages) affectant les ruminants, qu'ils soient domestiques (bovins, ovins, caprins) ou sauvages (cervidés, camélidés). Quelques études ont prouvé que les carnivores domestiques ou sauvages peuvent aussi être infectés par ingestion de produits ou animaux infectés (Alexander *et al.* 1994; Jauniaux *et al.* 2008). Aujourd'hui, 27

Introduction générale

sérotypes⁵ du virus responsable de la FCO ont été identifiés (Schulz *et al.* 2016; Zientara *et al.* 2014). Ils sont notés « BTV- » suivi du numéro du sérotype (p. ex. BTV-1, BTV-8).

Le moucheron hématophage du genre *Culicoides* Latreille (Diptera : *Ceratopogonidae*) est considéré comme le principal vecteur de la FCO. Parmi les centaines d'espèces qui composent ce genre, *Culicoides imicola* Keiffer était considéré comme le vecteur historique de la FCO dans la zone méditerranéenne mais, aujourd'hui, d'autres espèces largement répandues en France continentale, comme le complexe d'espèces *Culicoides obsoletus* (Meigen)/*Culicoides scoticus* Downes & Kettle, ainsi que *Culicoides dewulfi* (Goetghebuer), *Culicoides chiopterus* (Meigen) et *Culicoides pulicaris* (Linnaeus), sont impliquées dans la transmission de la FCO en Europe (Caracappa *et al.* 2003; Carpenter *et al.* 2008; De Liberato *et al.* 2005; Dijkstra *et al.* 2008; Meiswinkel *et al.* 2007; Mellor et Pitzolis 1979; Romon *et al.* 2012; Savini *et al.* 2004; Torina *et al.* 2004; Venail *et al.* 2012).

Initialement confiné aux zones tropicales et subtropicales, le virus a opéré une migration vers les zones plus tempérées au cours des dernières décennies, grâce aux mouvements commerciaux de grande envergure des animaux de production ainsi qu'au réchauffement climatique qui a permis aux populations de vecteurs de survivre dans ces nouvelles niches écologiques (Purse *et al.* 2015). De plus, la compétence vectorielle d'espèces de culicoïdes endémiques à ces niches a joué un rôle majeur dans la diffusion du virus sous de nouvelles latitudes.

2.2 Le virus et ses conséquences sanitaires

Le virus responsable de la FCO est un virus à ARN double brin de la famille des *Reoviridae* et du genre *Orbivirus* désigné BTV (*bluetongue virus*) par la suite. Les antigènes à la surface du virus, permettant l'identification du sérotype du virus, entraînent l'acquisition d'anticorps spécifiques par l'hôte lors de l'infection. Ces anticorps persistent chez l'hôte pendant de nombreuses années (Ward, Carpenter, et Osburn 1994) et sont transmis à la descendance lors de la prise du colostrum, le premier lait ingéré après la mise-bas. Chez les veaux, ces anticorps colostraux peuvent être détectés jusqu'à 16 semaines après la naissance (Vitour *et al.* 2011).

Pour chaque sérotype, coexistent de nombreuses souches de BTV du fait de l'évolution génétique des virus. Comme la pathogénicité varie de manière importante selon les sérotypes et les souches, et que les signes cliniques dépendent de l'espèce infectée, la

⁵ Catégorisation d'un virus en fonction des antigènes présents à la surface du virus

Introduction générale

pose d'un diagnostic en se basant uniquement sur les signes cliniques est rendue ardue. En effet, ce sont généralement les ovins qui sont touchés par les formes sévères de la maladie tandis que les bovins infectés sont majoritairement asymptomatiques (Saegerman, Berkvens, et Mellor 2008). Paradoxalement, la cyanose de la langue (symptôme duquel dérive le nom anglais de la maladie) n'est présente que chez moins de 3 % des ovins et bovins infectés (Le Gal *et al.* 2008). Les signes cliniques pour lesquels il y a eu un consensus de la part des vétérinaires sont les suivants :

- chez les ovins viandes : abattement et amaigrissement rapide (signe du creux du flanc), hyperthermie, atteinte de la face (jetage, larmolement, œdème de la face, ptyalisme), avec une atteinte de plusieurs animaux d'un même lot ;
- chez les bovins laitiers et allaitants : baisse brutale et persistante de la production laitière (vaches laitières), hyperthermie, atteinte des yeux (exorbités, larmoyants, rouges), nez crouteux/sale (croûtes, ulcérations, jetage), raideur des membres voire boiteries sévères (plus fréquente chez les bovins laitiers), avec peu ou plusieurs animaux atteints (Zanella, Chartier, et Biteau-coroller 2010). Des avortements ont également été observés chez les bovins dans des proportions variables en fonction des souches de virus (Pandolfi *et al.* 2018).

2.3 Voie de transmission et cycle de réplication du virus

Le vecteur du BTV, le culicoïde, joue un rôle essentiel dans le cycle de réplication du virus (Figure 2). En effet, le virus est transmis au vecteur lors de son repas de sang sur un animal virémique. S'en suit une période d'incubation extrinsèque où le virus se multiplie dans l'organisme du vecteur puis rejoint les glandes salivaires, permettant l'infection d'un nouvel hôte lors de la prochaine piqûre du vecteur. La durée de cette période varie selon les sérotypes du virus et de la température, et peut par exemple être de seulement trois jours en condition optimale pour le BTV-9 (Simon Carpenter *et al.* 2011). Même si de nouvelles voies de transmission ont été mises en évidence (orale ou trans-placentaire (Courtejoie, Bournez, *et al.* 2019)), la transmission vectorielle est la voie de circulation principale du virus puisque la circulation du BTV n'est observée que lorsque les conditions nécessaires à la survie et à la multiplication des culicoïdes sont présentes. La diffusion de la maladie imputable aux culicoïdes peut se faire par vol actif ou passif. Le vol actif est très localisé puisqu'il couvre un rayon d'environ un à deux kilomètres autour du lieu de vie des moucheron. Ce qu'on appelle vol passif correspond à un vol où le culicoïde est porté par les vents, parfois sur plusieurs centaines de kilomètres (Sellers 1991). Ce type de dispersion des vecteurs représente donc un risque majeur de diffusion à longue distance de la FCO.

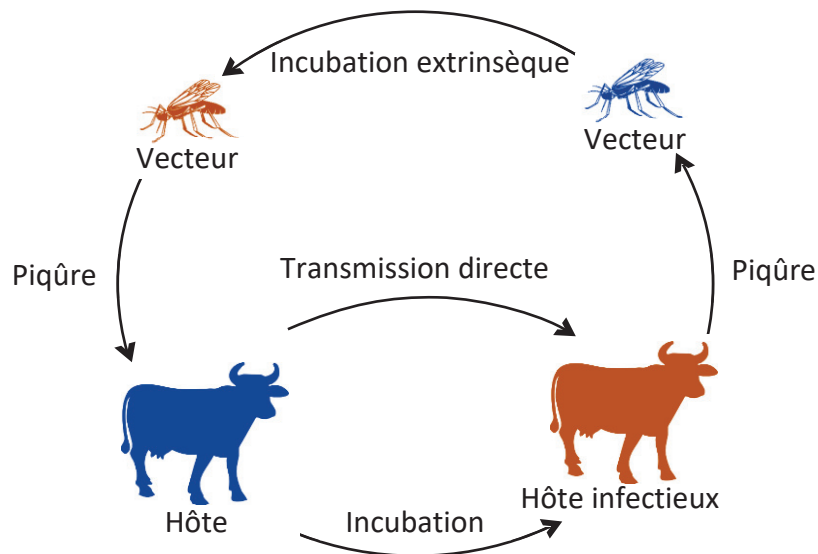


Figure 2 : Cycle de transmission du BTV

Les hôtes ont eux aussi une importance capitale puisqu'ils constituent le réservoir du virus. La durée de présence du virus dans l'organisme de l'hôte (détectable par réaction en chaîne par polymérase – Rt-PCR) peut aller jusqu'à deux mois pour les bovins (Katz *et al.* 1994). Cette longue période ainsi que la proportion importante d'infections asymptomatiques chez les bovins en font des hôtes particulièrement importants dans la propagation de la maladie. En effet, les bovins peuvent rentrer en contact avec de nouvelles populations de vecteurs lors de déplacements entre les différentes pâtures au sein de leur élevage, mais aussi lors des mouvements commerciaux. Dans ce second cas, les bovins peuvent effectuer des mouvements de grande amplitude, ce qui peut occasionner une diffusion de la FCO sur de grandes distances avant même que celle-ci ne soit détectée.

3 Une nouvelle dynamique pour la FCO

3.1 De fréquentes incursions à une pérennisation de l'infection

Au cours du XX^{ème} siècle, le virus de la FCO a circulé à bas bruit pendant de longues années dans des régions tropicales et subtropicales et on le retrouvait à la veille de l'an 2000 en Afrique, sur l'ensemble du continent américain, ainsi qu'en Asie du sud et en Australie (sous les latitudes entre 40°N et 35°S) (Wilson et Mellor 2009). A partir de 1998, le front de propagation de différents sérotypes du BTV s'est fait de plus en plus pressant (Figure 3) avec la progression des sérotypes 1, 4, 9 et 16 par la Turquie, la Grèce ainsi que l'ex-Yougoslavie entre 1998 et 2002, des sérotypes 2 et 4 par la Tunisie, l'Italie et la France entre 2000 et 2005, et des sérotypes 1 et 4 par le Maroc, le Portugal et l'Espagne entre 2000 et 2004 (Mellor *et al.* 2008; Saegerman, Berkvens, et Mellor 2008).

Introduction générale

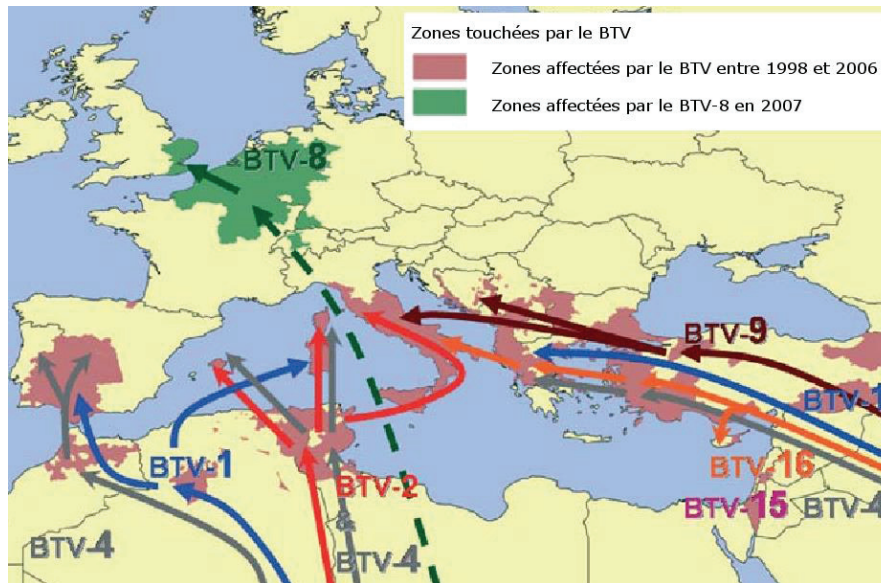


Figure 3 : Carte des zones touchées par le BTV entre 1998 et 2007 en Europe (Purse *et al.* 2008)

3.2 La détropicalisation des vecteurs

Les incursions du BTV de différents sérotypes sur les nouvelles zones décrites en Figure 3 présentaient une particularité : elles se situaient hors des zones de distribution de *C. imicola*, le vecteur de diffusion historique du BTV (Wilson et Mellor 2009). En effet, il est désormais évident que les changements climatiques, et notamment l'augmentation des températures dans le bassin méditerranéen, a permis une expansion de l'aire de répartition de *C. imicola* (Purse *et al.* 2005). La remontée vers le Nord de cette population a engendré la rencontre avec de nouvelles espèces de culicoïdes endémiques à ces nouvelles aires qui pour certaines se sont avérées être vectrices du BTV (Purse *et al.* 2005). Il s'agit notamment du complexe d'espèces *C. obsoletus* / *C. scoticus* (Savini *et al.* 2003; Racloz *et al.* 2006; Mehlhorn *et al.* 2007), ainsi que de *C. dewulfi* (Meiswinkel *et al.* 2007), *C. chiopterus* (Balenghien *et al.* 2008; Dijkstra *et al.* 2008) et *C. pulicaris* (Caracappa *et al.* 2003).

Cependant, ces espèces endémiques présentent une sensibilité aux faibles températures hivernales qui interrompent l'activité des adultes, réduisent leur population (en mettant les adultes en phase de « quasi-hibernation »), et ralentissent la réplication du virus au cours du cycle gonotrophique (Figure 4) (Venter, Boikanyo, et de Beer 2019; Sellers 1996; Perie *et al.* 2005). Ces populations de culicoïdes survivent à l'hiver sous forme de larves en diapause (Ninio 2011). L'hiver ne permet toutefois pas l'éradication de la maladie, puisque des résurgences de la FCO ont été observées après une période d'hivernage de plus de 6 mois. Cette résurgence du BTV pourrait avoir différentes origines. La première serait la survie des vecteurs porteurs du virus. Toutefois, les culicoïdes (qui restent infectés à vie)

Introduction générale

survivent jusqu'à quatre mois (Mellor, Boorman, et Baylis 2000) et aucun cas de transmission verticale n'a pu être observé en laboratoire (Mellor 1990). Cette durée de vie limitée, associée aux températures hivernales en France continentale, devraient ne pas permettre la survie des populations de vecteurs, mais dans certaines zones, les diptères sont à même de survivre à l'hiver grâce aux conditions climatiques plus clémentes. La deuxième composante potentielle de l'hivernage du BTV pourrait être sa survie dans les hôtes domestiques. Ceux-ci ne restent infectieux que quelques mois (deux mois pour les bovins (Di Gialleonardo *et al.* 2011) mais la virémie peut en de rare occasion durer six mois et ainsi permettre l'hivernage (Singer, MacLachlan, et Carpenter 2001). La troisième hypothèse serait que, même durant l'hiver, le virus circule entre les vecteurs et les hôtes domestiques (bovins, ovins, caprins) quand les conditions climatiques sont relativement favorables. Pour corroborer cette hypothèse, des captures ont mis en évidence l'activité des culicoïdes et en particulier de femelles pares dans les étables au cœur de l'hiver italien (Magliano *et al.* 2018). Enfin, une quatrième hypothèse avancée est une circulation à bas bruit entre vecteurs et hôtes sauvages. Bien que certaines espèces de ruminants sauvages soient des hôtes du virus de la FCO (p. ex. les cerfs élaphe), les observations de prévalence réalisées au cours d'études de terrain ainsi que l'absence de preuve d'infection d'un vecteur par un hôte sauvage, rendent cette hypothèse peu probable en France (Niedbalski 2015; Rossi *et al.* 2014). Il serait cependant réducteur de penser que seule l'une de ces hypothèses serait l'explication de l'hivernage du BTV : il est certainement la résultante des trois premières hypothèses dont chacune trouve les conditions de sa réalisation en France continentale.

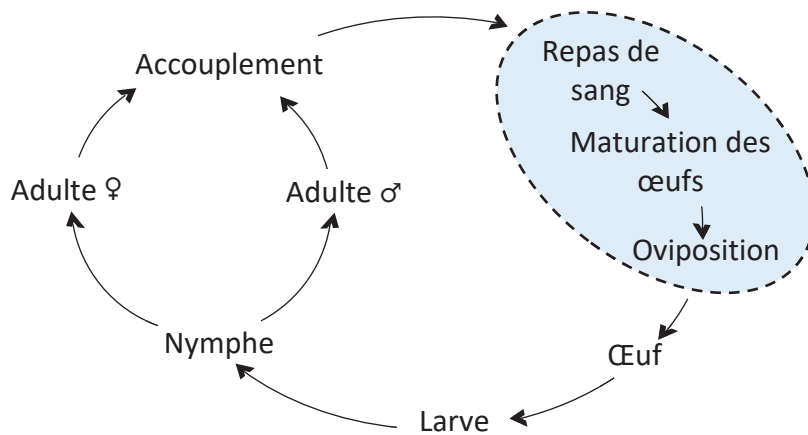


Figure 4 : Cycle de vie des *Culicoides* (Slama, Babba, et Chaker 2017). La sous-partie du cycle encerclée en pointillés correspond au cycle gonotrophique.

Introduction générale

4 La FCO en France

4.1 Des mesures réglementaires imposées

La FCO est une maladie strictement animale (non zoonotique), qui n'affecte pas la qualité des produits d'origine animale (lait et viande). Elle est inscrite sur la liste des dangers sanitaires de première catégorie pour les espèces animales (Anonyme 2013b) et dans la liste des maladies du Code sanitaire pour les animaux terrestres de l'OIE. De fait, chaque nouveau cas confirmé doit obligatoirement être notifié. La notification d'un foyer (c.-à-d. d'un élevage avec au moins un animal infecté) en zone indemne entraîne la perte du statut officiel de pays indemne, la mise en place de mesures de lutte (à l'échelle locale, nationale ou transnationale) et avec de fortes implications économiques tant pour l'Etat que pour les éleveurs. Ce statut indemne est recouvrable après deux années consécutives sans aucune détection de foyer. Les mesures de lutte obligatoires sont imposées par l'union européenne (Anonyme 2007) et ont pour objectif de maintenir le rang des exploitations françaises dans le marché national et communautaire.

Dans le cadre de la lutte contre les épizooties, la surveillance est un préalable indispensable à une lutte efficace. Dans le cas du maintien du statut officiel de pays indemne vis-à-vis de la FCO, une enquête sérologique doit être mise en œuvre au moins une fois par an (Anonyme 2000; 2007). Elle doit viser les animaux sensibles et être en mesure de détecter au minimum une prévalence cible de 20 % avec un degré de certitude de 95 %, sur la base d'un quadrillage géographique de 45 x 45 km. Cette surveillance programmée est complétée par une surveillance événementielle reposant sur la détection des signes cliniques, afin de détecter l'introduction du virus dans une zone indemne ou une réémergence. Les éleveurs et leurs vétérinaires sont les deux piliers sur lesquels cette surveillance événementielle repose.

Les mesures de lutte à disposition incluent la mise en quarantaine, la restriction des déplacements d'animaux domestiques, la lutte anti-vectorielle et la vaccination des animaux domestiques (Drouet 2010). La vaccination est le moyen le plus simple et le plus efficace pour réduire les pertes induites par la maladie et tenter de l'éradiquer. En effet, ils confèrent une immunité protectrice en favorisant la production d'anticorps similaires à ceux obtenus lors d'une infection naturelle. Ils peuvent être dirigés contre un seul sérotype (c.-à-d. monovalent) ou deux (c.-à-d. bivalent). Les restrictions de mouvements visent à limiter la diffusion du virus dans de nouvelles aires géographiques en établissant des zones concentriques autour des foyers. Au plus proche du foyer, les restrictions sont plus fortes tandis qu'en s'éloignant du foyer les contraintes deviennent plus clémentes. A chaque nouvelle confirmation de cas, l'étendue de ces zones est réactualisée. Les modalités d'application de ces restrictions ont varié au cours du temps comme expliqué dans le §4.2 de

Introduction générale

cette introduction pour s'adapter à la situation sanitaire et répondre au mieux aux attentes des acteurs de la filière bovine (Bournez *et al.* 2017; Drouet 2010).

4.2 Deux épisodes épidémiologiques de FCO

4.2.1 De 2006 à 2009

4.2.1.a La situation

La première épidémiologie de FCO ayant touchée la France métropolitaine remonte à l'année 2006. Elle a été causée par le sérotype 8 pour lequel il s'agissait de la première incursion avérée sur le continent. De nombreux pays de l'Europe du Nord-Ouest ont été touchés : Allemagne, Belgique, Pays-Bas, Luxembourg, France. Alors que la France n'avait été que faiblement touchée en automne 2006 (6 foyers), la FCO a traversé la France depuis le Nord-Est jusqu'au Sud-Ouest avec plus de 15 000 foyers en 2007 et plus de 27 000 foyers en 2008 (Figure 5).

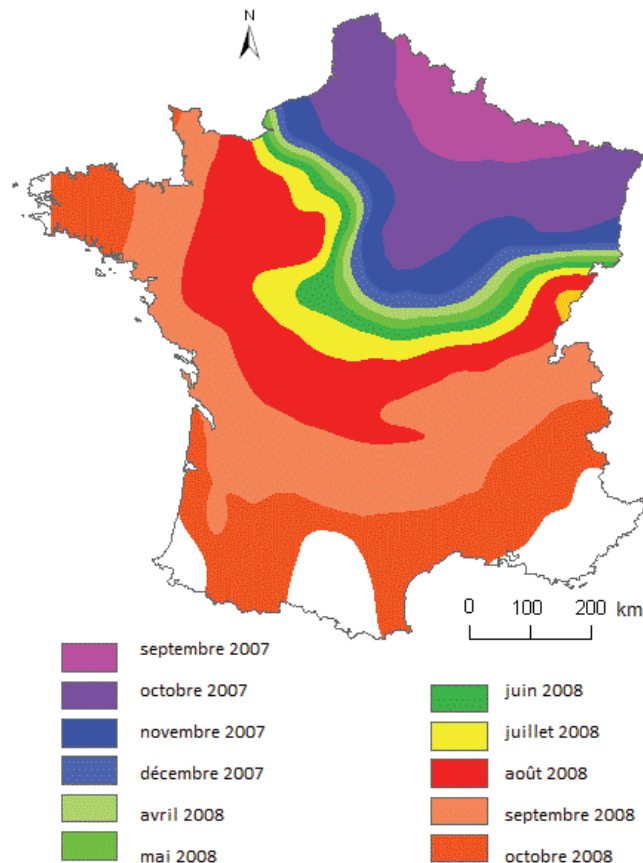


Figure 5 : Progression du front de progression de l'épidémiologie de FCO à BTV-8 prédite par un modèle spatial (Pioz *et al.* 2011).

Introduction générale

4.2.1.b Les mesures de surveillance et de contrôle

Dès la confirmation des foyers, des mesures de restriction de mouvements ont été mises en place afin de confiner ou, à minima, de limiter la propagation du virus (Drouet 2010). Les zones de restrictions étaient découpées comme telles : un périmètre interdit (PI) autour des foyers (rayon de 20 km), une zone de protection (ZP) de 80 km autour du PI, une zone de surveillance (ZS) de 50 km autour de la ZP, et enfin le reste du territoire défini comme une zone indemne (ZI). Les mouvements commerciaux d'animaux domestiques étaient interdits au sein du PI et vers une zone de statut moins restrictif. Toutefois, les animaux ayant un résultat négatif au test de dépistage par Rt-PCR obtenaient une dérogation à ces interdictions et pouvaient ainsi se déplacer vers des zones plus clémentes ou des pays européens partenaires (Anonyme 2000; 2007). D'autres mesures complémentaires étaient prévues, comme la désinsectisation des animaux, bâtiments et véhicules, la réalisation d'enquêtes dans les foyers et les zones réglementées, ainsi que l'abattage total dans les foyers (Drouet 2010).

Avant 2008, l'utilisation de vaccin n'était pas possible à l'échelle nationale, faute de doses disponibles. Les mesures de restriction de mouvements ainsi que les mesures de désinsectisation (aucune mesure d'abattage systématique n'a été mise en œuvre) n'ont pas suffi à réduire ou même à circonscrire le virus dans sa zone d'émergence. De plus, devant l'ampleur de l'épizootie en 2007 et 2008, de toutes les enquêtes initialement prévues pour déterminer la voie d'infection, seules celle portant sur des foyers isolés ont été réalisées (Drouet 2010). Une campagne de vaccination obligatoire avec des vaccins à virus inactivés dirigés contre le sérotype 8, a finalement été mise en place du printemps 2008 jusqu'à l'automne 2010. Cette vaccination des animaux a permis d'alléger les restrictions de mouvements, puisque certains partenaires européens n'acceptaient sur leur territoire que des animaux vaccinés. L'impact positif de la vaccination, couplé à l'acquisition d'une immunité protectrice de la population infectée, a provoqué un effondrement du nombre de foyers : moins d'une centaine en 2009, et aucun en 2010 et 2011.

4.2.1.c Bilan

La vaccination a constitué la mesure de lutte principale contre la FCO, avec une complémentarité des mesures de restriction de mouvement et de désinsectisation. Suite à l'effondrement du nombre de cas détectés et à l'absence de cas deux années consécutives, la France a recouvré son statut indemne en décembre 2012. La vaccination (devenue facultative fin 2010) fut interdite, et une surveillance programmée a été mise en place afin de démontrer l'absence de circulation du virus (pour garantir le statut officiel de pays

Introduction générale

indemne) et détecter une possible résurgence, conformément aux textes européens (Perrin *et al.* 2013; Anonyme 2000; 2007).

4.2.2 Depuis 2015

4.2.2.a La résurgence du virus

En août 2015, un cas de FCO a été détecté sur un bélier de cinq ans qui avait développé des signes cliniques évocateurs : jetage, troubles pulmonaires et œdème de la face. Parmi les 147 bovins et 208 ovins de cet élevage de l'Allier, ce bélier était le seul à présenter des signes cliniques. Le sérotype 8 a alors été mis en évidence par la recherche d'ARN viral du BTV par Rt-PCR et toutes les analyses Rt-PCR effectuées par le laboratoire national de référence (ANSES) visant les sérotypes 1, 2, 4, 9, 11 et 16 étaient négatives (Sailleau *et al.* 2015). Cette confirmation a eu pour conséquence la perte du statut indemne vis-à-vis de la FCO le 11 septembre 2015 pour la France. L'étude des séquences nucléotidiques de ce sérotype 8 a montré une très forte similarité avec le sérotype 8 circulant en France en 2008. En effet, seules 19 modifications nucléotidiques réparties sur quatre segments d'ARN entraînant la modification de quatre acides aminés ont été détectées par séquençage du génome complet de la souche (Breard *et al.* 2016).

Suite à cette détection, une première enquête locale a mis en évidence que la circulation virale n'était pas circonscrite au premier élevage, et un dispositif de surveillance programmée renforcée a permis de mettre en évidence la réémergence caractérisée de la maladie (Bournez *et al.* 2016).

4.2.2.b Spécificité clinique de la souche résurgente

Très peu de foyers ont été découverts suite à l'apparition de signes cliniques, contrairement à l'épizootie de 2006-2009. Une étude expérimentale a montré qu'un lot d'ovins infectés par la souche de 2015 présentait une virémie moins importante au pic et des symptômes moins fréquents qu'un second lot d'ovins exposés à la souche circulant lors de l'épizootie de 2006-2009 (Flannery *et al.* 2019). Bien que cette expérience n'ait été réalisée que sur des ovins, l'observation rare de signes cliniques sur les bovins entre 2015 et 2017 permet de supposer que cette souche n'est pas prompte à engendrer des signes cliniques évocateurs chez les bovins et les ovins. En effet, l'étude rétrospective des signes cliniques observés dans les foyers bovins de BTV-8 entre août 2017 et janvier 2018 a montré que les signes les plus fréquents étaient l'abattement et la dépression (41 %), la chute d'appétit et l'anorexie (35 %) et l'avortement (32 %) (Pandolfi *et al.* 2018). L'absence de signes cliniques caractéristiques de la FCO a certainement été un facteur décisif dans la propagation de cette souche du virus avant la primo-détection en août 2015.

Introduction générale

On sait que le BTV-8 possède la capacité de franchir la barrière placentaire (Desmecht *et al.* 2008; Courtejoie, Bournez, *et al.* 2019), mais, depuis décembre 2018, on observe, en plus de ces infections transplacentaires, des cas de veaux nés aveugles, chétifs et avec une espérance de vie de quelques jours. Parmi eux, 94 % étaient positifs au BTV-8 par Rt-PCR (Zientara, Sailleau, et Bréard 2019).

4.2.2.c Les mesures de surveillance et de contrôle

Dès la détection du premier cas, des restrictions de mouvements de ruminants ont été mises en place autour des foyers confirmés, afin de contenir la diffusion du virus. Les ZP et ZS ont fusionné à partir du 16 octobre 2015 (DGAL/SDSPA 2015a), permettant ainsi la circulation et le rassemblement des animaux dans l'ensemble d'une seule zone réglementée (ZR).

De même que pour l'épizootie précédente, des dérogations ont permis aux éleveurs de continuer à opérer des mouvements commerciaux et en particulier des exportations. Un test Rt-PCR négatif permettait en effet le déplacement de bovins vers des zones de meilleur statut sanitaire.

En période d'activité vectorielle, la vaccination restait le moyen le plus simple pour permettre la vente de ruminants à destination de zones indemnes de BTV-8 en France ou au sein de l'Union Européenne en respectant un délai de 60 jours après la primo-vaccination. Ce délai pouvait être réduit à la durée nécessaire à l'obtention d'une protection immunitaire avec le dit-vaccin en cas de test Rt-PCR négatif quatorze jours après l'acquisition de l'immunité (Anonyme 2000; 2007). Les animaux destinés à l'export ont, dès l'automne 2015, pu bénéficier en priorité des doses de vaccins qui n'étaient disponibles qu'en quantité limitée. Puis, avec la disponibilité de nouveaux stocks de doses, le vaccin a été rendu accessible à tous, de manière facultative et à la charge des éleveurs, à partir de mars 2016. De plus, pour faciliter les échanges commerciaux intra-communautaires, des accords ont été conclus avec l'Espagne, l'Italie et le Luxembourg pour finalement réduire ce délai à dix jours pour tous les vaccins (DGAL/SDSPA 2016a; 2016b; 2016g). Ces mêmes accords ont permis aux bovins non vaccinés d'être exportés sous réserve de protection contre les vecteurs pendant les quatorze jours précédant le mouvement et de tests Rt-PCR négatifs avant ce mouvement ; pour certains pays, un test était aussi réalisé une fois l'animal importé.

Il était par ailleurs possible de déclarer des zones saisonnièrement indemnes (ZSI) pour bénéficier de conditions de mouvements commerciaux plus clémentes qu'en ZR (Garros *et al.* 2017). Pour qu'une zone soit déclarée ZSI, il fallait démontrer l'inactivité vectorielle et l'absence de circulation virale chez les bovins. La zone était considérée en inactivité vectorielle lorsque le seuil réglementaire de cinq femelles pares (ayant au moins pris un

Introduction générale

repas de sang) par piège et par nuit (règlement 2007/1266/CE) n'était pas dépassé pendant deux semaines consécutives.

4.2.2.d Bilan

Malgré ces mesures de lutte, la quasi-totalité du territoire français était en ZR dès la fin de l'été 2016. La situation est devenue enzootique avec de nouveaux foyers chaque année malgré une pause hivernale (de décembre à juin) : 146 foyers confirmés en 2015 puis 1540 en 2016 et 1678 en 2017 (Mercier *et al.* 2018). Ces foyers ont été quasiment tous détectés dans le cadre des dépistages pré-mouvements : 88 % des foyers en 2015, 96 % en 2016 et 90 % en 2017. Le reste des foyers ont été découverts soit à l'occasion d'analyses dans le cadre de la surveillance programmée (8 % en 2015 et moins de 1 % en 2016 et 2017), soit à l'occasion de suspicions basées sur des signes cliniques (4 % en 2015, 3 % en 2016 et 7 % en 2017) (Bournez *et al.* 2017; Bronner *et al.* 2018).

La présence de la FCO sur le territoire ainsi que les mesures de lutte et de surveillance engendrent des coûts directs et indirects pour les éleveurs et pour l'Etat (Figure 1). Les coûts directs correspondent dans notre cas à la mortalité, aux coûts de traitement, de vaccination des animaux malades, des analyses à effectuer pour se soumettre à la réglementation, de la désinsectisation des animaux, bâtiments et moyens de transport, de la diminution de la fertilité, de la diminution de la production laitière, de l'augmentation de la durée d'engraissement des animaux malades, des avortements (Perrin, Ducrot, *et al.* 2010; Nusinovici *et al.* 2011; 2012a; 2012b; Tago *et al.* 2014; Prentice *et al.* 2017; Zanella *et al.* 2012). Les pertes indirectes quant à elles, sont induites, à la fois par les problèmes de fertilité des femelles vaccinées, et par la dégradation des conditions d'accueil des animaux (augmentation de la densité dans les bâtiments d'élevage) ce qui a eu pour conséquence d'augmenter la sensibilité aux maladies d'élevages, ainsi que les frais d'alimentation (Nusinovici *et al.* 2011; Prentice *et al.* 2017; Tago *et al.* 2014).

5 Objectif et stratégie scientifique

L'objectif général de cette thèse est de fournir aux gestionnaires des éléments de connaissance permettant d'appréhender l'efficacité et l'impact des mesures de surveillance et de lutte mises en place suite à la ré-émergence du BTV-8 en France continentale en 2015.

La démarche scientifique pour apporter des réponses à ces problèmes, se décline en trois parties correspondant aux trois chapitres de cette thèse. Le premier chapitre consiste en une analyse de données de surveillance afin de mieux appréhender les conséquences de la circulation de la FCO en utilisant des outils de statistiques. Dans un premier temps, nous avons mené une évaluation des coûts des mesures de surveillance (événementielle et

Introduction générale

programmée) et des mesures nécessaires aux mouvements des bovins en dehors des zones de restrictions ; dans un second temps, nous avons mesuré l'impact des mesures de restriction sur la dynamique des mouvements de bovins en période de circulation de FCO afin d'appréhender les changements dans les pratiques de ventes (en France et vers l'étranger) et de réforme des bovins.

Dans le second chapitre, nous présentons un travail de modélisation de la population de culicoïdes en France continentale, par l'analyse de données de capture réalisées entre 2009 et 2012 sur l'ensemble du territoire dans le cadre de la surveillance entomologique. Cette étude a démontré l'intérêt du partitionnement spatial actuellement utilisé dans le cadre de la surveillance entomologique, qui consiste en un découpage du territoire en 24 zones homogènes en terme de diversité et de phénologie des espèces de *Culicoides* présentes. Cette étude apporte un éclairage nouveau sur la dynamique des vecteurs en France continentale, et propose des pistes d'amélioration de la surveillance, via une meilleure répartition, dans l'espace et dans le temps, des efforts et des ressources de piégeage des *Culicoides*.

Le troisième chapitre vise à évaluer l'efficacité des dispositifs de surveillance et de lutte mis en place suite à l'émergence de la FCO en 2015, en utilisant un modèle mathématique décrivant la dynamique de transmission du BTV au sein des élevages et entre les élevages précédemment développé (Turner, Bowers, et Baylis 2012; Turner *et al.* 2019). Nous avons adapté et calibré ce modèle épidémiologique en utilisant des données relatives à la distribution des élevages et aux mouvements de bovins entre ceux-ci afin de simuler la diffusion de la maladie lors de son introduction en 2015. Différentes mesures de surveillance et de lutte ont été comparées afin d'identifier des pistes d'amélioration de ces systèmes.

Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale

1 Introduction

Ces vingt dernières années, les études médico-économiques se sont développées dans le domaine de la santé animale. En témoigne le nombre croissant de rapports, d'articles scientifiques en lien avec ce domaine (Figure 6). L'objectif de ce chapitre est d'apporter des informations nouvelles concernant l'impact de la circulation de la FCO en France entre sa réémergence en 2015 et fin 2016. Pour cela, nous avons, dans un premier temps, collecté des informations concernant le nombre et le coût des opérations réalisées dans le cadre de la surveillance de la FCO. Nous avons ensuite réparti les coûts selon le contexte dans lequel ces analyses étaient réalisées, et de fait, selon les principaux acteurs de la filière prenant en charge ces analyses. Une estimation des coûts globaux de la surveillance de la FCO est finalement présentée pour chaque contexte de la surveillance.

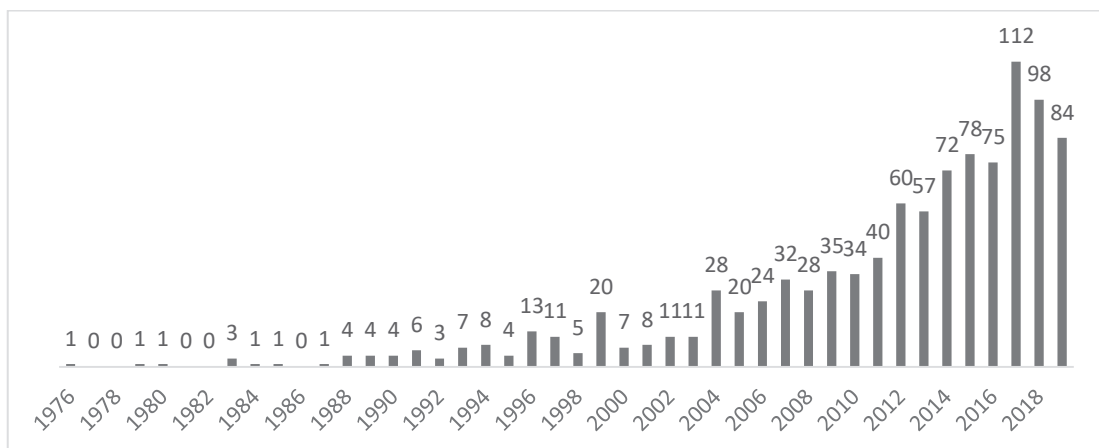


Figure 6 : Nombre d'article référencés sur PubMed portant sur l'économie de la santé animale (Medline 1946). La requête exacte lancée pour obtenir ces résultats était (animal health[Title/Abstract]) AND (economic[Title/Abstract] OR cost[Title/Abstract]).

Dans une seconde partie, nous souhaitons apporter un éclairage complémentaire concernant l'impact de la circulation de la FCO. L'angle choisi a été l'étude de la dynamique de mouvements, puisque les exportations représentaient une part importante de l'activité de la filière bovine. Les volumes de bovins sortant d'élevages pour différentes raisons (c.-à-d. mortalité, vente en France, exportation, envoi à l'abattoir, ou toutes raisons confondues), ont été analysés selon la classe d'âge des animaux, au niveau national ou dans des départements présentant une grande diversité de statuts sanitaires. Nous avons pour cela utilisé une méthode de détection d'anomalies précoces, que nous avons adaptée afin de détecter à la fois les déficits et les excès qui surviendraient.

2 Evaluation des coûts liés aux dispositifs de surveillance de la FCO en France continentale suite à la réémergence de 2015

La première épizootie, due aux sérotypes 8 (FCO-8) et 1 (FCO-1) de la FCO, a engendré des pertes économiques importantes liées à la circulation de ces virus dans les élevages (surmortalité, avortement, perte de production de lait et de viande) (Dal Pozzo, Saegerman, et Thiry 2009; Elbers *et al.* 2008; Nusinovici *et al.* 2012a; 2012b; 2013) et aux mesures de lutte (restriction de mouvements, vaccination) imposées par la réglementation européenne (Prentice *et al.* 2017; Tago *et al.* 2014; Perrin, Ducrot, *et al.* 2010; Nusinovici *et al.* 2011; 2012a; 2012b; 2013). Suite à des campagnes de vaccination obligatoires (2008-2010), puis facultatives (2010-2012), la France a recouvré son statut indemne en 2012 (Anonyme 2012a). Cette situation favorable a permis d'alléger la surveillance de la maladie sur le territoire (DGAL/SDSPA 2013) pour ne conserver qu'une surveillance sérologique programmée (selon la directive CE/75/2000 de l'union européenne (Anonyme 2007; 2012a; 2000)) et une surveillance événementielle, afin de détecter et alerter précocement en cas de nouvelle introduction ou de ré-émergence sur le territoire.

En août 2015, un cas clinique de FCO sérotype 8 (FCO-8) a été détecté dans l'Allier chez un bélier présentant des signes cliniques. La mise en évidence de la présence du virus dans onze des douze élevages analysés dans les deux kilomètres autour du foyer a conduit d'une part à un renforcement de la surveillance événementielle et d'autre part à la mise en œuvre d'une enquête programmée à l'échelle nationale entre septembre et octobre 2015 (DGAL/SDSPA 2015j). Cette enquête, conduite sur un échantillon aléatoire d'élevages bovins, a révélé une distribution spatiale étendue du virus FCO-8, avec 27 élevages de neuf départements français (Allier, Cantal, Cher, Creuse, Indre, Loire, Nièvre, Puy-de-Dôme et Saône-et-Loire) infectés au 12 novembre 2015. A cette même date, 52 foyers supplémentaires avaient été localisés via les analyses pré-mouvements et la surveillance événementielle dans d'autres départements de France continentale (Aveyron, Corrèze, Haute-Loire et Loiret) (Bournez *et al.* 2015). En application du règlement européen (2007/12668/CE) relatif à la lutte contre la fièvre catarrhale du mouton, des restrictions de mouvements d'animaux sensibles ont été définies autour des foyers afin d'empêcher la diffusion du virus.

La sortie des ruminants hors de la ZR, dont l'étendue a augmenté en automne 2015 à la faveur de la détection de foyers dans de nouveaux territoires, était autorisée sous certaines conditions de dérogation. Ainsi, en l'absence de vaccins disponibles, les mouvements de sortie de ZR n'étaient autorisés que pour les veaux de moins de 70 jours et pour les bovins de retour d'estive, sous conditions d'une analyse Rt-PCR, et de l'isolement et de l'assainissement des moyens de transport (DGAL/SDSPA 2015e; 2015f; 2015g). A partir de

Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale

février 2016, les doses de vaccin, en nombre insuffisant, ont été mises à disposition en priorité pour les animaux destinés aux exportations et aux échanges. Ainsi, les éleveurs pouvaient déroger à l'interdiction de sortie de la ZR (Anonyme 2007; DGAL/SDSPA 2015a; 2015b; 2015c; 2015d; 2015e; 2015f; 2015g; 2016a; 2016b; 2016c; 2016d; 2016e; 2016f; 2016g) soit par la vaccination, soit par une combinaison de deux analyses PCR pré-mouvements, accompagnée de mesures de désinsectisation et de confinement (protocole « double PCR ») pour les animaux destinés à un autre élevage, les petits ruminants en transhumance, les animaux reproducteurs à destination d'un centre de sélection, et ce depuis une exploitation de la ZR vers la ZI en France. Pour les échanges intra-européens, les animaux devaient être vaccinés, sauf dans le cas de l'Espagne, de l'Italie et de la Belgique qui acceptaient l'importation de bovins français non vaccinés sous couvert d'un résultat Rt-PCR négatif (complété par une protection contre les vecteurs pendant quatorze jours pour l'Espagne) (DGAL/SDSPA 2015a; 2015b; 2015c; 2015d; 2015f; 2015g; 2016a; 2016b; 2016c; 2016d; 2016e; 2016f; 2016g).

Au cours de l'hiver 2015-2016, un dispositif de surveillance combinant suivi entomologique hebdomadaire et dépistage programmé dans un échantillon d'élevages a été mis en place pour démontrer l'existence de ZSI de FCO (DGAL/SDSPA 2015i) et ainsi lever temporairement les restrictions de mouvements des animaux non vaccinés. Cette surveillance visait également à actualiser la connaissance de la distribution spatiale du virus FCO-8 durant l'hiver et à estimer la séroprévalence sur le territoire national afin de préciser le statut immunologique du cheptel français et son niveau de protection vis-à-vis du sérotype 8. Ces zones ont été maintenues jusqu'à la reprise de l'activité vectorielle survenant classiquement au printemps.

A partir de juillet 2016, une surveillance programmée a été conduite dans les ZI et dans les départements de la ZR limitrophes des départements de la ZI de manière à détecter le plus précocement possible la circulation de virus FCO-8 en ZI et à mettre à jour l'étendue de la ZR (DGAL/SDSPA 2016j).

Les résultats des opérations de surveillance et de lutte conduites en 2015 ont été décrits précédemment (Bournez *et al.* 2016; Bournez, Sailleau, *et al.* 2018). L'objectif de la présente étude était de répertorier l'ensemble des coûts liés aux dispositifs de surveillance et de lutte vis-à-vis du virus BTV-8 mis en œuvre en 2015 et 2016 dans la filière bovine, de les répartir entre les différents acteurs de la filière et enfin de les quantifier.

Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale

2.1 Matériel et méthodes

2.1.1 *Données d'interventions et d'analyses liées à la surveillance dans le cheptel bovin*

Entre la ré-émergence de la maladie due au sérotype 8 de la FCO et fin 2016, les opérations de surveillance mises en œuvre dans les élevages de bovins ont été effectuées dans le cadre de différents dispositifs de surveillance (DGAL/SDSPA 2015j; 2015k; 2015l; 2015i; 2016m; 2016j; 2016k) :

- la surveillance événementielle : visites, prélèvements et analyses Rt-PCR,
- les dépistages pré-mouvements : visites, prélèvements et analyses Rt-PCR. Les analyses Rt-PCR pouvaient être réalisées dans le cadre de différentes modalités de dérogation de sortie des animaux de la ZR :
 - Pour les mouvements nationaux, deux analyses étaient requises : une première Rt-PCR jusqu'à sept jours avant le mouvement et une seconde jusqu'à quatorze jours après l'arrivée des animaux,
 - Pour les échanges intra-communautaires, une PCR négative pouvait permettre de réduire le délai pour l'exportation des animaux après vaccination,
 - Les animaux de provenance de ZSI pouvaient également sortir de la ZR (France ou UE) avec un résultat négatif en PCR et quatorze jours passés en ZSI ou négatif en sérologie et 28 jours passés en ZSI,Ces modalités étaient les plus utilisées par les exploitants mais d'autres conditions existaient pour des catégories d'animaux et/ou des destinations plus spécifiques,
- la surveillance programmée :
 - en septembre-octobre 2015 : visites, prélèvements et analyses ELISA réalisées sur 30 bovins par élevages, dans 60 élevages par région, pour évaluer l'étendue de la zone d'infection suite à la réémergence de la FCO,
 - de décembre 2015 à avril 2016 : visites, prélèvements et analyses ELISA réalisées à deux, voire trois reprises (espacées d'au moins 21 jours), sur quinze bovins (entre 12 et 36 mois) dans cinq à dix élevages par arrondissement (323 en tout en France continentale) et sur quinze bovins (de plus de 36 mois) dans cinq à dix élevages par arrondissement pour déterminer la distribution géographique du BTV-8, confirmer le statut de ZSI une fois l'inactivité vectorielle validée et étudier la séroprévalence au niveau national,
 - à partir de juillet 2016 : visites, prélèvements et analyses ELISA réalisées mensuellement pendant la période d'activité vectorielle (et aussi le reste de l'année pour les départements à période d'inactivité vectorielle courte, c.-à-d.

Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale

inférieure à cinq semaines par an), sur 20 bovins par élevage dans neuf élevages par département, pour détecter précocement la circulation du FCO-8 en ZI,

- La gestion de suspicions : en cas de résultats non négatifs en Rt-PCR et en fonction du contexte épidémiologique (statut du département vis-à-vis de l'infection), d'autres prélèvements ont pu être réalisés sur le troupeau suspect et envoyés à un laboratoire départemental d'analyses (LDA) agréé pour réaliser une PCR de groupe et une PCR de typage moléculaire. Le laboratoire national de référence (LNR) de virologie de la FCO à l'ANSES Maisons-Alfort était amené à confirmer les résultats obtenus, au début de l'épizootie pour confirmer le résultat dans un département nouvellement atteint et, par la suite, confirmer les résultats douteux.

Les nombres d'interventions et d'analyses par dispositif de surveillance ont été extraits de SIGAL, le système d'information de la direction générale de l'alimentation (DGAL) et complété par le fichier du LNR FCO en virologie.

Les analyses réalisées suite à un résultat positif à l'analyse de première intention (quel que soit le cadre initial de la surveillance) étaient enregistrées sous le même dispositif que les opérations de surveillance événementielle en 2015 et 2016 et sous le même dispositif que les opérations de surveillance programmée pour l'année 2016 et n'ont donc pas pu être distinguées. Les analyses effectuées par les LNR (qui sont faites sur des prélèvements déjà effectués) ont été ajoutées aux opérations de gestion de suspicion en utilisant les tarifs des analyses des LDA.

Dans le cadre de la surveillance programmée réalisée au cours de l'hiver 2015/2016 pour établir les ZSI, le protocole consistait à prélever des bovins de différents élevages à une, deux ou trois reprises, en fonction du statut du département (ZI, ZR) et de l'activité vectorielle. Il a été donné la possibilité aux départements d'utiliser, pour la première série de dépistages, des prélèvements réalisés en décembre dans le cadre des opérations de surveillance programmée d'autres maladies réglementées (brucellose bovine, leucose bovine enzootique, etc.). Les coûts des visites et des prélèvements n'ont donc pas été comptabilisés pour ces analyses. Les analyses sérologiques ont été réalisées entre janvier et avril 2016 et les tarifs unitaires pour 2016 ont donc été appliqués. Le nombre de déplacements, prélèvements et analyses réalisés a été extrait des bilans réalisés par la Plateforme ESA (rapports non publiés).

Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale

2.1.2 Honoraires vétérinaires et coûts unitaires des analyses

L'Etat prend en charge les coûts relatifs aux opérations techniques (visites et prélèvements) et analyses réalisées dans le cadre de la suspicion clinique, des enquêtes programmées et de la gestion des suspicions. Les opérations de dépistage effectuées en amont et en aval du mouvement d'un bovin sont à la charge du détenteur.

Les tarifs des opérations techniques prises en charge par l'Etat sont fixés par l'arrêté du 10 décembre 2008 fixant les mesures financières relatives à la fièvre catarrhale du mouton (Anonyme 2008a). L'indemnisation d'une visite correspond à la somme des honoraires vétérinaires pour la visite de l'élevage, de la rémunération du temps de déplacement (par km) et de l'indemnisation des frais de déplacement (par km). Les honoraires vétérinaires s'élevaient à trois fois le montant de l'acte médical vétérinaire (AMV) pour une visite, l'AMV étant fixé à 13,85 € HT depuis le 1^{er} janvier 2013 (Anonyme 2012b). La rémunération du temps de déplacement était fixée forfaitairement à 1/15^{ème} d'AMV par kilomètre parcouru (Anonyme 1990; 2004) et le tarif d'indemnisation des frais de déplacement à 0,32 € HT par km (Anonyme 2008b) ; un trajet aller-retour de 15 km en moyenne (pour un véhicule de 6-7 CV) a été considéré afin de calculer la rémunération des frais et temps de déplacements. L'indemnisation d'un prélèvement de sang était de 1/5^{ème} d'AMV pour un bovin (Anonyme 2008a).

Pour les opérations à la charge des éleveurs, le montant des visites, des prélèvements, des indemnités de déplacement et des prélèvements sont établis dans les conventions départementales ou régionales, ou par arrêtés préfectoraux lorsque les parties concernées n'ont pu aboutir à un accord. Les tarifs moyens de ces actes ont été extraits d'une synthèse de 53 conventions ou arrêtés préfectoraux pour l'année 2015 (couvrant 66 départements métropolitains) effectuée par le Conseil général de l'alimentation, de l'agriculture et des espaces ruraux (CGAAER) (Gibon et Parle 2016; 2018). Le tarif moyen d'une visite était de 26,71 € HT. En ce qui concerne la rémunération des frais de déplacement et du temps de déplacement, les modalités divergeaient selon les conventions : pour 18 conventions, il s'agissait d'une rémunération globale kilométrique au taux de 0,59 € HT par km (de même que précédemment, un trajet aller-retour de quinze kilomètres en moyenne a été considéré) ; pour onze conventions, il s'agissait d'un forfait de 13,92 € HT par visite ; pour 22 conventions, cette rémunération était incluse dans le tarif de la visite ; et pour deux conventions, la montant de l'indemnisation n'était pas mentionné. Pour obtenir un tarif moyen applicable à toutes les visites à la charge des éleveurs, nous avons calculé la moyenne de la rémunération des frais et du temps de déplacement pondérée par le nombre de conventions correspondantes, à laquelle nous avons ajouté le tarif moyen d'une visite. Le coût des opérations techniques par modalité de surveillance a

Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale

été calculé au niveau du territoire national continental, à partir du produit entre le nombre d'opérations et le tarif unitaire correspondant.

Afin de connaître les tarifs des analyses, une enquête a été menée, avec l'appui de l'Association française des directeurs et cadres de laboratoires vétérinaires publics d'analyses (Adilva), auprès des laboratoires départementaux d'analyses agréés pour les méthodes de dépistage de la FCO. L'enquête portait sur les tarifs pratiqués par les laboratoires pour l'ELISA sur sérum sanguin individuel, l'analyse PCR sur sérum individuel, ainsi que sur le typage du sérotype 8. Les tarifs étaient demandés en € HT et selon le contexte de surveillance (surveillance programmée, surveillance événementielle, dépistage pré-mouvement ou investigation suite à une séroconversion). Le coût des analyses de laboratoire par modalité de surveillance a été calculé au niveau du territoire national continental, à partir du produit entre le nombre d'analyses et la moyenne des tarifs unitaire de base correspondant.

