

N° Ordre :
de la thèse

3607

THÈSE

présentée

DEVANT L'UNIVERSITÉ DE RENNES 1

pour obtenir

le grade de : **DOCTEUR DE L'UNIVERSITÉ DE RENNES 1**

Mention : Biologie

PAR

Amandine LURETTE

Équipes d'accueil : UMR 708 ENV-Nantes & INRA Gestion de la Santé Animale

École Doctorale : Vie – Agronomie – Santé

Composante universitaire : INRA – École Nationale Vétérinaire de Nantes

**MODÉLISATION POUR L'ÉVALUATION DE MESURES DE MAÎTRISE
DU PORTAGE DE SALMONELLES CHEZ LE PORC CHARCUTIER**

Soutenue le 22 octobre 2007 devant la Commission d'Examen

COMPOSITION DU JURY :

Rapporteurs : Pierre-Yves BOËLLE, MCU-PH à l'Université Pierre et Marie Curie, Paris-6
Jeroen DEWULF, Professeur à la Faculté de Médecine Vétérinaire de l'Université de Gand, Belgique

Examineurs : Jean-Yves DOURMAD, Ingénieur de Recherche à l'INRA de Rennes
Jean-Sébastien PIERRE, Professeur à l'Université de Rennes 1
Suzanne TOUZEAU, Chargée de Recherche à l'INRA de Jouy-en-Josas
Henri SEEGER, Professeur à l'École Nationale Vétérinaire de Nantes

**Modélisation pour l'évaluation de
mesures de maîtrise du portage de
salmonelles chez le porc charcutier**

Amandine LURETTE

2007

A Kévin,

A mes Parents,

A Mamy là-haut,

Qu'ils me pardonnent mon éloignement, mes absences, mes râleries... Que vous ressentiez l'achèvement de ce travail comme une part de ma reconnaissance envers vous.

Remerciements

Avant de commencer la lecture de ce manuscrit, il est important de s'arrêter quelques instants sur ces trois années (et celles qui les ont précédées) et de remercier toutes les personnes qui ont contribué de manière plus ou moins directe à ces travaux de thèse.

Le choix de réaliser un doctorat a été pour moi le résultat de nombreuses rencontres avec des personnes qui ont su me transmettre leur curiosité scientifique et leur appétit de connaissances. Ces trois années ne furent pas pour moi uniquement une expérience professionnelle ordinaire mais plutôt une aventure humaine, riche en rencontres, en découverte des autres et de moi-même. La majorité des doctorants peuvent témoigner que la réalisation d'un doctorat, qu'elle soit difficile ou non, nous permet d'apprendre énormément, même si cela concerne parfois des domaines inattendus.

Je remercie Mr. Pierre-Yves Boëlle et Mr. Jeroen Dewulf de m'avoir fait l'honneur d'accepter d'être rapporteurs de cette thèse et d'avoir consacré du temps à ce travail. Je leur suis grandement reconnaissante de l'avoir évalué. Je les remercie pour leurs commentaires et leurs remarques constructives. Je tiens également à remercier les membres de mon jury de thèse, Jean-Yves Dourmad de l'INRA de Rennes et Jean-Sebastien Pierre de l'Université de Rennes. Un merci particulier à Jean-sebastien Pierre d'avoir accepté d'être mon tuteur pour l'école doctorale Vie-Agro-santé et d'avoir participer de manière enthousiaste à mes comités de thèse.

Je remercie vivement tous mes encadrants pour m'avoir accueillie au sein de leurs laboratoires à l'occasion de cette thèse. A travers ces quelques lignes, je

voudrais m'adresser plus personnellement :

A Henri Seegers, directeur de thèse, à qui je tiens à adresser ma gratitude pour la confiance qu'il m'a accordée depuis Septembre 2004 et qui j'espère ne le regrette pas depuis. Je vous remercie pour avoir su remettre les priorités aux moments les plus opportuns dans ce travail multidisciplinaire (et multi-encadré!). J'espère avoir acquis un peu de cette rigueur de vocabulaire du domaine de la santé animale et de ses filières.

A Christine Fourichon, encadrante, pour ses remarques constructives tout au long de ce travail. Je te remercie de m'avoir permis de tenir la barre dans cette croisière (plus ou moins mouvementée) de trois ans. J'ai bien essayé de rédiger ces remerciements sous forme de 'mind-map' mais la tâche était rude (trop d'embranchements à représenter car j'ai été très entourée pendant ces trois années). Je te remercie de m'avoir permis de développer mon esprit critique et de m'avoir poussé à acquérir de la rigueur scientifique. Je promets d'essayer de ne plus 'jargonner' en public.

A Catherine Belloc et Suzanne Touzeau, encadrantes, pour leur confiance en moi, quelquefois plus grande que la mienne, et pour leurs encouragements qui ont permis l'aboutissement de cette thèse.

A Catherine, qui m'a fait visiter (au sens propre comme au sens figuré) le monde particulier des cochons et de leurs salmonelles. Je te remercie très sincèrement de m'avoir prêté une oreille compréhensive et bienveillante tout au long de ces années, et notamment durant ces derniers mois. Je n'oublierai pas toutes nos discussions scientifiques et toutes les réponses que tu as apportées à mes questions (plus ou moins naïves). Tout cela nous a permis de parvenir à l'aboutissement des travaux présentés dans ce manuscrit. J'espère partager encore avec toi cette 'excitation intellectuelle' qui te motive tant. Je ne saurais comment te remercier de m'avoir consacré autant de ton temps et de ton énergie durant ces trois années. J'espère que ce travail t'a réconciliée avec la modélisation, en tout cas maintenant les équations ne te font plus peur! Serais-tu devenue une adepte? Merci pour ta tolérance, ta gentillesse et ton humilité. Ta Brune te remercie pour tout ça et pour tant d'autres choses encore... Je profite de ces quelques lignes pour te prouver tout mon profond respect.

A Suzanne, pour son soutien et son aide précieuse dans le monde des mathématiques et de la programmation informatique. Mais aussi un grand merci pour ces discussions scientifiques ou non qui permettent de personnaliser les rapports doctorant-encadrant. Je te remercie pour tous tes encouragements, ta disponibilité et nos nombreux échanges téléphoniques. Ta patience et ta gentillesse sans détour m'ont permis d'avancer au jour le jour dans ces travaux. Que tu trouves ici toute ma reconnaissance.

A Thierry Hoch, encadrant, pour sa disponibilité et ses remarques sur ces travaux. Je te remercie pour ta bonne humeur et tes gâteaux d'anniversaire. Et oui, c'était vrai notre bureau est bien une réserve à bonbons...

A toute l'unité de Gestion de la Santé Animale : à Evelyne pour son incroyable patience face aux affres de l'administration ; à Michel, pour sa bonne humeur et ses nombreux passages dans mon bureau ; à Didier pour comprendre comme nous les joies de la modélisation et pour tous les cadeaux de son jardin extraordinaire ; à Thomas et Jean-Yves, pour leur soutien logistique et humoristique ; à François, pour avoir su écouter mes petits soucis de thésarde et pour avoir fait entrer dans ma vie une drôle de petite boule de poils ; à Clara, Mily et les nouveaux arrivés, les thésards du cru 2007 vous passent le relai. A tous ceux qui habitent aussi le couloir de zootechnie et qui ont contribué à animer toutes ces pauses-café : Xavier Malher, Nathalie Bareille, Marc Robert, Olivier Rat-Aspert, Stéphane Krebs, Sébastien Assié, Raphaël Guatteo, Anne-France Viet, Aurélie Robert-Briand et tous les futurs collaborateurs de l'UMR BIOEPAR.

A toute l'unité de MIA-Jouy, pour son accueil chaleureux à chacune de mes visites. Je tiens à remercier plus particulièrement Hervé Monod de m'avoir accueillie dans son équipe et d'avoir pris le temps de m'ouvrir les portes du monde mystérieux de l'analyse de sensibilité. Je remercie également Brigitte Schaeffer pour son appui statistique. Je remercie aussi très chaleureusement Valérie, Fanny et Najat pour leur sympathie. Merci à Eric, de conserver des ordinateurs sous windows pour les néophytes, et pour nos discussions sportives.

Aux membres de mon comité de thèse, Benoit Dedieu (INRA de Theix), Roger Martin-Clouaire (INRA de Toulouse), Eric Walter (CNRS-Supelec de Paris), Dominique Pontier (Université de Lyon), Philippe Fravallo (AFSSA de Ploufragan),

Sylvie Dubroca (ITP Le Rheu), pour avoir consacré de leur temps à ces travaux, pour tous leurs conseils avisés et leurs encouragements.

Merci à toutes les personnes que j'ai sollicitées durant ces trois années, scientifiques et professionnels.

Je tiens à exprimer ici ma profonde gratitude à Jacques Fargues et Olivier Bonato (CBGP, Montpellier) pour m'avoir accueillie dans leur équipe et m'avoir fait découvrir le monde obscur de la modélisation et de son utilisation. Je leur témoigne toute ma reconnaissance pour m'avoir donné assez de confiance afin de débiter ce doctorat.

Comment revenir sur ces trois années sans m'adresser à Pauline Ezanno et Johanna Lepeule.

A Pauline, pour être un moteur inépuisable que ce soit sur le plan scientifique ou plus personnel. Merci pour toute l'aide que tu as apporté à ce travail. Je te remercie de l'amitié que tu m'as offerte tout au long de ces années. Tes encouragements m'ont permis de me remettre en selle plus d'une fois. J'espère un jour pouvoir te rendre la pareille.

A Johanna, pour avoir partagé avec moi durant ces trois ans bien plus que notre bureau aux odeurs particulières. Je te remercie sincèrement d'avoir été là pour tous ces moments de spleen et pour les autres beaucoup plus détendus... A ta mousse au chocolat inoubliable, aux 'Secrétariat de Johanna Lepeule bonjour', aux crises du vendredi soir, aux balades à cheval et à la mer et à tant d'autres moments encore !

Merci à toutes les deux de m'avoir montré plus d'une fois que $TB = TC$. J'espère pouvoir dire un jour que TPMG est une de mes devises ! Merci d'avoir associé à ces trois années un enchaînement de moments privilégiés (preuves photographiques à l'appui !). Je sais que ces quelques mots ne permettront pas de traduire toute ma gratitude et mon affection envers vous. Votre présence à mes côtés jour après jour pendant cette période pas toujours facile a été plus d'une fois salvatrice face à mes doutes et à mes découragements. Durant ces trois années, vous avez formé ma bulle, ma famille nantaise. Que de souvenirs, que d'aventures, que de découvertes, je n'ajouterais qu'une chose, que ça continue !

Merci à Ludo et Benoit d'avoir évité à Kévin des moments de solitude pendant

ces soirées de relâchement... Merci de savoir cuisiner, rire, partager...

A mon petit 'troupeau' pour toute cette affection. A mes parents, pour m'avoir toujours soutenue dans une voie qui leur était inconnue. Et non, désolée de vous décevoir mais je ne serais jamais coiffeuse (ou du moins pas pendant ces prochaines années!), tous ces obstacles (petits ou grands) n'auront pas suffi à me décourager. Je vous remercie très affectueusement de vos encouragements incessants et de m'avoir permis d'aller jusqu'au bout de mes idées, des plus rationnelles aux plus folles. Je vous témoigne tout mon respect et toute mon admiration. Merci... A Xavier, pour m'avoir évité d'être la petite dernière avec la charge que cela comporte. Merci à Audrey et Pierre, pour ne pas comprendre ce que je fais mais qui vont pouvoir le découvrir bientôt. Je tiens à témoigner toute ma tendresse à Papy et Mamy, pour leur affection et leur soutien inconditionnel et pour m'avoir appris qu'il était plus enrichissant de donner que de recevoir. A Mamy, qui n'aura pas vu s'achever ce travail mais que je porte toujours dans mon coeur. A la famille Mayeux qui m'oa accueillie parmi elle. A Binôme et Vaness, pour leur soutien et pour nos moments privilégiés. Merci de votre amitié. Je remercie aussi Charlie et Elodie, pour leurs encouragements et leurs bons petits plats.

A Kévin, qui m'a accompagnée et aidée à traverser toutes ces années plutôt mouvementées. Je te remercie très sincèrement pour ta patience et ta tolérance, pour avoir partagé mes moments de doute et de stress. Je ne sais comment te témoigner toute mon affection et tout mon respect en quelques lignes. Merci pour tout ce que tu m'as apporté depuis notre rencontre. Je suis heureuse d'avoir pu vivre toutes ces expériences avec toi et j'espère qu'il y en aura encore beaucoup d'autres. Que l'achèvement de ce travail soit aussi un peu pour toi. Avec tout mon amour...

Table des matières

Liste des figures	14
Liste des tableaux	17
Terminologies utilisées dans la thèse	19
I Introduction générale	21
I.1 Salmonelloses humaines et part liée aux viandes et produits porcins	22
I.2 Opérateurs de la filière et origine de la contamination	23
I.3 Organisation des étapes amont de la filière de viande porcine . . .	26
I.4 Infection des porcs charcutiers par les salmonelles	29
I.5 Organisation de la filière porcine pour la maîtrise des salmonelles .	30
I.6 Mesures disponibles ou potentielles pour la maîtrise du portage . .	33
I.7 Modélisation pour la maîtrise d’agents pathogènes	35
I.8 Objectif de la thèse et approche méthodologique	37
I.8.1 Représentation du troupeau naisseur-engraisseur	38
I.8.2 Représentation de la transmission des salmonelles dans un troupeau	38
I.8.3 Mesures de maîtrise du portage de salmonelles dans un troupeau	39
I.8.4 Mesures de maîtrise tenant compte des flux d’animaux reproducteurs	40
I.9 Contenu de la thèse	41

II Modélisation d'un troupeau porcin	45
II.1 Principes, objectifs et mise en oeuvre de la conduite en bandes . . .	45
II.2 Adaptations de la conduite en bandes	48
II.3 Modélisation de la conduite d'un troupeau naisseur-engraisseur . .	50
II.3.1 Résumé de présentation de l'article	50
II.3.2 Manuscrit soumis	53
III Modélisation de la transmission des salmonelles en troupeau porcin	79
III.1 Infection et portage salmonellique chez le porc	80
III.1.1 Déroulement de l'infection chez le porc	81
III.1.2 Méthodes de détection de l'infection	82
III.1.3 Prévalence du portage de salmonelles dans un troupeau porcin	83
III.2 Modèle de transmission des salmonelles dans un troupeau	85
III.2.1 Résumé de l'article	85
III.2.2 Manuscrit	90
III.2.2.1 Coupling the herd and the epidemiological models	96
III.2.3 Modelling approach	110
III.2.4 Simulations	112
III.2.5 Model evaluation	112
III.2.6 Use of the model	114
III.3 Analyse de sensibilité	121
III.3.1 Résumé de l'article	121
III.3.2 Manuscrit	124
IV Evaluation de mesures de maîtrise	145
IV.1 Introduction	148
IV.2 Analyse bibliographique des mesures de maîtrise des salmonelles .	149
IV.2.1 Facteurs de risque d'introduction et de transmission des salmonelles	149
IV.2.2 Utilisation de la modélisation pour l'évaluation de mesures de maîtrise dans la littérature	151
IV.2.3 Identification des mesures à évaluer avec un modèle de troupeau naisseur-engraisseur	152

IV.2.3.1	Mesures réduisant l'exposition des porcs aux salmonelles	152
IV.2.3.2	Mesures accroissant la résistance à l'infection des porcs lors d'une exposition aux salmonelles	152
IV.2.3.3	Mesures limitant l'introduction de salmonelles dans un troupeau	153
IV.2.4	Critères d'évaluation	154
IV.3	Mesures de maîtrise mises en oeuvre à l'échelle d'un troupeau porcin	156
IV.3.1	Mesures de biosécurité interne : respect de la conduite en bandes stricte et efficacité de la décontamination des salles	156
IV.3.1.1	Résumé de l'article	156
IV.3.1.2	Manuscrit	158
IV.3.2	Evaluation exploratoire de mesures accroissant la résistance des porcs à l'infection : exemple de la vaccination et de l'acidification de l'aliment en élevages porcins	175
IV.3.2.1	Introduction	175
IV.3.2.2	Matériels et méthodes	177
IV.3.2.3	Résultats	181
IV.3.2.4	Discussion	185
IV.4	Influence de l'introduction de cochettes	189
IV.4.1	Introduction	189
IV.4.2	Matériels et méthodes	191
IV.4.3	Résultats	192
IV.4.3.1	Effet de l'introduction répétée de cochettes infectées <i>versus</i> l'introduction unique sur la séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers	192
IV.4.3.2	Effet de la séroprévalence dans les lots de cochettes sur la séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers	193
IV.4.4	Discussion	194
IV.5	Mesures d'orientation des flux d'animaux reproducteurs	197
IV.5.1	Introduction	197
IV.5.2	Elaboration du modèle pour évaluer une mesure d'orientation de flux	199

IV.5.3 Simulations et sorties du modèle	204
IV.5.4 Résultats	205
IV.5.5 Discussion	209
V Discussion générale	215
V.1 Approche méthodologique	216
V.1.1 Choix de l'approche par modélisation	216
V.1.2 Elaboration du modèle pour l'évaluation de mesures de maîtrise	217
V.1.3 Modèle de dynamique des populations dans un troupeau . .	218
V.1.3.1 Choix de modélisation	218
V.1.3.2 Paramétrage	220
V.1.4 Modèle épidémiologique	221
V.1.4.1 Choix de modélisation	221
V.1.4.2 Paramétrage	222
V.1.5 Couplage	223
V.1.6 Evaluation des modèles	226
V.2 Résultats principaux	227
V.2.1 Rôle des truies et contribution de l'infection précoce des porcelets sur la séroprévalence dans les lots de porcs char- cutiers	227
V.2.2 Influence de la conduite de troupeau et de la décontamina- tion sur la propagation des salmonelles dans l'exploitation .	229
V.2.3 Mesures de maîtrise de l'infection par les salmonelles au sein d'un troupeau et au sein d'une structure de production . .	231
V.2.4 Réalisme des mesures évaluées et limites	233
V.3 Perspectives	234
VI Conclusion générale	237
Références bibliographiques	239
Liste des publications et des communications issues de la thèse	257

Annexe	262
A Modélisation	263
A.1 Introduction	265
A.2 Modèle troupeau	266
A.2.1 Introduction	266
A.2.1.1 Type d'élevage représenté	266
A.2.1.2 Choix de modélisation	266
A.2.2 Cycle de reproduction des truies	267
A.2.2.1 Description d'une bande de truies	267
A.2.2.2 Mortalité	270
A.2.2.3 Reproduction	270
A.2.2.4 Réforme volontaire	271
A.2.2.5 Recrutement des cochettes	271
A.2.2.6 Dynamique des bandes de truies	272
A.2.3 Croissance des porcs	272
A.2.3.1 Description d'une bande de porcs	273
A.2.3.2 Naissance	275
A.2.3.3 Mortalité	275
A.2.3.4 Départs à l'abattoir	275
A.2.3.5 Dynamique des bandes de porcs	278
A.3 Modèle salmonelles	278
A.3.1 Description des états épidémiologiques	279
A.3.1.1 Liste des états épidémiologiques potentiels	279
A.3.1.2 Choix des états épidémiologiques modélisés	280
A.3.2 Description du modèle	281
A.3.2.1 Variables d'état	281
A.3.2.2 Transitions	281
A.3.2.3 Dynamique épidémiologique	283
A.4 Couplage	283

Liste des figures

I.1	Schéma simplifié des étages successifs de la filière de viande porcine et de produits porcins	24
I.2	Schéma des flux d'animaux entre troupeaux aux étages de sélection, de multiplication et de production à l'amont de la filière porcine . . .	28
I.3	Organisation du projet de thèse	44
II.1	Schéma des flux d'animaux planifiés ou non au sein d'un troupeau naisseur-engraisseur et pris en compte dans le modèle	47
II.2	Schéma de la planification hebdomadaire des évènements principaux de conduite de reproduction des truies dans le cas d'une conduite en bandes avec un intervalle de trois semaines entre bandes	48
III.1	Etats des porcs vis-à-vis de l'infection par les salmonelles et transitions entre états pris en compte dans notre modèle	89
III.2	Results of sensitivity analysis performed on all the epidemiological parameters of the model	136
IV.1	Représentation du pourcentage de lots de porcs charcutiers avec une séroprévalence inférieure à 5% et du pourcentage de lots avec une séroprévalence supérieure à 40% pour 150 simulations réalisées sur 400 semaines soit 30000 lots	155
IV.2	Seroprevalence in groups of slaughter pigs for two extreme scenarios	167
IV.3	Mean seroprevalence in groups of slaughter pigs for 12 scenarios . . .	168

IV.4	Percentage of groups of slaughtered pigs with a seroprevalence lower than 5% according to the 12 scenarios tested	169
IV.5	Percentage of groups of slaughter pigs with a seroprevalence higher than 40% according to the 12 scenarios tested	170
IV.6	Représentation des paramètres épidémiologiques associé aux mécanismes d'infection ciblés par les mesures d'acidification de l'alimentation et de vaccination	178
IV.7	Influence de la diminution de trois paramètres épidémiologiques pour différentes catégories d'animaux pendant la durée de leur stade de croissance ou de reproduction sur le pourcentage de lots de porcs charcutiers livrés à l'abattoir avec une séroprévalence inférieure à 5%	182
IV.8	Influence de la diminution de trois paramètres épidémiologiques pour différentes catégories d'animaux pendant la durée de leur stade de croissance ou de reproduction sur le pourcentage de lots de porcs charcutiers livrés à l'abattoir avec une séroprévalence supérieure à 40%	183
IV.9	Influence de la diminution de trois paramètres épidémiologiques pour les truies à partir de la verraterie et les porcelets après le sevrage et de façon durable sur le pourcentage de lots de porcs charcutiers livrés à l'abattoir avec une séroprévalence inférieure à 5%	184
IV.10	Influence de la diminution de trois paramètres épidémiologiques pour les truies à partir de la verraterie et les porcelets après le sevrage et de façon durable sur le pourcentage de lots de porcs charcutiers livrés à l'abattoir avec une séroprévalence supérieure à 40%	185
IV.11	Séroprévalence moyenne dans les lots de porcs charcutiers livrés à l'abattoir quand l'introduction de cochettes infectées est unique (en noir) et quand elle est répétée (en gris)	192
IV.12	Séroprévalence des lots de porcs charcutiers envoyés à l'abattoir en fonction de la séroprévalence des lots de cochettes introduites	194
IV.13	Distribution de la séroprévalence des lots de porcs charcutiers issus de troupeaux producteurs et envoyés à l'abattoir	205

IV.14	Pourcentage de lots de porcs charcutiers avec une séroprévalence inférieure à 5% ($p_{5\%}$) et celui des lots avec un séroprévalence supérieure à 40%	206
IV.15	Distribution du classement des troupeaux sélectionneurs, multiplicateurs et producteurs au cours du temps par niveau de contamination (Moyenne pour 10 répétitions)	208
A.1	Schéma du modèle épidémiologique de transmission des salmonelles .	281

Liste des tableaux

III.1	Demographic parameters used in the batch model	132
III.2	Epidemiological parameters used in the model. Data from Nielsen <i>et al.</i> , 1995; van Winsen <i>et al.</i> , 1995; lo fo Wong <i>et al.</i> , 2000; Gray <i>et al.</i> , 1996; Fravallo <i>et al.</i> , 2003; Proux <i>et al.</i> , 2001; Wood <i>et al.</i> , 1989; Beloeil <i>et al.</i> , 2003; Kranker <i>et al.</i> , 2003; Berends <i>et al.</i> , 1996; Davies <i>et al.</i> , 1999	133
IV.1	Scenarios combining the all-in/all-out management system and different values of pig growth and decontamination efficiencies	166
IV.2	Percentage of pigs delivered to the slaughterhouse under the slaughterhouse expected weight	171
IV.3	Combinaisons de populations cibles et de réduction de paramètres épidémiologiques permettant d'atteindre le seuil de 35% de lots de porcs charcutiers avec une séroprévalence inférieure à 5% ($p_{5\%}$) et le seuil de 0,5% pour les lots avec une séroprévalence supérieure à 40% ($p_{40\%}$) pour une mesure d'acidification de l'aliment	186
IV.4	Combinaisons de populations cibles et de réduction de paramètres épidémiologiques permettant d'atteindre le seuil de 35% de lots de porcs charcutiers avec une séroprévalence inférieure à 5% ($p_{5\%}$) et le seuil de 0,5% pour les lots avec une séroprévalence supérieure à 40% ($p_{40\%}$) pour une mesure de vaccination	187

IV.5	Pourcentage de tests où le niveau de classement attribué à partir de 10 animaux dans un lot n'est pas cohérent avec la séroprévalence du lot complet pour les troupeaux sélectionneurs, multiplicateurs et producteurs durant la totalité de la simulation	207
------	--	-----

Terminologies utilisées dans la thèse

Bande : Ensemble d'animaux dans le même stade de croissance ou dans le même stade du cycle de reproduction.

Contamination : Arrivée d'un agent pathogène chez un hôte.

Déterministe : Se dit d'un modèle où aucun phénomène représenté n'est modélisé avec de l'aléatoire.

Infection : Développement localisé ou généralisé d'un agent pathogène dans l'organisme de son hôte.

Lot de porcs charcutiers : Groupe d'animaux issus de bandes différentes et livrés en même temps à l'abattoir.

Portage : Etat induit par la présence d'un agent pathogène dans l'organisme de son hôte qui excrète ou non cet agent. *Dans les sections III.2.2, p.90 et III.3.2, p.124, le terme Carrier correspond à un animal porteur non-excréteur.*

Processus : Développement temporel de phénomènes marquant chacun une étape.

Propagation : Circulation d'un agent pathogène dans une population.

Séroconversion : Production par l'hôte d'anticorps spécifiques détectables suite à une infection par un agent pathogène.

Simulation : Reproduction artificielle du fonctionnement d'un système à des fins d'étude, de démonstration ou d'explication.

Stochastique : Se dit d'un modèle où au moins un phénomène représenté est modélisé avec de l'aléatoire.

Transmission : Passage d'un agent pathogène d'un individu excréteur à un individu sensible.

Chapitre I

Introduction générale

Dans les pays de l'Union Européenne, la sécurité des aliments est une priorité pour 86% des consommateurs [50]. Trois risques pour la sécurité des aliments existent : les risques chimiques, les risques physiques et les risques microbiologiques. Parmi ces risques, ceux liés aux micro-organismes sont responsables de l'incidence de maladies de l'homme d'origine alimentaire la plus élevée [55]. Les intoxications alimentaires ou toxi-infections alimentaires sont dues à l'ingestion de produits contaminés par des micro-organismes ou par des toxines. Les micro-organismes incriminés sont, en général, des bactéries (les salmonelles, les shigelles, les listéria, *etc.*) mais aussi des virus (Norovirus, Rotavirus, Hépatite A, E, *etc.*) ou des parasites (*Toxoplasma gondii*, *Taenia saginata*, *Trichinella spiralis*, *etc.*). Lorsqu'une toxi-infection touche plusieurs personnes et a une même origine alimentaire (2 personnes ayant partagé le même repas), cette intoxication est appelée Toxi-Infection Alimentaire Collective (TIAC).

Parmi les causes de toxi-infections alimentaires collectives, les salmonelles sont parmi les plus fréquemment incriminées [106]. La salmonellose humaine est une toxi-infection alimentaire majeure dans les pays industrialisés. En effet, en France, en 2005, 39,9% des TIAC déclarées étaient dues à *Salmonella spp* [107].

I.1 Salmonelloses humaines et part liée aux viandes et produits porcins

En 2006, 89 296 cas de salmonelloses humaines ont été recensés par les 24 pays membres de l'union européenne avec un pic saisonnier entre juillet et septembre (34 854 cas)[49]. Les pays de l'Europe des 15 connaissent une réduction depuis quelques années [48, ?]. Cette réduction résulte notamment de la mise en oeuvre de plans de contrôle en filière avicole, par exemple en France [12] et aux Pays-Bas [7], et en filière porcine, comme en Suède et au Danemark [65].

Les salmonelloses humaines touchent le plus souvent les enfants âgés de 0 à 4 ans. Elles sont généralement caractérisées par une forte poussée de fièvre, des douleurs abdominales, des nausées et quelquefois des vomissements. Les symptômes sont généralement peu graves et la plupart des infections ne persistent que quelques jours. Cependant chez les patients immuno-déprimés et les enfants, l'infection peut être plus sérieuse provoquant une grave déshydratation pouvant entraîner la mort (0,1% des cas [107]). Dans le cas d'infection sérieuse, l'efficacité du traitement antibiotique peut être menacée par l'existence de souches multirésistantes. Au dernier trimestre 2006, le réseau Enter-net [54] a collecté les résultats d'antibiogrammes pour des isolats issus d'environ 10 000 cas de salmonellose humaine, répartis dans dix pays européens [49]. Près de 40% étaient résistants à un antibiotique au moins, 18% étaient multirésistants. Les résistances à l'ampicilline, à la streptomycine, aux sulphonamides et aux tétracyclines sont communes. Ces souches résistantes, en particulier *Salmonella* Typhimurium DT104, sont plus fréquentes dans les isolats issus de denrées alimentaires d'origine animale.

Les salmonelloses humaines ont des origines variées. En 2003, les ovoproduits et la viande de volaille sont les aliments les plus impliqués dans les salmonelloses humaines à *Salmonella* Enteritis au Danemark [9]. En Europe, entre 5 et 30% des salmonelloses humaines ont pour origine la consommation de viande porcine contaminée par *Salmonella* Typhimurium [10]. La contamination par des produits d'origine bovine est plus anecdotique.

La contribution de la viande porcine comme source de salmonellose humaine varie entre les pays du fait d'habitudes alimentaires différentes (quantité consom-

mée, mode de préparation). En Europe, il n'y a pas de diminution notable de l'incidence excepté pour les Pays-Bas et le Danemark qui ont mis en place des plans de maîtrise dès les années 90 [10].

Les salmonelloses d'origine porcine sont dues à la présence de salmonelles dans la viande et dans les produits de charcuterie. La contamination de ces produits est le résultat de multiples contaminations ayant lieu depuis la naissance des porcelets jusqu'à la consommation des produits transformés, c'est-à-dire tout au long de la filière porcine (FIG. I.1). Une réduction de la contamination par les salmonelles dans la filière de viande porcine peut contribuer de manière significative à diminuer le nombre de cas de salmonellose humaine [65].

I.2 Opérateurs et flux dans la filière de viande et de produits porcins à l'origine des contaminations par les salmonelles

La filière de viande porcine et de produits porcins comprend un grand nombre d'opérateurs dont les activités sont diverses. La filière consiste en une succession d'étapes de l'alimentation des animaux jusqu'au consommateur final (FIG. I.1).

Les salmonelles sont résistantes dans l'environnement et peuvent survivre notamment sur les carcasses, le matériel, les surfaces, l'aliment et l'eau. Elles sont présentes dans le tractus digestif des animaux infectés et sont excrétées dans les matières fécales. Une contamination peut survenir à chacune des étapes de la filière (infection des animaux, contamination des produits porcins ou du matériel) et produire un effet en chaîne entraînant la présence de salmonelles dans les produits de consommation de l'homme. Le plus généralement, cette contamination peut se réaliser :

- chez le consommateur : au moment de la préparation (sur la planche de découpe, par exemple, entre des aliments contaminés et des aliments indemnes de salmonelles) ou lors de la conservation [10, 77] ;
- lors de la distribution : les mauvaises conditions de conservation peuvent entraîner la multiplication des bactéries et le non-respect des pratiques d'hy-

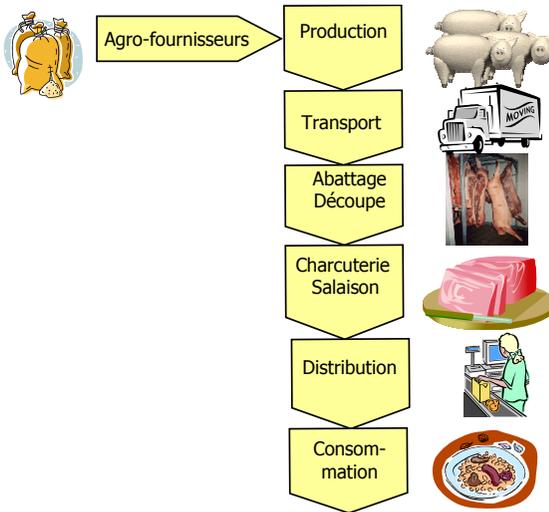


Fig. I.1 – Schéma simplifié des étages successifs de la filière de viande porcine et de produits porcins

giène peut entraîner des contaminations croisées [10] ;

- lors de la charcuterie-salaison : un mauvais nettoyage du matériel induit la contamination des produits ;
- lors des processus d’abattage et de découpe : un accident d’éviscération durant le processus d’abattage entraîne la dispersion des salmonelles sur la chaîne d’abattage et la contamination des carcasses et du matériel [22, 26, 64], et ce, même si les bonnes pratiques d’abattage sont respectées [61] ;
- sur le quai d’attente à l’abattoir : les porcs peuvent s’infecter du fait de la présence de salmonelles résiduelles après le processus de nettoyage dans les cases d’attente ou de porcs infectés présents dans la même case. Même si les cases d’attente sont nettoyées entre différents lots de porcs charcutiers, leur niveau de contamination et leur durée d’occupation moyenne de 6 heures sont suffisants pour l’infection de porcs indemnes de salmonelles [70, 117, 132] ;
- durant l’étape de transport de l’exploitation vers l’abattoir : la présence de salmonelles résiduelles dans les camions issues d’un précédent transport

peuvent entraîner l'infection de porcs indemnes. Le stress lié à la mise à jeun des animaux avant le départ et à leur transport amplifie l'excrétion par les porcs infectés et augmente la sensibilité des porcs indemnes, ce qui contribue à de nombreuses contaminations croisées [116] ;

- durant l'élevage des porcs charcutiers dans l'exploitation, les animaux peuvent s'infecter :
 - en ingérant des bactéries présentes dans les excréments de leurs mères ou d'autres porcs de la même salle (sol, parois, *etc.*) ;
 - en ingérant des bactéries présentes dans leurs salles d'élevage dues à la présence de rongeurs et du personnel de l'exploitation qui véhiculent les bactéries, soit acheminées par l'eau de boisson ou par l'aliment distribué.

Les porcs infectés à la sortie de l'exploitation sont l'une des principales sources de contamination des carcasses à l'abattoir. D'après les travaux de Berends *et coll.* (1997) [22], il existe une forte corrélation entre le nombre de porcs porteurs de salmonelles arrivant à l'abattoir et le nombre de carcasses contaminées en fin de chaîne d'abattage. Beloeil *et coll.* (2004b) [19] ont aussi mis en évidence le rôle crucial du statut des lots de porcs charcutiers mis en évidence par sérologie et par bactériologie et du temps passé sur les quais d'attente sur la contamination du contenu caecal prélevé à l'abattoir.

La diminution des risques dans cette filière, liés à la présence de salmonelles dans les produits porcins, peut intervenir à trois niveaux (formulés par l'Organisation Mondiale de la Santé ([5])) :

- le premier correspond au contrôle des salmonelles dans le processus de production primaire (production des porcs charcutiers) (*'pre-harvest level'*),
- le deuxième correspond à l'amélioration de l'hygiène durant l'abattage et les étapes du processus de transformation (*'harvest level'*),
- le troisième se concentre sur les mesures durant les étapes de préparation de l'aliment et la sensibilisation des industriels et des consommateurs quant à l'application de mesures d'hygiène efficaces (*'post-harvest level'*).

De ce fait, se concentrer de manière collective sur le niveau *'pre-harvest'* [5] (opérateurs de la production de porcs charcutiers) permettrait d'obtenir des troupeaux avec des faibles niveaux de prévalence d'animaux infectés. La réduction du

nombre d'animaux infectés au départ pour l'abattoir permettrait ainsi de réduire d'une part, le risque de contamination croisée durant le transport et l'attente avant l'abattage et d'autre part, le risque de contamination des carcasses sur la chaîne d'abattage.

I.3 Organisation des étapes amont de la filière de viande porcine et de produits porcins

Les opérateurs associés à la production de porcs charcutiers sont groupés en structures économiques au sein desquelles des troupeaux sont mis en relation par l'achat et la vente d'animaux, dans des réseaux commerciaux. En général, ces troupeaux sont mis en relation au sein d'une structure de production. Plusieurs structures sont en relation par le biais de flux d'animaux.

Les troupeaux porcins sont en relation avec de nombreux intrants susceptibles d'introduire des salmonelles. Parmi ces intrants, les animaux infectés par les salmonelles sont considérés comme une des voies majeures d'introduction de la bactérie dans un troupeau [10]. Les autres sources d'introduction identifiées sont l'aliment et l'eau de boisson contaminés, la présence de rongeurs et d'animaux domestiques, les visiteurs de l'exploitation, le matériel, le lisier et la présence de troupeaux de porcs ou d'autres animaux de rente à proximité [34]. En France, les flux d'animaux entre troupeaux peuvent être des porcs à différents stades de leur croissance ou des animaux reproducteurs (FIG. I.2).

Les flux d'animaux reproducteurs entre ces troupeaux sont gouvernés par l'organisation de ces troupeaux en structure pyramidale. Cette structure est fondée sur l'organisation de l'amélioration génétique. L'étage de sélection, au sommet de la pyramide, approvisionne en animaux de lignée génétique pure les troupeaux multiplicateurs. Ces multiplicateurs croisent les races afin d'obtenir des animaux ayant de meilleures performances : troupeaux parentaux quand un seul croisement est nécessaire, troupeaux grands-parentaux et parentaux quand 2 croisements successifs sont nécessaires. Ils approvisionnent en animaux reproducteurs les troupeaux de production destinés à fournir des porcs charcutiers à l'abattoir.

Les flux d'animaux reproducteurs sont unidirectionnels ; ils interviennent uni-

quement du haut de la filière (Sélection) vers le bas (Production) et uniquement d'un étage vers un étage directement inférieur ou égal. Les flux de porcs aux différents stades de leur croissance interviennent à l'étage de production entre types de troupeaux différents (FIG. I.2). Les différents types de troupeaux à l'étage de production comprennent [44] :

- Naisseurs-engraisseurs (73,1% du cheptel porcin) : ces troupeaux s'approvisionnent en animaux reproducteurs, ils réalisent la phase de reproduction des truies (naissance des porcelets) et produisent des porcs charcutiers destinés à l'abattoir ;
- Naisseurs avec vente au sevrage ou en sortie de post-sevrage (1,9% et 2,1%) : ils réalisent la phase de naissance (et le début de la phase de croissance après sevrage appelée le post-sevrage pour les 25kg) et vendent leurs porcelets à 6-8 kg (au sevrage) ou à 25-30kg (après post-sevrage) ;
- Post-sevreurs (0,4%) : ces troupeaux s'approvisionnent en porcelets sevrés et réalisent uniquement la période de post-sevrage ;
- Post-sevreur-engraisseurs (8,7%) : les éleveurs achètent des porcelets sevrés et réalisent le post-sevrage et l'engraissement jusqu'à leur départ à l'abattoir ;
- Engraisseurs (12,6%) : les éleveurs achètent les jeunes porcs à la fin du post-sevrage et les engraisent jusqu'à leur départ pour l'abattoir.

La plupart des exploitations françaises de l'étage de production sont des troupeaux naisseurs-engraisseurs. En étage de sélection et de multiplication, les troupeaux ont une conduite de type naisseur-engraisseur.

Au sein d'un troupeau naisseur-engraisseur, la conduite en bandes est généralement mise en oeuvre en France et se développe dans de nombreux pays [27, 114]. Avec cette conduite, le cheptel de truies est divisé en groupes de taille égale et de même stade physiologique, appelés bandes de truies. Les truies d'une même bande sont inséminées simultanément ce qui permet de regrouper les mises bas. Les portées des truies issues d'une même bande composent une bande de porcelets puis une bande de porcs à l'engrais. Les animaux d'une bande de porcs sont conduits ensemble du sevrage des porcelets au départ des porcs charcutiers pour l'abattoir. Au cours de sa croissance, une bande de porcs occupe plusieurs salles d'élevage successives ; chaque salle n'est occupée que par une seule bande. La conduite en

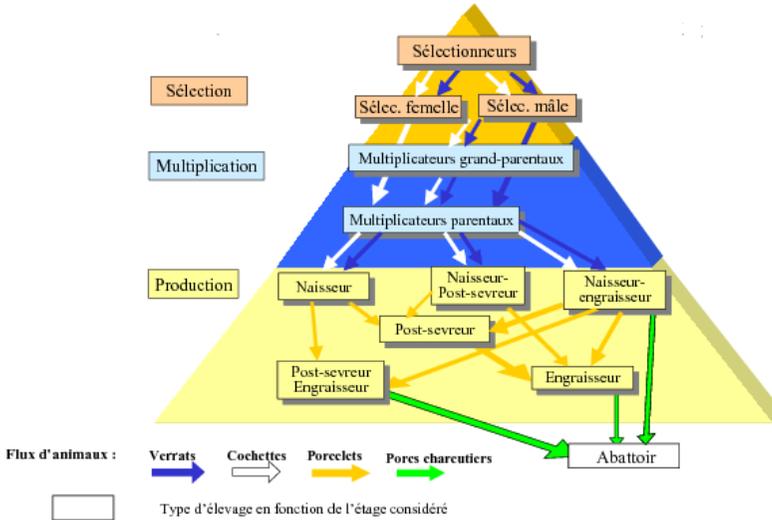


Fig. I.2 – Schéma des flux d'animaux entre troupeaux aux étages de sélection, de multiplication et de production à l'amont de la filière porcine

bandes permet en principe une occupation en tout-plein/tout-vide des bâtiments d'élevage puisque les animaux d'une même bande entrent et sortent d'une salle au même moment [31]. Cela permet un nettoyage et une désinfection ainsi que la réalisation d'une période de vide sanitaire entre deux bandes de porcs qui se succèdent dans une même salle. Outre l'amélioration de l'hygiène dans les exploitations, cette conduite permet une organisation du travail facilitée grâce au regroupement et à la planification des tâches. En salle de verraterie et en salle de gestation, il n'y a pas d'occupation en tout-plein/tout-vide des salles puisque plusieurs bandes de truies y sont présentes au même moment. La conduite en bandes a permis d'améliorer la santé des animaux, leurs indices de croissance et de réduire le taux de mortalité et les frais de traitements vétérinaires [27, 91] De plus, cette conduite à 3 semaines est particulièrement bien adaptée aux élevages de 60 à 300 truies [44].

La conduite en bandes induit une structure de contact particulière essentielle à considérer pour étudier la transmission des salmonelles au sein d'un troupeau. Cette structure de contact correspond : à l'existence, au type (direct ou indirect par l'environnement), à l'intensité et à la fréquence des contacts entre animaux.

I.4 Infection des porcs charcutiers par les salmonelles

L'infection des porcs par les salmonelles est due à l'ingestion de produits contaminés (eau, aliments, excréments, ...). Elle peut être accompagnée ou non de signes cliniques. En Europe, les salmonelloses cliniques sont rares. Dans la plupart des cas, la colonisation du tractus digestif qui suit l'ingestion de bactéries entraîne l'existence d'un état de portage asymptomatique. Les salmonelles sont présentes dans le tractus digestif des porcs qui excrètent la bactérie dans leurs fèces mais ne manifestent pas de signes cliniques [23, 100]. Cette excrétion est intermittente [78].

Du fait de sa nature asymptomatique, la prévalence de portage de salmonelles dans les lots de porcs charcutiers livrés à l'abattoir est difficile à estimer. Les animaux porteurs (qui excrètent ou non la bactérie) ne peuvent être distingués par simple observation et des méthodes de détection ont été développées à partir d'analyses directes (bactériologiques) ou indirectes (immunologiques). Les analyses bactériologiques sont réalisées sur des prélèvements de fèces ou de contenu digestif et visent à mettre en évidence la présence de bactéries. Les analyses immunologiques se font généralement sur prélèvement de sang ou sur du jus de viande à l'abattoir ; elles permettent de détecter les animaux séropositifs (qui présentent des anticorps anti-*Salmonella*).

Avec ces deux méthodes, la prévalence de l'infection par les salmonelles dans un troupeau peut être estimée à partir de prélèvements réalisés en exploitation (analyse bactériologique) ou à l'abattoir (analyse sérologique). A l'abattoir, la prévalence de l'infection par les salmonelles dans les lots de porcs charcutiers obtenue à partir de prélèvements de contenu digestif varie entre lots et entre pays. Dans une étude de Beloeil *et coll.* [19], le prélèvement du contenu caecal de 10 animaux parmi 30 pour 101 lots à l'abattoir a montré une variation de la prévalence de portage entre 0 et 100%, avec plus de 63% des lots ayant une prévalence inférieure à 20%. Une étude similaire aux Pays-Bas [141], a montré une variation de la prévalence entre 0 et 80% dans les lots de porcs charcutiers.

La transmission des salmonelles des animaux infectés aux animaux sensibles

est liée à la présence d'animaux infectés qui excrètent la bactérie dans leurs salles d'élevage [10]. Cette transmission intervient entre animaux présents dans une salle d'élevage et par l'intermédiaire des salles dans lesquelles transitent successivement plusieurs bandes d'animaux.

I.5 Organisation de la filière porcine pour la maîtrise de la prévalence du portage de salmonelles chez les porcs charcutiers

La capacité de résistance des salmonelles dans l'environnement et leur caractère ubiquiste rendent difficile l'éradication de ces bactéries de façon durable dans les troupeaux et, par conséquent, dans la filière. Par contre, la réduction de la prévalence sous un seuil acceptable est envisagé [6].

Dans cet objectif, une nouvelle directive européenne sur la réduction des maladies humaines d'origine alimentaire (zoonoses)¹ a été publiée. La directive 2003/99 et le règlement 2160/2003 [8] imposent la mise en place de mesures pour détecter et maîtriser les salmonelles à tous les stades de la chaîne alimentaire. Des objectifs quantifiés de réduction doivent être fixés au niveau européen. Pour y parvenir, chaque pays doit définir un plan de maîtrise au niveau des troupeaux (production primaire) mais aussi au niveau alimentation animale (fabricant, matières premières). Ces objectifs concernent les troupeaux porcins, les troupeaux de poules pondeuses, de poulets de chair et de dindes de chair. En production porcine, les plans doivent être mis en place en juin 2009 pour les troupeaux de l'étage de production (porcs charcutiers) et en juin 2010 pour les cheptels de porcs reproducteurs (sélection et multiplication).

Dans la filière porcine, la démarche de surveillance des salmonelles a débuté il y a une quarantaine d'années dans les pays scandinaves, à la suite d'épisodes infectieux graves chez l'Homme attribués à la présence de salmonelles dans la

¹zoonoses : maladie ou infection qui se transmet des animaux vertébrés à l'Homme et *vice-versa*

viande de porc. La Suède fut le premier pays à mettre en place un programme de maîtrise obligatoire des salmonelles en élevage de porcs. Dans les années 90, le Danemark a, à son tour, mis en oeuvre un plan de maîtrise de plus grande envergure qui intégrait tous les acteurs de la filière [94]. Par la suite, d'autres pays européens comme l'Allemagne, l'Angleterre ou les Pays-Bas ont élaboré des plans de maîtrise visant à réduire la prévalence de l'infection par les salmonelles dans leurs filières porcines respectives.

Le plan de lutte danois contre les salmonelles mérite d'être détaillé, étant donné que tous les acteurs de la filière sont impliqués et qu'il a eu un rôle précurseur en Europe. Ce plan a été décidé par le gouvernement et avalisé par l'ensemble de la profession. La mise en place d'un plan de contrôle généralisé a débuté en 1995. Les producteurs d'aliments, les sélectionneurs, les multiplicateurs, les naisseurs et les engraisseurs sont contrôlés tous les mois ; tous les résultats sont publiés [10].

Le plan de maîtrise des salmonelles danois est fondé sur un suivi sérologique mensuel des porcs charcutiers à l'abattoir à partir de prélèvements de jus de viande. Le nombre de porcs prélevés par troupeau varie de 60 à 100 par an en fonction de la taille de celui-ci. Les troupeaux sont classés en trois catégories en fonction d'un index correspondant à la moyenne pondérée des résultats de prévalences sérologiques obtenus sur les trois derniers mois, le résultat le plus récent compte pour 60% et les deux précédents pour 20% [94] :

- Niveau 1 : l'index est inférieur à 40% ;
- Niveau 2 : l'index est compris entre 40% et 70% ;
- Niveau 3 : l'index est supérieur 70%.

Les troupeaux de niveaux 2 et 3 ont obligation de se soumettre à un contrôle bactériologique sur fèces afin de connaître le (ou les) sérotypes présent(s) dans l'exploitation et leur localisation [1]. De plus, l'éleveur doit indiquer la provenance de ses porcelets durant les 6 derniers mois pour un contrôle renforcé des troupeaux fournisseurs. Les professionnels ont défini un système de pénalités pour les troupeaux ayant des niveaux de prévalence élevés (2 et 3), dans le but d'inciter les éleveurs à réduire le taux d'infection dans leurs troupeaux. Ces pénalités s'élèvent à 2% des recettes d'abattage pour les troupeaux de niveau 2 pour tous les mois où ils sont classés dans ce niveau et à 4, 6 ou 8% pour les troupeaux de niveau

3 [98]. A l'abattoir, l'abattage des porcs issus des troupeaux fortement contaminés est réalisé en fin de journée ou dans des abattoirs spécialisés. Des mesures correctives, s'appuyant principalement sur l'hygiène, la biosécurité et l'alimentation, sont proposées pour les troupeaux fortement contaminés afin d'améliorer leur statut vis-à-vis des salmonelles.

Les troupeaux de sélection et de multiplication sont testés tous les mois en sérologie mais le classement de ces troupeaux en fonction de leur niveau de contamination est différent [98] :

- Niveau 1 : l'index est inférieur à 15% ;
- Niveau 2 : l'index est supérieur à 15%.

L'application du plan comporte aussi dans le contrôle des usines d'aliments et la mise en place d'au moins 4 contrôles obligatoires par an.

Dans un premier temps, l'objectif était de faire ressortir les troupeaux fortement contaminés. Les premiers résultats ont aussi montré une amélioration de séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers livrés à l'abattoir. Le programme a été adapté, notamment par l'augmentation de la sensibilité du test sérologique et par l'ajout d'un niveau de contamination 0 [98]. Ce niveau correspond à une séroprévalence inférieure à 5%.

Depuis la mise en oeuvre de ce programme, la prévalence annuelle de salmonelles sur la viande fraîche de porc est passée de 3,5% en 1993 à 0,7% en 2000 au Danemark. Le nombre de cas humains de salmonellose liés à la consommation de porc est passé parallèlement de 1144 en 1993 à 200 en 2003 [99, 98].

Depuis les années 2000, d'autres pays européens ont mis en place des plans de contrôle des salmonelles dans leur filière porcine. Ces plans sont également fondés sur la classification des troupeaux selon des niveaux de contamination qui diffèrent selon les pays et la sérologie est communément utilisée pour caractériser le statut des troupeaux à l'égard des salmonelles (Allemagne, Royaume-Uni, Pays-Bas [98], Belgique en 2006).

En France, un groupe de travail national animé par la Fédération Nationale de la Coopération Bétail et Viande (FNCBV), et mandaté par l'Interprofession Nationale Porcine (INAPORC), a été constitué afin de valider les différents points du plan de maîtrise de l'infection par les salmonelles. L'analyse sérologique est la

méthode retenue en exploitation pour le classement des troupeaux [35]. Par contre, les objectifs de réduction, les plans d'échantillonnage et de classement, ainsi que les mesures correctives à mettre en place sont en cours de validation.

I.6 Mesures disponibles ou potentielles pour la maîtrise du portage de salmonelles

Les mesures mises en oeuvre au niveau des étages amont de la filière visent à [10] :

- prévenir l'introduction des salmonelles dans les troupeaux,
- réduire la transmission intra-troupeau,
- diminuer la sensibilité vis-à-vis d'une infection.

Une conduite en bandes stricte² avec respect de la période de vide sanitaire et une procédure de nettoyage-désinfection efficace sont souvent décrites dans la littérature comme des éléments fondamentaux de la maîtrise de la contamination des élevages [21, 40]. D'une manière générale, les études de facteurs de risque de persistance des salmonelles en élevage ont mis en évidence un effet protecteur du respect des recommandations des règles d'hygiène.

La plupart des études épidémiologiques indiquent que la probabilité de détecter des porcs porteurs de salmonelles est plus faible quand les porcs consomment un aliment distribué sous forme liquide (en soupe) plutôt qu'un aliment distribué sous forme sèche [21, 45, 51]. L'ajout d'acides organiques dans l'alimentation ou dans l'eau de boisson entraîne une diminution significative de l'excrétion [73].

Les antibiotiques ne permettent pas de diminuer l'excrétion et le portage associés à l'infection par les salmonelles [53]. Il faut également souligner que certaines souches de salmonelles présentent des résistances *in vitro* vis-à-vis de nombreux antibiotiques [126]. L'utilisation d'antibiotiques présente le risque de sélectionner des sérotypes multirésistants qui compromettent l'efficacité des traitements chez

²Conduite en bandes dans laquelle les animaux de bandes différentes n'entrent pas en contact

l'Homme. Cette utilisation doit donc se faire avec précaution, afin de limiter le danger en terme de santé publique.

L'utilisation d'une flore de barrière a été utilisée avec succès en filière avicole [25]. Cette approche a semblé intéressante en filière porcine. Fedorka-Cray *et coll.* (2000) [52] ont montré une réduction de la quantité de bactéries présentes dans des échantillons de contenus caecaux chez des porcelets infectés par *Salmonella* Choleraesuis et traités avec une flore de barrière.

Dans plusieurs pays, des vaccins (inactivés ou atténués) ont été développés afin de lutter contre les signes cliniques des salmonelloses porcines dues à *Salmonella* Choleraesuis. Puisqu'en Europe les infections sont généralement sub-cliniques, l'utilisation de vaccins chez les animaux porteurs devrait viser à réduire la sensibilité vis-à-vis d'une nouvelle infection et l'excrétion de la bactérie par les porcs infectés. En Allemagne, un vaccin a montré une protection contre la colonisation du tractus digestif des animaux traités en conditions expérimentales [128] et en élevage [86]. Cependant, aucun vaccin dirigé contre les salmonelles n'a encore été autorisé en France.

En élevage de volailles, la sélection a permis d'obtenir certaines lignées montrant une diminution de la sensibilité vis-à-vis de l'infection par *Salmonella* Enteritidis et Typhimurium [18]. Au regard de ces résultats, l'amélioration de la résistance génétique à l'infection est une perspective envisageable dans la maîtrise des salmonelles en filière porcine. Cependant, les études à réaliser sont longues. Cette sélection devrait être réalisée dès l'étape de sélection et diffusée tout au long de la pyramide. Le résultat, en termes d'amélioration de la prévalence de salmonelles, devrait être visible dans les lots de porcs charcutiers. Cependant, la sélection génétique de 'lignées résistantes' ne doit pas s'effectuer au détriment de la sélection des performances zootechniques réalisées ces dernières années.

Une maîtrise de la prévalence de carcasses contaminées peut être envisagée à l'échelle de la filière par l'action de mesures combinées permettant, en particulier, de réduire la prévalence de l'infection dans les troupeaux et de limiter la transmission entre troupeaux afin d'atteindre une réduction de la prévalence de portage en sortie de troupeaux producteurs de porcs charcutiers.

I.7 Utilisation de la modélisation pour l'évaluation de mesure de maîtrise d'agents pathogènes

Plusieurs approches permettent d'évaluer des mesures de maîtrise en exploitation. Les effets de la mise en oeuvre de mesures de maîtrise peuvent être observés directement sur le terrain. Cependant, cette approche est généralement longue et coûteuse, et les résultats obtenus sont difficilement interprétables puisque toutes les conditions d'application ne sont pas comparables par ailleurs. Ces résultats sont aussi peu généralisables étant donné la petite taille des échantillons utilisés. La modélisation est une approche complémentaire puisqu'elle tient compte des résultats ponctuels issus d'études descriptives ou d'expérimentations (soit pour la calibration des paramètres, soit pour la vérification de la cohérence des sorties du modèle). C'est une approche intégrative, c'est-à-dire qu'elle permet de représenter l'ensemble du système à étudier en prenant en compte ses différentes composantes (population, agents pathogènes, gestionnaires ...). La modélisation en épidémiologie permet l'évaluation *ex-ante* de l'efficacité de mesures de maîtrise d'une infection dans une population. Elle permet de représenter, de comprendre et de prédire la propagation d'un agent pathogène dans une population, ceci sous différents scénarios, incluant la simulation de mesures de maîtrise [4]. Cette approche permet aussi de tester des combinaisons de mesures qui sont plus difficilement appliquées et testées en conditions d'élevage.

Le premier exemple de modèle mathématique appliqué à l'épidémiologie fut présenté à l'Académie royale des sciences en 1760 par Daniel Bernoulli pour l'étude de la propagation de la petite variole. Au 20^{ème} siècle de nombreux modèles ont été développés pour des études épidémiologiques humaines : Hamer (1906) sur les épidémies de rougeole; Kermack et McKendrick (1927) sur le théorème du seuil critique - R_0 . Un des objectifs majeurs de l'élaboration des modèles épidémiologiques est de fournir des connaissances rationnelles pour la maîtrise de la propagation des agents pathogènes [41]. Cet objectif était déjà présent dans les travaux pionniers de MacDonald sur la malaria (1965). Dans son étude, il soumet

l'idée de développer des stratégies de prévention des épidémies et particulièrement dans le cas de la malaria : *'there is only one way of doing this -through a working model ... made by assembling all we know, or more aptly, all that we believe to be significant, of the factors involved in transmission... in a form describable in mathematical terms'*. MacDonald, contrairement à ses prédécesseurs (Ross, Lotka, Kermack et McKendrick), écrivait qu'une conclusion logique de son travail tenait dans le fait que l'interprétation des raisonnements mathématiques devait servir à expliquer les événements épidémiologiques de façon à être facilement comprise par des épidémiologistes de terrain.

Des modèles épidémiologiques ont été développés pour l'étude de différentes pathogénies du porc, en particulier :

- la peste porcine classique [74],
- la maladie d'Aujeszky [28, 120],
- la fièvre aphteuse [46],
- le syndrome dysgénétique et respiratoire porcin [102],

Ces modèles ont souvent pour objectif une meilleure compréhension des mécanismes d'infection et de la transmission de l'agent au niveau du troupeau [102]. D'autres modèles ont été développés pour comprendre ces mécanismes et évaluer des mesures au niveau d'un ensemble de troupeaux [146, 75, 96, 119, 152]. Selon la vitesse de propagation et la contagiosité des agents pathogènes étudiés, deux niveaux de représentation de la transmission peuvent être développés pour l'évaluation de mesures de maîtrise : avec ou sans représentation de la dynamique des populations de porcs au sein du troupeau. Etant donné la contagiosité élevée et les mesures envisagées pour maîtriser la peste porcine et la fièvre aphteuse, les modèles développés n'ont pas pris en compte la dynamique d'infection intra-troupeau [72, 152]. Ces modèles ne peuvent donc pas être adaptés à l'étude de l'infection par les salmonelles dont la contagiosité est modérée [151].

Trois modèles ont été développés pour étudier les mécanismes d'infection et la transmission des salmonelles dans un troupeau porcin [71, 67, 138]. Parmi ces modèles aucun ne représente un troupeau naisseur-engraisseur. Ces trois modèles représentent un troupeau mais ne prennent pas en compte les flux d'animaux entre troupeaux. Seul le modèle de van der Gaag *et coll.* [138] est utilisé pour évaluer

des mesures de maîtrise de l'infection par les salmonelles.

Ces modèles ne permettent pas d'étudier l'effet de mesures de maîtrise appliquées à l'étage amont de la filière de viande porcine, notamment telle qu'elle est organisée en France.

I.8 Objectif de la thèse et approche méthodologique

Ce projet de recherche est axé sur l'étage amont de la filière de viande porcine et a pour objectif finalisé l'évaluation de l'effet de mesures visant à réduire le nombre de porcs charcutiers porteurs de salmonelles au départ à l'abattoir.

Afin d'évaluer l'effet de telles mesures de maîtrise, nous avons choisis une approche par modélisation. Cette approche nécessite la représentation des composantes du système étudié, à savoir :

- la dynamique de la population d'hôtes, c'est-à-dire la dynamique des populations de truies et de porcs charcutiers : populations structurées, ouvertes (avec introduction d'animaux) et gérées quasi-entièrement par l'homme ;
- la dynamique de transmission des salmonelles dans un troupeau porcin incluant les mécanismes d'infection, de transmission et la résistance de la bactérie dans l'environnement ;
- les mesures de maîtrise applicables en exploitations et celles tenant compte des flux d'animaux entre troupeaux, impliquant d'identifier les mécanismes d'infection ciblés par la mise en oeuvre de mesures, d'identifier les paramètres associés à ces mécanismes et la modification des valeurs de ces paramètres attribuée à la mise en oeuvre d'une mesure ;

Notre démarche scientifique a consisté d'une part, à élaborer un modèle permettant de représenter la transmission en troupeau naisseur-engraisseur en tenant compte de la conduite en bandes et de son impact sur la structure de contact et d'autre part, à étudier des mesures de maîtrise avec le modèle développé.

I.8.1 Représentation du troupeau naisseur-engraisseur

L'infection par les salmonelles dans un troupeau porcin est enzootique et la contagiosité de cette bactérie est modérée. Dans ces conditions, les contacts entre animaux dans le troupeau vont influencer sur la transmission de cet agent pathogène. Dans un premier temps, il est nécessaire de représenter la structure de contact au sein du troupeau. L'effet de la conduite en bandes sur cette structure de contact est représenté.

Un troupeau porcin est une population gérée par l'éleveur. La représentation de la dynamique intra-troupeau permet de tenir compte de la gestion du troupeau par l'éleveur qui influence les contacts entre animaux au sein du troupeau.

La représentation de la structure de contact et de la dynamique du troupeau est nécessaire pour étudier : (i) la transmission des salmonelles dans un troupeau porcin et (ii) l'effet des mesures de maîtrise mises en oeuvre à ce niveau.

Les modèles épidémiologiques publiés décrivent la propagation des salmonelles dans des troupeaux porcins post-sevreurs-engraisseurs, c'est-à-dire à partir du début de la période d'engraissement [67, 71, 138]. Ces modèles ne décrivent pas le cycle de reproduction des truies et le début de la croissance des porcelets bien que des études aient mis en évidence l'implication des truies dans l'infection des porcelets [21, 40, 79, 105]. De plus, même si les auteurs considèrent des lots d'animaux séparés, ils ne représentent pas la conduite en bandes [67, 71, 138].

Dans une perspective de maîtrise du portage de salmonelles chez les porcs charcutiers au départ à l'abattoir, nous avons donc choisi de considérer un troupeau naisseur-engraisseur incluant les flux d'animaux dans l'exploitation et la gestion de la conduite en bandes par l'éleveur.

I.8.2 Représentation de la transmission des salmonelles dans un troupeau

La modélisation en épidémiologie consiste à représenter les états de santé vis-à-vis d'une infection. Le plus souvent, le modèle *SIR* (Sensible-Infectieux-Retiré *i.e.* retiré de la dynamique) est utilisé [135]. Pour représenter l'infection par les salmonelles, un modèle *SIR* classique ne peut pas être utilisé. En effet, après

ingestion de salmonelles, un état de portage apparaît. Cet état peut persister plusieurs mois [150], pendant lesquels l'excrétion est intermittente [78]. De plus, la présence de bactéries dans l'organisme induit une séroconversion des animaux infectés.

Comme les modèles précédemment cités [67, 71, 138], nous avons utilisé les résultats des analyses bactériologiques et sérologiques pour décrire les différents états des animaux du troupeau au regard de l'infection par les salmonelles. Les données bactériologiques et sérologiques disponibles dans la littérature ont ainsi pu être utilisées pour vérifier les cohérences des sorties du modèle.

Les animaux infectés excrètent les salmonelles dans leurs matières fécales et contaminent leur salle d'élevage. Les salmonelles survivent dans cet environnement et peuvent être ingérées par des animaux sensibles qui s'infectent.

Dans les modèles cités ci-dessus, la probabilité d'infection qui correspond à la probabilité pour un animal sensible d'être infecté par un animal excréteur n'est pas liée à la présence des bactéries dans l'environnement des porcs mais au nombre d'animaux excréteurs dans le groupe de l'animal sensible.

Dans le modèle de Van Der Gaag *et coll.* (2003) [138], la probabilité globale d'infection comprend la probabilité d'être infecté par des sources externes (hommes, visiteurs, aliment contaminé et autres facteurs externes). Pour Hill *et coll.* (2007) [67], la probabilité d'infection ne distingue pas la transmission directe et la transmission indirecte.

I.8.3 Mesures de maîtrise du portage de salmonelles dans un troupeau

Dans un troupeau, l'efficacité d'une mesure correspond à sa capacité à réduire la prévalence de portage des salmonelles dans les lots de porcs charcutiers livrés à l'abattoir. Les études épidémiologiques ont permis d'identifier des facteurs de risque ou des facteurs protecteurs quant à l'introduction ou la transmission des salmonelles dans un troupeau porcin [130, 21, 105, 51]. Ces études ponctuelles ne permettent pas de quantifier l'efficacité de mesures mais orientent sur les points clés à considérer dans des perspectives de maîtrise de la prévalence de salmonelles dans un troupeau. L'identification de ces points clés est une première étape permettant

d'évaluer des mesures par modélisation. En effet, la modélisation permet de cibler les points clés identifiés par ces études descriptives et permet de tester l'effet de la combinaison de mesures.

Pour prévenir et contrôler l'infection par les salmonelles dans un troupeau, des mesures de maîtrise révélées efficaces sont déjà utilisées par les éleveurs. Cependant, d'autres méthodes se développent et leur effet doit être testé en conditions d'élevage.

Un seul des modèles décrivant la dynamique d'infection des salmonelles dans un troupeau porcin a, pour le moment, été utilisé pour l'évaluation de mesures de maîtrise en comparant les résultats en termes de coûts-bénéfices de la mise en oeuvre de stratégies préventives (prévention de l'introduction de salmonelles, séparation des animaux en lots) ou curatives (acidification de l'aliment, de l'eau de boisson, hygiène en élevage, utilisation d'antibiotiques) en exploitation porcine [137].

Notre modèle qui représente à la fois les flux d'animaux entre salle et la gestion de l'éleveur peut permettre d'étudier l'effet de mesures de maîtrise du portage faisant intervenir des pratiques d'hygiène (nettoyage des salles et conduite de troupeau) et l'effet de mesure permettant un accroissement de la résistance des porcs à l'infection par les salmonelles lors d'une exposition.

I.8.4 Mesures de maîtrise tenant compte des flux d'animaux reproducteurs

Aucune étude n'a été réalisée sur la mise en place de mesures se situant au sein d'un réseau de troupeaux mis en relation par des flux d'animaux reproducteurs et visant à maîtriser la prévalence du portage de salmonelles chez le porc charcutier. Les plans de maîtrise mis en oeuvre dans différents pays européens permettent souvent de comparer des situations avant et après leur mise en oeuvre.

Pour évaluer l'impact des mesures appliquées à cette échelle, il est nécessaire de prendre en compte l'organisation pyramidale des troupeaux. Un modèle de simulation a été développé [2] afin d'identifier où les efforts doivent être faits pour réduire le risque de détecter des carcasses contaminées à l'abattoir : au niveau de l'exploitation, durant le transport ou à l'abattoir. Les résultats montrent une

amélioration de prévalence à l'abattoir plus élevée quand tous les troupeaux réduisent leur prévalence d'infection intra-troupeau plutôt que quand seulement les troupeaux les plus contaminés réduisent fortement leur prévalence. Cela souligne l'intérêt de mener une action collective tenant compte des flux d'animaux entre troupeaux puisque ces flux sont une des principales interactions susceptible d'induire une transmission de l'infection. Limiter les flux d'animaux reproducteurs porteurs de salmonelles pourrait être une perspective de maîtrise intéressante. Les plans de surveillance pourraient, par exemple, fournir la prévalence de l'infection dans les troupeaux qui approvisionnent en animaux reproducteurs, ce qui permettrait de choisir un troupeau fournisseur moins contaminé.

Aucun modèle mathématique n'a encore été développé pour décrire les flux d'animaux entre troupeaux d'étages différents (sélection, multiplication et production) et les mesures potentielles à tester à ce niveau. Le couplage de plusieurs modèles de troupeaux naisseur-engraisseurs mis en relation par le biais d'achat d'animaux reproducteurs a été réalisé afin de représenter une mesure limitant des flux d'animaux entre troupeaux en fonction de leurs niveaux de contamination en salmonelles respectifs.

I.9 Contenu de la thèse

Cette étude s'articule autour d'une double démarche : dans un premier temps, la propagation des salmonelles au sein d'un troupeau porcin a été modélisée et l'effet de mesures de maîtrise sur la prévalence de portage a été étudié. Dans un second temps, des mesures de maîtrise ont été testées au niveau de la filière de production.

Les interactions entre les différentes parties du projet sont illustrées dans la FIG. I.3. Dans un premier temps, le recueil et la synthèse de connaissances issues de la littérature et d'avis d'experts ont été nécessaires à la compréhension du système étudié. A partir de la synthèse des connaissances, un modèle représentant la dynamique d'un troupeau de truies et de porcs dans un élevage naisseur-engraisseur a

été élaboré (chap.II, p.45) ♣³. Des processus stochastiques ont été considérés pour représenter la reproduction des truies et la croissance des porcs charcutiers. De plus, la conduite du troupeau par l'éleveur a été représentée ainsi que les adaptations possibles à partir de la conduite en bandes stricte recommandée. Ces adaptations modifiant les contacts entre animaux au sein d'un troupeau, l'influence de ces modifications a été étudiée étant donné leur effet potentiel sur la transmission des agents pathogènes.

Le troisième chapitre traite de l'élaboration du modèle épidémiologique de transmission de salmonelles et de son couplage avec le modèle de dynamique de troupeau précédemment décrit ♣ (chap.III, p.79). Ce modèle épidémiologique a été développé à partir des états de santé vis-à-vis d'une infection par les salmonelles décrits dans la littérature. Les transitions entre ces états ont été paramétrées à partir d'études expérimentales et d'études épidémiologiques publiées, ainsi qu'à partir d'avis d'experts. Dans une deuxième partie de ce chapitre, nous avons étudié par analyse de sensibilité l'influence des paramètres épidémiologiques sur les sorties du modèle afin d'améliorer la calibration du modèle ♣. Cette analyse de sensibilité a été réalisée à partir d'une méthode développée au sein de l'unité de Mathématiques et d'Informatique Appliquées de l'INRA (Monod *et coll.*, soumis à *Ecological Modelling*). Cette méthode permet de mettre en évidence les paramètres expliquant le plus de variabilité sur des sorties dynamiques d'un modèle (ici, la prévalence de l'infection par les salmonelles dans les lots de porcs charcutiers au cours du temps). Ces paramètres sont associés à des processus biologiques qui correspondent à des cibles potentielles dans une perspective de mesures de maîtrise de la prévalence du portage de salmonelles.