2.1.3 Surveillance entomologique

La surveillance entomologique des populations de *Culicoides* dans les zones de protection est une exigence détaillée dans la directive 2000/75/CE. Le règlement 2007/1266/CE précise les modalités de la surveillance pour déterminer la période saisonnièrement indemne de culicoïdes, dans l'objectif de bénéficier de dérogations à l'interdiction de sortie des zones réglementées. La réglementation européenne définit le nombre de pièges par unité géographique ainsi que le rythme de piégeage, mais permet de modifier ces préconisations sur la base de trois années consécutives de suivi entomologique. Le réseau de surveillance mis en place en 2009 a fonctionné avec 160 pièges pendant quatre années consécutives (Balenghien *et al.* 2013). Une analyse statistique des données de surveillance entomologique recueillies entre 2009 et 2011 (classification hiérarchique ascendante sur les données d'abondance, et de début et fin de période d'inactivité des culicoïdes, aussi appelé inactivité vectorielle) a permis de proposer un allègement du réseau en 2015 avec 49 zones de piégeage définies sur le territoire continental français en hiver 2015-2016, ramenées à 24 zones de piégeage pour les campagnes hivernales suivantes (c.-à-d. 2016-2017 et 2017-2018) (voir chap. 2).

Ces zones de piégeage rassemblaient et/ou découpaient (au niveau des arrondissements) un ou plusieurs départements, homogènes en termes de diversité des espèces, de durée d'inactivité vectorielle et de phénologie des populations (semaines de début et de fin d'inactivité). Chaque zone de piégeage (contiguë ou non) est représentée par un seul site de piégeage. Le choix du site de piégeage au sein de chaque zone repose sur un certain nombre de critères, à savoir : (i) une abondance annuelle forte en *Culicoides*, (ii) une

Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale

bonne accessibilité pour l'agent responsable du piégeage et (iii) la meilleure sensibilité possible aux culicoïdes vecteurs c.-à-d. présentant un profil de fin d'activité la plus tardive et de début d'activité la plus précoce parmi les sites potentiels connus/disponibles au sein de la zone concernée. L'activité des populations de *Culicoides* dans chacune des zones est surveillée par un piégeage hebdomadaire.

La coordination du réseau de surveillance entomologique est assurée par le Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement (Cirad). Le matériel de piégeage est fourni par le Cirad et envoyé par colis postal à la personne contact de la zone désignée par les DDecPPs en amont des premières dates de piégeage. Dans le cadre de la surveillance hivernale, les captures sont réalisées chaque semaine sur un site pour chacune des 24 zones de piégeage définies pour la France continentale dans la nuit du lundi au mardi (sauf contraintes logistiques ou météorologiques, auquel cas, la capture est repoussée à la nuit suivante pour le site concerné). Les prélèvements sont envoyés le lendemain de la capture au Cirad pour identification et dénombrement. Les résultats des prélèvements sont saisis dans la base de données Ocapi (base de données dédiée à la surveillance des culicoïdes en France initiée par le Cirad et en lien avec la plateforme européenne de surveillance de la FCO), et rendus accessibles aux différents acteurs du réseau via le site <http://ocapi.cirad.fr>. Une approche conservatrice est appliquée pour les départements couverts par différentes zones de piégeage, c.-à-d. l'entrée en période d'inactivité pour le département concerné est déterminée par la dernière zone le couvrant pour laquelle cette inactivité a été prononcée. De même, lorsque la dernière zone couvrant un département est déclarée en reprise d'activité vectorielle (c.-à-d. fin de période d'inactivité), il en va de même pour le département.

D'autre part, une surveillance estivale peut être mise en place pour i) recueillir des données d'abondance et de dynamique des populations de *Culicoides* pour les confronter aux données historiques (2009-2012, 2015-2017) et aux données météorologiques et ii) réaliser une surveillance de virus FCO sans a priori au cours de la période d'activité vectorielle.

Les données concernant les coûts de la surveillance entomologique ont été récupérées auprès du Cirad. On peut distinguer les coûts de personnel et les coûts de terrain. Les coûts de terrain incluent la mise en place du dispositif (matériel de capture, cartons, envois postaux, reproduction des livrets du dispositif) et le déplacement des agents du Cirad sur les sites de capture pour former les acteurs en charge du piégeage et initier le dispositif. Les coûts de personnels correspondent notamment à l'identification des échantillons d'insectes piégés, à la saisie des résultats dans la base de données et à la restitution hebdomadaire qui en est faite auprès de la DGAI et des autres partenaires. La

Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale

coordination technique des opérations de terrain, ainsi que la coordination et l'animation de la surveillance (impliquant la formation des acteurs – éleveurs et agents de terrain – et la restitution des résultats à l'ensemble des partenaires – éleveurs, agents, partenaires publics) est aussi incluse dans ces coûts de personnel. A partir de ces résultats, une analyse rétrospective de la distribution et de la dynamique des espèces de *Culicoides* en France, notamment celles vectrices de maladies d'intérêt vétérinaire, est menée ; la réalisation de ces analyses statistiques est également incluse dans le coût de personnel. En 2016, une analyse statistique (disponible en Annexe 1 :) a été conduite pour redéfinir le maillage du dispositif de surveillance entomologique, à partir d'un zonage écologique (Villard *et al.* 2019). Le coût de cette analyse a été intégré dans l'estimation des coûts tout en tenant compte du fait qu'il s'agissait d'une dépense ponctuelle. Les coûts de personnel ont été majorés de 68 % pour prendre en compte les coûts indirects (frais généraux et administratifs).

Le nombre de piégeage a été extrait de différentes instructions techniques et des bilans de la surveillance entomologique pour les années étudiées. En 2015, la surveillance entomologique a été réalisée uniquement dans le cadre de la surveillance hivernale 2015-2016 en vue de la mise en place des ZSI ; il y a eu sept nuits de piégeage dans 49 sites (DGAL/SDSPA 2015h; Garros *et al.* 2017), soit 343 piégeages. En 2016, la surveillance entomologique a été réalisée dans le cadre de la surveillance hivernale 2015-2016 pour la mise en place et le maintien des ZSI avec 18 nuits de piégeage dans 49 sites (DGAL/SDSPA 2015h; Garros *et al.* 2017), dans le cadre de la surveillance entomologique en période estivale avec quatre nuits de piégeage dans 13 sites (DGAL/SDSPA 2016i) puis, dans le cadre de la surveillance hivernale 2016-2017 avec huit nuits de piégeage dans 24 sites (DGAL/SDSPA 2016h), soit un total de 1 126 nuits de piégeage pour l'année 2016.

2.2 Résultats

2.2.1 Honoraires vétérinaires et coûts des analyses

Les honoraires vétérinaires pour les opérations techniques ainsi que les tarifs moyens des analyses sont listés dans le Tableau 1.

Tableau 1 : Honoraires vétérinaires et tarifs des analyses (en € HT) dans le cadre des opérations de la surveillance de la FCO en 2015 et 2016.

Dispositif		Surveillance événementielle, surveillance programmée, gestion des suspicions	Dépistage pré-mouvement
Prise en charge		Etat	Eleveurs
Visite		60,20	32,60
Prélèvement		2,77	2,41
ELISA	2015	10,93	
	2016	11,22	
Rt-PCR	2015	33,50	
	2016	32,21	
Typage FCO-8	2015	30,90	
	2016	29,06	

Nous avons reçu les tarifs des analyses de 14 sur 68 laboratoires agréés, soit un taux de réponse d'environ 21 %. Les tarifs des analyses sont présentés dans la Figure 7.

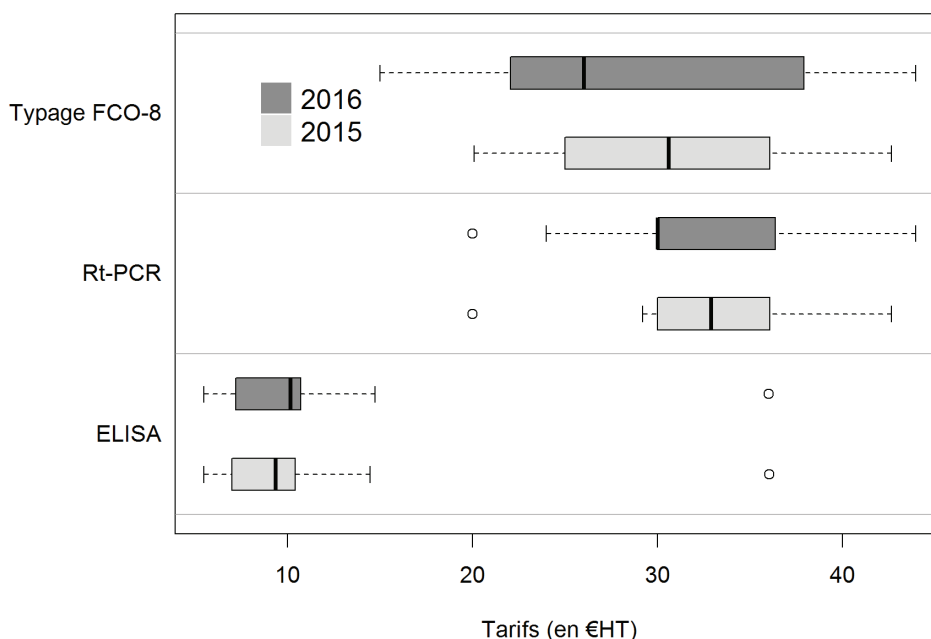


Figure 7 : Tarifs des méthodes de diagnostic de la FCO appliqués par les laboratoires en 2015 et 2016. Pour chaque boîte à moustache (boxplot), les traits verticaux représentent les premiers et neuvièmes déciles, les extrémités de la « boîte » représentent les premier (à gauche) et troisième (à droite) quartiles, le trait en gras représente la médiane et les points sont les valeurs extrêmes.

Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale

Les résultats mettent en évidence que les tarifs médians des analyses ELISA et de Rt-PCR ont très peu évolué entre les deux années étudiées, contrairement à celui du typage FCO-8. Les tarifs des analyses sérologiques ne variaient pas en fonction du contexte des analyses (surveillance événementielle, programmée ou dépistage pré-mouvements). Par contre, pour les analyses virologiques, quatre laboratoires sur les quatorze agréés ont appliqué des tarifs différents selon le contexte : pour l'un des laboratoires, le tarif standard était utilisé uniquement pour les dépistages pré-mouvements tandis que les analyses réalisées dans les autres contextes étaient majorées à 51 % ; pour trois laboratoires, le tarif des analyses pré-mouvements étaient diminué de 20 % à 56 % par rapport au tarif appliqué dans le cadre des enquêtes programmées ou de la surveillance événementielle. De la même manière, deux laboratoires sur les dix effectuant le typage FCO-8 appliquaient des tarifs différents selon le contexte de l'analyse : dans un laboratoire, le tarif était majoré de 50 % pour les analyses réalisées dans le cadre de la surveillance programmée ou événementielle par rapport aux analyses de dépistage pré-mouvements et d'investigation suite à une séroconversion ; pour le second, le tarif de base était diminué de 70 % pour les analyses de surveillance programmée et événementielle, de dépistage pré-mouvements et pour les investigations à la suite d'une séroconversion.

2.2.2 Coût de la surveillance

Le coût total des opérations de surveillance dans la filière bovine entre septembre et décembre 2015 s'est élevé à 2,7 millions (M) € HT (Tableau 2). Parmi ces opérations, les enquêtes programmées réalisées en septembre-octobre 2015 autour du premier foyer de FCO-8 puis à l'échelle nationale ont coûté 1,7 M€ HT. Le coût associé à la surveillance événementielle était de 54 milliers (k) € HT. Les dépenses liées aux dépistages pré-mouvements ont été estimées à 927 k€ HT. Le coût des analyses de gestion de suspicions liés à ces opérations de surveillance était de 31 k€ HT.

Tableau 2 : Nombre d'opérations techniques et d'analyses par dispositif de surveillance de la FCO entre septembre et décembre 2015 et coûts associés en € HT.

Opérations	Surveillance événementielle		Dépistage pré-mouvement		Surveillance programmée		Gestion des suspicions		Total	
	Nombre	Coût	Nombre	Coût	Nombre	Coût	Nombre	Coût	Nombre	Coût
Visites	450	27 090	419	13 661	1 538	92 588			2 407	133 339
Prélèvements	750	2 078	25 413	61 245	43 077	119 323			69 240	182 646
ELISA			18	197	45	492			63	689
Rt-PCR	50	25 125	25 443	852 341	42 271	1 416 079	26	27 671	69 290	2 321 215
Typage FCO-8					895	27 656	21	3739	1 016	31 394
Total (HT)		54 293		927 444		1 656 137		31 410		2 669 283

En 2016, le montant total des opérations de surveillance dans la filière bovine était de 11,7 M€ HT, incluant 94 k€ HT pour la suspicion clinique, 7,7 M€ HT pour les dépistages pré-mouvement, 2,4 M€ HT pour la surveillance programmée et 1,6 M€ HT pour la gestion des suspicions (Tableau 3).

Tableau 3 : Nombre d'opérations techniques et d'analyses par dispositif de surveillance de la FCO en 2016 et coûts associés en € HT.

Opérations	Surveillance événementielle		Dépistage pré-mouvement		Surveillance programmée		Gestion des suspicions		Total	
	Nombre	Coût	Nombre	Coût	Nombre	Coût	Nombre	Coût	Nombre	Coût
Visites	301	18 120	4 339	141 472	3 472	209 014			8 112	368 606
Prélèvements	596	7 191	217 359	523 835	150 886	417 954			370 841	948 980
ELISA			95	1 066	149 910	1 681 990			150 005	1 683 056
Rt-PCR	121	68 317	218 435	7 035 791	1 719	55 369	38 149	1 228 779	260 424	8 388 257
Typage FCO-8					45	1 308	12 235	355 549	12 280	356 857
Total (HT)		93 629		7 702 164		2 365 636		1 584 328		11 745 757

La surveillance programmée durant l'hiver 2015-2016 (décembre-avril) pour identifier les ZSI a coûté 559 k€ HT ; la répartition des coûts par type de dépenses est détaillée dans le Tableau 4.

Tableau 4 : Nombre d'opérations techniques et d'analyses pour la surveillance visant à établir les ZSI au cours de l'hiver 2015-2016 et coûts associés en € HT.

	Nombre	Coût
Visites	673	40 515
Prélèvements	6 725	18 628
Elisa	43 101	483 593
PCR	501	16 137
Total (HT)		558 873

Nous avons décompté 264 cheptels ayant eu recours à des analyses pré-mouvement entre septembre et décembre 2015 et 1 726 élevages en 2016. Le coût médian de ces opérations par cheptel, en incluant les visites, les prélèvements et les analyses, était de 176 € HT en 2015 et 238 € HT en 2016 (Tableau 5).

Tableau 5 : Nombre d'élevages soumis à des dépistages pré-mouvements vers des zones indemnes pour 2015 (septembre-décembre) et 2016 et distribution des coûts totaux (visites, prélèvements et analyses) entre élevages en € HT.

Année	Nombre d'élevages	Nombre de bovins testés par élevage		Coût par élevage	
		Médiane et intervalle interquartile	Minimum et maximum	Médiane et intervalle interquartile	Minimum et maximum
2015	264	4 [1-25]	1 – 5 331	176 [69-947]	35 – 191 862
2016	1 726	56 [14-358]	1 – 74 131	238 [102-648]	33 – 768 960

Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale

2.2.3 Coût du dispositif de surveillance entomologique

La surveillance entomologique a eu un coût global de 43 k€ en 2015 et de 171 k€ en 2016 (Tableau 6).

Tableau 6 : Coûts par piège et coûts totaux de la surveillance entomologique pour novembre-décembre 2015 (343 piégeages) et pour l'année 2016 (1 126 piégeages) en €.

Postes de dépenses liés à la surveillance entomologique	Catégorie de coûts	Coût par piège		Coût totaux	
		2015	2016	2015	2016
Coordination de la surveillance entomologique, formation et restitution des résultats de la surveillance entomologique en France continentale	Animation	27	34	9 190	37 852
Analyse rétrospective de la distribution et de la dynamique des espèces de <i>Culicoides</i> en France (et définition du zonage écologique en 2016)	Appui scientifique et technique	13	13	4 436	14 673
Coordination technique de la surveillance entomologique en France continentale	Animation	10	12	3 580	13 098
Identification des échantillons de la surveillance en France continentale et saisie des résultats dans la base de données Ocapi	Appui scientifique et technique	18	21	6 060	24 088
Sous-total coûts de personnel direct		68	80	23 266	89 711
Sous-total coûts personnel indirects (68 % des coûts directs)		46	54	15 821	61 003
Matériel pour remise en place du dispositif: Matériel de capture, cartons, envois postaux, reproduction des livrets du dispositif	Appui scientifique et technique	8	12	2 800	13 284
Missions et déplacement sur site	Animation	4	6	1 400	6 642
Sous-total des coûts de consommables et de missions		12	18	4 200	19 926
Total du coûts de la surveillance entomologique		126	152	43 288	170 641

La surveillance entomologique s'est déroulée sur quatre semaines en 2015 contre 30 en 2016 ; en outre, cette augmentation importante de l'effort de capture sur le terrain s'est accompagnée d'une augmentation des coûts unitaires : les coûts de coordination de la surveillance entomologique par piégeage ont augmenté de 25 %, ceux de coordination technique de la surveillance entomologique par piégeage de 11 %, ceux d'identification des

Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale

échantillons par piégeage de 21 % et ceux de consommables et de mission par piégeage de 45 % entre 2015 et 2016. Seul le coût unitaire des analyses statistiques est resté stable entre 2015 et 2016 malgré la surcharge de travail entraînée par la définition d'un nouveau zonage, à partir de l'analyse statistique de la distribution et de la dynamique des culicoïdes.

La répartition des coûts entre l'animation du dispositif d'un côté et l'appui scientifique et technique de l'autre est équilibrée (52,8 % en 2015 et 54,1 % en 2016 pour l'animation et 47,2 % en 2015 et 45,9 % en 2016 pour l'appui scientifique et technique). Les consommables et frais de missions relatifs à la mise en fonctionnement des sites de capture ne représentent que 11,3 % du total des dépenses (9,7 % en 2015 et 11,7 % en 2016).

2.2.4 Répartition des coûts entre les éleveurs et l'Etat

Le coût total de la surveillance de la FCO dans la filière bovine et pour le suivi vectoriel a été estimé à 2,7 M€ HT en 2015 et 11,9 M€ HT en 2016. Les actes effectués dans le cadre des dépistages pré-mouvements sont à la charge des exploitants, pour un coût total de 927 k€ HT en 2015 (sur la période septembre-décembre) et 7,7 M€ HT en 2016. L'Etat a pris en charge l'ensemble des coûts liés aux opérations de surveillance événementielle, de surveillance programmée et de gestion des suspicions dans les élevages bovins, et les dépenses issues de la surveillance entomologique, pour un coût total estimé à 1,8 M€ HT en 2015 et 4,2 M€ HT en 2016.

2.3 Discussion

Les mesures de surveillance des bovins mises en œuvre suite à la réémergence du sérotype 8 de la FCO en 2015 ont coûté à l'Etat environ 1,8 M€ HT sur la période septembre-décembre 2015 et 4,0 M€ HT en 2016. A titre de comparaison, le coût de la surveillance pour l'Etat s'était élevé à 45 500 € HT en France continentale en 2014 (Perrin *et al.* 2015). Sur la période janvier-août 2015, le coût de la surveillance était de 288 k€ HT pour l'Etat ; l'augmentation entre 2014 et 2015 étant liée à l'enquête conduite dans les Bouches du Rhône suite à l'importation de taureaux positifs en RT-PCR (Bournez, Sailleau, *et al.* 2018). Ainsi, le coût annuel de la surveillance dans les élevages bovins et des vecteurs en 2016 (7,9 M€ HT), où la maladie était présente sur l'ensemble du territoire continental, était plus de 90 fois supérieur aux coûts de la surveillance en 2014 (où la France était en statut indemne, avec une surveillance uniquement dans les élevages bovins).

A ces coûts s'ajoutent les dépenses par les éleveurs pour les opérations techniques et analyses pour prouver le statut indemne des bovins en vue d'un mouvement, estimés à 927 k€ HT en 2015 (sur la période septembre-décembre) et 7,7 M€ HT en 2016 ; ces montants n'incluent pas le coût de désinsectisation (des animaux et des moyens de transport), ni celui

Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale

des visites pour vaccination également pris en charge par les éleveurs (le vaccin étant à la charge de l'Etat). De plus, une partie de ces analyses n'a pas été enregistrée dans SIGAL par les laboratoires en particulier au début de l'épizootie car les systèmes de gestion de l'information des laboratoires n'étaient pas adaptés. Nos résultats ont montré que malgré la plus courte durée d'exposition aux mesures de restrictions de mouvement en 2015 qu'en 2016, les éleveurs ont dépensé des montants équivalents pour les opérations liées aux dépistages pré-mouvement dans leur élevage (50 % des éleveurs ont payés entre 68,51 € HT et 947,48 € HT entre septembre et décembre 2015 et entre 101,84 € HT et 648,21 € HT sur l'année 2016). Il est possible que compte tenu du nombre insuffisant de doses vaccinales en 2015, les éleveurs aient eu recours aux analyses PCR pour garantir le statut des animaux et ainsi, les vendre ou les exporter. En 2016, les vaccins étant de nouveau disponibles, les éleveurs ont pu diminuer leur recours aux analyses PCR et utiliser les vaccins pour déplacer leurs animaux. La vaccination étant à la charge exclusive des éleveurs mais non-incluse dans cette estimation, cela pourrait expliquer la similarité des dépenses des éleveurs en fin d'année 2015 comparé à leurs dépenses sur l'ensemble de l'année 2016. Il est à noter que pour 1 % des exploitants, les montants dépensés dans le cadre des mouvements de bovins étaient très élevés (entre 77 k€ HT et 192 k€ HT en 2015 et entre 99k€ HT et 767 k€ HT en 2016). Ces élevages étaient soit des exploitations avec un atelier d'engraissement, soit des centres de rassemblement ou des exploitations de négoce, c'est-à-dire des établissements où la revente de bovins vivants est le pilier principal de leur modèle économique. Il n'est pas à exclure que les détenteurs d'animaux aient modifiés leurs pratiques afin d'être moins soumis aux analyses ou vaccins nécessaire aux mouvements de bovins (voir chap.1§3.3).

Plusieurs sources de coûts n'ont pas été prises en compte (ou partiellement), en raison de données incomplètes ou non disponibles ou du fait d'un manque de connaissance sur les modalités d'application selon les départements. Ainsi, le coût du matériel de prélèvement et de conditionnement, les frais de collecte des échantillons par les laboratoires ou d'envoi aux laboratoires, les frais de préparation et de conservation n'ont pas été comptabilisés dans les coûts des analyses. Par exemple, certains laboratoires ont mentionné appliquer des coûts de préparation (entre 0,69 et 1,22 € par échantillon) et/ou de conservation (entre 0,69 et 2,60 € par échantillon), mais ces coûts ne sont pas systématiques (les frais de conservation n'étaient par exemple appliqués qu'au moment de la ré-utilisation de l'échantillon conservé). De même, certains LDA obtiennent des subventions de la part des départements, donc indirectement de l'Etat. Ces subventions pouvaient soit permettre aux LDA d'effectuer des investissements afin d'améliorer leurs capacités techniques pour mieux répondre à leurs missions, ou à diminuer le prix des analyses pour les éleveurs dans certaines circonstances. Dans les deux cas, la facture s'alourdit pour l'Etat mais dans le second cas, celle des éleveurs s'allège en contrepartie.

Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale

L'évaluation des coûts de la surveillance dans la filière bovine (Tableau 6) a porté uniquement sur les coûts des opérations techniques et n'inclut pas les coûts liés à la gestion administrative et à l'animation de ces dispositifs. Or, le fonctionnement d'un réseau de surveillance engendre de multiples sources de coûts, telles que des ressources humaines pour les services de l'État et les organismes délégataires (Groupements de défense sanitaire), des coûts de fonctionnement et des charges de structure pour ces organismes. En 2015-2016, l'animation du dispositif était assurée par la DGAL appuyée par les animateurs de chacun des réseaux de professionnels intervenant dans la surveillance et la gestion de la FCO. L'estimation de ces coûts nécessiterait la mise en place en amont d'une comptabilité analytique, uniformisée entre les départements. De plus, un groupe national de la surveillance de la FCO était animé dans le cadre de la Plateforme d'épidémiosurveillance en santé animale (Plateforme ESA) et avait la charge de la rédaction des protocoles de surveillance et réalisait des analyses statistiques compilées en bilans très réguliers. La mise en place d'un système de comptabilité, comme c'est le cas pour la surveillance entomologique avec le Cirad, permettrait de mieux calculer les coûts de tous les dispositifs sanitaires soutenus par l'État. Ce changement devra être précédé d'une importante sensibilisation des acteurs des différents services de l'État afin que les nouveaux outils de comptabilité soient adaptés aux différents types de dépenses et d'opérations de surveillance.

En complément, l'investissement des acteurs de terrain, et notamment des vétérinaires sanitaires et des éleveurs, est essentiel à la qualité des données ainsi qu'à leur transmission et donc à l'efficacité de ces dispositifs (Palussière, Calavas, et Bronner 2013). Dans un contexte où le coût des actes de prophylaxie est très hétérogène d'un département à l'autre, des travaux permettant de développer une méthode de construction des coûts, appuyée par une charte définissant les objectifs de la surveillance et les rôles et responsabilités de chaque acteur, pourrait permettre d'objectiver et de clarifier la rémunération des vétérinaires. Ce travail complexe nécessiterait d'associer l'ensemble des acteurs concernés au niveau local et national pour co-construire cette méthode.

Aux coûts des opérations de surveillance, s'ajoutent des coûts annexes pour les éleveurs liés à la mise en place des mesures de restriction. En effet, ces restrictions contraignent les éleveurs à conserver les animaux dans l'exploitation, entraînant potentiellement une augmentation de la mortalité, de la morbidité, des coûts de médecine vétérinaire préventive, d'alimentation et de stabulation, comme cela avait été montré pour l'épizootie de FCO de 2006-2008 (Tago *et al.* 2014). Toutefois, la fusion des zones de surveillance et de protection (DGAL/SDSPA 2015a) a permis aux éleveurs de l'ancienne ZP de s'affranchir des mesures de restriction pour les mouvements vers l'ensemble de la ZR, et ainsi de se soustraire aux risques sanitaires liés à une surpopulation animale au sein de leur

Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale

élevage. Ces coûts dépendent des capacités matérielles des élevages, notamment en termes d'alimentation (achetées ou produites sur place) et de bâtiments (propriétaire ou locataire, avec ou sans contraintes capacitaires).

Dans l'optique d'exporter leurs animaux, les éleveurs étaient contraints d'effectuer soit une vaccination préalable des bovins concernés, soit un test RT-PCR dont le résultat devait être négatif, soit les deux (dans le cas où la seconde injection du vaccin aurait été réalisée trop tardivement par rapport au mouvement prévu), avec des conditions de confinement vectoriel (c.-à-d. désinsectisation des bâtiments et isolement des bovins) en fonction de la destination et des différents protocoles bilatéraux. Ces opérations étant à la charge des éleveurs, ces dépenses venaient peser sur ces acteurs primordiaux de la filière.

Au cours du premier épisode de FCO (épizootie de 2006-2008), les vaccins ont été utilisés comme moyen de lutte pour prévenir la diffusion de la FCO (avec une prise en charge des honoraires vétérinaires par l'Etat), et comme moyen de prévention en proposant aux éleveurs de vacciner leur cheptel de manière volontaire (DGAL/SDSPA 2016) et ce, à leur charge. Après cette épizootie, une fois la vaccination devenue facultative (c.-à-d. en 2011), très peu d'animaux avaient bénéficié de la vaccination (Courtejoie, Salje, *et al.* 2018). Pour 2015-2016, on ignore combien d'animaux ont été vaccinés, qu'ils soient destinés aux échanges et aux exportations ou non. Une étude complémentaire sur le recours et les conditions d'usage de la vaccination par les éleveurs, basée sur les données de vente de vaccin aux vétérinaires, permettrait d'évaluer les coûts associés à la vaccination au cours de l'épizootie en cours depuis 2015.

De même, il serait intéressant de conduire une étude complémentaire afin d'estimer l'efficacité des ZSI en comparant, d'une part, les coûts associés à la mise en place et au maintien des ZSI, et aux analyses nécessaires aux mouvements depuis ces ZSI et, d'autre part, les montant des analyses ou vaccins qu'il aurait fallu utiliser pour permettre les mouvements de bovins si le département était considéré comme une ZR. Il faudrait estimer en parallèle si la mise en place des ZSI a permis de restaurer des volumes d'échanges comparables à ceux attendus en ZI, ou si les analyses nécessaires dans le cas de mouvement hors de ZSI étaient toujours trop contraignantes pour les éleveurs.

Enfin, le dispositif de surveillance avait tout de même prouvé son efficacité puisque le virus FCO-8 a été détecté de manière précoce grâce à la surveillance clinique au regard du dispositif de surveillance prévu. En effet, le virus circulait alors chez moins de 5 % des animaux dans les zones les plus touchées (Courtejoie, Salje, *et al.* 2018) alors que le dispositif de surveillance était prévu pour détecter une prévalence supérieure ou égale à 20 % (2007/1266/CE, Directive 2007/75). Des tests sérologiques positifs avaient été obtenus

Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale

auparavant mais ils n'avaient jamais été investigués plus en détail du fait de doutes sur la spécificité de la technique (Anses 2015). Par ailleurs, une étude récente a mis en évidence des résultats sérologiques positifs sur des échantillons récoltés au cours des hivers 2014-2015 et 2015-2016 dans le cadre de la surveillance contre la brucellose bovine et la rhinotrachéite infectieuse bovine (Courtejoie, Salje, *et al.* 2018). Cependant, bien que le niveau de circulation du virus était encore faible au moment de sa détection, sa présence était étendue à plusieurs régions et le nombre de vaccins encore disponible était très largement insuffisant pour envisager une éradication rapide.

Rétrospectivement et au regard du caractère désormais enzootique du FCO-8, ces résultats remettent en cause la pertinence de la surveillance mise en place en amont de la détection du virus en septembre 2015. L'utilisation d'un modèle de diffusion de la FCO (Courtejoie, Cauchemez, *et al.* 2019; Turner, Bowers, et Baylis 2012) permettrait, par simulation, d'estimer tant l'efficacité que le coût de la mise en place et du maintien d'une surveillance programmée permettant la détection d'une prévalence plus faible. Une détection plus précoce aurait pu permettre la circonscription du virus à une zone restreinte voir à éradiquer l'infection, par la mise en place de mesures de lutte (notamment via la vaccination, à condition de disposer d'une banque de vaccins suffisante pour procéder à l'éradication précoce du virus).

2.3.1 Evolution des modalités de surveillance depuis 2018

Suite à l'introduction du FCO-4 en novembre 2017 en Haute Savoie et à sa diffusion rapide sur l'ensemble du territoire, les sérotypes 4 et 8 de la FCO sont considérés comme enzootiques en France continentale depuis début 2018 (Anonyme 2017). Dès lors, les réglementations qui régissaient la surveillance et la lutte contre la FCO-8 ont évoluées (DGAL/SDSPA 2018b).

La surveillance événementielle est toujours en place de manière continue sur l'ensemble du territoire afin de détecter l'intrusion d'un sérotype exotique ou la circulation des sérotypes 4 et 8 dans les zones sans foyer déclaré au cours de l'année et de connaître l'intensité de la circulation et de l'impact sanitaire des sérotypes 4 et 8 en ZR en France continentale. Pour cela, l'Etat prend en charge les opérations techniques et analyses (Rt-PCR de groupe et de typage des sérotypes 4 et 8 si la PCR s'est révélée positive).

La vaccination ou le dépistage pré-mouvement est également maintenu pour les exportations vers l'étranger (soumis à un protocole spécifique ou non) et pour les mouvements depuis une ZR vers une ZI d'un sérotype particulier (c.-à-d. la Corse qui est indemne de sérotype 8 (DGAL/SDSPA 2018a)). Les détenteurs prennent en charge les opérations et les analyses de première intention et l'Etat s'acquitte des analyses

Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale

complémentaires de typage des sérotypes 4 et 8 si la PCR initiale s'est révélée positive. L'impact financier pour les éleveurs ne devrait donc pas changer, à moins qu'ils n'aient changé leurs pratiques d'élevage et de vente depuis 2016. Comme l'ensemble du territoire continental est une ZR vis-à-vis des sérotypes 4 et 8, plus aucune restriction n'est appliquée aux élevages (indemne de FCO) pour les mouvements de bovins (vers l'abattoir ou un autre élevage) en France continentale. Au contraire, tous les établissements doivent désormais se plier aux mesures (c.-à-d. vaccination, PCR, désinsectisation), pour exporter leurs bovins, engendrant des dépenses supplémentaires.

L'objectif de la surveillance programmée a été très largement revu à la baisse. Il s'agit depuis 2018 de démontrer l'absence de circulation d'un sérotype autre que les sérotypes 4 et 8 en France continentale (conformément aux obligations de l'annexe I du règlement 2007/1266/CE pour une prévalence seuil de 20 % par unité géographique de 45x45km). Pour cela, l'Etat prend en charge quinze prélèvements sur tube sec pour ELISA dans trois exploitations par départements en début de période d'inactivité vectorielle (DGAL/SDSPA 2018b).

L'envergure de la surveillance diminuant (plus de 150 000 analyses programmées pour l'année 2016 à 3 975 pour la saison 2018-2019), les coûts devraient en faire de même. En effet, en utilisant les tarifs des visites et prélèvement de 2016 (qui n'ont pas changé depuis), ainsi que les tarifs des analyses ELISA de 2016, le coût annuel de la surveillance programmée pour 2018 peut être estimé à environ 72 k€ HT sans compter les éventuelles analyses de typage moléculaire.

La surveillance entomologique hivernale n'a quant à elle pas repris sur le continent à l'automne 2018 ni depuis. Seule une surveillance estivale très allégée est maintenue en Corse puisque cette région est en première ligne du risque d'introduction de nouveaux sérotypes de la FCO circulant en Afrique du Nord et dans le Sud du bassin méditerranéen.

3 Variations des dynamiques de mouvements de bovins lors de l'épizootie de fièvre catarrhale ovine de 2015-2016

3.1 Matériel et méthodes

3.1.1 *Matériel*

Les données de sorties et d'entrées des exploitations et les mouvements vers l'abattoir entre septembre 2013 et août 2016 ont été extraites de la Base de données nationale d'identification (BDNI) et agrégées par classe d'âge (veaux de 0 à 20 jours, jeunes de 21 jours à 6 mois, broutards et génisses de 6 mois à 2 ans et adultes pour les bovins de plus de 2 ans). Trois campagnes de production (de début septembre à fin août) ont été considérées : 2013-2014, 2014-2015 et 2015-2016. Dans la suite de l'étude, nous avons considéré l'ensemble des bovins à l'exception des femelles laitières qui n'effectuent que très peu de mouvements au cours de leur vie ; en effet, sur les deux périodes 2013-2014 et 2014-2015, les mouvements de femelles laitières n'ont représenté que 11 % de l'ensemble des sorties de bovins. Une fois cette catégorie exclue, les mouvements des veaux et des jeunes ont été principalement effectués par des mâles laitiers (76 % et 41 %), ceux des broutards et génisses par les mâles allaitants (66 %) et ceux des adultes par les femelles allaitantes (89 %).

Plusieurs types de sorties ont été identifiés :

- mouvements vers une autre exploitation en France : ces mouvements sont caractérisés par une sortie pour cause de vente, une date de départ de l'exploitation source et une date d'arrivée dans l'exploitation de destination ;
- mouvements vers l'abattoir : ces mouvements sont caractérisés par une sortie pour boucherie, une date d'entrée en abattoir ainsi que par une exploitation source ;
- mortalité : ces mouvements sont caractérisés par une sortie de l'exploitation source pour cause de décès de l'animal, avec la date de départ de l'exploitation source ;
- mouvements vers l'étranger : ces mouvements sont caractérisés par une sortie pour cause de vente, une date de départ de l'exploitation source, mais aucune information sur l'exploitation d'arrivée.

Les nombres de sorties de bovins par classe d'âge et pour chaque destination ont été calculés à deux échelles différentes : pour l'ensemble du territoire continental et pour chacun des sept départements du transect présenté en Figure 8. Ces départements ont été choisis pour obtenir un continuum géographique ainsi qu'une variété de situations épidémiologiques vis-à-vis de la FCO au cours de la période 2015-2016, sachant que le premier foyer identifié en septembre 2015 était dans le département B. La Figure 9 présente l'évolution chronologique du statut sanitaire des départements du transect sur cette période et permet de regrouper les départements en quatre groupes distincts :

Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale

- les départements B et C ont été concernés par des foyers sur toute la période et ont donc toujours été classés en ZR ;
- les départements A et D ont toujours été en ZR, sans foyer pour le département D et avec l'apparition de foyers de FCO-8 au sein du département A en février 2016 ; ces deux départements ont bénéficié d'une période de quelques semaines en ZSI à l'hiver 2016 sur tout ou une partie du département ;
- le département E n'a jamais eu de foyer mais a été soumis aux restrictions (passage de ZI à ZR) en février 2016 ;
- les départements F et G sont restés en ZI pendant toute la période 2015-2016.

Dans la suite de l'étude, les volumes de sorties ont été analysés pour les départements regroupés selon ces statuts épidémiologiques.

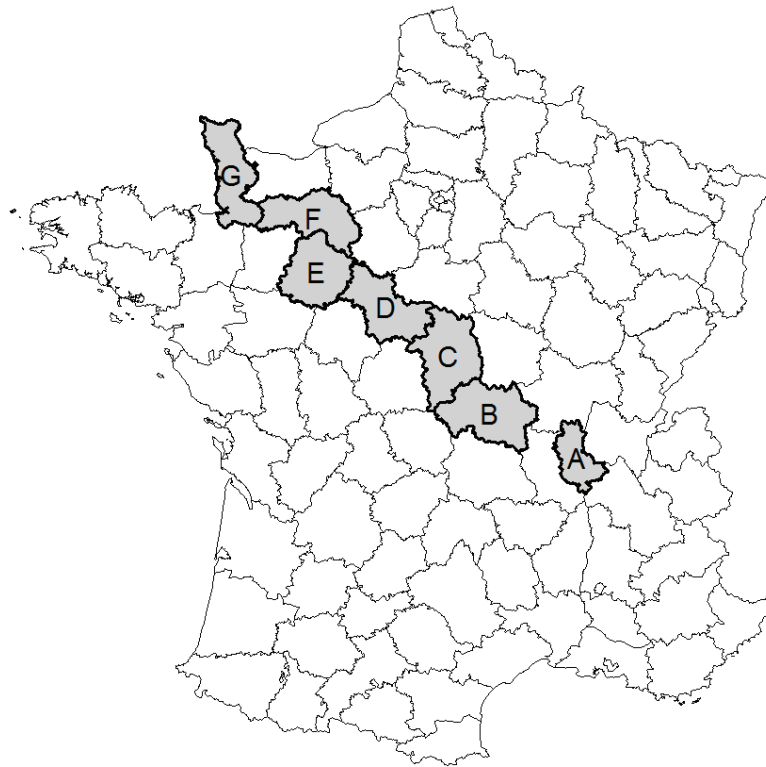


Figure 8 : Transect d'étude des mouvements de bovins. A : Rhône ; B : Allier ; C : Cher ; D : Loir-et-Cher ; E : Sarthe; F : Orne; G : Manche.

Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale

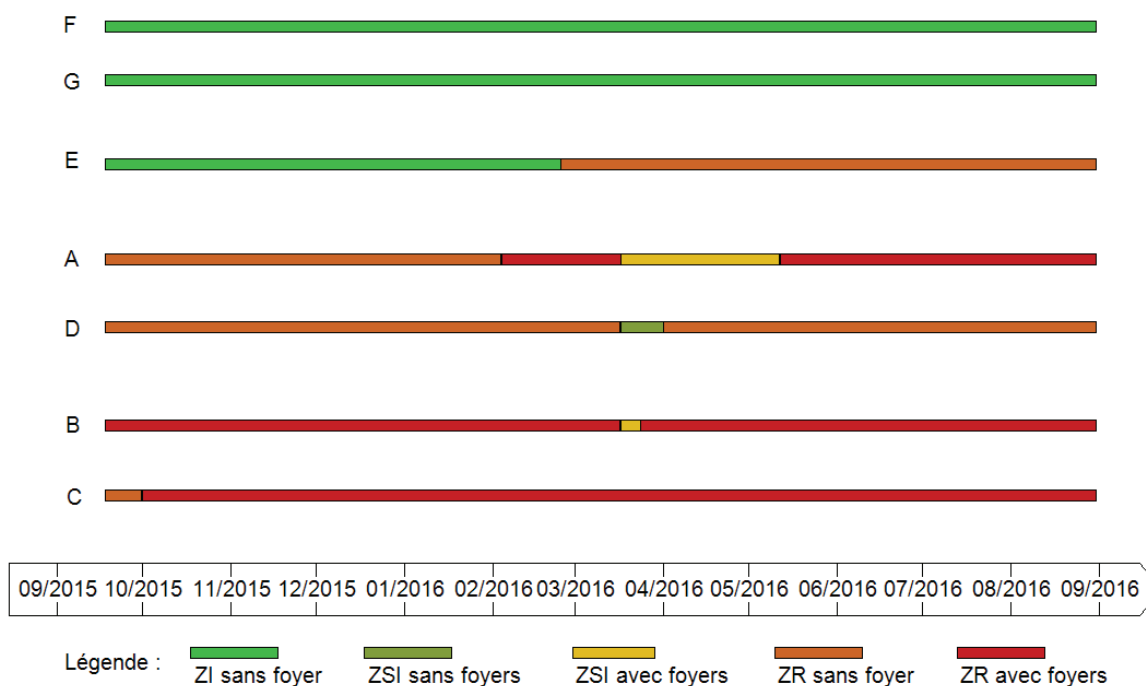


Figure 9 : Classification des départements en fonction de leur statut épidémiologique et de la présence ou absence de foyer de FCO-8 au cours de la période d'étude.

3.1.2 Méthodes

Les données sur le nombre mensuel de mouvements de bovins depuis la France par classe d'âge et type de sortie ont été formatées en série temporelles puis analysées avec le package stats de R (R Development Core Team 2015) et le package surveillance (Meyer, Held, et Höhle 2017; Salmon, Schumacher, et Höhle 2016) permettant la détection d'anomalies ; une anomalie correspondant à un écart positif (excès) ou négatif (déficit) entre la valeur observée et une valeur de référence.

La fonction stl (Cleveland *et al.* 1990) du package stats a été appliquée aux séries temporelles pour décomposer nos données de mouvements entre la tendance (T), la saisonnalité (S) et les résidus (ε) selon une composition additive (c.-à-d. $Y_t = T_t + S_t + \varepsilon_t$ avec t représentant le mois). La fonction calcule la saisonnalité mensuelle (S_t) en faisant la moyenne de chaque mois sur toutes les campagnes de production. Cette composante saisonnière est déduite de nos données originales pour obtenir une série désaisonnalisée qui est ensuite lissée par la méthode LOESS (Cleveland 1979; W. S. Cleveland 1981; Cleveland et Devlin 1988) pour obtenir une estimation de la tendance (T_t). La méthode LOESS est une méthode de lissage par fenêtre glissante dont nous avons paramétré la taille à 12 (pour obtenir un lissage annuel). Pour chaque point (c.-à-d. mois) de nos données désaisonnalisées, la boucle suivante est effectuée pour calculer la valeur lissée. Une courbe

Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale

de régression polynomiale est calculée pour les observations qui se trouvent dans la fenêtre autour du point étudié ; les points les plus proches du centre de la fenêtre sont pondérés de manière à avoir le plus grand effet sur le calcul de la régression, alors que la pondération est réduite pour les points de la fenêtre les plus éloignés de la ligne de régression. La régression polynomiale est ré-exécutée avec cette nouvelle pondération et de nouveaux poids sont recalculés à chaque itération de la boucle. On obtient ainsi la valeur lissée de la tendance pour le point en question. En répétant cette boucle pour tous les points de la série désaisonnalisée, on obtient une estimation de la tendance (T_t) de notre série originelle. Finalement, les résidus (ε_t) ont été obtenus en soustrayant la tendance et la saisonnalité mensuelle de la série chronologique d'origine.

L'ajustement du modèle aux données a été évalué en calculant le pourcentage d'erreur moyen (MPE), qui renseigne sur la capacité du modèle à prédire des estimations correspondant aux données observées, à partir de la valeur moyenne des erreurs relatives du modèle. Cet indicateur a été calculé en utilisant uniquement les données des saisons 2013-2014 et 2014-2015, pendant lesquelles les mouvements n'ont pas été influencés par les restrictions de mouvement.

A partir de cette nouvelle série temporelle de résidus, nous avons utilisé le système de signalement d'aberration précoces (EARS), développée par le Center of Disease Control and Prevention, qui permet de détecter une anomalie avec un court historique de données (Fricker, Hegler, et Dunfee 2008; Hutwagner *et al.* 2003; Faverjon et Berezowski 2018). Nous avons utilisé le critère C1 de la méthode EARS pour évaluer les résidus de mouvements ; ce critère est le moins sensible des trois critères disponibles pour cette méthode :

$$C_1(t) = \frac{Y(t) - \bar{Y}_1(t)}{S_1(t)}$$

avec $\bar{Y}_1(t) = \frac{1}{7} \sum_{i=t-7}^{t-1} Y_i$ la moyenne de l'échantillon et $S_1^2(t) = \frac{1}{6} \sum_{i=t-7}^{t-1} (Y_i - \bar{Y}_1(t))^2$ la variance. Sous l'hypothèse nulle d'absence d'erreur, le critère C_1 suit une loi Normale centrée réduite. On peut donc calculer des bornes supérieures $U_1(t)$ et inférieures $L_1(t)$ par $U_1(t) = \bar{Y}_1(t) + z_{1-\alpha} S_1(t)$ et $L_1(t) = \bar{Y}_1(t) - z_{1-\alpha} \times S_1(t)$, avec $z_{1-\alpha}$ le $(1 - \alpha)^{\text{ème}}$ quantile d'une loi normale centrée réduite. On a choisi un alpha de 2,5 % pour finalement obtenir un intervalle de confiance à 95 %. Un excès est détecté lorsque $C_1(t) > U_1(t)$ et un déficit lorsque $C_1(t) < L_1(t)$. Une anomalie est comptabilisée à chaque excès ou déficit détecté par cette méthode.

3.2 Résultats

3.2.1 Descriptif des données de mouvements

Les effectifs bruts et relatifs de bovins par classe d'âge et selon la destination sont présentés dans le Tableau 7 pour la période septembre 2013 - août 2015, précédant les restrictions de mouvement. Sur cette période, les ventes vers des élevages en France représentaient 39,8 % de l'ensemble des mouvements de bovins. Les mouvements vers la boucherie et l'étranger sont en seconde et troisième positions avec respectivement 30,7 % et 21,8 %. Les broutards et génisses sont ceux qui ont effectué le plus de mouvements (43,4 %), suivis des adultes (25,0 %), des jeunes (16,1 %) et des veaux (15,4 %). L'étude descriptive des données a montré que 74,3 % des mouvements de veaux et 51,3 % des mouvements de jeunes sont à destination d'autres élevages en France. Les broutards et génisses se sont déplacés majoritairement à destination de l'étranger (39,4 %) et les adultes vers l'abattoir (59,5 %).

Tableau 7 : Nombre de bovins échangés au cours des campagnes de production 2013-2014 et 2014-2015, par classe d'âge et en fonction de la destination du mouvement.

Destination	0-20j	21j-6m	6m-2a	Sup 2a	Total
Boucherie	185 (<1 %)	455 053 (3,6 %)	1 566 418 (12,3 %)	1 899 514 (14,9 %)	3 921 170 (30,7 %)
Exportation	128 896 (1,0 %)	305 282 (2,4 %)	2 186 689 (17,1 %)	165 697 (1,3 %)	2 786 564 (21,8 %)
Ventes (France)	1 465 785 (11,5 %)	1 057 169 (8,3 %)	1 654 347 (12,9 %)	904 810 (7,1 %)	5 082 111 (39,8 %)
Mortalité	378 329 (3,0 %)	243 359 (1,9 %)	141 823 (1,1 %)	224 460 (1,8 %)	987 971 (7,7 %)
Total	1 973 195 (15,4 %)	2 060 863 (16,1 %)	5 549 277 (43,4 %)	3 194 481 (25,0 %)	12 777 816 (100,0 %)

La Figure 10 présente l'évolution des volumes de mouvements en fonction de la destination des bovins pour les trois saisons de production étudiées. Pour 2013-2014 et 2014-2015, les échanges vers des exploitations en France étaient caractérisés par une forte bimodalité, avec des pics en novembre et en avril et des creux en février et en juillet. Le volume de bovins exportés montrait un pic en septembre suivie d'une diminution lente. Les volumes mensuels de bovins envoyés à l'abattoir étaient relativement constants au cours de chaque campagne. Au contraire, un pic de mortalité au mois de mars se détachait pour chacune des années. Pour 2015-2016, la dynamique des mouvements vers chaque destination suivait globalement celle des deux années précédentes ; toutefois, un déficit des exportations suivi d'un pic marqué ont été observés en octobre-novembre 2015.

Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale

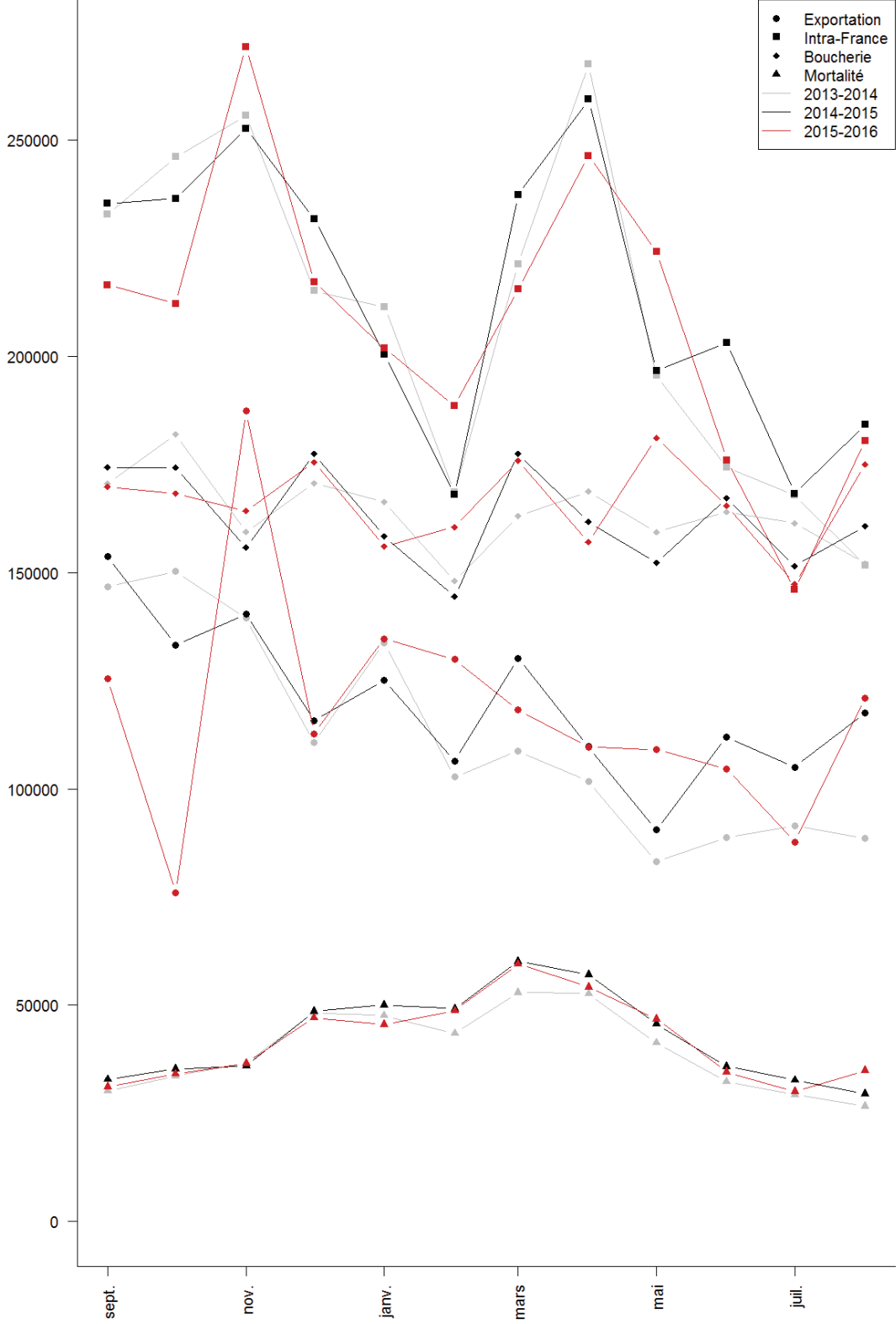


Figure 10 : Evolution des nombres de mouvements de bovins en fonction du type de mouvement pour les trois campagnes de production.

Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale

La Figure 11 présente le nombre de mouvements de bovins pour les quatre groupes de départements du transect selon les destinations au cours des trois saisons de production. Les volumes de mouvements en fonction des destinations variaient fortement entre les groupes de départements, en particulier pour les exportations et les mouvements entre élevages en France. Les départements B et C sont des départements du transect d'étude qui vendaient le plus de bovins, que ce soit à l'export (entre 1 000 et 18 000 têtes par mois) ou en France (entre 4 000 et 13 000 têtes par mois). Les départements F et G vendaient également en grande quantité mais uniquement en France (entre 7 000 et 13 000 têtes par mois contre moins de 3 500 exportations mensuelles au cours de la période d'étude). La boucherie représentait la deuxième destination de sortie avec entre 6 000 et 9 000 têtes par mois. Les départements A et D sont les départements avec le moins de sortie de bovins. Dans ces départements, les mouvements sont principalement des ventes en France (entre 2 000 et 3 500 têtes par mois). Le mouvement vers la boucherie est la seconde destination avec environ 1 500 têtes par mois. L'exportation est aussi une destination fréquente puisque qu'entre 500 et 2 000 bovins sont exportés chaque mois. Enfin le département E est un département où les mouvements de bovins étaient équitablement répartis entre la vente en France (entre 3 000 et 4 500 mouvements mensuels) et la boucherie (entre 2 500 et 3 500 mouvements mensuels) ; l'exportation n'étant dans ce département que très peu privilégiée (moins de 1 500 bovins mensuels).

Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale

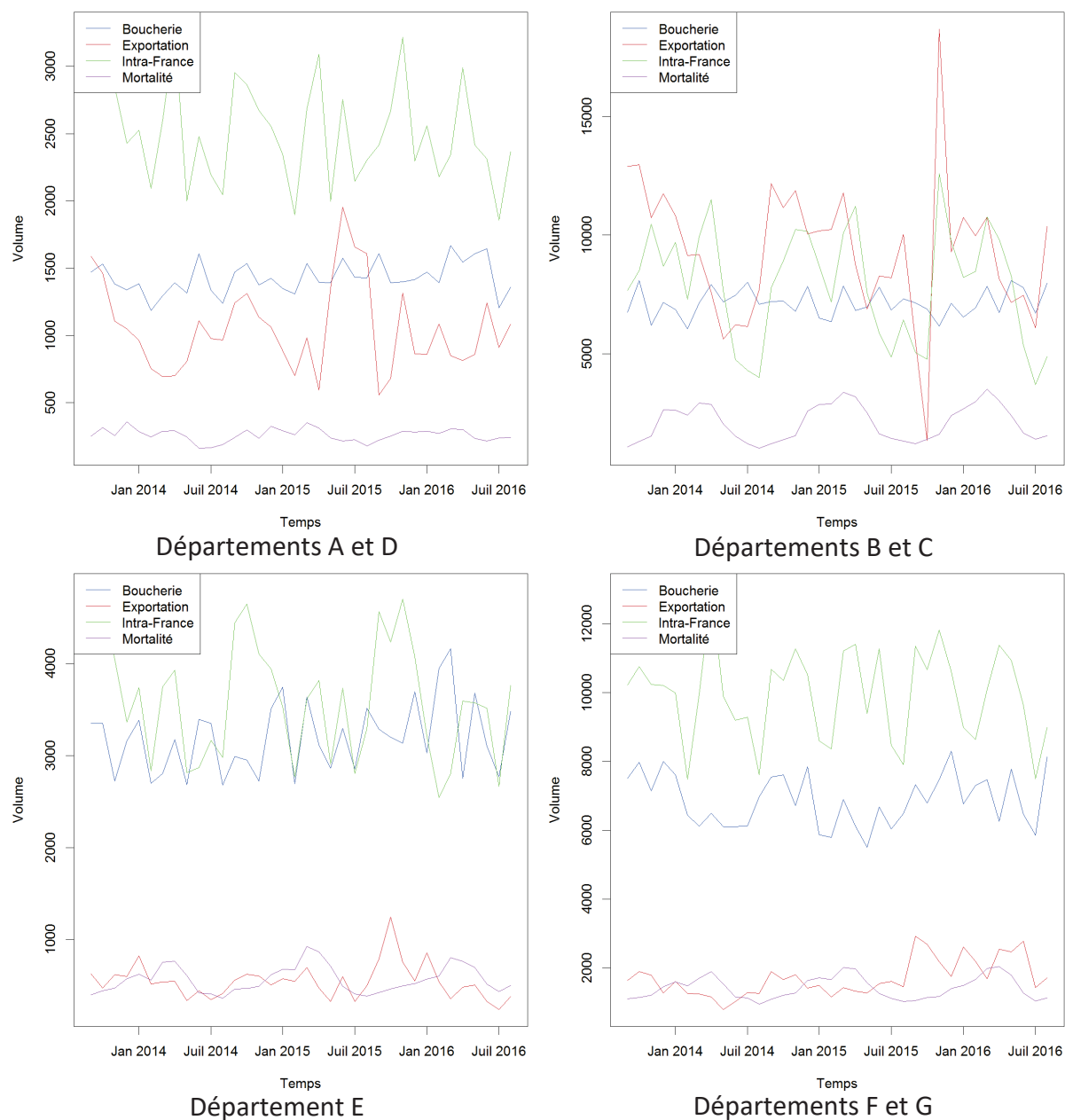


Figure 11 : Volumes de mouvements en fonction de la destination pour chaque groupe de départements entre septembre 2013 et août 2016.

Le Tableau 8 présente le nombre total de mouvements par saison de production et par type de mouvement, toutes classes d'âge confondues, pour la France continentale. Aucune destination n'a connu d'excès ou de déficit significatif (au test de Dixon (Dixon 1950)) en 2015-2016 par rapport aux deux campagnes précédentes.

Tableau 8 : Somme cumulée des mouvements selon les destinations par campagne de production.

Campagne de production	Destination			
	Boucherie	Exportation	Ventes (France)	Mortalité
2013-2014	1 965 713	1 346 546	2 508 220	475 109
2014-2015	1 955 457	1 440 018	2 573 891	512 862
2015-2016	1 996 470	1 416 801	2 496 560	503 211

Ce test a également été appliqué sur les volumes totaux selon les destinations pour chaque groupe de départements. Aucune modification significative du nombre de bovins déplacés par destination n'a été détectée pour la saison 2015-2016 par rapport aux deux saisons précédentes.

3.2.2 Modélisation

Le calcul du MPE pour les campagnes de production 2013-2014 et 2014-2015 a montré un bon ajustement du modèle aux données (Annexe 2 :). Pour la quasi-totalité des combinaisons de classe d'âge et destination (117/125), l'erreur moyenne était comprise entre -5 % et 5 %. Pour les huit autres combinaisons où l'adéquation du modèle aux données était moins bonne, l'examen des données brutes a révélé que cette mesure n'était pas due à une mésestimation du modèle sur l'ensemble de la période mais uniquement sur un à trois points (c.-à-d. mois) de la série temporelle pour ces combinaisons.

Les mois rapportés par la méthode EARS comme ayant une aberration au cours de la saison 2015-2016 sont compilés dans les figures 12 et 13 par destination et classe d'âge (ces résultats sont présentés sous forme de tableaux en Annexe 3 :).

Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale

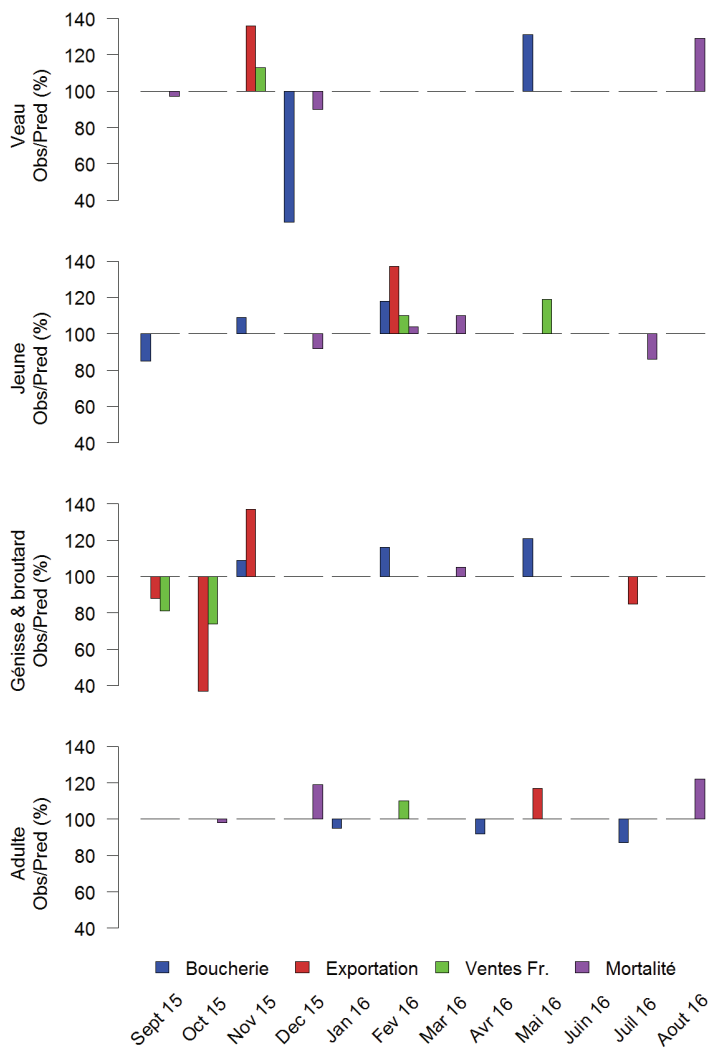
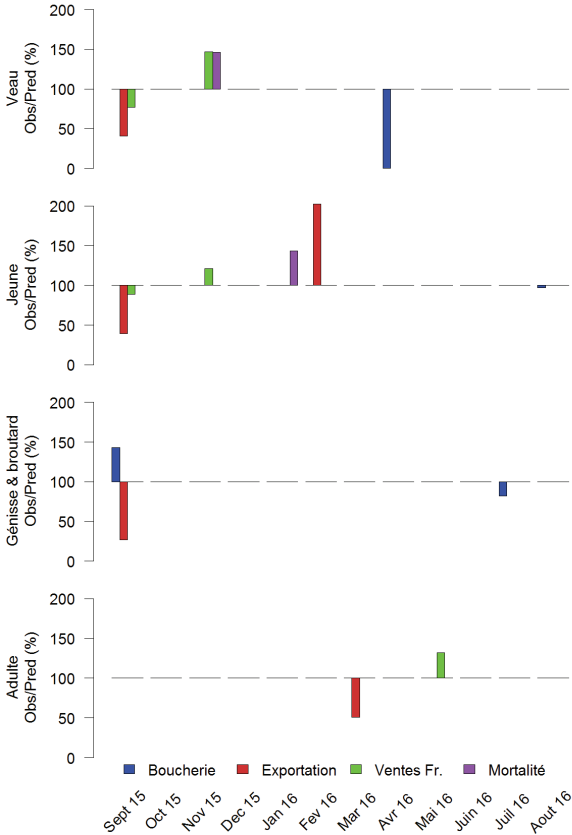
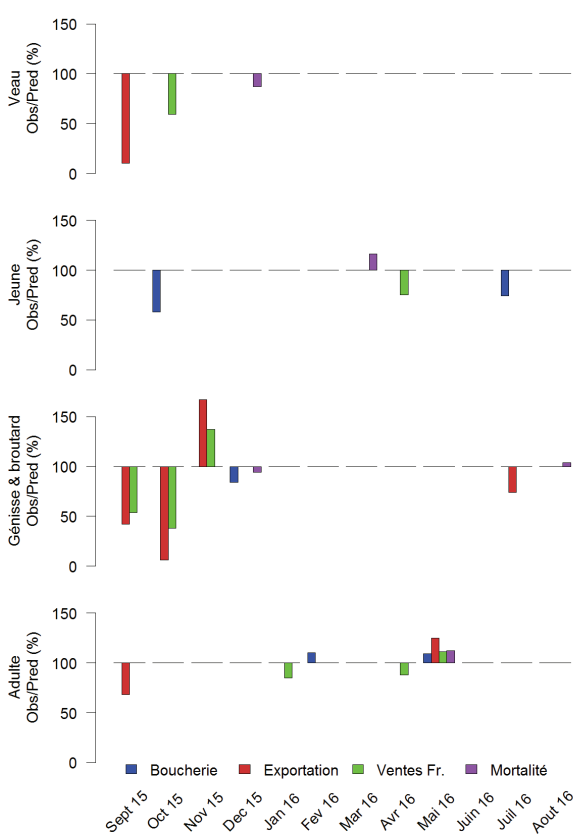


Figure 12 : Distribution temporelle des excès et déficits mensuels de mouvements par destination et classes d'âges à l'échelle nationale entre septembre 2015 et août 2016. Le pourcentage représente le ratio entre la valeur observée et la valeur prédite par le modèle de décomposition. Seules les anomalies significatives à 5 % sont représentées.

Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale

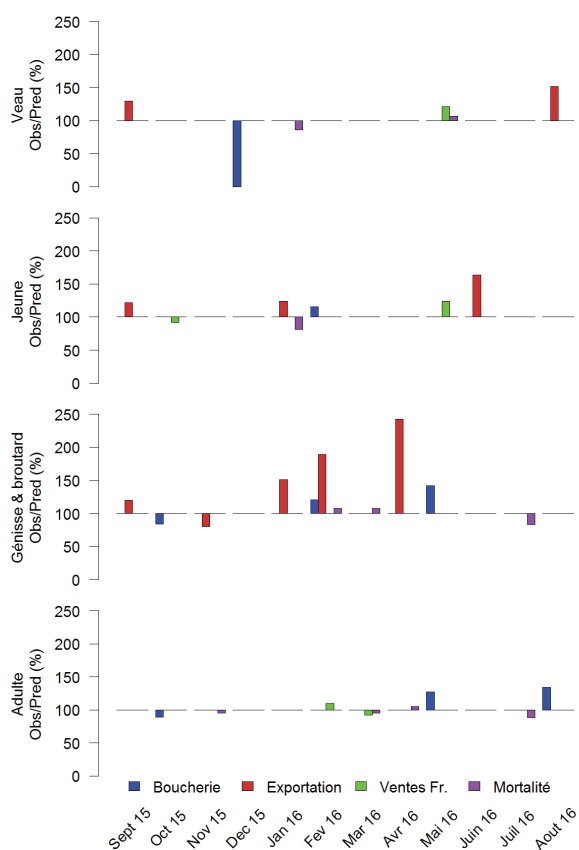


Départements A et D

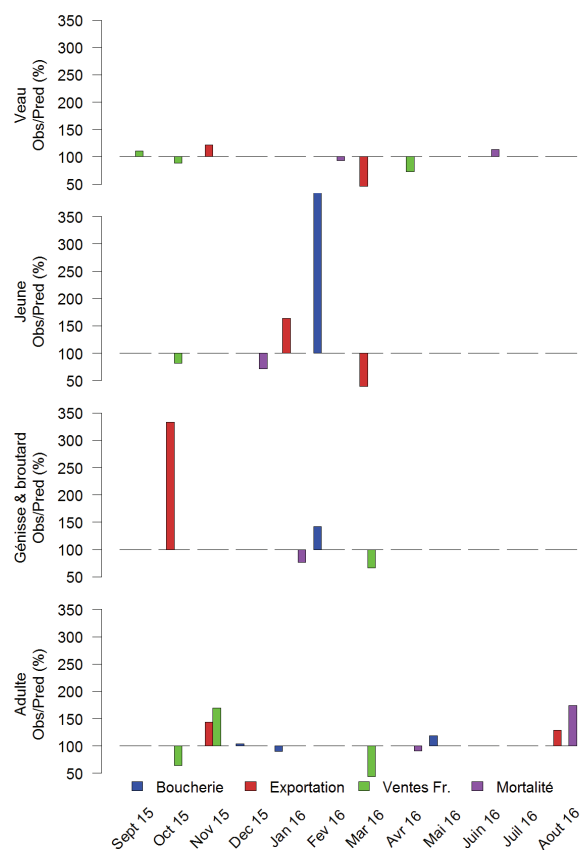


Départements B et C

Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale



Départements F et G



Département E

Figure 13 : Distribution temporelle des excès et déficits mensuels de mouvements par destination et classes d'âges pour les départements du transect entre septembre 2015 et août 2016. Le pourcentage représente le ratio entre la valeur observée et la valeur prédite par le modèle de décomposition. Seules les anomalies significatives à 5 % sont représentées. L'excès de mouvement de jeunes vers la boucherie du département E en février 2016 était de 2 863 %.

A l'échelle de la France continentale, 55 anomalies ont été détectées, parmi lesquelles 20 se sont produites entre septembre et novembre 2015, 8 en février 2016, et 9 en mai 2016. Nos résultats ont montré un déficit global des mouvements en septembre et octobre 2015 de 7 % et 19 % respectivement par rapport aux volumes de mouvements usuels pour l'ensemble des bovins du territoire français, sans distinction ni d'âge, ni de destination (Figure 12). Les types de mouvements impactés à ces périodes étaient les exportations (-47 % des volumes usuels en octobre) ainsi que les ventes (-8 % des volumes usuels en octobre).

Pour chaque classe d'âge de bovins, une ou plusieurs anomalies dans les nombres de mouvements entre la campagne 2015-2016 et les deux campagnes précédentes ont été

Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale

détectées. Il a notamment été observé des anomalies inverses successives dans certains départements pour une même destination ou des destinations différentes dans les mois qui ont suivi l'émergence de la FCO :

- des déficits en septembre et/ou octobre suivis d'un excès en novembre 2015 ; pattern observé pour les exportations de génisses et broutards au niveau national (Figure 12) et dans les départements B et C, ainsi que pour les ventes en France de bovins adultes depuis le département E (Figure 13) ;
- un excès suivi d'un déficit : pattern observé pour les ventes de veaux du département E en septembre et octobre 2015 (Figure 13) ;
- un déficit de mouvements pour une destination accompagné d'un excès pour une autre destination au même mois : pattern observé dans les départements A et D avec un déficit d'exportation et un excès de vente pour boucherie des génisses et broutards en septembre 2015 (Figure 13).

Les anomalies de mouvements identifiées diffèrent entre les groupes de départements (Figure 12 et 13). Les départements B et C présentent des anomalies plus précoces (mois de septembre et octobre) et plus importantes que les autres départements du transect. Globalement, les volumes de mouvements ont diminué de 35 % et 53 % en septembre et octobre, respectivement, par rapport aux volumes observés les deux années précédentes. Ces anomalies ont concerné principalement les exportations (-58 % en septembre et -89 % en octobre) et les ventes en France (-44 % en septembre et -52 % en octobre).

Les départements A et D présentent le moins d'anomalies (31 anomalies) ; celles-ci sont observées de manière précoce, avec une intensité moindre que les départements précédents. Globalement, les volumes de mouvements ont diminué de 28 % en septembre 2015 dans ces deux départements, liés principalement à une diminution des exportations (-67 %) et des ventes en France (-19 %).

Les groupes de départements E et F-G ont connu de nombreuses anomalies (45 anomalies pour le département E et 53 anomalies pour les départements F et G) mais de manière plus tardive que les groupes de départements B-C et A-D (novembre 2015 et janvier, mai et juillet 2016). Dans les départements F et G, seulement sept aberrations étaient marquées (c.-à-d. supérieures à 150 % ou inférieure à 50 %).

3.3 Discussion

L'analyse des séries temporelles de mouvements de bovins entre 2013 et 2016 a mis en évidence de nombreuses anomalies dans la saisonnalité et les volumes de bovins en mouvement en 2015-2016 en comparaison des deux années précédentes. Nos résultats ont montré un déficit des mouvements (en particulier ceux vers des élevages en France ou à l'étranger) dans les mois de septembre et octobre 2015, suivi d'un excès de mouvements en novembre pour la plupart des classes d'âge. Cette dynamique suggère un effet immédiat des restrictions de mouvements mises en place suite à la détection de foyers de FCO, qui s'est inversé en novembre, délai nécessaire à la réalisation de la vaccination ou des tests de dépistage pré-mouvement. Ces résultats sont discutés ci-dessous au regard de l'évolution de la situation sanitaire vis-à-vis de la FCO et des mesures de lutte au niveau local.

La méthode de décomposition de série temporelle a permis de prendre en compte la saisonnalité existante dans les volumes de mouvements. Le jeu de données relativement court nous assurait de n'utiliser que des saisons de production sans événement sanitaire ayant imposé des limitations aux mouvements des bovins avant la ré-émergence de la FCO. Nos résultats ont montré une très forte saisonnalité pour les ventes au niveau national, ainsi qu'une saisonnalité de plus faible amplitude pour la mortalité bovine et pour les exportations à l'étranger. La saisonnalité de la mortalité bovine a été décrite dans de précédentes études réalisées en France pour les années 2003 à 2006 (Morignat *et al.* 2014). Les facteurs météorologiques (Crescio *et al.* 2010; Stull *et al.* 2008; Morignat *et al.* 2015; 2017) et d'éventuelles difficultés zootechniques (c.-à-d. inadéquation du logement hivernal et pression d'infection en confinement (Anderson *et al.* 2006)) sont fortement liés à la mortalité des adultes notamment. Le pic de mortalité en mars correspond à la période de vêlages, notamment des races allaitantes : la période *peripartum* est une période à risque pour les femelles gestantes (Agger et Willeberg 1991; Faye et Perochon 1995; Waldner *et al.* 2009) tout comme les premiers jours de vie pour les veaux (Morignat *et al.* 2014; Perrin *et al.* 2011). La mortalité des veaux laitiers au cours de l'hiver (période des vêlages pour les bovins laitiers) (Morignat *et al.* 2014; Perrin *et al.* 2011) induit l'augmentation de la mortalité globale à cette période.

L'analyse des mouvements entre des départements de situation épidémiologique différente au regard de la FCO a montré une grande variabilité quant à la présence d'anomalies dans les mouvements de bovins en 2015-2016, tant sur l'amplitude de ces excès et déficits que sur leur temporalité. Comme attendu, les départements B et C, situés au cœur de l'épidémie, ont été les plus rapidement et sévèrement touchés. Nos résultats ont montré des déficits de vente et d'exportation importants, en particulier pour les veaux (-11 %) et les génisses et les broutards (-94 % d'exportations) en octobre 2015. De manière

Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale

générale, sans faire de distinction selon la destination ou la classe d'âge, seuls 65 % des mouvements du mois de septembre et 47 % du mois d'octobre observés les deux années précédentes ont été réalisés. La production majoritairement allaitante (source : Agreste) et tournée vers l'export de ces deux départements (Figure 10) explique l'impact important des restrictions de mouvements dans ces départements. De la même manière, la chute des exportations à l'automne 2015 dans les départements A et D peut s'expliquer par la mise en place des restrictions de mouvements dans ces départements dès septembre 2015 malgré l'absence de foyer.

En dépit de l'extension progressive de la ZR à l'automne 2015 liée à la détection de nouveaux cas de FCO, les départements F et G sont restés en ZI pendant toute la période d'étude et nous avons donc fait l'hypothèse que ces départements soient les moins touchés. Toutefois, nos résultats ont montré que ces départements ont révélé des excès d'exportations en septembre 2015 puis début 2016 pour les veaux, les jeunes, et surtout les génisses et broutards, ainsi que des envois plus nombreux de bovins à l'abattoir dès février 2016. Il est possible que les éleveurs de ces départements aient souhaité se prémunir contre les pertes économiques liées au risque d'extension de la ZR à leurs départements en modifiant leurs habitudes de vente (en particulier à l'export) et d'abattage. En effet, lors de l'épizootie de 2006-2008, les mouvements vers les abattoirs avaient été réglementés pour les exploitations en PI (périmètre interdit de 20 km autour des foyers) entre décembre 2006 et mai 2007 (DGAL/SDSPA 2006; 2007) ; période avec une diminution du nombre bovins abattus au niveau national (source : Agreste) alors que les foyers étaient peu nombreux et circonscrits au Nord-Est du territoire à cette période (Pioz *et al.* 2011). Dans le département E, le passage en ZR en février 2016 (sans foyer dans le département) est concomitant avec un pic des mouvements de jeunes vers l'abattoir. Ce résultat suggère que les éleveurs ne pouvaient pas maintenir les bovins dans les élevages en période hivernale le temps de recourir à la vaccination ou aux tests de dépistage permettant les déplacements en dehors de la ZR.

Au cours de la période d'étude, les modalités de restriction ont été modifiées. Ainsi, la fusion des ZP et ZS en ZR à la mi-octobre 2015 a mis fin aux restrictions de mouvements entre la ZS et la ZP, et a donc permis à tous les élevages sains de la ZR (c.-à-d. dans un rayon de 150 km autour des foyers) de vendre et acheter des bovins sans contrainte au sein de la ZR. L'impact de cette mesure s'observe dans les départements alors en ZR (c.-à-d. groupes A-D et B-C) avec des excès de ventes des bovins de moins de deux ans (veaux, jeunes, génisses et broutards) et d'exportations de génisses et de broutards au mois de novembre 2015. De même, la mise en place des ZSI à la fin du mois de janvier 2016 a permis d'alléger les mesures nécessaires à l'exportation d'animaux avec certains partenaires européens. En

Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale

témoigne la reprise des exportations de jeunes ainsi que des ventes de jeunes et d'adultes en février 2016, au niveau national.

A l'échelle nationale, notre étude a mis en évidence un déficit des ventes et d'exportations en septembre et octobre 2015, lié aux changements de pratiques dans les départements en ZR (p.ex. groupes de départements B-C et A-D). Toutefois, malgré les modifications dans la temporalité des mouvements, le même volume d'animaux a été exporté ou vendu en France continentale. Malgré cette absence d'effet au niveau national, il est vraisemblable que les changements dans la saisonnalité des mouvements au niveau local aient entraîné des coûts supplémentaires pour les éleveurs. En effet, l'augmentation temporaire de la population bovine dans les élevages, liée aux restrictions des mouvements, a entraîné des dépenses additionnelles d'alimentation et de frais vétérinaires du fait de la détérioration des conditions sanitaires (Prentice *et al.* 2017), et des pertes de production (lactation, fertilité) (Templeton, Black, et Krawczel 2014; De Vries, Dechassa, et Hogeveen 2015).

Afin de se prémunir des coûts occasionnés par une surpopulation en élevage, l'envoi d'animaux à l'abattoir constituait une solution simple, puisque pour un abattage direct, seule l'absence de signe clinique était demandée afin de valider la sortie de ZR. Au niveau national, nos résultats ont montré que les jeunes bovins ainsi que les génisses et broutards ont été envoyés en plus grand nombre à l'abattoir en novembre 2015, et février et mai 2016 par rapport aux deux années précédentes. A l'échelle locale, des excès aux mêmes périodes ont été relevés pour les groupes de département A-D et B-C, c'est-à-dire dans les départements les plus longtemps sous le coup de mesures sanitaires. L'augmentation du volume de bovins envoyés à l'abattoir peut être interprétée comme un changement dans les conduites d'élevage habituelles de la part des exploitants qui souhaitaient ainsi se prémunir des coûts occasionnés par les restrictions de mouvements, comme lors de l'épizootie de 2008 (Tago *et al.* 2014).

Les délais dans les mouvements mis en évidence par notre étude ont causé des coûts additionnels pour les éleveurs liés, d'une part, aux mesures de surveillance (tests pré-mouvement) ou de lutte (vaccination) nécessaires pour permettre aux animaux de se déplacer vers un autre élevage et, d'autre part, à la nourriture et aux soins apportés aux bovins maintenus dans l'exploitation (dans le cas de déficits de sortie d'exploitation). Egalement, la vente d'animaux immatures à l'abattoir ou à l'engraissement (c.-à-d. à d'autres élevages en France) ont pu entraîner des pertes économiques. Ces coûts sont très dépendants des stratégies appliquées par les éleveurs dans leur exploitation. En effet, selon le mode d'alimentation de l'élevage (achat de nourriture versus production autonome totale ou partielle), son mode de logement des animaux (au pré, en bâtiments loués ou déjà

Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale

acquis), sa capacité d'accueil (extensible ou limitée) ainsi que sa capacité d'isolement des animaux, l'éleveur devait faire face à différents coûts qu'il pouvait être en mesure d'absorber ou non (Tago *et al.* 2014). Une étude des modifications de la dynamique des mouvements en 2015-2016 à l'échelle des élevages, en les catégorisant selon leurs choix et possibilités vis-à-vis de critères zootechniques décrits ci-dessus, permettrait d'identifier les élevages les plus touchés au cours de cette épizootie et de déterminer les choix permettant d'être le moins impacté par ce type de mesures de lutte. La connaissance de cette diversité au sein du secteur bovin en France permettrait de mieux prévenir et compenser l'impact de ces mesures.

4 Conclusion

Le premier volet de ce chapitre fait l'état des coûts liés à la surveillance de la FCO en France entre septembre 2015 et décembre 2016 tant pour l'Etat que pour les éleveurs. Pourtant, de nombreux coûts indirects n'ont pas pu être inclus dans notre estimation : l'augmentation de la sensibilité aux maladies d'élevage et des frais d'alimentation, liés à l'augmentation de la population ; la diminution de la production laitière et l'augmentation de la durée d'engraissement des animaux malades. De même, le coût de la vaccination volontaire, ainsi que de la gestion administrative, n'ont pas pu être inclus dans notre estimation. Malgré cette sous-estimation, le coût de la surveillance a été estimé à 6,0 M€ HT pour l'Etat et 8,6 M€ HT pour les éleveurs entre septembre 2015 et décembre 2016. Ceci constitue un premier pas vers l'estimation de l'impact financier globale de la circulation de la FCO en France continentale.

La seconde partie de ce chapitre visait à mettre en avant d'éventuelles anomalies dans la dynamique de mouvement de bovins entre septembre 2015 et fin août 2016. Nous avons réussi à mettre en avant des anomalies attendues pour des combinaisons classe d'âge – type de sortie (p. ex. les exportations de génisses et broutards en septembre et octobre 2015) qui semblait entrer sous le coup des mesures de surveillance et de lutte contre la FCO du fait de leur localisation. Nos résultats nous permettent de faire l'hypothèse que les éleveurs des ZI ont eux aussi changé leur pratique de mouvement puisque nous avons mis en évidence des anomalies dans ces aires géographiques. De plus, une concomitance temporelle entre la fusion des ZS et ZP et des excès de mouvement commerciaux, a été observé bien qu'une relation de causalité ne puisse pas être démontrée. Pourtant, bien que des modifications locales et temporaires aient été observées, aucune modification de volume annuel de mouvements de bovins au niveau national n'a été mise en évidence. Devant cette nouvelle donnée, l'estimation de coûts indirects de la circulation de la FCO pour les éleveurs, permettrait de mieux estimer l'impact des zones de restriction de mouvements d'animaux.

Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale

Lors de l'épizootie de 2007-2008, ces mesures réglementaires avaient également été source de mortalité dans les élevages bovins (Tago *et al.* 2014). A partir d'une méthode de modélisation de série temporelle (précédemment utilisée pour mettre en évidence et quantifier la surmortalité des bovins dans d'autres contextes (Perrin, Ducrot, *et al.* 2010; Perrin, Mounaix, *et al.* 2010)), une étude réalisée dans le cadre d'un stage encadré pendant cette thèse a montré une augmentation de la mortalité bovine de 44% entre le 1er juillet 2007 et le 31 décembre 2008 (Brilleaud *et al.* Article en préparation). Ces résultats viennent compléter une autre étude qui avait mis en évidence l'impact spatio-temporel de la FCO sur la mortalité en 2007 (Perrin, Mounaix, *et al.* 2010). Globalement, sur la période du 1^{er} juillet au 31 décembre 2008 durant laquelle 84 départements étaient infectés et la France entière en zone réglementée, la mortalité liée à la FCO et aux mesures de lutte a ainsi été estimée à environ 3,4 morts par foyer (Perrin, Ducrot, *et al.* 2010).

En comparaison, de juillet à décembre 2016 où l'ensemble du territoire était en zone réglementée, il y avait environ 30,7 morts par foyer (Brilleaud *et al.* Article en préparation). Cette différence de mortalité ne peut pas être imputée à une virulence plus élevée de la souche de FCO-8 qui a circulé en 2015-2016 par rapport à celle de 2007-2008 puisque le séquençage du génome viral des souches isolées lors des deux épizooties a montré une forte similarité (Breard *et al.* 2016). Il est possible que certains foyers n'aient pas été détectés en 2015-2016 du fait de l'immunité d'une partie de la population liée à l'infection au cours de l'épizootie de 2007-2008, aux campagnes de vaccination obligatoire contre la FCO-8 entre 2008 et 2010 où environ 90 % de la population bovine a été vaccinée (Bournez, Cavalerie, *et al.* 2018) et aux campagnes de vaccination facultative entre 2010 et 2012 (Courtejoie, Durand, *et al.* 2018). Toutefois, des résultats d'autres analyses réalisées par l'Observatoire de la mortalité des animaux de rente (Omar) de la Plateforme ESA suggèrent que la surmortalité observée en 2015-2016 était multifactorielle. En effet, une forte hausse de la mortalité a été mise en évidence au niveau national depuis 2016 (Sala *et al.* 2018). Une hypothèse avancée pour expliquer cette surmortalité est une alimentation de mauvaise qualité liée à la réduction de la quantité et de la qualité des fourrages suite à des épisodes de sécheresse récurrents depuis 2014. A cela s'ajoute la crise économique qui touche la filière bovine depuis quelques années et qui entraîne une baisse du chiffre d'affaires des éleveurs, avec des répercussions potentielles sur l'état sanitaire des troupeaux (Anonyme 2013b; 2014; Guesdon 2016; Mollier, Ladet, et Connehaye 2015). Grossièrement, à partir du nombre de foyers détectés entre juillet et décembre 2016 et en utilisant le nombre de morts par foyer observés au second semestre 2008, la surmortalité attribuable à la FCO s'est élevée à environ 11 % de la surmortalité observée sur cette période.

Cette étude complémentaire a permis d'avoir une idée de l'impact de la FCO sur la mortalité au cours des deux dernières épizooties. Il serait intéressant de poursuivre ce travail

Chapitre 1 : Impact de la FCO en France continentale

en le complétant avec une étude de l'impact de la circulation de la FCO sur les avortements. En effet, bien que le génome de la souche de 2015-2016 ait été quasiment identique à celui de 2007-2008 (Breard *et al.* 2016), les quelques mutations semblaient liées à la différence d'expression des signes cliniques (Flannery *et al.* 2019). Pour preuve, les suspicions cliniques ont été majoritairement faites suite à des avortements, contrairement à l'épizootie de 2007 (Pandolfi *et al.* 2018). Ce type d'évaluation permettrait de quantifier les pertes économiques liées aux avortements et à la baisse de production laitière (Nusinovici *et al.* 2012b; 2013).

Chapitre 2 : Evaluation de la dynamique des *Culicoides* en France continentale

1 Introduction

Outre la FCO, les diptères piqueurs du genre *Culicoides* sont impliqués dans la transmission de plusieurs virus responsables de maladies chez les animaux (Schmallenberg (SBV), maladies d'Akabane, peste équine et maladie hémorragique épizootique) et l'Homme (fièvre d'Oropuche). Depuis l'épizootie de SBV, qui a touchée 29 pays entre 2011 et 2013, cette maladie circule à bas bruit (Delooz *et al.* 2017; Kerstin *et al.* 2015) et est maintenant reconnue comme une maladie d'élevage. Au contraire, plusieurs pays européens ont été impactés à de multiples reprises par la circulation de différents virus de la FCO (Sailleau *et al.* 2015; Breard *et al.* 2018), entraînant des pertes économiques importantes pour les éleveurs (Hasler *et al.* 2012; Tago *et al.* 2014; Waret-Szkuta *et al.* 2017).

La réglementation européenne vis-à-vis de la FCO (Official Journal of the European Union 2007) inclue le contrôle des vecteurs, la restriction des mouvements des ruminants vivants depuis les régions infectées vers les régions indemnes et la vaccination. Les restrictions de mouvement, qui entraînent des contraintes à la fois économiques et techniques pour les éleveurs, peuvent être levées en période saisonnièrement indemne de vecteurs dans les zones où l'absence de circulation du virus dans les élevages est démontrée. Cette levée des restrictions nécessite une bonne connaissance de la phénologie⁶ spatiale et temporelle des espèces de vecteurs.

En France, le vecteur principal de la FCO dans la région méditerranéenne, *C. imicola*, a été détecté pour la première fois en octobre 2000 en Corse, précédant les épizooties liées au sérotype 2 de la FCO des automnes 2000 et 2001 (Zientara *et al.* 2000; 2002). Suite à ces épizooties, la surveillance des culicoïdes a été initiée en Corse et le long de la côte méditerranéenne. Suite à l'introduction et à la diffusion de la FCO (sérotype 8) à travers le pays en 2007-2008, cette surveillance entomologique a été étendue à tout le territoire continental entre 2009 et 2012 pour suivre l'activité vectorielle (Balenghien *et al.* 2010). Ce programme a redémarré en 2016 suite à la ré-émergence du sérotype 8 de la FCO en 2015 (DGAL/SDSPA 2016h). Actuellement, les sérotypes 4 et 8 du virus circulent sur le territoire

⁶ Début et fin de la période vectorielle

Chapitre 2 : Evaluation de la dynamique des Culicoides en France continentale

continental, auxquels s'ajoutent les sérotypes 1, 2 et 16 en Corse (European Commission 2019).

La surveillance entomologique est réalisée par le Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement (Cirad), mandaté par le Ministère de l'agriculture et de l'alimentation. Au cours de la période 2009-2012, la surveillance des espèces de *Culicoides* couvrait l'ensemble du territoire avec 200 pièges fonctionnant à un rythme hebdomadaire ou mensuel selon la saison (Balenghien *et al.* 2012; 2010). Entre 2016 et 2018, le réseau de surveillance a été optimisé : le territoire a été partitionné en 24 zones, avec une nuit de piégeage par semaine sur un site par zone. Ces zones vectorielles ont été définies, par une analyse (de classification hiérarchique ascendante) des données collectées sur la période 2009-2012, pour être homogènes en termes de diversité et phénologie des espèces de *Culicoides*. Cette surveillance entomologique, qui était réalisée entre les mois de novembre et d'avril, a permis de déterminer au sein de chaque zone les périodes sans culicoïdes. La combinaison des informations fournies par ce réseau et issues de la surveillance de la circulation du virus dans les élevages de ruminants a permis de déclarer plusieurs départements comme saisonnièrement indemnes de FCO au cours des hivers 2016–2017 et 2017–2018, et ainsi de lever les restrictions de mouvements pour les élevages sensibles de ces zones. Ce statut de zone temporairement indemne est important pour permettre aux acteurs de la filière bétail d'accéder aux marchés en allégeant les contraintes nécessaires aux mouvements vers des zones indemnes et les pays de l'espace communautaire qui reconnaissent les ZSI (conditions différentes en fonction de la durée de présence de l'animal dans la ZSI).

Notre capacité à prédire la dynamique saisonnière et l'abondance spatiale des espèces de *Culicoides* est un élément essentiel pour déterminer les périodes et zones à risque élevé de transmission, afin d'une part de renforcer la surveillance et permettre la détection précoce de toute réémergence et d'autre part d'établir les zones saisonnièrement indemnes (Official Journal of the European Union 2007; DGAL/SDSPA 2015h). Cette connaissance permet également d'affiner les modèles de transmission et de diffusion des maladies transmises par les espèces de *Culicoides* afin d'identifier les mesures de contrôle les plus efficaces (Gubbins *et al.* 2014; Turner, Bowers, et Baylis 2012).

L'objectif de cette étude était de modéliser la dynamique saisonnière des espèces de *Culicoides* en France en utilisant une combinaison de données de températures et de données de piégeage de 2009-2012 pour chaque zone vectorielle. Les résultats issus de cette analyse ont été comparés avec ceux prédits par le même modèle appliqué à deux unités spatiales alternatives : le territoire continental et des zones iso-hygro-thermiques, pour

vérifier la pertinence de l'utilisation des zones vectorielles comme unité spatiale de référence pour la surveillance des maladies transmises par les culicoïdes.

2 Matériel et méthodes

2.1 Données

L'analyse est basée sur les données de piégeage de culicoïdes collectées sur 203 sites en France métropolitaine entre 2009 et 2012. Ce jeu de données inclut les informations sur la localisation du piège (latitude et longitude), la semaine de capture (sachant que les nuits de piégeage sont systématiquement dans les nuits des lundi ou mardi) et le nombre de spécimens collectés à chaque piège. Les pièges utilisés sont des pièges lumineux à suction (12 V, 8 W; fabriqué par Onderstepoort Veterinary Institute, Pretoria, Afrique du Sud, présenté en Figure 14) installés entre le coucher et le lever du soleil, en extérieur, à moins de 30 m de l'étable et à une hauteur de 1,5-2,0 m du sol.

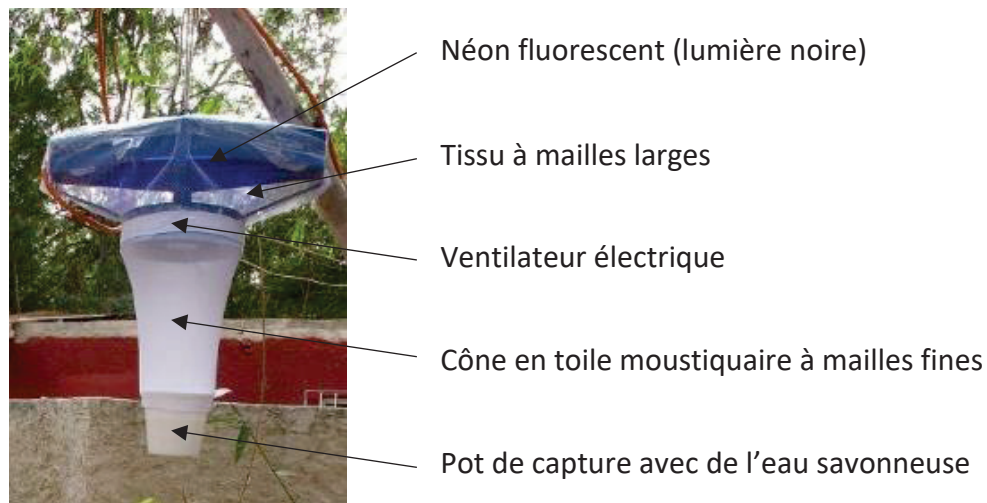


Figure 14 : Piège utilisé pour la capture de culicoïdes vivants. Photo prise par M. Fall (Cirad).

Les pièges étaient disposés au même endroit à chaque session de capture et fonctionnaient une nuit par mois en été et hiver et une nuit par semaine au printemps et à l'automne. Les échantillons collectés étaient transmis au Cirad, à l'Entente interdépartementale pour la démoustication du littoral méditerranéen (EID-Méd) ou à l'Institut de Parasitologie et de Pathologie Tropicale de Strasbourg (IPPTS) pour l'identification des espèces de *Culicoïdes* à partir des traits morphologiques (Delécolle 1985; Mathieu *et al.* 2012) et le comptage du nombre de diptères. Pour la suite de l'analyse, nous avons utilisé les données au niveau du genre (c.-à-d. nous avons comptabilisé l'ensemble des culicoïdes). Les données de piégeage correspondent à une abondance relative (abondance, par la suite) car seule une fraction de la population de vecteurs est capturée par les pièges. Etant donné que la collecte a été réalisée de manière standardisée entre sessions de capture

Chapitre 2 : Evaluation de la dynamique des Culicoides en France continentale

pour chaque piège et entre les pièges, ces nombres de diptères peuvent être utilisés pour comparer les données entre localisations et dates d'échantillonnage (European Centre for Disease Prevention and Control and European Food Safety Authority 2018).

Les températures ambiantes minimums et maximums (moyennes hebdomadaires), mesurées à une altitude de 2 m, ont été obtenues de Météo France pour la période 2009-2012 (<https://donneespubliques.meteofrance.fr/>). Les données sont fournies pour toutes les intersections d'une grille de maillage de 8 km qui couvre l'ensemble du territoire ; pour chaque site de capture, les données météorologiques du point de la grille le plus proche ont été utilisées (Quintana Seguí *et al.* 2008).

Les données de culicoïdes et de températures hebdomadaires de chaque site ont été associées à chaque zone vectorielle. En moyenne, il y avait 8,3 sites de capture par zone vectorielle (médiane : 7,0 pièges, intervalle interquartile : 5,0-11,0).

2.2 Modèle

Les données de piégeage correspondaient à un nombre de culicoïdes capturés Y_{ijl} au site de piégeage i l'année j au cours de la semaine l . Les données de comptage de culicoïdes au sein de chaque zone vectorielle ont été modélisées à partir d'un modèle de Poisson, tenant compte de la surdispersion. Ce modèle incluait une fonction spline (Crambes, Kneip, et Sarda 2009) sur le numéro de la semaine pour tenir compte des variations d'abondance saisonnières, les températures minimums et la différence entre températures maximum et minimum (centrées réduites), et les variables site et année en effets aléatoires :

$$P(Y_{ijl} = k) \sim \text{Poisson}(\lambda_{ijl}) \quad (1)$$

$$\log(\lambda_{ijl}) = (\beta_0 + u_{oi} + u_{oj}) + \beta_1 \times X_l + \beta_2 \times \theta_{min_{ijl}} + \beta_3 \times \theta_{delta_{ijl}} \quad (2)$$

avec :

- Y_{ijl} le nombre de culicoïdes au site i l'année j au cours de la semaine l ;
- k un entier positif ou nul correspondant au nombre de culicoïdes capturés dont on souhaite calculer la probabilité de capture ;
- λ_{ijl} le paramètre de la loi de Poisson au site i l'année j et la semaine l ;
- X_l la valeur de la fonction spline naturelle pour la semaine l ;
- $\theta_{min_{ijl}}$ la température ambiante minimum au site i l'année j au cours de la semaine l ;
- $\theta_{delta_{ijl}}$ la différence entre les températures maximum et minimum au site i l'année j au cours de la semaine l ;

Chapitre 2 : Evaluation de la dynamique des Culicoides en France continentale

- β_0 l'ordonnée à l'origine ;
- β_1 la pente de la variable X_l ;
- β_2 la pente de la variable θ_{min} ;
- β_3 la pente de la variable θ_{delta} ;
- et u_{oi}, u_{oj} les effets aléatoires sur l'ordonnée à l'origine liés au site et à l'année.

Nous avons utilisé une fonction spline avec 5 degrés de liberté (df), ce qui permettait d'obtenir des dynamiques saisonnières d'abondance de culicoïdes avec un ou deux pics. Dans les zones vectorielles où le modèle ne convergeait pas, df a été réduit par pas de 1 df jusqu'à ce que le modèle converge.

La capacité du modèle à prédire l'abondance de culicoïdes a été estimée à partir de deux indicateurs d'ajustement du modèle aux données : l'erreur absolue moyenne (MAE pour *mean absolute error*) et l'erreur moyenne quadratique (RMSE pour *root mean square error*). Ces deux indicateurs ont dans un premier temps été calculés sur l'ensemble des prédictions pour évaluer la capacité du modèle à expliquer les données, puis en utilisant une procédure de validation croisée pour tester la capacité prédictive du modèle. Cette validation croisée a été réalisée en partitionnant le jeu de données en deux sous-ensembles : un jeu de données de calibrage regroupant 90 % des données et un jeu de données de test avec les 10 % restantes sur lequel ont été calculés les MAE et RMSE. Cette évaluation a été répétée 1 000 fois au sein de chaque zone vectorielle. Les analyses statistiques et représentations graphiques ont été réalisées sous R (R Development Core Team 2015) avec les packages *splines* et *maptools* (Roger et Nicholas 2017).

2.3 Comparaison de différents partitionnements du territoire

Afin d'évaluer la pertinence des zones vectorielles comme unité spatiale de référence pour la surveillance des culicoïdes, nous avons testé le modèle décrit ci-dessus sur deux découpages alternatifs du territoire :

- pas de partitionnement : dans ce cas, la France est considérée comme une unique zone ;
- un partitionnement iso-hygro-thermique.

Le partitionnement iso-hygro-thermique du territoire visait à regrouper les communes similaires en termes de températures et humidités, qui sont géographiquement proches. A partir des données de météo-France, nous avons calculé pour chaque variable météorologique une moyenne sur 2009-2012 par pas de temps de deux semaines pour chaque commune. Les communes ont ensuite été groupées en deux étapes. Dans un premier temps, nous avons réalisé une analyse factorielle multiple (avec le package R *ade4*

Chapitre 2 : Evaluation de la dynamique des *Culicoides* en France continentale

(Chessel, Dufour, et Thioulouse 2004)) sur quatre blocs de variables ; trois blocs pour les valeurs de températures (minimum, maximum, moyenne) et un bloc pour l'humidité. Dans un second temps, nous avons réalisé une classification ascendante hiérarchique (avec le package *geoclust* (Chavent *et al.* 2018)) et coupé le regroupement hiérarchique pour obtenir un nombre de groupes proches du nombre de zones vectorielles. Nous avons poursuivi l'analyse avec regroupement hiérarchique ascendant avec des contraintes spatiales (avec le package *geoclust* (Chavent *et al.* 2018)) en utilisant l'approche Ward avec deux matrices de dissimilarité : la première matrice était construite sur les coordonnées factorielles dérivées de l'analyse factorielle multiple et la seconde de la distance entre les centroïdes des communes. Un paramètre de mélange α a été utilisé pour déterminer l'importance de chaque matrice dans la procédure de regroupement. Une valeur α de 0 signifie que le regroupement hiérarchique est basé uniquement sur la matrice météorologique (issue de l'analyse factorielle), une valeur α de 1 indique que le regroupement hiérarchique s'appuie uniquement sur la matrice des distances géographiques et une valeur de 0,5 indique un poids similaire pour les deux matrices. Nous avons choisi la valeur α qui donnait le meilleur compromis entre homogénéité géographique et météorologique (Chavent *et al.* 2018). Les communes qui appartenaient à un cluster qui était isolé au sein d'un autre cluster (i.e. entouré par des communes appartenant à cet autre cluster) étaient associées à ce dernier.

La comparaison des prédictions du modèle entre les trois partitionnements s'est basée sur deux critères :

- la capacité du modèle à prédire la présence ou l'absence de *Culicoides* chaque semaine, à partir de l'analyse de la courbe de la fonction d'efficacité du récepteur (courbe) (Griner *et al.* 1981; Metz 1978; Zweig et Campbell 1993). L'unité spatiale fournissant l'aire sous la courbe la plus grande étant considérée comme celle s'ajustant le mieux aux données (avec ce critère) ;
- la capacité du modèle à fournir une estimation réaliste de l'abondance de *Culicoides*, déterminée à partir de la proportion de données observées dans l'intervalle de confiance prédit par le modèle.

2.4 Prédications du modèle

Le modèle a permis de prédire des courbes annuelles d'abondance pour chaque zone vectorielle en utilisant les températures hebdomadaires moyennes pour la période d'étude (2009-2012). Pour chaque zone vectorielle, le début et la fin de la période saisonnièrement indemne de vecteurs ont été définis en utilisant un seuil de dix culicoïdes, au-dessus duquel il est supposé une activité vectorielle (Kaufmann *et al.* 2012). L'abondance cumulée des culicoïdes sur une année a été obtenue en calculant l'aire sous la courbe (AUC) d'abondance prédite par le modèle, avec le package *pROC* (Robin *et al.* 2011). Cette abondance annuelle a

Chapitre 2 : Evaluation de la dynamique des Culicoides en France continentale

ensuite été transformée en abondance hebdomadaire pour faciliter l'interprétation de cet indicateur. Ces analyses statistiques et les graphes ont été réalisés avec le package *tis* (Hallman 2017).