Le quatrième chapitre est composé de deux parties (chap.IV,p.145). Il explore l'effet de mesures de maîtrise de la prévalence de l'infection potentiellement applicables dans les troupeaux, d'une part, puis l'effet de mesures tenant compte des flux d'animaux reproducteurs entre troupeaux. Dans la première partie, la mise en oeuvre des recommandations d'hygiène en conduite en bandes stricte a été comparée à des situations où des problèmes de croissance induisent le mélange de

³ Cette partie du manuscrit de thèse est rédigée sous forme d'article en anglais (♣).

bandes et où une mauvaise décontamination des salles ♣ est réalisée. Nous avons ensuite testé l'effet potentiel de l'application de mesures d'acidification de l'alimentation et de vaccination sur la prévalence de portage des salmonelles chez les porcs charcutiers. Pour cela, nous avons identifié l'effet potentiel de ces mesures sur le mécanisme d'infection. Nous avons ensuite cherché à évaluer l'efficacité de ces mesures en faisant varier la valeur des effets et en observant les résultats simulés en termes de prévalence de l'infection. Nous avons de plus montré l'influence du type d'introduction de salmonelles, unique *versus* répété par le biais du recrutement de cochettes infectées dans un troupeau sur la prévalence de l'infection dans les lots de porcs charcutiers envoyés à l'abattoir. Dans une deuxième partie, la modélisation d'une mesure tenant compte des flux d'animaux reproducteurs a été réalisée. Cette mesure consiste à estimer le niveau de contamination de chaque troupeau au cours du temps et d'orienter les achats d'animaux reproducteurs vers des troupeaux de niveau de contamination identique ou inférieur.

Les résultats des différentes parties de l'étude sont discutés à la fin de chaque chapitre et dans la section discussion des articles correspondants. Les principaux résultats permettant de répondre à la question de recherche ont été repris dans une discussion générale (chap.V, 215). Les diverses perspectives et les apports de cette étude ont été également discutés dans cette partie finale.

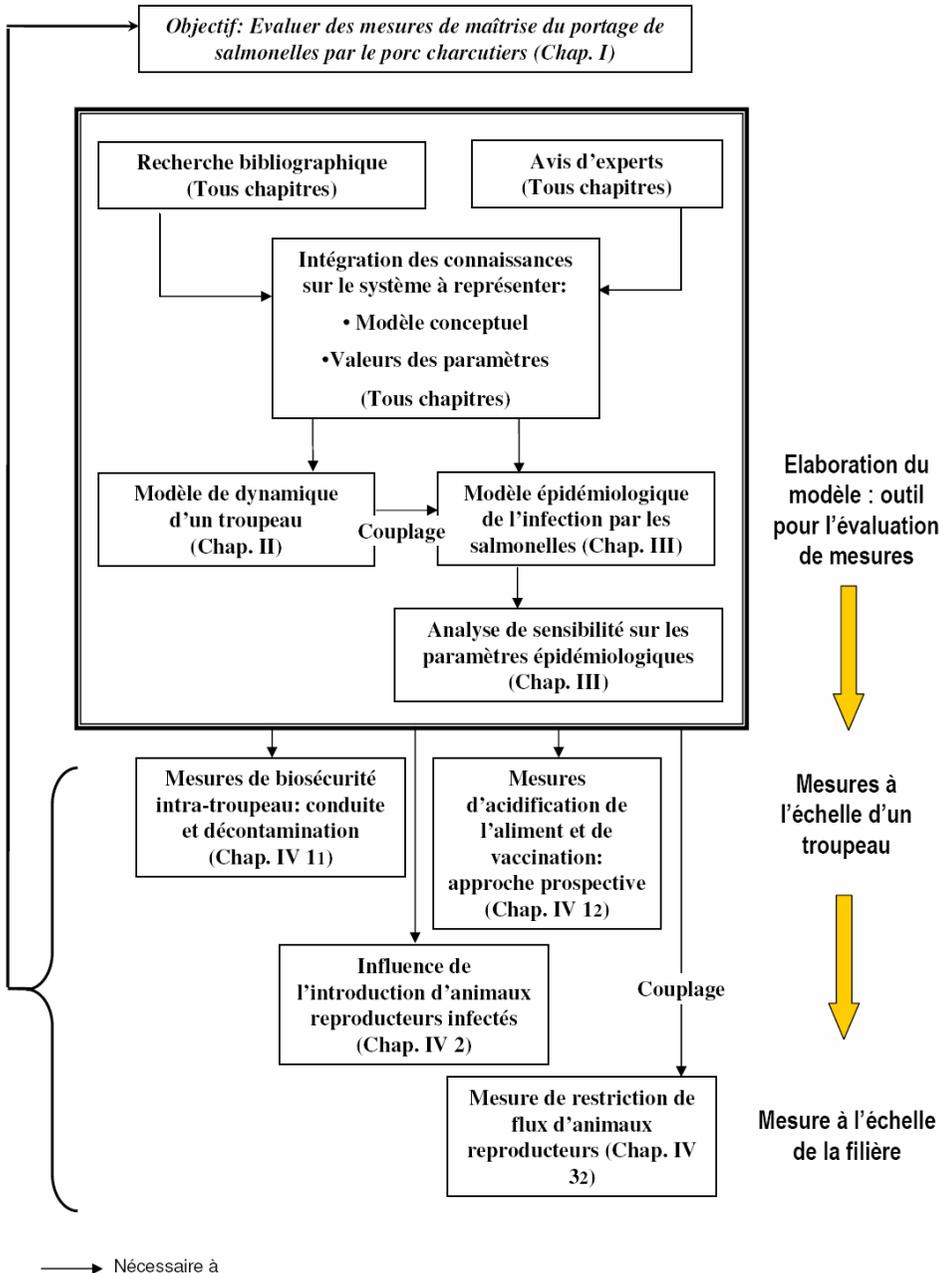


Fig. I.3 – Organisation du projet de thèse

Chapitre II

Modélisation d'un troupeau porcin

Contenu

II.1 Principes, objectifs et mise en oeuvre de la conduite en bandes	45
II.2 Adaptations de la conduite en bandes	48
II.3 Modélisation de la conduite d'un troupeau naisseur-engraisseur	50
II.3.1 Résumé de présentation de l'article	50
II.3.2 Manuscrit soumis	53

II.1 Principes, objectifs et mise en oeuvre de la conduite en bandes

Chaque compartiment de la porcherie abrite des animaux qui se trouvent dans un même stade physiologique : truies gestantes, truies avec leur portée, porcelets

sevrés et porcs en engraissement. Les truies sont réparties en bandes de taille égale et leur cycle de reproduction est synchronisé. A chaque changement de stade physiologique ou de stade de croissance, les animaux d'une bande sont transférés en une seule fois dans une salle spécifique à ce stade. Les animaux sevrés issus de ces bandes de truies sont aussi regroupés et conduits ensemble jusqu'au départ à l'abattoir.

Les objectifs théoriques de la conduite en bandes sont : (i) une meilleure organisation et rentabilisation du travail de l'éleveur [3, 27, 58, 91], (ii) une meilleure occupation des locaux et (iii) une optimisation du transport [91]. La conduite en bandes permet une occupation en tout-plein/tout-vide des salles de maternité, de post-sevrage et d'engraissement [31]. En effet, les animaux d'une même bande entrent et sortent d'une salle en une seule fois. Ce système de conduite permet de mettre en place un nettoyage, une désinfection et un vide sanitaire entre deux bandes successives. Cela permet d'améliorer la santé des animaux, leurs indices de croissance et de réduire le taux de mortalité et les frais de traitements vétérinaires [27, 91].

La conduite avec un intervalle entre bandes de 21 jours est la plus fréquemment rencontrée en France. Nous avons donc choisi de représenter cette conduite dans notre modèle. Le cycle de reproduction de la truie est composé de trois phases [44] :

- la gestation de 114 jours en moyenne : G ;
- la lactation de 27-28 jours en moyenne (due au sevrage provoqué des porcelets) : L ;
- l'intervalle sevrage-oestrus est de 5,1 jours en moyenne : ISO .

En moyenne, le cycle d'une bande est donc de 144,2 jours soit 20 à 21 semaines. Le nombre de bandes dans l'élevage s'obtient avec : $N = \frac{(ISO+G+L)}{InterBande}$, avec N , le nombre de bandes et *InterBande*, l'intervalle entre bandes, soit sept bandes dans le cas d'une conduite avec un intervalle de trois semaines entre l'insémination des deux bandes successives. Au sevrage c'est-à-dire quatre semaines après la naissance, les porcelets sont transférés en salle de post-sevrage pour 8 semaines, puis en salle d'engraissement jusqu'à leur départ pour l'abattoir vers 25 semaines d'âge (Fig. II.1).

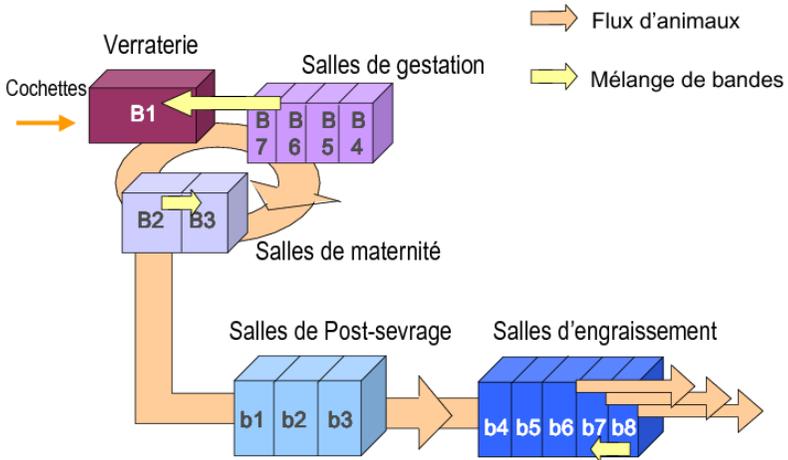


Fig. II.1 – Schéma des flux d'animaux planifiés ou non au sein d'un troupeau naisseur-engraisseur et pris en compte dans le modèle. B_X : numéro des bandes de truies avec $X \in 1 - 7$ – nombre de bandes de truies dans l'élevage (7), b_X : numéro des bandes de porcs avec $X \in 1 - 8$ – nombre de bandes de porcs dans l'élevage

Le nombre de salles nécessaires dans chaque stade est calculé à partir de : $S_X = \frac{D+V}{\text{InterBande}}$, où S_X est le nombre de salle pour le stade X, D , la durée dans ce stade et V , la durée du vide sanitaire dans la salle. Par exemple, deux salles de maternité sont nécessaires : $S_M = \frac{D(35)+V(7)}{\text{InterBande}(3)} = 2$.

Le travail de l'éleveur est réparti entre les différentes bandes selon le stade physiologique des animaux (saillie, mise bas et sevrage). Les séquences sont répétées de façon régulière avec une tâche différente chaque semaine (FIG. II.2).

Se mai ne	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21
B1	IA																MB				Se
		Verraterie			Salle de Gestation										Salle de maternité						
B2		Se	IA																	MB	
	Mat		Verraterie			Salle de gestation										Mat					
B3	MB				Se	IA															
	Salle de maternité				Verraterie			Salle de Gestation													
B4				MB			Se	IA													
	Gest			Salle de Maternité			Verraterie			Salle de gestation											
B5							MB			Se	IA										
	Salle de gestation						Salle de maternité			Verraterie			Gest								
B6										MB			Se	IA							
	Salle de gestation						Salle de maternité				Verraterie		Gest								
B7														MB			Se	IA			
	Salle de gestation										Salle de maternité				Verraterie						

Fig. II.2 – Schéma de la planification hebdomadaire des évènements principaux de conduite de reproduction des truies dans le cas d'une conduite en bandes avec un intervalle de trois semaines entre bandes. SEV : Sevrage, IA : Insémination artificielle, MB : Mise-bas, B_X : bande numéro X

II.2 Adaptations de la conduite en bandes à la variabilité biologique des fonctions de production

Dans un troupeau porcin, des variations d'effectif surviennent dans les bandes de truies du fait de la fécondation, des avortements et de la mortalité. Ces variations d'effectif sont aussi observées dans les bandes de porcs, elles sont liées à la taille des portées et à la mortalité. Des variations concernant la durée de séjour des animaux dans les salles sont aussi fréquemment rencontrées, particulièrement pour la durée de séjour des porcs en engraissement qui varie selon leur vitesse de croissance.

Un recueil d'informations était nécessaire afin de représenter les flux d'animaux au sein d'un troupeau naisseur-engraisseur. Une enquête en exploitations a été

réalisée, elle a porté sur l'étude de 47 troupeaux naisseurs-engraisseurs [66].

Afin de remplir les salles de maternité, les éleveurs inséminent un nombre de truies qui tient compte des éventuels échecs lors de l'insémination ou de la gestation. Cependant, la variabilité du nombre de truies en échec de reproduction entraîne soit des places vides, soit des truies excédentaires qu'il faut loger ou réformer pleines. La réforme stricte de ces truies excédentaires est très rarement pratiquée en élevage (5 troupeaux), le recours aux salles de maternité tampons¹ permettant de pallier au manque de place est fréquent.

L'éleveur doit livrer à l'abattoir des lots de porcs charcutiers au poids homogène fixé par l'abatteur. Ceci est facilité par la conduite en bande qui permet le regroupement d'animaux de même âge et donc approximativement de même poids. Cependant, la croissance des porcs d'une même bande est variable. L'éleveur livre donc des lots de porcs charcutiers composés d'animaux issus de plusieurs bandes. En général, ces lots sont composés d'une bande majoritaire (plus de 50%), de porcs de la bande suivante (les porcs ayant une croissance plus rapide) et de la bande précédente (les porcs ayant une croissance plus lente) [66]. Parfois, les porcs de la bande suivante peuvent ne pas avoir atteint le poids d'abattage quand la salle d'engraissement doit être vidée pour accueillir une autre bande. L'éleveur peut choisir de vendre ces porcs hors-gamme (en dehors de la gamme de poids fixé par l'abatteur) ou de les conserver dans le troupeau ce qui nécessite des adaptations. En engraissement, les mélanges de bandes sont fréquents. Ils peuvent intervenir en début ou en fin de séjour dans les salles. Plus de la moitié des troupeaux (33 troupeaux) possèdent une case tampon en engraissement et 31 élevages l'utilisent fréquemment [66]. L'utilisation de cette salle diminue le mélange de bandes en engraissement mais induit des implications sanitaires (autres maladies) du fait de la mise en présence d'animaux d'âge différent (plus d'une bande de différence).

Nous avons choisi de représenter dans le modèle la présence d'une case tampon en maternité et la présence d'une case tampon en fin d'engraissement ainsi que les mélanges de bandes en fin de période d'engraissement (FIG. II.1).

¹salle de maternité supplémentaire spécifiquement conçue pour accueillir occasionnellement les truies inséminées en surnombre

II.3 Modélisation de la conduite d'un troupeau naisseur-engraisseur : influence de la conduite en bandes sur la structure de contact et la livraison des porcs charcutiers à l'abattoir

II.3.1 Résumé de présentation de l'article

La propagation d'agents pathogènes au sein d'un troupeau dépend des interactions entre les animaux, autrement dit de la structure de contact. Cette structure de contact correspond à l'existence, au type (direct ou indirect par l'environnement), à l'intensité et à la fréquence des contacts entre animaux. En élevage porcin, la conduite en bande stricte est généralement recommandée. En théorie, elle permet une occupation des salles en tout-plein/tout-vide par les porcs en croissance et les animaux issus de bandes différentes n'entrent pas en contact direct. Pour maximiser le produit de la commercialisation des porcs charcutiers, les éleveurs doivent livrer à l'abattoir des lots de porcs charcutiers de poids homogène, ce qui nécessite quelques fois des adaptations de conduite. Ces adaptations visent à réduire le nombre d'animaux livrés en-dessous du poids réglementaire (considérés hors-gamme). Elles peuvent induire des contacts directs entre porcs charcutiers issus de bandes différentes par le biais d'un mélange de bandes. Elles peuvent aussi augmenter l'intensité des contacts indirects du fait de la suppression des vides sanitaires qui permettent la décontamination des salles entre bandes. Afin d'étudier l'influence de la conduite d'élevage sur la structure de contact et sur l'envoi des lots de porcs charcutiers à l'abattoir, un modèle mathématique et de simulation représentant la dynamique des populations de porcs et de truies dans un élevage naisseur-engraisseur a été développé. Ce modèle est déterministe, en temps discret et comprend quelques éléments stochastiques pour représenter la variabilité biologique concernant :

- le taux de réussite à l'insémination artificielle,

- la distribution des avortements pendant la période de gestion,
- la taille de portée,
- la croissance des porcs.

A chaque pas de temps, soit chaque semaine, le modèle calcule l'effectif d'animaux dans chaque bande. Cet effectif est fonction de l'effectif au pas de temps précédent et des flux d'animaux. Ces flux correspondent au nombre d'animaux qui entrent ou qui sortent de la bande entre deux pas de temps successifs. Ils dépendent de facteurs biologiques et de décisions de l'éleveur.

Le cycle de reproduction des truies est représenté par la succession des bandes dans trois stades correspondant à l'occupation de salles spécifiques : la salle de verraterie, la salle de gestation et la salle de maternité. Les flux de sortie de truies dans ces stades dépendent de la mortalité, de la réussite à l'insémination artificielle, des avortements et de la réforme. La croissance des porcs est représentée par trois stades successifs qui correspondent à la durée de présence dans trois salles différentes : la période d'allaitement (salle de maternité pendant quatre semaines), la période de post-sevrage (huit semaines) et la période d'engraissement (de durée variable entre animaux de 14 semaines en moyenne). L'évolution de l'effectif des bandes de porcs en croissance au cours du temps dépend de la mortalité et des départs à l'abattoir.

Seize conduites différentes ont été étudiées. Elles combinent la conduite en bandes avec différentes adaptations : le recours au mélange de bandes en fin d'engraissement, la suppression de la période de vide sanitaire en salle d'engraissement, la vente de porcs en fin de post-sevrage et à l'utilisation d'une case tampon en fin d'engraissement. Pour tester l'influence de la conduite d'élevage sur la structure de contact, deux critères sont utilisés :

- la fréquence de contact entre animaux de bandes différentes, due au mélange de bandes réalisé en fin d'engraissement ;
- la fréquence de contact pour deux bandes de porcs qui se succèdent dans une même salle.

Ces deux types de contact permettent de considérer à la fois une transmission directe par contact entre animaux et une transmission indirecte par l'exposition aux agents pathogènes vivants dans l'environnement. Pour mettre en évidence

l'existence d'un compromis entre production et respect des recommandations de conduite, le pourcentage de porcs charcutiers vendus hors-gamme est calculé pour chacune des conduites. Les résultats sont obtenus à partir de 150 répétitions. Une analyse de sensibilité a été réalisée afin d'étudier l'effet des paramètres clés du modèle, pour lesquels des différences entre troupeaux, sur les sorties du modèle.

Les paramètres testés sont :

- l'âge moyen pour atteindre le poids d'abattage et son écart-type représentant la variabilité de la vitesse de la croissance des porcs entre bandes ;
- les différents seuils correspondant au déclenchement des décisions de l'éleveur : les seuils sont des effectifs d'animaux qui conduisent à choisir entre différentes possibilités : mélange de bandes en fin d'engraissement, suppression de la période de vide sanitaire, vente de porcs en fin de post-sevrage ;
- le nombre maximal d'animaux accepté par l'éleveur en salle d'engraissement lorsqu'il mélange des bandes ;
- la capacité de la salle tampon.

L'effet des conduites étudiées diffère radicalement quand la croissance des porcs est normale et quand elle est ralentie. Quand la croissance est normale, la conduite en bande stricte prévient à la fois les contacts entre animaux et les contacts par l'intermédiaire des salles. Cependant, cela engendre l'envoi à l'abattoir de 9% des porcs hors-gamme. L'utilisation d'une case tampon ou le recours au mélange de bandes permet de réduire nettement ce pourcentage. Dans ce dernier cas, la fréquence de mélange de bandes est élevée, elle varie entre 78% des bandes et 14% quand la conduite avec mélange de bandes est associée à la présence d'une case tampon. Quand la croissance est ralentie (âge pour atteindre le poids d'abattage augmentée de 20%), la conduite en bandes stricte entraîne l'envoi à l'abattoir d'environ 80% de porcs hors-gamme. Le recours à la suppression de la période de vide sanitaire permet une réduction significative de ce pourcentage (de 2 à 20%) mais concerne environ 80% des bandes. De plus, le recours à la vente en fin de post-sevrage permet de réduire la fréquence de contact par l'intermédiaire des salles à 40% au lieu de 80%, mais cette vente concerne 35 à 40% des bandes.

Ce modèle de troupeau porcin permet d'analyser le compromis auquel doit faire face l'éleveur entre respecter les recommandations de conduite en bandes

stricte et maintenir une bonne valorisation commerciale des porcs produits. Nos résultats montrent qu'il n'existe pas de type de conduite optimal et que les décisions efficaces en terme de biosécurité ou de production peuvent être différentes selon les performances de croissance des porcs et la structure de l'exploitation.

II.3.2 Manuscrit soumis

Modelling batch farrowing management within a farrow-to-finish pig herd: influence of management on contact structure and pig delivery to the slaughterhouse

A. Lurette¹, C. Belloc¹, S. Touzeau², T. Hoch¹, H. Seegers¹ and C. Fourichon¹

¹ *UMR708 Unit of Animal Health Management, Veterinary School, ENVN, INRA, F-44000, Nantes, France*

² *UR341 Mathématiques et informatique appliquées, INRA, F-78350, Jouy-en-Josas, France*

Manuscrit soumis à *Animal*

Abstract

Pathogen spread within pig host populations can vary depending on within-herd interactions among pigs also called the contact structure. The recommended batch farrowing management, allowing for a fixed-interval mating for groups of sows of equal size, called batches, leads to an all-in/all-out management of pigs in which animals in different batches have no contact. To maintain a profitable pig delivery, producers have to deliver groups of pigs at a given weight, what needs sometimes herd management adaptations. However, producers' adaptations which avoid delivering pigs below slaughtering weight (out-of-range pigs), result in increasing the contact between animals from different batches. To study the influence of herd management on contact structure and on pig delivery, a stochastic mathematical model representing population dynamics within a farrow-to-finish herd was elaborated. Sixteen management systems were represented combining or not the all-in/all-out management system with producers' decisions: batch mixing, use of an extra-room, suppression of the drying period and sale of post-weaning batches.

Two types of contact were considered: via the animals themselves, when batch mixing occurred; and via the room, when decontamination was not complete. The impact of producers' decisions on contact structure and on pig delivery, differed radically when pig growth was normal and when it was slow (i.e. mean age at slaughtering weight increased by 20%). When pig growth was normal, the all-in/all-out management prevented both contact via the animals and via the room but resulted in 9% of pigs delivered out of range. The use of an extra-room or batch mixing decreased this percentage, the latter resulting in very frequent contact between batches via the animals. When pig growth was slow, the all-in/all-out management led to a very high percentage of pigs delivered out of range (almost 80%). The suppression of the drying period at the end of the finishing period and the sale of post-weaning batches induced a significant decrease in this percentage (down to 2 to 20%), the latter allowing to reduce the percentage of batches which made contact via the room (40% instead of 80%). This pig herd model helped to understand the compromise for producers between implementing internal biosecurity or maintaining a profitable pig delivery. Our results show that there was no unique optimal system and that efficient producers' decisions (for biosecurity and delivery) may differ, depending on pig growth.

Key Words: Pig, Model, Contact Structure, Batch system

Introduction

Numerous pathogens can be responsible for pig health disorders or can represent a foodborne hazard when they induce a pork product contamination. Depending on the pathogens considered, the transmission routes vary. The spread within a pig host population is influenced by the possible interactions among pigs also called the contact structure (Klinkenberg et al., 2001; Eblé et al., 2006). The contact structure corresponds to the existence, the type (e.g. direct or indirect via the environment), the intensity and the frequency of contacts among animals.

In farrow-to-finish herds, populations of pigs and sows are structured and managed by the producers. Herd management is frequently based on batch farrowing. Herds are divided into several groups of sows in the same reproductive stage and

of similarly aged pigs (Brown 2006). These groups are called batches. Batch farrowing management of sows allows for mating and farrowing to occur at a fixed interval and leads to an all-in/all-out management of pigs. Typically, this management allows for an age-segregated rearing, and, so, pigs coming from different batches are housed in different rooms and have no direct contact. It leads to an heterogeneous contact structure: animals in different batches have no contact. The batch system is recommended to control herd health status (Berends et al., 1996; Dahl et al., 1997; Madec et al., 1998; Rose et al., 2003), to improve daily weight gain (Schinckel et al., 2002), and to improve producers' labour and husbandry needs. This recommended batch system also allows for a break between two consecutive batches for the cleaning and disinfection of rooms. Producers have to deliver groups of pigs at a given range in slaughtering weight. But due to growth variation within a batch, pigs reach slaughtering weight and leave their room at different times. Given that producers are constrained by the number and size of the rooms, it can also lead to still having pigs below slaughtering weight remaining in the room when it needs to be emptied for the following batch. Producers may then either sell these remaining pigs (at a lower price) or implement management modifications to keep them longer. These modifications may consist in mixing the remaining animals with the following batch and/or in reducing the duration of the room decontamination period which differ from the recommended all-in/all-out management (Hebert et al., 2007). Two types of contact between batches then occur, either via the animals themselves when batch mixing takes place, or indirectly via the rooms when decontamination is not completely implemented. Herd management has to ensure the best possible internal biosecurity within the herd combined with the most profitable pig delivery. However, practices which tend to improve biosecurity frequently induce a lower cost-effectiveness of pig delivery. Hence, producers have to find a compromise between those two aims and we are interested in assessing the consequences of the management modifications they may choose to implement.

A modelling approach is suitable to represent batch farrowing management system, management modifications and the contact structure. Most previously published pig models aimed at production studies such as sow performance or

replacement strategies (Allen and Stewart, 1983; Jalvingh et al., 1992; Plà et al., 2003; Kristensen and Sollested, 2004), pig population dynamics (Singh, 1986) and/or food intake (Pomar et al., 1991). Jorgensen and Kristensen (1995) developed a model for herd management based on a decision support system. None of these models needed to represent the batch system. Moreover, some epidemiological models were developed for pig herds. Some of them did not need the batch system (as for the foot-and-mouth spread). Other models represented only a part of pig growth without considering the batch system (van der Gaag et al., 2003; Ivanek et al., 2004). Other authors modelled a one-week trial using batch farrowing management studying the effect on disease dynamics of piglets removal at different ages and of sows housed together or in different pens (MacKenzie and Bishop, 2001). They assumed a homogeneous mixing of animals within batches or pens, and during the farrowing period for sows and their piglets but they did not consider any contact between animals from different batches. Another model described the effect of disease control strategies on the number of pigs delivered each week (Toft et al., 2005) but considered only two consecutive batches in the same room.

The aim of this paper was to describe a mathematical model representing population dynamics within a farrow-to-finish pig herd. This model allowed us to study the influence of the producers' batch management on the contact structure and on pig delivery.

Model description

Batch farrowing system

The model represents a farrow-to-finish herd in which batch farrowing is applied to sows, leading to batch management for pigs. This type of management is the most frequently encountered in France and is developing in other countries. In this type of herd, the complete life cycle for sows, from the recruitment of gilts to the culling of sows, with several reproduction cycles, and the complete growth of pigs, from their birth until they are slaughtered, are considered. The duration of the sows reproduction cycle, depends on the age at weaning of piglets and is fixed

here at 21 weeks. The growth period for pigs, related to the slaughtering weight, ranges between 24 and 27 weeks.

The modelling unit is the batch (of sows or pigs). This representation is deemed an appropriate level for further epidemiological use, as it adequately describes the within-herd contact structure. Thereby, it allows to study the infectious process which are horizontally transmitted by close contact between pigs or/and via the direct batch environment such as the floor, the food... And resulting in a comparable exposure for all pigs in the same batch (e.g. Salmonella). In the model, batches of sows are defined as groups of equal size, composed of sows mated simultaneously. The sow herd is divided into seven batches with a three-week period between two successive batch mating. The reproduction cycle for these sows is divided into three reproduction stages (service period, gestation period and suckling period) corresponding to the occupation duration of three types of rooms. Each batch is composed of sows and gilts. Each batch of pigs consists of the litters of a given batch of sows. The growth of pigs is divided into three stages (suckling, post-weaning, finishing), corresponding to the occupation duration of three types of rooms. In these rooms, a break of one week is allowed to clean, disinfect and dry the room before the entry of the next batch of pigs. All animals in a batch leave the room they occupied simultaneously unless (i) in mating and gestating rooms when failure conception occurs (sows) or (ii) in finishing room when pig growth is too slow.

The model implemented is a discrete-time dynamic model. It represents the time evolution of the number of animals within each batch. The time step is a week. The model is mainly deterministic but stochasticity is used to represent biological variability linked to: (i) insemination failure; (ii) litter size; (iii) finishing pig growth that leads to a variable age at slaughtering weight for pigs within a batch. The duration of each reproduction and growing stage and therefore, the stay in each room, are fixed except for the finishing room. Moreover, the capacity of a room corresponds to the expected size of a batch. Reproduction cycle of sows

The three stages of the sow reproduction cycle take place in three rooms:

- the mating room, corresponding to the service period, which covers the interval between weaning and service (one week) plus the period until pregnancy

testing (three weeks);

- the gestating room (12 weeks);
- the farrowing room, in which sows are moved one week before farrowing for acclimatization and stay until the weaning of piglets (four weeks after farrowing).

The model determines in which reproduction stage each batch of sows b is at each time t . Each stage corresponds to a specific type of room X (mating, gestating or farrowing). The model allows to compute the number $S_X(t, p, b)$ of gilts ($p = 1$) and sows ($p = 2$) from the number of sows in the same batch b at time $t - 1$. During this time step, the number of sows is affected by the following demographic and reproductive processes: mortality, artificial insemination failure, abortion, culling and gilt recruitment.

Because of age-dependent variations in abortion rate and in litter size, two groups of parity p are considered: $p = 1$ corresponds to the gilts before their first farrowing and $p = 2$ to the sows after the first farrowing. Parameters of the sow group ($p = 2$) have been computed as a weighted mean of the reproduction performance values of multiparous sows (ITP, 2006).

A mortality rate μ is applied at each time step; this rate is fixed for each stage but differs between stages. Every three weeks, the sows of one batch are inseminated in the mating room. Four weeks later, when they leave this room, an artificial insemination success rate τ is applied to the batch. To represent the between-batch variability, τ is separately drawn for each batch from a lognormal distribution of mean τ_m and standard deviation τ_d (equation). τ_m and τ_d are the same for all batches. Sows of the batch b who have failed to conceive are then either culled or transferred into the mating room where they join the following batch ($b + 1$) and are re-inseminated.

Abortion can take place during the whole gestating period. The cumulated proportion of the batch which undergoes abortion ν_a is fixed. This proportion is lognormally distributed (mean: a_m and standard deviation: a_d) over the twelve gestating weeks. For each gestating week, the abortion rate a is equal to the product of ν_a and the area under the curve (probability density function) corresponding to that week. During the last gestating week, this rate is computed so as to reach

the cumulated proportion ν_a . The distribution and the cumulated proportion are the same for all batches. After an abortion, sows from batch b are either culled or transferred into the mating room where they are re-inseminated with those of the batch present in this room (between $b + 2$ and $b + 5$).

Sows are voluntarily culled at weaning and after a conception failure. The culling rate is constant over time but differs between sows culled at weaning, after insemination failure and after an abortion. To compensate for sow mortality and culling, a constant number of gilts G are recruited in each batch entering the mating room. This number is chosen as 25 percent of the total size of a farrowing room which corresponds to four gilts.

After the weaning of piglets, sows are moved back to the mating room. The farrowing room is then emptied for one week during which the cleaning-disinfecting and the drying period take place. The room is then ready to receive the following batch of sows. Each batch of sows gives birth to a batch of pigs. The average litter size Ls is drawn for each batch from a normal distribution which differs between gilts (mean LG_m , and standard deviation LG_d) and sows (mean Ls_m , and standard deviation Ls_d). The average litter sizes are then multiplied by the number of animals in each groups of parity and the sum of piglets born corresponds to a batch of pigs.

The equations are given in Table 1.

Pig rearing and delivery (Fig. 1)

Pig growth is divided into three stages corresponding to the occupation of three types of rooms (duration of stay): farrowing rooms (suckling period of four weeks), post-weaning rooms (eight weeks) and finishing rooms (from 12 to 15 weeks).

The model determines in which physiological stage each batch b' is at each time t . Each stage corresponds to a specific type of room X (farrowing, post-weaning or finishing). The model computes the number $P_X(t, b')$ of pigs from the number at time $t - 1$. During this time step, the number of pigs is affected by the following processes: mortality and slaughterhouse delivery. A mortality rate μ is applied at each time step; it is fixed for a given stage but differs between stages.

At each delivery time (every two weeks), producers need to send groups of

Table 1. Equations used in the model to calculate the number of animals in each room and animal flows between rooms*

Population in question: Events considered	Change of stage/entry into a new room	In the room	Change of stage/departure from the room
Sows in the mating room: Gilt recruitment	$S_M(t, p, b) = G$, if $p = 1$ (gilts) $S_M(t, p, b) = (1 - \mu_F)(1 - c)S_F(t - 1, p, b)$ if $p = 2$ (sows)	$S_M(t, p, b) = (1 - \mu_M)S_M(t - 1, p, b)$ $+ (1 - c_2)(1 - \tau(t - 1))S_M(t - 1, p, b_{+1})$ $+ (1 - c_3)a(t - 1) \sum_{b=b_0}^{b_6} S_E(t - 1, p, b')$	$S_M(t, p, b) = 0$ $S_E(t, p, b) = (1 - \mu_M)(1 - \tau(t - 1))S_M(t - 1, p, b)$
Insemination failure Culling			
Coming back after an insemination failure			
Coming back after an abortion			
Sows in gestating room: Mortality	$S_G(t, p, b) = (1 - \mu_M)(1 - \tau(t - 1))$ $\times S_M(t - 1, p, b)$	$S_G(t, p, b) = (1 - \mu_G)(1 - a(t))S_G(t - 1, p, b)$	$S_G(t, p, b) = 0$ $S_F(t, p, b) = (1 - \mu_G)S_E(t - 1, p, b)$
Abortion			
Mortality			
Sows in farrowing room: Mortality	$S_F(t, p, b) = (1 - \mu_G)S_E(t - 1, p, b)$	$S_F(t, b) = (1 - \mu_F)S_F(t - 1, p, b)$	$S_M(t, p, b) = (1 - \mu_F)(1 - c)S_F(t - 1, p, b)$ $P_S(t, b') = 0$ $P_{PW}(t, b') = (1 - \mu_S)P_S(t - 1, b)$
Piglets in farrowing room: Birth	$P_S(t, b) = S_F(t, 1, b)\mu_E(t) + S_F(t, 2, b)\mu_S(t)$	$P_S(t, b) = (1 - \mu_S)P_S(t - 1, b)$	
Mortality			
Post-weaners: Mortality	$P_{PW}(t, b) = (1 - \mu_S)P_S(t - 1, b)$	$P_{PW}(t, b) = (1 - \mu_{PW})P_{PW}(t - 1, b)$	$P_{PW}(t, b) = 0$ $P_{FI}(t, b') = (1 - \mu_{PW})P_{PW}(t - 1, b')$
Finishers: Mortality	$P_{FI}(t, b') = (1 - \mu_{PW})P_{PW}(t - 1, b')$	$P_{FI}(t, b') = (1 - \mu_{FI})(1 - s(t - 1))P_{FI}(t - 1, b')$	$P_{FI}(t, b') = 0$
Slaughterhouse delivery		$s(t - 1) = \int_{t_5}^{t_5 + \Delta t} f(x) dx$	

* $S_M(t, p, b)$, $S_G(t, p, b)$, $S_F(t, p, b)$ = the batch size for sows in the mating room, the gestating room and the farrowing room, respectively; t = time; p = parity; b = number of the batch of sows considered; b_G = number of the batches in the gestating room; G = fixed number of recruited gilts; μ_M , μ_G , μ_F = the fixed mortality rates for sows for service, gestating and lactating periods respectively; $\tau(t)$ = conception failure rate; c = fixed voluntary culling rate; $a(t)$ = proportion of the batch which underwent an abortion; $P_S(t, b)$, $P_{PW}(t, b)$, $P_{FI}(t, b')$ = the batch size for pigs in the farrowing, the post-weaning and the finishing rooms, respectively; b' = number of the batch of pigs considered; μ_S , μ_{PW} , μ_{FI} = the fixed mortality rates of pigs in the farrowing, the post-weaning and the finishing rooms, respectively; $s(t)$ = proportion of the batch sent to the slaughterhouse; t_5 = slaughterhouse departure time; Δt_5 = week-interval between two slaughterhouse deliveries; $f(x)$ = the probability density function of the lognormal distribution of the mean age at the slaughterhouse delivery ($LN[S_{-m}, S_{-j}]$).

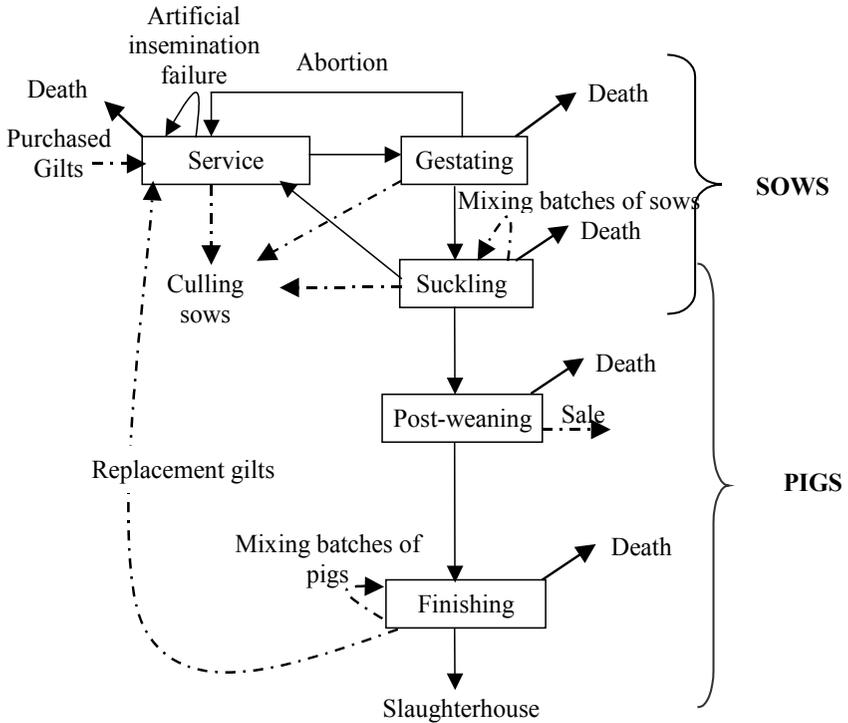


Figure 1 Simplified flow diagram of the farrow-to-finish production system

finishers with a given slaughtering weight. Because of intra-batch pig growth variability, pigs from one batch leave the herd at different times. Consequently, groups of finishers sent to the slaughterhouse may often come from several batches. To represent pig growth, the age at which finishing pigs reach their slaughtering weight is calculated using a lognormal distribution (mean s_m and standard deviation s_d). All batches are assumed to have the same mean age at slaughtering weight but some between-batch variability exist in the dispersion of pig growth within each batch. The mean age is fixed for all batches. The standard deviation for each batch is drawn in a normal distribution to represent the between-batch variability. The proportion s of the batch that has reached the slaughtering weight is derived from the probability density function of the lognormal distribution: at each delivery time t this proportion is equal to the area under the lognormal curve between the previous and the current delivery times.

The equations are given in Table 1.

Management of remaining finishing pigs. At the end of the finishing period, the finishing room needs to be emptied for the next batch arriving from the post-weaning stage. In that room, there may still be finishers below slaughtering weight and therefore considered out of range. The producers can nevertheless choose to deliver out of range finishing pigs to the slaughterhouse or to keep them in the herd until they reach slaughtering weight. For that, several decisions can be made, depending on producers' priorities and, therefore the management system they apply.

Two types of herd management are represented and depend on whether the producers allow the remaining finishing pigs below slaughtering weight to be mixed (batch mixing: BM) or not (all-in/all-out: AIAO). No batch mixing defines the All-In/All-Out (AIAO) management system, which corresponds to better biosecurity practices. In the Batch Mixing (BM) management system, the number of pigs mixed at the end of the finishing period with the next finishing batch (closest in age, i.e. three weeks younger) depends on the finishing room overload accepted by producers.

These two types of herd management can be altered by the availability of an extra-room (ER) at the end of the finishing period. In this case, finishers below

slaughtering weight are transferred to the extra-room instead of being delivered to the slaughterhouse. The number of pigs transferred is limited by the room's capacity. The accepted overload of finishing rooms corresponds to the maximum number of finishing pigs reared in the room divided by the total capacity of this room. This accepted overload is fixed at 112.5% for each finishing room.

The two types of herd management can also be combined with two producers' decisions. The first decision is the suppression of the drying period between two consecutive batches, in order to extend the stay of the pigs in their own finishing room. This is called the 'No Drying Period' (NDP) decision. If so, the decontamination process in the finishing room is not fully implemented before the entry of the next batch in that room. The second decision is the sale of the next batch supposed to enter the finishing room, at the end of its post-weaning period (SPW). The remaining finishers below slaughtering weight can then complete their growth in their own finishing room.

The various combinations of the two types of herd management system (AIAO and BM), the availability of an extra-room (ER) and the two producers' decisions (NDP and SPW) define 16 different management systems. The strict All-In/All-Out management system, i.e. no batch mixing with no extra-room, a complete drying period, and no sale at post-weaning, corresponds to the simplest and best system in terms of biosecurity practices.

Depending on the farm structure, all management options are not always available in the herd. If all the options are available, a fixed order of decisions is determined as shown in Figure 2. On the contrary, if all the options may not be available, the priorities are adapted according to the batch management system applied. When confronted to finishers below slaughtering weight in a batch, producers' choose for that batch, by order of preference, the ER, NDP or SPW decision. However, their choice is constrained by the number of remaining finishers: ER can only be chosen up to the extra-room capacity (plus the accepted overload of the finishing room for the BM management system); NDP is implemented if the number is higher than a given T_{NDP} threshold but lower than a fixed T_{SPW} threshold, above which SPW is chosen ($T_{NDP} < T_{SPW}$).

Description of a particular management system. The delivery process that

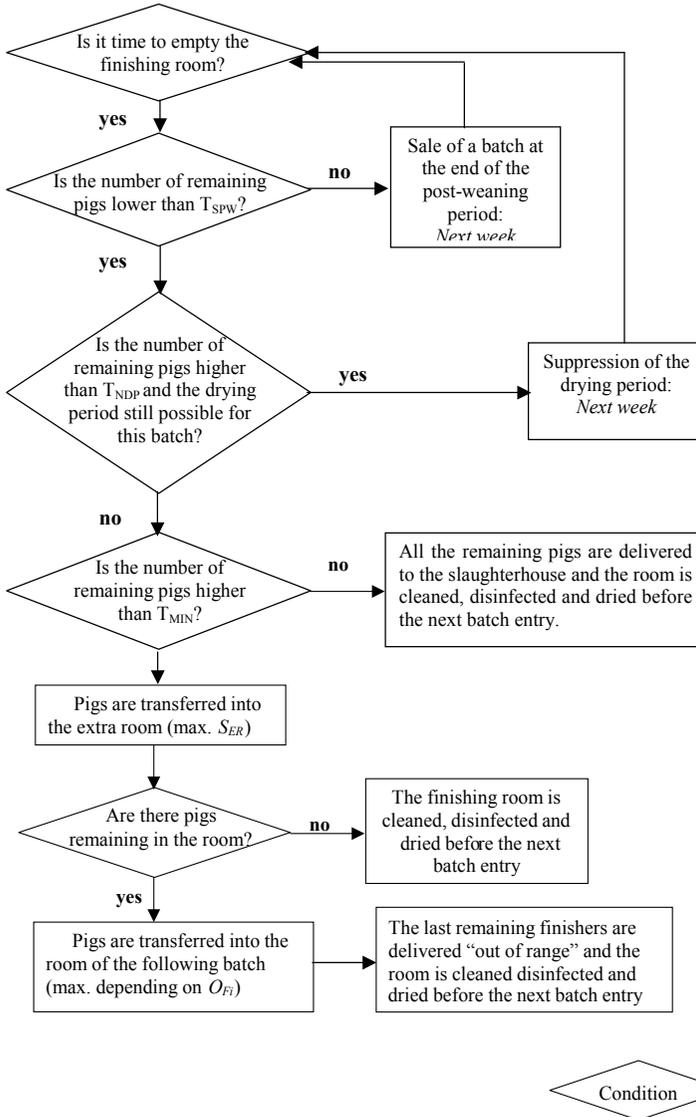


Figure 2 Diagram of decisions for pig slaughterhouse delivery for a particular batch management systems allowing batch mixing (BM), the suppression of the drying period (NDP), the selling of a batch at the end of the post-weaning period (SPW) and the presence of an extra-room in the farm (ER).

T_{SPW} : Threshold above which a batch at the end of the post-weaning period is sold; T_{NDP} : Threshold above which the drying period is suppressed; T_{MIN} : Threshold below which the remaining pigs which have not reached slaughtering weight are delivered; S_{ER} : extra room size; O_{Fi} : Overload in the finishing room.

applies to each batch at the end of the finishing stage can be broken down into a succession of decision steps. These steps are illustrated in the decision diagram in Figure 2 for the management system involving all possible producers' decisions, i.e. the batch mixing management system with an extra-room and with the possibility of suppressing the drying period and of sale a batch at post-weaning.

Contact structure resulting from management of finishing pigs. Contacts among animals within a batch are assumed to be homogeneous. At the herd level however, batch management generates a heterogeneous contact structure. We focused on two types of contact between batches at the end of the finishing period:

1. the contact via the room, between two successive batches; when the drying period has been suppressed (NDP);
2. the contact via the animals, when batch mixing occurs (BM).

Contact is affected by the herd management implemented.

Simulation study

The aim of the simulation study was to describe how far the adaptations from the recommended herd management influence the contact structure and pig delivery, by running the model described above. The model was implemented in Scilab 4.0 (www.scilab.org).

Parameters and initialisation

Parameter values used in this study come from literature and from expert opinions (Tab. 2). The mean age at slaughtering weight was calculated from a standardized age at a liveweight of 115 kg. Moreover, thresholds used in the model to trigger producers' decisions were estimated from a farm survey (Hebert *et al.*, 2007). The model was initialised by assigning a number of sows and pigs to each batch present on the farm. The batches of sows were evenly distributed over a reproduction cycle and the total number of sows in the farm was around 120 distributed into seven batches. The batches of pigs were distributed over the growth process, the number of piglets at farrowing being around 180.

Table 2. Definition and values of the parameters used in the model.

Parameter	Description	Value	
i_b	Interval between two successive batches of sows and of pigs	3 weeks	
r_M	Number of mating room	1	
r_G	Number of gestating rooms	4	
r_F	Number of farrowing rooms	2	
d_M	Duration in mating room for sows	4	
d_G	Duration in gestating room for sows	12 weeks	
d_F	Duration in farrowing room for sows	5 weeks	
c	Voluntary culling rate	0.12 cycle ⁻¹	
μ_M	Mortality rate during the mating period	0.001 weeks ⁻¹	
μ_G	Mortality rate during the gestating period	0.008 weeks ⁻¹	
μ_F	Mortality rate during the farrowing period	0.003 weeks ⁻¹	
τ	Success rate for artificial insemination	mean: $\tau_{m} = 0.90$ weeks ⁻¹ sd: $\tau_{d} = 0.06$ weeks ⁻¹	Normal distribution
α_a	Time in the gestation period for abortion	mean: $\alpha_{a,m} = 8.6$ weeks sd: $\alpha_{a,d} = 2.3$ weeks ⁻¹	Lognormal distribution
η_a	Abortion rate for a batch at each reproduction cycle	0.015 cycle ⁻¹	
L_S	Litter size (gilts)	mean: $L_{S,m} = 9.1$ piglets sd: $L_{S,d} = 3.2$ piglets	Normal distribution
L_G	Litter size (sows)	mean: $L_{G,m} = 12.9$ piglets sd: $L_{G,d} = 3.2$ piglets	Normal distribution
G	Number of recruited gilts by batch	4 gilts	
r_{PS}	Number of post-weaning rooms	3	
r_{Fi}	Number of finishing rooms	5	
d_L	Duration in farrowing room for piglets	4 weeks	
d_{PW}	Duration in post-weaning room for pigs	8 weeks	
d_{Fi}	Duration in finishing room for pigs	[14, 18] weeks	
μ_S	Mortality rate during the suckling period	0.0315 weeks ⁻¹	
μ_{PW}	Mortality rate during the post-weaning period	0.003 weeks ⁻¹	
μ_{Fi}	Mortality rate during the finishing period	0.002 weeks ⁻¹	
α_s	Age at slaughterhouse delivery	mean: $\alpha_{s,m} = 25.5$ weeks sd: $\alpha_{s,d} = 3.5$ weeks	Lognormal distribution
T_{MIN}	Threshold below which pigs are sold out of range without resorting to any producers' decisions	5 pigs	
T_{NDP}	Threshold over which the suppression of the drying period occurs	28 pigs	
T_{SPS}	Threshold over which the sale at the end of the post-weaning period occurs	55 pigs	
C_{Fi}	Accepted capacity of the finishing rooms	180 pigs	
S_{ER}	Extra room size	35 pigs	

Values came from Institut Technique du Porc (2000) and from expert opinions.

Herd management systems tested

We choose to test the 16 herd management systems described above. These management systems represent what is usually observed.

Simulation output

To understand the influence of the management systems on the contact structure, the proportion of batches which made contact with another batch, via batch mixing or via the room, was assessed. The proportion of batches which made contact via batch mixing was computed over the number of pig batches in the simulation. By definition, contact via batch mixing never occurred for the all-in/all-out management systems. A contact via the room counted when the drying period was suppressed at the end of the finishing period.

To show the compromise between pig herd productivity and the implementation of internal biosecurity practices, the percentage of pigs delivered out of range was calculated for each herd management. All results were obtained from 150 simulations over a five-year period (260 weeks). This number of simulations was sufficient to stabilise the mean and standard deviation of the results during the simulations, i.e. these two values did not vary when more simulations were included. Statistical analyses were performed using ANOVA ($\alpha = 0.05$) and means were compared using the Tukey test.

Sensitivity analysis

A sensitivity analysis was performed to investigate the effects of key model parameters on simulation output. The first parameters considered in our analysis were the mean age at slaughtering weight and its standard deviation, which represent pig growth variation within a batch. The mean age parameter value was reported in the literature. However, the variation of this value was not specified. The other parameters tested were the threshold for suppressing the drying period T_{NDP} , the threshold for selling a batch at the end of the post-weaning period T_{SPW} , the accepted overload in the finishing rooms OFi and the size of the extra-room SER.

These last parameters are related to producers' decisions and farm facilities, so they vary from one herd to another. The parameters tested varied individually, their initial values given in Table 2 increased and decreased by 20%.

Results

Herd productivity

The mean annual culling rate (the number of culled sows divided by the total number of sows in the herd) was 34.7%. Sow productivity represented by the number of weaned piglets per productive sow per year was 26.7 piglets (s.d.0.6). The simulated mean number of pigs delivered to slaughterhouse each year was 2670 pigs (s.d = 65).

Influence of herd management systems

The impact of the 16 management systems on the proportion of batches which made contact via batch mixing or via the room and on the percentage of pigs delivered out of range, with the parameters given in Table 2, are described below.

Producers' decisions implemented.

Whatever the management system tested, SPW affected less than 1% of the pig batches and had no significant influence on the results described below, so it will not be described any further. NDP induced a very low proportion of batches which made contact via the room (between 0 and 3% of the pig batches). When present in the herd, the use of the extra-room was frequent (between 65 and 87%).

Influence of herd management systems on the contact structure. The proportion of batches which made contact via batch mixing varied significantly ($p < 0.001$) between the different management systems allowing batch mixing (Fig. 3). The batch mixing management system implemented alone showed a rather high proportion of batches which made contact (0.78 pm 0.05 (mean pm s.d.)). The impact of the suppression of the drying period was negligible. However, the use of an

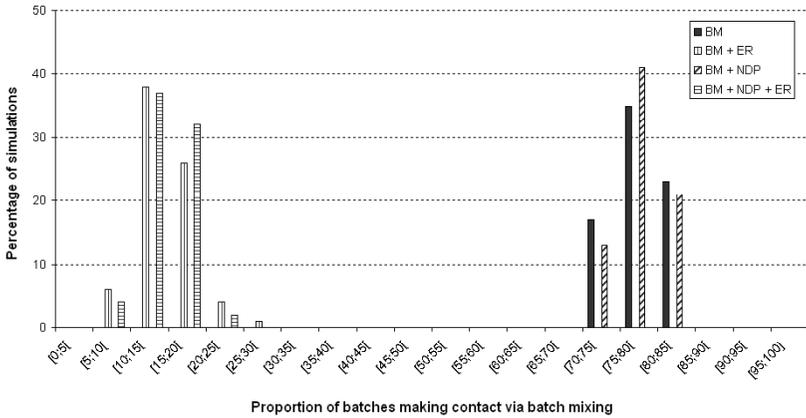


Figure 3 Distribution in the proportion of batches which made contact with another batch via batch mixing at the end of the finishing period according to four herd management systems (proportion averaged over 150 simulations).

BM: implementation of batch mixing at the end of the finishing period; ER: presence of an extra room at the end of the finishing period; NDP: implementation of the drying period suppression at the end of the finishing period.

extra-room (combined with batch mixing) led to a significantly lower proportion of batches which made contact (0.14 *pm* 0.04 (mean *pm* s.d.)).

Influence of herd management system on pig delivery. The percentage of pigs delivered out of range to the slaughterhouse over the simulation period varied significantly ($p < 0.001$) between the management systems tested, ranging between 0.1% *pm* 0.1 (mean *pm* s.d.) for BM+NDP+ER and 9.3% *pm* 0.1 (mean *pm* s.d.) for AIAO (Fig. 4). It decreased with each adaptation from the recommended management system. The use of an extra-room reduced this percentage by five times. Batch mixing had a limited effect on the decrease of pigs delivered out of range when there was an extra-room. The suppression of the drying period had no significant effect. Moreover, this percentage showed a high within management variability for all the management systems tested.

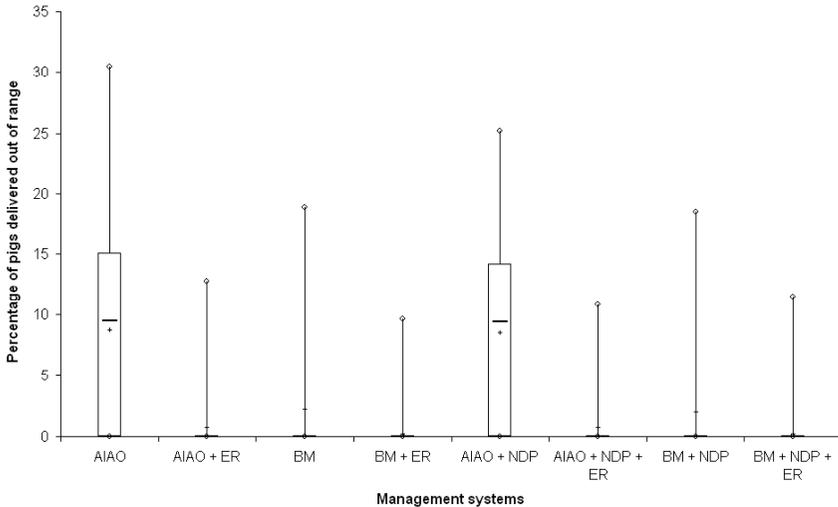


Figure 4 Percentage of pigs delivered out of range according to eight management systems implemented at the end of the finishing period (proportion over 150 simulations).

Mean +, median —, 25th and 75th percentiles, minimum and maximum values (over 150 simulations).

AIAO: all-in/all-out herd management system, BM: implementation of batch mixing at the end of the finishing period, ER: presence of an extra room at the end of the finishing period, NDP: implementation of the drying period suppression at the end of the finishing period.

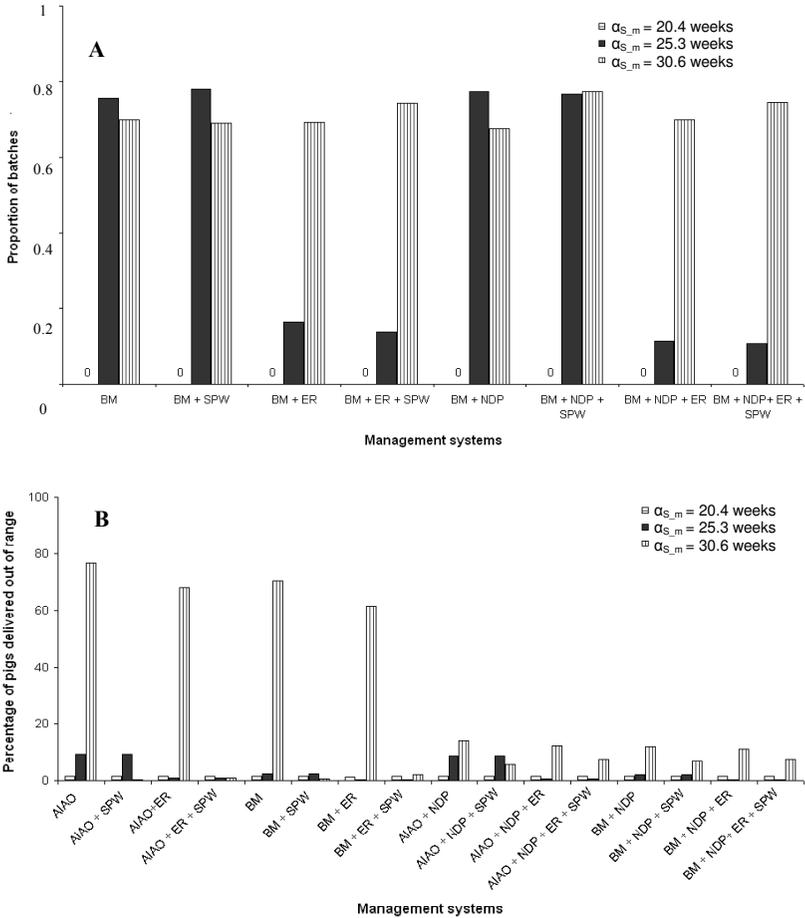


Figure 5 Sensitivity analysis on the mean age at slaughterhouse delivery ($\alpha_{s,m}$) (proportion averaged over 150 simulations).

A: Proportion of batches which made contact via batch mixing for batch mixing management systems.

B: Percentage of pigs delivered out of range according to the value of the mean age at slaughterhouse delivery for all management systems.

AIAO: all-in/all-out herd management system, BM: implementation of batch mixing at the end of the finishing period, ER : presence of an extra room at the end of the finishing period, SPW: implementation of the selling of a batch at the end of the post-weaning period, NDP: implementation of the drying period suppression at the end of the finishing period.

Sensitivity analysis

The influence of pig growth variation. Variation in the mean age at slaughterhouse delivery had a significant effect on contact structure and on the pig delivery (Fig. 5). A reduction by 20% avoided all types of contact between batches (Fig. 5 (A)), and the percentage of pigs delivered out of range became very low (Fig. 5 (B)) whatever the management systems tested. When its value was increased by 20%, SPW was triggered frequently (30 to 45% of the batches). The proportion of batches which made contact via batch mixing increased by at least four times in all the BM management systems with ER (Fig. 5 (A)). The proportion of batches which made contact via the room, became very high (between 0.8 and 0.9) for the NDP management systems, and high (between 0.4 and 0.5) for the NDP management systems with SPW. The percentage of pigs delivered out of range increased to very high values (between 60 and 80%) for the management systems without NDP or SPW (Fig. 5 (B)).

The variation in the standard deviation value of the age at slaughtering weight had no significant effect ($p > 0.05$) on all the results within the range of values tested.

The influence of the threshold variations. Only variation of the threshold above which producers decide to suppress the drying period T_{NDP} had an effect. A decrease of T_{NDP} increased the proportion of batches which made contact via the room from 0.03 to 0.11.

The influence of the finishing room overload and the extra-room size. An increase (respectively a decrease) of the finishing room overload led to an increase (respectively a decrease) of the proportion of batches in contact via batch mixing for all batch mixing systems without ER (Tab. 3). The overload in the finishing rooms and the extra-room size had no effect on contact via the room. The percentage of pigs delivered out of range for the batch mixing systems remained rather low (less than 5%), and it was negligible for management systems with ER (less than 0.4%).

The proportion of batches in contact via batch mixing decreased significantly ($p < 0.01$) (proportion values: 0.22-0.26, 0.10-0.12, 0.01-0.02) when the size of the extra-room increased (room sizes: 28, 35, 42 respectively) whatever the system.

Table 3. Sensitivity analysis results in the variation of the finishing room overload on the proportion of batches which made contact via batch mixing.

Management systems with	BM	BM + SPW	BM + ER BM + ER + SPW	BM + NDP	BM + NDP + SPW	BM + NDP + ER	BM + NDP + ER + SPW
batch mixing							
values in the finishing							
room overload							
0%	0.58	0.58	0.07	0.05	0.61	0.59	0.057
12.5%	0.76	0.78	0.16	0.14	0.78	0.77	0.11
35%	0.86	0.87	0.14	0.14	0.85	0.86	0.14

Discussion

The farrow-to-finish herd model developed for this study simulates animal flows through their reproductive or physiological stages and through the farm rooms in a batch management context. It takes into account biological variability in reproduction and growth processes. It also represents the producer's management decisions that modify these flows, with a special focus on the finishing stage. It allowed us to assess the impact of batch management adaptations on the contact structure within the herd and on pig delivery.

This model integrates knowledge from a number of sources. It was calibrated using published data and expert opinions. We only considered two groups of parity for sows, but even with this obvious simplification, we obtained consistent productivity results. Even if the study of productivity was not the primary goal of the model, the results obtained on piglet production were representative of farrow-to-finish pig herds which reported a mean number of weaned piglets per sow per year equal to 26.8 (Institut Technique du Porc, 2006). Moreover, our simulated culling rate was in the range of values reported in the literature (between 26% and 70%, Stalder et al., 2004). The indirect representation of pig growth by age at slaughter allowed us to obtain proportions of out of range finishing pigs consistent with production performance. A published model, representing the influence of pig growth variation on marketing management within an all-in/all-out system (Schinckel et al., 2005), obtained a percentage of pigs delivered out of range close to 7-8% when pigs were delivered at their usual age. This result is close to the percentage obtained with our model. Finally, a sensitivity analysis was performed on the parameters likely to vary among farms: pig growth and producers' decision thresholds. It showed that, when pig growth was normal, pig delivery and contact between batches depended more on the extra-room availability than on producers' decision thresholds.

Depending on their variability in a farm and their influence on the dynamics of production of slaughter pigs, parameters were either fixed or triggered stochastically.

We assumed that the farm structure and the producers' decisions rules do not change over time. As a consequence, the related parameters are fixed (e.g. room

size, thresholds for actions).

For biological events, several levels of variability were represented. We used fixed parameters to represent biological events which hardly influence batch size and pig growth in routine condition (e.g. mortality rates after weaning).

On the contrary, parameters who show large variation between animals or between batches in current situations were variable. Average litter size and conception rate, therefore varied between batches in the model.

We used a variable standard deviation of the mean age at slaughtering weight because of a high inter-animal variability exists and very slow growing pigs can occur in some batches but not frequently. However, under the same conditions (same food, same health status...) the mean age at slaughtering weight is quite constant over time within one herd. It was therefore fixed. Decision to treat parameters as fixed or variable was a compromise between parsimony of the model and variations likely to impair batch management.

Adaptations from the recommended all-in/all-out management system are mostly due to problems in pig growth, so producers have to find a compromise between production and biosecurity. Among various adaptations considered, this study showed that the use of an extra-room had the highest effect on pig delivery when pig growth was normal. When the room was present, it was used quasi systematically, as observed in a farm survey (Hebert et al., 2007). In our study, this adaptation seemed to be the best decision both to avoid delivering too many out of range pigs to the slaughterhouse and to reduce the contact between batches. When pig growth was slow, the sale of a batch at the end of the post-weaning period was more efficient to reduce the number of out-of-range pigs than the suppression of the drying period, the latter being more efficient than batch mixing. The high percentage of pigs delivered out of range in a case of slow pig growth was due to the duration of pig growth which was greater than the available rooms on the farm. This situation became unbearable and producers had to make decisions. These results illustrate that slower pig growth induces a more difficult choice between maintaining the delivery of pigs in the range and implementing the recommended management system. Whatever decisions the producers made, they either had to face a reduction in their revenue due to the delivery of out-of-range

finishing pigs or the sale of post-weaning batches, or they had to lower the level of their biosecurity practices.

Herd management adaptations will not have the same impact on the spread of a pathogen depending on its transmission characteristics. This herd model is adapted for further epidemiological studies dealing with pathogens transmitted via close contact and/or environment (directly via animals or indirectly e.g. via rooms). However, choosing the batch as the modelling unit, could make the model unsuitable to study certain infectious process for which exposure is not the same for all animals of the batch and depends on their characteristics. These types of infectious process should need to be studied, for instance, at the litter level or at the individual level. It is the case, for example, when piglet sensitivity to a pathogen varies within and between litters in a batch.

References

- Allen MA and Stewart TS 1983. A simulation model for a swine breeding unit producing feeder pigs. *Agricultural Systems* 10, 193-211.
- Berends BR, Urlings HAP, Snijders JMA. and Van Knapen F 1996. Identification and quantification of risk factors in animal management and transport regarding *Salmonella* spp. in pigs. *International Journal of Food Microbiology* 30, 37-53.
- Brown P 2006. Advantages and disadvantages of batch farrowing. *Farm Animal Practice*, 94-96. Dahl J, Wingstrand A, Nielsen B and Baggesen DL 1997. Elimination of *Salmonella* Typhimurium infection by the strategic movement of pigs. *The Veterinary Record* 28, 679-681.
- Eblé P, de Koeijer A, Bouma A, Stegeman A and Dekker A 2006. Quantification of within- and between-pen transmission of Foot-and-Mouth disease virus in pigs. *Veterinary Research* 37, 647-654.
- Hébert H, Lurette A, Fourichon C, Seegers H and Belloc C 2007. Batch farrowing implementation in pig herds and influence on contact among animals. *Proceedings of Journées de la Recherche Porcine* (eds Ifip, Paris)39, 345-350.

- Institut Technique du Porc 2000. Mémento de l'éleveur de porc. ITP, 6th edition, Paris, France.
- Institut Technique du Porc 2006. Le Porc par les chiffres 2005. Institut Technique du porc, Paris, France, p. 52. Ivanek R, Snary EL, Cook AJC and Gröhn YT 2004. A mathematical model for the transmission of *Salmonella* Typhimurium within a grower-finisher pig herd in Great Britain. *Journal of Food Protection* 67, 2403-2409.
- Jalvingh AW, Dijkhuizen AA, Van Arendonk JAM and Brascamp EW 1992. An economic comparison of management strategies on reproduction and replacement in sow herds using a dynamic probabilistic model. *Livestock Production Science* 32, 331-350.
- Jorgensen E and Kristensen AR 1995. An object oriented simulation model of a pig herd with emphasis on information flow. In FACTs 95 March 7, 8, 9, 1995, Orlando, Florida, Farm Animal Computer Technologies Conference, pp 206-215.
- Klinkenberg D, De Bree J, Laevens H and De Jong MCM 2001. Within- and between-pen transmission of classical swine fever virus: a new method to estimate the reproduction ratio from transmission experiments. *Epidemiology and Infection* 128, 293-299.
- Kristensen AR and Sollested TA 2004. A sow replacement model using Bayesian updating in a three-level hierarchic Markov process. I. Biological Model. *Livestock Production Science* 87, 13-24.
- MacKenzie K and Bishop SC 2001. Developing stochastic epidemiological models to quantify the dynamics of infectious diseases in domestic livestock. *Journal of Animal Science* 79, 2047-2056.
- Madec F, Bridoux N, Bounaix S and Jestin A 1998. Measurement of digestive disorders in the piglet at weaning and related risk factors. *Preventive Veterinary Medicine* 35, 53-72.
- Plà LM, Pomar C and Pomar J 2003. A Markov decision sow model representing

- the productive lifespan of herd sows. *Agricultural Systems* 76, 253-272.
- Pomar C, Harris DL, Savoie P and Minvielle F 1991. Computer simulation model of swine production systems : III. A dynamic herd simulation model including reproduction. *Journal of Animal Science* 69, 2822-2836.
- Rose N, Larour G, Le Diguerher G, Eveno E, Jolly JP, Blanchard P, Oger A, Le Dimna M, Jestin A and Madec F 2003. Risk Factors for porcine post-weaning multisystemic wasting syndrome (PMWS) in 149 French farrow-to-finish herds. *Preventive Veterinary Medicine* 61, 209-225.
- Schinckel A, Smith JW, Tokach MD, Dritz SS, Einstein M, Nelssen JL and Goodband RD 2002. Two on-farm data collection methods to determine dynamics of swine compositional growth and estimates of dietary lysine requirements. *Journal of Animal Science* 80, 1419-1432.
- Schinckel A, Richert B and Foster K 2005. Management of pigs in the pork production chain. 5th London Swine Conference. London, Ontario. April 6-7, 2005 (eds London Swine Conference), p. 115-131.
- Singh D 1986. Simulation of swine herd population dynamics. *Agricultural Systems* 22, 157-183.
- Stalder KJ, Knauer M, Baas TJ, Rotschild MF and Mabry JW 2004. Sow longevity. *Pig News and Information* 25, 53-74.
- Toft N, Kristensen AR and Jorgensen E 2005. A framework for decision support related to infectious diseases in slaughter pig fattening units. *Agricultural Systems* 85, 120-137.
- van der Gaag MA, Vos F, Saatkamp HW, van Boven M, van Beek P and Huirne RBM 2004. A state-transition simulation model for the spread of Salmonella in the pork supply chain. *European Journal of Operational Research* 3, 782-798.