3 Résultats

3.1 Partitionnement iso-hygro-thermique

En utilisant le dendrogramme de Wald, on calcule le gain d'inertie pour chaque hauteur de coupe dans l'arbre et les maximum locaux de gain d'inertie correspondent aux coupes à 2, 8, 15, 18, 22 et 27 zones. Nous avons décidé de sélectionner le partitionnement à 22 zones pour se rapprocher du nombre de zones utilisées dans le partitionnement vectoriel (Figure 15).

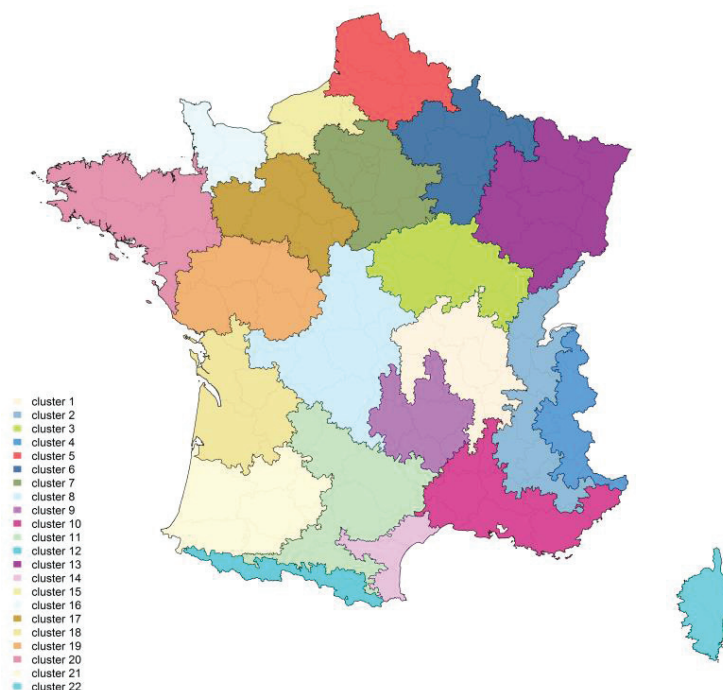


Figure 15 : Partitionnement iso-hygro-thermique de la France métropolitaine basé sur les données météorologique de 2009 à 2012.

Nous avons sélectionné un α de 0,5 pour offrir un meilleur compromis entre une homogénéité météorologique et la compacité des zones. L'attribution de 331 communes isolées (c.-à-d. entourée de communes appartenant à une autre zone) a été modifiée pour correspondre à l'attribution des communes voisines (331 / 35 000 soit 0,95 %). La distribution des variables météorologiques (températures hebdomadaires minimales, moyennes et maximales, et humidité spécifique moyenne) pour les 22 zones sont présentées en Annexe 4 : mettent en exergue l'homogénéité météorologique de chaque

zone. Chaque zone iso-hygro-thermique avait en moyenne 9,4 sites de capture (médiane : 9,0 ; écart interquartile : [5,0 ; 12,0]) entre 2009 et 2012.

3.2 Ajustement du modèle aux données

Le modèle basé sur le partitionnement vectoriel était celui qui obtenait la plus grande valeur d'AUC (0,877 avec un intervalle de confiance à 95 % de [0,871 ; 0,882]), suivie par le modèle sans partitionnement (0,859 [0,853 ; 0,865]), et enfin le modèle avec le partitionnement iso-hygro-thermique (0,821 [0,814 ; 0,828]) (Figure 16).

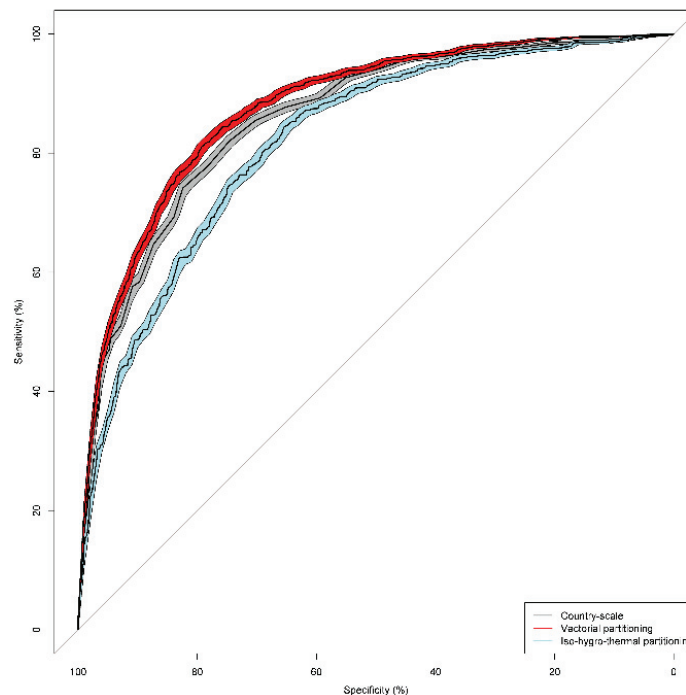


Figure 16 : Courbes ROC pour les trois possibilités de partitionnement. La surface grise délimite l'intervalle de confiance de la courbe ROC pour le modèle sans partitionnement, celle en rouge correspond au modèle avec le partitionnement vectoriel, et celle en bleu, au modèle avec le partitionnement iso-hygro-thermique.

Les modèles basés sur un partitionnement vectoriel ou iso-hygro-thermique, obtenaient des distributions similaires concernant la proportion d'observation dans l'intervalle de confiance des prédictions, avec une variabilité moindre pour le partitionnement vectoriel. Le modèle sans partitionnement prédisait un intervalle de confiance contenant les observations dans seulement 30 % des semaines (Figure 17).

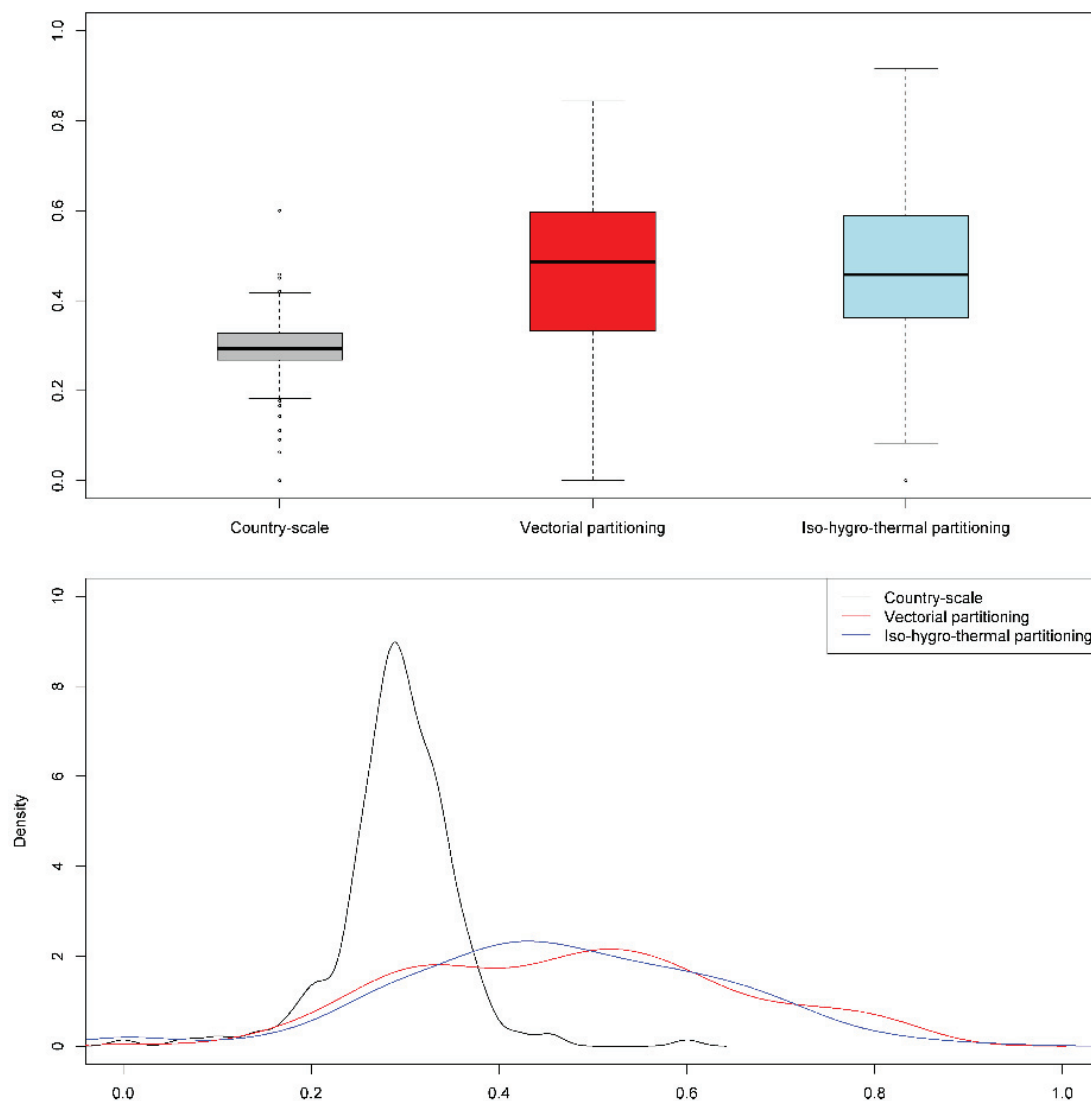


Figure 17 : Boîtes à moustaches et distribution de la proportion de valeurs observées comprises dans les intervalles de confiance prédits par le modèle pour les trois échelles spatiales. La couleur grise correspond au modèle sans partitionnement, le rouge correspond au modèle avec le partitionnement vectoriel, et le bleu, au modèle avec le partitionnement iso-hygro-thermique.

Les valeurs des indicateurs d'ajustement du modèle avec le partitionnement vectoriel sont présentées dans l'Annexe 5 :. Les valeurs d'abondance de culicoïdes prédites par le modèle pour chaque zone vectorielle sont très proches de celles observées, à l'exception de quatre zones (1-3, 3-1, 3-3 et 3-6) où des valeurs d'abondance observées extrêmes ont causé des résidus élevés et augmenté par conséquent les valeurs de MAE et RMSE.

3.3 Prédiction du modèle

Le modèle appliqué à la France sans partitionnement prédisait une abondance unimodale avec un maximum aux alentours de 1 150 culicoïdes au cours de la semaine 29. La période d'activité vectorielle était prédite entre les semaines 10 et 49 (Figure 18).

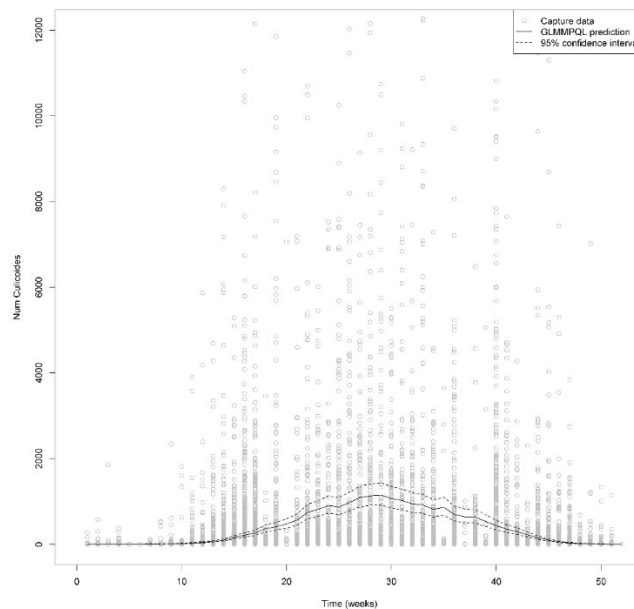


Figure 18 : Abondance de *Culicoides* prédites par le modèle en considérant la France métropolitaine comme une seule zone (sans partitionnement). Les points représentent les données de piégeage, la ligne pleine représente les prédictions du modèle et les lignes pointillées l'intervalle de confiance à 95 %.

Les prédictions d'abondance de *Culicoides* dans les zones iso-hygro-thermiques présentait des motifs de saisonnalité unimodaux, bimodaux ou avec un plateau (Figure 19). Dans certaines zones, le modèle n'a pas pu converger, même en réduisant le nombre de degrés de liberté, ce qui explique l'absence de prédiction pour les zones 12 et 15.

Chapitre 2 : Evaluation de la dynamique des Culicoides en France continentale

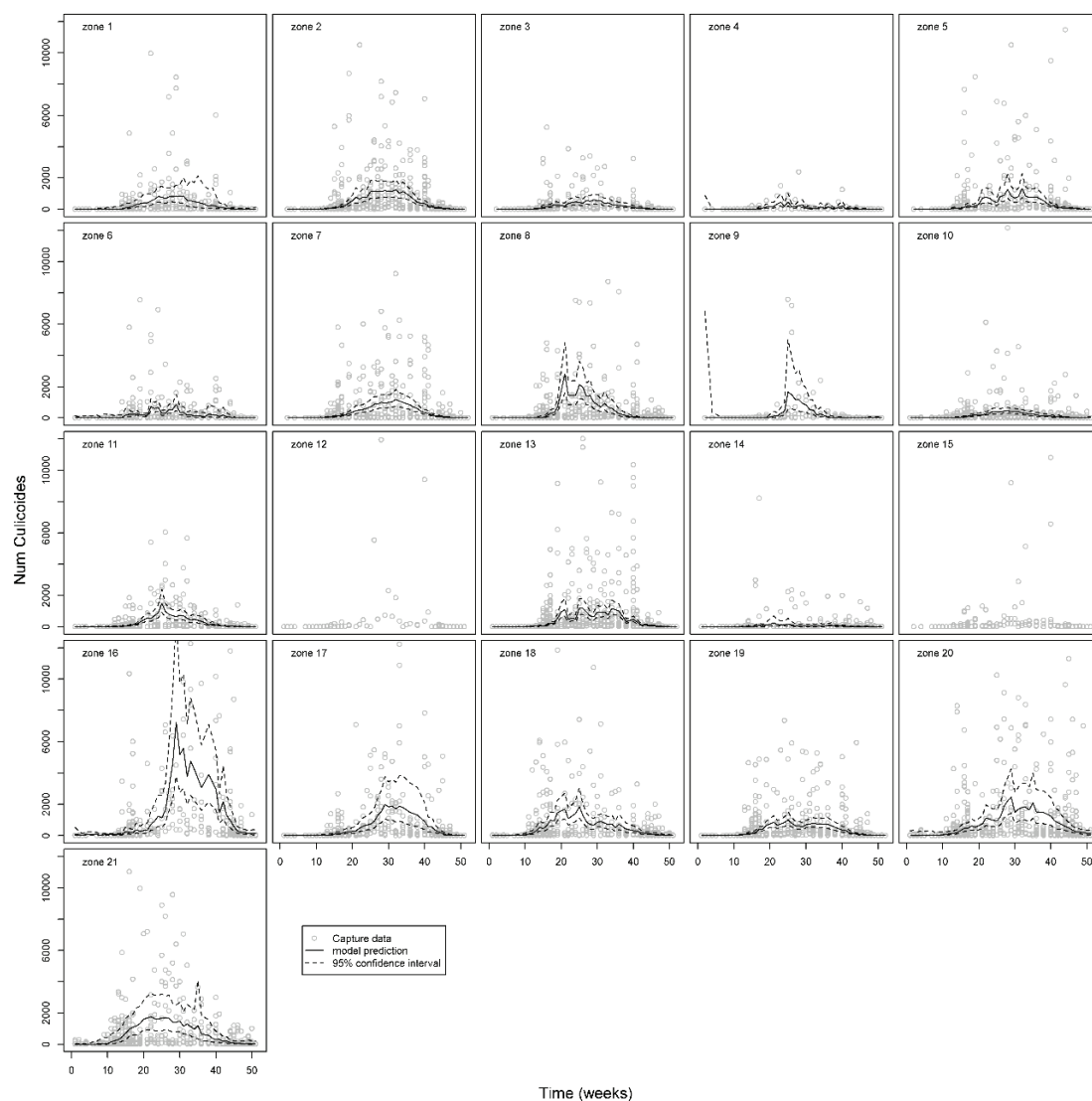


Figure 19 : Abondance de *Culicoides* prédites par le modèle pour chaque zone iso-hygrothermique en France métropolitaine. Les points représentent les données de piégeage, la ligne pleine représente les prédictions du modèle et les lignes pointillées l'intervalle de confiance à 95 %.

Les courbes d'abondance annuelle de *Culicoides* prédites pour chaque zone vectorielle ont montré trois formes différentes (Figure 20) : unimodale (comme dans la zone 4-3), bimodale (comme dans la zone 3-6) ou avec un plateau (comme dans la zone 3-4). Ces formes reflètent la variabilité saisonnière dans les données de piégeage entre les zones. L'abondance maximum prédite par le modèle variait fortement entre zones vectorielles avec des pics entre 200 culicoïdes (zones 2-8 et 6-8) et plus de 4 000 culicoïdes (zones 4-3, 4-4 et 4-6). L'abondance de *Culicoides* cumulée était également très variable entre zones, comprise entre 80 et 1 310 culicoïdes collectés en moyenne par semaine (médiane : 344, intervalle interquartile : 215-624 ; Tableau 9, Figure 21). Globalement la période vectorielle durait

Chapitre 2 : Evaluation de la dynamique des Culicoides en France continentale

entre 25 et 51 semaines, démarrant entre les semaines 1 (début janvier) et 15 (mi-avril) et se terminant entre les semaines 43 (fin octobre) et 51 (mi-décembre) (Tableau 9).

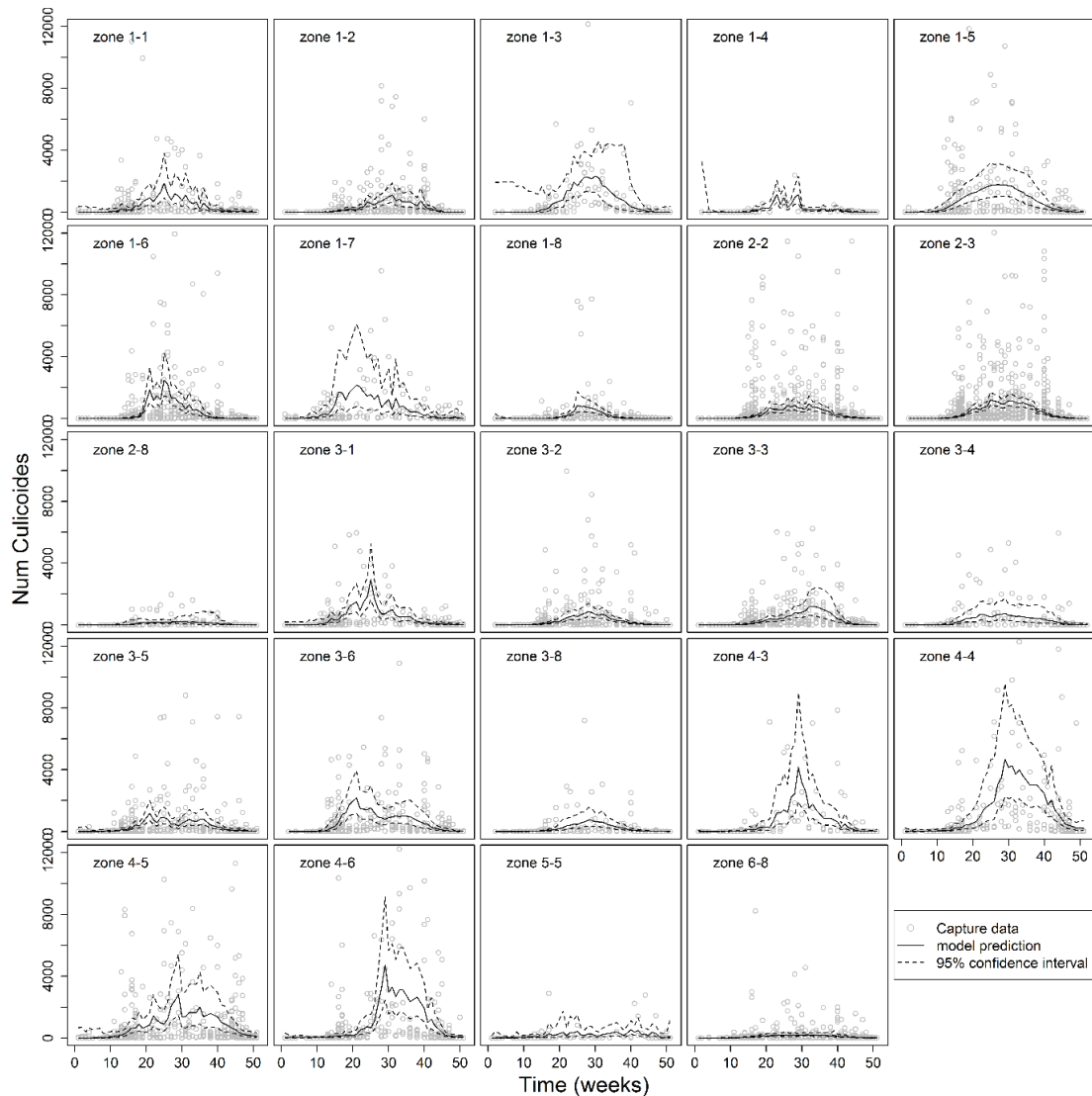


Figure 20 : Abondance de *Culicoides* prédites par le modèle pour chaque zone vectorielle en France métropolitaine basée sur les données de piégeage collectées entre 2009 et 2012. Les points représentent les données de piégeage, la ligne pleine représente les prédictions du modèle et les lignes pointillées l'intervalle de confiance à 95 %.

Tableau 9 : Période d'activité vectorielle prédite pour chaque zone vectorielle en France métropolitaine, en supposant une activité vectorielle au-delà d'un seuil de dix culicoïdes.

Zone	Période d'activité vectorielle			Semaine de pic	Abondance au pic	Abondance hebdomadaire moyenne
	Semaine de début	Semaine de fin	Durée			
1-1	8	51	44	25	1868	364
1-2	13	46	34	29	1104	267
1-3	13	49	37	30	2334	637
1-4	13	47	35	23 ; 29	1137 ; 1140	181
1-5	8	50	43	27	1778	674
1-6	14	43	30	25	2495	399
1-7	7	51	45	21	2168	620
1-8	17	41	25	25	860	144
2-2	11	49	39	32	964	282
2-3	10	49	40	25	1218	389
2-8	15	45	31	29	242	83
3-1	9	51	43	25	2936	472
3-2	11	49	39	28	857	224
3-3	12	47	36	32	1195	322
3-4	12	51	40	22 ; 29	693 ; 757	280
3-5	8	49	42	21	1186	325
3-6	11	49	39	21	2171	578
3-8	13	47	35	28	730	187
4-3	11	51	41	29	4167	635
4-4	7	51	39	29	4661	1309
4-5	7	51	45	29	2825	785
4-6	1	51	51	29	4712	953
5-5	8	51	44	25 ; 40	435 ; 527	183
6-8	12	47	36	25 ; 31	200 ; 208	89

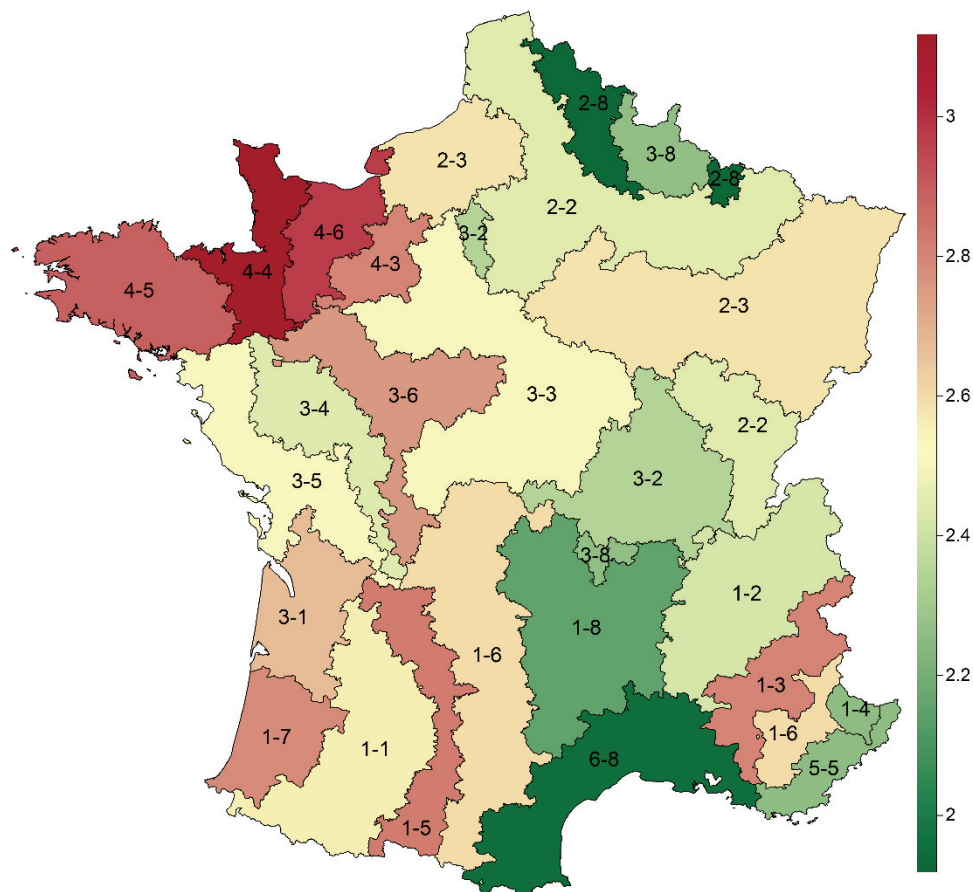


Figure 21 : Abondance hebdomadaire moyenne de culicoïdes dans chaque zone vectorielle en France métropolitaine (représentée avec une échelle logarithmique). Certaines zones vectorielles sont constituées de deux zones non-contiguës.

Les effets moyens et intervalles de confiance (à 95 %) pour les variables de température (température minimum et différence entre températures maximum et minimum) estimés par le modèle de Poisson pour chaque zone vectorielle sont fournis dans le Tableau 10. Pour cinq zones (situées dans le nord-ouest: 4-3, 4-5, 4-6, et l'est du territoire : 1-2, 3-2), l'effet global⁷ de la température était positif ; pour dix zones réparties dans les 2/3 sud du territoire (1-1, 1-4, 1-6, 1-7, 2-2, 2-3, 3-1, 3-3, 3-5, 5-5), l'effet global était négatif ; et dans neuf zones (1-3, 1-5, 1-8, 2-8, 3-4, 3-6, 3-8, 4-4, 6-8) les deux variables de température n'avaient pas d'effet significatif.

⁷ Les deux variables ont un effet significatif ou une variable a un effet significatif et l'autre pas d'effet.

Tableau 10 : Effets des variables « température minimum » et « différence de températures » sur l'abondance relative des culicoïdes au sein de chaque zone vectorielle (moyenne et intervalle de confiance - IC - à 95 %), estimé à partir d'un modèle de Poisson.

Les P-value significatives sont marquées d'un *.

Zone	Température minimum		Différence de température	
	Coefficient (IC 95%)	P-value	Coefficient (IC 95%)	P-value
1-1	1,02 (0,91 ; 1,15)	$7,12 \times 10^{-1}$	0,84 (0,77 ; 0,93)	$5,33 \times 10^{-4*}$
1-2	1,13 (1,07 ; 1,20)	$7,92 \times 10^{-6}$	0,99 (0,93 ; 1,06)	$7,78 \times 10^{-1}$
1-3	1,05 (0,94 ; 1,18)	$3,86 \times 10^{-1}$	1,08 (0,95 ; 1,24)	$2,28 \times 10^{-1}$
1-4	0,86 (0,77 ; 0,96)	$6,51 \times 10^{-3*}$	0,44 (0,31 ; 0,62)	$1,45 \times 10^{-5*}$
1-5	1,02 (0,93 ; 1,11)	$7,17 \times 10^{-1}$	0,99 (0,90 ; 1,08)	$7,76 \times 10^{-1}$
1-6	0,83 (0,76 ; 0,90)	$1,85 \times 10^{-5*}$	0,98 (0,91 ; 1,05)	$5,59 \times 10^{-1}$
1-7	0,85 (0,72 ; 1,00)	$4,75 \times 10^{-2*}$	1,16 (1,00 ; 1,35)	$5,23 \times 10^{-2}$
1-8	0,98 (0,89 ; 1,09)	$7,42 \times 10^{-1}$	0,91 (0,80 ; 1,03)	$1,39 \times 10^{-1}$
2-2	0,91 (0,87 ; 0,94)	$2,44 \times 10^{-7*}$	1,02 (0,97 ; 1,07)	$5,05 \times 10^{-1}$
2-3	1,01 (0,97 ; 1,05)	$7,17 \times 10^{-1}$	0,91 (0,87 ; 0,94)	$3,78 \times 10^{-6*}$
2-8	1,06 (0,95 ; 1,19)	$2,91 \times 10^{-1}$	1,02 (0,91 ; 1,15)	$7,43 \times 10^{-1}$
3-1	0,99 (0,90 ; 1,09)	$8,35 \times 10^{-1}$	0,86 (0,79 ; 0,93)	$2,67 \times 10^{-4*}$
3-2	0,99 (0,93 ; 1,05)	$6,69 \times 10^{-1}$	1,08 (1,01 ; 1,17)	$3,74 \times 10^{-2*}$
3-3	0,93 (0,87 ; 1,00)	$3,80 \times 10^{-2*}$	1,03 (0,96 ; 1,11)	$3,74 \times 10^{-1}$
3-4	1,06 (0,96 ; 1,16)	$2,63 \times 10^{-1}$	1,04 (0,92 ; 1,17)	$5,39 \times 10^{-1}$
3-5	0,84 (0,78 ; 0,91)	$3,42 \times 10^{-6*}$	1,01 (0,93 ; 1,10)	$8,30 \times 10^{-1}$
3-6	0,95 (0,87 ; 1,04)	$2,50 \times 10^{-1}$	0,95 (0,87 ; 1,04)	$2,62 \times 10^{-1}$
3-8	0,99 (0,88 ; 1,10)	$8,04 \times 10^{-1}$	1,05 (0,93 ; 1,18)	$4,34 \times 10^{-1}$
4-3	1,20 (1,09 ; 1,31)	$1,38 \times 10^{-4*}$	1,02 (0,91 ; 1,15)	$7,47 \times 10^{-1}$
4-4	1,10 (0,98 ; 1,24)	$1,17 \times 10^{-1}$	1,04 (0,911 ; 1,18)	$5,77 \times 10^{-1}$
4-5	1,07 (1,00 ; 1,15)	$5,42 \times 10^{-2}$	1,15 (1,06 ; 1,25)	$9,13 \times 10^{-4*}$
4-6	1,12 (1,03 ; 1,22)	$1,14 \times 10^{-2*}$	1,14 (1,03 ; 1,25)	$7,85 \times 10^{-3*}$
5-5	0,88 (0,72 ; 1,08)	$2,14 \times 10^{-1}$	0,72 (0,57 ; 0,91)	$8,25 \times 10^{-3*}$
6-8	1,02 (0,92 ; 1,13)	$7,04 \times 10^{-1}$	0,95 (0,85 ; 1,06)	$3,56 \times 10^{-1}$

4 Discussion

Dans cette étude, nous avons modélisé et quantifié l'abondance relative hebdomadaire des espèces de *Culicoides* sur une année en France métropolitaine, à partir d'un partitionnement du territoire en zones vectorielles, en prenant en considération les variations spatiales et saisonnières de température au sein de ces zones. Plusieurs études ont décrit la diversité et la distribution des espèces de diptères en France à partir des données de surveillance. Toutefois, à notre connaissance, notre étude est la première à fournir des prédictions d'abondance de culicoïdes par zone, ce qui est nécessaire pour modéliser le risque d'introduction et de diffusion des maladies transmises par ces diptères (Charron *et al.* 2013; 2011) et mettre en place des mesures de surveillance et de contrôle des populations vectorielles.

Les courbes d'abondance de culicoïdes prédites par le modèle ont montré un effet saisonnier marqué, reflétant la dépendance du cycle de vie des culicoïdes aux conditions climatiques (Sanders *et al.* 2011; White *et al.* 2017), et notamment la faible tolérance de ces diptères aux températures basses (Verhoef, Venter, et Weldon 2014). En effet, dans les zones de climat tempéré, la plupart des culicoïdes adultes disparaissent durant la saison froide et les espèces se maintiennent à l'état de larve. Les mécanismes sous-jacents ne sont pas précisément identifiés et pourraient correspondre soit à une période de diapause dans le cycle de développement ou à une extension de la durée de développement des larves à faibles températures (Lühken *et al.* 2015). Quand les températures commencent à augmenter, les adultes émergent et les populations croissent progressivement jusqu'à atteindre un pic d'abondance au printemps ou à l'été en fonction des localisations, selon les températures printanières et la sécheresse estivale. L'élévation de la température entraîne une diminution du temps de développement larvaire et de la durée entre deux repas de sang et, par conséquent, augmente la fréquence de ponte, ce qui a un effet positif sur la croissance de la population (Purse *et al.* 2015). Inversement, la température est négativement corrélée avec la survie (Purse *et al.* 2015). Ainsi, il y a des plages de températures pour lesquelles l'impact sur l'abondance des diptères est positif et d'autres pour lesquelles l'impact est négatif. De ce fait, la relation entre température et abondance est positive dans les régions où les températures n'atteignent pas des valeurs élevées, négative dans les régions où les températures estivales sont élevées ou non-linéaire. Globalement, nos résultats soulignent des différences marquées dans la forme (unimodale, bimodale, plateau) et le niveau des courbes d'abondance entre les zones vectorielles. Ces

Chapitre 2 : Evaluation de la dynamique des Culicoides en France continentale

différences spatiales et temporelles reflètent la large diversité des espèces de *Culicoides* en France métropolitaine, qui est causée par la variété des conditions climatiques, des facteurs édaphiques⁸ et des pratiques d'élevage. Le sous-genre *Avaritia* Fox (composés principalement du complexe *C. obsoletus/C. scoticus*, *C. imicola*, *C. dewulfi* et *C. chiopterus*) est le plus prévalent, représentant plus de 80 % des captures, suivi par le sous-genre *Culicoides* (regroupant premièrement les espèces *Culicoides newsteadi* Austen et *C. pulicaris*). Les espèces *C. imicola* et *C. newsteadi* sont très présentes le long de la côte méditerranéenne et en Corse, les autres espèces sont plus répandues dans les zones tempérées, avec des variations d'abondance entre les zones océaniques, continentales ou montagneuses (Balenghien *et al.* 2012). Le complexe *Obsoletus* (*C. obsoletus/C. scoticus*) présente une courbe d'abondance bimodale dans les régions méridionales (avec des pics en fin de printemps et à l'automne et une chute des populations en période estivale du fait des épisodes de sécheresse) alors que l'abondance est unimodale (avec un pic l'été) dans le nord de la France (Balenghien *et al.* 2012; 2010). En effet, bien que les températures soient un déterminant essentiel du développement larvaire et de l'activité des adultes culicoïdes, d'autres variables incluant les précipitations, l'humidité, la nature du sol, l'indice de la végétation normalisée, l'altitude, le système d'élevage, la densité des vertébrés sauvages et l'utilisation du sol peuvent influencer la phénologie, la distribution et l'abondance des espèces de diptères.

Afin de simplifier et réduire le coût de suivi des populations de diptères, la surveillance entomologique en France s'est appuyée, au cours des dernières années, sur un partitionnement du territoire, défini à partir d'une classification hiérarchique ascendante de données de piégeage de culicoïdes collectées sur la période 2009-2012. La comparaison des prédictions du modèle basé sur ce partitionnement en zones vectorielles avec celles issues du modèle sans partitionnement (Figure 16 à 21) ont souligné l'importance de modéliser l'abondance des culicoïdes à une échelle locale pour tenir compte des variations spatiales à la fois dans la distribution des espèces et la dynamique saisonnière. Par ailleurs, notre étude a montré que le partitionnement en zones vectorielles fournissait un ajustement similaire ou meilleur aux données que celui basé sur un partitionnement iso-hygro-thermique, soulignant l'intérêt du partitionnement en zones vectorielles pour la planification des activités de surveillance et de contrôle.

⁸ Facteurs liés aux caractéristiques géologiques et physico-chimiques du substrat dans un milieu terrestre et aux propriétés physico-chimiques de l'eau dans un milieu aquatique.

Chapitre 2 : Evaluation de la dynamique des Culicoïdes en France continentale

Le modèle incluait toutes les données disponibles sur les culicoïdes collectées sur la période 2009-2012, ce qui a permis de lisser les événements climatiques extrêmes et rares. Cependant, les prédictions d'abondances vectorielles obtenues par le modèle peuvent être biaisées dans une certaine mesure pour différentes raisons. Premièrement, les données incluaient des valeurs nulles, qui peuvent refléter une absence de vecteur, mais également résulter de conditions climatiques défavorables la nuit du piégeage ou de problèmes techniques avec le piège. L'ensemble des données a été inclus pour capturer au maximum la variabilité même si certaines valeurs nulles ont été observées pendant la période d'activité vectorielle. L'utilisation d'un modèle de Poisson ajusté pour la surdispersion a permis de réduire l'influence de l'excès de zéros sur l'estimation de l'abondance durant la période vectorielle. Deuxièmement, parmi toutes les espèces de culicoïdes présentes en France, seules certaines d'entre elles sont connectées à des épisodes de FCO. *Culicoides imicola* et, à une plus faible ampleur, *C. newsteadi* sont considérés comme les principaux vecteurs de la FCO dans la zone méditerranéenne, alors que *C. obsoletus*, *C. scoticus*, *C. dewulfi*, *C. chiopterus* et *C. pulicaris* (qui sont les espèces les plus abondantes et les plus dispersées en France métropolitaine) sont impliquées comme vecteurs de la FCO dans d'autres pays européens (Caracappa *et al.* 2003; De Liberato *et al.* 2005; Mellor et Pitzolis 1979; Romon *et al.* 2012; Savini *et al.* 2004; Torina *et al.* 2004; Dijkstra *et al.* 2008; Meiswinkel *et al.* 2007; Venail *et al.* 2012; Carpenter *et al.* 2008). Les isollements de virus chez des individus *C. imicola* collectés sur le terrain (Du Toit 1944) et la caractérisation du cycle de transmission du virus de la FCO en conditions expérimentales chez cette espèce (Mellor, Boorman, et Baylis 2000) ont montré que cette espèce est un potentiel vecteur de la FCO. De la même manière, des individus des espèces *C. newsteadi*, *C. obsoletus*, *C. scoticus*, *C. dewulfi*, *C. chiopterus* et *C. pulicaris* ont été trouvés positifs dans des suivis sur le terrain (Caracappa *et al.* 2003; Goffredo *et al.* 2015; De Liberato *et al.* 2005; Mellor et Pitzolis 1979; Romon *et al.* 2012; Savini *et al.* 2004; Torina *et al.* 2004; Dijkstra *et al.* 2008; Meiswinkel *et al.* 2007; Venail *et al.* 2012) ou en conditions expérimentales (Carpenter *et al.* 2008) ce qui suggère qu'elles peuvent agir comme vecteurs. Ces affirmations sont acceptées scientifiquement (S. Carpenter *et al.* 2015) même si la compétence vectorielle de ces espèces n'a pas complètement été évaluée en laboratoire pour des raisons techniques, avec notamment la difficulté de nourrir et maintenir des culicoïdes dans des conditions expérimentales. Comme les espèces impliquées dans la transmission de ces maladies ne sont pas toutes identifiées (Balenghien *et al.* 2008; Caracappa *et al.* 2003; Carpenter *et al.* 2008; Hoffmann *et al.* 2009; Meiswinkel *et al.* 2003; Mellor 1990; G. Savini *et al.* 2005; Dijkstra *et al.* 2008; Mehlhorn *et al.* 2007; Meiswinkel *et al.* 2007; Mellor, Boorman, et Baylis 2000; Romon *et al.* 2012; Vanbinst *et al.* 2009), nous avons décidé d'inclure les comptages totaux de culicoïdes, sans distinction des espèces, ce qui signifie que les abondances hebdomadaires prédites peuvent légèrement surestimer le nombre de vecteurs de la FCO. Cependant, le fait que les espèces

Chapitre 2 : Evaluation de la dynamique des Culicoïdes en France continentale

citées ci-dessus représentent près de 90 % de tous les culicoïdes collectés en France nous amène à être confiants sur le fait que les évaluations du risque basées sur toutes les données d'abondance de culicoïdes sont réalistes. Néanmoins, l'agrégation des espèces peut être problématique pour identifier précisément les variations temporelles et spatiales, étant donné que différentes espèces peuvent avoir des tendances saisonnières différentes même dans un environnement identique (Narladkar et Shivpuje 2014).

La variation spatiale d'abondance justifie la mise en place de mesures de surveillance des culicoïdes et de contrôle des maladies à l'échelle régionale. Les maladies virales transmises par les culicoïdes, comme la FCO et Schmallenberg, ne peuvent pas être transmises aux espèces hôtes sensibles en l'absence de vecteurs adultes. En conséquence, l'Union européenne allège les mesures de restriction durant les périodes d'inactivité vectorielle, en supposant qu'en-deçà du seuil (communément accepté) de cinq femelles *Culicoides* pares par piège et par nuit, les populations de culicoïdes sont considérées comme inactives (Official Journal of the European Union 2007). Nos modèles ne prenaient pas en compte les informations sur le sexe et le statut reproducteur des culicoïdes capturés ; par conséquent, nous avons décidé d'utiliser un seuil de dix culicoïdes par piège par nuit comme limite pour déclarer l'absence de populations de vecteurs adultes. Le fait que moins de 5 % de l'ensemble des culicoïdes capturés par les pièges soient des mâles suggèrent que le fait de ne pas prendre en compte l'information sur le sexe des individus capturés n'affecte pas les conclusions. Néanmoins, la proportion de femelles pares dans les populations de culicoïdes peuvent varier saisonnièrement (Braverman et Linley 1994; Venter, Nevill, et Van Der Linde 1997). Ces limites peuvent impacter les prédictions de l'abondance hebdomadaire des vecteurs *Culicoides* et potentiellement surestimer la longueur de la période d'activité vectorielle. Il est toutefois à noter que le seuil de cinq femelles pares est conservateur : il est probable qu'une abondance de plus de cinq femelles pares par piège par nuit soit nécessaire pour initier la transmission du virus de la FCO, mais le seuil exact n'est pas connu (Searle *et al.* 2014; EFSA Panel on Animal Health and Welfare 2017). Ce constat met en avant la nécessité de conduire des études complémentaires pour affiner ce seuil, tenant compte des facteurs qui peuvent influencer la transmission de la FCO, tels que la longévité des vecteurs, le taux de morsure et le taux de réplication virale (qui dépendent fortement de la température) et de la prévalence de la maladie dans les populations d'hôtes.

Etant donné le besoin permanent d'optimisation de la rentabilité des dispositifs de surveillance des maladies animales, la connaissance des abondances hebdomadaires dans chaque zone crée de nouvelles opportunités pour une organisation des acteurs de terrain et une répartition des ressources plus efficaces. En effet, notre étude fournit des informations essentielles pour planifier les surveillances sérologique et entomologique durant des fenêtres de temps limitées avant le début ou la fin de la période vectorielle dans

Chapitre 2 : Evaluation de la dynamique des Culicoides en France continentale

chaque zone et pour faciliter la mise en place des stratégies de contrôle des vecteurs permettant ainsi un gain d'efficacité.

5 Conclusion

Cette étude fournit des estimations de l'abondance hebdomadaire de *Culicoides* dans 24 zones en France métropolitaine, définies de manière à être homogènes en termes de diversité, de période d'inactivité et de phénologie des espèces de vecteurs. Nos résultats ont montré la pertinence du partitionnement en zones vectorielles, permettant de réduire l'effort d'échantillonnage à 24 pièges contre 160 pièges avant novembre 2016 (DGAL/SDSPA 2016h). Au-delà de l'intérêt de ces résultats pour une répartition plus efficace des efforts de surveillance et des ressources associées, la connaissance de l'abondance locale des *Culicoides* est une information essentielle pour affiner les modèles épidémiologiques simulant le risque d'exposition des hôtes sensibles aux maladies transmises par les diptères (Turner, Bowers, et Baylis 2012; Turner *et al.* 2019) et pour identifier les mesures de contrôle les plus appropriées (Cappai *et al.* 2018; Rolesu 2019).

Chapitre 3 : Amélioration des dispositifs de surveillance et de lutte contre le BTV-8

1 Introduction

Suite à l'incursion du BTV en Europe du Nord en 2006, de nombreux modèles ont été développés pour étudier la propagation de la FCO en Europe du Nord. Une synthèse systématique de la littérature sur les modèles à compartiments développés pour l'étude de la FCO en Europe (Courtejoie, Zanella, et Durand 2018) a mis en évidence la diversité dans les caractéristiques des modèles (type de modèle, échelle spatiale, modélisation du rôle des vecteurs, unité épidémiologique, processus de transmission) et le contexte des études (situation sanitaire, zone et période d'étude, espèces ciblées, sérotypes étudiés, espèces vectorielles incluses, mesures de gestion). Il existe une dichotomie entre les modèles déterministes, où les mêmes causes entraînent les mêmes effets, et les modèles stochastiques qui introduisent le hasard (et donc les probabilités) dans les processus d'évolution du modèle. Certains modèles, du fait de leur construction, n'étaient applicables qu'à un seul sérotype du BTV. D'autres, au contraire, étaient, soit génériques, soit offraient la possibilité de modifier des paramètres initiaux afin de spécifier les caractéristiques du sérotype étudié. On retrouvait le caractère générique de certains modèles dans les espèces de *Culicoides* vectrices envisagées, contrairement à d'autres qui n'envisageaient que certaines espèces spécifiques (généralement *C. imicola* et le complexe *Obsoletus*). Les espèces d'hôtes incluses dans le modèle variaient également : les bovins étaient systématiquement inclus mais complétés dans certains cas par les ovins, voire les caprins pour certains modèles. En fonction des objectifs des études, il pouvait être plus cohérent d'utiliser l'hôte (c.-à-d. les ruminants) comme unité du modèle à compartiment, plutôt que l'élevage. Enfin, certains intégraient la mise en place des mesures de contrôle lors de la détection du virus, alors que pour d'autres, l'utilisation de mesures de contrôle n'était pas intégrée.

Parmi ces modèles, celui développé par l'équipe Lucinda de l'université de Liverpool (Liverpool University Climate and Infectious Diseases of Animals) (Turner, Bowers, et Baylis 2012; Turner *et al.* 2019) se détachait de par ses caractéristiques. En effet, il s'agit d'un modèle stochastique, non spécifique à un certain sérotype, qui simule la propagation du virus via les mouvements commerciaux des hôtes et les vecteurs en Grande-Bretagne. Ce modèle permet d'évaluer l'efficacité de différentes mesures de contrôle de la propagation de l'épizootie. Nous avons développé une collaboration avec les concepteurs du modèle afin de l'adapter au système d'élevage et à la situation épidémiologique vis-à-vis de la FCO en France. Les objectifs de ce travail étaient (i) d'évaluer l'efficacité et l'impact des mesures de

Chapitre 3 : Amélioration des dispositifs de surveillance et de lutte contre le BTV-8

surveillance et de lutte contre la FCO en France mises en place en 2015 lors de la ré-émergence de la FCO et (ii) de les comparer à des mesures alternatives qui pourraient être appliquées en situation épizootique.

2 Matériel et Méthodes

2.1 Modèle de diffusion de la FCO

2.1.1 *Présentation du modèle original*

Le modèle de propagation de la FCO de l'Université de Liverpool est un modèle développé en langage C++. Il s'agit d'un modèle à compartiments qui décrit la diffusion de la FCO entre les exploitations britanniques, avec un pas de temps d'un jour, sur une année calendaire. Le modèle est clos : les importations et exportations de bovins ne sont pas incluses.

Au sein de chaque élevage, les animaux peuvent être dans quatre états épidémiologiques : sensibles, exposés (c.-à-d. infectés mais non infectieux), infectieux, ou rétablis (et immunisés). Le statut des animaux d'une exploitation détermine celui de l'exploitation et des vecteurs environnants (dans un rayon de 15 km – paramétrable en début de modélisation). Une exploitation peut donc être classée en sept catégories, décrites dans le Tableau 11. Les transitions entre ces états sont présentées sur la Figure 22.

Tableau 11 : Définitions des statuts possibles pour une exploitations dans le modèle.

Statut		Description	Spécification
S	Susceptible	L'exploitation ne comporte aucun animal infectieux mais peut contenir des animaux rétablis. Les vecteurs présents sont tous susceptibles.	Les animaux rétablis ont une immunité résiduelle. Ainsi les exploitations avec de tels animaux ont une susceptibilité réduite.
E	Exposée	L'exploitation possède au moins un animal exposé mais aucun infectieux (et éventuellement des animaux rétablis). Les vecteurs présents sont tous susceptibles.	Ce type d'exploitation présente un risque pour les autres exploitations uniquement via les mouvements d'animaux.
I	Infectieuse	L'exploitation possède au moins un animal infectieux. Les vecteurs présents sont en partie infectieux.	Ce type d'exploitation présente un risque pour les autres exploitations via les mouvements d'animaux ou de vecteurs.
D	Détectée	L'exploitation possède au moins un animal infectieux qui présente des signes cliniques. Les vecteurs présents sont en partie infectieux.	Ce type d'exploitation présente un risque pour les autres exploitations via les mouvements de vecteurs et d'animaux (en fonction des restrictions de mouvements appliquées).
T _{SE}	Temporaire entre S et E	L'exploitation était susceptible quand un animal exposé y a été introduit. L'exploitation deviendra exposée à la fin de la quarantaine de six jours, à moins qu'un événement n'arrive pendant cette période. Les vecteurs présents sont tous susceptibles.	Pas de mouvement d'animaux depuis ou vers l'exploitation.
T _{SI}	Temporaire entre S et I	L'exploitation était susceptible quand un animal infectieux y a été introduit. L'exploitation deviendra infectieuse à la fin de la quarantaine de six jours, à moins qu'un événement n'arrive pendant cette période. Les vecteurs présents sont en partie infectieux.	Pas de mouvement d'animaux depuis ou vers l'exploitation. Cependant, l'exploitation est à risque pour les autres exploitations par le mouvement de vecteurs.
T _{EI}	Temporaire entre E et I	L'exploitation était exposée quand un animal infectieux y a été introduit. L'exploitation deviendra infectieuse à la fin de la quarantaine de six jours, à moins qu'un événement n'arrive pendant cette période. Les vecteurs présents sont en partie infectieux.	Pas de mouvement d'animaux depuis ou vers l'exploitation. Cependant, l'exploitation est à risque pour les autres exploitations par le mouvement de vecteurs.

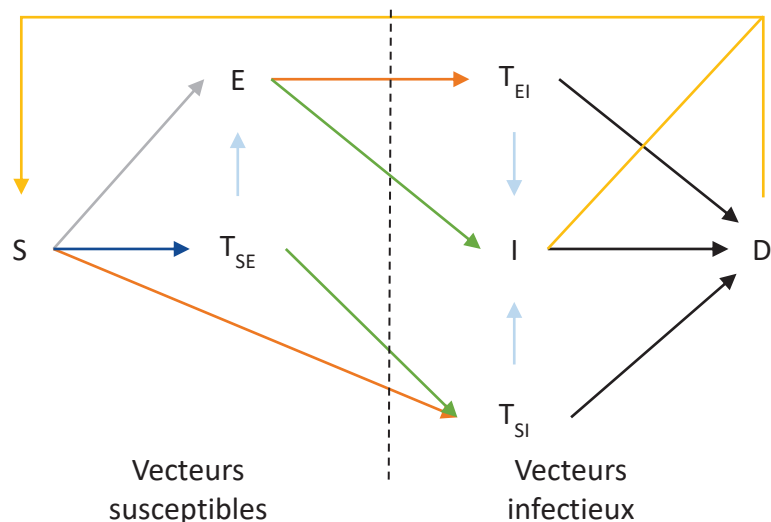


Figure 22: Statuts épidémiologiques possibles pour les exploitations et transitions entre ces statuts dans le modèle original décrivant la propagation de la FCO en Grande Bretagne (Turner, Bowers, et Baylis 2012). Les couleurs des flèches indiquent les raisons de changement de statut possible. Transitions de E à T_{EI} et de S à T_{SI} (orange) : introduction d'au moins un animal infectieux ; transition de S à T_{SE} (bleu foncé) : introduction d'au moins un animal exposé ; transition de S à E (gris) : infection d'au moins un animal par un vecteur infectieux ; transitions de E à I et de T_{SE} à T_{SI} (vert) : au moins un animal exposé devient infectieux ; transitions de T_{SE} à E, de T_{EI} à I et de T_{SI} à I (bleu clair) : la quarantaine de six jours est levée ; transitions de T_{EI}, I et T_{SI} vers D (noir) : détection d'au moins un cas ; transition de D vers S (jaune) : plus aucun animal n'est infectieux.