Chapitre III

Modélisation de la transmission des salmonelles en troupeau porcin

Contenu

III.1 Infection et portage salmonellique chez le porc	80
III.1.1 Déroulement de l'infection chez le porc	81
III.1.2 Méthodes de détection de l'infection	82
III.1.3 Prévalence du portage de salmonelles dans un troupeau porcin	83
III.2 Modèle de transmission des salmonelles dans un troupeau	85
III.2.1 Résumé de l'article	85
III.2.2 Manuscrit	90

III.2.2.1 Coupling the herd and the epidemiological models	96
III.2.3 Modelling approach	110
III.2.4 Simulations	112
III.2.5 Model evaluation	112
III.2.6 Use of the model	114
III.3 Analyse de sensibilité	121
III.3.1 Résumé de l'article	121
III.3.2 Manuscrit	124

III.1 Infection et portage salmonellique chez le porc

Salmonella est l'un des 32 genres de la famille des enterobacteriaceae. Le spectre d'hôte des salmonelles est très large. Elles peuvent être présentes dans l'intestin de l'homme et de nombreuses espèces animales (volailles, bovins, porcs, oiseaux, reptiles, poissons, insectes, *etc.*). Les animaux se contaminent par voie orale, puis les bactéries se multiplient dans leur tube digestif. Elles contaminent l'environnement par l'intermédiaire des matières fécales de leurs hôtes.

Les salmonelles ne se multiplient qu'exceptionnellement dans le milieu extérieur, mais elles sont capables d'y survivre. En effet, grâce à leurs caractéristiques physiologiques, elles résistent à de nombreux stress environnementaux. Elles peuvent ainsi survivre dans les effluents d'élevage, dans l'eau ou la terre, et à la surface de matériaux de construction variés (bois, béton, fer, acier et brique). A titre d'exemple, elles peuvent résister plusieurs années dans la poussière ou dans du fumier de bovin desséché, 4 mois en eau douce et 9 mois dans le sol [23, 92]. Les salmonelles peuvent être transmises par différents vecteurs : les animaux, l'homme, le matériel, les aliments, l'eau, *etc.*

Les salmonelles comprennent de nombreuses sous espèces identifiables par leurs caractères biochimiques. Une seule est considérée dans notre étude : *Salmonella*

enterica spp. *enterica*. Au sein de cette sous-espèce, on distingue différents sérotypes. Les sérotypes sont définis à partir de la structure antigénique de la bactérie [82]. Ces nombreux sérotypes diffèrent par leur pouvoir pathogène suivant l'espèce infectée. Il existe des sérotypes strictement adaptés à l'homme (responsables des fièvres typhoïdes), des sérotypes plus ou moins étroitement adaptés à une espèce animale (par exemple *Salmonella Choleraesuis* pour les porcs et *Salmonella Enteritidis* pour les volailles) et des sérotypes ubiquistes (les plus impliqués dans les zoonoses).

III.1.1 Déroutement de l'infection chez le porc

La contamination des porcs se fait classiquement par voie orale. La colonisation de l'intestin par les salmonelles a lieu uniquement si une quantité suffisante de bactéries est ingérée pour franchir la barrière stomacale. Les premiers mécanismes de défenses de l'hôte sont l'acidité gastrique et les sels biliaires sécrétés par l'intestin grêle, qui exercent un effet bactéricide [77]. L'invasion des noeuds mésentériques fait suite à la colonisation de l'intestin. Des salmonelles y sont détectées 8 heures après inoculation orale [24]. Le développement de cette étape appelée primo-infection dépend de nombreux facteurs relatifs aux bactéries (virulence, par exemple), à l'exposition des porcs (dose ingérée) et aux porcs (statut immunitaire, troubles digestifs, déséquilibre de la flore digestive et stress...). L'installation des salmonelles induit un portage de la bactérie par les animaux infectés qui commencent à les excréter dans les matières fécales 24 heures environ après l'ingestion. Les porcs porteurs peuvent excréter pendant plusieurs semaines de manière intermittente [78]. Chez les animaux porteurs excréteurs ou non excréteurs, les salmonelles se maintiennent dans la muqueuse du gros intestin ou encore dans les cellules du tissu lymphoïde intestinal pendant plusieurs mois [150]. L'état de la flore intestinale et de l'immunité cellulaire peuvent conditionner l'installation, le portage, la persistance et l'excrétion des salmonelles. De plus, les porteurs peuvent ré-excréter la bactérie sous l'influence d'un stress, d'une modification de la flore intestinale, ou d'une dépression de leur système immunitaire (par une autre maladie par exemple). Le portage de la bactérie n'influence pas la mortalité et n'altère pas la croissance, cet état n'affecte donc pas la démographie des populations de

porcs et de truies infectés.

Le rôle de l'immunité n'est pas complètement élucidé. Suite à l'infection, les animaux développent une immunité active et produisent des anticorps anti-*Salmonella* qui semblent apporter uniquement une protection partielle envers une nouvelle infection par le même sérotype, et aucune protection vis-à-vis des autres sérotypes [23]. Grâce à une étude cinétique des immunoglobulines G (IgG) chez le porc, Proux *et coll.* (2000) [111] ont mis en évidence l'existence d'une immunité passive liée à la transmission par le colostrum des anticorps maternels aux nouveaux-nés. Ces anticorps d'origine maternelle disparaissent vers 8 semaines d'âge. De façon concomitante des immunoglobulines produites par les porcelets suite à la contamination par les salmonelles apparaissent. De plus, Nollet *et coll.* (2004) [105] ont montré une diminution de l'excrétion chez les porcelets issus de truies séropositives. L'immunité passive pourrait donc partiellement protéger les porcelets contre une contamination précoce.

III.1.2 Méthodes de détection de l'infection

A l'exception de *S. Choleraesuis* et de certaines souches de *S. Typhimurium*, les infections des porcs par les salmonelles sont majoritairement sub-cliniques [23]. Les porcs sont alors porteurs de salmonelles sans exprimer aucun signe de salmonellose. Ces porteurs sains ne sont pas détectables par observation. Deux méthodes de détection ont été développées pour une utilisation en conditions de terrain : une méthode directe par culture, met en évidence la présence de bactéries ; une méthode indirecte sérologique, détecte chez l'hôte la présence des anticorps anti-*Salmonella*. Les analyses bactériologiques et sérologiques apportent des informations différentes et complémentaires sur le statut des porcs vis-à-vis d'une infection par les salmonelles.

L'analyse bactériologique permet d'identifier les porcs excréteurs (présence de bactéries dans les fèces), les porteurs latents (présence uniquement dans contenu digestif ou de ganglions et absence dans les fèces), ainsi que la contamination de l'environnement (présence sur les surfaces, sols, parois...). La sensibilité analytique de cette méthode est en moyenne de 100 Unités Formant Colonie par 25g de prélèvement. Les résultats de cette analyse dépendent du stade d'infection. En effet, au

début de l'infection, la quantité de bactéries excrétées dans les fèces de porcs infectés est suffisante pour être détectée. Ensuite, l'excrétion devient intermittente et le nombre de bactéries excrétées est faible. Cette méthode, appliquée en exploitation ne permet de détecter que les infections récentes du troupeau [100].

L'analyse sérologique permet de détecter les anticorps formés lors du contact de l'animal avec les salmonelles : elle renseigne sur l'exposition de l'animal à la bactérie mais ne permet pas de savoir si l'animal est excréteur ou porteur [126]. Les analyses sérologiques sont réalisées à partir de tests immuno-enzymatiques de type ELISA (enzyme-linked immunosorbent assay) conçus pour détecter des anticorps dirigés contre les sérotypes de salmonelles les plus fréquents chez le porc. Ce type d'analyse est réalisable sur sérum et sur jus de viande à l'abattoir. Il a l'avantage d'être rapide et peu coûteux. La fixation des anticorps présents dans le sérum à tester sur les antigènes est associée à une réaction chimique dont le produit est coloré. L'intensité de coloration est évaluée par mesure de densité optique (DO) et permet d'identifier les échantillons positifs (DO supérieure à un seuil) et négatifs (DO inférieure). La sensibilité analytique dépend du seuil de DO choisi.

Les résultats de prévalence de l'infection estimée à partir d'analyse bactériologique ou sérologique obtenus à partir d'expérimentation sont utilisés pour la calibration du modèle via la confrontation de nos sorties simulées à des données observées dans les troupeaux.

III.1.3 Prévalence du portage de salmonelles dans un troupeau porcin

Un grand nombre des études menées ont été réalisées pour estimer la prévalence de l'infection par les salmonelles dans un troupeau. Ces études sont fondées sur des analyses bactériologiques réalisées sur des échantillons de matière fécales [21, 69, 142] ou sur des analyses sérologiques d'échantillons de sérum [79, 130, 142, 121].

Les prévalences obtenues dans des lots de porcs charcutiers à partir d'analyses bactériologiques s'échelonnent entre :

- 6 et 26% d'animaux positifs pour des prélèvements de contenu ceecal ;
- 9 et 40% d'animaux positifs pour des prélèvements de noeuds lymphatiques.

Il est difficile de comparer les résultats bactériologiques entre eux car les méthodes d'isolement, les plans d'échantillonnage et les types de prélèvement sont très variables d'une étude à l'autre. De plus, pour une même étude, l'estimation des prévalences bactériologiques issues de prélèvements de contenu ceecal et de noeuds lymphatiques diffèrent suivant le type de prélèvements [20, 132].

La comparaison des résultats de séroprévalence doit être menée avec prudence puisque selon les études, les seuils de positivité individuelle (DO) utilisés ne sont pas les mêmes. Les seuils de densité optique utilisés dans les différentes études publiées sont de 10% et de 40% [142, 141]. Les études sérologiques montrent un pourcentage de porcs charcutiers séropositifs allant de 2 à 56% pour des analyses sérologiques avec un seuil de densité optique de 40% et de 15,5 à 24% pour des analyses avec un seuil de DO de 10%.

Les résultats bactériologiques et sérologiques sont bien corrélés dans les troupeaux négatifs ou fortement positifs [1]. Les résultats de ces analyses ne sont pas aussi faciles à interpréter dans les troupeaux intermédiaires où coexistent (i) des animaux excréteurs mais dont le contact avec la bactérie est trop récent pour que la séroconversion ait eu lieu et (ii) des animaux porteurs non-excréteurs séropositifs avec persistance des anticorps [111]. De plus, une instabilité des statuts bactériologiques et sérologiques au sein d'un même troupeau au cours du temps a été établie [149, 78] et ce, même sur des lots successifs de porcs charcutiers [45]. Seuls les troupeaux de très faible prévalence en salmonelles sont épargnés par cette instabilité. Au sein d'un même troupeau, des lots comprenant une proportion très élevée d'animaux séropositifs peuvent alterner avec des lots à prévalence faible [21].

La définition du statut d'un troupeau est difficilement réalisable à partir de prélèvements ponctuels et doit donc être réalisée à partir d'un suivi régulier à l'image des plans de maîtrise européens qui utilisent les résultats de plusieurs lots pour déterminer un statut salmonelles. La sérologie permet d'obtenir une bonne estimation de la probabilité d'isoler des salmonelles dans les troupeaux. En pratique, une confirmation par des méthodes de détection microbiologique est souvent réalisée en cas de suspicion. Ainsi au Danemark, le classement sérologique des troupeaux est suivie d'une vérification bactériologique pour les troupeaux mal classés [1].

III.2 Elaboration d'un modèle stochastique pour étudier la transmission des salmonelles en troupeau naisseur-engraisseur

III.2.1 Résumé de l'article

Pour réduire la prévalence de l'infection chez les porcs charcutiers, il est nécessaire de mieux comprendre la dynamique de propagation des salmonelles au sein d'un troupeau porcin et les facteurs qui l'influencent. Cette propagation, comme la plupart des agents pathogènes enzootique et modérément contagieux, dépend des contacts entre animaux. Or dans un troupeau porcin la structure de contact est particulière, elle est liée à la conduite en bandes. Avec cette conduite, les animaux du troupeau dans le même stade de croissance ou de reproduction sont répartis en lots de taille égale appelés bandes. La conduite en bandes stricte, qui n'autorise aucun contact entre porcs issus de bandes différentes est cependant quelques fois adaptée, ce qui mène à mélanger des porcs en fin de période d'engraissement.

L'objectif de cette étude est de présenter un modèle décrivant la transmission des salmonelles dans un troupeau conduit en bandes et où le mélange de bandes de porcs en fin d'engraissement est autorisé.

Le modèle de dynamique du troupeau naisseur-engraisseur utilisé ici a été décrit dans la section (II.3.2, p.53).

Dans le modèle du troupeau naisseur-engraisseur, le cycle de reproduction des truies et la croissance des porcs sont représentés. Certains processus de reproduction et de croissance sont stochastiques. Le cycle de reproduction des truies est composé de trois stades correspondant à la durée de présence dans une salle spécifique : l'attente-saillie en salle de verraterie (4 semaines), la gestation (12 semaines) et la période de mise bas et de lactation en salle de maternité (5 semaines dont 4 avec leurs porcelets). Dans les salles de verraterie et de gestations, les truies de bandes différentes ne sont pas séparées. L'effectif des truies d'une bande est incrémenté à chaque pas de temps en tenant compte des éventuelles mortalité, échec en gestation et réforme.

La croissance des porcs se divise en trois stades correspondant à la durée de

présence dans une salle : l'allaitement en salle de maternité (4 semaines), le post-sevrage (8 semaines) et l'engraissement (14 semaines en moyenne). Les bandes de porcs sont conduites séparément dans toutes ces salles. Le mélange de porcs issus de bandes intervient en fin de période d'engraissement.

Les animaux infectés par des salmonelles excrètent la bactérie dans leur salle d'élevage. Nous représentons une transmission oro-fécale par le biais de l'ingestion des salmonelles présentes dans la salle. Au sein d'une bande, tous les animaux de la salle sont exposés à la même quantité de salmonelles. Entre bandes, la transmission peut intervenir par mélange de bandes ou par la présence de salmonelles résiduelles dans une salle d'élevage. Quatre états sont décrits d'après la littérature au regard de l'infection par les salmonelles : sensible noté F , excréteur Sh après ingestion d'une quantité suffisante de bactéries qui excrète de manière intermittente, excréteur séropositif Sh_S après une séroconversion et un état porteur séropositif C_S quand l'excrétion s'arrête. L'excrétion peut être réactivée par des conditions stressantes (FIG. III.1).

Les animaux d'une bande sont distribués dans ces quatre états à chaque pas de temps. L'effectif dans chaque état au temps t dépend de l'effectif au temps précédent et des animaux ayant subi une transition au pas de temps considéré.

L'effectif qui passe de l'état F à l'état Sh est tiré dans une loi binomiale de probabilité p_I : la probabilité d'infection. Cette probabilité d'infection dépend de la quantité de salmonelles dans la salle d'élevage de la bande considérée au temps t . La probabilité d'infection est calculée à partir d'une fonction décrivant la probabilité en fonction de la quantité de salmonelles dans la salle : cette fonction représente une probabilité d'infection proportionnelle à la dose de salmonelles avec deux plateaux. Au stade d'allaitement, les porcelets sont considérés moins sensibles à l'infection du fait de la présence d'anticorps maternels protecteurs dans le colostrum qu'ils ingèrent. La transition de l'état Sh à l'état Sh_S dépend du délai de séroconversion λ_1 . L'effectif subissant cette transition au temps t est tiré aléatoirement dans une loi binomiale de probabilité $1 - \exp(-\frac{t}{\lambda_1})$. De même, l'effectif qui passe de l'état Sh_S à C_S dépend de la durée d'excrétion. Le retour à l'état excréteur séropositif Sh_S correspond à :

1. l'intermittence de l'excrétion ;

2. la réactivation de l'excrétion due à des conditions stressantes pour l'animal (par exemple le sevrage des porcelets).

La quantité de salmonelles présentes dans une salle varie au cours du temps et correspond à la quantité au temps précédent diminué d'un facteur de dégradation plus la quantité excrétée par les excréteurs (séropositifs ou non) de la bande au temps entre $t - 1$ et t . A chaque changement de salle, 99,9% des bactéries de la salle sont éliminées.

Les paramètres épidémiologiques utilisés dans le modèle sont issus de la littérature et d'avis d'experts. Si certains paramètres sont variables (durée d'excrétion) d'autres sont incertains et nécessitent d'être étudiés par analyse de sensibilité (plateaux de la probabilité d'infection). Chacun de ces paramètres sont testés indépendamment.

Le troupeau est initialement indemne de salmonelles, l'introduction des bactéries est entièrement due à l'introduction de cochettes reproductrices infectées dans le troupeau de truies.

Les résultats étudiés sont (i) la séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers envoyés à l'abattoir, (i) l'évolution de la prévalence d'animaux séropositifs et d'animaux excréteurs dans une bande durant toute la croissance des porcs. Le pourcentage de lots de porcs charcutiers livrés à l'abattoir avec une séroprévalence inférieure à 5% et celui des lots avec une séroprévalence supérieure à 40% ont aussi été calculés.

les résultats montrent une forte fluctuation dans les valeurs de séroprévalence entre troupeaux mais aussi entre lots de porcs charcutiers issus d'un même troupeau et ce, avec le même jeu de paramètres.

La séroprévalence moyenne atteint un équilibre apparent proche de 15%. La plupart des lots de porcs charcutiers (environ 77%) ont une séroprévalence comprise entre 5 et 40%.

Dans une bande de porcs, la séroprévalence moyenne et la prévalence des excréteurs diffèrent de plus ou moins 2%. La prévalence des excréteurs est influencée par la contamination des salles d'élevage. En particulier, l'entrée en salle d'engraissement décontaminée entraîne une faible baisse du nombre d'animaux excréteurs qui augmente à nouveau après deux semaines.

Dans la gamme de variation testée (plus ou moins 25% de la valeur initiale), la variation de la durée d'excrétion a très peu d'effet sur la séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers. La probabilité du plateau inférieur de la fonction d'infection a un effet majeur sur les lots de porcs avec une séroprévalence inférieure à 5% et la probabilité du plateau supérieur a un effet majeur sur le pourcentage de lots avec une séroprévalence supérieure à 40%. De plus, la variation de la valeur de protection des anticorps maternels montre qu'en absence de celle-ci, la séroprévalence moyenne obtenue est supérieure à 50%.

Ces résultats montrent que l'introduction répétée de lots de cochettes infectées est suffisante pour que les salmonelles s'installent dans toutes les catégories d'animaux du troupeau et persistent dans les lots de porcs charcutiers livrés à l'abattoir.

Même si les paramètres sont peu renseignés, la calibration du modèle permet d'obtenir des séroprévalences dans les lots de porcs charcutiers proches de celles obtenues dans des troupeaux infectés reportés dans la littérature.

La représentation d'un facteur protecteur dû aux anticorps maternels est nécessaire pour obtenir des valeurs de séroprévalence cohérentes avec celles de la littérature.

La représentation de la probabilité d'infection avec deux plateaux est différente des autres modèles publiés qui utilisent un paramètre fixe. Cependant pour ces modèles comme pour le notre, les animaux d'une même salle (de même âge) sont exposés à la même probabilité d'infection. Cette probabilité dépend soit du nombre d'excréteurs du groupe soit de la quantité de bactéries présentes dans la salle. Ces modèles publiés considèrent aussi une transmission intra-groupe (ou case) et une transmission entre groupes (ou cases).

Notre représentation des flux d'animaux entre les salles de l'exploitation, permet de prendre en compte la contamination résiduelles des salles qui influe sur l'évolution de la prévalence des excréteurs dans une bande. Ce niveau de représentation permet de considérer des mesures permettant de réduire l'exposition des animaux du troupeau aux salmonelles dans les salles.

Ce modèle couple deux modèles qui peuvent fonctionner séparément. Il pourrait permettre d'étudier aisément la propagation d'autres agents pathogènes avec des

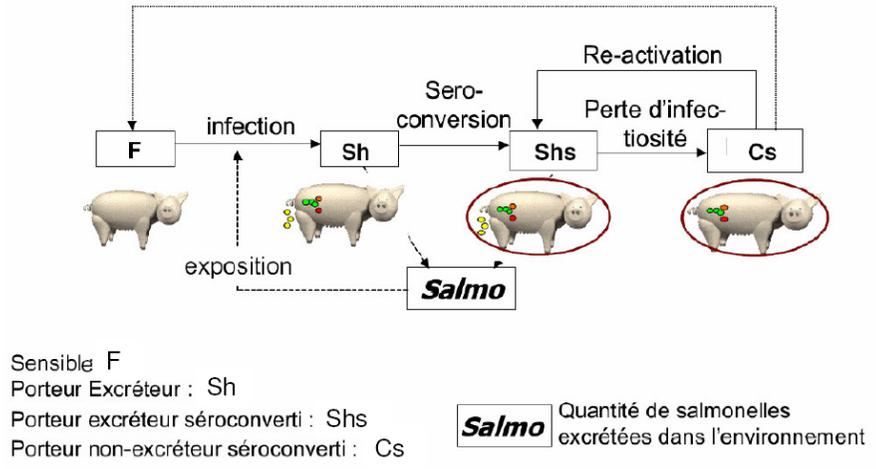


Fig. III.1 – Etats des porcs vis-à-vis de l’infection par les salmonelles et transitions entre états pris en compte dans notre modèle

caractéristiques de transmission similaires à celles des salmonelles.

III.2.2 Manuscrit

Modelling *Salmonella* spread within a farrow-to-finish pig herd

A. Lurette¹, C. Belloc¹, S. Touzeau², T. Hoch¹, P. Ezanno¹, H. Seegers¹ and C. Fourichon¹

¹ INRA, ENVN, UMR708 Unit of Animal Health Management, Veterinary School, ENVN, INRA, F-44000, Nantes, France

² UR341 Mathématiques et informatique appliquées, INRA, F-78350, Jouy-en-Josas, France

Article soumis à *Veterinary Research*

Abstract

Delivery of infected pigs to the slaughterhouse is a major source of pork meat contamination by bacterial hazards to humans. Assuming the prevalence in infected delivered pigs depends on the whole pig life-time and growing process, we propose a model of *Salmonella* spread within a farrow-to-finish pig herd. This stochastic discrete-time model represents both the population dynamics in a farrow-to-finish pig herd using batch management, and *Salmonella* spread. Four mutually exclusive individual health states are considered: *Salmonella* -free, seronegative shedder, seropositive shedder and seropositive not shedding carrier, making the distinction between seropositive animals and shedders. Indirect transmission being the main route of transmission, the probability of infection depends on the quantity of *Salmonella* in pigs environment (Q). A dose effect function is used, assuming a saturation in exposure for large Q vs. a minimum required exposure for low Q . *Salmonella* is introduced in an initially *Salmonella* -free 120-sow herd. Prevalence of shedders and seroprevalence are calculated over time in batches of sows and pigs, and in groups of delivered pigs, composed of pigs from different batches. The model showed very variable seroprevalence over time within a herd among successive delivered groups, as well as among replications. The mean seroprevalence reached an apparent equilibrium around which it fluctuated. A sensitivity analysis highlighted the influence of the two thresholds governing the infection function on seroprevalence in delivered pigs.

Key Words: Swine / *Salmonella* / epidemiological model / population dynamics / environment

Introduction

Human salmonellosis has been a major public health concern for the two last decades in Europe. Pork is regarded as an important source for this food-borne infection, after eggs and poultry meat [16, 20]. According to the new European regulation N° EC 2160/2003 on the control of *Salmonella* and other specified zoonotic agents, Member States have first to collect epidemiological data on the prevalence of *Salmonella* serotypes with public health significance in broilers, chickens and pigs, and second to reduce this prevalence. In pork food chain, several European countries have anticipated this regulation by setting control plans which include control measures aiming at preventing the introduction of *Salmonella* in herds and at controlling the within-herd transmission [16]. Indeed, infected pigs do not exhibit clinical signs and shed *Salmonella* in their environment. They are then responsible for the contamination of susceptible pigs within herd, and during transport and lairage, and the contamination of carcasses during the slaughter process [7, 9, 12]. Focusing on reducing the number of *Salmonella* infected pigs at slaughter age can therefore lead to reduce the pork food chain contamination [2]. The within-herd *Salmonella* spread is influenced by interactions between animals also called contact structure. The contact structure corresponds to the existence, the type (e.g. direct or indirect via the environment), the intensity and the frequency of contacts among animals. In farrow-to-finish pig herds, the reproduction of sows, the farrowing and the pig growth from birth to slaughter are conducted on a single site. In these herds, a batch farrowing management system of sows is often implemented, leading to an all-in/all-out housing system for growing pigs [10]. With this management system, theoretically, there is no direct contact between pigs other than sows from different batches. However, in order to deliver finisher pigs with homogeneous weights to the slaughterhouse, producers sometimes need to adapt their management system by mixing pigs from different batches especially during the finishing stage. This adaptation influences the within-herd contact structure

and thus can modify *Salmonella* spread. Given the survival of *Salmonella* in the environment, indirect transmission between pigs from different batches can depend on the contamination level of rearing rooms. This contamination level is related to the flows of shedding animal in the rooms of the farm. A better understanding of the key factors which influence the within-herd *Salmonella* spread is needed. A model can be a useful and flexible tool to represent the characteristics and dynamics of both the pig population, including its contact structure and the producer's management system, and the *Salmonella* infection. It allows to simulate the implementation of control measures and to ex-ante assess their efficiency [28, 37, 56]. Previously published models on *Salmonella* transmission in pig herds represented only part of the production process, i.e. the growing stages [25, 27, 49]. They did not take into account the breeding phase. Van der Gaag *et al.* [49] studied the transmission between different groups of pigs in the farm, but didn't account for a heterogeneous contact structure as the one induced by a batch farrowing management system and which can influence pathogen transmission.

Material and methods

To represent both the animal population dynamics and the *Salmonella* spread within a farrow-to-finish herd, we couple a mathematical model simulating the herd population dynamics [33] with an epidemiological model of *Salmonella* transmission. The coupled model is a discrete stochastic model with a time step of one week. This time step has been chosen because it is the basic unit for grouping tasks and moving animals between rooms in a batch management system, and because it is well suited to *Salmonella* transmission time scale and to infection states duration. In this coupled model, *Salmonella* transmission depends on the environment contamination, i.e. the room floor. Moreover, thanks to the representation of animal flows between rooms, the model considers both the within-batch and the between-batch transmission.

Population dynamics model

The within-herd population dynamics is based on a farrow-to-finish herd model described in more details in Lurette *et al.* [33]. It includes both the entire reproduction cycle of sows and the entire growth of pigs from birth to slaughterhouse delivery. To take into account the biological variability within a herd, which influences number of pigs concerning by producers' management and contacts between animals, reproduction and growth processes are stochastic. The sow herd is divided into groups of equal size called batches. A batch of pigs corresponds to the litters of a batch of sows. The modelling unit is the batch (of pigs and of sows). The model describes the evolution of batch sizes over time. As the reproductive performance of gilts and sows are quite different, two parities are considered in each batch. The reproduction cycle of sows is represented by three successive periods (X') which correspond to the occupation of three different rooms: the mating room (4 weeks, $X' = M$), the gestating room (12 weeks, $X' = G$) and the farrowing room (5 weeks, $X' = S$). Every three weeks a batch of sows is inseminated. A proportion of these sows, which have failed to conceive, are culled or re-inseminated. The pregnant sows enter the gestating room. One week before parturition, the batch of sows is transferred into the farrowing room, where it spends the four weeks after farrowing with its piglets. Then it returns to the mating room to begin a new reproductive cycle. In mating and gestating rooms, several batches of sows are housed together. A fixed mortality rate affects sows at each time step and differs between reproduction periods. A stochastic replacement takes place at the end of each reproductive cycle when sows are in the mating room. Gilts coming from a supplier herd are recruited in the batch to compensate sow mortality and culling. Pig growth is represented by three successive stages (X) which correspond to the occupation of three different rooms: the farrowing room (corresponding to the suckling period during 4 weeks, $X = S$), the post-weaning room (8 weeks, $X = PW$) and the finishing room (13 to 18 weeks, $X = F$). At each growing stage change, all pigs of a batch leave a room at once and enter another room together after this room has been emptied. The all-in / all-out housing system allows each room to be decontaminated between two batches by a cleaning-disinfecting process followed by a one-week drying period. Two demographic processes are applied to

batches of pigs: mortality and slaughterhouse delivery. A mortality rate is applied every week. It is fixed during a growing stage but differs between stages. Pig growth is variable within a batch and between batches. To deliver groups of pigs with homogeneous weights, producers compose the delivery groups of pigs from several batches. If there are still pigs remaining in a finishing room (below the expected slaughter weight) when it needs to be emptied to make room for another batch, producers can mix them with the following batch (three weeks younger). According to the interval of time between batches (three weeks) and to the duration in each growing or reproductive stage, the modelled farm consists here in one mating room, four gestating rooms, two farrowing rooms, three post-weaning rooms and five finishing rooms. At each time t , the model gives which room $r(t, b)$ is occupied by batch b composed of pigs in the growing stage X or of sows in the reproductive stage X' .

***Salmonella* spread and prevalence**

Infected animals shed *Salmonella* in their faeces and, hence, contaminate their local environment, i.e. their room. The model represents the indirect faecal-oral transmission via the free-living *Salmonella* in the room. The quantity of free-living *Salmonella* in each room is (in the faeces, on the room floor, on the pen separations and on the pig bodies) modelled as a quantity of *Salmonella* infectious units denoted by Q . Q depends on the number of shedding pigs in the room and the persistence of *Salmonella* in the environment over time. Due to housing conditions in pig herds, we assume that - within a room - all animals are exposed to the same quantity of *Salmonella* infectious units. Between batches, transmission occurs:

- via the room, due to residual *Salmonella* infectious units in the room between two successive batches after the cleaning-disinfecting process;
- via the animals if infected animals of a batch are mixed with another batch.

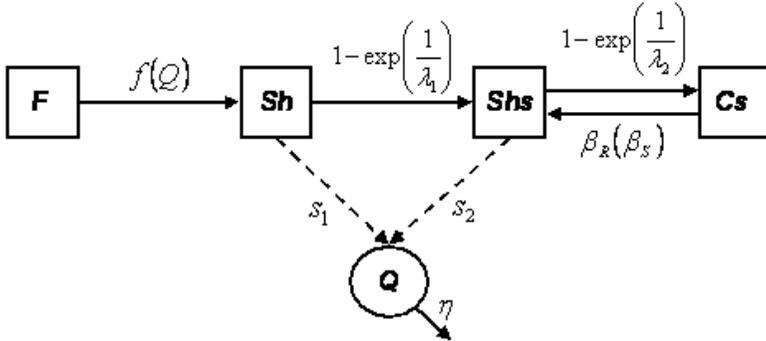


Figure 1: Flow diagram of the *Salmonella* transmission model, representing infection states (F: *Salmonella*-free, Sh, shedder; Shs, seropositive shedder and Cs, seropositive carrier) and transitions between states. Parameters are defined in Tab. II.

Salmonella infection dynamics and states

Salmonella infection is generally sub clinic in pigs [6], so it does not affect pig demography and growth in the model. Infected animals are not directly detectable by observation. Two major diagnostic methods have been developed: the bacteriological method applied on faecal samples detects the bacteria shedding whereas the serological method applied on serum or meat juice detects the presence of anti-*Salmonella* antibodies. Results of the detection method are used to define the health states in the model.

Four mutually exclusive health states, are identified from the literature [8, 38] and retained in this model (Fig. 1). The transitions between infectious states are assumed to be the same for sows and for pigs. Susceptible animals free of *Salmonella* (F) can be contaminated after ingestion of a sufficient quantity of *Salmonella* infectious units and then become shedding animals (Sh). After sero-conversion, they become seropositive shedding animals (Shs). When the shedding stops, they become seropositive carrying animals (Cs). The shedding has been

shown to be intermittent [28, 37] and the transitions between the shedding and the carrier states can occur several times during animal lifetime. According to Berends *et al.* [6] and Blaha *et al.* [8], the latent period between *Salmonella* ingestion and bacteria shedding in the faeces lasts less than 24 hours. We do not consider this state, assuming it has no effect on *Salmonella* infection dynamics over a one week period (the model time step). To our knowledge, the transition from the seronegative shedding state to a seronegative carrying state has not been described. Moreover, we assume that the seroconversion delay is shorter than the duration of the shedding period. Given that the mean age at which pigs reach their slaughter weight is 178.5 days in our model, we do not retain a come back to a seronegative carrier state. Moreover, we do not consider any state in which pigs recover from infection, due to a current lack of data dealing with a possible recovery in pigs.

III.2.2.1 Coupling the herd and the epidemiological models

In the coupled model, the demographic processes are applied before the epidemiological processes. The number of pigs in batch b at time t in growing stage X in each health state is denoted by: $F^X(t, b)$, $Sh^X(t, b)$, $Shs^X(t, b)$, $Cs^X(t, b)$, the *Salmonella* -free, the shedding, the seropositive shedding and the carrying pigs, respectively. At each time step t , pigs of batch b are distributed in the four health states, the total number of pigs in the batch being: $P^X(t, b) = F^X(t, b) + Sh^X(t, b) + Shs^X(t, b) + Cs^X(t, b)$.

Transition from susceptible to shedding state

A pig has to ingest a sufficient quantity of *Salmonella* infectious units to become infected and to start shedding the bacteria in the faeces [21]. The probability of infection depends on pig exposure, i.e. on the number of pigs in batch b located in room r (i.e. in growing stage X) at time t , $P^X(t, b)$, and on the quantity of *Salmonella* infectious units in the room r at time t , $Q(t, r)$. Assuming homogeneous mixing of pigs within a batch, each pig of batch b located in room r is exposed at time t to $\frac{Q(t, r)}{P_X(t, b)}$, the quantity of *Salmonella* infectious units per pig in room r at time t . To represent a dose effect relation, the probability of infection $f(\frac{Q(t, r)}{P_X(t, b)})$

is assumed to be an increasing function of the number of infectious units Q with two plateaus (Fig. 2):

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{Q}{P} = 0 \Rightarrow f\left(\frac{Q(t,r)}{P(t,b)}\right) = 0; \\ 0 < \frac{Q}{P} \leq q_1 \Rightarrow f\left(\frac{Q(t,r)}{P(t,b)}\right) = a_1; \\ q_1 < \frac{Q}{P} \leq q_2 \Rightarrow f\left(\frac{Q(t,r)}{P(t,b)}\right) = a_1 + \frac{a_2 - a_1}{q_2 - q_1} \left(\frac{Q(t,r)}{P(t,b)} - q_1\right); \\ q_2 < \frac{Q}{P} \Rightarrow f\left(\frac{Q(t,r)}{P(t,b)}\right) = a_2; \end{array} \right. \quad (\text{III.1})$$

with q_1 the inferior threshold of *Salmonella* infectious units per pig below which the probability of infection is low and equal to a_1 , and q_2 the saturation threshold above which the probability reaches its maximum a_2 . For no *Salmonella* in the room r ($Q = 0$), the infection probability is null.

The number of *Salmonella* infectious units in room r , $Q(t, r)$, is subject to a degradation process during each time step t , the degradation rate η being fixed. $Q(t, r)$ is upgraded by the number of infectious units shed by seropositive and seronegative shedding pigs in the room, the shedding rates of seropositive and seronegative shedding pigs in growing stage X being s_1^X and s_2^X , respectively, with $s_1^X > s_2^X$. We assumed that seropositive animals shed a smaller quantity of bacteria than seronegative animals. Moreover, both depend on growing stage X because finishing pigs and sows shed a larger quantity of *Salmonella* than piglets. The evolution in *Salmonella* infectious units in room r is represented by: $Q(t, r(t, b)) = (1 - \eta)Q(t - 1, r(t, b)) + s_1^X Sh(t, b) + s_2^X Sh_S(t, b)$ In the farrowing room, where sows and piglets are housed together, the evolution of $Q(t, r)$ includes both shedding piglets and shedding sows. When a batch leaves the farrowing, the post-weaning or the finishing room, the cleaning-disinfecting process and the drying period allow the elimination of *Salmonella* before the next batch enters the room. However, the optimal conditions are rarely fulfilled in the field and this process is never complete; we denote by ν^X the proportion of *Salmonella* infectious units eliminated by the cleaning-disinfecting process in the room r . The cleaning-disinfecting process in the mating and the gestating rooms is not well done than in the others rooms because several batches of sows are housed in the same room. At each cleaning-disinfecting process, the *Salmonella* quantity in room r is updated: $Q(t, r(t, b)) = (1 - \nu)Q(t - 1, r(t, b))$

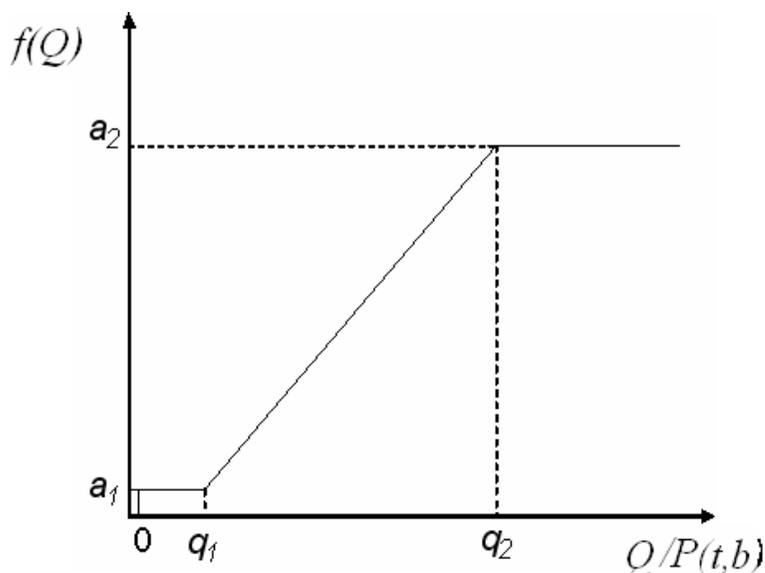


Figure 2: Probability of infection as a function of the number of *Salmonella* infectious units Q per pig (or sow) in the room. $P(t,b)$ is the number of pigs in batch b at time t located in the room. The minimum and maximum infection probabilities are a_1 and a_2 , respectively ($0 < a_1, a_2 < 1$); q_1 (q_2) is a threshold in *Salmonella* infectious units below (above) which the probability of infection is a_1 (a_2) (see Tab. II for parameter values). The corresponding equation is given in the text.

In batch b , the number of newly infected pigs in growing stage X at time t is drawn from a binomial law: $Inf^X(t, b) = Bin(F^X(t, b), f(\frac{Q(t, r(t, b))}{P_X(t, b)})$. The presence of passive immunity has been already demonstrated in piglets at birth [5, 44]. We assume that the presence of passive immunity reduces the susceptibility of piglets to Salmonella infection during the suckling period compared to other growing stages. In our model, this immunity is considered partial and variable between litters. Indeed, it has been shown that piglets from seropositive sows can be infected at weaning [40]. The maternal protection is hence represented by a lower probability of infection. The probability is then multiplied by a 'protective factor' denoted ε , which is inferior to 1 during the suckling period and equal to 1 during the post-weaning and finishing periods.

Transition from seronegative to seropositive shedding state

After seroconversion, shedding pigs (Sh) become seropositive (Shs). The probability p_S that a shedding pig moves to the seroconverted shedding state at each time step is given by: $p_S = 1 - \exp(\frac{-1}{\lambda_1})$, with λ_1 the average seroconversion delay. It corresponds to an instantaneous transition rate of $1/\lambda_1$ in a continuous time model, which relies on the assumption that the time to seroconversion is exponentially distributed for all seronegative shedders in the batch with a mean value set to λ_1 . The seroconversion delay has been shown to take values from 1 to 2 weeks [5, 21, 44]. The number of animals in a batch which become seropositive at time t is then drawn from a binomial law: $Sero^X(t, b) = Bin(Sh^X(t, b), p_S)$.

Transition from seropositive shedding to seropositive carrier state

The probability $p_E(t)$ that a seropositive shedding pig (Shs) stops shedding *Salmonella* depends on the shedding period duration. This duration $\lambda_2(t)$ is recalculated at each time t to represent a variation between batches due to environmental factors such as temperature or biological factors such as stress and health status. We assume that it follows a lognormal distribution with parameters $(\alpha_{\lambda_2(t)}, \Gamma_{\lambda_2(t)})$. So we obtain: $p_E(t) = 1 - \exp(\frac{-1}{\lambda_2(t)})$. The number of pigs which become seropositive carriers (Cs) at time t is then drawn from a binomial law: $Stop^X(t, b) = Bin(Sh_S^X(t, b), p_E(t))$.

Transition from seropositive carrier to seropositive shedding state

The back and forth transition between the seropositive carrier state (C_S) and the seropositive shedding state (Sh_S) represents the intermittence of shedding. The probability β_R of shedding reactivation for carrier pigs is fixed. As for previous transitions, the number of pigs in batch b affected by this transition at time t is drawn from a binomial law: $ReA^X(t, b) = Bin(C_S^X(t, b), \beta_R)$.

Stressful conditions such as weaning can increase the reactivation of *Salmonella* shedding and trigger the transition from the seropositive carrier state to the seropositive shedding state. So, a different probability β_S (with $\beta_S > \beta_R$) is applied at the weaning of piglets and: $ReA^X(t, b) = Bin(C_S^X(t, b), \beta_S)$ with here t denoting for the time of weaning of batch b .

Complete epidemiological model

At each time t , pigs or sows of a batch are distributed in the four health states, according to the infection dynamics described above. The resulting equations used to update the number of pigs or sows in batch b in growing stage X are:

$$\left\{ \begin{array}{l} F(t, b) = F(t - 1) - Inf^X(t, b); \\ Sh(t, b) = Sh(t - 1, b) - Sero^X(t, b) + Inf^X(t, b); \\ Sh_S(t, b) = Sh_S(t - 1, b) + Sero^X(t, b) + ReA^X(t, b) - Stop^X(t, b); \\ C_S(t, b) = C_S(t - 1, b) - ReA^X(t, b) + Stop^X(t, b); \end{array} \right. \quad (\text{III.2})$$

Simulation

Parameters used in the model

The herd model is calibrated by integrating knowledge from various sources, from published data to expert opinion, so as to obtain a realistic representation of such a pig herd. The values chosen for parameters used in the epidemiological model (Tab. I) are estimated based on experimental data reported in the literature [5, 13, 19, 21, 29, 31, 38, 44, 51, 54] or based on expert opinion. Among the epidemiological parameters, some parameters are uncertain (e.g. those which govern the infection probability function) and others are variable (e.g. the shedding duration which

Table I: Definition and values of the parameters used in the *Salmonella* infection dynamics model within a farrow-to-finish pig herd

Notation	Description	Value
q_1	inferior threshold of infection below which the probability of infection is the lowest	10^4
q_2	saturation threshold above which the probability reaches a maximum value	10^6
a_1	Minimum infection probability	0.001
a_2	Maximum infection probability	0.25
λ_1	Seroconversion delay	2 weeks
λ_2	Shedding period duration	Lognormal distribution: Mean : $\alpha_{\lambda_2} = 4$ weeks s.d.: $\sigma_{\lambda_2} = 1.8$ weeks
β_R	Probability of shedding reactivation	0.2
β_S	Probability of shedding reactivation due to stress	0.4
ε	Protective factor	0.75
η	Weekly survival probability of <i>Salmonella</i>	0.4
ν	proportion of <i>Salmonella</i> infectious unit eliminated by the cleaning-disinfecting process: <ul style="list-style-type: none"> • in mating and gestating rooms: • in farrowing, post-weaning and finishing rooms: 	0.80 0.999
s_1	<i>Salmonella</i> infectious units (S.i.u.) shedded by a shedding animal (piglet, post-weaner, finisher and sow)	$4 \cdot 10^3$ S.i.u (piglet) $7 \cdot 10^3$ S.i.u (post-weaner) $5 \cdot 10^4$ S.i.u (finisher) $5 \cdot 10^4$ S.i.u (sow)
s_2	<i>Salmonella</i> infectious units shedded by a seroconverted shedding animal (piglet, post-weaner, finisher and sow)	$3.2 \cdot 10^3$ S.i.u (piglet) $5.6 \cdot 10^3$ S.i.u (post-weaner) $4 \cdot 10^4$ S.i.u (finisher) $4 \cdot 10^4$ S.i.u (sow)

Table II: Sensitivity of the percentage of groups of delivered pigs with a seroprevalence lower than 5% or higher than 40% to variations in the shedding duration (λ_2), the minimum (a_1) and maximum (a_2) infection probabilities, and the maternal protective factor (ϵ).

Parameters		λ_2			a_1			a_2			ϵ		
Percentage of groups of pigs delivered with:	Variation from the default value	$\lambda_2 - 25\%$	λ_2	$\lambda_2 + 25\%$	$a_1 - 25\%$	a_1	$a_1 + 25\%$	$a_2 - 25\%$	a_2	$a_2 + 25\%$	$\epsilon - 25\%$	ϵ	$\epsilon + 25\%$
a seroprevalence lower than 5%		10.4 ^a	9.9 ^b	9.2 ^b	15.9 ^c	9.9 ^b	6.4 ^c	22.1 ^d	9.9 ^b	2.4 ^e	8 ^b	9.9 ^b	16.2 ^c
a seroprevalence higher than 40%		2.4 ^a	4.5 ^b	4.5 ^b	2.4 ^a	4.5 ^b	5.5 ^b	0.1 ^c	4.5 ^b	29.8 ^d	5.4 ^b	4.5 ^b	1.8 ^a

¹ Initial parameter values are given in Tab. I

² The values within a line with the same letter are significantly different ($\alpha > 0.05$)

range from a few hours to several months [13, 29, 30]). The chosen value for this parameter belongs to the range of variation reported in the literature.

Initialisation

The model is initialised by assigning a number of sows and pigs to each batch present on the farm. The batches of sows are evenly distributed over a reproduction cycle. The total number of sows is 120 on average, distributed into seven batches. In a batch, 18 sows are inseminated each week on average. The number of piglets at farrowing is around 180 on average. *Salmonella* is introduced in an initially Salmonella-free herd via the recruitment of seropositive shedder and carrier gilts in the sow herd. Based on technical data from French supplier herds, the seroprevalence of all groups of recruited gilts is exponentially distributed with a mean probability of 0.05.

Simulation outputs

Results are obtained from 150 replications for a given parameter set (Tab. I and II) over 400 weeks to assess the possible long-term variations in Salmonella prevalence. To assess the risk of pork food chain contamination, we consider the seroprevalence in groups of delivered pigs. However, because groups of delivered pigs consist in pigs from different batches, both the prevalence in groups of delivered pigs and the prevalence in batches of sows or pigs are considered as model outputs. Moreover, as either the presence of antibodies anti-Salmonella or the bacteria shedding can

be detected in the field, we also consider the prevalence in shedding pigs as a model output.

The first output is the evolution over time in the prevalence of seropositive pigs in groups of delivered pigs, i.e. the proportion of seropositive shedder (Shs) and seropositive carrier (Cs) pigs in successive groups of delivered pigs. At each slaughterhouse delivery, this seroprevalence is: $Pr(t) = \sum_{k \in b^F} \frac{Sh_S(t,k) + C_S(t,b)}{P(t,k)}$, with k the group of delivered pigs at the end of the finishing period at time t . The average seroprevalence is calculated for two scenarios of *Salmonella* introduction in the herd: (1) a single initial introduction of infected gilts in the sow herd; and (2) repeated introductions of infected gilts over time, at the beginning of each reproduction cycle. Other results are obtained with a repeated introduction of seropositive gilts.

The second output is the distribution of the seroprevalence in groups of delivered pigs, for all groups delivered over time in all the replications are accounted for, resulting in 30000 groups. Three levels of seroprevalence are more specially considered: lower than 5% (low seroprevalence groups), between 5% and 40%, higher than 40% (high seroprevalence groups). These levels correspond to the seroprevalence thresholds used in the Danish Salmonella control plan to classify herds [36]. Producers delivering groups with a seroprevalence higher than 40% face financial penalties and have to implement bacteriological tests and control measures to reduce the number of seropositive pigs at slaughter [1, 36].

The third output is the average prevalence of shedding and of Salmonella-seropositive pigs in a batch and the average prevalence of shedding sows in a batch. The average prevalence of shedding pigs and the average prevalence of Salmonella-seropositive pigs in a batch are calculated from birth until slaughterhouse delivery, over all batches of pigs and all replications, i.e. results are obtained from 18750 batches of pigs (125 batches per replication over 400 weeks). The average prevalence of shedding sows in a batch are calculated at the end of each of the three reproduction stages: the service period, the gestation period and the suckling period.

Sensitivity Analysis

Some parameters are poorly documented and other are highly variable. To assess the influence of parameter variation on the seroprevalence in groups of delivered pigs, a sensitivity analysis is performed on the four parameters which exhibit the greatest variability or which are the most uncertain: the mean shedding period duration λ_2 , the minimum and the maximum probabilities of infection a_1 and a_2 , and the maternal protective factor ε . A one-at-a-time analysis [46] is used for λ_2 , a_1 , a_2 and ε which are increased and decreased separately by 25% from their initial values (Tab. I). The sensitivity analysis is performed over 150 replications across the whole simulation period. This analysis is conducted on the average percentage of groups of delivered pigs with a seroprevalence lower than 5% and with a seroprevalence higher than 40%.

Results

Seroprevalence of *Salmonella* infection in groups of delivered pigs

There was a high variability in the seroprevalence in groups of delivered pigs (Fig. 3) within and between replications using a given set of parameters (Tab. I) and for the same initial conditions. Once the bacteria has been introduced in the herd, it persisted with groups of delivered pigs having seropositive animals until the end of the simulation period.

The mean seroprevalence in groups of pigs delivered to the slaughterhouse became positive on average 38 weeks after the first introduction of *Salmonella* seropositive gilts (Fig. 4). At this time occurred the first delivery of a group of pigs including pigs born in the batch where the first seropositive gilts were introduced. The mean seroprevalence reached an apparent "equilibrium" with values ranging from 6 to 24%. Moreover, whatever the type of introduction of infected gilts (single vs. repeated), the same equilibrium was reached. However, the time needed to reach this equilibrium was longer after a unique introduction than for repeated introductions of infected gilts. The percentage of groups with a sero-

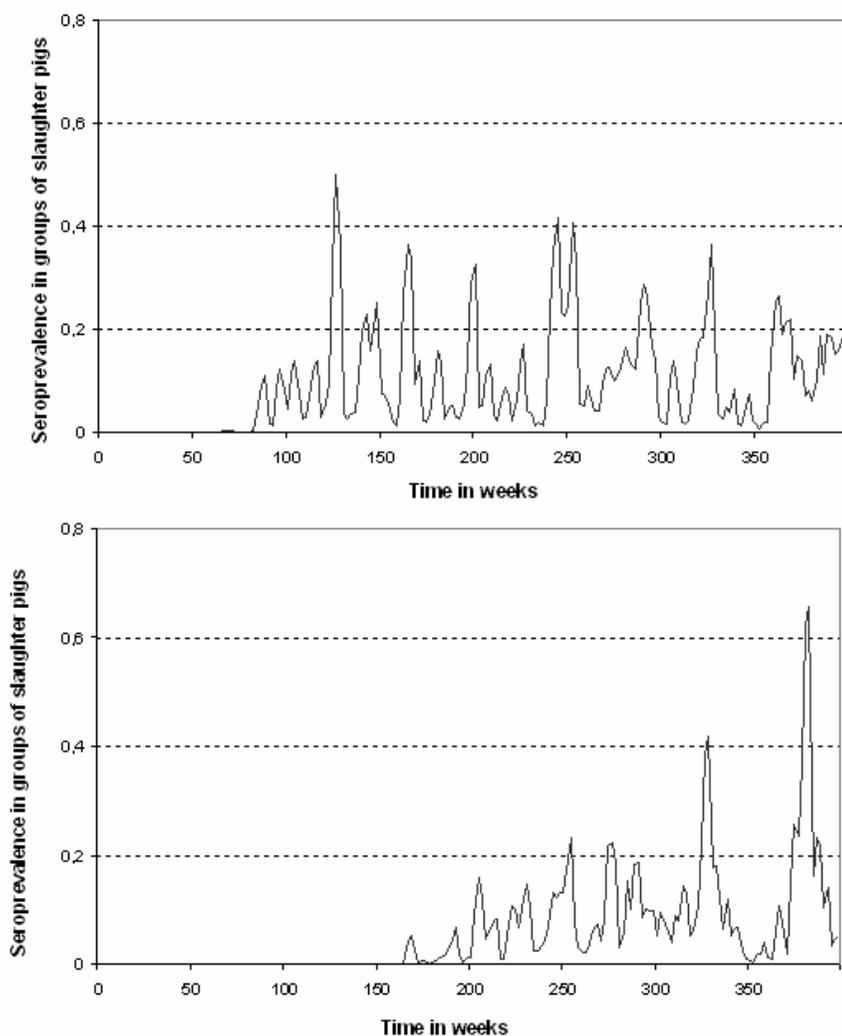


Figure 3: Prevalence of *Salmonella* seropositive animals in groups of pigs delivered to the slaughterhouse from a farrow-to-finish pig herd using batch management (parameter values are given in Tab. I and II); the two figures represent two distinct replications over a 400-week simulation period

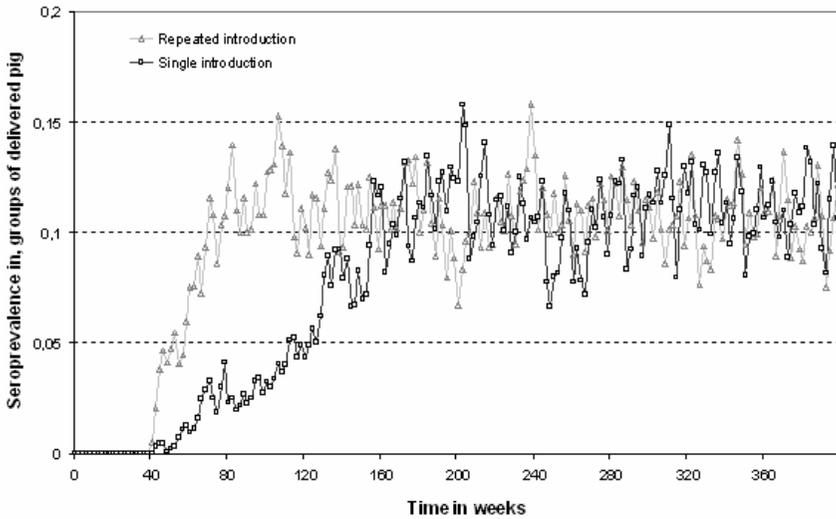


Figure 4: Average prevalence over time of *Salmonella* seropositive animals in groups of pigs delivered to the slaughterhouse in a farrow-to-finish pig herd under batch management (parameter values are given in Tab. I and II), after a unique introduction of *Salmonella* infected gilts (Δ) vs. after repeated introductions of infected gilts (\square) (average over all groups encountered in 150 replications on a 400-week simulation period corresponding to 30 000 groups of delivered pigs).

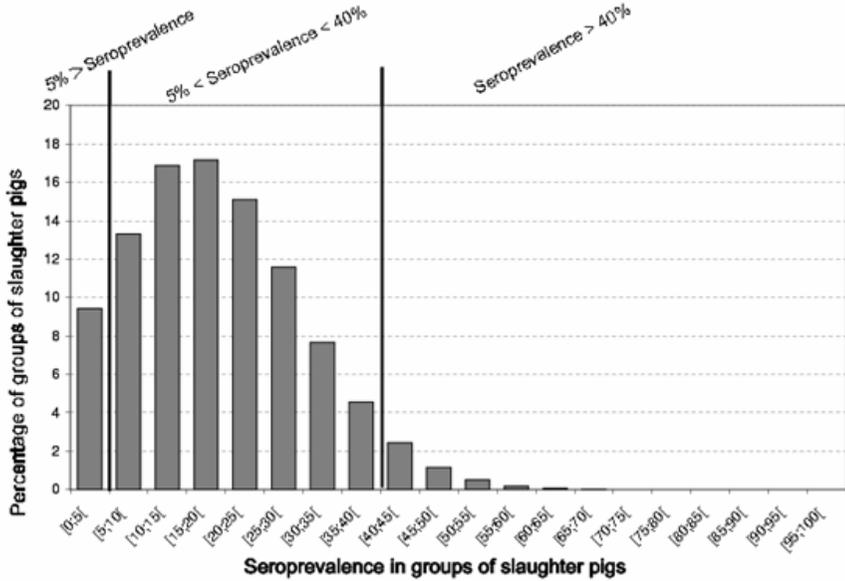


Figure 5: Distribution of the seroprevalence in groups of pigs delivered to the slaughterhouse. All the groups encountered in 150 replications on a 400-week simulation period are considered corresponding to 30000 groups of delivered pigs

prevalence lower than 5% was 9.4% (Fig. 5). The percentage of groups with a seroprevalence higher than 40% was low (4.5%). Most groups of delivered pigs exhibited a seroprevalence between 5 and 40

Prevalence of *Salmonella* infection in batches of growing pigs and of sows

The average prevalence of shedding pigs and of pigs with post-infection antibodies in a batch of pigs increased from the birth of piglets until the slaughterhouse delivery of finishing pigs (Fig. 6). On average, piglets became seropositive at 2.5 weeks of age, two weeks after they started shedding. The average seroprevalence

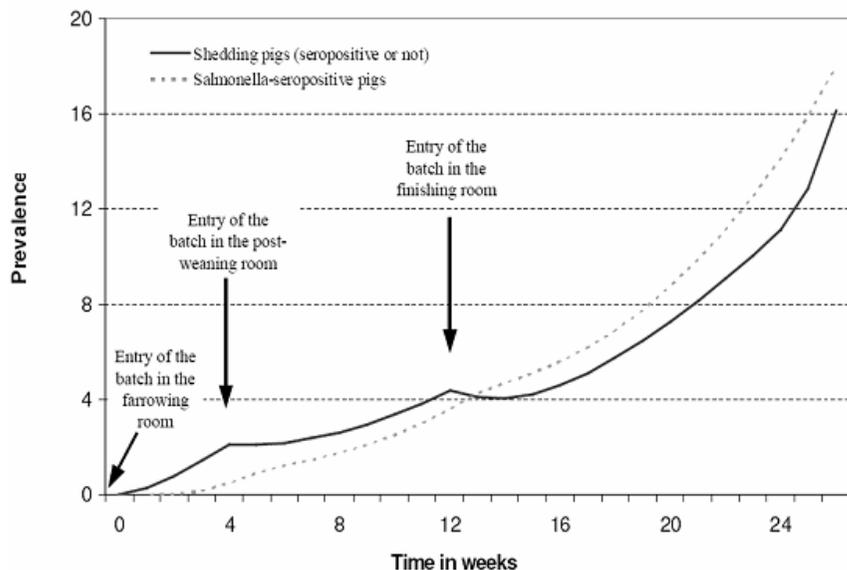


Figure 6: Average prevalence of pigs with post-infection *Salmonella* antibodies vs. of shedding pigs in a batch of pigs from birth until the slaughterhouse delivery in a farrow-to-finish pig herd (average over all batches encountered in 150 replications on a 400-week simulation period corresponding to 18,750 batches of pigs)

of pigs in a batch was higher than the average prevalence of shedding pigs from the beginning of the finishing period until its end. The evolution of the average shedding prevalence was modified at each growing room change. The difference between these two prevalences was only of 2% at the slaughter age. The prevalence of shedding and of seropositive pigs increased more during the suckling and the finishing periods than during the post-weaning period. Among all batches, the average seroprevalence was equal to 1% at weaning with 5th and 95th percentiles of 0 and 2.8% respectively. The variability was higher at the end of the finishing period, where the minimum and the maximum values of seroprevalence were 0 and 77% respectively (5th and 95th percentiles of 2.2% and 42.9% respectively). The average prevalence of shedding sows varied during the three reproduction stages. It was lower during the service period ($27.3 \pm s.d.2.2$), it increased during the gestating period ($34.2 \pm s.d.2.6$) and slightly decreased during the suckling period ($32\% \pm s.d.2.8$).

Sensitivity analysis

In the range of variation tested, the shedding duration had a small effect on the percentage of groups with low or high seroprevalence (Tab. II).

The minimum infection probability a_1 had almost no effect on the percentage of groups with a high seroprevalence, whereas it largely influenced the percentage of groups with a low seroprevalence: an increase in a_1 divided by two the percentage of groups of delivered pigs with a low seroprevalence (Tab. II). The maximum infection probability a_2 had also a large impact on the percentage of groups of delivered pigs with a low seroprevalence (Tab. II). An increase in a_2 induced a reduction by 10 in the percentage of groups with a low seroprevalence whereas an increase in a_2 increased the percentage of groups with a high seroprevalence more than 300 times. The seroprevalence in groups of delivered pigs varied largely when increasing, the maternal protective factor ε (Tab. II). The percentage of groups with a low seroprevalence almost doubled whereas the percentage of groups with a high seroprevalence was divided by three.

Discussion

III.2.3 Modelling approach

This epidemiological model represents both the population dynamics, including animal flows between the farm rooms, and *Salmonella* spread within a farrow-to-finish pig herd under a batch management system. The *Salmonella* infection states represent in this model are in accordance with observations [38, 6]. Classically, the population structure into subgroups is considered in epidemiological models because it influences pathogen spread [17, 34, 45, 47, 48, 52]. In previously published models of *Salmonella* spread within pig herd [25, 27, 49], a batch management system was not explicitly considered. Authors considered that groups of animals of different ages are mixed [27] or housed separately but in the same room with possible *Salmonella* transmission between groups [25, 49]. In our model, a batch management system was modelled in which pigs of different ages were housed separately. No direct contact between animals of different batches was allowed. Such a batch management system is increasingly implemented in major pig production countries [10] and has to be considered to study pathogen spread within farrow-to-finish herds.

In our model, we assumed that the indirect transmission between animals from different batches depended only on the residual room contamination. Hence, the representation of the successive room occupancy by batches was needed to assess the effect of this between-batch transmission.

The representation of *Salmonella* transmission differed between published models according to the assumptions they were built on: (i) direct transmission between shedding and susceptible pigs [27], (ii) transmission within a group, between groups (depending on the number of shedding pigs in the groups or in the farm) [49]; and (iii) direct contact with shedding pigs in the farm, contact with contaminated faeces and airborne transmission with a group (animals housed in the same a pen) and between groups [25]. Airborne transmission has however been characterized as a negligible transmission route for *Salmonella* [43]. In our model, although we did not explicitly consider a direct transmission between susceptible and infected pigs, we represented an indirect transmission depending on all pos-

sible encounters with *Salmonella* present in the environment, whatever the route of infection. Such an indirect transmission has been used in models of *Salmonella* transmission within-herd (in other species e.g in dairy herd, [55] or in hens house, [42]).

The infection probability in our model is drawn from an increasing function with two thresholds depending on the quantity of *Salmonella* infectious units in the room, whereas other models used an infection probability based on the number of infected pigs in the group. As a dose effect is reported by Fravalo *et al.* [21], a function with thresholds seemed to be more adapted. Whereas the applicability of non-linear transmission is becoming increasingly well recognised for describing insect-parasitoid interactions [24, 35], they are more rarely used for viral or bacterial transmission (e.g. feline retrovirus in cats [22]; bovine tuberculosis [3]).

In Hill *et al.* [25] and van der Gaag *et al.* [49], as in our model, the within- and the between-group transmission were considered. In our model, accounting for the residual contamination of a room influenced the prevalence of shedding pigs, as shown by the break in the curve pattern at each change of room (Fig. 6). This result highlighted the importance of taking into account the animal flows in the rearing rooms and the evolution of *Salmonella* quantity in each room over time to understand the factors influencing within-herd *Salmonella* spread.

To describe all the potential contacts between animals (within a batch and between batches), the whole reproductive cycle of sows and the complete pig growth were represented. Combined with the representation of the batch farrowing management system, it allowed to account for contacts between batches of sows and between piglets and sows. On the contrary, the published models considered only grower-finisher herds [25, 27, 49]. In this case, the transmission of *Salmonella* from sows to piglets takes place in other sites than transmission between pigs in post-weaning or in finishing period. Such a herd type, in which sows and pigs are reared on different sites, are the most frequent in the authors' countries. Main results of these published models concluded on the importance of the prevalence in groups of weaned pigs and, then, of the transmission during the breeding phase [25, 49]. Our model which represented a farrow-to-finish pig herd can be easily adapted to assess the *Salmonella* spread in separate breeding and grower-finisher

herds.

Moreover, our model represented mortality and pig growth variability which has been shown to influence pig delivery to the slaughterhouse [33]. Such variability has not been accounting for in other models of *Salmonella* spread within pig herd [25, 49] which considered that all pigs in a group (in a pen [24] or in a room [49]), so in the same age, were delivered to the slaughterhouse at once. In our model, accounting for the pig delivery management, and its possible modifications, allows to highlight the producers' compromise between maximising their pig sale and obtaining healthy pigs.

III.2.4 Simulations

Whatever the type of infected gilts introduction (repeated or unique), *Salmonella* persisted in the herd. One hypothesis could be that the persistence of infection may be due to a continuous horizontal transmission between sows because of contacts between sows of different batches during service and gestating period, when batches are housed in a single room. Repeated introductions did not increase the seroprevalence in groups of delivered pigs once an apparent equilibrium had been reached. The prevalence in shedding sows did not highly vary between batches. This may be explained by a homogenisation of the infection prevalence between batches. The number of infected gilts was not high enough to influence the seroprevalence in the batch they entered, as shown in Lurette *et al.* [32].

III.2.5 Model evaluation

To date, numerous field surveys on *Salmonella* in pigs are available [5, 13, 23, 26, 29, 31, 40]. These surveys can hardly be compared, due to the large discrepancies in the studied population (herd management, age), in the diagnostic test used and the epidemiological indexes analysed (herd, within-herd prevalence or seroprevalence).

Model validation using field data is difficult because *Salmonella* infection is sub-clinic and detection tests have to be performed at the herd level. The prevalence of infection may be further categorized into shedding pigs and seropositive pigs having antibodies anti-*Salmonella* . Indeed, seroprevalence in groups of delivered

pigs was modelled because it has been chosen as index in the current Salmonella control plans [36]. Simulated seroprevalence should be compared when data would be available. To our knowledge, there is no survey describing the prevalence in all groups of delivered pigs in a single herd over more than a few months. So, it is difficult to compare our simulated distribution of seroprevalence in groups of delivered pigs with field data given that the distributions reported in the literature were built on groups coming from several herds [50]. Although our model cannot be quantitatively validated with the available data, the high variations in prevalence between consecutive groups was consistent with observed data in field conditions [15, 29]. Observed seroprevalence in groups of delivered pigs varied between 2.2 and 82.6% in reported data but was mostly lower than 25% [5, 13, 23, 26, 29, 31, 40].

In the model, the mean prevalence of seropositive and of shedding pigs for the same time step differed only by more or less 2% depending on the growing stage considered. In observational studies, the difference was more variable [14, 41]. It may be explained by the fact that the model calculated the true prevalence identifying all shedding or seropositive pigs of the batches at each time step.

To further evaluate the proposed model, a sensitivity analysis was carried out. Such an analysis is of great interest to point out which parameters are the most influent on model outputs, i.e. in identifying parameters for which estimate refinements should be performed or risk management should be focused on. Here, a 'one-at-a-time' sensitivity analysis was conducted to evaluate parameter influence independently. It did not deal with probable interactions. Nevertheless, this method is the first step to explore global associations [46, 53]. First, the thresholds of the infection probability had an effect on the seroprevalence in the groups of delivered pigs. As a result, transmission experiment should be conducted to estimate this probability of infection more accurately. Then, the transmission from sows to piglets seemed to be a critical point for the initial contamination of pig batches. However, little evidence was found in the literature on a maternal protective factor due to passive immunity. Indeed, even if a passive immunity has been shown in piglets [44], the protection related to this immunity has not already been demonstrated by experiments. In our model, without this assumption

we obtained too high seroprevalence values at slaughter age (higher than 50%), not coherent with observations. A partial maternal protection was represented by lowering the probability of infection for piglets during the first four weeks of life. Other authors modelling *Salmonella* spread within grower-finisher herds considered active immunity and represented either a complete immunity of pigs after an infection for a short period (10 days) [25] or a partial immunity [49] during the seropositive health state. As in van der Gaag 's model [49], we considered that seropositive states confer a partial immunity by reducing the shedding of seropositive animals. Additional data concerning the protective effect of maternal antibodies or post-infection antibodies are needed. Lastly, in the range of variation tested, the shedding duration was shown not to influence the seroprevalence. Therefore, experiments should not concentrate on this process.

III.2.6 Use of the model

Our results suggested that reducing the saturation threshold in exposure for large quantity of *Salmonella* infectious units reduced the seroprevalence in delivered pigs at slaughterhouse. Hence, decreasing the susceptibility to infection seems to be an interesting perspective to control *Salmonella* prevalence in delivered pigs. Further investigations are needed to identify the level in reduction of the susceptibility that would be efficient in controlling *Salmonella* prevalence. A reduction in susceptibility can be obtained in the field with acid feed, vaccination, or genetically improved resistance as already shown in chickens [4, 11]. Our model can be adapted to study other pathogen spread within a farrow-to-finish pig herd, especially pathogens indirectly transmitted and which survive in the environment. Indeed, the proposed model consists in two independent models, which can be run separately. Hence the epidemiological model can be easily replaced. However, the effect of infection on demography, included additional mortality or growth retardation, should be adapted to the pathogen characteristics.

References

- [1]. Alban L., Stege, H., Dahl J., The new classification system for slaughter-pig herds in the Danish Salmonella surveillance-and-control program, *Prev. Vet. Med.* (2002) 53:133-146.
- [2]. Anonymes, World Health Organization -Guidelines on Prevention and control of Salmonellosis (1989).
- [3]. Barlow N.D., Non-linear transmission and simple models for bovine tuberculosis, *J. Anim. Ecol.* (2000) 69:703-713.
- [4]. Beaumont C. P.J., Guillot J.F., Colin P., Proux K., Millet N. and Pardon P., Genetic resistance to mortality of day-old chicks and carrier-state of hens after inoculation with *Salmonella enteritidis*, *Avian Pathol.* (1999) 28 131-135.
- [5]. Beloeil P.A., Chauvin C., Proux K., Rose N., Queguiner S., Eveno E., Houdayer C., Rose V., Fravallo P., Madec F., Longitudinal serological responses to *Salmonella enterica* of growing pigs in subclinically infected herd, *Prev. Vet. Med.* (2003) 60:207-226.
- [6]. Berends B.R. U.H.A.P., Snijders J.M.A., Van Knapen F., Identification and quantification of risk factors in animal management and transport regarding *Salmonella* spp. in pigs, *Int. J. Food Microbiol.* (1996) 30:37-53.
- [7]. Berends B.R. U.H.A.P., Snijders J.M.A., Van Knapen F., Identification and quantification of risk factors regarding *Salmonella* spp. on pork carcasses, *J. Food Prot.* (1997) 30:37-53.
- [8]. Blaha T.H. S.-A.G., Pijoan C., The early colonization of *Salmonella* Typhimurium in pigs after oral intake, *Proc. 2nd International Symposium on Epidemiology and Control of Salmonella in Pork.* (1997) 71-73.
- [9]. Botteldoorn N. H.M., Rijpens N., Grijspeerdt K., Herman L., *Salmonella* on pig carcasses: positive pigs and cross contamination in the slaughterhouse, *J. Appl. Microbiol.* (2003) 95.
- [10]. Brown P., Advantages and disadvantages of batch farrowing, *Farm Animal Practice* (2004) 181-185.