Dans le modèle, développé pour la filière bovine britannique, les statuts dit « temporaires » sont induits par la mise en place d'une quarantaine systématique des élevages bovins et ovins : aucun mouvement commercial n'est permis dans les six jours suivant un achat.

Les vecteurs à proximité des exploitations S, E et T_{SE} sont considérés comme non-infectieux. En effet, si l'exploitation est exposée par le mouvement d'un animal, il n'y a pas de vecteur infectieux sur place. D'autre part, si l'exploitation est exposée par le déplacement d'un vecteur infectieux, alors la proportion de vecteurs infectieux par rapport aux vecteurs déjà présents et non infectieux est très faible. Ainsi, ces exploitations ne présentent pas de risque pour les autres exploitations par mouvement de vecteurs, contrairement aux exploitations I, D, T_{SI} et T_{EI}.

En ce qui concerne les modalités de surveillance et de lutte, la probabilité de détection d'un animal infectieux est basée sur la probabilité qu'il développe des signes cliniques (surveillance événementielle) ; la surveillance programmée est absente des

Chapitre 3 : Amélioration des dispositifs de surveillance et de lutte contre le BTV-8

modalités de surveillance prévues par ce modèle. A la suite de la détection d'un animal, le statut de l'exploitation est changé en D (détectée) dans un délai (qui est paramétrable), et des zones de restriction de mouvements sont mises en place à l'instar de ce qui existe en France. Les restrictions de mouvements sont basées sur les textes réglementaire en vigueur au Royaume-Uni et simplifiées pour correspondre aux dispositifs en place dans le modèle (Department for Environment Food & Rural Affairs 2014). Les mouvements depuis une exploitation détectée (D) ou au statut temporaire (T_{SE} , T_{SI} ou T_{EI}) sont ainsi formellement interdits. Seuls les mouvements au sein d'une même zone ou vers une zone au risque plus important sont autorisés. Le modèle ne permet ni la levée des restrictions ou l'allègement des mesures de restriction de mouvement en période saisonnièrement indemne, ni le mouvement d'animaux exposés mais testés négativement. De plus, la vaccination peut être une solution mise en œuvre mais uniquement de manière indirecte. On peut en effet paramétrer un degré de susceptibilité pour chaque exploitation : 100 % correspondant alors à une population totalement naïve et 0 % à une population totalement immune (simulant ainsi l'effet de précédentes infections ou campagnes de vaccination). Cette vaccination ne peut cependant être mise en œuvre que de manière prédéfinie et dès le premier jour de modélisation, c'est-à-dire qu'aucune campagne de vaccination ne peut être mise en place au cours de la modélisation.

A chaque nouvel événement d'infection dans un élevage, un modèle intra-exploitation déterministe, basé sur un système d'équations différentielles ordinaires, est initié afin d'obtenir l'évolution de la prévalence dans l'élevage au cours du temps en fonction de la température. La température influence, en effet, l'activité des *Culicoides*, ce qui, au sein d'un élevage avec au moins un bovin infectieux, influence aussi la prévalence au sein de l'exploitation. Cette prévalence permet, par la suite, de déterminer deux probabilités d'importance majeure. La première correspond à la probabilité qu'un animal acheté depuis une exploitation infectée soit infectieux, et donc la probabilité que l'élevage qui achète le bovin soit exposé au virus. La seconde correspond à la probabilité qu'un vecteur présent dans une exploitation infectieuse soit lui-même infectieux et puisse infecter un hôte dans un élevage à proximité.

Les équations correspondant aux modèles de transmission intra-exploitation sont décrites dans (Turner *et al.* 2019) et celles pour le modèle inter-exploitation sont présentées dans le Tableau 13. Les paramètres des modèles sont listés dans les tableaux 13 et 14 (présentés dans la partie suivante, avec les valeurs des paramètres pour le modèle adapté et calibré au système d'élevage et à la situation épidémiologique vis-à-vis de la FCO en France).

2.1.2 Adaptation du modèle au système d'élevage français

Plusieurs modifications ont été apportées à ce modèle pour l'adapter au système d'élevage français ainsi qu'aux dispositifs de surveillance et de lutte présents sur le territoire. Ainsi, en France il n'existe pas de mesures contraignant les éleveurs à ne pas opérer de mouvements commerciaux après un achat. Par conséquent, tous les statuts présentés comme temporaires dans le §2.1.1 ont été supprimés pour obtenir une version simplifiée (Figure 23).

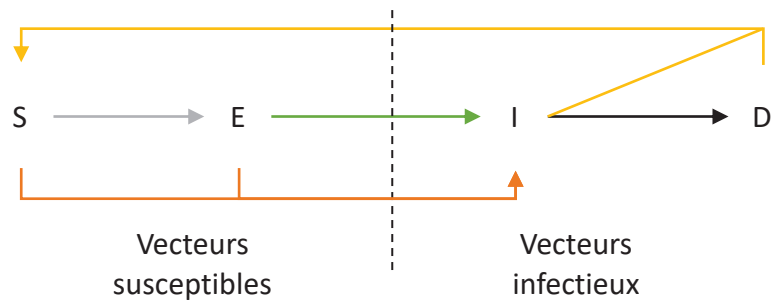


Figure 23: Statuts possibles pour les exploitations et les transitions possibles entre ces statuts dans le modèle adapté à la situation en France. Les couleurs des flèches indiquent les raisons de changement de statut possible : transitions de S et E vers I (orange) : introduction d'au moins un animal infectieux ; transition de S à E (gris) : infection d'au moins un animal par un vecteur infectieux ; transition de E à I (vert) : au moins un animal exposé devient infectieux ; transition de I à D (noir) : détection d'au moins un cas ; transitions de I et D vers S (jaune) : plus aucun animal n'est infectieux.

Les niveaux de précision et de granulosité des données sur les ovins en France ne sont pas aussi élevés que pour les bovins. En effet, en France, il n'existe pas d'équivalent à la BDNI pour les petits ruminants. Les seules données existantes correspondent au nombre d'ovins présents par an et par canton : en l'absence de données sur la taille et la localisation des élevages de petits ruminants et encore moins sur les mouvements inter-élevages, le modèle décrivant la situation en France était donc basé uniquement sur les données bovines.

Pour répondre aux objectifs de l'étude, il était nécessaire de prendre en compte la surveillance programmée dans le processus de détection des exploitations avec un ou plusieurs animaux infectieux. Pour cela, nous avons modifié la fonction déterminant la probabilité journalière de détection d'un élevage infectieux (D) :

$$D = 1 - \left((1 - P(SE)) \times (1 - P(SP)) \right)$$

Chapitre 3 : Amélioration des dispositifs de surveillance et de lutte contre le BTV-8

avec $P(SE)$ la probabilité qu'un bovin soit détecté grâce à la surveillance événementielle et $P(SP)$ la probabilité qu'il soit détecté dans le cadre de la surveillance programmée. On décompose les différents dispositifs de surveillance selon les équations suivantes.

$$P(SE) = 1 - (1 - d_I \times P_I(SC) \times Se)^H$$

$$P(SP) = 1 - (1 - d_I \times Se)^{H \times (1 - \sqrt[365]{P(E)})}$$

avec d_I la prévalence au sein de l'élevage, H sa taille, $P_I(SC)$ la proportion de bovins infectés montrant des signes cliniques, Se la sensibilité du test utilisé, et $P(E)$ (ou $P(E_d)$) la probabilité d'échantillonnage d'un bovin au moins une fois l'an, dans le cadre de la surveillance programmée avant (ou après) la primo-détection. Cette probabilité dépend de la prévalence limite visée par la surveillance programmée et conditionne le nombre de bovins échantillonnés au cours de la campagne de surveillance. La prévalence limite correspond à la plus faible prévalence que le dispositif de surveillance programmée est en capacité de détecter. Le Tableau 12 présente les modalités d'échantillonnage pour chaque prévalence limite utilisée dans les simulations, nécessaire au calcul de $P(E)$ et $P(E_d)$.

Les paramètres des modèles intra- et inter-exploitation et leurs valeurs par défaut sont décrits dans les tableaux 13 et 14.

Tableau 12 : Modalités d'échantillonnage pour différentes prévalences limites. Ces tailles d'échantillons ont été obtenues grâce au site Epitools (Sergent 2018).

Prévalence limite	Nombre de région à échantillonner (en 2015)	Nombre d'élevages par région	Nombre de bovins par élevage	Nombre total de bovins à échantillonner
20 %	14	15	30	6 300
5 %	14	60	30	25 200
1 %	14	314	30	131 880

Tableau 13 : Fonctions et paramètres nécessaires aux calculs de probabilités pour les transitions entre les statuts des exploitations (Turner, Bowers, et Baylis 2012).

Description	Valeurs des paramètres par défaut
<p>Probabilité de conversion (transition de E à I ; flèche verte sur la Figure 23)</p> $B_i = 1 - \exp\left(-\left(T_{exp}/\lambda_C\right)^{k_C}\right)$ <p>avec : T_{exp} le temps depuis l'exposition et λ_C, k_C les paramètres de la distribution de Weibull.</p>	<p>$\lambda_C=10, k_C=3$ (Anon 2008)</p>

<p>Probabilité de détection (transition de I à D) (flèche noire sur la Figure 23)</p> $D_i = 1 - \left((1 - d_I \times P_I(SC) \times Se)^H \times (1 - d_I \times Se)^{H \times (1 - \sqrt[3]{P(E)})} \right)$ <p>avec : d_I la prévalence au sein de l'élevage, H sa taille, $P_I(SC)$ la proportion de bovins infectés montrant des signes cliniques, Se la sensibilité du test utilisé, et $P(E)$ (ou $P(E_d)$) la probabilité qu'un bovin infecté soit dépisté au moins une fois l'an, dans le cadre de la surveillance programmée avant (ou après) la primo-détection.</p>	<p>$P_I(SC)=0,04$, $Se=0,878$, Les paramètres $P(E)$ et $P(E_d)$ diffèrent selon les scénarios testés (voir §2.2). BASE : $P(E)= 0,00065$, $P(E_d)= 0,0026$; PROG_5% : $P(E)= 0,0026$, $P(E_d)= 0,0026$; PROG_1% : $P(E)= 0,014$, $P(E_d)= 0,014$ (Anon 2008; Bournez <i>et al.</i> 2017; Bronner <i>et al.</i> 2018; Vandebussche <i>et al.</i> 2008)</p>
<p>Probabilité d'exposition par mouvement de vecteur infectieux (transition de S à E ; flèche grise sur la Figure 23)</p> $V_i = 1 - \prod_{j \in M} \left(1 - \min \left(1 - d_{Si} C_j(r, t) \beta_{vh} a_i(T) \right) \right)$ <p>avec : M l'ensemble des exploitations dans le périmètre de dispersion des vecteurs (<i>vecd1</i>), d_{Si} le degré de susceptibilité de l'exploitation i, $C_j(r, t)$ la capacité vectorielle de l'exploitation j, β_{vh} la probabilité de transmission du virus du vecteur à l'hôte lors d'une piqûre, et $a_i(T)$ le taux de piqûres dans l'exploitation i à la température T.</p>	<p>Les différents variables dont dépendent ces probabilités sont soit tirées de la modélisation en cours (p. ex. M, Z, H et n_{ij}), soit issues de fonctions annexes (p. ex. d_S), soit issues du modèles intra-exploitation présenté au §2.1.1 (p. ex. d_I, d_E).</p>
<p>Probabilité d'exposition par mouvement d'un animal exposé (transition de S à E ; flèche grise sur la Figure 23)</p> $E_i = 1 - \prod_{j \in Z} (1 - d_{Ej})^{n_{ij}}$ <p>avec : Z les exploitations effectuant une vente à l'exploitation i, d_{Ej} la proportion d'animaux exposés dans l'exploitation j, et n_{ij} le nombre d'animaux vendu de i à j.</p>	
<p>Probabilité d'infection par mouvement d'un animal infectieux (transition de S à I ; flèches orange sur la Figure 23)</p> $A_i = 1 - \prod_{j \in Z} (1 - d_{Ij})^{n_{ij}}$ <p>avec : Z les exploitations effectuant une vente à l'exploitation i, d_{Ij} la prévalence dans l'exploitation j, et n_{ij} le nombre d'animaux vendus de i à j.</p>	
<p>Degré de susceptibilité d'une exploitation</p> $d_{Si} = 1 - \left(1 - (d_{S0} - (F/H)) \right) \times \exp(- (T_{rem}/\lambda_I)^{k_I})$	<p>$\lambda_I=912,5$, $k_I=2$ (Turner, Bowers, et Baylis 2012)</p>

avec : d_{S0} le degrés de susceptibilité avant la dernière infection, F le nombre d'animaux infectés à la dernière exposition, T_{rem} le temps depuis la rémission de l'exploitation.	
Distance quotidienne maximale de vol actif du vecteur (km)	$vecd1 = 15$ (Turner, Bowers, et Baylis 2012)
Proportion d'hôtes exposés dans une exploitation au statut E	$v_1=0,01$ (Turner, Bowers, et Baylis 2012)

Tableau 14 : Fonctions et paramètres nécessaires au modèle intra-exploitation (Turner et al. 2019).

Description	Valeurs des paramètres par défaut
<p>Ratio vecteurs/hôtes</p> $m(t, T) = \exp(b_0 + p_1 \sin(\theta(t - \psi_1)) + p_2 \sin(2\theta(t - \psi_2)) + cT)$ <p>avec : b_0 la valeur zéro du ratio vecteurs/hôtes, p_1 et p_2 les amplitudes de la dynamique vectorielle, c l'influence de la température, θ la variable de paramétrisation d'un cycle annuel, ψ_1 et ψ_2 les variables de décalage temporel, t le temps et T la température.</p>	$b_0=0, p_1=10,59, p_2=3,71, c=0,07, \theta=0,0172, \psi_1=128,4, \psi_2=81,7$ (Turner et al. 2019)
<p>Taux de piqûres</p> $a(T) = \max(0, a_1 T(T - a_3)(a_4 - T))^{1/a_2}$ <p>avec : a_1 et a_2 les paramètres temporels du taux de piqûre, a_3 et a_4 les bornes thermiques inférieure et supérieure.</p>	$a_1=0,0002, a_2=2,7, a_3=3,7, a_4=41,9$ (Gubbins et al. 2008; Mullens et al. 2004)
<p>Incubation extrinsèque</p> $v(T) = \max(0, v_1(T - v_2))$ <p>avec : v_1 la dépendance thermique de l'incubation extrinsèque, et v_2 le seuil thermique d'inactivité vectorielle.</p>	$v_1=0,019, v_2=13,34$ (Gubbins et al. 2008; Mullens et al. 2004; Turner et al. 2019)
<p>Taux de mortalité des vecteurs</p> $\mu(T) = \mu_1 \exp(\mu_2 T)$ <p>avec : μ_1 et μ_2 les paramètres de dépendance thermique de la mortalité vectorielle.</p>	$\mu_1=0,009, \mu_2=0,16$ (Gubbins et al. 2008)
<p>Capacité vectorielle</p> $C(r, t) = \sum_{i=0}^{t-1} \left(\frac{\omega(i)}{4\pi D(t-i)} \times \exp\left(\frac{-r^2}{4D(t-i)} - \sum_{j=3}^{t-1} \mu_j\right) \right)$ <p>avec : μ_j le taux de mortalité des vecteurs, $\omega(i)$ le nombre de vecteur, et D le paramètre de diffusion vectorielle.</p>	$D=0,531$ (Kluiters, Swales, et Baylis 2015)

Taux d'incubation des hôtes	$c_c=1/7$ (Turner <i>et al.</i> 2019)
Taux de rémission des hôtes	$r_c=1/20,6$ (Turner <i>et al.</i> 2019)
Probabilité de transmission du virus du vecteur à l'hôte lors d'une piqûre	$\beta_{vh}=0,9$ (Gubbins <i>et al.</i> 2008; Baylis, O'Connell, et Mellor 2008)

2.2 Modalités de surveillance et de contrôle simulées dans le modèle

Pour le dispositif de surveillance programmée, différentes valeurs de prévalence limite ont été testées : 20 % (ce qui correspondait à la surveillance en place en 2015 avant la réémergence de la FCO – scénario BASE), 5 % (PROG_5%) et 1 % (PROG_1%) avec un degré de certitude de 95 %, sur la base d'un quadrillage géographique de 45 x 45 km. Ces modalités de surveillance programmée étaient appliquées dès le début de la simulation, pour décrire le système de surveillance en place avant la détection du premier cas sur le territoire (c.-à-d. avant la primo-détection). Après la primo-détection, un renforcement de la surveillance programmée était simulé dans le scénario BASE par le passage à une prévalence limite de 5 % avec un degré de certitude de 95 %, sur la base d'un quadrillage géographique de 45 x 45 km (Bournez, Sailleau, *et al.* 2018). Ce renforcement de la surveillance programmée permettait de simuler les enquêtes épidémiologiques mises en place en septembre-octobre 2015 pour évaluer l'étendue de l'épizootie. Pour les scénarios PROG_5% et PROG_1%, la surveillance était maintenue à 5 % et 1 %, respectivement après la primo-détection.

Afin d'évaluer l'impact des mesures de restriction de mouvements sur la diffusion de la maladie, nous avons testé différentes combinaisons de rayons pour les zones de restriction :

- un PI de 20 km autour du foyer, une ZP de 80 km autour du PI et une ZS de 50 km autour de la ZP (scénario BASE) ;
- un PI de 20 km autour du foyer et une ZR unique de 130 km autour du PI (ZR_130km) ;
- uniquement un PI de 20 km autour du foyer (ZR_Absence).

La première combinaison correspondait aux mesures mises en place lors de la réémergence de la FCO en septembre 2015. Le deuxième correspond aux mesures appliquées après la fusion des ZP et ZS en octobre 2015. La troisième correspond à une mesure visant à ne pénaliser que les exploitations les plus proches des foyers. Ainsi, les exploitations en dehors des PI sont totalement libres d'effectuer leurs mouvements commerciaux.

Chapitre 3 : Amélioration des dispositifs de surveillance et de lutte contre le BTV-8

Enfin, une dernière combinaison de mesures a été testée pour évaluer l'impact des concomitants d'une surveillance importante (avec une prévalence limite de 1 %) et d'une zone unique de 20 km autour des foyers (PI). Cette combinaison correspond donc à une fusion des combinaisons PROG_1% et ZR_Absence (et sera noté PROG_1%_ZR_Absence).

Pour comparer les différentes modalités de surveillance et de lutte, huit indicateurs ont été calculés à partir de chaque simulation :

- le délai, en jours, entre l'introduction de la maladie et la primo-détection (ci-après délai de primo-détection) ;
- le nombre d'élevages infectieux à la primo-détection ;
- la taille de la ZI, estimée en département-jour. Ainsi, 30 jours avec 10 départements en ZI correspondait à 300 département-jours en ZI.
- la distance maximale (en km) du front de propagation du virus sur l'ensemble de la simulation (c.-à-d. la distance maximale parcourue par le virus depuis sa mise en circulation) ;
- le nombre d'élevages dont au moins un mouvement a été annulé par les restrictions de mouvements au cours de la simulation ;
- la proportion de mouvements commerciaux annulés du fait de la mise en place des zones de restriction de mouvements au cours de la simulation ;
- le nombre d'élevages infectés au cours de la simulation ;
- la proportion d'exploitations détectées parmi celles infectées au 31/12 (en fin de simulation).

Dans les six scénarios simulés, aucune mesure de lutte entomologique n'était mise en place. Ainsi, la propagation de la maladie par la diffusion de vecteurs infectieux était possible dans chacun des six scénarios.

A partir de ces indicateurs et des modalités de surveillance et de contrôle simulées dans les différents modèles, une estimation du coût a été faite. Pour cela, le coût de la surveillance de chaque simulation a été calculé en se basant sur le nombre d'élevages à visiter, de prélèvements et d'analyses ELISA à effectuer en fonction de la prévalence limite et le nombre de jours pendant lesquels ces prévalences limites étaient en vigueur. Pour calculer le coût des dépistages pré-mouvements, nous avons utilisé le nombre d'élevages ayant eu au moins un mouvement annulé pour estimer le nombre de visites, et le nombre de mouvements annulés pour estimer le nombre de prélèvements et d'analyses Rt-PCR, effectués dans ce cadre. En utilisant les tarifs unitaires de 2016 pour ces opérations, une estimation du coût total de ces dispositifs de surveillance et de lutte a été obtenue pour chaque simulation.

Chapitre 3 : Amélioration des dispositifs de surveillance et de lutte contre le BTV-8

2.3 Données utilisées et implémentation du modèle

Les données sur la taille et la commune de localisation des élevages ainsi que l'ensemble des mouvements commerciaux entre les élevages ont été extraites de la BDNI pour l'année 2013 ; année pour laquelle aucun événement sanitaire ou climatique majeur n'a affecté la population bovine au niveau national. Ces données sont décrites dans le chap.1§3.1.1.

En France, les informations sur la localisation exacte (c.-à-d. les coordonnées géographiques) des exploitations agricoles ne sont pas centralisées. Afin de pouvoir simuler la diffusion de la maladie entre les élevages, nous avons attribué aléatoirement à chaque élevage des coordonnées de latitude et de longitude au sein de leur commune d'appartenance à l'aide du logiciel R et du package sp (Bivand, Pebesma, et Gomez-Rubio 2013; Pebesma et Bivand 2005).

Pour chaque élevage, les températures quotidiennes moyennes de l'air pour 2013, obtenues de Météo France, ont été attribuées à chaque élevage, comme décrit au chap.2§2.1.

Pour initier la diffusion de la FCO sur le territoire, un bovin infectieux était introduit dans trente élevages sélectionnés aléatoirement dans l'Allier à la date du 01/05, ce qui correspond au début de la période vectorielle comme simulée par le ratio hôte-vecteur (Tableau 14). Dix simulations ont été réalisées pour chaque scénario, en faisant varier les élevages d'introduction au sein du département à chaque simulation. Le choix de dix simulations est lié aux limites imposées par le temps de chaque simulation.

Par ailleurs, il a été supposé dans le modèle qu'une partie de la population bovine n'était pas sensible au virus de la FCO considérée comme non susceptible dans les simulations. En effet, à l'hiver 2014-2015, du fait des campagnes de vaccination obligatoire puis volontaire, et de la circulation à bas bruit de la FCO, il a été établi que la séroprévalence individuelle était de 31 % en métropole (Courtejoie, Durand, *et al.* 2018). Ainsi, lors des simulations, 31 % de la population bovine de chaque élevage a été considérée comme non sensible au virus introduit.

3 Résultats

3.1 Description du jeu de données

En France continentale en 2013, la population bovine était composée de 9 711 781 bovins répartis dans 191 187 exploitations, 28 044 communes et 94 départements. Au niveau départemental, 76 248 [26 102 ; 160 800] (valeur médiane [1^{er} ; 3^{ème} quartile]) bovins

Chapitre 3 : Amélioration des dispositifs de surveillance et de lutte contre le BTV-8

étaient répartis entre 1 660 [581 ; 3 214] exploitations. Au niveau communal, 177 [62 ; 425] bovins étaient dispatchés dans 4 [2 ; 8] élevages distincts. La taille médiane des élevages de bovins sur cette période était de 39 [12 ; 73] bovins.

3.2 Efficacité des mesures de surveillance et de lutte dans le modèle BASE

Dans le scénario BASE (Tableau 15), qui correspond au plus proche à la situation au moment de la réémergence du BTV-8 en 2015, le délai de primo-détection était de 65 jours [58 ; 74] (valeur médiane [1^{er} ; 3^{ème} quartile]). Les mesures de lutte simulées dans le modèle ont entraîné la mise en place d'une ZR de 27 123 département-jours [26 350 ; 27 361], ce qui correspond à 40 départements en ZR pendant 186 jours (entre la date de détection et le 31/12). Ces mesures de restriction ont causé l'annulation de 9,3 % [9,1 ; 9,5] des mouvements commerciaux prévus, impactant 45 242 élevages [44 696 ; 47 931]. Au cours de l'épizootie, le virus s'est diffusé jusqu'à 108 km [101 ; 195] des exploitations initialement infectées, 6 961 [6 791 ; 7 058] élevages ont été infectés au cours de la simulation, et 89,8 % [89,4 ; 90,3] des élevages infectés au 31 décembre ont été détectés.

3.3 Comparaison de l'efficacité de mesures de surveillance alternatives

Cinq indicateurs étaient différents dans les scénarios alternatifs (PROG_5% et PROG_1%) par rapport au scénario de base (BASE) (Tableau 15). Tout d'abord, l'intensification de la surveillance programmée dans le scénario PROG_5% a diminué le délai de primo-détection à 35 jours ainsi que le nombre d'élevages infectés à la primo-détection à 34 exploitations. Ces diminutions étaient encore plus marquées pour le scénario PROG_1%, avec une primo-détection à 11 jours avec 30 exploitations infectées, correspondant aux 30 exploitations où un animal infectieux a été introduit lors de la simulation. Ainsi, dans ce scénario, la primo-détection de la maladie avait systématiquement lieu avant que d'autres exploitations n'aient été infectées.

La proportion de mouvements annulés à cause des restrictions de mouvements a augmenté de manière graduée entre les scénarios BASE, PROG_5% et PROG_1%, passant de 9,3 % à 10,6 % puis à 11,0 %. Le nombre d'élevage touchés par les restrictions de mouvements n'était différent du scénario BASE que pour le scénario PROG_1% avec 48 103 élevages impactés contre 45 242. Pourtant, aucune différence significative de taille de ZI entre les trois scénarios n'a été observée.

Dans les deux scénarios de surveillance alternative, le nombre d'exploitations infectées au cours de la simulation était uniformément diminué par rapport au scénario BASE. Enfin, la distance maximale du front de propagation ainsi que la proportion d'élevages détectés au 31/12, ne présentaient pas de modifications significatives.

Tableau 15 : Indicateurs de performance et d'impact des mesures de surveillance vis-à-vis de la FCO.

Indicateurs	Scénario BASE	Scénario PROG_5%	Scénario PROG_1%
Prévalence limite de la surveillance programmée avant et après la primo-détection	20 % et 5 %	5 % et 5 %	1 % et 1 %
Rayons des zones de restrictions (en km)	PI = 20, ZP = 80, ZS = 50	PI = 20, ZP = 80, ZS = 50	PI = 20, ZP = 80, ZS = 50
Délai entre l'exposition et la primo-détection (en j)	65 [58 ; 74]	35 [15 ; 57]	11 [7 ; 13]
Nombre d'élevages infectés à la primo-détection	147 [78 ; 324]	34 [30 ; 62]	30 [30 ; 30]
Nombre de départements-jours en ZI	27 123 [26 350 ; 27 361]	26 455 [26 192 ; 27 097]	26 044 [25 762 ; 26 242]
Distance maximale du front de propagation (en km)	108 [101 ; 195]	116 [98 ; 212]	103 [98 ; 109]
Nombre d'élevages impactés par les restrictions	45 242 [44 696 ; 47 931]	46 845 [46 220 ; 48 314]	48 103 [47 942 ; 48 417]
Proportion de mouvements annulés	0,093 [0,091 ; 0,095]	0,106 [0,095 ; 0,110]	0,110 [0,110 ; 0,111]
Nombre d'exploitations infectées au 31/12	6 961 [6 791 ; 7 058]	6 578 [6 310 ; 6 808]	6 622 [6 513 ; 6 770]
Proportion de détection au 31/12	0,898 [0,894 ; 0,903]	0,898 [0,894 ; 0,900]	0,899 [0,897 ; 0,901]

3.4 Comparaison de l'efficacité des mesures de lutte

Le Tableau 16 présente les résultats des scénarios ZR_130km et ZR_Absence en regard des résultats du scénario BASE. Dans ces trois scénarios, les mesures de surveillance simulées étaient les mêmes que dans le scénario BASE ; par conséquent, le délai de primo-détection et le nombre d'élevages infectés à la primo-détection sont similaires.

Pour ce qui est de la taille de la ZI, seul le scénario ZR_Absence obtenait des résultats différents du scénario BASE, avec une ZI de 32 205 départements-jours soit une ZR de 12 départements en moyenne pendant les 191 jours avec restrictions de mouvements. L'absence de frontière entre ZP et ZS dans le scénario ZR_130km a entraîné une diminution de la proportion de mouvements annulés et une augmentation de la distance du front de propagation du virus. L'absence totale de ZR dans le scénario ZR_Absence a entraîné des modifications encore plus marquées pour ces deux critères. Le nombre d'élevages impactés par les restrictions de mouvements n'était, quant à lui, pas significativement différent entre

Chapitre 3 : Amélioration des dispositifs de surveillance et de lutte contre le BTV-8

le scénario BASE et le scénario ZR_130km mais diminuait drastiquement dans le scénario ZR_Absence.

De même, le nombre d'exploitations ayant été infecté est resté inchangé pour le scénario ZR_130km mais a augmenté significativement dans le scénario ZR_Absence. Enfin, une diminution importante de la proportion d'élevages détectés au 31/12 a été observée pour le scénario ZR_130km, et une diminution de moindre envergure dans le scénario ZR_Absence.

Tableau 16 : Indicateurs de performance et d'impact des mesures de contrôle vis-à-vis de la FCO.

Indicateurs	Scénario BASE	Scénario ZR_130km	Scénario ZR_Absence
Prévalence limite de la surveillance programmée avant et après la primo-détection	20 % et 5 %	20 % et 5 %	20 % et 5 %
Rayons des zones de restrictions (en km)	PI = 20, ZP = 80, ZS = 50	PI = 20, ZR = 130	PI = 20
Délai entre l'exposition et la primo-détection (en j)	65 [58 ; 74]	65 [62 ; 68]	70 [63 ; 75]
Nombre d'élevages infectés à la primo-détection	147 [78 ; 324]	128 [90 ; 177]	213 [99 ; 422]
Nombre de départements-jours en ZI	27 123 [26 350 ; 27 361]	26 921 [25 651 ; 27 640]	32 205 [31 825 ; 32 657]
Distance maximale du front de propagation (en km)	108 [101 ; 195]	172 [109 ; 301]	286 [113 ; 370]
Nombre d'élevages impactés à cause des restrictions	45 242 [44 696 ; 47 931]	44 295 [43 389 ; 46 514]	22 151 [18 509 ; 28 023]
Proportion de mouvements annulés	0,093 [0,091 ; 0,095]	0,086 [0,083 ; 0,090]	0,036 [0,032 ; 0,046]
Nombre d'exploitations infectées au 31/12	6 961 [6 791 ; 7 058]	6 958 [6 604 ; 8 130]	7 785 [6 846 ; 9 160]
Proportion de détection au 31/12	0,898 [0,894 ; 0,903]	0,891 [0,887 ; 0,895]	0,894 [0,884 ; 0,897]

3.5 Comparaison de l'efficacité des mesures de surveillance et de lutte alternatives

Parmi les critères évalués, seule la proportion de détection au 31/12 n'est pas significativement modifiée par la mise en place d'une surveillance accrue et d'une seule zone de restriction (PI de 20 km autour des foyers) (Tableau 17). Le délai entre l'exposition et la primo-détection, le nombre d'élevages infectés à la primo-détection, ainsi que le nombre d'exploitations infectées au 31/12 étaient fortement diminués comme on l'observait déjà dans le scénario PROG_1%. Le nombre d'élevages impactés par les restrictions et la

Chapitre 3 : Amélioration des dispositifs de surveillance et de lutte contre le BTV-8

proportion de mouvements annulés se trouvaient aussi fortement diminués par rapport au scénario BASE, comme observé dans le scénario ZR_Absence. Comme observé dans le scénario ZR_Absence, le nombre de département-jours en ZI était lui aussi augmenté. La distance maximale du front de propagation était plus faible que dans le scénario BASE, de la même manière que pour le scénario PROG_1%.

Tableau 17 : Indicateurs de performance et d'impact des mesures de surveillance et de contrôle vis-à-vis de la FCO.

Indicateurs	Scénario BASE	Scénario PROG_1%_ZR_Absence
Prévalence limite de la surveillance programmée avant et après la primo-détection	20 % et 5 %	1 % et 1 %
Rayons des zones de restrictions (en km)	PI = 20, ZP = 80, ZS = 50	PI = 20
Délai entre l'exposition et la primo-détection (en j)	65 [58 ; 74]	11 [8 ; 15]
Nombre d'élevages infectés à la primo-détection	147 [78 ; 324]	30 [30 ; 30]
Nombre de départements-jours en ZI	27 123 [26 350 ; 27 361]	32 521 [32 490 ; 32 548]
Distance maximale du front de propagation (en km)	108 [101 ; 195]	100 [97 ; 104]
Nombre d'élevages impactés à cause des restrictions	45 242 [44 696 ; 47 931]	18 225 [17 649 ; 18 336]
Proportion de mouvements annulés	0,093 [0,091 ; 0,095]	0,032 [0,031 ; 0,032]
Nombre d'exploitations infectées au 31/12	6 961 [6 791 ; 7 058]	6 352 [6 218 ; 6 406]
Proportion de détection au 31/12	0,898 [0,894 ; 0,903]	0,899 [0,892 ; 0,903]

3.7 Comparatif des coûts des différentes combinaisons de surveillance et de lutte

Le Tableau 18 présente les coûts estimés de la surveillance programmée, des dépistages pré-mouvements, ainsi que la somme de ces coûts pour chaque scénario testés. Ainsi, comme attendu, le coût de la surveillance programmée était similaire dans les scénarios BASE, ZR_130km et ZR_Absence. En effet, dans ces trois scénarios, la surveillance programmée suivait des protocoles identiques. Le coût de la surveillance programmée dans le scénario PROG_5% était plus cher que dans les trois scénarios précédents. Enfin les scénarios PROG_1% et PROG_1%_ZR_Absence ont eu un coût de la surveillance programmée quasi identique et très supérieur aux autres scénarios.

Contrairement au coût de la surveillance programmée, aucune similitude n'est observable entre les différents scénarios concernant le coût des dépistages pré-mouvements. En effet, celui-ci dépend de différents facteurs liés d'une part aux dispositifs de lutte mis en place (nombre et dimensions des ZR) mais aussi de la date de primo-détection d'autre part. Cependant, la mise en place de mesures de lutte alternatives (comme dans les scénarios ZR_130km, ZR_Absence et PROG_1%_ZR_Absence, était associée avec un coût moins élevé pour les dépistages pré-mouvement, par rapport aux scénarios avec un PI, une ZP et une ZS (comme les scénarios BASE PROG_5% et PROG_1%).

Ainsi, le coût total estimé des dispositifs de surveillance et de lutte pour les six scénarios testés est très différent et varie entre 2,5 M€ (pour le scénario ZR_Absence) et 8,2 M€ (pour le scénario PROG_1%).

Tableau 18 : Coûts des différents dispositifs pour les scénarios testés.

Scénario	Coût de la surveillance programmée (k€)	Coût des dépistages pré-mouvements (k€)	Coût total (k€)
BASE	229 [222 ; 234]	5 366 [5 247 ; 5 481]	5 593 [5 470 ; 5 717]
PROG_5%	371 [371 ; 371]	6 058 [5 443 ; 6 256]	6 429 [5 814 ; 6 626]
PROG_1%	1 941 [1 941 ; 1 941]	6 306 [6 265 ; 6 333]	8 247 [8 206 ; 8 274]
ZR_130km	229 [227 ; 231]	4 967 [4 809 ; 5 175]	5 194 [5 039 ; 5 423]
ZR_Absence	226 [222 ; 231]	2 258 [1 967 ; 2 820]	2 506 [2 195 ; 3 044]
PROG_1%_ZR_Absence	1 941 [1 941 ; 1 941]	1 953 [1 927 ; 1 979]	3 894 [3 868 ; 3 920]

4 Discussion

Dans ce chapitre, nous avons adapté un modèle de propagation du BTV initialement développé pour le Royaume-Uni pour analyser l'impact de changements dans les dispositifs de surveillance et de lutte vis-à-vis de la FCO en France en situation épizootique. Le modèle a

Chapitre 3 : Amélioration des dispositifs de surveillance et de lutte contre le BTV-8

été modifié pour tenir compte des spécificités dans les pratiques d'élevages en France et calibré avec des données d'élevages issues de la BDNI. Cependant, plusieurs limites concernant l'adaptation du modèle sont à souligner.

Le modèle inclut uniquement les données concernant la filière bovine, du fait de l'absence de données de traçabilité des petits ruminants en France. En effet, il n'existe pas de système d'identification systématique et de suivi des petits ruminants au niveau de l'élevage. Les seules données disponibles sont les données issues de recensements départementaux. Par conséquent, la simulation de la diffusion de la FCO en France se trouve privée des hôtes ovins et caprins qui auraient agi (i) comme un réservoir pour la propagation du virus *via* les *Culicoides* et (ii) comme propagateur actif *via* les mouvements commerciaux. Même si le système de la BDNI est un outil d'une redoutable précision, il n'est pourtant pas exempt de défauts. Les données concernant les intermédiaires comme les marchés ou les marchands de bestiaux n'étaient pas disponibles. La modélisation de la diffusion du BTV est donc moins représentative que dans la réalité puisqu'il manque de nombreux points de rencontre d'animaux, qui pourraient augmenter de manière significative la propagation du virus.

Le modèle adapté à la situation en France est basé sur la dynamique des populations de *Culicoides* établis dans le modèle original à partir de données de la littérature. Nous avons mis en évidence dans le chapitre 2 que l'abondance de *Culicoides* en France continentale variait fortement en amplitude et saisonnalité entre les différentes zones d'échantillonnage. Toutefois, la prise en compte de cette diversité n'a pas pu être réalisée dans le cadre de ce travail et par conséquent la dynamique des populations de culicoïdes suivait la même forme sur l'ensemble du territoire tout en étant néanmoins calibrée par les données de températures à l'échelle locale. La prise en compte de la diversité dans les courbes de dynamique des vecteurs permettrait une évaluation plus fine du ratio hôte-vecteur et par conséquent de la probabilité d'exposition des élevages à la FCO.

En tant que modèle clos, les exportations et les importations n'ont pas été introduites dans la modélisation de la diffusion de la FCO. Ainsi, les mouvements vers l'étranger, qui ont été impactés par les mesures de restriction de mouvements dans la réalité, n'ont pas été simulés dans le cadre de la modélisation. Le modèle actuel ne permet donc pas d'évaluer l'impact des différentes mesures de lutte sur ce type de mouvements commerciaux. Dans le modèle, les modalités de lutte contre la propagation du virus étaient très restrictives puisqu'aucun mouvement n'était autorisé depuis la ZS ou la ZP vers la ZI (alors que sur le terrain, les éleveurs avaient la possibilité de déplacer un bovin suite à une analyse Rt-PCR négative). De plus, il n'a pas été possible de simuler l'influence des ZSI, mises en place lors de l'hiver 2015-2016, sur les mouvements.

Chapitre 3 : Amélioration des dispositifs de surveillance et de lutte contre le BTV-8

Les exploitations qui ont servi de points de départ de la diffusion de la FCO sur le territoire ont été choisies de manière aléatoire dans le département de l'Allier à chaque simulation. Ceci a permis d'ajouter de la variabilité aux résultats, en plus de la stochasticité de l'occurrence des événements de transmission du virus au sein du modèle lui-même. C'est dans ce département que le BTV-8 a été détecté lors de sa réémergence en septembre 2015. L'introduction du virus a été réalisée à la date du 01/05 pour concorder avec l'activité vectorielle supposée des vecteurs dans ce département. En effet, l'étude présentée au chapitre 2 a permis de mettre en évidence que cette date correspondait au milieu de la phase ascendante de la dynamique des espèces de *Culicoides* (c.-à-d. entre le début de la période d'activité et le pic d'activité vectorielle) pour ces départements (zones vectorielles 3-2 et 3-3 du chap.2§3.3). D'autres simulations démarrant dans d'autres régions permettraient d'étudier la variabilité des résultats liée au point de départ de la diffusion du virus.

Bien que le scénario BASE reprenne des éléments de surveillance et de contrôle de la FCO mis en place lors de l'épizootie de 2015, les paramètres de diffusion du virus n'ont pas été optimisés de telle sorte que les simulations obtenues correspondent à la situation fin 2015 en France. En effet, parmi les huit indicateurs calculés pour évaluer les scénarios, six ne sont pas calculables à partir de la situation française à la fin de l'année 2015. Pour le délai de primo-détection, il faudrait connaître la date d'introduction du virus. La prévalence à la primo-détection, le nombre d'exploitations infectées et la proportion d'élevages détectés au 31 décembre ne peuvent quant à elles être estimées puisque le nombre d'exploitations infectées par le virus, n'est connu que par le biais des détections. De même, la proportion de mouvements annulés et le nombre d'élevages impactés par les restrictions de mouvements, ne sont pas estimables directement. En effet, les travaux du chap.1§3.2.2 démontrent que le nombre de ventes n'était pas significativement différent au cours des saisons de production avec ou sans circulation de la FCO. Cette absence de modification globale n'est pourtant pas sans avoir causé des désordres temporaires concernant les ventes de bovins en France. Toutefois, concernant les deux indicateurs restants, la taille de la ZI en 2015 était de 29 454 département-jours, et la distance maximale parcourus par le virus au 31 décembre 2015 depuis les premières exploitations détectées était d'environ 200 km. Ceci s'explique par le fait que la FCO n'a été détectée qu'en septembre, entraînant la mise en ZR de 56 départements au 31 décembre 2015. La distance importante parcourus par le virus en 2015 peut s'expliquer par le fait que le virus aurait diffusé sans être détecté avant la primo-détection de septembre. Cependant, comme le but de ce modèle n'était pas de reproduire de manière identique la situation de 2015 afin d'en expliquer les mécanismes, ces différences avec la situation observée en France en 2015 ne sont pas dommageables.

Le modèle a mis en évidence une diminution du délai de primo-détection et de la proportion d'exploitations infectées dans les scénarios avec une surveillance programmée

Chapitre 3 : Amélioration des dispositifs de surveillance et de lutte contre le BTV-8

basée sur une prévalence limite de 5 % (PROG_5%) et 1 % (PROG_1%). Il est à noter que la différence d'élevages infectés à la détection est négligeable entre les niveaux de seuil de prévalence de 5 % et 1 % (en considérant 30 élevages infectés lors de l'émergence de la maladie), ce qui suggère un effet limité d'un niveau de surveillance trop élevé. Cette étude a montré qu'en dépit d'une détection plus précoce, la taille de la ZI, ainsi que la proportion d'élevages détectés au 31/12, sont restées sensiblement égales aux valeurs obtenues avec le scénario de base, ce qui signifie qu'il n'y a pas d'effet du niveau de surveillance sur la transmission du virus entre élevages. Les simulations ont montré que le niveau de surveillance programmée de 1 % permettait de réduire le front de propagation. Ces résultats nécessiteraient toutefois d'être vérifiés par de nouvelles simulations initiées dans d'autres départements, afin de mesurer l'importance des conditions initiales sur les résultats du modèle. Le coût du dispositif de surveillance programmée permettant une détection d'une prévalence seuil de 20 %, puis intensifié avec une prévalence limite de 5 % après la primo-détection (comme dans les scénarios BASE, ZR_130km et ZR_Absence) a été évalué à 229 k€. Le coût un peu moins important observé pour le scénario ZR_Absence (226 k€) est dû à une primo-détection plus tardive et donc une intensification de la surveillance programmée plus tardive. Le renforcement de la surveillance à une prévalence seuil de 20 % à 5 % (dans le scénario PROG_5%) entraîne quelques bénéfices pour un coût total de 371 k€, tandis qu'une prévalence seuil de 1 % (dans les scénarios PROG_1% et PROG_1%_ZR_Absence) entraînerait un coût substantiel de 1,9 M€. Le coût très élevé de ces mesures de surveillance, dans le cas où elles sont associées à des mesures de lutte identique à celles du scénario BASE, apporte des bénéfices sanitaires qui apparaissent limités en regard des critères utilisés.

Concernant les mesures de lutte, nos résultats de simulation ont montré que le choix du rayon des zones de restriction autour des foyers a un impact marqué sur la diffusion de la FCO et les conséquences pour les éleveurs. Mécaniquement, le choix des rayons de chaque zone de restriction a modifié la taille de la ZI, avec des conséquences sur la proportion de mouvements annulés. En comparaison avec le modèle de base, dans le scénario ZR_130km, la présence uniquement d'un PI et d'une ZR de 130 km (non divisées en ZP et ZS) a permis à tous les mouvements prévus au sein de la ZR d'être réalisés, diminuant ainsi la proportion de mouvements annulés par rapport au scénario de base (même si le nombre d'élevages impactés par les restrictions étaient similaires dans les deux scénarios). La proportion de mouvements annulés a été plus fortement diminuée dans les scénarios ZR_Absence et PROG_1%_ZR_Absence, car en dehors du PI les élevages n'étaient pas impactés par les restrictions de mouvements. Les mouvements de bovins étant plus souvent autorisés dans les scénarios de lutte alternatifs que dans le scénario de base, la distance maximale du front de propagation s'est trouvée nécessairement augmentée, ainsi que la proportion d'élevages infectés dans le scénario ZR_Absence, soulignant les limites en matière de lutte de ce

Chapitre 3 : Amélioration des dispositifs de surveillance et de lutte contre le BTV-8

scénario. Ainsi, le coût des dépistages pré-mouvements était plus faible pour le scénario ZR_130km du fait du plus faible nombre de mouvements annulés, et diminué de manière encore plus drastique dans le scénario ZR_Absence. Concernant le scénario PROG_1%_ZR_Absence, celui-ci réunit les points forts liés à la fois à une surveillance programmée intensive (comme dans le scénario PROG_1%) et à l'absence de zone de restriction (comme dans le scénario ZR_Absence). De plus, le fait d'allier la suppression de la ZR à une surveillance programmée intensive, a permis de réduire encore plus le coût des dépistages pré-mouvements. Ainsi, avec le coût de la surveillance programmée le plus élevé parmi les six scénarios (avec le scénario PROG_1%) et le plus faible des coûts pour les dépistages pré-mouvements, le scénario PROG_1%_ZR_Absence est le deuxième moins cher des scénarios que nous avons testés.

En conclusion, les résultats issus de la comparaison de scénarios de lutte alternatifs ont mis en évidence que les diamètres des zones de restriction avaient eu un effet significatif sur la diffusion de la maladie ainsi que sur les mouvements de bovins pour les exploitants : un nombre élevé de zones de restriction et des zones de grandes tailles, entraînaient une diffusion à moins grande échelle de la maladie, ainsi qu'une augmentation du nombre d'exploitations soumises aux restrictions de mouvements. Ainsi, en 2015-2016, les mesures de lutte ont entraîné une diminution significative et anormale des ventes et exportations de génisses et broutards au niveau national et plus particulièrement pour les exploitations dans le périmètre des différentes zones de restriction (chapitre 1§3.3). Dans le cadre d'une lutte contre une maladie réglementée, le gestionnaire doit trouver le bon compromis entre mettre en place une ZR suffisamment grande pour limiter la diffusion de la maladie et maintenir une ZI couvrant la plus large aire géographique pour ne pas trop impacter la filière. Des simulations complémentaires, prenant en compte une combinaison de mesures de restriction et la vaccination, sont nécessaires pour aider le gestionnaire du risque dans le choix des mesures de lutte. En effet, des travaux récents ont montré qu'environ 41 % des doses vaccinales distribuées en 2008 avaient été distribuées à des animaux déjà immuns (du fait de la circulation antérieure du virus), et qu'une zone tampon de vaccination aurait alors permis de limiter l'expansion du virus et de réduire le nombre d'exploitations infectées en 2008 (Courtejoie, Cauchemez, *et al.* 2019). Cependant, la lutte contre une maladie vectorielle enzootique, en vue de l'établissement d'une zone indemne (voire du rétablissement du statut officiellement indemne) par l'utilisation de la vaccination, est un problème multifactoriel complexe. L'utilisation du modèle de diffusion de la maladie et la possibilité de tester de nombreuses modalités de vaccination, permettrait d'apporter une réponse la plus complète possible. Une amélioration substantielle de ce modèle serait l'incorporation des exportations dans le modèle afin de en compte l'impact économique d'une épizootie pour les exploitations dont l'exportation est l'activité principale.

Discussion générale

1 Remise en contexte des objectifs

L'objectif de ce travail de thèse était d'apporter des éléments de connaissance et d'analyse sur l'impact de la circulation du BTV-8 en France en 2015. Ce sérotype, absent du territoire depuis juin 2010, permettant ainsi le recouvrement du statut officiellement indemne pour la France en 2012, a resurgi en septembre 2015, pour finalement devenir enzootique début 2018. Malgré la proximité génétique des souches circulant actuellement avec celles lors de l'épizootie de 2007-2009, la différence de dynamique entre les deux épisodes de FCO a entraîné la mise en place de mesures de surveillance et de contrôle différentes. Cette hétérogénéité avait abouti à l'éradication apparente du virus lors du premier épisode, mais à la pérennisation de son implantation à la suite de sa résurgence. Les travaux réalisés dans le cadre de cette thèse se sont appuyés sur diverses approches analytiques pour quantifier le coût des mesures de surveillance et évaluer l'impact des mesures de lutte sur les pratiques d'échanges commerciaux et de réforme des bovins (chap.1), modéliser la dynamique saisonnière et spatiale des *Culicoides* en France (chap.2), et évaluer l'efficacité des mesures de surveillance et de lutte mises en place en 2015 et de mesures alternatives (chap.3). L'implication de ces résultats pour l'orientation des mesures de surveillance et de lutte est discutée ci-après dans le contexte épidémiologique actuel, où le sérotype 8 est devenu enzootique depuis début 2018 et où le risque d'émergence d'autres sérotypes est important (comme cela a été le cas en 2017 avec l'introduction du BTV4 (Calavas *et al.* 2017)).

2 La FCO : une maladie animale à fort impact sur la filière bovine

Dans le premier chapitre de cette thèse, nous avons mis en évidence l'impact des mesures de surveillance et de contrôle, tant pour l'Etat que pour les éleveurs. Entre septembre 2015 et fin 2016, le coût de la surveillance a été estimé à 14,6 M€ HT, répartis à hauteur de 6,0 M€ HT pour l'Etat et 8,6 M€ HT pour la filière bovine. L'augmentation importante des coûts pour l'Etat, en comparaison des années précédentes (136 k€ HT en 2014 (Hénaux *et al.* 2017)), résulte des diverses mesures de surveillance renforcée mises en place dans les élevages bovins pour faire un état des lieux de la distribution géographique de la FCO et pour identifier les ZSI en période d'inactivité vectorielle. Le coût élevé pour les éleveurs résulte de la nécessité de recourir à des dépistages pré-mouvements pour démontrer le statut indemne de leurs bovins et ainsi pouvoir les vendre en dehors des zones soumises aux restrictions ; il est toutefois à noter que les analyses de dépistage par PCR de veaux de moins de 70 jours en vue d'un échange avec l'Espagne étaient prises en charge par

Discussion générale

l'Etat (DGAL/SDSPA 2016j). Nos résultats ont montré que pour 50 % des éleveurs ayant eu recours à des dépistages pré-mouvements, les coûts étaient compris entre 102 € HT et 605 € HT. A ces coûts s'ajoutent ceux de la vaccination qui étaient totalement à leur charge, ainsi que le coût de la désinsectisation de leurs bâtiments et des moyens de transports pour les mouvements commerciaux. Nous avons souligné que ces montants sont sous-estimés car ils ne tiennent pas compte des coûts d'opportunité liés aux ressources humaines, au coût de fonctionnement, et aux charges de structure pour l'animation et la gestion administrative de ces dispositifs.

Même si cette estimation est incomplète, elle fournit des éléments d'estimation des coûts et un niveau de référence qui permet de comparer les décisions en matière de surveillance et d'identifier les aspects budgétaires qui peuvent être améliorés. La recherche par les gestionnaires et les acteurs de terrain de moyens d'améliorer l'efficacité de l'action sanitaire est permanente. Sur le terrain, celle-ci se traduit notamment par le partage de certaines opérations techniques réalisées par les vétérinaires entre différents dispositifs de surveillance (Hénaux *et al.* 2015). Ainsi, dans le cadre de la surveillance en vue de la mise en place des ZSI, il a été encouragé, dans la mesure du possible, d'utiliser les prélèvements réalisés dans le cadre de la prophylaxie annuelle d'autres maladies réglementées pour la première série d'analyses FCO.