- [11]. Bumstead N. and Barrow P.A., Genetics of resistance to *Salmonella* Typhimurium in newly hatched chicks, *Brit. Poult. Sci.* (1988) 29:521-529.
- [12]. Dahl J., Wingstrand, A., Nielsen, B., Baggesen, D.L., Elimination of *Salmonella* Typhimurium infection by the strategic movement of pigs, *Vet. Res.* (1997) 28:679-681.
- [13]. Davies P.R., Funk J.A., Epidemiology and control of *Salmonella* in pork : some of the questions, *Proc. 3rd International Symposium on the Epidemiology and Control of Salmonella in Pork.* (1999) 1-11.
- [14]. Davies R.H., Heath P.J., Coxon S.M., Sayers A.R., Evaluation of the use of pooled serum, pooled muscle tissue fluid (meat juice) and pooled faeces for monitoring pig herds for *Salmonella*, *J. Appl. Microbiol.* (2003) 95:1016-1025.
- [15]. Dubroca I., Caractérisation du statut " *Salmonelles* " d'un élevage de porcs : Analyse comparée de la sérologie et de la bactériologie, *Proc. 37ème Journées de la recherche Porcine.* (2005) 347-352.
- [16]. EFSA, Opinion of the scientific panel on biological hazards on "Risk assessment and mitigation options of *Salmonella* in pig production", *The EFSA journal* (2006) 341:1-131.
- [17]. Ezanno P., Fourichon, C., Viet, A.F., Seegers H. , Sensitivity analysis to identify key-parameters in modelling the spread of bovine viral diarrhoea virus in a dairy herd, *Prev. Vet. Med.* (2007) 80:49-64.
- [18]. Farzan A., Friendship R.M., Dewey C.E., Warriner K., Poppe C., Klotins K., Prevalence of *Salmonella* spp. On Canadian pig farms using liquid or dry-feeding, *Prev. Vet. Med.* (2006) 73:241-254.
- [19]. Fedorka-Cray P.J., Kelley, L.C., Stabel, T.J., Gray, J.T., Laufer, J.A., Alternate routes of invasion may affect pathogenesis of *Salmonella* typhimurium in swine, *Infect. Immun.* (1995) 63:2658-2664.
- [20]. Fosse J., Seegers, H., Magras, C., Foodborne zoonoses due to meat: a quantitative approach for a comparative risk assessment applied to pig slaughtering in Europe, *Vet. Res.* (2008) 39 :01.

- [21]. Fravallo P., Cariolet, R., Proux, K., Salvat, G. , Le portage asymptomatique de *Salmonella enterica* par les porcs : résultats issus de la constitution d'un modèle en conditions expérimentales, Proc. 35ème Journées de la recherche porcine. (2003) 393-400.
- [22]. Fromont E., Pontier D., Langlais M., Dynamics of a feline retrovirus (FeLV) in host populations with variable spatial structure, Proc. R. Soc. London B (1998) 265:1097-1104.
- [23]. Funk J.A., Davies, P.R., Nichols, M.A., Longitudinal study of *Salmonella enterica* in growing pigs reared in multiple-site swine production systems, Vet. Microbiol. (2001) 83:45-60.
- [24]. Godfray H.C.J.H., M.P., Discrete and continuous insect populations in tropical environments, J. Anim. Ecol. (1989) 58:153-174.
- [25]. Hill A.A., Snary, E.L, Arnold, M.E., Alban, L., Cook, A.J.C., Dynamics of *Salmonella* transmission on a British pig grower-finisher farm: a stochastic model, Epidemiol. Infect. (2007) 1-14.
- [26]. Hurd H.S., McKean, J.D., Griffith, R.W., Wesley, I.V., and Rostagno, M.H., *Salmonella enterica* infections in market swine with and without transport and holding, Appl. Environ. Microbiol. (2002) 68:2376-2381.
- [27]. Ivanek R., Snary E.L., Cook A.J.C., Grohn Y.T., A mathematical model for the transmission of *Salmonella typhimurium* within a grower-finisher pig herd in Great Britain, J. Food Prot. (2004) 67:2403-2409.
- [28]. Karsten S., Rave G., Krieter J., Monte-Carlo simulation of classical swine fever epidemics and control. II. Validation of the model, Vet. Microbiol. (2005) 108:199-205.
- [29]. Kranker S., Alban, L., Boes, J., Dahl, J., Longitudinal study of *Salmonella enterica* serotype Typhimurium infection, in three Danish farrow-to-finish swine herds, J. Clinic. Microbiol. (2003) 41:2282-2288.
- [30]. Lo Fo Wong D.M.A., Hald, T., van der Wolf, P.J., Swanenburg, M., Epidemiology and control measures for *Salmonella* in pigs and pork, Livest. Prod. Sci. (2002) 76:215-222.

- [31]. Lo Fo Wong D.M.A., Dahl, J., Stege, H., van der Wolf, P. J. Leontides, , L., von Altröck , A., Thorberg, B. M., Herd-level risk factors for subclinical Salmonella infection in European finishing-pig herds, *Prev. Vet. Med.* (2004) 62:253-266.
- [32]. Lurette A., Belloc, C., Touzeau, S., Hoch, T., Seegers, H., Fourichon, C., Modelling the prevalence of Salmonella carrier pigs at slaughtering age: influence of management systems and of the Salmonella status of replacement gilts, *Proc. 7th Int. Symposium on the Epidemiology and Control of food-borne pathogens in Pork.* (2007) 86-90.
- [33]. Lurette A., Belloc, C., Touzeau, S., Hoch, T., Seegers, H., Fourichon, C., Modelling batch farrowing management within a farrow-to-finish pig herd: influence of management on contact structure and pig delivery, *Animal* (2008) In Press.
- [34]. MacKenzie K., Bishop S.C., Developing stochastic epidemiological models quantify the dynamics of infectious diseases in domestic livestock, *J. Anim. Sci.* (2001) 79:2047-2056.
- [35]. May R.M., Host-parasitoid systems in patchy environments: a phenomenological model, *J. Anim. Ecol.* (1978) 47:833-843.
- [36]. Mousing J., Thode Jensen P., Halgaard, C., Bafer, F., Field, N.J., Nielsen, B., Nielsen ,J.P., Bech-Nielsen, S., Nation-wide Salmonella enterica surveillance and control in Danish slaughter swine herds, *Prev. Vet. Med.* (1997) 29:247-261.
- [37]. Nielen M., Jalvingh A.W., Meuwissen M.P.M., Horst S.H., Dijkhuizen A.A., Spatial and stochastic simulation to evaluate the impact of events and control measures on the 1997-1998 classical swine fever epidemic in the Netherlands. II. Comparaison of control strategies, *Prev. Vet. Med.* (1999) 42:297-317.
- [38]. Nielsen B., Baggesen, D., Bager, F., Haugegaard, J., Lind, P.T., he serological response to Salmonella serovars Typhimurium and Infantis in experimentally infected pigs. The time course followed with an indirect anti-LPS ELISA and bacteriological examinations, *Vet. Microbiol.* (1995) 47:205-218.

- [39]. Nollet N., Houf K., Dewulf J., De K.A., De Z.L., Maes D., Salmonella in sows : a longitudinal study in farrow-to-finish pig herds, *Vet. Res.* (2005) 36:645-656.
- [40]. Nollet N., Houf K., Dewulf J., Duchateau L., De Z.L., De K.A., Maes D., Distribution of Salmonella strains in farrow-to-finish pig herds : a longitudinal study, *J. Food. Prot.* (2005) 68:2012-2021.
- [41]. Nollet N., Maes D., Duchateau L., Hautekiet V., Houf K., Van H.J., De Z.L., De K.A., Geers R., Discrepancies between the isolation of Salmonella from mesenteric lymph nodes and the results of serological screening in slaughter pigs, *Vet. Res.* (2005) 36:545-555.
- [42]. Prévost K., Magal, P., Beaumont, C., A model of Salmonella infection within industrial house hens, *J. Theor. Biol.* (2006) 242:755-763.
- [43]. Proux K., Cariolet, R., Fravallo, P., Houdayer, C. , Keranflech, A., Madec, F., Contamination of pigs by nose-to-nose contact or airborne transmission of Salmonella Typhimurium, *Vet. Res.* (2000) 32:591-600.
- [44]. Proux K., Houdayer, C., Humbert, F., Cariolet, R., Rose, V., Eveno, E., Madec, F., Development of a complete ELISA using Salmonella lipopolysaccharides of various serogroups allowing to detect all infected pigs, *Vet. Res.* (2000) 31:481-490.
- [45]. Read J.M., Keeling M.J., Disease evolution on networks : the role of contact structure, *Proc. R. Soc. London B* (2003) 270:699-708.
- [46]. Saltelli A., Chan, K., Scott, E.M., Sensitivity analysis (Eds.), New York, John Wiley and Sons, 2000.
- [47]. Stärk K.D.C., Pfeiffer D.U., Morris R.S., Within-farm spread of classical swine fever virus - a blueprint for a stochastic simulation model, *Vet. Quart.* (2000) 22:36-43.
- [48]. Turner J., Begon M., Bowers R.G., French N.P., A model appropriate to the transmission of a human food-borne pathogen in a multigroup managed herd, *Prev. Vet. Med.* (2003) 57:175-198.
- [49]. van der Gaag M.A., Vos F., Saatkamp H.W., van Boven M., van Beek P., Huirne R.B.M., A state-transition simulation model for the spread of

- Salmonella in the pork supply chain, *European J. Operational Research* (2004) 156:782-798.
- [50]. van der Wolf P.J., Lo Fo Wong D.M.A., Wolbers W.B., Elbers A.R.W., van der Heijden H.M.J.F., van Schie F.W., Hunneman W.A., Willeberg P., Tielen M.J.M., A longitudinal study of *Salmonella enterica* infections in high- and low-seroprevalence finishing swine herds in the Netherlands, *Vet. Quart.* (2001) 23:116-121.
- [51]. Van Winsen R.L., van Nes, A., Keuzenkamp, D., Urlings, H.A.P., Lipman, L.J.A., Biesterveld, S., Snijders, J.M.A., Verheijden, J.H.M., van Knapen, F., Monitoring of transmission of *Salmonella enterica* serovars in pigs using bacteriological and serological detection methods, *Vet. Microbiol.* (2001) 80:267-274.
- [52]. Viet A.F., Fourichon C., Seegers H., Jacob C., Guihenneuc-Joyaux C., A model of the spread of the bovine viral-diarrhoea virus within a dairy herd, *Prev. Vet. Med.* (2004) 63:211-236.
- [53]. Vose D., *Risk Analysis, A quantitative guide* (Eds.), John Wiley and Sons, Chichester, 2000.
- [54]. Wood R.L., Rose, R., Populations of *Salmonella Typhimurium* in internal organs of experimentally infected carrier swine, *Am. J. Vet. Res.* (1992) 53:653-658.
- [55]. Xiao Y., Bowers R.G., Clancy D., French N.P., Understanding the dynamics of *Salmonella* infections in dairy herds : a modelling approach, *J. Theor. Biol.* (2005) 233:159-175.
- [56]. Yoon H., Wee S.H., Stevenson M.A., O'Leary B.D., Morris R.S., Hwang I.J., Park C.K., Stern M.W., Simulation analyses to evaluate alternative control strategies for the 2002 foot-and-mouth disease outbreak in the Republic of Korea, *Prev. Vet. Med.* (2006) 74:212-225.

III.3 Analyse de sensibilité

III.3.1 Résumé de l'article

Pour étudier l'effet de mesure de maîtrise sur la transmission d'un agent pathogène, les modèles sont des outils intéressants. Cependant, leur élaboration, et notamment la calibration des paramètres, nécessite un recueil de données. Ces données sont relativement bien renseignées pour les paramètres démographiques mais les paramètres associés au mécanisme d'infection sont soit très variables, soit inconnus. Une analyse de sensibilité est donc nécessaire afin d'évaluer l'impact de ces paramètres sur la séroprévalence dans une bande de porcs durant sa croissance.

L'analyse de sensibilité utilisée dans cette étude a été développée par Monod *et coll.* (soumis à *Ecological Modelling*) pour étudier l'effet des paramètres et de leurs interactions sur des sorties de modèles dynamiques à partir d'une analyse en composantes principales.

L'objectif de cette étude est d'évaluer l'effet de tous les paramètres épidémiologiques d'un modèle décrivant la transmission des salmonelles au sein d'une bande de porcs sur la prévalence d'animaux séropositifs.

Nous avons développé un modèle stochastique décrivant la transmission de salmonelles au sein d'une bande de porcs de leur naissance jusqu'à leur départ pour l'abattoir.

La croissance des porcs est représentée par l'occupation successive de trois salles différentes : la salle de maternité pendant 4 semaines, la salle de post-sevrage pendant 8 semaines et la salle d'engraissement pendant 14 semaines. Tous les porcs de la bande entrent et quittent ces salles en une seule fois.

La transmission des salmonelles est indirecte par le biais de la contamination des salles d'élevage. Cette contamination des salles résulte dans la présence de salmonelles excrétées par les animaux infectés dans la salle et par la présence de salmonelles résiduelles après un nettoyage de la salle.

Quatre états sont décrits d'après la littérature : sensible noté F , excréteur Sh après ingestion d'une quantité suffisante de bactéries qui excrète de manière intermittente, excréteur séropositif Sh_S après une séroconversion et un état porteur séropositif C_S quand l'excrétion s'arrête. L'excrétion peut être réactivée par des

conditions stressantes.

La probabilité d'infection p_I dépend de la quantité de salmonelles dans la salle. Cette probabilité est représentée par une fonction avec deux plateaux pour tenir compte d'un effet dose. Cette probabilité est diminuée d'un facteur ϵ pour les porcelets pendant l'allaitement. Ce facteur simule l'effet protecteur des anticorps maternels.

Les probabilités de transition entre Sh et Sh_S dépendent du délai de séroconversion λ_1 . La probabilité de transition entre Sh_S et C_S dépend de la durée d'excrétion λ_1 . Le nombre d'animaux dont l'excrétion est réactivée est calculé à partir d'une probabilité β_R , cette probabilité est augmentée de β_S au sevrage des porcelets.

Les porcs en engraissement et les truies excrètent une quantité q_E de salmonelles qui varie selon le statut immunologique (d'un rapport π_+) et le stade de croissance des porcs (d'un rapport π_S pour les porcelets et π_{PS} pour les jeunes porcs en engraissement).

A chaque pas de temps, la quantité de salmonelles dans la salle est incrémentée en fonction de la quantité au temps précédent diminuée d'un facteur de dégradation ν et de la quantité excrétée par les animaux infectés. Une quantité initiale de salmonelles est allouée à une salle à chaque changement de salle de la bande de porcs $Salmo_X$ avec X , la salle de maternité, de post-sevrage et d'engraissement.

Le modèle repose sur 18 paramètres. Pour explorer l'espace des paramètres, nous avons testé 4 valeur pour chacun des paramètres étudiés. Un plan d'expérience factoriel fractionné représentant 4096 scénarios et tenant compte des interactions d'ordre 2 a été réalisé. Chaque scénario est répété quatre fois durant 27 pas de temps, durée de croissance des porcs.

Une analyse en composantes principales a été réalisée sur les sorties dynamiques du modèle, la séroprévalence dans la bande au cours du temps. Cette analyse a permis de résumer l'information associée à cette sortie dynamique en un scalaire pour chacun des scénarios testés. Une ANOVA est ensuite réalisée sur ces scalaires afin d'évaluer la contribution de chacun des paramètres et de leurs interactions dans la variabilité globale de la sortie du modèle.

Les résultats montrent que les trois premières composantes principales ex-

pliquent plus de 90% de la variabilité globale.

Pour la première composante qui explique 85% de la variabilité, les sorties de séroprévalence qui varient le plus au début de la simulation (en période d'allaitement) expliquent le plus de variabilité totale. Les paramètres qui contribuent le plus fortement à la variabilité de la séroprévalence sont le facteur protecteur des anticorps maternels ϵ , les paramètres associés aux plateaux supérieurs et inférieurs de la fonction d'infection et la quantité de salmonelles résiduelles dans la salle de maternité à la naissance des porcelets. La contribution totale de ϵ , incluant les interactions dans lesquelles il intervient, atteint 42%. La seule interaction contribuant de manière significative dans la première composante correspond à ϵ et a_1 , la probabilité du plateau inférieur de la fonction d'infection.

Pour la deuxième composante qui explique 11% de la variabilité, les mêmes paramètres que ceux identifiés dans la première composante sont mis en évidence, excepté a_1 . La dose excrétée par les porcelets q_{E_S} contribue significativement à la variabilité de la séroprévalence au cours du temps. La quantité résiduelle dans la salle de maternité est le paramètre expliquant le plus de variabilité dans cette composante.

La troisième composante explique seulement 5% de la variabilité et ne met pas en évidence la contribution significative d'autres paramètres que ceux identifiés dans les autres composantes.

Le modèle développé permet d'étudier l'effet des paramètres épidémiologiques sur la séroprévalence dans une bande de porcs de leur naissance jusqu'à leur départ pour l'abattoir.

Cette étude met en évidence le rôle majeur de la protection des anticorps maternels sur la séroprévalence de la bande au cours du temps. Cette protection *a*, par ailleurs, été mise en évidence par études épidémiologiques.

Cette étude met en évidence l'effet marqué de l'infection précoce des porcelets pendant la période d'allaitement sur la séroprévalence au cours de la croissance. Pendant cette période, les porcelets sont en contact avec les truies. Une première étape dans la maîtrise de l'infection par les salmonelles dans une bande, et dans un troupeau, serait de limiter le contact des porcelets avec les bactéries excrétées par leur mère. D'autant plus que les mesures visant à réduire ce contact (séparation

des porcelets de leur mère précocement, raclage du sol plus fréquent en maternité) permettent de diminuer la prévalence d'animaux infectés à l'abattoir.

La contamination résiduelles des salles est aussi un paramètre à prendre en considération dans une perspective de maîtrise de l'infection dans un troupeau.

Les paramètres associés à la fonction représentant la probabilité d'infection contribuent à la variabilité de la séroprévalence. Le même résultat a été obtenu par van der Gaag *et al.* (2003). Ces paramètres sont incertains, à notre connaissance aucune des données disponibles dans la littérature ne permet de les renseigner. Des études expérimentales sont donc nécessaires à réaliser, étant donné l'effet majeur de ces paramètres sur la transmission des salmonelles au sein d'un troupeau.

III.3.2 Manuscrit

Sensitivity analysis on dynamics output: Application on a *Salmonella* transmission in a pig batch

A. Lurette¹, S. Touzeau², H. Monod²

¹ INRA, ENVN, UMR708 Gestion de la Santé Animale, F-44000, Nantes,
France

² UR341 Mathématiques et informatique appliquées, INRA, F-78350,
Jouy-en-Josas, France

Article en préparation pour *Ecological Modelling*

Introduction

Human salmonellosis has been a major public health concern for the two last decades in Europe. Actually, 89 296 human salmonellosis cases were reported in Europe in 2006 (Enter-Net, 2006). Pork is regarded as an important source for these human food-borne infections, after eggs and poultry meat (EFSA, 2006). The new regulation No 2160/2003 obligates the member states to implement control plan aiming at reducing the *Salmonella* prevalence in their food chain and, notably, in their pork food chain.

The control of *Salmonella* prevalence in pig herds is a major step to reduce the pork food chain contamination. Herds with lower prevalence induce less con-

taminated carcasses at the slaughterhouse. Indeed, contaminated pigs shed the bacteria in their environment and are responsible for (i) the contamination of susceptible pigs in herd, (ii) the cross-contamination during the transport and the lairage, and (iii) the contamination of carcasses during the slaughter plan. As the *Salmonella* infection is subclinic (Berends *et al.*, 1996), contaminated pigs are asymptomatic carriers and cannot be directly detected by observation. Serological and bacteriological detection methods exist, but they cannot be applied to all the pigs sent to the slaughterhouse, for practical and economical reasons. Moreover, *Salmonella* are ubiquitous bacteria that survive well in the environment. Hence, eliminating the bacteria in a contaminated herd is not a very realistic goal. At the herd level, control measures rather aim at preventing the *Salmonella* introduction into the herd and reducing the *Salmonella* transmission within the herd.

To design effective control measures, the main factors that influence the within-herd *Salmonella* transmission need to be identified, especially those that have an impact on finisher pigs and hence slaughterhouse contamination. Transmission is mostly due to indirect contacts among animals via their environment, i.e. their rearing room. They are limited in herds which implement the recommended batch-farrowing management of sows. In such a herd, sows are distributed in groups of equal size called batches and their reproductive cycle is synchronised. At regular intervals (usually three weeks), a batch of sows is inseminated and their weaned pigs are managed together as a batch until their slaughterhouse delivery. Each batch of pigs is usually housed in a separate room (big batches are sometimes split into several rooms, according to the farm facilities), which is decontaminated between two batches. Batches of pigs may interact, mainly through batch mixing; however, it rarely occurs under normal pig growth conditions. Due to these limited contacts between batches, *Salmonella* transmission is stronger at the within-batch level. So to study the factors that influence the *Salmonella* spread within a herd implementing batch-farrowing management, we chose to focus on a single batch of pigs, from birth to slaughterhouse delivery.

In a perspective of *Salmonella* prevalence control, models are a useful tool to test and assess control measures at the herd level. A simulation model representing the *Salmonella* spread within a farrow-to-finish pig herd was developed for that

purpose (Lurette et al., in preparation). This model details both the sow and pig batch dynamics and the *Salmonella* spread characteristics. A single pig batch model was derived from this herd model for our study.

Demographic and pig management parameters are well informed in the literature, whereas epidemiological parameters are not. There is a high uncertainty due to a lack of knowledge on many parameters, such as the infection probability parameters. Some other parameters, such as the shedding period, show a high variability between individuals. The impact of these parameter uncertainty and variability on the *Salmonella* prevalence during the whole pig growth can be assessed by a sensitivity analysis. The aim of a sensitivity analysis is to determine (i) the parameters that mostly contribute to the output variability and that require additional research to strengthen the knowledge base; (ii) if and which parameters interact with each others (Saltelli *et al.*, 2006). To explore the parameter space, a design of experiments (DOE) can be applied. The chosen outputs generated by the DOE are then analysed to highlight which parameters are most influent.

Most of sensitivity analyses are performed on scalar outputs (Saltelli *et al.*, 2000), but we are interested in the prevalence trajectory during the whole pig growth. We need to apply a less classical method. Several methods were developed to analyse time series model outputs (Campbell *et al.*, 2006). They use classical statistical tools on variables which summarize the trajectory variability. The method we used in this study was developed by Monod et al. (in preparation) and is based on a principal component analysis on the trajectories. The aim of this paper is then to identify the parameters which mostly contribute to the variability of the *Salmonella* prevalence in a batch of pigs using this method.

This paper first describes the mathematical model representing the *Salmonella* spread within a batch of pigs during their lifetime. Then the sensitivity analysis method is described and the results are detailed.

Model description

We developed a stochastic model to represent the *Salmonella* transmission within a batch of pigs, from their birth to their slaughterhouse delivery. The model has

a discrete time step of a week, which is suited both to the representation of the farmer task planning and to the epidemiological time scale.

The carriage of *Salmonella* being generally subclinic, the infection does not affect the pig demography. Hence, the pig batch model and the epidemiological model are first presented separately. They are then coupled by distributing the animals of the batch into the infection states. Finally, the parameters and initial conditions are described.

Pig batch model

Pigs in a batch are born simultaneously from a batch of sows at time $t = 0$. The litter size L is fixed.

Pigs pass through three growing stages during their lifetime, denoted X , corresponding to the occupation of three rooms: (i) the suckling stage ($X = S$), a 4-week period from birth to weaning, takes place with the sows in the farrowing room; (ii) the 8-week post-weaning period ($X = PW$) takes place in the post-weaning room; (iii) the finishing stage ($X = F$) takes place in the finishing room and lasts up to 15 weeks.

The number of pigs in the batch at time $t \in \{0, 1, \dots, 27\}$ is given by $P(t)$. At each time step, the number of pigs decreases because of mortality and, at the end of the finishing stage, because of slaughterhouse delivery.

The mortality rate μ_X is assumed to be constant in each growing stage X and differs between stages.

At each delivery time (usually every two weeks), producers need to send groups of finishers with a given slaughtering weight; out-of-range pigs are sold at a lesser price. Because of pig growth variability, a batch leaves the herd at different times. To represent the proportion of the batch that has reached the slaughtering weight over time, a lognormal distribution is used (with parameters s_m , mean age at slaughtering weight and s_d , its standard deviation). Let φ be the associated probability density function and Δt the time interval between two deliveries, assuming they start at $t = 0$. At each delivery time t , the proportion of pigs that is sent to the slaughterhouse, corresponding to pigs that have reached the required weight since the last delivery, is given by: $s(t) = \int_{t-\Delta t}^t \varphi(s) ds$. This proportion is calculated

from the initial number of pigs L . Moreover, even if some pigs have reached the required weight before 18 weeks, none are delivered to the slaughterhouse; on the contrary, all are delivered at the last delivery time $t_m = \max_{k \in \mathbb{N}} \{k\Delta t : k\Delta t \leq 27\}$ before the room needs to be emptied. Hence, the proportion of pigs delivered to the slaughterhouse at time t , relatively the the pig population $P(t-1)$, is given by:

$$a(t) = \begin{cases} 0 & \text{if } t < 18 \text{ or if } t \neq k\Delta t, k \in \mathbb{N} \text{ (not a delivery time);} \\ \frac{s(t)}{1 - \int_0^{t-\Delta t} \varphi(s) ds} & \text{if } 18 \leq t = k\Delta t < t_m; \\ 1 & \text{if } t = t_m \text{ (room is emptied).} \end{cases}$$

The number of pigs at time t is calculated from the following equations:

$$P(t) = \begin{cases} L & \text{if } t = 0 \text{ (birth),} \\ (1 - \mu_S)P(t-1) & \text{if } 0 < t \leq 4 \text{ (suckling period),} \\ (1 - \mu_{PW})P(t-1) & \text{if } 4 < t \leq 12 \text{ (post-weaning period),} \\ (1 - \mu_F)(1 - a(t))P(t-1) & \text{if } 12 < t \leq 27, \text{ (finishing period).} \end{cases}$$

At each time step, mortality is assumed to take place first, so slaughterhouse deliveries are given by: $A(t) = (1 - \mu_F)a(t)P(t-1)$.

Salmonella epidemiological model

Infected animals shed *Salmonella* in their faeces and, hence, contaminate their local environment, i.e. their rearing room. The model represents the indirect faecal-oral transmission via encounters with the free-living *Salmonella* in contaminated faeces on the room floor, the pen separations and the pig bodies.

The free-living *Salmonella* in the room are modelled as a number of *Salmonella* infectious units denoted $Q(t)$ at time t . A *Salmonella* infectious unit is estimated as the quantity of *Salmonella* needed to contaminate a susceptible pig.

Four epidemiological states (Y) were identified and selected from the literature and from expert opinion. A susceptible pig free of *Salmonella* ($Y = F$) becomes shedding pig ($Y = Sh$) after ingestion of *Salmonella*. After a seroconversion delay, the pig is called seropositive shedding pig ($Y = Shs$) (Nielsen *et al.*, 1995). The

shedding is intermittent (Kranker *et al.*, 1999). When it stops, the pig becomes a seropositive carrier pig ($Y = Cs$). The shedding can be reactivated, especially under stressful conditions. The number of pigs in each state Y at time t is given by $Y(t)$, $P(t) = \sum_{F, Sh, Sh_S, C_S} Y(t)$ represents the total population size. All transitions are stochastic: the number of pigs which undergo a transition between two states is drawn in a binomial law; the first parameter is the number of pigs in the initial state, the second is the individual transition probability.

The probability of infection of a susceptible pig depends on the quantity q of *Salmonella* infectious units ingested. This probability, noted $f(q)$, is an increasing function with two thresholds:

$$f(q) = \begin{cases} 0 & \text{if } q = 0, \\ a_1 & \text{if } 0 < q \leq q_1, \\ a_1 + \frac{a_2 - a_1}{q_2 - q_1}(q - q_1); & \text{if } q_1 < q \leq q_2, \\ a_2 & \text{if } q > q_2. \end{cases}$$

Assuming homogeneous mixing, each pig is exposed to $q(t) = Q(t)/P(t)$ *Salmonella* infectious units. So the number of susceptible pigs which become infected is calculated at each time step from a binomial law: $Bin(P(t), F, f(Q(t)/P(t)))$.

The probability that a shedder pig becomes seropositive derives from the seroconversion delay λ_1 as follows: $1 - \exp(-\frac{t}{\lambda_1})$ (λ_1 the seroconversion delay). Similarly, the probability that a seropositive shedding pig stops shedding *Salmonella* depends on the shedding period duration $\lambda_2(t)$. The shedding duration follows a lognormal distribution (with parameters m_{λ_2} and s_{λ_2} , mean and standard deviation) and is recalculated at each time step t to account for environmental variability. The probability that a seropositive carrier pig starts shedding again is given by β . As previously, the number of pigs which change state at each time step are drawn from a binomial law using these three individual transition probabilities.

Hence, we obtain the following system of equations, that describes the popu-

lation evolution in the four epidemiological states:

$$\left\{ \begin{array}{l} F(t) = F(t-1) - \text{Bin}\left(F(t-1), f\left(\frac{Q(t-1)}{P(t-1)}\right)\right), \\ Sh(t) = P(t-1, Sh) + \text{Bin}\left(P(t-1, F), f\left(\frac{Q(t-1)}{P(t-1)}\right)\right) \\ \quad - \text{Bin}\left(P(t-1, Sh), 1 - \exp\left(\frac{-1}{\lambda_1}\right)\right), \\ Sh_S(t) = Sh_S(t-1) + \text{Bin}\left(Sh(t-1), 1 - \exp\left(\frac{-1}{\lambda_1}\right)\right) \\ \quad - \text{Bin}\left(Sh_S(t-1), 1 - \exp\left(\frac{-1}{\lambda_2(t-1)}\right)\right) + \text{Bin}(C_S(t-1), \beta), \\ C_S(t) = C_S(t-1) + \text{Bin}\left(Sh_S(t-1), 1 - \exp\left(\frac{-1}{\lambda_2(t-1)}\right)\right) \\ \quad - \text{Bin}(C_S(t-1), \beta). \end{array} \right.$$

The number of *Salmonella* infectious units is subject to a degradation process during each time step with a fixed rate η . It is incremented by the infectious units shed by the seronegative and the seropositive shedder pigs. ().

The resulting equation for the dynamics of the *Salmonella* infectious units is the following:

$$Q(t) = (1 - \eta)Q(t-1) + q_E \times \pi_X Sh^X(t) + q_E \times \pi_+ \times \pi_X Sh_S^X(t).$$

with: π_+ is the ratio of the shedding rate for a seropositive finishing shedder pig compared with a seronegative shedder finishing pig; π_X is the ratio of the shedding rate for a shedder pig in a growing stage X compared with a shedder finishing pig with X the growing stage of pigs (suckling period and post-weaning period).

Coupling the models

The pig batch model and the epidemiological models are coupled as follows. At each time step, mortality and slaughterhouse delivery are first applied uniformly over the four epidemiological states in the batch. The number of pigs in epidemiological state Y delivered to the slaughterhouse at time t is therefore : $A(t, Y) = (1 - \mu_F)a(t)P(t-1, Y)$; $A(t)$ is the total number of pigs delivered. Then the epidemiological transitions are drawn and finally the number of *Salmonella* infectious units is updated.

Some epidemiological transitions and parameters depend on the pig growing stage. The susceptibility of piglets to *Salmonella* infection is considered lower during the suckling period than during the other growing stages, due to a maternal protective immunity. So the probability of infection depends on the growing stage: during the suckling period S , $f_S = \varepsilon f$, with ε a “protective factor” ($\varepsilon < 1$); during all other stages $X \neq S$, $f_X = f$. The shedding rates also depend on the growing stage and are denoted s_{1X} and s_{2X} . Finally, piglets undergo a supplementary stress at weaning and the probability that a carrier pig starts shedding again is then increased. Hence, at $t = 5$ this probability β_S and at any other time β , with $\beta_S > \beta_R$.

Between two batches, rooms are cleaned and disinfected, but residual *Salmonella* may remain in the room. When piglets are born, the room can also have been contaminated by the sows. So when the pig batch enters each growing room, the number of *Salmonella* infectious units is set to a residual value denoted $Salmo_X$, X being the corresponding stage. So the number of *Salmonella* infectious units follows the following equations:

$$Q(t) = \begin{cases} Salmo_S & \text{if } t = 0 \text{ (birth),} \\ (1 - \nu)Q(t - 1) + q_E \times \pi_S Sh^S(t) + q_E \times \pi_+ \times \pi_S Sh_S^X(t) & \text{if } 0 < t \leq 4 \text{ (suckling),} \\ Salmo_{PW} & \text{if } t = 5 \text{ (weaning),} \\ (1 - \nu)Q(t - 1) + q_E \times \pi_{PW} Sh^{PW}(t) + q_E \times \pi_+ \times \pi_{PW} Sh_S^{PW}(t) & \text{if } 5 < t \leq 12 \text{ (post-weaning),} \\ Salmo_F & \text{if } t = 13 \text{ (finishing),} \\ (1 - \nu)Q(t - 1) + q_E Sh^F(t) + q_E \times \pi_+ Sh_S^F(t) & \text{if } 13 < t \leq 27 \text{ (finishing).} \end{cases}$$

Model parameters and initial conditions

The demographic parameters used for the pig herd model are known from the published performance data (ITP, 2006) and are detailed in Table III.1.

The epidemiological parameters, however, are not so well informed. The information available is presented in Table III.2.

At the beginning of the simulation, we assume that piglets are born *Salmonella*-free. So: $F(0) = 0$ and $Y(0) = 0$ for $Y \neq F$. Contamination start from the residual *Salmonella* infectious units in the rooms $Salmo_Y$. Their values are given in III.2.

Parameter	Notation	Available information
D_S	Duration in the suckling period	4 weeks
D_{PW}	Duration in the post-weaning period	8 weeks
D_F	Duration in the finishing period	between 22 and 27 weeks
μ_S	Mortality rate of the suckling pig	0.0315
μ_{PW}	Mortality rate of the post-weaning pig	0.003
μ_F	Mortality rate of the finishing pig	0.002
α_{S_m}	Mean duration in the herd	25.5 weeks
α_{S_d}	Standard deviation shedding period duration	1.5 weeks

Table III.1: Demographic parameters used in the batch model

Sensitivity analysis

The aim of a sensitivity analysis is to define which parameters have the greatest impact on the model outputs.