En Europe, quelques chiffres sont disponibles sur le coût d'épizooties de FCO dans d'autres pays. En Autriche, les coûts de vaccination ont été estimés à 15,6 M€ et les honoraires vétérinaires pour la surveillance programmée à 7,3 M€ entre janvier 2005 et décembre 2013 (Pinior *et al.* 2015). En Wallonie (région sud de la Belgique), une fourchette entre 32,3 et 104,8 M€ a été estimée pour les coûts et pertes entre l'été 2006 et l'automne 2007, incluant la dynamique de mouvements commerciaux de bovins, les coûts de traitements vétérinaires, de mortalité, de troubles de reproduction, et de diminution de production animale (Hanon *et al.* 2009). Les différences dans la nature des coûts inclus et les périodes étudiées limitent la comparaison de ces coûts et soulignent la nécessité d'obtenir une estimation la plus détaillée possible.

Pour compléter cette analyse financière, nous avons mené une étude statistique visant à quantifier les modifications dans la dynamique des mouvements commerciaux et la mortalité des bovins, selon l'exposition des élevages aux mesures de contrôle et de surveillance. Les élevages situés dans les départements touchés par les premières zones de restriction ont été très impactés dans leurs ventes et exportations, avec des diminutions pouvant aller jusqu'à 94 % et 62 % pour les exportations et ventes de broutards et génisses respectivement, en octobre 2015. Nous avons aussi mis en évidence que lors du changement de statut d'un département de ZI à ZR, les éleveurs étaient plus enclins à envoyer leurs

Discussion générale

animaux à la boucherie (jusqu'à 44 % supplémentaire). Même les élevages non soumis aux mesures de contrôle ont montré des modifications de leurs pratiques commerciales, dans le but certainement de prévenir la mise en place dans leur département de restrictions et de se protéger des coûts engendrés par les contraintes sur la vente des animaux. Il faudrait évaluer dans quelle mesure ces changements de pratiques ont impacté les bilans comptables des exploitations, du fait de prix de vente réduits.

Des travaux complémentaires ont comparé l'impact de la circulation de la FCO et des mesures de lutte sur la mortalité bovine, au cours des épizooties de 2007-2008 et 2015-2016 (Brilleaud 2019). En effet, lors de l'épizootie de 2007-2008, les mesures règlementaires avaient été source de mortalité dans les élevages bovins (Tago *et al.* 2014). A partir d'une approche de modélisation de série temporelle (précédemment utilisée pour mettre en évidence et quantifier la surmortalité des bovins dans d'autres contextes (Perrin *et al.* 2011; Perrin, Ducrot, *et al.* 2010), il a été montré une augmentation de la mortalité bovine de 44 % entre le 1^{er} juillet 2007 et le 31 décembre 2008 (Brilleaud 2019). Ces résultats viennent compléter l'étude de Perrin *et al.* (Perrin, Mounaix, *et al.* 2010) qui avait mis en évidence l'impact spatio-temporel de la FCO sur la mortalité en 2007. En comparaison, sur la période du 1^{er} juillet 2015 au 31 décembre 2016, l'augmentation de la mortalité a été estimée à 53 %. Toutefois, des analyses réalisées par l'Observatoire de la mortalité des animaux de rente de la plateforme ESA suggèrent que la surmortalité observée en 2015-2016 était multifactorielle. En effet, une forte hausse de la mortalité a été mise en évidence au niveau national depuis 2016 (Sala *et al.* 2018). Une hypothèse avancée pour expliquer cette surmortalité est une alimentation de mauvaise qualité liée à la réduction de la quantité et de la qualité des fourrages suite à des épisodes de sécheresse récurrents depuis 2014. A cela s'ajoute la crise économique qui touche la filière bovine depuis quelques années et qui entraîne une baisse du chiffre d'affaire des éleveurs, avec des répercussions potentielles sur l'état sanitaire des troupeaux (Anonyme 2013a; 2014; Guesdon 2016; Mollier, Ladet, et Connehaye 2015). Grossièrement, en se basant pour les deux épizooties sur la période où la France était en zone réglementée (soit juillet-décembre 2008 et juillet-décembre 2016), et en supposant que le nombre de morts par foyer était similaire au cours des deux épizooties (3,4 morts par foyer entre juillet et décembre 2008), la surmortalité attribuable à la FCO en 2016 a été estimée à environ 11 % de la surmortalité observée sur cette période (Brilleaud 2019). Cette valeur doit toutefois être interprétée avec précaution du fait d'une sous-estimation probable du nombre de foyers : certains foyers n'ont pas été détectés du fait de l'immunité d'une partie de la population (liée à l'infection au cours de l'épizootie de 2007-2008, aux campagnes de vaccination obligatoire contre la FCO-8 entre 2008 et 2010 où environ 90 % de la population bovine a été vaccinée (Bournez, Cavalerie, *et al.* 2018) et aux campagnes de vaccination facultative entre 2010 et 2012 (Courtejoie, Durand, *et al.* 2018).

Discussion générale

Il serait intéressant de poursuivre ces travaux par une étude de l'impact de la circulation de la FCO sur les avortements. En effet, bien que les signes cliniques observés en 2015-2016 aient été les mêmes qu'en 2007-2008 (Pandolfi *et al.* 2018), les suspicions cliniques ont été majoritairement faites suite à des avortements, contrairement à l'épizootie de 2007 (Pandolfi *et al.* 2018). Ce type d'évaluation permettrait de quantifier les pertes économiques liées aux avortements et à la baisse de production laitière (Nusinovici *et al.* 2012b; 2013).

3 Les *Culicoides*, vecteurs de maladie et vecteurs d'informations

Dans le second volet de cette thèse, nous avons développé un modèle de prédiction de l'abondance spatio-temporelle des *Culicoides* en France continentale en utilisant les données de surveillance entomologique collectées lors de précédentes campagnes. Ce modèle s'appuie sur les données de températures pour prédire l'abondance relative quotidienne de *Culicoides*. Cette étude a permis de valider la pertinence du partitionnement géographique en zones vectorielles sur lequel repose le dispositif de surveillance entomologique, en comparaison d'une surveillance aléatoire sur le territoire (sans partitionnement) ou d'un partitionnement iso-hygro-thermique (qui visait à obtenir des zones géographiques présentant un compromis entre leur compacité géographique et l'homogénéité des températures et de l'hygrométrie). Les résultats de la modélisation étaient meilleurs avec le partitionnement vectoriel, ce qui signifie que celui-ci reflète davantage la diversité de la dynamique des populations de vecteur sur le territoire qu'un partitionnement basé uniquement sur la température et l'humidité, confirmant ainsi son utilité pour la surveillance entomologique. En effet, alors que le partitionnement iso-hygro-thermique ne prenait en compte que la température et l'humidité, le partitionnement vectoriel, utilisant les données historiques, permettait de prendre en compte, l'ensemble des variables influençant la dynamique des *Culicoides* : la température, l'humidité, la pluviométrie, l'occupation des sols, et potentiellement d'autres variables dont l'influence n'aurait pas encore été identifiée.

Cette avancée en termes de modélisation de l'abondance des *Culicoides* pourrait permettre de faire progresser la surveillance des maladies transmises par les *Culicoides*. A partir de cette modélisation, il est possible de déterminer des températures seuils, nécessaire au développement des populations de *Culicoides* dans chaque zone vectorielle et d'identifier ainsi les périodes d'activité et d'inactivité vectorielle. Des mesures de lutte entomologique ou de restriction de mouvements de bovins, pourraient être ainsi mises en place localement, en réaction au dépassement du seuil thermique. Cette méthode est déjà utilisée en Sicile pour mettre en place des mesures de restriction de mouvements, à partir de relevés de températures (Cappai *et al.* 2018; Rolesu 2019). Cette connaissance est

Discussion générale

également un préalable à la mise en œuvre d'une surveillance plus efficace, ciblant les semaines de fin de période d'activité vectorielle pour démontrer l'absence de populations vectorielles, et les semaines où la population est susceptible de ré-émerger pour déterminer la reprise de l'activité vectorielle.

4 La modélisation mathématique au service de l'amélioration de la surveillance

La dernière partie de cette thèse visait à mesurer l'efficacité du dispositif de surveillance existant en 2015 et des mesures de restrictions mises en œuvre à la détection du virus et de les comparer à des mesures alternatives. Nos travaux se sont appuyés sur un modèle de propagation de la FCO développé initialement pour le Royaume-Uni, et qui a donc nécessité d'être adapté au système d'élevage bovin français, ainsi qu'aux mesures de surveillance et de lutte réglementaires. Nos résultats ont mis en évidence l'intérêt d'un niveau de surveillance programmée plus élevé que celui recommandé par la réglementation européenne (basée sur une prévalence limite de 20 %) pour réduire le délai de primo-détection, permettant ainsi une application des mesures de lutte avant une diffusion trop importante dans la population. Une telle évolution augmenterait le coût de la surveillance. En effet, à partir des données sur les coûts de la surveillance, nous pouvons estimer qu'un dispositif capable de détecter une prévalence de 5 % aurait coûté environ 371 k€ HT, 1,9 M€ HT pour une prévalence de 1%, contre 229 k€ HT pour le dispositif en place avant 2015 basé sur une prévalence limite de 20 %. Toutefois, nos résultats ont montré qu'une détection plus précoce de la surveillance permettait en général de réduire la distance maximale de diffusion de la maladie (même si l'étendue géographique de la diffusion du virus peut varier en fonction des distances de mouvements des bovins infectés), permettant ainsi de limiter la zone soumise aux restrictions. Notre modèle a également mis en évidence que l'utilisation d'une seule zone de restriction (ZR = 130 km), voire aucune, au lieu de deux zones contiguës de restrictions (ZP = 80 km et ZS = 50 km) permettait de réduire le coût des dépistages pré-mouvements de 5,4 M€ HT pour la configuration initiale de septembre 2015 à 5,0 M€ HT avec une seule ZR et à 2,3 M€ HT pour l'absence de ZR.

D'autres moyens de surveillance pourraient être envisagés pour améliorer l'efficacité, en réduisant notamment les coûts. Supprimer la surveillance programmée au profit de la surveillance entomologique et de dépistage pré-mouvements pourrait présenter plusieurs avantages. Dans ce cas, les zones de restriction de mouvements pourraient être mises en place pendant la période d'activité vectorielle (p. ex. déterminées à partir des mesures de températures ; voir chap.2§4). D'un point de vue économique, supprimer la surveillance programmée par la surveillance entomologique présente une économie substantielle de 2,4 M€ HT en 2016 (voir chap.1§2.3). D'autre part, en 2016, 96 % des foyers ont été découverts au cours de dépistage pré-mouvements (c.-à-d. pour un transfert depuis

Discussion générale

une ZR vers une ZI, où pour une exportation) (Bournez *et al.* 2017; Bronner *et al.* 2018). Ce chiffre met en avant l'intérêt que revêt l'utilisation des dépistages pré-mouvements dans le cadre de la surveillance de cette maladie. Cependant, utiliser les dépistages pré-mouvements et la surveillance entomologique pour se substituer à la surveillance programmée aurait pour conséquence de faire porter le coût de la surveillance FCO principalement sur les éleveurs (qui sont également en charge de la surveillance programmée des autres maladies réglementées (pour un coût annuel total de 31,4 M€ HT (Hénaux *et al.* 2017)), l'Etat ayant à sa charge la surveillance événementielle, la gestion des suspicions et la surveillance entomologique.

Plusieurs limites à ce modèle de simulation ont été soulignées, notamment la non prise en compte des élevages et des échanges de petits ruminants (entraînant une sous-estimation de la diffusion de la maladie dans le modèle) et de l'hétérogénéité des dynamiques saisonnières des *Culicoides* entre les différentes zones vectorielles (ce qui a pu impacter le risque d'exposition des hôtes au vecteur, influençant par conséquent la prévalence intra-élevage et la diffusion entre élevages). L'ajout d'un volet financier, pour quantifier les coûts associés aux mesures de surveillance et de lutte simulées par le modèle, permettra de comparer le ratio coût-efficacité de chaque scénario et d'identifier les combinaisons de mesures les plus efficaces (selon différentes situations initiales d'épizootie). Dans le contexte actuel d'enzootie du BTV-8 sur le territoire continental, le modèle pourrait servir, entre autres, à évaluer l'intérêt de campagnes de vaccination. L'usage de modèles informatiques permettrait d'explorer de nombreuses possibilités afin d'apporter une réponse appropriée.

5 Conclusion

Ce travail de thèse a permis d'apporter des éléments objectifs sur l'efficacité et l'impact des mesures réglementaires de surveillance et de lutte de la FCO en France continentale, tant pour l'Etat que pour les éleveurs. Ces informations sont indispensables dans une perspective d'amélioration de l'efficacité des actions sanitaires vis-à-vis de cette maladie et de réduction des conséquences économiques pour la filière.

Références

- Agger, JF, et P Willeberg. 1991. « Production and mortality in dairy cows from, 1960–1990: Time series analysis of ecological data ». In , 357-60.
- Alexander, K. A., N. J. MacLachlan, P. W. Kat, C. House, S. J. O'Brien, N. W. Lerche, M. Sawyer, *et al.* 1994. « Evidence of natural bluetongue virus infection among African carnivores ». *American Society of Tropical Medicine and Hygiene* 51 (5): 568-76. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/7985748>.
- Anderson, Vern, Breanne Ilse, John Dhuyvetter, Charles Stoltenow, Dale Burr, Tim Schroeder, et Tyler Ingebretson. 2006. « Winter Management of the Beef Cow Herd ». *North Dakota Agricultural Experiment Station*.
- Anon. 2008. « An investigation into bluetongue. » *Irish Veterinary Journal* 61: 544-46.
- Anonyme. 1990. « Arrêté du 31 décembre 1990 relatif à la nomenclature des opérations de police sanitaire telle que prévue à l'article 4 du décret n° 90-1032 du 19 novembre 1990 ». Ministère de l'Agriculture et de l'Alimentation.
- Anonyme. 2000. « Directive 2000/75/CE arrêtant des dispositions spécifiques relatives aux mesures de lutte et d'éradication de la FCO ».
- Anonyme. 2004. « Arrêté du 30 septembre 2004 relatif à la rémunération des vétérinaires mandatés pour les opérations de police anitaire ». Ministère de l'Agriculture et de l'Alimentation.
- Anonyme. 2007. « Règlement (CE) n° 1266/2007 de la Commission du 26 octobre 2007 portant modalités d'application de la directive 2000/75/CE du Conseil en ce qui concerne la lutte contre la fièvre catarrhale du mouton, son suivi, sa surveillance et les restrictions applicables aux mouvements de certains animaux des espèces qui y sont sensibles (Texte présentant de l'intérêt pour l'EEE) ». *Official Journal of the European Union* 283 (37–52).
- Anonyme. 2008a. « Arrêté du 10 décembre 2008 fixant les mesures financières relatives à la fièvre catarrhale du mouton ». Ministère de l'Agriculture et de l'Alimentation.
- Anonyme. 2008b. « Arrêté du 26 août 2008 modifiant l'arrêté du 3 juillet 2006 fixant les taux des indemnités kilométriques prévues à l'article 10 du décret n° 2006-781 du 3 juillet 2006 fixant les conditions et les modalités de règlement des frais occasionnés par les déplacements temporaires des personnels de l'Etat. » *Journal Officiel de la République française*: Ministère de l'Agriculture et de l'Alimentation.
- Anonyme. 2012a. « Arrêté du 10 décembre 2012 modifiant l'arrêté du 22 juillet 2011 fixant les mesures techniques et administratives relatives à la lutte contre la fièvre

Références

- catarrhale du mouton sur le territoire métropolitain ». *Journal Officiel de la République Française* AGRG1241825A: 29.
- Anonyme. 2012b. « Arrêté du 21 décembre 2012 fixant le montant de l'acte médical vétérinaire en application de l'article L. 203-10 du code rural et de la pêche maritime. » Ministère de l'Agriculture et de l'Alimentation.
- Anonyme. 2013a. « Arrêté du 21 mai 2013 portant reconnaissance de l'état de catastrophe naturelle ». Ministère de l'Intérieur. <https://www.legifrance.gouv.fr/affichTexte.do?cidTexte=JORFTEXT000027447715>.
- Anonyme. 2013b. « Arrêté du 29 juillet 2013 relatif à la définition des dangers sanitaires de première et deuxième catégorie pour les espèces animales ». *Journal Officiel de la République française* AGRG1320208A. <https://www.legifrance.gouv.fr/affichTexte.do?cidTexte=JORFTEXT000027831750>.
- Anonyme. 2014. « Arrêté du 17 juin 2014 portant reconnaissance de l'état de catastrophe naturelle ». Ministère de l'Intérieur. <https://www.legifrance.gouv.fr/affichTexte.do?cidTexte=JORFTEXT000029110870&categorieLien=id>.
- Anonyme. 2017. « Arrêté du 28 décembre 2017 modifiant l'arrêté du 22 juillet 2011 fixant les mesures techniques et administratives relatives à la lutte contre la fièvre catarrhale du mouton sur le territoire métropolitain ». Ministère de l'Agriculture et de l'Alimentation. https://www.legifrance.gouv.fr/jo_pdf.do?id=JORFTEXT000036342163.
- Anses. 2015. « Saisine n°2015-SA-0226. Avis relatif à l'évaluation du risque lié à la réapparition du sérotype 8 de la FCO en France continentale ».
- Balenghien, C. Cêtre-Sossah, Jean-Claude Delécolle, B. Mathieu, et B. Thomas. 2008. « *Culicoides chiopterus*: confirmation of its status as potential vector of bluetongue virus in Europe. » *International society for infectious diseases*. <http://www.promedmail.org/direct.php?id=20080403.1222>.
- Balenghien, J. C. Delécolle, M. L. Setier-Rio, D. Delécolle, X. Allène, I. Rakotoarivony, B. Scheid, *et al.* 2013. « L'activité des populations de *Culicoides* en 2012 et bilan des quatre années du dispositif de surveillance ». *Bulletin Epidémiologique Santé animale - Alimentation* 59: 39-40.
- Balenghien, Jean Claude Delecolle, Marie-Laure Setier-Rio, Ignace Rakotoarivony, Xavier Allene, Roger Venail, Delphine Delecolle, *et al.* 2012. « Vecteurs du virus de la fièvre catarrhale ovine: suivi des populations de *Culicoides* en 2011 en France ». *Bulletin Epidémiologique Santé animale - Alimentation*, n° 54: 35-40. <http://agritrop.cirad.fr/567596/>.
- Balenghien, Claire Garros, Bruno Mathieu, Marie-Laure Setier-Rio, Xavier Allène, Laëticia Gardès, Ignace Rakotoarivoany, et Roger Venail. 2010. « La surveillance des

Références

- Culicoides en France ». *Bulletin Epidémiologique Santé animale - Alimentation* 35: 8–9.
- Baylis, M., L. O’Connell, et P. S. Mellor. 2008. « Rates of Bluetongue Virus Transmission between *Culicoides* *Sonorensis* and Sheep ». *Medical and Veterinary Entomology* 22 (3): 228-37. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2915.2008.00732.x>.
- Bivand, Roger S, Edzer Pebesma, et Virgilio Gomez-Rubio. 2013. *Applied Spatial Data Analysis with R*. Second edition. NY.
- Bournez, L., L. Cavalerie, C. Sailleau, E. Bréard, G. Zanella, R. Servan de Almeida, A. Pédarrieu, et al. 2018. « Estimation of French cattle herd immunity against bluetongue serotype 8 at the time of its re-emergence in 2015 ». *BMC Veterinary Research* 14 (1): 65. <https://doi.org/10.1186/s12917-018-1388-1>.
- Bournez, L., A. Fediaevsky, L. Cavalerie, S. Rautureau, C. Sailleau, E. Bréard, et S. Zientara. 2015. « Bilan de situation FCO (point n°8) – 12 novembre 2015 ». 2015. <https://www.plateforme-esa.fr/article/bilan-de-situation-fco-point-ndeg8-12-novembre-2015>.
- Bournez, L., C. Sailleau, E. Bréard, R. Servan de Almeida, A. Pédarrieu, Geneviève Libeau, S. Zientara, et al. 2017. « Bilan de la situation relative à la FCO de sérotype 8 en France continentale, au 31 décembre 2016 ». *Centre de ressources d’épidémiosurveillance en santé animale*.
- Bournez, L., C. Sailleau, E. Bréard, R. Servan de Almeida, G. Zanella, P. Hendrikx, D. Calavas, et al. 2018. « Fièvre catarrhale ovine en 2015 en France métropolitaine : ré-émergence du sérotype 8 en France continentale ». *Bulletin Epidémiologique Santé animale - Alimentation* 83.
- Bournez, L., C. Sailleau, E. Bréard, S. Zientara, G. Zanella, A. Troyano-Groux, P. Hendrikx, A. Fediaevsky, et L. Cavalerie. 2016. « Ré-émergence de la fièvre catarrhale ovine BTV-8 en France : bilan de la situation épidémiologique entre septembre et décembre 2015 ». *Bulletin Epidémiologique Santé animale - Alimentation* 74: 2.
- Braverman, Yehuda, et J.R. Linley. 1994. « Fecundity and proportions of gravid females in populations of the bluetongue vector *Culicoides imicola* (Diptera: Ceratopogonidae) and several other species in Israel ». *Journal of Medical Entomology* 31: 838–43. <https://doi.org/10.1093/jmedent/31.6.838>.
- Breard, E, A Bronner, D Calavas, J Cauchard, S Falala, M Grandcollot-Chabot, A Mercier, F Pandolfi, C Sailleau, et S Zientara. 2018. « Situation de la fièvre catarrhale ovine en Europe – point de situation au 15 janvier 2018 ». *Plateforme Epidémiosurveillance santé animale - Veille Sanitaire Internationale*. https://www.plateforme-esa.fr/sites/default/files/2018-01-16_Note_FCO_Europe.pdf.
- Breard, E., C. Sailleau, H. Quenault, P. Lucas, C. Viarouge, F. Touzain, A. Fablet, et al. 2016. « Complete Genome Sequence of Bluetongue Virus Serotype 8, Which Reemerged in

Références

- France in August 2015 ». *Genome Announcements* 4 (2). <https://doi.org/10.1128/genomeA.00163-16>.
- Brilleaud, Sophie. 2019. « Quantification de l'excès de mortalité en élevage de bovins associé à la fièvre catarrhale ovine ». Université Claude Bernard Lyon 1 - Master 2 Biostatistique Biomathématique Bioinformatique en santé - Rapport de stage.
- Bronner, A., E. Bréard, D. Calavas, M. Chabot, F. Dion, E. Garin, M. Jambon, *et al.* 2018. « Bilan de la situation relative à la fièvre catarrhale ovine de sérotype 8 (FCO-8) en France continentale au 11 septembre 2017 ». *Centre de ressources d'épidémiosurveillance en santé animale*, février. <https://www.plateforme-esa.fr/article/bilan-de-la-situation-relative-a-la-fievre-catarrhale-ovine-de-serotype-8-fco-8-en-france>.
- Calavas, D. 2017. « Etats généraux de l'Alimentation - Contribution de la Plateforme ESA sur la surveillance ». *Plateforme ESA - Epidémiosurveillance santé animale*. <https://www.plateforme-esa.fr/article/contribution-de-la-plateforme-esa-aux-etats-generaux-de-l-alimentation>.
- Calavas, D, E. Bréard, C. Sailleau, S. Zientara, J. Cauchard, et A. Bronner. 2017. « Un cas de FCO-4 chez un veau en Haute-Savoie ». *Plateforme Epidémiosurveillance santé animale - Veille Sanitaire Internationale* Groupe de suivi FCO.
- Cappai, S, F Loi, A Coccollone, M Contu, P Capece, M Fiori, S Canu, C Foxi, et S Rolesu. 2018. « Retrospective analysis of Bluetongue farm risk profile definition, based on biology, farm management practices and climatic data ». *Preventive Veterinary Medicine* 155 (juillet): 75-85. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2018.04.004>.
- Caracappa, Santo, Alessandra Torina, Annalisa Guercio, Fabrizio Vitale, A. Calabrò, Giuseppa Purpari, Vincenzo Ferrantelli, Maria Vitale, et Philip Mellor. 2003. « Identification of a novel bluetongue virus vector species of Culicoides in Sicily. » *Veterinary Record* 153: 71-4. <https://doi.org/10.1136/vr.153.3.71>.
- Carpenter, C. McArthur, R. Selby, R. Ward, D. V. Nolan, A. J. Mordue Luntz, J. F. Dallas, F. Tripet, et P. S. Mellor. 2008. « Experimental Infection Studies of UK Culicoides Species Midges with Bluetongue Virus Serotypes 8 and 9 ». *The Veterinary Record* 163 (novembre): 589-592. <https://doi.org/10.1136/vr.163.20.589>.
- Carpenter, S., E. Veronesi, B. Mullens, et G. Venter. 2015. « Vector competence of Culicoides for arboviruses: three major periods of research, their influence on current studies and future directions ». *Scientific and Technical Review of the Office International des Epizooties* 34: 97-112. <https://doi.org/10.20506/rst.34.1.2347>.
- Carpenter, Simon, Anthony Wilson, James Barber, Eva Veronesi, Philip Mellor, Gert Venter, et Simon Gubbins. 2011. « Temperature Dependence of the Extrinsic Incubation Period of Orbiviruses in Culicoides Biting Midges ». *PLoS One* 6 (11): e27987. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0027987>.

Références

- Charron, Maud V. P., Georgette Kluiters, Michel Langlais, Henri Seegers, Matthew Baylis, et Pauline Ezanno. 2013. « Seasonal and spatial heterogeneities in host and vector abundances impact the spatiotemporal spread of bluetongue ». *Veterinary Research* 44: 44–44. <https://doi.org/10.1186/1297-9716-44-44>.
- Charron, Maud V. P., Henri Seegers, Michel Langlais, et Pauline Ezanno. 2011. « Seasonal spread and control of Bluetongue in cattle ». *Journal of Theoretical Biology* 291 (décembre): 1–9. <https://doi.org/10.1016/j.jtbi.2011.08.041>.
- Chavent, Marie, Vanessa Kuentz-Simonet, Amaury Labenne, et Jérôme Saracco. 2018. « ClustGeo: an R package for hierarchical clustering with spatial constraints ». *Computational Statistics*, janvier. <https://doi.org/10.1007/s00180-018-0791-1>.
- Chessel, D., A. B. Dufour, et J. Thioulouse. 2004. « The ade4 package -I- One-table methods ». *R News* 4: 5-10.
- Cleveland. 1979. « Robust Locally Weighted Regression and Smoothing Scatterplots ». *Journal of the American Statistical Association* 74 (368): 829-36. <https://doi.org/10.1080/01621459.1979.10481038>.
- Cleveland, William S. Cleveland, Jean E. McRae, et Irma Terpenning. 1990. « STL: A seasonal-trend decomposition procedure based on loess ». *Journal of Official Statistics* 6 (11): 3-33. <http://bit.ly/stl1990>.
- Cleveland, et Susan J. Devlin. 1988. « Locally Weighted Regression: An Approach to Regression Analysis by Local Fitting ». *Journal of the American Statistical Association* 83 (403): 596-610. <https://doi.org/10.1080/01621459.1988.10478639>.
- Cleveland, William S. 1981. « LOWESS: A Program for Smoothing Scatterplots by Robust Locally Weighted Regression ». *The American Statistician* 35 (1): 54-54. <https://doi.org/10.2307/2683591>.
- Courtejoie, N., L. Bournez, G. Zanella, et B. Durand. 2019. « Quantifying Bluetongue Vertical Transmission in French Cattle from Surveillance Data ». *Veterinary Research* 50 (1): 34. <https://doi.org/10.1186/s13567-019-0651-1>.
- Courtejoie, N., S. Cauchemez, G. Zanella, et B. Durand. 2019. « A Network-Based Approach to Modelling Bluetongue Spread in France ». *Preventive Veterinary Medicine* 170 (octobre): 104744. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2019.104744>.
- Courtejoie, N., B. Durand, E. Breard, C. Sailleau, D. Vitour, S. Zientara, A. Gorlier, et al. 2018. « Serological Status for BTV-8 in French Cattle Prior to the 2015 Re-Emergence ». *Transboundary and Emerging Diseases* 65 (1): e173-82. <https://doi.org/10.1111/tbed.12718>.
- Courtejoie, N., H. Salje, B. Durand, G. Zanella, et S. Cauchemez. 2018. « Using serological studies to reconstruct the history of bluetongue epidemic in French cattle under successive vaccination campaigns ». *Epidemics* 25 (décembre): 54-60. <https://doi.org/10.1016/j.epidem.2018.05.005>.

Références

- Courtejoie, N., G. Zanella, et B. Durand. 2018. « Bluetongue Transmission and Control in Europe: A Systematic Review of Compartmental Mathematical Models ». *Preventive Veterinary Medicine* 156 (août): 113-25. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2018.05.012>.
- Crambes, Christophe, Alois Kneip, et Pascal Sarda. 2009. « Smoothing splines estimators for functional linear regression ». *The Annals of Statistics* 37: 35–72. <http://www.jstor.org/stable/25464741>.
- Crescio, M. I., F. Forastiere, C. Maurella, F. Ingravalle, et G. Ru. 2010. « Heat-related mortality in dairy cattle: A case crossover study ». *Preventive Veterinary Medicine* 97 (3-4): 191-97. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2010.09.004>.
- Dal Pozzo, F., C. Saegerman, et E. Thiry. 2009. « Bovine infection with bluetongue virus with special emphasis on European serotype 8 ». *Veterinary journal* 182 (2): 142-51. <https://doi.org/10.1016/j.tvjl.2009.05.004>.
- De Liberato, C., G. Scavia, R. Lorenzetti, P. Scaramozzino, D. Amaddeo, G. Cardeti, M. Scicluna, G. Ferrari, et G. L. Autorino. 2005. « Identification of *Culicoides obsoletus* (Diptera: Ceratopogonidae) as a vector of bluetongue virus in central Italy ». *Veterinary Record* 156 (mars): 301–4. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/15786918>.
- De Vries, A., Haile Dechassa, et Henk Hogeveen. 2015. « Too much crowding your cows costs you cash ». *Advances in Dairy Technology* 27: 275-85.
- Delécolle, Jean-Claude. 1985. « Nouvelle contribution à l'étude systématique et iconographique des espèces du genre *Culicoides*, (Diptéra) : (Cératopogonidae) du Nord-Est de la France ». Université Louis Pasteur de Strasbourg I. /z-wcorg/.
- Delooz, L., C. Saegerman, C. Quinet, T. Petitjean, N. De Regge, et B. Cay. 2017. « Resurgence of Schmallenberg virus in Belgium after 3 years of epidemiological silence ». *Transboundary and Emerging Diseases* 64: 1641–1642. <https://doi.org/10.1111/tbed.12552>.
- Department for Environment Food & Rural Affairs. 2014. « GB Bluetongue Virus Disease Control Strategy ».
- Desmecht, D., R. V. Bergh, A. Sartelet, M. Leclerc, C. Mignot, F. Misse, C. Sudraud, et al. 2008. « Evidence for transplacental transmission of the current wild-type strain of bluetongue virus serotype 8 in cattle ». *Veterinary Record* 163 (2): 50-52. <https://doi.org/10.1136/vr.163.2.50>.
- DGAL/SDSPA. 2006. FCO - dérogation à l'interdiction de sortie des zones réglementées vers un abattoir situé en France, en zone réglementées ou en zone indemne, 2006-8303 Note de service.

Références

- DGAL/SDSPA. 2007. FCO – sortie de ruminants de zone réglementée (ZR) pour abattage – transit en ZR – période de circulation virale – France continentale, 2007-8094 Note de service.
- DGAL/SDSPA. 2013. Arrêt des dispositifs de surveillance entomologique et virologique de la fièvre catarrhale ovine en France continentale, 2013-8015 Note de service.
- DGAL/SDSPA. 2015a. Conditions applicables aux mouvements, échanges et exportations de ruminants issus d'une zone réglementée au titre de la FCO en France continentale, 2015-869 Instruction technique.
- DGAL/SDSPA. 2015b. Conditions applicables aux mouvements, échanges et exportations de ruminants issus d'une zone réglementée au titre de la FCO en France continentale, 2015-883 Instruction technique.
- DGAL/SDSPA. 2015c. Conditions applicables aux mouvements, échanges et exportations de ruminants issus d'une zone réglementée au titre de la FCO en France continentale, 2015-1124 Instruction technique.
- DGAL/SDSPA. 2015d. Conditions applicables aux mouvements, échanges et exportations de ruminants issus d'une zone réglementée au titre de la FCO en France continentale., 2015-944 Instruction technique.
- DGAL/SDSPA. 2015e. Conditions applicables aux mouvements, échanges et exports de ruminants issus d'une zone réglementée au titre de la FCO en France continentale, 2015-811 Note de service.
- DGAL/SDSPA. 2015f. Conditions applicables aux mouvements, échanges et exports de ruminants issus d'une zone réglementée au titre de la FCO en France continentale., 2015-835 Instruction technique.
- DGAL/SDSPA. 2015g. Conditions applicables aux mouvements, échanges et exports de ruminants issus d'une zone réglementée au titre de la FCO en France continentale, 2015-789 Note de service.
- DGAL/SDSPA. 2015h. FCO : surveillance entomologique, 2015-916 Instruction technique. Bureau de la santé animale.
- DGAL/SDSPA. 2015i. Surveillance hivernale 2015-2016 (programmée, événementielle et renforcée lors des mouvements) de la fièvre catarrhale ovine (FCO), 2015-1159 Instruction technique.
- DGAL/SDSPA. 2015j. Surveillance (programmée et événementielle) et gestion des suspicions de la fièvre catarrhale ovine (FCO), 2015-785 Instruction technique.
- DGAL/SDSPA. 2015k. Surveillance (programmée et événementielle) et gestion des suspicions de la fièvre catarrhale ovine (FCO), 2015-753 Instruction technique.
- DGAL/SDSPA. 2015l. Surveillance (programmée, événementielle et renforcée lors des mouvements) de la fièvre catarrhale ovine (FCO), 2015-1021 Instruction technique.

Références

- DGAL/SDSPA. 2016a. Conditions applicables aux mouvements, échanges au sein de l'Union européenne et exportations de ruminants issus d'une zone réglementée au titre de la FCO en France continentale., 2016-281 Note de service.
- DGAL/SDSPA. 2016b. Conditions applicables aux mouvements, échanges au sein de l'Union européenne et exportations de ruminants issus d'une zone réglementée au titre de la FCO en France continentale., 2016-504 Instruction technique.
- DGAL/SDSPA. 2016c. Conditions applicables aux mouvements, échanges au sein de l'Union européenne et exportations de ruminants issus d'une zone réglementée au titre de la FCO en France continentale., 2016-460 Note de service.
- DGAL/SDSPA. 2016d. Conditions applicables aux mouvements, échanges au sein de l'Union européenne et exportations de ruminants issus d'une zone réglementée au titre de la FCO en France continentale., 2016-422 Note de service.
- DGAL/SDSPA. 2016e. Conditions applicables aux mouvements, échanges au sein de l'Union européenne et exportations de ruminants issus d'une zone réglementée au titre de la FCO en France continentale., 2016-74 Instruction technique.
- DGAL/SDSPA. 2016f. Conditions applicables aux mouvements, échanges au sein de l'Union européenne et exportations de ruminants issus d'une zone réglementée au titre de la FCO en France continentale., 2016-121 Instruction technique.
- DGAL/SDSPA. 2016g. Conditions applicables aux mouvements, échanges au sein de l'Union européenne et exportations de ruminants issus d'une zone réglementée au titre de la FCO en France continentale. Onzième mise à jour, 2016-765 Instruction technique.
- DGAL/SDSPA. 2016h. FCO : surveillance entomologique de novembre 2016 à mai 2017, 2016-890 Instruction technique. Bureau de la santé animale.
- DGAL/SDSPA. 2016i. FCO : surveillance entomologique pendant l'été 2016, 2016-409 Note de service. Bureau de la santé animale.
- DGAL/SDSPA. 2016j. Modalités de surveillance de la Fièvre Catarrhale Ovine (FCO): surveillance programmée pour la zone indemne et une partie des départements de la ZR, renforcée pour les mouvements depuis la ZR et surveillance événementielle au niveau national, 2016-594 Instruction technique.
- DGAL/SDSPA. 2016k. Modalités de surveillance de la Fièvre Catarrhale Ovine (FCO): surveillance programmée pour la zone indemne et une partie des départements de la ZR, renforcée pour les mouvements depuis la ZR et surveillance événementielle au niveau national (MISE A JOUR), 2016-792 Instruction technique.
- DGAL/SDSPA. 2016l. Organisation de la vaccination contre la fièvre catarrhale ovine (FCO) de sérotype 8 en France continentale en mars et avril 2016, septième mise à jour, 2016-177 Instruction technique.

Références

- DGAL/SDSPA. 2016m. Surveillance hivernale 2015-2016 (programmée, événementielle et renforcée lors des mouvements) de la fièvre catarrhale ovine (FCO) (modifiée), 2016-35 Instruction technique.
- DGAL/SDSPA. 2018a. FCO – FRANCE CONTINENTALE - conditions applicables aux mouvements des ruminants 2ème modification, 2018-156 Instruction technique.
- DGAL/SDSPA. 2018b. Mesures de surveillance et de police sanitaire vis à vis de la fièvre catarrhale ovine (FCO) en France métropolitaine., 2018-744 Instruction technique.
- Di Gialleonardo, L., P. Migliaccio, L. Teodori, et G. Savini. 2011. « The length of BTV-8 viraemia in cattle according to infection doses and diagnostic techniques ». *Research in Veterinary Science* 91 (2): 316-20. <https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2010.12.017>.
- Dijkstra, E., Ingetje Ven, Rudy Meiswinkel, D. R Hölzel, et Piet A. Rijn. 2008. « Culicoides chiopterus as a potential vector of bluetongue virus in Europe ». *The Veterinary record* 162: 422. <https://doi.org/10.1136/vr.162.13.422-a>.
- Dixon, W. J. 1950. « Analysis of Extreme Values ». *Ann. Math. Statist.* 21 (4): 488-506. <https://doi.org/10.1214/aoms/1177729747>.
- Drouet, M. 2010. « Synthèse sur l'évolution des mesures de «police sanitaire» mises en place vis-à-vis de la FCO en France ». *Bulletin Epidémiologique Santé animale - Alimentation* 35.
- Du Toit, R. M. 1944. « The transmission of blue-tongue and horse-sickness by Culicoides ». *Onderstepoort Journal of Veterinary Science and Animal Industry* 19: 7–16.
- EFSA Panel on Animal Health and Welfare. 2017. « Bluetongue: control, surveillance and safe movement of animals ». *EFSA Journal* 15: 4698. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2017.4698>.
- Elbers, A. R., A. Backx, K. Mintiens, G. Gerbier, C. Staubach, G. Hendrickx, et A. van der Spek. 2008. « Field observations during the Bluetongue serotype 8 epidemic in 2006. II. Morbidity and mortality rate, case fatality and clinical recovery in sheep and cattle in the Netherlands ». *Preventive Veterinary Medicine* 87 (1-2): 31-40. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2008.06.003>.
- European Centre for Disease Prevention and Control and European Food Safety Authority. 2018. « The importance of vector abundance and seasonality – Results from an expert consultation. » Stockholm and Parma: European Food Safety Authority.
- European Commission. 2019. *Control measures in bluetongue restricted zones*. https://ec.europa.eu/food/sites/food/files/animals/docs/ad_control-measures_bt_restrictedzones.pdf.
- Evans, Edward A. 2003. « Economic dimensions of invasive species ». *Choices* 2 (3): 2003-2.

Références

- Faverjon, Céline, et John Berezowski. 2018. « Choosing the best algorithm for event detection based on the intended application: A conceptual framework for syndromic surveillance ». *Journal of Biomedical Informatics* 85: 126-35.
- Faye, B., et L. Perochon. 1995. « [Mortality of dairy cows in an ecopathologic survey in Brittany] ». *Veterinary Research* 26 (2): 124-31. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/7735303>.
- Flannery, John, Beatriz Sanz-Bernardo, Martin Ashby, Hannah Brown, Simon Carpenter, Lyndsay Cooke, Amanda Corla, et al. 2019. « Evidence of Reduced Viremia, Pathogenicity and Vector Competence in a Re-Emerging European Strain of Bluetongue Virus Serotype 8 in Sheep ». *Transboundary and Emerging Diseases* 66 (3): 1177-85. <https://doi.org/10.1111/tbed.13131>.
- Fricker, Ronald D., Benjamin L. Hegler, et David A. Dunfee. 2008. « Comparing syndromic surveillance detection methods: EARS' versus a CUSUM-based methodology ». *Statistics in Medicine* 27 (17): 3407-29. <https://doi.org/10.1002/sim.3197>.
- Garros, C, M Duhayon, T Lefrançois, A Fediaevsky, et T Balenghien. 2017. « La surveillance entomologique des populations de Culicoides en France pendant la période supposée d'inactivité vectorielle 2015-2016 ». *Bulletin Épidémiologique Santé animale - Alimentation* Numéro spécial maladies animales réglementées Bilan 2015.
- Gibon, Christophe, et Lionel. Parle. 2016. « Modalités de fixation des tarifs des prophylaxies animales ». *CGAAER* 15046. <https://agriculture.gouv.fr/telecharger/79667?token=c8fdefa12fd94f139da347f1bf4e262b>.
- Gibon, Christophe, et Lionel. Parle. 2018. « Suivi des recommandations émises dans le rapport de mission CGAAER N°15046 sur la fixation des tarifs des prophylaxies animales. » *CGAAER* 18030. <https://agriculture.gouv.fr/telecharger/91267?token=716a6bc695526e248e7ab3b3d6532ec1>.
- Goffredo, M., M. Catalani, V. Federici, O. Portanti, V. Marini, G. Mancini, M. Quaglia, A. Santilli, L. Teodori, et G. Savini. 2015. « Vector species of Culicoides midges implicated in the 2012-2014 Bluetongue epidemics in Italy ». *Veterinaria italiana* 51 (avril): 131–8. <https://doi.org/10.12834/VetIt.771.3854.1>.
- Griner, P. F., R. J. Mayewski, A. I. Mushlin, et P. Greenland. 1981. « Selection and interpretation of diagnostic tests and procedures. Principles and applications ». *Annals of Internal Medicine*, 557–92.
- Gubbins, Simon, Simon Carpenter, Matthew Baylis, James L. N. Wood, et Philip S. Mellor. 2008. « Assessing the Risk of Bluetongue to UK Livestock: Uncertainty and Sensitivity Analyses of a Temperature-Dependent Model for the Basic Reproduction Number ». *Journal of the Royal Society, Interface* 5 (20): 363-71. <https://doi.org/10.1098/rsif.2007.1110>.

Références

- Gubbins, Simon, Jane Richardson, Matthew Baylis, Anthony J. Wilson, et José Cortiñas Abrahantes. 2014. « Modelling the continental-scale spread of Schmallenberg virus in Europe: approaches and challenges ». *Preventive Veterinary Medicine* 116: 404–411. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2014.02.004>.
- Guesdon, J. 2016. « Comprendre la crise agricole : la filière bovine ». 2016. <https://www.francebleu.fr/infos/agriculture-peche/comprendre-la-crise-agricole-la-filiere-bovine-1456220490>.
- Hallman, J. 2017. *tis: Time indexes and time indexed series*. <https://CRAN.R-project.org/package=tis>.
- Hanon, J.B., A. Uyttenhoef, F. Fecher-Bourgeois, N. Kirschvink, E. Haubruge, B Duquesne, et C. Saegerman. 2009. « Estimation des pertes économiques attribuées à la fièvre catarrhale ovine (sérotype 8) dans le sud de la Belgique durant la période 2006-2007 ». *Rencontres Recherches Ruminants* 16: 257.
- Hasler, B., K. S. Howe, E. Di Labio, H. Schwermer, et K. D. Stark. 2012. « Economic evaluation of the surveillance and intervention programme for bluetongue virus serotype 8 in Switzerland ». *Preventive Veterinary Medicine* 103 (février): 93–111. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2011.09.013>.
- Hénaux, A. Bronner, J.B. Perrin, A. Touratier, et D. Calavas. 2015. « Evaluation du coût global du dispositif de surveillance de la brucellose bovine en France en 2013 ». *Bulletin Épidémiologique Santé animale - Alimentation* 69: 28-35.
- Hénaux, David Ngwa-Mbot, Sophie Memeteau, Anne Bronner, et Didier Calavas. 2017. « Première estimation des coûts vétérinaires et de laboratoire de la surveillance et de la lutte vis-à-vis des maladies réglementées chez les ruminants en France en 2014 ». *Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation* 79: 2-11.
- Hoffmann, Bernd, Burkhard Bauer, Christian Bauer, Hans Joachim Bätza, Martin Beer, Peter-Henning Clausen, Martin Geier, et al. 2009. « Monitoring of putative vectors of bluetongue virus serotype 8, Germany ». *Emerging infectious diseases* 15: 1481–4. <https://doi.org/10.3201/eid1509.090562>.
- Horst, H. S., C. J. de Vos, F. H. Tomassen, et J. Stelwagen. 1999. « The Economic Evaluation of Control and Eradication of Epidemic Livestock Diseases ». *Revue Scientifique et Technique (International Office of Epizootics)* 18 (2): 367-79. <https://doi.org/10.20506/rst.18.2.1169>.
- Hutwagner, L., W. Thompson, GM. Seeman, et T. Treadwell. 2003. « The Bioterrorism Preparedness and Response Early Aberration Reporting System (EARS) ». *Journal of Urban Health : Bulletin of the New York Academy of Medicine* 80 (2).
- Jauniaux, T. P., K. E. De Clercq, D. E. Cassart, S. Kennedy, F. E. Vandebussche, E. L. Vandemeulebroucke, T. M. Vanbinst, B. I. Verheyden, N. E. Goris, et F. L. Coignoul. 2008. « Bluetongue in Eurasian lynx ». *Emerging Infectious Diseases* 14 (9): 1496-98. <https://doi.org/10.3201/eid1409.080434>.

Références

- Jones, K. E., N. G. Patel, M. A. Levy, A. Storeygard, D. Balk, J. L. Gittleman, et P. Daszak. 2008. « Global Trends in Emerging Infectious Diseases ». *Nature* 451 (7181): 990-93. <https://doi.org/10.1038/nature06536>.
- Katz, J., D. Alstad, G. Gustafson, et J. Evermann. 1994. « Diagnostic Analysis of the Prolonged Bluetongue Virus RNA Presence Found in the Blood of Naturally Infected Cattle and Experimentally Infected Sheep ». *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation* 6 (2): 139-42. <https://doi.org/10.1177/104063879400600201>.
- Kaufmann, Christian, Irene C. Steinmann, Daniel Hegglin, Francis Schaffner, et Alexander Mathis. 2012. « Spatio-temporal occurrence of Culicoides biting midges in the climatic regions of Switzerland, along with large scale species identification by MALDI-TOF mass spectrometry ». *Parasites & Vectors* 5 (octobre): 246. <https://doi.org/10.1186/1756-3305-5-246>.
- Kerstin, Wernike, Hoffmann Bernd, J. Conraths Franz, et Beer Martin. 2015. « Schmollenberg Virus Recurrence, Germany, 2014 ». *Emerging Infectious Diseases* 21: 1202. <https://doi.org/10.3201/eid2107.150180>.
- Kluiters, Georgette, Harry Swales, et Matthew Baylis. 2015. « Local dispersal of palaeartic Culicoides biting midges estimated by mark-release-recapture ». *Parasites & Vectors* 8 (1): 86. <https://doi.org/10.1186/s13071-015-0658-z>.
- Le Gal, M. C., B. Dufour, E. Geoffroy, G. Zanella, F. Moutou, Y. Millemann, J. N. Rieffel, et F. Pouilly. 2008. « Bluetongue Virus Serotype 8 in the Ardennes in 2007 ». *Veterinary Record* 163 (22): 668. <https://doi.org/10.1136/vr.163.22.668-b>.
- Lesage, M. 2014. « Zoonoses émergentes et réémergentes : enjeux et perspectives ». *Centre d'études et de prospective* 66.
- Lühken, Renke, Sonja Steinke, Nikolai Hoppe, et Ellen Kiel. 2015. « Effects of temperature and photoperiod on the development of overwintering immature Culicoides chiopterus and C. dewulfi ». *Veterinary Parasitology* 214 (novembre): 195–199. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2015.10.001>.
- Magliano, A., P. Scaramozzino, S. Ravagnan, F. Montarsi, D. A. Rold G, G. Cincinelli, A. Moni, P. Silvestri, A. Carvelli, et D. E. Liberato C. 2018. « Indoor and Outdoor Winter Activity of Culicoides Biting Midges, Vectors of Bluetongue Virus, in Italy ». *Medical and Veterinary Entomology* 32 (1): 70-77. <https://doi.org/10.1111/mve.12260>.
- Mathieu, Bruno, Catherine Cêtre-Sossah, Claire Garros, David Chavernac, Thomas Balenghien, Simon Carpenter, Marie-Laure Setier-Rio, et al. 2012. « Development and validation of IIC: an interactive identification key for Culicoides (Diptera: Ceratopogonidae) females from the Western Palaeartic region ». *Parasites & Vectors* 5 (juillet): 137. <https://doi.org/10.1186/1756-3305-5-137>.
- Medline. 1946. « PubMed ». 1946. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed>.

Références

- Mehlhorn, Heinz, Volker Walldorf, Sven Klimpel, Birgit Jahn, Friedhelm Jaeger, Josef Eschweiler, Bernd Hoffmann, et Martin Beer. 2007. « First occurrence of *Culicoides obsoletus*-transmitted Bluetongue virus epidemic in central Europe. » *Parasitology Research* 101 (juin): 219–228. <https://doi.org/10.1007/s00436-007-0519-6>.
- Meiswinkel, Rudy, Ludvik Gomulski, J. C. Delécolle, Maria Goffredo, et Giuliano Gasperi. 2003. « Taxonomy of *Culicoides* vector complexes – unfinished business ». *Veterinaria Italiana* 40: 151–9.
- Meiswinkel, Rudy, Piet A. Rijn, P. Leijns, et Maria Goffredo. 2007. « Potential new *Culicoides* vector of bluetongue virus in northern Europe. » *Veterinary Record* 161: 564-65. <https://doi.org/10.1136/vr.161.16.564>.
- Mellor. 1990. « The Replication of Bluetongue Virus in *Culicoides* Vectors ». *Current Topics in Microbiology and Immunology* 162: 143–161.
- Mellor, J. Boorman, et M. Baylis. 2000. « *Culicoides* biting midges: their role as arbovirus vectors ». *Annual Review of Entomology* 45 (janvier): 307–340. <https://doi.org/10.1146/annurev.ento.45.1.307>.
- Mellor, Simon Carpenter, Lara Harrup, Matthew Baylis, et Peter P. C. Mertens. 2008. « Bluetongue in Europe and the Mediterranean Basin: History of occurrence prior to 2006 ». *Preventive Veterinary Medicine*, octobre, 4-20. <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0167587708001189>.
- Mellor, et G. Pitzolis. 1979. « Observations on breeding sites and light-trap collections of *Culicoides* during an outbreak of bluetongue in Cyprus ». *Bulletin of Entomological Research* 69: 229–234.
- Mercier, A, M Grandcollot-Chabot, S Falala, P Hendrikx, S Zientara, E Bréard, C Sailleau, et al. 2018. « Évolution de la situation épidémiologique de la fièvre catarrhale ovine en Europe de 2014 à 2017 ». *Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation* 84 (3): 1-4.
- Metz, Charles E. 1978. « Basic principles of ROC analysis ». *Seminars in Nuclear Medicine* 8 (octobre): 283–298. [https://doi.org/10.1016/S0001-2998\(78\)80014-2](https://doi.org/10.1016/S0001-2998(78)80014-2).
- Meyer, Sebastian, Leonhard Held, et Michael Höhle. 2017. « Spatio-Temporal Analysis of Epidemic Phenomena Using the R Package surveillance ». *Journal of Statistical Software* 77 (11): 55. <https://doi.org/10.18637/jss.v077.i11>.
- Mollier, P., N. Ladet, et E. Connehaye. 2015. « Sécheresse 2015 : effets immédiats, questions pour l'avenir ». 2015. <http://www.inra.fr/Chercheurs-etudiants/Systemes-agricoles/Tous-les-dossiers/Analyse-de-la-secheresse-2015>.
- Morignat, Eric, Emilie Gay, Jean-Luc Vinard, Didier Calavas, et Viviane Henaux. 2015. « Quantifying the influence of ambient temperature on dairy and beef cattle mortality in France from a time-series analysis ». *Environmental Research* 140 (mai): 524-34. <https://doi.org/10.1016/j.envres.2015.05.001>.

Références

- Morignat, Eric, Emilie Gay, Jean-Luc Vinard, Didier Calavas, et Viviane Hénaux. 2017. « Temperature-mortality relationship in dairy cattle in France based on an iso-hygro-thermal partition of the territory ». *Environmental Research Letters* 12 (11): 114022. <http://stacks.iop.org/1748-9326/12/i=11/a=114022>.
- Morignat, Eric, Jean-Baptiste Perrin, Emilie Gay, Jean-Luc Vinard, Didier Calavas, et Viviane Henaux. 2014. « Assessment of the Impact of the 2003 and 2006 Heat Waves on Cattle Mortality in France ». *PLoS One* 9 (3): e93176. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0093176>.
- Mullens, B. A., A. C. Gerry, T. J. Lysyk, et E. T. Schmidtman. 2004. « Environmental Effects on Vector Competence and Virogenesis of Bluetongue Virus in Culicoides: Interpreting Laboratory Data in a Field Context ». *Veterinaria Italiana* 40 (3): 160-66.
- Narladkar, B. W., et P. R. Shivpuje. 2014. « Prevalence, population dynamics and host preferences of Culicoides spp. (Diptera: Ceratopogonidae) of livestock in Marathwada region of Maharashtra State ». *Veterinary World* 7: 18. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2014.717-726>.
- Niedbalski, W. 2015. « Bluetongue in Europe and the Role of Wildlife in the Epidemiology of Disease ». *Polish Journal of Veterinary Sciences* 18 (2): 455-61. <https://doi.org/10.1515/pjvs-2015-0060>.
- Nusinovici, S., H. Seegers, A. Joly, F. Beaudeau, et C. Fourichon. 2011. « A side effect of decreased fertility associated with vaccination against bluetongue virus serotype 8 in Holstein dairy cows ». *Preventive Veterinary Medicine* 101 (1-2): 42-50. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2011.05.011>.
- Nusinovici, S., H. Seegers, A. Joly, F. Beaudeau, et C. Fourichon. 2012a. « Quantification and at-risk period of decreased fertility associated with exposure to bluetongue virus serotype 8 in naive dairy herds ». *Journal of Dairy Science* 95 (6): 3008-20. <https://doi.org/10.3168/jds.2011-4799>.
- Nusinovici, S., H. Seegers, A. Joly, F. Beaudeau, et C. Fourichon. 2012b. « Increase in the Occurrence of Abortions Associated with Exposure to the Bluetongue Virus Serotype 8 in Naive Dairy Herds ». *Theriogenology* 78 (5): 1140-51. <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2012.05.010>.
- Nusinovici, S., C. Souty, H. Seegers, F. Beaudeau, et C. Fourichon. 2013. « Decrease in milk yield associated with exposure to bluetongue virus serotype 8 in cattle herds ». *Journal of Dairy Science* 96 (2): 877-88. <https://doi.org/10.3168/jds.2012-5800>.
- OCDE. 2007. « Incidences des flambées épizootiques et des nouvelles pratiques de lutte sur les marchés et les échanges agricoles ». TAD/CA/APM/WP(2007)12/FINAL.
- Official Journal of the European Union. 2007. « COMMISSION REGULATION (EC) No 1266/2007 of 26 October 2007 on implementing rules for Council Directive 2000/75/EC as regards the control, monitoring, surveillance and restrictions on

Références

- movements of certain animals of susceptible species in relation to bluetongue ». Luxembourg: The Publications Office of the European Union.
- Organisation Internationale des Epizooties. 2013. « Organisation mondiale de la santé animale ». 2013. http://www.oie.int/fileadmin/Home/fr/Media_Center/docs/pdf/Key_documents/FINAL-BROCHURE-FR.pdf.
- Organisation Mondiale de la Santé. 2005. « Communicable disease control in emergencies, a field manual ». 2005. https://www.who.int/hac/techguidance/pht/communicable_diseases/field_manual/en/.
- Organisation Mondiale de la Santé. 2019. « Surveillance de la santé publique ». 2019. <http://www.emro.who.int/fr/health-topics/public-health-surveillance/>.
- Palussière, M., D. Calavas, et A. Bronner. 2013. « Evaluation de la qualité des données collectées dans le cadre du dispositif de déclaration obligatoire des avortements chez les bovin sen France ». *Bulletin Epidémiologique Santé animale - Alimentation* 58: 17-20.
- Pandolfi, F., G Zanella, S. Zientara, C. Sailleau, F. Dion, E. Garin, I. Tourette, *et al.* 2018. « Les signes cliniques induits par les virus BTV-4 et BTV-8 en France métropolitaine ». *Bulletin Epidémiologique Santé animale - Alimentation* 84.
- Pebesma, Edzer, et Roger S. Bivand. 2005. « Classes and methods for spatial data in R ». *R News* 5 (2).
- Perie, P., R. Chermette, Y. Millemann, et S. Zientara. 2005. « Les Culicoides, Diptères hématophages vecteurs de la fièvre catarrhale du mouton ». *Bulletin de l'Académie Vétérinaire de France* 158: 213-24.
- Perrin, J. B., S. Desvaux, C. Sailleau, E. Bréard, C. Viarouge, L. Bournez, et S. Zientara. 2015. « Fièvre catarrhale ovine en 2014 : maintien du statut indemne en France continentale , maîtrise de l'épizootie de sérotype 1 en Corse ». *Bulletin Epidémiologique Santé animale - Alimentation* 71: 41-44.
- Perrin, J. B., C Ducrot, J. L. Vinard, P. Hendrikx, et D. Calavas. 2011. « Analyse de la mortalité bovine en France de 2003 à 2009 ». *INRA Productions Animales* 24 (3): 235-44.
- Perrin, J. B., C. Ducrot, J. L. Vinard, E. Mornigat, A. Gauffier, D. Calavas, et P. Hendrikx. 2010. « Using the National Cattle Register to Estimate the Excess Mortality during an Epidemic: Application to an Outbreak of Bluetongue Serotype 8 ». *Epidemics* 2 (4): 207-14. <https://doi.org/10.1016/j.epidem.2010.10.002>.
- Perrin, J. B., J. Languille, C. Sailleau, E. Bréard, A. Desprat, C. Viarouge, et S. Zientara. 2013. « Surveillance de la fièvre catarrhale ovine en 2012 : recouvrement du statut indemne en France continentale ». *Bulletin Epidémiologique Santé animale - Alimentation* 59: 35-38.

Références

- Perrin, J. B., B. Mounaix, V. David, J.-L. Vinard, E. Morignat, P. Hendriks, J. Lucbert, et D. Calavas. 2010. « Impact de la FCO-8 sur la mortalité des bovins en France en 2007 ». *Bulletin Épidémiologique Santé animale - Alimentation* 35 (Spécial FCO): 20-22.
- Pinior, B., K. Lebl, C. Firth, F. Rubel, R. Fuchs, S. Stockreiter, A. Loitsch, et J. Kofer. 2015. « Cost analysis of bluetongue virus serotype 8 surveillance and vaccination programmes in Austria from 2005 to 2013 ». *Veterinary journal*, août. <https://doi.org/10.1016/j.tvjl.2015.07.032>.
- Pioz, M., H. Guis, D. Calavas, B. Durand, D. Abrial, et C. Ducrot. 2011. « Estimating front-wave velocity of infectious diseases: a simple, efficient method applied to bluetongue ». *Veterinary Research* 42: 60. <https://doi.org/10.1186/1297-9716-42-60>.
- Prentice, Jamie C., Glenn Marion, Michael R. Hutchings, Tom N. McNeilly, et Louise Matthews. 2017. « Complex Responses to Movement-Based Disease Control: When Livestock Trading Helps ». *Journal of the Royal Society, Interface* 14: 20160531. <https://doi.org/10.1098/rsif.2016.0531>.
- Purse, S Carpenter, G J Venter, G Bellis, et B A Mullens. 2015. « Bionomics of temperate and tropical Culicoides midges: knowledge gaps and consequences for transmission of Culicoides-borne viruses ». *Annual Review of Entomology* 60 (janvier): 373–392. <https://doi.org/10.1146/annurev-ento-010814-020614>.
- Purse, Philip S Mellor, David J Rogers, Alan R Samuel, Peter P C Mertens, et Matthew Baylis. 2005. « Climate change and the recent emergence of bluetongue in Europe ». *Nature Reviews Microbiology* 3 (2): 171-81. <https://doi.org/10.1038/nrmicro1090>.
- Quintana Seguí, Pere, Patrick Le Moigne, Yves Durand, Eric Martin, Florence Habets, Martine Baillon, Claire Canellas, Laurent Franchisteguy, et Sophie Morel. 2008. « Analysis of Near-Surface Atmospheric Variables: Validation of the SAFRAN Analysis over France ». *Journal of Applied Meteorology and Climatology* 47: 92. <https://doi.org/10.1175/2007JAMC1636.1>.
- R Development Core Team. 2015. *R: A language and environment for statistical computing*. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing. <https://www.R-project.org/>.
- Raboisson, Didier, Pauline Trillat, Marie Dervillé, Célia Cahuzac, et Elise Maigné. 2018. « Defining health standards through economic optimisation: The example of colostrum management in beef and dairy production ». *PLoS One* 13 (5): e0196377. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0196377>.
- Racloz, V., R. Straver, M. Kuhn, B. Thur, T. Vanzetti, K.D.C. Stärk, C. Griot, et A. Cagienard. 2006. « Establishment of an early warning system against Bluetongue virus in Switzerland ». *Schweizer Archiv für Tierheilkunde* 148 (11): 593-98. <https://doi.org/10.1024/0036-7281.148.11.593>.
- Rivière, Julie, Yann Le Strat, Pascal Hendriks, et Barbara Dufour. 2017. « Cost-Effectiveness Evaluation of Bovine Tuberculosis Surveillance in Wildlife in France (Sylvatub System)

Références

- Using Scenario Trees ». *PloS One* 12 (8): e0183126-e0183126. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0183126>.
- Robin, Xavier, Natacha Turck, Alexandre Hainard, Natalia Tiberti, Frédérique Lisacek, Jean-Charles Sanchez, et Markus Müller. 2011. « pROC: an open-source package for R and S+ to analyze and compare ROC curves ». *BMC Bioinformatics* 12 (mars): 77. <https://doi.org/10.1186/1471-2105-12-77>.
- Roger, Bivand, et Lewin-Koh Nicholas. 2017. *maptools: tools for reading and handling spatial objects* (version R package version 0.9-2). CRAN. <https://CRAN.R-project.org/package=maptools>.
- Rolesu, S. 2019. « Agrometeorological and health data integration in a bluetongue predictive model ». In . Cagliari, Italie.
- Romon, P., M. Higuera, J. C. Delecolle, T. Baldet, G. Aduriz, et A. Goldarazena. 2012. « Phenology and attraction of potential Culicoides vectors of bluetongue virus in Basque Country (northern Spain) ». *Veterinary Parasitology* 186 (mai): 415–24. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2011.11.023>.
- Rossi, Sophie, Maryline Pioz, E. Beard, Benoit Durand, P. Gibert, D. Gauthier, François Klein, et al. 2014. « Bluetongue Dynamics in French Wildlife: Exploring the Driving Forces ». *Transboundary and emerging diseases* 61. <https://doi.org/10.1111/tbed.12061>.
- Saegerman, C., D. Berkvens, et P. S. Mellor. 2008. « Bluetongue epidemiology in the European Union ». *Emerging Infectious Diseases* 14 (4): 539–44. <https://doi.org/10.3201/eid1404.071441>.
- Sailleau, C., E. Bréard, C. Viarouge, D. Vitour, A. Romey, A. Garnier, A. Fablet, et al. 2015. « Re-emergence of bluetongue virus serotype 8 in France, 2015 ». *Transboundary and Emerging Diseases* 64: 998–1000. <https://doi.org/10.1111/tbed.12453>.
- Sala, Carole, Fredric Laloy, Magali Ruiz, Anne Bronner, Didier Calavas, et Anne Touratier. 2018. « Omar - Observatoire de la mortalité chez les bovins - Derniers développements et mise en application dans le suivi de l'augmentation de la mortalité en 2016-2017 ». In , Communication orale. Conference Proceeding.
- Salmon, Maëlle, Dirk Schumacher, et Michael Höhle. 2016. « Monitoring Count Time Series in R: Aberration Detection in Public Health Surveillance ». *Journal of Statistical Software* 70 (10): 1-35. <https://doi.org/10.18637/jss.v070.i10>.
- Sanders, Christopher J., Chris R. Shortall, Simon Gubbins, Laura Burgin, John Gloster, Richard Harrington, Don R. Reynolds, Philip S. Mellor, et Simon Carpenter. 2011. « Influence of season and meteorological parameters on flight activity of Culicoides biting midges ». *Journal Of Applied Ecology* 48: 1355–1364. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2664.2011.02051.x>.
- Savini, G., M. Goffredo, F. Monaco, A. Di Gennaro, M. A. Cafiero, L. Baldi, P. De Santis, R. Meiswinkel, et V. Caporale. 2005. « Bluetongue virus isolations from midges

Références

- belonging to the obsoletus complex (Culicoides, Diptera: Ceratopogonidae) in Italy ». *Veterinary Record* 157: 133–139. <https://doi.org/10.1136/vr.157.5.133>.
- Savini, M. Goffredo, F. Monaco, A. Di Gennaro, P. de Santis, R. Meiswinkel, et V. Caporale. 2004. « The isolation of bluetongue virus from field populations of the Obsoletus Complex in central Italy ». *Veterinaria italiana* 40 (juillet): 286–91. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/20419680>.
- Savini, F. Monaco, Paola Santis, et Rudy Meiswinkel. 2003. « Transmission of bluetongue virus in Italy ». *Veterinary Record* 152: 119.
- Schulz, C., E. Breard, C. Sailleau, M. Jenckel, C. Viarouge, D. Vitour, M. Palmarini, et al. 2016. « Bluetongue virus serotype 27: detection and characterization of two novel variants in Corsica, France ». *Journal of General Virology* 97 (9): 2073-83. <https://doi.org/10.1099/jgv.0.000557>.
- Searle, Kate R., James Barber, Francesca Stubbins, Karien Labuschagne, Simon Carpenter, Adam Butler, Eric Denison, et al. 2014. « Environmental drivers of Culicoides phenology: how important is species-specific variation when determining disease policy? » *PLoS One* 9: e111876. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0111876>.
- Sellers, R.F. 1991. « Weather, Culicoides, and the distribution and spread of Bluetongue and African Horse Sickness virus. In Bluetongue, African horse Sickness and Related Orbiviruses (T.E. Walton & B.I. Osburn, eds). » In . Vol. T.E. Walton & B.I. Osburn,. Paris: CRC Press, Boca Raton,.
- Sellers, R.F. 1996. « Weather, Culicoides, and the distribution and spread of Bluetongue and African Horse Sickness viruses. » In *Proceedings of the second international symposium on Bluetongue, African Horse Sickness and related Orbiviruses*, édité par Walton TE et Osburn BI, 284-91. Paris.
- Sergent, ESG. 2018. « Calculateurs épidémiologiques EpiTools ». 2018. <http://epitools.ausvet.com.au>.
- Singer, R. S., N. J. MacLachlan, et T. E. Carpenter. 2001. « Maximal Predicted Duration of Viremia in Bluetongue Virus-Infected Cattle ». *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation* 13 (1): 43-49. <https://doi.org/10.1177/104063870101300109>.
- Slama, Darine, Hamouda Babba, et Emna Chaker. 2017. « Culicoides spp. (Diptera: Ceratopogonidae) in Tunisia ». In , 213-29.
- Stull, C. L., V. Messam L. L. Mc, C. A. Collar, N. G. Peterson, A. R. Castillo, B. A. Reed, K. L. Andersen, et W. R. VerBoort. 2008. « Precipitation and temperature effects on mortality and lactation parameters of dairy cattle in California ». *Journal of Dairy Science* 91 (12): 4579-91. <https://doi.org/10.3168/jds.2008-1215>.
- Tago, D., J. K. Hammitt, A. Thomas, et D. Raboisson. 2014. « Cost assessment of the movement restriction policy in France during the 2006 bluetongue virus episode

Références

- (BTV-8) ». *Preventive Veterinary Medicine* 117 (décembre): 577–89. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2014.10.010>.
- Templeton, Sarah, Randi Black, et Peter Krawczel. 2014. *The effects of overcrowding on the behavior of lactating dairy cows in free-stall housing systems*.
- Torina, A., S. Caracappa, P. S. Mellor, M. Baylis, et B. V. Purse. 2004. « Spatial distribution of bluetongue virus and its *Culicoides* vectors in Sicily ». *Medical and Veterinary Entomology* 18 (juin): 81–9. <https://doi.org/10.1111/j.0269-283X.2004.00493.x>.
- Turner, J., R. G. Bowers, et M. Baylis. 2012. « Modelling bluetongue virus transmission between farms using animal and vector movements ». *Scientific Reports* 2: 319. <https://doi.org/10.1038/srep00319>.
- Turner, J., A. E. Jones, A. E. Heath, M. Wardeh, C. Caminade, G. Kluiters, R. G. Bowers, A. P. Morse, et M. Baylis. 2019. « The effect of temperature, farm density and foot-and-mouth disease restrictions on the 2007 UK bluetongue outbreak ». *Scientific Reports* 9 (1): 112. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-35941-z>.
- Vanbinst, T., F. Vandebussche, E. Vandemeulebroucke, I. De Leeuw, I. Deblauwe, G. De Deken, M. Madder, E. Haubruge, B. Losson, et K. De Clercq. 2009. « Bluetongue virus detection by real-time rt-pcr in *Culicoides* captured during the 2006 epizootic in Belgium and development of an internal control ». *Transboundary and Emerging Diseases* 56: 170–177. <https://doi.org/10.1111/j.1865-1682.2009.01077.x>.
- Vandebussche, F., T. Vanbinst, B. Verheyden, W. Van Dessel, L. Demeestere, P. Houdart, G. Bertels, et al. 2008. « Evaluation of Antibody-ELISA and Real-Time RT-PCR for the Diagnosis and Profiling of Bluetongue Virus Serotype 8 during the Epidemic in Belgium in 2006 ». *Veterinary Microbiology* 129 (1-2): 15-27. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2007.10.029>.
- Venail, Roger, Thomas Balenghien, Hélène Guis, Annelise Tran, Marie-Laure Setier-Rio, Jean Claude Delecolle, Bruno Mathieu, et al. 2012. « Assessing Diversity and Abundance of Vector Populations at a National Scale: Example of *Culicoides* Surveillance in France after Bluetongue Virus Emergence ». In *Arthropods as Vectors of Emerging Diseases*, édité par Heinz Mehlhorn, 77–102. 3. Heidelberg, Germany: Springer. https://doi.org/10.1007/978-3-642-28842-5_4.
- Venter, Solomon N. B. Boikanyo, et Chantel J. de Beer. 2019. « The influence of temperature and humidity on the flight activity of *Culicoides imicola* both under laboratory and field conditions ». *Parasites & Vectors* 12 (1): 4. <https://doi.org/10.1186/s13071-018-3272-z>.
- Venter, E.M. Nevill, et T.C. Van Der Linde. 1997. « Seasonal abundance and parity of stock-associated *Culicoides* species (Diptera: Ceratopogonidae) in different climatic regions in southern Africa in relation to their viral vector potential. » *Onderstepoort Journal of Veterinary Research* 64: 259–271.

Références

- Verhoef, F. Arné, Gert J. Venter, et Christopher W. Weldon. 2014. « Thermal limits of two biting midges, *Culicoides imicola* Kieffer and *C. bolitinos* Meiswinkel (Diptera: Ceratopogonidae) ». *Parasites & Vectors* 7 (août): 384. <https://doi.org/10.1186/1756-3305-7-384>.
- Villard, Pierre, Facundo Muñoz, Thomas Balenghien, Thierry Baldet, Renaud Lancelot, et Viviane Hénaux. 2019. « Modeling *Culicoides* abundance in mainland France: implications for surveillance ». *Parasites & Vectors* 12 (1): 391. <https://doi.org/10.1186/s13071-019-3642-1>.
- Vitour, D., J. Guillotin, C. Sailleau, C. Viarouge, A. Desprat, F. Wolff, G. Belbis, *et al.* 2011. « Colostral antibody induced interference of inactivated bluetongue serotype-8 vaccines in calves ». *Veterinary Research* 42 (février): 18. <https://doi.org/10.1186/1297-9716-42-18>.
- Waldner, C. L., R. I. Kennedy, L. Rosengren, et E. G. Clark. 2009. « A field study of culling and mortality in beef cows from western Canada ». *Canadian Veterinary Journal* 50 (5): 491-99. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/19436634>.
- Ward, M. P., T. E. Carpenter, et B. I. Osburn. 1994. « Host Factors Affecting Seroprevalence of Bluetongue Virus Infections of Cattle ». *American Journal of Veterinary Research* 55 (7): 916-20. <http://europepmc.org/abstract/MED/7978629>.
- Waret-Szkuta, A., P. Alarcon, B. Hasler, J. Rushton, F. Corbiere, et D. Raboisson. 2017. « Economic Assessment of an Emerging Disease: The Case of Schmallenberg Virus in France ». *Revue Scientifique et Technique (International Office of Epizootics)* 36 (avril): 265–277. <https://doi.org/10.20506/rst.36.1.2627>.
- White, Steven M., Christopher J. Sanders, Christopher R. Shortall, et Bethan V. Purse. 2017. « Mechanistic model for predicting the seasonal abundance of *Culicoides* biting midges and the impacts of insecticide control ». *Parasites & Vectors* 10: 162. <https://doi.org/10.1186/s13071-017-2097-5>.
- Wilson, A. J., et P. S. Mellor. 2009. « Bluetongue in Europe: Past, Present and Future ». *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences* 364 (1530): 2669-81. <https://doi.org/10.1098/rstb.2009.0091>.
- Zanella, G., C. Chartier, et F. Biteau-coroller. 2010. « Signes cliniques de la FCO dus au sérotype 8 en France. » *Bulletin Epidémiologique Santé animale - Alimentation* 35 (1): 10-12.
- Zanella, G., B. Durand, E. Sellal, E. Breard, C. Sailleau, S. Zientara, C. A. Batten, P. Mathevet, et C. Audeval. 2012. « Bluetongue Virus Serotype 8: Abortion and Transplacental Transmission in Cattle in the Burgundy Region, France, 2008-2009 ». *Theriogenology* 77 (1): 65-72. <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2011.07.015>.
- Zientara, Stéphane Rocque, Jean-Marie Gourreau, M. Gregory, Adama Diallo, Pascal Hendrikx, Geneviève Libeau, C. Sailleau, et J. C. Delecolle. 2000. « La fièvre catarrhale ovine en Corse en 2000 ». *Epidémiologie et Santé Animale* 38: 133–144.

Références

- Zientara, C. Sailleau, et E. Bréard. 2019. « Infections trans-placentaires par le virus de la FCO sérotype 8 chez des veaux ». *Plateforme Epidémiosurveillance santé animale - Veille Sanitaire Internationale* Groupe de suivi FCO.
- Zientara, C. Sailleau, Gwenaëlle Dauphin, C. Roquier, E. M Rémond, F. Lebreton, S. Hammoumi, *et al.* 2002. « Identification of bluetongue virus serotype 2 (Corsican strain) by reverse-transcriptase PCR reaction analysis of segment 2 of the genome ». *Veterinary Record* 150: 598–601. <https://doi.org/10.1136/vr.150.19.598>.
- Zientara, C. Sailleau, C. Viarouge, D. Hoper, M. Beer, M. Jenckel, B. Hoffmann, *et al.* 2014. « Novel bluetongue virus in goats, Corsica, France, 2014 ». *Emerg Infect Dis* 20 (12): 2123-25. <https://doi.org/10.3201/eid2012.140924>.
- Zweig, M. H., et G. Campbell. 1993. « Receiver-operating characteristic (ROC) plots: a fundamental evaluation tool in clinical medicine ». *Clinical Chemistry* 39: 561. <http://clinchem.aaccjnl.org/content/39/4/561.abstract>.

Annexe 1 : Article sur la modélisation de l'abondance de *Culicoides*

Villard et al. *Parasites Vectors* (2019) 12:391
<https://doi.org/10.1186/s13071-019-3642-1>

Parasites & Vectors

RESEARCH

Open Access

Modeling *Culicoides* abundance in mainland France: implications for surveillance



Pierre Villard^{1,2,3} , Facundo Muñoz^{1,2} , Thomas Balenghien^{2,4,5}, Thierry Baldet^{1,2} , Renaud Lancelot^{1,2} and Viviane Hénaux^{3*} 

Abstract

Background: Biting midges of the genus *Culicoides* Latreille (Diptera: Ceratopogonidae) are involved in the transmission of several viruses affecting humans and livestock, particularly bluetongue (BTV). Over the last decade, *Culicoides* surveillance has been conducted discontinuously and at various temporal and spatial scales in mainland France following the BTV epizootics in 2008–2009 and its reemergence and continuous circulation since 2015. The ability to predict seasonal dynamics and spatial abundance of *Culicoides* spp. is a key element in identifying periods and areas at high risk of transmission in order to strengthen surveillance for early detection and to establish seasonally disease-free zones. The objective of this study was to model the abundance of *Culicoides* spp. using surveillance data.

Methods: A mixed-effect Poisson model, adjusted for overdispersion and taking into account temperature data at each trap location, was used to model the weekly relative abundance of *Culicoides* spp. over a year in 24 vector zones, based on surveillance data collected during 2009–2012. Vector zones are the spatial units used for *Culicoides* surveillance since 2016 in mainland France.

Results: The curves of the predicted annual abundance of *Culicoides* spp. in vector zones showed three different shapes: unimodal, bimodal or plateau, reflecting the temporal variability of the observed counts between zones. For each vector zone, the model enabled to identify periods of vector activity ranging from 25 to 51 weeks.

Conclusions: Although the data were collected for surveillance purposes, our modeling approach integrating vector data with daily temperatures, which are known to be major drivers of *Culicoides* spp. activity, provided areas-specific predictions of *Culicoides* spp. abundance. Our findings provide decisions makers with essential information to identify risk periods in each vector zone and guide the allocation of resources for surveillance and control. Knowledge of *Culicoides* spp. dynamics is also of primary importance for modeling the risk of establishment and spread of midge-borne diseases in mainland France.

Keywords: *Culicoides*, Abundance modeling, Vector-free period, Count model, Bluetongue, France

Background

Biting midges of the genus *Culicoides* Latreille (Diptera: Ceratopogonidae) are involved in the transmission of several viruses affecting both animals [e.g. bluetongue (BTV), Schmallenberg (SBV), Akabane, African horse sickness and epizootic hemorrhagic disease viruses] and humans (e.g. Oropouche fever virus). In Europe,

the incursion of BTV and SBV in the last decade has caused substantial economic losses to farmers [1–3]. Since the large scale SBV epidemic that affected 29 European countries in 2011–2013, this disease appears to have settled to a low-level endemic circulation [4, 5] and is now recognized as a farm disease. In contrast, several European countries have been repeatedly affected by the circulation of both established and newly introduced BTV strains [6, 7]. Bluetongue (BT) is a disease regulated at the European level and, since 2000, the European Commission has established a series of regulations for control and surveillance in

*Correspondence: viviane.henaux@anses.fr

³Unité Epidémiologie et Appui à la Surveillance, Laboratoire de Lyon, Université de Lyon - ANSES, 31 Avenue Tony Garnier, 69007 Lyon, France
 Full list of author information is available at the end of the article



© The Author(s) 2019. This article is distributed under the terms of the Creative Commons Attribution 4.0 International License (<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>), which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided you give appropriate credit to the original author(s) and the source, provide a link to the Creative Commons license, and indicate if changes were made. The Creative Commons Public Domain Dedication waiver (<http://creativecommons.org/publicdomain/zero/1.0/>) applies to the data made available in this article, unless otherwise stated.

infected countries [8]. Control measures include vector control, restriction to movements of live ruminants from infected to non-infected regions and vaccination. Movement restrictions, which impose major technical and economic constraints to farmers, may be lifted in areas where evidence shows no virus circulation in live-stock during vector-free periods. This decision requires a good knowledge of the temporal and spatial phenology of vector species.

In France, the main Mediterranean BTV vector, *Culicoides imicola* Keiffer, was detected for the first time on the island of Corsica in October 2000, just before the occurrence of important outbreaks of BTV serotype 2 (BTV-2) in the autumns of 2000 and 2001 [9, 10]. As a consequence, *Culicoides* surveillance was first implemented in Corsica and along the Mediterranean coast of the French mainland. This entomological surveillance was extended to the whole French mainland in 2009 to monitor vector activity following the introduction and spread of BTV-8 throughout the country in 2007–2008 [11]. The national-scale surveillance program ceased in 2012 and was implemented again in 2016–2018 following the re-emergence of BTV-8 in France in 2015 [12]. Currently, two BTV strains circulate in the French mainland (serotypes 4 and 8) and Corsica has a regulated status against several BTV strains (serotypes 1, 2, 4, 8 and 16) [13].

Entomological surveillance has been conducted by the French Agricultural Research Centre for International Development (CIRAD), mandated by The French Ministry of Agriculture and Food. During 2009–2012, *Culicoides* spp. surveillance covered the whole of mainland France with over 200 traps operating weekly or monthly depending on the season [11, 14]. During 2016–2018, the *Culicoides* spp. surveillance network has been optimized and operated in 24 zones, with one night of trapping per week at one site per zone from autumn to spring. These zones, recently named vector zones, were defined by an analysis (ascending hierarchical classification) of catch data collected during 2009–2012 to be homogeneous in terms of *Culicoides* species diversity and phenology (start and end of activity period). This entomological surveillance (which was active from November to next April) enabled the determination of periods without *Culicoides* vectors in each zone. The information provided by this network, coupled with the surveillance of viral circulation in livestock, allowed several French departments to be reported as BTV seasonally-free zones during the winters of 2016–2017 and 2017–2018, and thus restrictions on movements could be lifted for susceptible livestock from those zones. This status is critically important for livestock stakeholders to access the trade market (with

no additional cost of serological and virological testing before the movement).

Our ability to predict the seasonal dynamics and spatial abundance of *Culicoides* spp. is a key element in determining high-risk transmission periods and areas to reinforce surveillance for early detection and to establish seasonally disease-free zones [8, 15]. This knowledge is also essential for modeling the transmission and spread of *Culicoides*-borne diseases and for identifying the most effective control measures [16, 17]. The objective of our study was to model the seasonal dynamics of *Culicoides* spp. in France using a combination of temperature and catch data collected during 2009–2012 for each vector zone. The results were compared with those predicted for two alternative spatial units: mainland France and iso-hydro-thermal zones, to demonstrate the relevance of vector zones as a spatial reference unit for surveillance and modeling of diseases transmitted by *Culicoides* spp.

Methods

Data

We used *Culicoides* spp. catch data obtained from 203 capture sites throughout mainland France between the second week of 2009 and the last week of 2012. This dataset includes information on the location of capture sites (latitude and longitude), the week of capture (trapping systematically occurs on Monday or Tuesday nights) and the number of specimens collected from each trap. *Culicoides* midges were collected with suction light traps (12 V, 8 W; manufactured by Onderstepoort Veterinary Institute, Pretoria, South Africa) installed from sunset to sunrise outside at 1.5–2.0 m above ground level immediately next to the stable or on a tree within <30 m of the stable in close proximity to livestock. Traps were placed outdoors at exactly the same trapping location at the different sites throughout the entire study and operated one night on a monthly basis in winter and summer and on a weekly basis in spring and autumn. The samples were sent to CIRAD, the Interdepartmental Public Agency for Mosquito Control on the Mediterranean coast (EID-Med) or the Institute of Parasitology and Tropical Diseases of Strasbourg (IPPTS) for *Culicoides* species identification at the species level using relevant morphological identification keys [18, 19] and individual counting. We used data at the genus level, i.e. *Culicoides* spp. The catch data corresponds to the relative abundance (hereafter referred to as abundance) because only a fraction of the vector population is captured by the traps. Since the collections were performed in a standard manner, the numbers can be used to compare data between locations or sampling dates [20].

Weekly minimum and maximum air temperatures at an altitude of 2 m (in °C) were obtained for 2009–2012

from Météo-France (available at <https://donneespubliques.meteofrance.fr/>). It provided data on an 8 km square lattice and we assigned the closest meteorological data to each capture site.

Model

Culicoides and temperature data for each capture site were associated with the corresponding zone. The catch data consisted of the total number of captured *Culicoides* Y_{ijl} from the capture site i on year j in week l . We modelled *Culicoides* counts for each vector zone with a Poisson model, adjusted for overdispersion, which included a spline [21] on the week number to account for seasonal variation in count, minimum air temperatures and difference between maximum and minimum air temperatures (which were centered and reduced), and random effects on both year and capture sites:

$$P(Y_{ijl} = k) \sim \text{Poisson}(\lambda_{ijl}) \quad (1)$$

$$\log(\lambda_{ijl}) = (\beta_0 + u_{oi} + u_{oj}) + \beta_1 \times X_l + \beta_2 \times \theta_{min_{ijl}} + \beta_3 \times \theta_{delta_{ijl}} \quad (2)$$

where Y_{ijl} is the number of *Culicoides* at site i on year j in week l ; λ_{ijl} is the rate parameter at site i on year j in week l ; X_l is the natural spline value for the week l ; $\theta_{min_{ijl}}$ is the minimum air temperature at site i on year j in week l ; $\theta_{delta_{ijl}}$ is the difference between maximum and minimum air temperature at site i on year j in week l ; β_0 is the global intercept; β_1 is the slope for variable X_l ; β_2 is the slope for variable θ_{min} ; β_3 is the slope for variable θ_{delta} ; and u_{oi} , u_{oj} is the random effects of the site and the year on the intercept.

We used a natural spline with five degrees of freedom (df), which allowed one or two peaks in the *Culicoides* seasonal dynamics. In spatial units where the model did not converge, we reduced the df by a decrement of 1 df until the model finally converged.

The ability of the model to predict *Culicoides* abundance was estimated using the mean absolute error (MAE) and the root-mean-square error (RMSE). We calculated both indicators on the direct predictions to estimate the explanatory ability of the model variables and then by a cross-validation procedure to test the predictive ability of the model. For the cross-validation, we randomly partitioned the data into two sets of 90% for training and 10% for testing and calculated RMSE and MAE on the testing data. This process was performed 1000 times for each vector zone. Statistical analyses and graphical representations were performed using R with packages *splines* and *maptools* [22].

In order to evaluate the relevance of the vector zones as the reference partitioning for *Culicoides* surveillance,

we tested the model introduced above on two alternative partitionings: no partitioning (i.e. mainland France considered as a unique spatial zone), and an iso-hydro-thermal partitioning. The comparison of model predictions among partitionings was based on two criteria. The first was the ability of the model to correctly predict the presence or absence of *Culicoides* for each week (estimated using a receiver operating characteristic (ROC) curve approach [23–25]). The second was the ability of the model to provide a realistic estimate of *Culicoides* abundance (estimated by the proportion of observed data within the confidence interval predicted by each model). The methods describing the development of the iso-hydro-thermal partitioning and the results of the comparison of model predictions among partitionings are described in Additional file 1: Text S1.

We produced annual curves of abundance for each vector zone using weekly averaged temperatures over the four studied years (2009–2012). For each vector zone, the beginning and the end of the seasonally *Culicoides*-free period were defined assuming a threshold of an estimated abundance of ten *Culicoides*, which indicates significant activity [26]. The cumulated abundance of *Culicoides* over one year was obtained by calculating the area under the predicted abundance curve, with the R package *pROC* [27]. For the ease of understanding, the cumulated abundance was then transformed to a mean weekly abundance.

Statistical analyses and graphical representations were performed using R [28] with the R package *tis* [29].

Results

Each vector zone had on average 8.3 capture sites (median: 7.0; interquartile range: 5.0–11.0) during 2009–2012.

Model goodness-of-fit values and cross-validation results for each vector zone are provided in Additional file 2: Table S1. We note that the predicted values for the *Culicoides* abundance are very close to the observed values, except in four zones (1-3, 3-1, 3-3, 3-6) where extreme observed abundance resulted in large residuals and mathematically increased the MAE and RMSE values.

The mean effects and 95% confidence interval (CI) of the temperature variables (minimum temperature and temperature delta) estimated by the Poisson model for each zone are provided in Table 1. For five zones (in north-western France: 4-3, 4-5, 4-6; and eastern France: 1-2, 3-2), the overall effect of temperature was positive; for ten zones spread in the southern two-thirds of France (1-1, 1-4, 1-6, 1-7, 2-2, 2-3, 3-1, 3-3, 3-5, 5-5) the overall effect was negative; and in nine zones (1-3, 1-5, 1-8,

Table 1 Effects of minimum temperature and temperature delta on *Culicoides* relative abundance (mean and 95% confidence interval, CI) estimated from the Poisson regression model for each vector zone in mainland France

Zone	Minimum temperature		Delta temperature	
	Coefficient (95% CI)	P-value	Coefficient (95% CI)	P-value
1-1	1.02 (0.91–1.15)	7.12×10^{-1}	0.84 (0.77–0.93)	$5.33 \times 10^{-4*}$
1-2	1.13 (1.07–1.20)	7.92×10^{-6}	0.99 (0.93–1.06)	7.78×10^{-1}
1-3	1.05 (0.94–1.18)	3.86×10^{-1}	1.08 (0.95–1.24)	2.28×10^{-1}
1-4	0.86 (0.77–0.96)	$6.51 \times 10^{-3*}$	0.44 (0.31–0.62)	$1.45 \times 10^{-5*}$
1-5	1.02 (0.93–1.11)	7.17×10^{-1}	0.99 (0.90–1.08)	7.76×10^{-1}
1-6	0.83 (0.76–0.90)	$1.85 \times 10^{-5*}$	0.98 (0.91–1.05)	5.59×10^{-1}
1-7	0.85 (0.72–1.00)	$4.75 \times 10^{-2*}$	1.16 (1.00–1.35)	5.23×10^{-2}
1-8	0.98 (0.89–1.09)	7.42×10^{-1}	0.91 (0.80–1.03)	1.39×10^{-1}
2-2	0.91 (0.87–0.94)	$2.44 \times 10^{-7*}$	1.02 (0.97–1.07)	5.05×10^{-1}
2-3	1.01 (0.97–1.05)	7.17×10^{-1}	0.91 (0.87–0.94)	$3.78 \times 10^{-6*}$
2-8	1.06 (0.95–1.19)	2.91×10^{-1}	1.02 (0.91–1.15)	7.43×10^{-1}
3-1	0.99 (0.90–1.09)	8.35×10^{-1}	0.86 (0.79–0.93)	$2.67 \times 10^{-4*}$
3-2	0.99 (0.93–1.05)	6.69×10^{-1}	1.08 (1.01–1.17)	$3.74 \times 10^{-2*}$
3-3	0.93 (0.87–1.00)	$3.80 \times 10^{-2*}$	1.03 (0.96–1.11)	3.74×10^{-1}
3-4	1.06 (0.96–1.16)	2.63×10^{-1}	1.04 (0.92–1.17)	5.39×10^{-1}
3-5	0.84 (0.78–0.91)	$3.42 \times 10^{-6*}$	1.01 (0.93–1.10)	8.30×10^{-1}
3-6	0.95 (0.87–1.04)	2.50×10^{-1}	0.95 (0.87–1.04)	2.62×10^{-1}
3-8	0.99 (0.88–1.10)	8.04×10^{-1}	1.05 (0.93–1.18)	4.34×10^{-1}
4-3	1.20 (1.09–1.31)	$1.38 \times 10^{-4*}$	1.02 (0.91–1.15)	7.47×10^{-1}
4-4	1.10 (0.98–1.24)	1.17×10^{-1}	1.04 (0.911–1.18)	5.77×10^{-1}
4-5	1.07 (1.00–1.15)	5.42×10^{-2}	1.15 (1.06–1.25)	$9.13 \times 10^{-4*}$
4-6	1.12 (1.03–1.22)	$1.14 \times 10^{-2*}$	1.14 (1.03–1.25)	$7.85 \times 10^{-3*}$
5-5	0.88 (0.72–1.08)	2.14×10^{-1}	0.72 (0.57–0.91)	$8.25 \times 10^{-3*}$
6-8	1.02 (0.92–1.13)	7.04×10^{-1}	0.95 (0.85–1.06)	3.56×10^{-1}

Note: Significant P-values are indicated by *

2-8, 3-4, 3-6, 3-8, 4-4, 6-8) the two temperature variables (minimum and delta) were found to have non-significant effects; by overall effect, we mean that effects are either both significant or one significant and the other non-significant.

The curves of predicted annual *Culicoides* abundance in vector zones showed three alternative shapes (Fig 1): unimodal (e.g. zone 4-3), bimodal (e.g. zone 3-6) or plateau-like (e.g. zone 3-4), reflecting the temporal variability in observed counts among zones. Predicted maximum abundance varied also strongly among vector zones from about 200 *Culicoides* (zones 2-8 and 6-8) to over 4000 *Culicoides* at peak (zones 4-3, 4-4 and 4-6). The cumulative *Culicoides* abundance varied strongly among vector zones from about 80 to 1310 *Culicoides* on average per week (median: 344; interquartile range: 215–624; Table 2, Fig 2). Overall, the vector period lasted between 25 and 51 weeks, starting between weeks 1 (early January) and

15 (mid-April) and ending between weeks 43 (end of October) and 51 (mid-December) (Table 2).

Discussion

In the present study, we modeled and quantified the weekly relative abundance of *Culicoides* spp. over a year in mainland France, using partitioning of the territory in vector zones and taking into account temporal and spatial variations in temperatures within those zones. Several studies have described the diversity and distribution of species in mainland France from surveillance data, yet, to our knowledge, our study is the first to provide zone-specific predictions of *Culicoides* abundance, which is critical for modeling the risk of establishment and spread of midge-borne diseases [30, 31] and implement risk-based surveillance and control measures.

The predicted curves of *Culicoides* abundance showed a strong seasonal pattern, reflecting the dependence of the *Culicoides* life-cycle on climatic conditions [32, 33], with poor tolerance of midges to low temperatures [34]. Indeed, during the cold season under temperate climates, most adult *Culicoides* disappear and the species survive as larvae (either due to true larval diapausing or to the prolonged duration of larval development at lower temperatures) [35]. Then, when temperatures start increasing, adults emerge and populations grow progressively to reach a peak of abundance in spring or summer depending on locations, as a function of spring temperatures and summer dryness. Indeed, temperature decreases the larval development time, the time between two blood meals, and therefore increases the laying frequency, which leads to a positive effect on the population dynamics (and its growth), and therefore we expected the temperature to have a positive effect on abundance [36]. Conversely, temperature is negatively correlated with survival [36]. Thus, there are temperature ranges for which the impact on abundance is positive, and others for which the impact on abundance is negative. It results in positive correlations in regions where temperatures do not reach high values, negative correlations in regions with high summer temperatures, or even non-linear effects. Overall, our results underlined marked differences in the shape and level of the abundance curves (with bimodal, unimodal or plateau-like patterns) among vector zones. These temporal and spatial differences reflect the large diversity of *Culicoides* species in mainland France, which is caused by the variety of climatic conditions, edaphic factors and farming practices. The subgenus *Avaritia* Fox (composed primarily of the *Culicoides obsoletus* (Meigen)/*Culicoides scoticus* Downes & Kettle complex, *C. imicola*, *Culicoides dewulfi* Goetghebuer and *Culicoides chiopteris* (Meigen)) is the most prevalent, representing more than 80% of captures, followed by the subgenus *Culicoides*

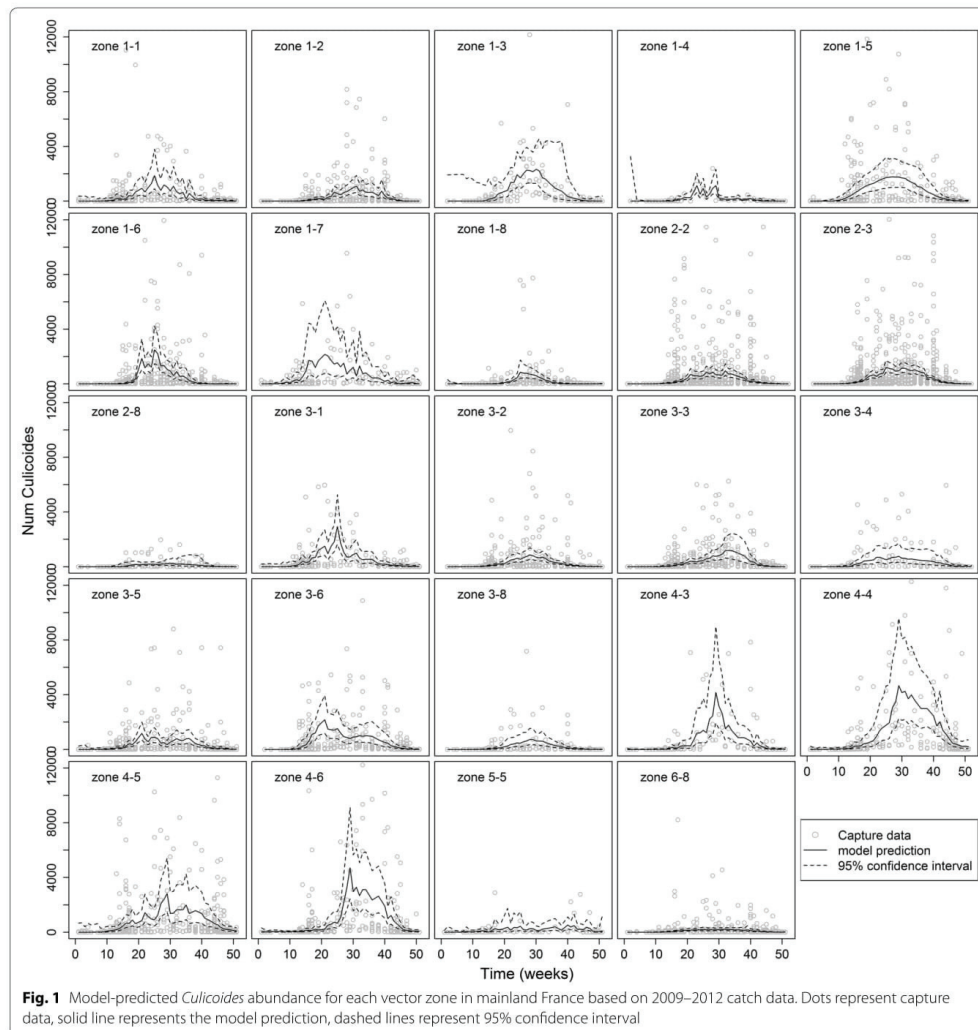


Fig. 1 Model-predicted *Culicoides* abundance for each vector zone in mainland France based on 2009–2012 catch data. Dots represent capture data, solid line represents the model prediction, dashed lines represent 95% confidence interval

(primarily, *Culicoides newsteadi* Austen and *Culicoides pulicaris* (Linnaeus)). While *C. imicola* and *C. newsteadi* are common along the Mediterranean coast and in Corsica, other species are more widespread in temperate areas, with variation in abundance between oceanic, continental or mountain regions [14]. The dominant *C. obsoletus*/*C. scoticus* exhibits bimodal patterns of abundance in southern regions of France (with peaks in late

spring and fall as populations decrease during summer due to dryness), while unimodal patterns (with a peak in summer) are more frequent the north of the country [11, 14]. Indeed, although temperatures are known as a major driver of *Culicoides* larvae development and adult activity, other variables (including rainfall, humidity, soil texture, normalized difference vegetation index, elevation, farming systems, densities of wild vertebrate hosts and

Table 2 Predicted period of vector activity in each vector zone in mainland France assuming an abundance threshold of ten *Culicoides*

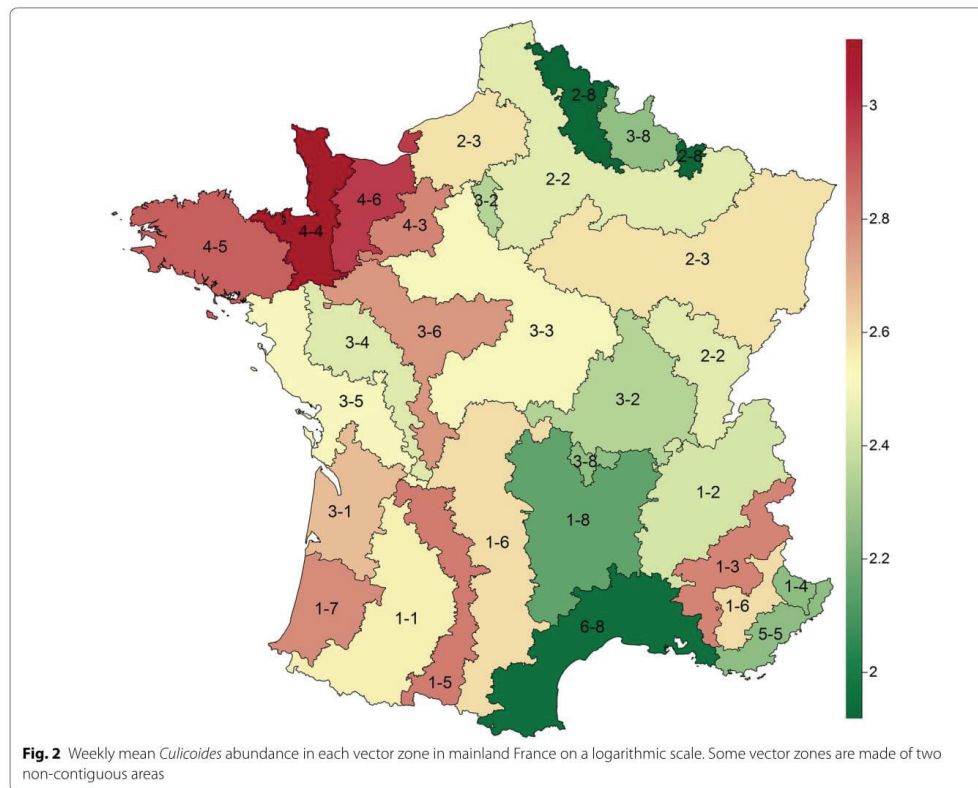
Zone	Vector period			Week of peak	Abundance at peak	Weekly mean abundance
	Starting week	Ending week	Duration			
1-1	8	51	44	25	1868	364
1-2	13	46	34	29	1104	267
1-3	13	49	37	30	2334	637
1-4	13	47	35	23; 29	1137; 1140	181
1-5	8	50	43	27	1778	674
1-6	14	43	30	25	2495	399
1-7	7	51	45	21	2168	620
1-8	17	41	25	25	860	144
2-2	11	49	39	32	964	282
2-3	10	49	40	25	1218	389
2-8	15	45	31	29	242	83
3-1	9	51	43	25	2936	472
3-2	11	49	39	28	857	224
3-3	12	47	36	32	1195	322
3-4	12	51	40	22; 29	693; 757	280
3-5	8	49	42	21	1186	325
3-6	11	49	39	21	2171	578
3-8	13	47	35	28	730	187
4-3	11	51	41	29	4167	635
4-4	7	51	39	29	4661	1309
4-5	7	51	45	29	2825	785
4-6	1	51	51	29	4712	953
5-5	8	51	44	25; 40	435; 527	183
6-8	12	47	36	25; 31	200; 208	89

land cover) may influence the phenology, distribution and abundance of midge species.

In order to simplify and reduce the cost of the monitoring of midge populations, entomological surveillance in France has relied, over the last years, on a spatial partitioning of the territory, defined from an ascending hierarchical classification of historical (2009–2011) *Culicoides* records. The comparison of model predictions based on this vector-based partitioning to those obtained with no partitioning (Additional file 1: Text S1, Figures S3, S5, S6) underlined the importance of modeling *Culicoides* abundance at a local scale to account for the spatial variation in both the distribution of species and the seasonal dynamics. Furthermore, our study showed that the vector-based partitioning provided a similar or better fit to catch data than an iso-hygro-thermal partitioning (Additional file 1: Text S1, Figures S1, S2, S4–S6), underlining the adequacy of the vector partitioning for planning surveillance and disease control activities.

The model included all available data on *Culicoides* collected during a four-year period (2009–2012), which allowed smoothing the effect of rare extreme or mild

climatic events. However, we stress that the predicted vector abundance may be misjudged to some extent for different reasons. First, the data included zero counts. While some nil values may reflect the absence of vector, in other cases, zero counts may have resulted from adverse weather conditions on the day of trapping or technical problems with the trap. We decided to include all data in the model to capture the maximum variability even if zero counts were observed during the vector activity period. The use of a Poisson model adjusted for overdispersion allowed us to reduce the influence of the excess of zero counts on the estimation of abundance during the vector period. Secondly, among all *Culicoides* species recorded in France, only some have been connected with BTV transmission. *Culicoides imicola* and, to a lower extent, *C. newsteadi* are considered the main BTV vectors in the Mediterranean area, while *C. obsoletus*, *C. scoticus*, *C. dewulfi*, *C. chiopterus* and *C. pulicaris* (which are the most abundant and widely distributed species in mainland France) are involved as BTV vectors in other parts of Europe [37–46]. Virus isolations from field-collected *C. imicola* [47] and the reproduction of the transmission



cycle in this species in experimental conditions [48] have proven this species to be a BTV vector. Likewise, *C. newsteadi*, *C. obsoletus*, *C. scoticus*, *C. dewulfi*, *C. chiopterus* and *C. pulicaris* (which are the most abundant and widely distributed species in mainland France) have either been found positive in field-collected samples [37–45, 49] or in experimentally-infected individuals [46] which suggests that they might act as vector species. These assertions are generally scientifically accepted [50] even if the vector competence of these species has not been comprehensively assessed in the laboratory due to technical issues, in particular the difficulties in feeding and maintaining *Culicoides*. As the species involved in the transmission of diseases are not exhaustively identified [37, 40, 43, 44, 46, 48, 51–57], we decided to use total *Culicoides* counts without distinction of species, which means that predicted weekly abundances may slightly overestimate the number of BTV vectors; however, the fact that species specified above represent almost 90% of all collected *Culicoides* in France

makes us confident that the use of all *Culicoides* abundance data for risk assessments are valid. On the other hand, aggregating species might represent a problem for identifying accurate temporal and spatial patterns, as different species might exhibit different seasonal trends even in the same environment [58].

The spatial variation in abundance justifies the use of a regional policy for *Culicoides* surveillance and disease control. *Culicoides*-borne viruses like BTV and SBV cannot be transmitted to the susceptible host species in absence of adult vectors. Therefore, the European Union alleviates restriction measures during periods of vector inactivity, assuming that under the commonly used threshold of five parous females per trap per night, *Culicoides* populations are considered as inactive [8]. Our models did not include information about sex or age status of captured *Culicoides*; therefore, we decided to use a threshold of ten *Culicoides* per trap per night as a limit for declaring freedom of adult activity.

The fact that less than 5% of the total *Culicoides* collected using suction light traps are males suggests that not considering sex in our catch data does not affect the quality of our conclusions. Yet, the proportion of parous females in the *Culicoides* population may vary seasonally [59, 60]. These limits may alter the predictions of weekly abundance of *Culicoides* vectors and potentially overestimate the length of the activity period. We stress that the threshold of five parous females is conservative: it is likely that an abundance of more than five parous females/trap/night is required for BTV transmission to begin, but the exact threshold is not known [61, 62]. This evidence calls for more studies to refine this threshold, adjusted for the factors that may alter BTV transmission, such as vector longevity, biting rate and viral replication rate (which are highly dependent on the temperature) and disease prevalence in hosts.

Given the continuing need for optimizing the cost-effectiveness of animal disease surveillance, the knowledge of weekly *Culicoides* abundance in each zone creates new opportunities for a more efficient organization of field actors and allocation of resources for surveillance. Indeed, our study provides key input to conduct both serological and entomological surveillance during limited time windows before the predicted start and end of the vector in each zone. It could also be used to facilitate the planning of vector control strategies and increase their efficiency.

Conclusions

Our study provides estimates of weekly abundance of *Culicoides* for 24 zones, defined to be homogenous in terms of vector diversity, inactivity period and species phenology, in mainland France. This study showed the relevance of the vector partitioning (based on 24 traps versus about 160 traps previously). Beyond the value of these results for allocating efficiently the surveillance effort and resources, the knowledge of local *Culicoides* abundance is an essential component of epidemiological models to simulate the risk of exposure of susceptible hosts to midge-borne diseases (e.g. [17]) and to identify the most appropriate measures for control.

Additional files

Additional file 1: Text S1. *Culicoides* abundance using spatial units alternative to vector zones. **Figure S1.** Iso-hygro-thermal partitioning of mainland France. **Figure S2.** Distribution of minimum, maximum and average fortnight temperature and average specific humidity in each iso-hygro-thermal zone in mainland France. For each zone (cluster), the solid line represents the median value and dashed-lines the first and third quartiles of the distribution. **Figure S3.** Predicted *Culicoides* abundance in mainland France with no partitioning from the model. **Figure S4.**

Predicted *Culicoides* abundance for each iso-hygro-thermal zone from the model in mainland France. **Figure S5.** ROC curves for the three spatial scales. **Figure S6.** Boxplot and distribution of the proportion of observed values within the predicted confidence interval for the three spatial scales.

Additional file 2: Table S1. Values (median and interquartile range) of the mean absolute error (MAE) and root mean square error (RMSE) for each vector zone.

Abbreviations

BTV: bluetongue virus; SBV: Schmallenberg virus; CIRAD: French Agricultural Research Centre for International Development; ANSES: French Agency for Food, Environmental and Occupational Health & Safety; EID-Med: Interdepartmental Public Agency for Mosquito Control on the Mediterranean coast; IPPTS: Institute of Parasitology and Tropical Diseases of Strasbourg; *df*: degrees of freedom; MAE: mean absolute error; RMSE: root-mean-square error; CI: confidence interval.

Acknowledgements

The authors thank the National Entomological Surveillance System for collecting the entomological data (2009–2012), the French Ministry of Agriculture and Food for funding this collection and providing the data, and CIRAD, EID-Med and IPPTS with the support of the Directions Départementales de la Protection des Populations for implementing this collection network. The authors thank all persons involved in this network and especially those in charge of the insect identification: Claire Garros, Xavier Allène, Ignace Rakotariavony, Jonathan Lhoir (CIRAD), Jean-Claude Delécolle, Delphine Delécolle, Bruno Mathieu (IPPTS), Marie-Laure Setier-Rio, Bethsabée Scheid and Roger Venail (EID-Med).

Authors' contributions

PV and VH conceived the study. TBald, TBale and RL provided expertise about the entomological surveillance system and about *Culicoides* data. PV conducted statistical analyses and FM, VH and TBale provided statistical support. All authors contributed to the final manuscript. All authors read and approved the final manuscript.

Funding

This study was funded by the French Agricultural Research and International Cooperation Organization (CIRAD) as well as the French Agency for Food, Environmental and Occupational Health & Safety (ANSES). Facundo Muñoz's research is partially supported by research grant MTM2016-77501-P from the State Research Agency of the Spanish Ministry of Science, Innovation and Universities jointly with the European Regional Development Fund, FEDER.

Availability of data and materials

Data supporting the conclusions of this article are included within the article and its additional files. Capture data are available upon request from the French Ministry of Agriculture and Food. The outputs of the climate model can be found (for non-commercial usage) on the dedicated website: https://donneespubliques.meteofrance.fr/?fond=produit&id_produit=230&id_rubrique=40.

Ethics approval and consent to participate

Not applicable.

Consent for publication

Not applicable.

Competing interests

The authors declare that they have no competing interests.

Author details

¹ CIRAD, UMR ASTRE, 34398 Montpellier, France. ² ASTRE, CIRAD, INRA, Université de Montpellier, Montpellier, France. ³ Unité Epidémiologie et Appui à la Surveillance, Laboratoire de Lyon, Université de Lyon - ANSES, 31 Avenue Tony Garnier, 69007 Lyon, France. ⁴ Unité Microbiologie, Immunologie et Maladies Contagieuses, Institut Agronomique et Vétérinaire Hassan II, 10100 Rabat, Morocco. ⁵ CIRAD, UMR ASTRE, 10101 Rabat, Morocco.

Received: 1 April 2019 Accepted: 25 July 2019
Published online: 06 August 2019

References

- Hasler B, Howe KS, Di Labio E, Schwermer H, Stark KD. Economic evaluation of the surveillance and intervention programme for bluetongue virus serotype 8 in Switzerland. *Prev Vet Med.* 2012;103:93–111.
- Tago D, Hammitt JK, Thomas A, Raboisson D. Cost assessment of the movement restriction policy in France during the 2006 bluetongue virus episode (BTV-8). *Prev Vet Med.* 2014;117:577–89.
- Waret-Szkuta A, Alarcon P, Hasler B, Rushton J, Corbiere F, Raboisson D. Economic assessment of an emerging disease: the case of Schmallenberg virus in France. *Rev Sci Tech.* 2017;36:265–77.
- Delooz L, Saegerman C, Quinet C, Petitjean T, De Regge N, Cay B. Resurgence of Schmallenberg virus in Belgium after 3 years of epidemiological silence. *Transbound Emerg Dis.* 2017;64:1641–2.
- Kerstin W, Bernd H, Franz JC, Martin B. Schmallenberg virus recurrence, Germany, 2014. *Emerg Infect Dis.* 2015;21:1202.
- Saillieu C, Bréard E, Viarouge C, Vitour D, Romey A, Garnier A, et al. Re-emergence of bluetongue virus serotype 8 in France, 2015. *Transbound Emerg Dis.* 2017;64:998–1000.
- Breard E, Bronner A, Calavas D, Cauchard J, Falala S, Grandcollot-Chabot M, et al. Situation de la fièvre catarrhale ovine en Europe – point de situation au 15 janvier 2018. Plateforme Epidémiologie santé animale - Veille Sanitaire Internationale. 2018. https://www.platorme-esa.fr/sites/default/files/2018-01-16_Note_FCO_Europe.pdf. Accessed 31 Aug 2018.
- Official Journal of the European Union. COMMISSION REGULATION (EC) No 1266/2007 of 26 October 2007 on implementing rules for Council Directive 2000/75/EC as regards the control, monitoring, surveillance and restrictions on movements of certain animals of susceptible species in relation to bluetongue. Luxembourg: The Publications Office of the European Union; 2007. p. 37–52.
- Zientara S, Rocque S, Gourreau J-M, Gregory M, Diallo A, Hendriks P, et al. La fièvre catarrhale ovine en Corse en 2000. *Epidémiol et Santé Anim.* 2000;38:133–44.
- Zientara S, Saillieu C, Dauphin G, Roquier C, Rémond EM, Lebreton F, et al. Identification of bluetongue virus serotype 2 (Corsican strain) by reverse-transcriptase PCR reaction analysis of segment 2 of the genome. *Vet Rec.* 2002;150:598–601.
- Balenghien T, Garros C, Mathieu B, Setier-Rio M-L, Allène X, Gardès L, et al. La surveillance des *Culicoides* en France. *Bull Epid Santé Anim Alim.* 2018;35:8–9.
- French Ministry of Agriculture, Food and Forestry, Direction générale de l'alimentation/Sous-direction de la santé et de protection animale. FCO: surveillance entomologique de novembre 2016 à mai 2017. Instruction technique DGAL/SDSPA/2016-890. 2016. <https://info.agriculture.gouv.fr/gedei/site/bo-agri/instruction-2016-890>. Accessed 17 Jan 2018.
- European Commission. Control measures in bluetongue restricted zones. Table SANCO/10428/2007, Directorate-General for Health and Consumers. 2019. https://ec.europa.eu/food/sites/food/files/animals/docs/ad_control-measures_bt_restrictedzones.pdf. Accessed 7 Mar 2019.
- Balenghien T, Delecalle JC, Setier-Rio M-L, Rakotoarivony I, Allène X, Venail R, et al. Vecteurs du virus de la fièvre catarrhale ovine: suivi des populations de *Culicoides* en 2011 en France. *Bull Epid Santé Anim Alim.* 2012;54:35–40.
- French Ministry of Agriculture, Food and Forestry, Direction générale de l'alimentation/Sous-direction de la santé et de protection animale. FCO: surveillance entomologique. Instruction technique DGAL/SDSPA/2015-916. 2015. <https://info.agriculture.gouv.fr/gedei/site/bo-agri/instruction-2015-916>. Accessed 17 Jan 2018.
- Gubbins S, Richardson J, Baylis M, Wilson AJ, Abrahamtes JC. Modelling the continental-scale spread of Schmallenberg virus in Europe: approaches and challenges. *Prev Vet Med.* 2014;116:404–11.
- Turner J, Bowers RG, Baylis M. Modelling bluetongue virus transmission between farms using animal and vector movements. *Sci Rep.* 2012;2:319.
- Delécolle J-C. Nouvelle contribution à l'étude systématique et iconographique des espèces du genre *Culicoides*, (Diptera: Céropogonidae) du Nord-Est de la France. Ph.D Thesis, Université Louis Pasteur de Strasbourg I, Strasbourg, 1985.
- Mathieu B, Cêtre-Sossah C, Garros C, Chavernac D, Balenghien T, Carpenter S, et al. Development and validation of IIC: an interactive identification key for *Culicoides* (Diptera: Ceratopogonidae) females from the Western Palaearctic region. *Parasit Vectors.* 2012;5:137.
- European Centre for Disease Prevention and Control and European Food Safety Authority. The importance of vector abundance and seasonality—results from an expert consultation. Stockholm: European Food Safety Authority; 2018.
- Crambes C, Kneip A, Sarda P. Smoothing splines estimators for functional linear regression. *Ann Stat.* 2009;37:35–72.
- Roger B, Nicholas L-K. maptools: tools for reading and handling spatial objects. 2017. <https://CRAN.R-project.org/package=maptools>. Accessed 20 Mar 2019.
- Griner PF, Mayewski RJ, Mushlin AI, Greenland P. Selection and interpretation of diagnostic tests and procedures. Principles and applications. *Ann Intern Med.* 1981;94:557–92.
- Metz CE. Basic principles of ROC analysis. *Semin Nucl Med.* 1978;8:283–98.
- Zweig MH, Campbell G. Receiver-operating characteristic (ROC) plots: a fundamental evaluation tool in clinical medicine. *Clin Chem.* 1993;39:561.
- Kaufmann C, Steinmann IC, Hegglin D, Schaffner F, Mathis A. Spatio-temporal occurrence of *Culicoides* biting midges in the climatic regions of Switzerland, along with large scale species identification by MALDI-TOF mass spectrometry. *Parasit Vectors.* 2012;5:246.
- Robin X, Turck N, Hainard A, Tiberti N, Lisacek F, Sanchez J-C, et al. pROC: an open-source package for R and S+ to analyze and compare ROC curves. *BMC Bioinform.* 2011;12:77.
- R Development Core Team. R: a language and environment for statistical computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing; 2015.
- Hallman J. tis: Time indexes and time indexed series. 2017. <https://CRAN.R-project.org/package=tis>. Accessed 20 Mar 2019.
- Charron MVP, Kluiters G, Langlais M, Seegers H, Baylis M, Ezanno P. Seasonal and spatial heterogeneities in host and vector abundances impact the spatiotemporal spread of bluetongue. *Vet Res.* 2013;44:44.
- Charron MVP, Seegers H, Langlais M, Ezanno P. Seasonal spread and control of bluetongue in cattle. *J Theor Biol.* 2011;291:1–9.
- Sanders CJ, Shortall CR, Gubbins S, Burgin L, Gloster J, Harrington R, et al. Influence of season and meteorological parameters on flight activity of *Culicoides* biting midges. *J Appl Ecol.* 2011;48:1355–64.
- White SM, Sanders CJ, Shortall CR, Purse BV. Mechanistic model for predicting the seasonal abundance of *Culicoides* biting midges and the impacts of insecticide control. *Parasit Vectors.* 2017;10:162.
- Verhoef FA, Venter GJ, Weldon CW. Thermal limits of two biting midges, *Culicoides imicola* Kieffer and *C. bolitinos* Meiswinkel (Diptera: Ceratopogonidae). *Parasit Vectors.* 2014;7:384.
- Lühken R, Steinke S, Hoppe N, Kiel E. Effects of temperature and photoperiod on the development of overwintering immature *Culicoides chiopterus* and *C. dewulfi*. *Vet Parasitol.* 2015;214:195–9.
- Purse BV, Carpenter S, Venter GJ, Bellis G, Mullens BA. Bionomics of temperate and tropical *Culicoides* midges: knowledge gaps and consequences for transmission of *Culicoides*-borne viruses. *Annu Rev Entomol.* 2015;60:373–92.
- Caracappa S, Torina A, Guercio A, Vitale F, Calabrò A, Purpari G, et al. Identification of a novel bluetongue virus vector species of *Culicoides* in Sicily. *Vet Rec.* 2003;153:71–4.
- De Liberato C, Scavia G, Lorenzetti R, Scaramozzino P, Amaddeo D, Cardeti G, et al. Identification of *Culicoides obsoletus* (Diptera: Ceratopogonidae) as a vector of bluetongue virus in central Italy. *Vet Rec.* 2005;156:301–4.
- Mellor PS, Pitzolis G. Observations on breeding sites and light-trap collections of *Culicoides* during an outbreak of bluetongue in Cyprus. *Bull Entomol Res.* 1979;69:229–34.
- Romon P, Higuera M, Delecalle JC, Baldet T, Aduriz G, Galdarazena A. Phenology and attraction of potential *Culicoides* vectors of bluetongue virus in Basque Country (northern Spain). *Vet Parasitol.* 2012;186:415–24.
- Savini G, Goffredo M, Monaco F, Di Gennaro A, de Santis P, Meiswinkel R, et al. The isolation of bluetongue virus from field populations of the *Obsoletus* Complex in central Italy. *Vet Ital.* 2004;40:286–91.
- Torina A, Caracappa S, Mellor PS, Baylis M, Purse BV. Spatial distribution of bluetongue virus and its *Culicoides* vectors in Sicily. *Med Vet Entomol.* 2004;18:81–9.
- Dijkstra E, Ven I, Meiswinkel R, Hölzel DR, Rijn PA. *Culicoides chiopterus* as a potential vector of bluetongue virus in Europe. *Vet Rec.* 2008;162:422.

44. Meiswinkel R, Rijn PA, Leijts P, Goffredo M. Potential new *Culicoides* vector of bluetongue virus in northern Europe. *Vet Rec.* 2007;161:564–5.
45. Venail R, Balenghien T, Guis H, Tran A, Setier-Rio M-L, Delecalle JC, et al. Assessing diversity and abundance of vector populations at a national scale: example of *Culicoides* surveillance in France after bluetongue virus emergence. In: Mehlhorn H, editor. *Arthropods as vectors of emerging diseases*. Heidelberg: Springer; 2012. p. 77–102.
46. Carpenter S, McArthur C, Selby R, Ward R, Nolan DV, Luntz AJM, et al. Experimental infection studies of UK *Culicoides* species midges with bluetongue virus serotypes 8 and 9. *Vet Rec.* 2008;163:589–92.
47. Du Toit RM. The transmission of blue-tongue and horse-sickness by *Culicoides*. *Onderstepoort J Vet Res.* 1944;19:7–16.
48. Mellor PS, Boorman J, Baylis M. *Culicoides* biting midges: their role as arbovirus vectors. *Annu Rev Entomol.* 2000;45:307–40.
49. Goffredo M, Catalani M, Federici V, Portanti O, Marini V, Mancini G, et al. Vector species of *Culicoides* midges implicated in the 2012–2014 bluetongue epidemics in Italy. *Vet Ital.* 2015;51:131–8.
50. Carpenter S, Veronesi E, Mullens B, Venter G. Vector competence of *Culicoides* for arboviruses: three major periods of research, their influence on current studies and future directions. *Rev Sci Tech.* 2015;34:97–112.
51. Balenghien T, Cêtre-Sossah C, Delécolle J-C, Mathieu B, Thomas B, et al. *Culicoides* chiopteris: confirmation of its status as potential vector of bluetongue virus in Europe. 2008. <http://www.promedmail.org/direct.php?id=20080403.1222>. Accessed 2 Feb 2019.
52. Hoffmann B, Bauer B, Bauer C, Joachim Bätz H, Beer M, Clausen P-H, et al. Monitoring of putative vectors of bluetongue virus serotype 8, Germany. *Emerg Infect Dis.* 2009;15:1481–4.
53. Meiswinkel R, Gomulski L, Delécolle JC, Goffredo M, Gasperi G. Taxonomy of *Culicoides* vector complexes—unfinished business. *Vet Ital.* 2003;40:151–9.
54. Mellor PS. The replication of bluetongue virus in *Culicoides* vectors. *Curr Top Microbiol Immunol.* 1990;162:143–61.
55. Savini G, Goffredo M, Monaco F, Di Gennaro A, Cafiero MA, Baldi L, et al. Bluetongue virus isolations from midges belonging to the obsolete complex (*Culicoides*, Diptera: Ceratopogonidae) in Italy. *Vet Rec.* 2005;157:133–9.
56. Mehlhorn H, Walldorf V, Klimpel S, Jahn B, Jaeger F, Eschweiler J, et al. First occurrence of *Culicoides obsoletus*-transmitted bluetongue virus epidemic in central Europe. *Parasitol Res.* 2007;101:219–28.
57. Vanbinst T, Vandenbussche F, Vandemeulebroucke E, De Leeuw I, Deblauwe J, De Deken G, et al. Bluetongue virus detection by real-time rt-pcr in *Culicoides* captured during the 2006 epizootic in Belgium and development of an internal control. *Transbound Emerg Dis.* 2009;56:170–7.
58. Narladkar BW, Shivpuje PR. Prevalence, population dynamics and host preferences of *Culicoides* spp. (Diptera: Ceratopogonidae) of livestock in Marathwada region of Maharashtra State. *Vet World.* 2014;7:18.
59. Braverman Y, Linley JR. Fecundity and proportions of gravid females in populations of the bluetongue vector *Culicoides imicola* (Diptera: Ceratopogonidae) and several other species in Israel. *J Med Entomol.* 1994;31:838–43.
60. Venter GJ, Nevill EM, Van Der Linde TC. Seasonal abundance and parity of stock-associated *Culicoides* species (Diptera: Ceratopogonidae) in different climatic regions in southern Africa in relation to their viral vector potential. *Onderstepoort J Vet Res.* 1997;64:259–71.
61. Searle KR, Barber J, Stubbins F, Labuschagne K, Carpenter S, Butler A, et al. Environmental drivers of *Culicoides* phenology: how important is species-specific variation when determining disease policy? *PLoS ONE.* 2014;9:e111876.
62. EFSA Panel on Animal Health and Welfare. Bluetongue: control, surveillance and safe movement of animals. *EFSA J.* 2017;15:4698.

Publisher's Note

Springer Nature remains neutral with regard to jurisdictional claims in published maps and institutional affiliations.

Ready to submit your research? Choose BMC and benefit from:

- fast, convenient online submission
- thorough peer review by experienced researchers in your field
- rapid publication on acceptance
- support for research data, including large and complex data types
- gold Open Access which fosters wider collaboration and increased citations
- maximum visibility for your research: over 100M website views per year

At BMC, research is always in progress.

Learn more biomedcentral.com/submissions



Annexe 2 : Ajustement du modèle de décomposition des séries de mouvements de bovins aux données

Ci-dessous sont présentés les résultats d'ajustement du modèle aux données pour l'étude au niveau national et pour chaque groupe de départements. Le MPE correspond à la moyenne des erreurs relatives exprimé en pourcentage : une valeur négative signifie que le modèle surestime les données observées et inversement. \emptyset indique que la valeur ne peut pas être calculée pour cause de dénominateur nul.

Tableau A 1 : Valeur prédictive (MPE) des modèles de décomposition des séries de mouvements de bovins en France continentale selon les classes d'âges et les destinations.

Classe d'âge	Boucherie	Exportation	Ventes (France)	Mortalité	Tous
Veau	\emptyset	-0,13 %	-0,18 %	-0,92 %	-0,07 %
Jeune	0,44 %	-1,36 %	-1,50 %	0,02 %	-0,87 %
Génisse et broutard	-1,07 %	-0,43 %	-2,08 %	-0,89 %	-1,42 %
Adulte	-0,06 %	2,76 %	-0,21 %	0,16 %	0,50 %
Tous	-0,19 %	0,18 %	-0,22 %	-0,28 %	-0,11 %

Tableau A 2 : Valeur prédictive (MPE) des modèles de décomposition des séries de mouvements de bovins pour les départements A et D selon les classes d'âges et les destinations.

Classe d'âge	Boucherie	Exportation	Ventes (France)	Mortalité	Tous
Veau	\emptyset	-2,50 %	-1,34 %	-0,54 %	-0,19 %
Jeune	0,76 %	-4,28 %	-0,28 %	-0,76 %	-0,39 %
Génisse et broutard	-4,15 %	-6,86 %	0,11 %	-9,36 %	-0,26 %
Adulte	-0,71 %	-2,31 %	-0,04 %	-5,83 %	0,13 %
Tous	-0,70 %	-3,97 %	-0,19 %	-0,59 %	-0,30 %

Tableau A 3 : Valeur prédictive (MPE) des modèles de décomposition des séries de mouvements de bovins pour les départements B et C selon les classes d'âges et les destinations.

Classe d'âge	Boucherie	Exportation	Ventes (France)	Mortalité	Tous
Veau	∅	-12,44 %	-0,08 %	-2,31 %	-3,87 %
Jeune	1,17 %	7,53 %	0,99 %	0,87 %	3,85 %
Génisse et broutard	1,33 %	0,43 %	-3,93 %	-2,12 %	-0,48 %
Adulte	2,63 %	0,61 %	0,89 %	-0,24 %	-0,38 %
Tous	2,47 %	0,29 %	-0,26 %	-1,29 %	-0,54 %

Tableau A 4 : Valeur prédictive (MPE) des modèles de décomposition des séries de mouvements de bovins pour les départements F et G selon les classes d'âges et les destinations.

Classe d'âge	Boucherie	Exportation	Ventes (France)	Mortalité	Tous
Veau	∅	-0,85 %	3,01 %	-3,34 %	0,72 %
Jeune	-4,84 %	-2,09 %	-0,66 %	0,21 %	-0,53 %
Génisse et broutard	-0,29 %	-1,41 %	-2,17 %	0,21 %	-1,93 %
Adulte	-0,34 %	-0,74 %	1,23 %	0,01 %	0,72 %
Tous	-0,91 %	-1,93 %	2,70 %	-0,45 %	2,45 %

Tableau A 5 : Valeur prédictive (MPE) des modèles de décomposition des séries de mouvements de bovins pour le département E selon les classes d'âges et les destinations.

Classe d'âge	Boucherie	Exportation	Ventes (France)	Mortalité	Tous
Veau	∅	-7,69 %	0,43 %	-0,85 %	1,14 %
Jeune	-9,09 %	-4,19 %	-0,44 %	-0,55 %	-1,16 %
Génisse et broutard	-2,67 %	-1,73 %	0,14 %	-0,05 %	-0,19 %
Adulte	-1,14 %	-3,14 %	5,20 %	-3,01 %	-0,47 %
Tous	-3,60 %	-1,15 %	-0,37 %	-0,22 %	0,75 %

Annexe 3 : Anomalies détectées dans les différentes aires d'étude

Les tableaux ci-dessous présentent les mois pour lesquels une excès ou déficit dans les mouvements de bovins en 2015-2016 par rapport à 2013-2014 et 2014-2015, a été relevé par la méthode EARS avec le critère C_1 et un alpha de 2,5 %, en fonction de la destination et de la classe d'âge, au niveau national et dans chaque groupe de départements. Le pourcentage exprimé correspond au pourcentage *valeur observée/valeur prédite* par le modèle de décomposition. \emptyset correspond au cas où aucune anomalie dans les mouvements n'a été prédit.

Tableau A 6 : Etude du territoire continental.

Classe d'âge	Boucherie	Exportation	Ventes (France)	Mortalité	Toutes destinations confondues
Veau	12/15 (28 %) 05/16 (131 %)	11/15 (136 %)	11/15 (113 %)	09/15 (97 %) 12/15 (90 %) 08/16 (129 %)	11/15 (122 %)
Jeune	09/15 (85 %) 11/15 (109 %) 02/16 (118 %)	02/16 (137 %)	02/16 (110 %) 05/16 (119 %)	12/15 (92 %) 02/16 (104 %) 03/16 (110 %) 07/16 (86 %)	02/16 (117 %) 05/16 (117 %)
Génisse et brouillard	11/15 (109 %) 02/16 (116 %) 05/16 (121 %)	09/15 (88 %) 10/15 (37 %) 11/15 (137 %) 07/16 (85 %)	09/15 (81 %) 10/15 (74 %)	03/16 (105 %)	09/15 (91 %) 10/15 (67 %)
Adulte	01/16 (95 %) 04/16 (92 %) 07/16 (87 %)	05/16 (117 %)	02/16 (110 %)	12/15 (119 %) 01/16 (98 %) 08/16 (122 %)	04/16 (94 %) 05/16 (106 %)
Toutes classes d'âge confondues	10/15 (96 %) 02/16 (108 %) 05/16 (118 %)	10/15 (53 %) 11/15 (131 %) 07/16 (87 %)	10/15 (92 %) 05/16 (112 %)	01/16 (94 %) 05/16 (105 %) 08/16 (123 %)	09/15 (93 %) 10/15 (81 %)

Tableau A 7 : Etude du département A et D du transect.

Classe d'âge	Boucherie	Exportation	Ventes (France)	Mortalité	Toutes destinations confondues
Veau	04/16 (0 %)	09/15 (41 %)	09/15 (77 %) 11/15 (147 %)	11/15 (146 %)	09/15 (71 %) 11/15 (144 %)
Jeune	08/16 (97 %)	09/15 (39 %) 02/16 (202 %)	09/15 (89 %) 11/15 (121 %)	01/16 (143 %)	09/15 (76 %)
Génisse et brouillard	09/15 (143 %) 07/16 (82 %)	09/15 (27 %)	∅	∅	09/15 (68 %) 10/15 (50 %) 07/16 (94 %)
Adulte	∅	03/16 (51 %)	05/16 (132 %)	∅	03/16 (96 %)
Toutes classes d'âge confondues	10/15 (86 %) 07/16 (82 %)	09/15 (33 %)	09/15 (81 %) 05/16 (120 %)	10/15 (88 %) 11/15 (123 %)	09/15 (72 %)

Tableau A 8 : Etude du département B et C du transect.

Classe d'âge	Boucherie	Exportation	Ventes (France)	Mortalité	Toutes destinations confondues
Veau	∅	09/15 (10 %)	10/15 (59 %)	12/15 (87 %)	09/15 (92 %) 10/15 (89 %) 02/16 (125 %)
Jeune	10/15 (58 %) 07/16 (74 %)	∅	04/16 (75 %)	03/16 (116 %)	∅
Génisse et brouillard	12/15 (84 %)	09/15 (42 %) 10/15 (6 %) 11/15 (167 %) 07/16 (74 %)	09/15 (54 %) 10/15 (38 %) 11/15 (137 %)	12/15 (94 %) 08/16 (104 %)	09/15 (52 %) 10/15 (24 %) 11/15 (147 %)
Adulte	02/16 (110 %) 05/16 (109 %)	09/15 (68 %) 05/16 (125 %)	01/16 (85 %) 04/16 (88 %) 05/16 (111 %)	05/16 (112 %)	10/15 (94 %) 02/16 (106 %) 05/16 (120 %)
Toutes classes d'âge confondues	02/16 (106 %)	09/15 (42 %) 10/15 (11 %) 11/15 (159 %) 07/16 (84 %)	09/15 (56 %) 10/15 (48 %)	12/15 (92 %) 08/16 (107 %)	09/15 (65 %) 10/15 (47 %)

Tableau A 9 : Etude du département E du transect.

Classe d'âge	Boucherie	Exportation	Ventes (France)	Mortalité	Toutes destinations confondues
Veau	∅	11/15 (122 %) 03/16 (46 %)	09/15 (111 %) 10/15 (88 %) 04/16 (73 %)	02/16 (93 %) 06/16 (113 %)	09/15 (112 %) 04/16 (76 %)
Jeune	02/16 (2863 %)	01/16 (164 %) 03/16 (39 %)	10/15 (82 %)	12/15 (71 %)	10/15 (91 %) 01/16 (74 %) 02/16 (130 %)
Génisse et broutard	02/16 (142 %)	10/15 (333 %)	03/16 (66 %)	01/16 (77 %)	05/16 (140 %)
Adulte	12/15 (104 %) 01/16 (90 %) 05/16 (119 %)	11/15 (144 %) 08/16 (129 %)	10/15 (64 %) 11/15 (169 %) 03/16 (44 %)	04/16 (91 %) 08/16 (174 %)	11/15 (110 %) 03/16 (80 %)
Toutes classes d'âge confondues	01/16 (84 %) 02/16 (144 %)	10/15 (196 %)	10/15 (92 %) 11/15 (111 %) 03/16 (80 %)	12/15 (93 %) 08/16 (107 %)	11/15 (105 %) 01/16 (86 %) 05/16 (129 %)

Tableau A 10 : Etude des départements F et G du transect.

Classe d'âge	Boucherie	Exportation	Ventes (France)	Mortalité	Toutes destinations confondues
Veau	12/15 (0 %)	09/15 (130 %) 08/16 (152 %)	05/16 (121 %)	01/16 (86 %) 05/16 (107 %)	∅
Jeune	02/16 (116 %)	09/15 (122 %) 01/16 (124 %) 06/16 (164 %)	10/15 (92 %) 05/16 (124 %)	01/16 (81 %)	05/16 (107 %) 07/16 (79 %)
Génisse et broutard	10/15 (84 %) 02/16 (121 %) 05/16 (142 %)	09/15 (120 %) 11/15 (80 %) 01/16 (151 %) 02/16 (189 %) 04/16 (243 %)	∅	02/16 (108 %) 03/16 (108 %) 07/16 (83 %)	02/16 (123 %) 05/16 (128 %)
Adulte	10/15 (89 %) 05/16 (127 %) 08/16 (134 %)	∅	02/16 (110 %) 03/16 (92 %)	11/15 (95 %) 03/16 (95 %) 04/16 (105 %) 07/16 (88 %)	04/16 (91 %) 05/16 (113 %) 08/16 (132 %)
Toutes classes d'âge confondues	10/15 (86 %) 02/16 (115 %) 05/16 (135 %)	09/15 (126 %) 03/16 (67 %) 07/16 (47 %)	03/16 (96 %) 07/16 (83 %)	01/16 (91 %) 05/16 (110 %) 07/16 (84 %)	05/16 (112 %) 07/16 (78 %)

Annexes

Annexe 4 : Distribution des variations météorologiques dans les zones issues du partitionnement iso-hydro-thermique

Pour chaque cluster (c.-à-d. zone), la ligne pleine correspond à la médiane des valeurs et les lignes pointillées les premiers et troisièmes quartiles de la distribution.

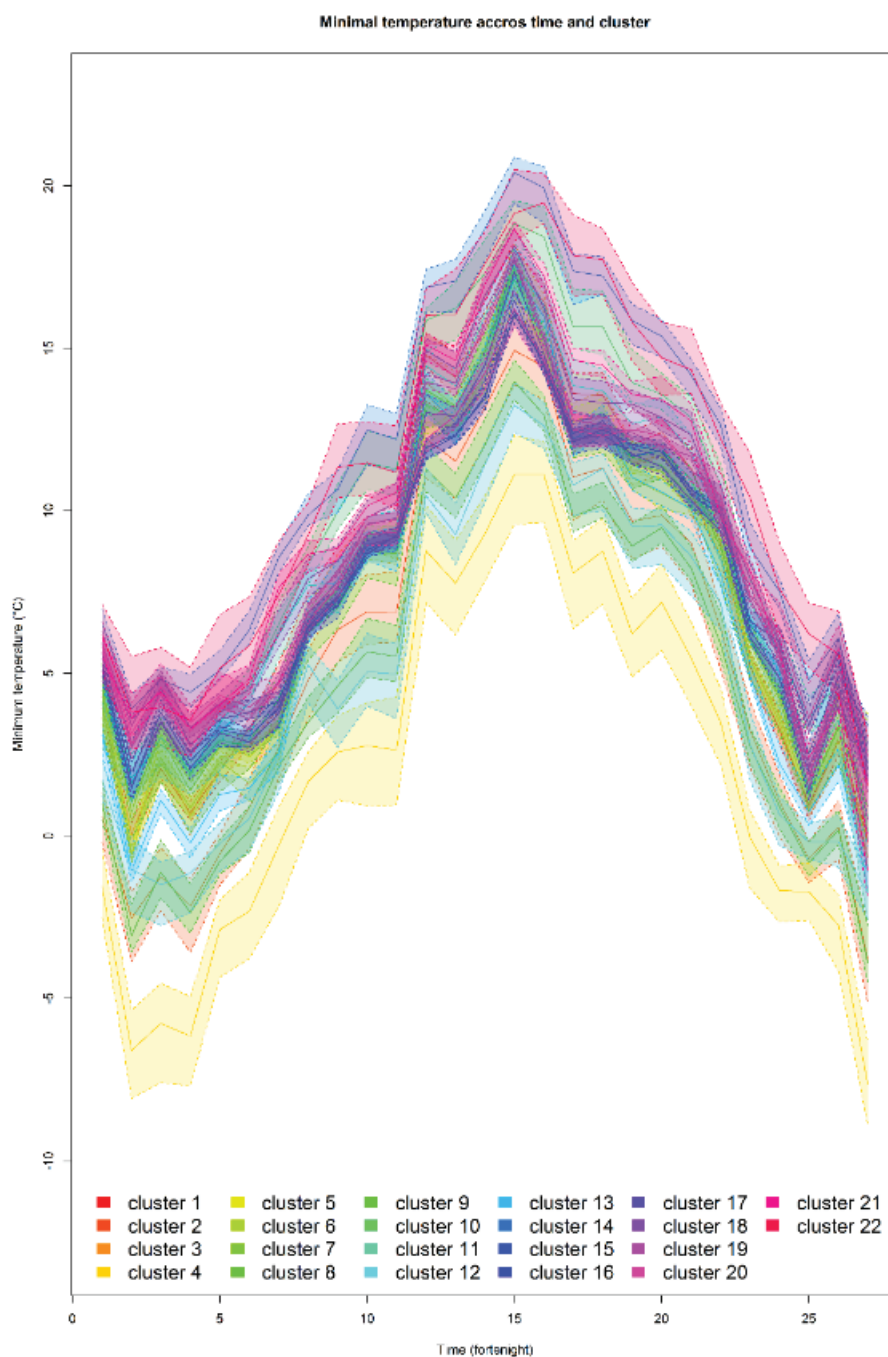


Figure A 1 : Température minimale bimensuelle (chaque quinzaine) pour les zones iso-hydro-thermiques en France métropolitaine.

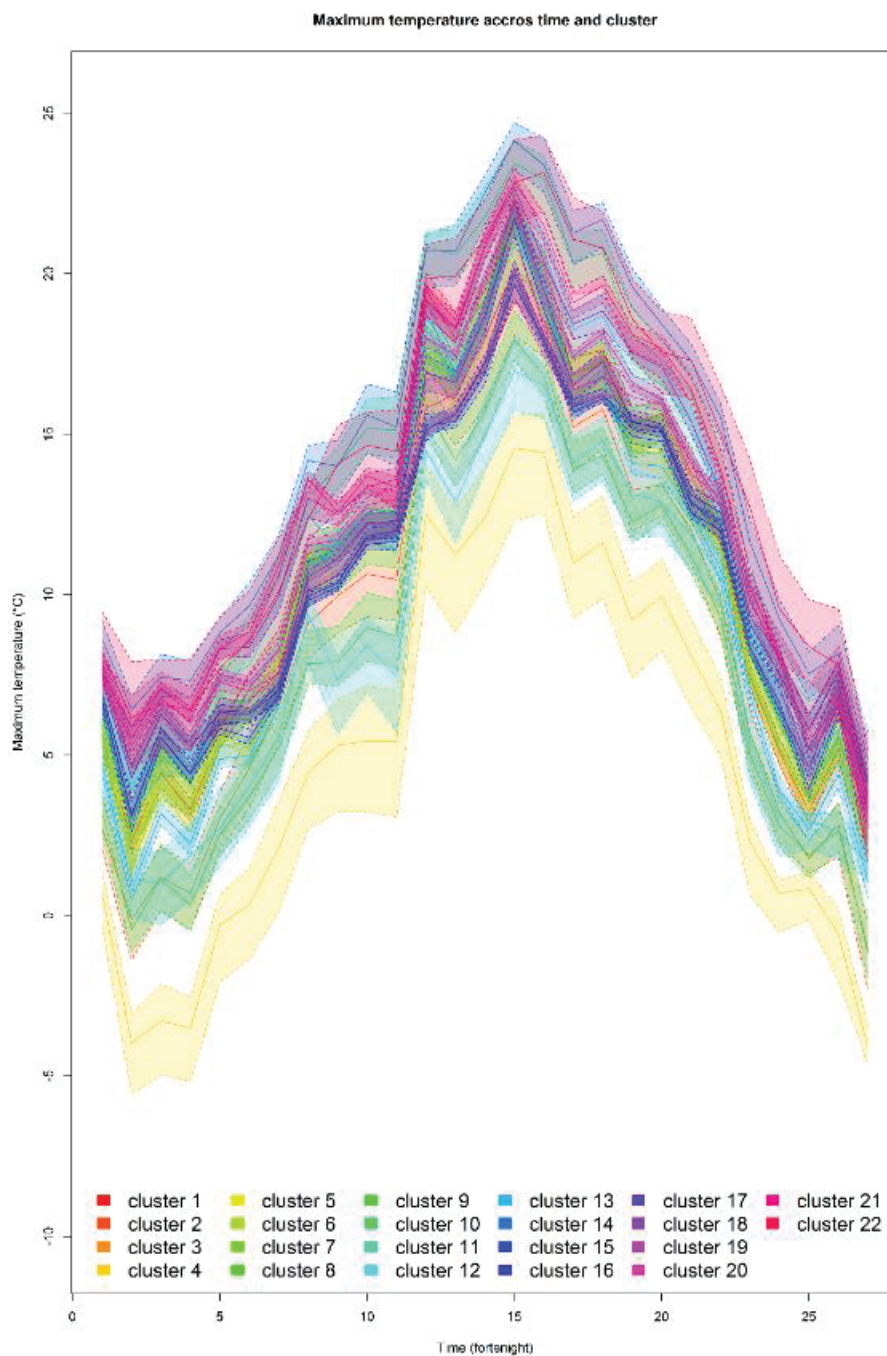


Figure A 2 : Température maximale bimensuelle (chaque quinzaine) pour les zones iso-hygro-thermiques en France métropolitaine.

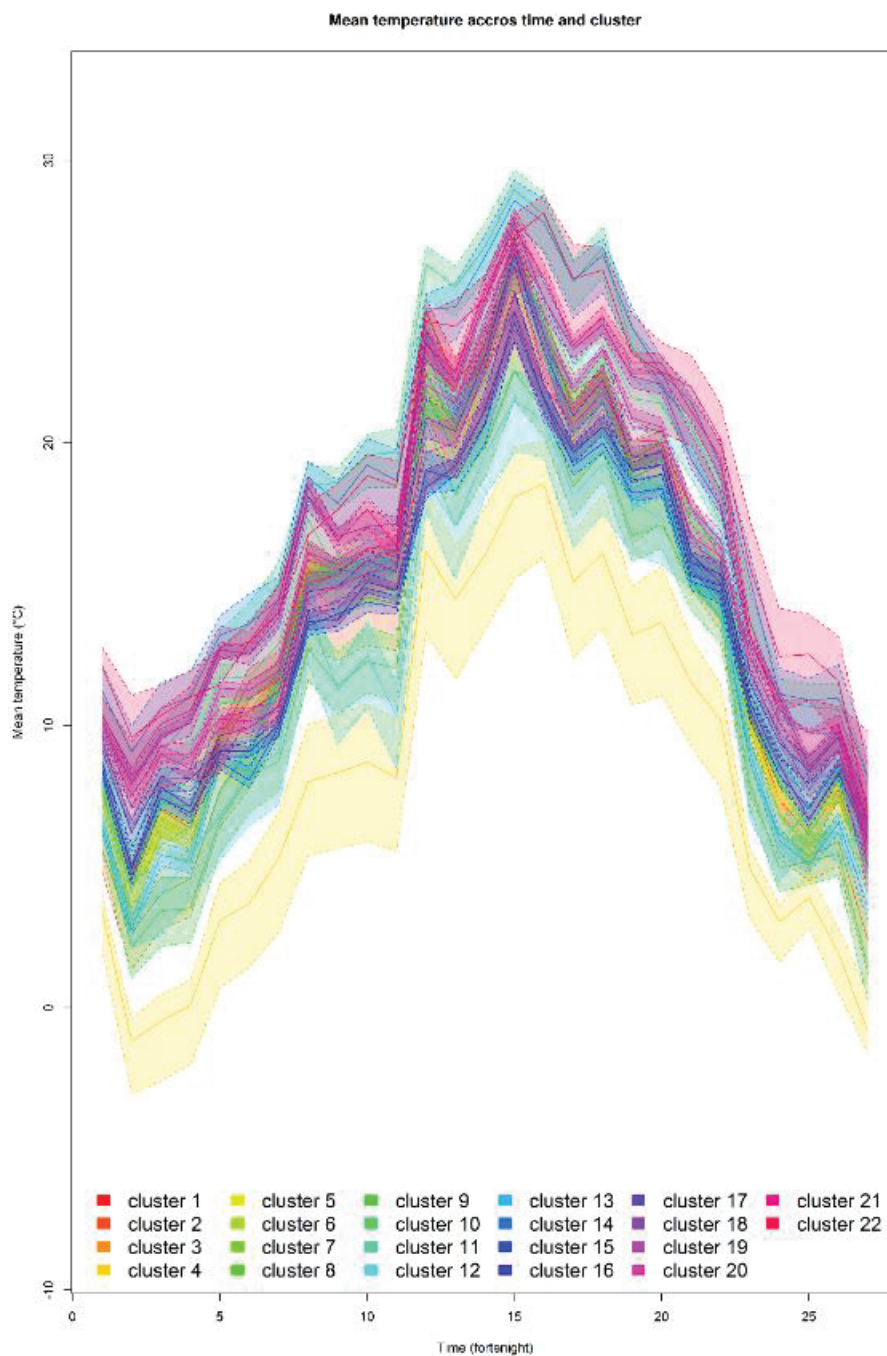


Figure A 3 : Température moyenne bimensuelle (chaque quinzaine) pour les zones iso-hygro-thermiques en France métropolitaine.

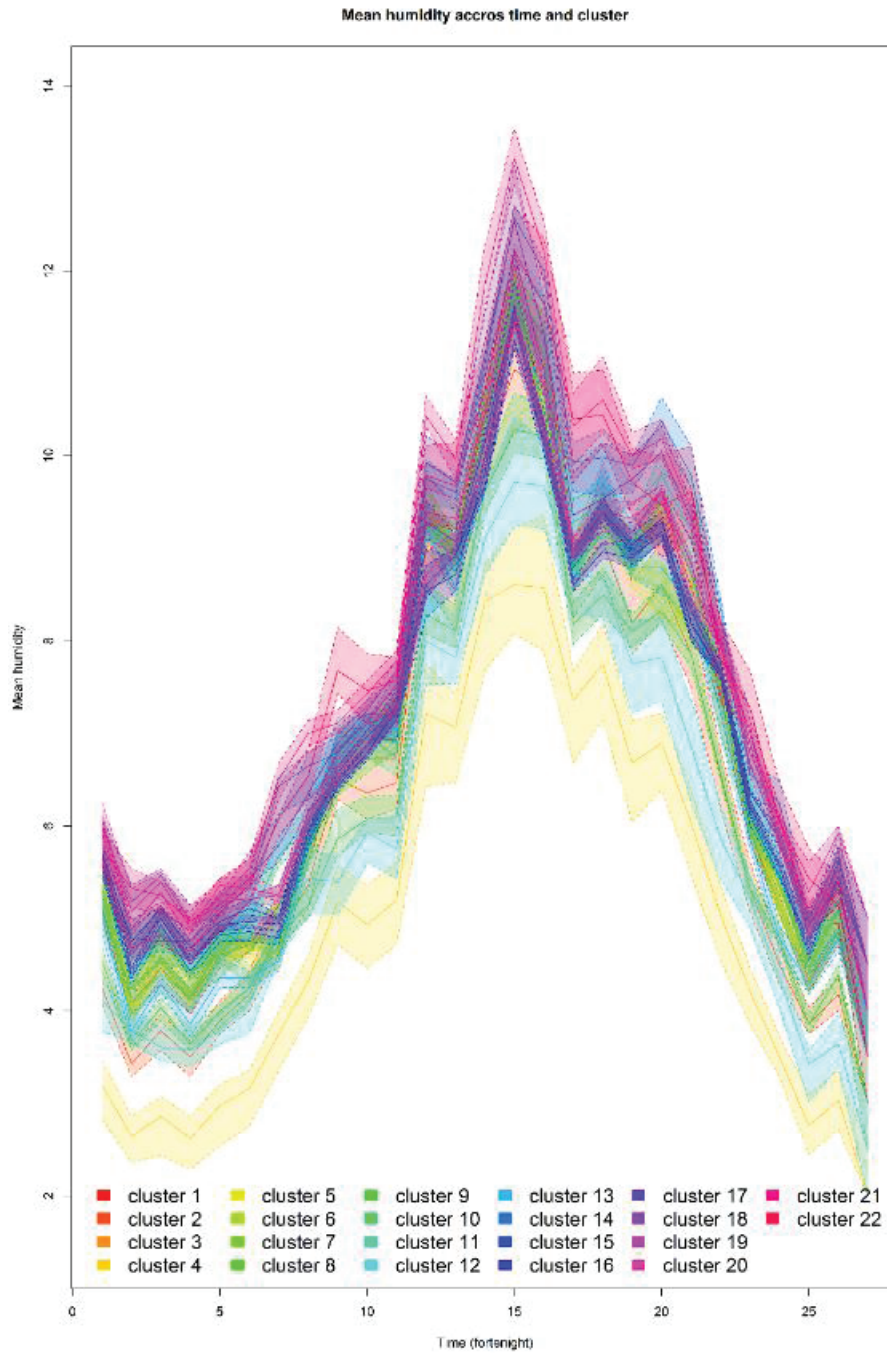


Figure A 4 : Humidité spécifique moyenne bimensuelle (chaque quinzaine) pour les zones iso-hydro-thermiques en France métropolitaine.

Annexe 5 : Ajustement du modèle de prédiction d'abondance relative des culicoïdes aux données

Tableau A 11 : Valeurs (médiane and intervalle interquartile) de l'erreur absolue moyenne (MAE) et l'erreur moyenne quadratique (RMSE) pour chaque zone vectorielle.

Zone	Prédiction globale		Cross-Validation	
	MAE	RMSE	MAE	RMSE
1-1	8	77	311 [213 ; 458]	706 [428 ; 1541]
1-2	2	12	200 [159 ; 244]	541 [413 ; 701]
1-3	369	6,613	330 [242 ; 448]	727 [529 ; 1131]
1-4	2	5	65 [37 ; 153]	113 [74 ; 348]
1-5	4	42	615 [500 ; 741]	1285 [1019 ; 1682]
1-6	7	115	499 [297 ; 897]	2189 [1048 ; 5801]
1-7	7	78	927 [593 ; 1430]	2055 [1181 ; 4194]
1-8	2	10	142 [84 ; 233]	585 [254 ; 1087]
2-2	1	2	398 [328 ; 494]	1390 [1011 ; 1964]
2-3	1	2	352 [302 ; 405]	1083 [858 ; 1320]
2-8	1	3	108 [86 ; 132]	289 [223 ; 338]
3-1	19	157	353 [270 ; 467]	753 [523 ; 1018]
3-2	1	2	216 [169 ; 271]	635 [456 ; 847]
3-3	369	8,257	273 [204 ; 381]	756 [540 ; 1731]
3-4	78	979	293 [210 ; 395]	643 [471 ; 955]
3-5	1	4	331 [261 ; 418]	912 [679 ; 1163]
3-6	689	13,747	561 [448 ; 725]	1475 [985 ; 1943]
3-8	1	2	148 [99 ; 210]	383 [228 ; 576]
4-3	1	2	489 [255 ; 735]	1361 [548 ; 1875]
4-4	1	3	941 [709 ; 1287]	2142 [1460 ; 3322]
4-5	3	20	695 [576 ; 827]	1452 [1113 ; 1945]
4-6	1	3	898 [647 ; 1439]	2253 [1578 ; 5981]
5-5	1	3	194 [137 ; 322]	276 [197 ; 641]
6-8	8	165	106 [85 ; 135]	286 [207 ; 480]