We chose two outputs. The first is the *Salmonella* carriage prevalence in the batch over time, from the birth of piglets until their slaughterhouse delivery. The prevalence corresponds to the proportion of shedding (seropositive or not) and carrying pigs in the batch. It is calculated at each time step with:

$$p_s(t) = \frac{\sum_{Y \in Sh, Shs, Cs} P(t, Y)}{P(t)}.$$

The second output is the mean carriage prevalence at slaughterhouse delivery, calculated as follows

$$a_s = \sum_{t=22}^{27} \frac{\sum_{Y \in Sh, Shs, Cs} A(t, Y)}{A(t)}$$

As the demographic parameters are well known, we chose to perform the analysis on the epidemiological parameters given in III.2. We used a design of experi-

Parameter	Notation	Values tested	Available information
q_1	Inferior threshold of infection below which the probability of infection is the lowest	$10^2, 10^3, 10^4, 10^5$	
q_2	Saturation threshold above which the probability reaches a maximum value	$10^4, 10^5, 10^6, 10^7$	
a_1	Minimum infection probability	0.0001, 0.001, 0.01, 0.05	
a_2	Maximum infection probability	0.01, 0.1, 0.5, 0.9	
λ_2	Seroconversion delay	1, 4, 8, 16 weeks	[1 – 5]
α_{λ_1}	Mean shedding period duration	0, 2, 4, 8 weeks	[1 – 10]
σ_{λ_1}	Standard deviation of the shedding period duration	1, 2, 3, 4	
β_R	Probability of shedding reactivation	0.1, 0.2, 0.4, 0.6	
β_S	Probability of shedding reactivation due to stress	0.1, 0.2, 0.4, 0.6	
ϵ	Immunisation factor	0.01, 0.05, 0.1, 0.5	
ν	Weekly survival probability of <i>Salmonella</i>	0.1, 0.4, 0.7, 1	[0.03 : 0.14]
q_E	<i>Salmonella</i> infectious units (S.i.u.) shedded by a finishing pig	$10^2, 10^3, 10^4, 10^5$	
$Salmo_M$	<i>Salmonella</i> residual contamination in the farrowing room	$0, 10^3, 10^5, 10^7$	
$Salmo_{PW}$	<i>Salmonella</i> residual contamination in the post-weaning room	$0, 10^3, 10^5, 10^7$	
$Salmo_E$	<i>Salmonella</i> residual contamination in the finishing room	$0, 10^3, 10^5, 10^7$	
π_M	ratio of the quantity of <i>Salmonella</i> shedding by a piglets	0.1, 0.2, 0.4, 0.6	
π_{PW}	ratio of the quantity of <i>Salmonella</i> shedding by a post-weaned pig	0.1, 0.2, 0.4, 0.6	
π_S	ratio of the quantity of <i>Salmonella</i> shedding by a seropositive pig	0.1, 0.2, 0.4, 0.6	

Table III.2: Epidemiological parameters used in the model. Data from Nielsen *et al.*, 1995; van Winsen *et al.*, 1995; lo fo Wong *et al.*, 2000; Gray *et al.*, 1996; Fravalo *et al.*, 2003; Proux *et al.*, 2001; Wood *et al.*, 1989; Beloeil *et al.*, 2003; Kranker *et al.*, 2003; Berends *et al.*, 1996; Davies *et al.*, 1999

ments to define which simulations to run. As the model is stochastic, we replicated each simulation 4 times. Finally, the resulting outputs were analysed.

Design of experiments

The simulation model described in the previous section has 18 epidemiological parameters, also called “factors”. To explore the parameter space, we used four values for each factor. A complete design of experiments (DOE) corresponds to 4^{18} scenarios, that is 4×4^{18} simulations, which is not realistic. Therefore, we used a fractional factorial design that minimises the number of combinations of factor levels for a given resolution. A resolution V design enables the estimation of main effects not confounded with two-way interactions. The resolution V design for 18 factors results in 1024 scenarios, that is 4096 simulations. The fractional factorial design was produced by the factex procedure in SAS 8.0.

Time series sensitivity analysis

To analyse the prevalence over time output, we used a method developed by Monod et al. (submitted). We only give here a short description of the method. It is based on principal components analysis (PCA). In our study, the PCA individuals are the simulations, the variables are the time steps and their value is the prevalence. The first component, corresponding to the first principal vector, is the combination of time steps that explains the maximum of variability among the simulations. The second component is the second best combination to explain the variability, etc. Usually, four components are enough to explain most of the variability among the simulations.

The projection of a simulation on an axis corresponding to a given component gives the “score” of the simulation on this component. Each simulation is hence described by a scalar value for each component. An ANOVA is then performed on the scores of all simulations, for each of the first four components. It allows to compare the influence of the 18 epidemiological parameters on the prevalence for each component, keeping in mind that the first component explain the maximum of variability, etc.

This analysis was performed with R.

Sensitivity analysis on the prevalence at the slaughterhouse delivery

An ANOVA was performed with SAS 4.0 to compare the influence of the 18 epidemiological parameters on the mean prevalence of slaughter pigs.

Results

Influence of factors on the prevalence over time

The weights of the first three components determined by the PCA are 0.845, 0.11 and 0.03; the next components represent less than 2% of the total variability.

The results of the PCA are represented in the first two lines of graphics in Figure III.3.2. Each column of the figure corresponds to a component and the columns follow the component order. Only the first three components are shown. The first line of graphics corresponds to the linear combinations of time steps defining each component, the abscissa being the time. On the graphics of the second line, the thick red curves correspond to the mean prevalence over time. The dashed and dotted curves represent this mean prevalence plus the projection on the components of the two extreme simulations, i.e. the ones which obtained the maximum and the minimum scores.

The results of the ANOVA performed on the simulation scores are shown on the last two lines of graphics in Figure III.3.2. The third line includes the contributions of each parameter ranked in descending order; the contribution is broken down into the contribution of the parameter alone (in red) and in two-way interactions (in yellow). The fourth line corresponds to the eight higher parameter or interaction contributions (dark blue bars); the cumulated contribution, from the top bar to the bottom bar, is also represented (light blue).

Results are described component by component, starting with the first component (first column). The first graph shows the first component, which has higher

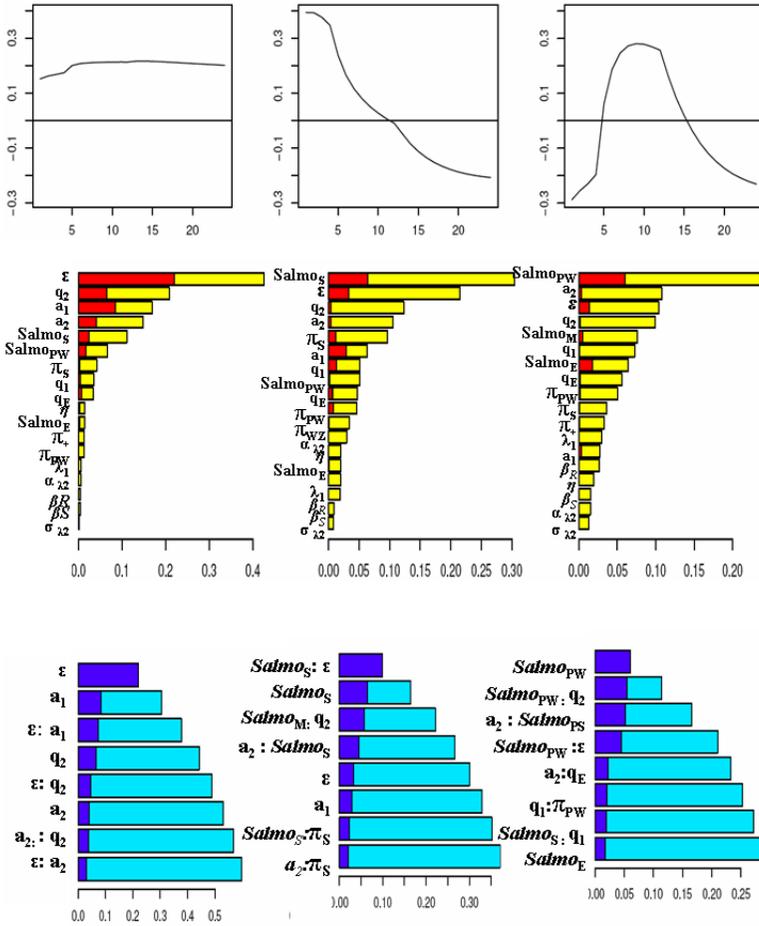


Figure III.2: Results of sensitivity analysis performed on all the epidemiological parameters of the model

values for the first time steps. So, the prevalence outputs that are more variable at the beginning of the simulation explain more of the total variability.

The factors which mainly contributed to the output variability were ϵ , q_2 , a_1 , a_2 and $SalmoS$. The total contribution of each of these factors, including their two-way interactions, was higher than 10%. The ϵ total contribution was 42%

and the parameter alone explained more than twice the output variability of any other parameter. The contribution of ε alone was almost the same as its two-way interactions. The parameter a_1 contributed more alone than q_2 for which the two-way interactions explained the most variability. The residual contaminations of post-weaning room had a little effect on the output variability (around than 6%).

The cumulated contribution of the eight factors and two-way interactions of factors with a major effect was higher than 58%. There was only one interaction: $\varepsilon \times a_1$. The five factors highlighted in the previous paragraph and the interaction $\varepsilon \times a_1$ explained around 51%, ε alone explained around 22%.

So in the first component, the parameters which induced variability in piglets infection and, hence, which acted at the beginning of the simulation, contributed stronger on the output variability.

The second component only weighted 11%. It corresponds to simulations which exhibit strong differences between the beginning and the end of the simulation.

On this second component, whatever the parameter considered, the contribution of the two-way interactions was higher than the contribution of the parameter alone. The most influent parameters were the same as for the first component, except a_1 which had a lower contribution than π_M . In this component, these five parameter contributions were higher than 10%: $Salmo_M$ and its interactions explained around 31%.

The cumulated contribution of the eight major factors and interactions was equal to 30%. The major contribution came from the interaction between $Salmo_M$ and ε .

The third component contribution was very low. It highlighted the trajectories with a strong difference between the beginning or the end of the simulation and the middle. In this component, $Salmo_{PW}$ and its two-way interactions explained more than 30%.

Influence of factors on the prevalence at the slaughterhouse delivery

The parameters which had a significant effect on the prevalence at slaughterhouse deliveries were, in order of importance of the contribution of the parameter alone:

ϵ (25.4%), a_1 (11.6%), q_2 (6.5%) and a_2 (4.5%). They correspond to the same parameters as for the first component of the prevalence over time.

Discussion

The model developed allowed us to assess the prevalence of *Salmonella* in a batch of pigs during their whole lifetime and in the groups of pigs delivered to the slaughterhouse. The sensitivity analysis performed in this study identified the parameters which had the greatest influence on the variability of these model outputs.

This analysis highlighted the major effect of the parameter the protective factor ϵ . a_2 , q_2 and a_1 had a high impact but almost twice lower than ϵ . These three parameters were those which governed the infection probability function. The last parameters which explained the output variability were the residual farrowing and post-weaning room contamination.

The passive maternal protection had a main effect on the first and the second components which had a cumulative weight of 96%. However, this parameter is misinformed in the literature. There are no available observed data to confirm or deny this hypothesis even if the protection is supported by experimental results (Beloil *et al.*, 2004; Kranker *et al.*, 2003 and Dahl *et al.*, 1997). Other published models representing the *Salmonella* spread within a pig herd included an protective factor related to the colostrum of sows (Hill *et al.*, 2007). However, the effect of the protective factor was not the same for these previous model and for our model. Actually, we used a partial protection to the *Salmonella* infection whereas Hill *et al.* (2007) considered a total protection: the protected piglets were removed from the infection dynamics. The difference between these two models was also the duration of this maternal protection. We considered that this protection remained four weeks after birth and Hill *et al.* (2007) considered a protection of 10 days. Given the importance of this parameters further investigation is needed.

The beginning of the simulation had a strong influence of the prevalence during the pig growth even if it corresponds to only 4 of the 25 time steps of the whole simulation. Considering the maternal protective factor too, the processes of infection which occur from the birth to the weaning need to be better understood

to avoid piglets infection. Actually, it is this early infection which seems to be the critical point of the *Salmonella* spread within the batch, and maybe within a herd. Literature reported that the prevalence of *Salmonella* at slaughter age resulted from the late infection of pigs when there was a multi-site herd (van der Heijden *et al.*, 1998; Davies *et al.*, 1998; Nielsen *et al.*, 1997). Actually, the serotype identified at the slaughterhouse differed from those found in the breeding and in the multiplying herds. In this study, the birth and the growth of pigs take place at the same place. Moreover, other observed data exhibit a correlation between the sow herd *Salmonella* status and those of the finishing pigs, which tends to support our findings. A first control of *Salmonella* prevalence would be to limit the residual suckling room contamination.

The parameters of the infection probability function were also highlighted as influent on the prevalence, with a little impact of q_1 , the minimum *Salmonella* infectious units threshold. This small impact could be explained by the fact that this threshold is rapidly reached even if a small number of piglets are infected and shed the bacteria in their rearing room. The influence of the other parameters had been already shown by van der Gaag *et al.* (2003): in this study, the rate of infection within a group of pigs was the most influent factor on the percentage of contaminated carcasses at the end of the slaughter plan. Another interesting measure of control would be to reduce the probability for a susceptible pig to be infected.

Other methods were used in previously published model describing the *Salmonella* spread within pig herd. van der Gaag *et al.* (2003) studied the percentage of contaminated carcasses at the end of the slaughter plan. They performed a meta-modelling approach in which they estimated with a generalized linear mixed model the influence of epidemiological parameters on scalar output as the percentage of contaminated carcasses at the end of the slaughter plan. As in our study, the beginning of the simulation was influent because in their study, the initial prevalence of groups of pigs which entered the grower-finisher herd (weaned pigs) had the biggest impact on the prevalence of serologically positive pigs.

The residual room contamination contributed differently according to the component considered. For the first and second components, which highlighted the

factors influencing the variability in piglets infection, the residual contamination of the suckling was brought out. The residual post-weaning room contamination was the most influent factor in the third component whereas the residual post-weaning room contamination had a little impact in the three components. It can be due to the fact that the infection dynamics of a batch begins in the suckling and post-weaning rooms, and then, increases over time whatever the residual finishing room contamination. When the infection occurred in a batch, the contribution of shedder pigs to the *Salmonella* infectious units was sufficient to eliminate the effect of residual finishing room contamination. The influence of the room contamination highlighted the need of cleaning and disinfecting the room between batches. This results agree with the experimental results of Dahl *et al.* (1997) who showed that removed pigs at weaning or at 10 weeks of age in *Salmonella*-free history facilities allows for obtaining *Salmonella*-free slaughtered pigs.

This study highlighted the critical parameters control measures should focus on. The control measures have to concentrate on reducing the sensitivity of pig to the *Salmonella* infection and/or reducing the contact of animals with the bacteria, especially during the first growing stages. These two types of measures were already reported in published risk factor analysis (Beloil *et al.*, 2004; Lo Fo Wong *et al.*, 2001, van der Wolf *et al.*, 2001). A decreasing of the sensitivity to the infection should be a major target in order to control the within-herd *Salmonella* spread, via vaccination or acidified feed for instance.

References

- Beloil P.A., Chauvin C., Proux K., Rose N., Queguiner S., Eveno E., Houdayer C., Rose V., Fravallo P., Madec F., Longitudinal serological responses to *Salmonella enterica* of growing pigs in subclinically infected herd. *Prev. Vet. Med.* (2003) 60: 207-226.
- Beloil P.A., Chauvin C., Proux K., Rose N., Queguiner S., Eveno E., Houdayer C., Rose V., Fravallo P., Madec F., . *Vet. Res.* (2004) .
- Berends, B.R., Urlings, H.A.P., Snijders, J.M.A., Van Knapen, F., Identification

- and quantification of risk factors in animal management and transport regarding *Salmonella* spp. In pigs. Int. J. Food Microbiol., (1996) 30, 37-53.
- Campbell K., MCKAY M.D., Williams B.J., Sensitivity Analysis when model output are functions. In: Sensitivity Analysis of model output. Hanson K.M. Hemez F.M. eds. (2005); <http://library.lanl.gov>.
- Dahl, J., Wingstrand, A., Nielsen, B., Baggesen, D.L., Elimination of *Salmonella* Typhimurium infection by the strategic movement of pigs. Vet. Res. (1997) 28: 679-681.
- Davies, P.R., Bovee F.G., Funk J.A., Morrow W.E., Jones F.T., Deen J.R., Isolation of *Salmonella* serotypes from feces of pigs raised in a multiple-site production system. J Am Vet Med Assoc. (1998) 212(12): 1925-1929.
- EFSA, 2006. Opinion of the scientific panel on biological hazards on 'Risk assessment and mitigation options of *Salmonella* in pig production'. The EFSA journal, 341: 1-131.
- Enter-Net, 2006. <http://www.enternet.com/>. December 2006.
- Fravalo P., Cariolet R., Proux K., Salvat G., Le portage asymptomatique de *Salmonella enterica* par les porcs : résultats issus de la constitution d'un modèle en conditions expérimentales. In : Journées de la recherche porcine, eds. ITP (2003) 35, 393-400.
- Hill A.A, Snary E.L, Arnold M.E., Alban L. and Cook A.J.C, Dynamics of *Salmonella* transmission on a British pig grower-finisher farm: a stochastic model. Epidemiol. Infect. (2007) 1-14.
- Kranner S., Alban L., Boes J., Dahl J., Longitudinal study of *Salmonella enterica* serotype Typhimurium infection in three Danish farrow-to-finish swineherds. Journal of Clinical Microbiology (1999) 41(6): 2282-2288.
- Kranner S., Alban L., Boes J., Dahl J., Longitudinal study of *Salmonella enterica* serotype Typhimurium infection in three Danish farrow-to-finish swineherds. J. Clin. Microbiol. (2003) 41: 2282-2288.
- Lo Fo Wong, D.M.A., Hald, T., van der Wolf, P.J., Swanenburg, M., Epidemiology

and control measures for *Salmonella* in pigs and pork. Liv. Prod. Sci. (2002) 76: 215-222.

Nielsen B., Baggesen D., Bager F., Haugegaard J., Lind P., The serological response to *Salmonella* serovars Typhimurium and Infantis in experimentally infected pigs. The time course followed with an indirect anti-LPS ELISA and bacteriological examinations. Vet. Microbiol. (1995) 47: 205-218.

Nielsen B., Sorensen L.L., The Danish *Salmonella* surveillance in swine. Magyar Alla Torvosok, (1997) 119(8): 461-467.

Proux, K., Houdayer, C., Humbert, F., Cariolet, R., Rose, V., Eveno, E., Madec, F., Development of a complete ELISA using *Salmonella* lipopolysaccharides of various serogroups allowing to detect all infected pigs. Vet. Res., (2000) 31:481-490.

SalinPork, Pre-harvest and harvest control options based on epidemiologic, diagnostic and economic research. D.M.A. Lo FoWong and T. Hald, eds. (2000) 266pp.

Saltelli A., Chan K. and Scott E.M., Sensitivity Analysis. John Whisley and Sons, ltd. eds. (2006) 475pp.

Van der Gaag, M.A., Huirne, B.M., Elicitation of expert knowledge on controlling *Salmonella* in the pork chain. Chain and network science, (2002) 135-147.

van Winsen R.L., van Nes A., Keuzenkamp D., Urlings H.A.P., Lipman L.J.A., Biesterveld S., Snijders J.M.A., Verheijden J.H.M., van Knapen F., Monitoring of transmission of *Salmonella enterica* serovars in pigs using bacteriological and serological detection methods. Vet. Microbiol. (2001) 80: 267-274.

van der Wolf P.J., Elbers A.R.W., van der Heijden H.M.J.F., van Schie F.W., Hunneman A., Tielen M.J.M., *Salmonella* seroprevalence at the population herd level in pigs in the Netherlands. Vet. Microbiol. (2001) 80,171-184.

Wood R.L., Rose R., Populations of *Salmonella* Typhimurium in internal organs of experimentally infected carrier swine. AM. J. Vet. Res. (1992) 53:

653-658.

Chapitre IV

Evaluation de mesures de maîtrise du portage de salmonelles chez le porc charcutier

Contenu

IV.1 Introduction	148
IV.2 Analyse bibliographique des mesures de maîtrise des salmonelles	149
IV.2.1 Facteurs de risque d'introduction et de transmission des salmonelles	149
Niveau d'hygiène dans l'exploitation	149
Conduite du troupeau	149
Alimentation	150
Statut sanitaire des porcs	150

IV.2.2	Utilisation de la modélisation pour l'évaluation de mesures de maîtrise dans la littérature	151
IV.2.3	Identification des mesures à évaluer avec un mo- dèle de troupeau naisseur-engraisseur	152
IV.2.3.1	Mesures réduisant l'exposition des porcs aux salmonelles	152
IV.2.3.2	Mesures accroissant la résistance à l'in- fection des porcs lors d'une exposition aux salmonelles	152
IV.2.3.3	Mesures limitant l'introduction de sal- monelles dans un troupeau	153
IV.2.4	Critères d'évaluation	154
IV.3	Mesures de maîtrise mises en oeuvre à l'échelle d'un troupeau porcin	156
IV.3.1	Mesures de biosécurité interne : respect de la conduite en bandes stricte et efficacité de la dé- contamination des salles	156
IV.3.1.1	Résumé de l'article	156
IV.3.1.2	Manuscrit	158
IV.3.2	Evaluation exploratoire de mesures accroissant la résistance des porcs à l'infection : exemple de la vaccination et de l'acidification de l'aliment en élevages porcins	175
IV.3.2.1	Introduction	175
IV.3.2.2	Matériels et méthodes	177
	Représentation des mesures par le modèle	177
	Simulations et analyse	179
IV.3.2.3	Résultats	181
	Effet potentiel d'une acidification de l'ali- mentation sur la séroprévalence de salmonelles	181

Effet potentiel d'une vaccination sur la séroprévalence de <i>Salmonella</i> . . .	183
Application d'une mesure	184
IV.3.2.4 Discussion	185
IV.4 Influence de l'introduction de cochettes	189
IV.4.1 Introduction	189
IV.4.2 Matériels et méthodes	191
IV.4.3 Résultats	192
IV.4.3.1 Effet de l'introduction répétée de cochettes infectées <i>versus</i> l'introduction unique sur la séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers	192
IV.4.3.2 Effet de la séroprévalence dans les lots de cochettes sur la séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers	193
IV.4.4 Discussion	194
IV.5 Mesures d'orientation des flux d'animaux reproducteurs	197
IV.5.1 Introduction	197
IV.5.2 Elaboration du modèle pour évaluer une mesure d'orientation de flux	199
Caractéristiques des troupeaux de chaque étage	199
Orientation des flux d'animaux entre troupeaux d'une structure de producteurs	201
Calcul d'un indice de séroprévalence mensuel et classement des troupeaux	201
IV.5.3 Simulations et sorties du modèle	204
IV.5.4 Résultats	205

IV.1 Introduction

Dans ces travaux de thèse, l'évaluation de mesures de maîtrise est réalisée par modélisation. L'intérêt de cette approche est de pouvoir évaluer *ex ante* des mesures de maîtrise.

Quand l'effet d'une mesure est mis en évidence par des études expérimentales à l'échelle d'individus ou de petits lots, la modélisation va permettre d'étudier ses effets à l'échelle du troupeau entier en tenant compte de toutes les composantes du système étudié. L'utilisation d'un modèle permet aussi d'étudier l'effet de l'action combinée de différentes mesures pertinentes.

La modélisation peut aussi permettre d'évaluer des mesures *ex ante* c'est-à-dire non encore disponibles, pas encore mises en place sur le terrain ou dont les données ne sont pas encore publiées. Dans ce cas, l'évaluation d'une mesure consiste à identifier un niveau d'efficacité nécessaire de façon exploratoire, c'est-à-dire, d'une part identifier quelle intensité l'effet doit avoir pour obtenir un résultat en terme d'amélioration de la prévalence d'animaux séropositifs (aussi appelée séroprévalence) du troupeau, et d'autre part, estimer quelle est la valeur de ce résultat.

Les sources de contamination des porcs tout au long de la filière sont multiples et par conséquent, les moyens de maîtrise sont complexes. L'objectif principal de la mise en place de mesures de maîtrise est d'abaisser et/ou de maintenir le niveau de contamination du troupeau en-dessous d'un seuil acceptable. Dans cette perspective, l'identification de mesures efficaces à réduire la prévalence ou de facteurs protecteurs de la transmission et de l'introduction des salmonelles dans un troupeau peut être réalisée à partir de résultats d'études épidémiologiques de facteurs de risque.

IV.2 Analyse bibliographique des mesures de maîtrise des salmonelles

IV.2.1 Facteurs de risque d'introduction et de transmission des salmonelles

Les études en exploitations ont permis de mettre en évidence des facteurs de risque de l'introduction et de la transmission de *Salmonella*. Les facteurs de risque de contamination des porcs charcutiers rapportés dans la littérature sont relatifs : (1) au niveau d'hygiène de l'élevage, (2) à la conduite de troupeau, (3) aux pratiques alimentaires et (4) au statut sanitaire des animaux.

Niveau d'hygiène dans l'exploitation Les pratiques d'hygiène visant à lutter contre l'introduction de salmonelles telles que la présence d'un sas d'entrée, le changement d'habits et/ou de chaussures à l'entrée dans la ferme ainsi que le nettoyage de mains régulier des salariés de l'exploitation sont associées à une prévalence plus faible [121, 130]. La lutte contre les Rongeurs est aussi associée à une diminution de prévalence [85, 105]. Les processus de nettoyage des salles et des préfosses tendent à réduire le contact des animaux avec la bactérie et permettent de réduire la prévalence de l'infection dans un troupeau. La présence de salmonelles résiduelles après nettoyage dans les salles d'élevage (post-sevrage et engraissement) à l'entrée d'une bande est associée à un risque d'excrétion en fin d'engraissement deux fois plus élevé [21]. A l'inverse, l'application de désinfectant après le nettoyage des salles (post-sevrage et engraissement) entre deux bandes consécutives et le respect d'un vide sanitaire d'une semaine en post-sevrage ont été mis en évidence comme facteurs protecteurs de l'excrétion à [21, 130, 141]. En maternité, une fréquence de raclage des matières fécales à l'arrière des truies inférieure à deux fois par jour et l'absence de vidange de la préfosse à lisier en maternité entre deux lots augmentent le risque d'excrétion par les porcs en fin d'engraissement [21].

Conduite du troupeau Le risque de mettre en évidence des animaux séropositifs est plus élevé quand la taille du troupeau est inférieure à 800 porcs [141].

De plus, plusieurs études s'accordent à montrer l'effet protecteur de la conduite en bandes par rapport à une conduite en continu vis-à-vis de la propagation des salmonelles dans un troupeau [21]. Ceci est notamment à rapprocher de la réalisation d'un nettoyage entre bandes (voir Niveau d'hygiène). La conduite en bandes strictes combinée à la séparation stricte des animaux est associée à un risque trois fois moins élevé de tester des animaux positifs à *Salmonella* en élevage [121].

Alimentation Une distribution d'aliment sec en engraissement augmente le risque d'excrétion de salmonelles par rapport à une alimentation distribuée en soupe [21, 38, 51, 79]. De plus, une réduction de la prévalence du troupeau a été mise en évidence par l'ajout d'acides organiques dans l'aliment [147, 148] et dans l'eau de boisson [141].

Statut sanitaire des porcs L'infestation par des parasites nématodes peut augmenter le risque de tester des animaux séropositifs à l'abattoir [129, 141]. Le risque d'excréter des salmonelles pour une bande peut être augmenté lorsque les porcs sont infectés par *Lawsonia intracellularis* durant la deuxième moitié de l'engraissement [38, 21]. La présence de *Lawsonia* entraînerait un déséquilibre de la flore intestinale qui faciliterait l'infection par les salmonelles. De plus, l'infection des porcs par des virus à tropisme respiratoire) a été mis en évidence comme facteur de risque de l'excrétion (grippe, Syndrôme Dysgénésique et Respiratoire Porcin, Coronavirus Respiratoire Porcin) [21].

Les voies d'introduction des salmonelles dans un troupeau sont multiples. Les animaux vivants, cochettes reproductrices ou animaux à engraisser sont une des voies majeures d'introduction [10]. L'aliment contaminé est la deuxième source d'introduction de salmonelles dans un troupeau. Les autres sources sont aussi fréquentes mais moins importante en quantité de salmonelles introduites, la présence de rongeurs, d'animaux de compagnie, d'autres troupeaux d'animaux de rente à proximité, l'échange de matériel...

IV.2.2 Utilisation de la modélisation pour l'évaluation de mesures de maîtrise dans la littérature

Deux modèles décrivant la propagation de salmonelles dans un troupeau porcin [138, 67] ont été développés dans une perspective de maîtrise de la prévalence de l'infection par les salmonelles. Le modèle de Van der Gaag *et coll.* (2003) [138] étudie la propagation des salmonelles dans un lot de 100 porcs de la fin du post-sevrage jusqu'à leur abattage. Les résultats de ce modèle montrent que le niveau de contamination initiale des lots de jeunes porcs qui entrent dans un troupeau influe sur la prévalence de carcasses contaminées à l'abattoir. Pour réduire la prévalence, il est donc nécessaire de maîtriser l'infection des jeunes porcs, durant la phase de lactation et de post-sevrage.

Une évaluation de la mise en oeuvre de mesures préventives ou/et curatives en tenant compte d'un ensemble d'éleveurs a été réalisée à partir du modèle épidémiologique développé par van der Gaag *et coll.* (2003) [137]. Les résultats en termes de pourcentage de carcasses contaminées et de coûts des mesures ont été étudiés. L'évaluation de l'effet de mesures consiste à comparer différents scénarios pour lesquels les variables associées à l'introduction et à la propagation de salmonelles en élevage, et/ou à la dynamique d'infection d'un porc, correspondent à une situation initiale ou à un risque moindre. Les mesures testées sont :

- l'ajout d'acides dans l'aliment fermenté,
- l'ajout d'acides dans l'eau de boisson,
- la distribution de l'aliment sous forme liquide,
- les pratiques d'hygiène associée à la conduite du troupeau,
- les pratiques d'hygiène associée à la prévention de l'introduction de salmonelles dans un troupeau,
- la séparation des groupes d'animaux sur le quai d'attente pour le départ à l'abattoir.

Dans cette étude, les mesures sont efficaces uniquement si elles sont appliquées correctement de manière collective.

Le modèle développé par Hill *et coll.* (2007) [67], étudie aussi la propagation des salmonelles dans un troupeau post-sevreur-engraisseur. Les lots de jeunes porcs sont introduits dans le troupeau toutes les semaines et les animaux d'âges différents

sont placés dans des cases différentes dans une même salle. Leurs résultats montrent que la prévalence de l'infection dépend à la fois de la transmission au sein d'une case et entre cases d'un même bâtiment.

IV.2.3 Identification des mesures à évaluer avec un modèle de troupeau naisseur-engraisseur

IV.2.3.1 Mesures réduisant l'exposition des porcs aux salmonelles

Notre représentation de la conduite en bandes dans un troupeau naisseur-engraisseur permet de prendre en compte les flux d'animaux dans les différentes salles et les adaptations de conduite qui influent sur la structure de contact et pourrait modifier la propagation des salmonelles au sein du troupeau.

La représentation de la transmission, dépendante de la quantité d'unités infectieuses de salmonelles dans les salles d'élevage, nous permet d'étudier des mesures d'hygiène visant à réduire le niveau de contamination des salles.

La conduite en bandes stricte et la décontamination des salles sont des mesures désignées comme biosécurité interne. Les mesures de biosécurité tendent à réduire l'exposition des animaux aux bactéries. Les adaptations de conduite mises en évidence (chap.II) permettent ici d'étudier dans quelle mesure le non-respect de la conduite en bandes stricte influence la propagation de salmonelles dans un troupeau.

IV.2.3.2 Mesures accroissant la résistance à l'infection des porcs lors d'une exposition aux salmonelles

La résistance des porcs à l'infection pourrait induire (i) une réduction du risque pour un animal non infecté de devenir infecté en cas d'exposition, (ii) une réduction de l'excrétion (dose et/ou durée) et (iii) une réduction de la probabilité de réactivation de l'excrétion. Les méthodes permettant d'obtenir ces effets sont :

- l'acidification de l'alimentation,
- la vaccination

L'action de ces deux mesures sur les mécanismes d'infection est en partie élucidée mais aucune donnée n'est pour le moment disponible afin de quantifier leur

effet sur la prévalence en salmonelles des populations d'animaux considérées. Pour évaluer ces mesures, nous avons donc utilisé notre modèle pour identifier les valeurs seuils de paramètres du modèle, résultant de l'effet d'une mesure, susceptibles d'agir sur la prévalence des animaux infectés dans les lots de porcs charcutiers commercialisés de manière efficace.

IV.2.3.3 Mesures limitant l'introduction de salmonelles dans un troupeau

Les voies d'introduction des salmonelles sont multiples. Dans ces travaux de thèse nous nous sommes limités à représenter l'introduction de salmonelles dans les troupeaux par le biais de l'introduction de truies de renouvellement (appelées cochettes) infectées, ce qui est identifié comme une des voies majeures d'introduction [10].

La mise en oeuvre de plans de surveillance va permettre de connaître le statut des troupeaux fournisseurs de cochettes. Il pourrait être envisagé d'approvisionner les troupeaux en limitant les flux d'animaux reproducteurs entre troupeaux fournisseurs et destinataires selon leurs statuts (voir description des flux d'animaux reproducteurs dans les étages amont de la filière porcine FIG. I.2, p.28). Dans ce cas, l'application de mesures à l'échelle d'une structure de production, incluant les flux d'animaux entre troupeaux, semble être une perspective intéressante dans la maîtrise des salmonelles et doit être évaluée.

Afin de représenter les flux d'animaux reproducteurs entre les troupeaux des différents étages de la filière, le couplage de plusieurs modèles représentant la propagation des salmonelles dans un troupeau naisseur-engraisseur a été réalisé. En effet, les troupeaux naisseurs-engraisseurs sont majoritaires à l'étage de production et, dans les étages de sélection et de multiplication, la conduite des troupeaux est identique à celle d'un troupeau naisseur-engraisseur. Nous avons choisi d'étudier l'effet d'une mesure visant à orienter les flux d'animaux reproducteurs, susceptibles d'introduire des salmonelles.

IV.2.4 Critères d'évaluation

Pour chacune des mesures représentées et évaluées, nous avons choisi plusieurs critères d'évaluation afin de comparer les sorties du modèle des différents scénarios. La séroprévalence moyenne dans les lots de porcs charcutiers au départ pour l'abattoir est calculée au cours du temps. Cette sortie du modèle est dynamique et l'analyse statistique de cette sortie pour plusieurs scénarios est difficile à comparer. Nous avons donc choisi d'utiliser d'autres critères de comparaison scalaires qui permettent l'utilisation des tests statistiques courants. Ainsi, pour chaque scénario testé (représentation de l'application d'une mesure dans le troupeau), nous avons calculé à partir de la séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers au cours du temps, le pourcentage de lots avec une séroprévalence inférieure à 5% et le pourcentage des lots avec une séroprévalence supérieure à 40%. Ces valeurs de séroprévalence ont été choisies à partir des seuils utilisés dans le plan danois pour le classement des troupeaux en fonction de leur niveau de contamination. Le nombre de lots avec une séroprévalence inférieure à 5% et celui de lots supérieurs à 40% sont calculés (FIG. IV.1). Le pourcentage est calculé à partir du nombre total de lots livrés à l'abattoir sur la période de simulation (400 semaines).

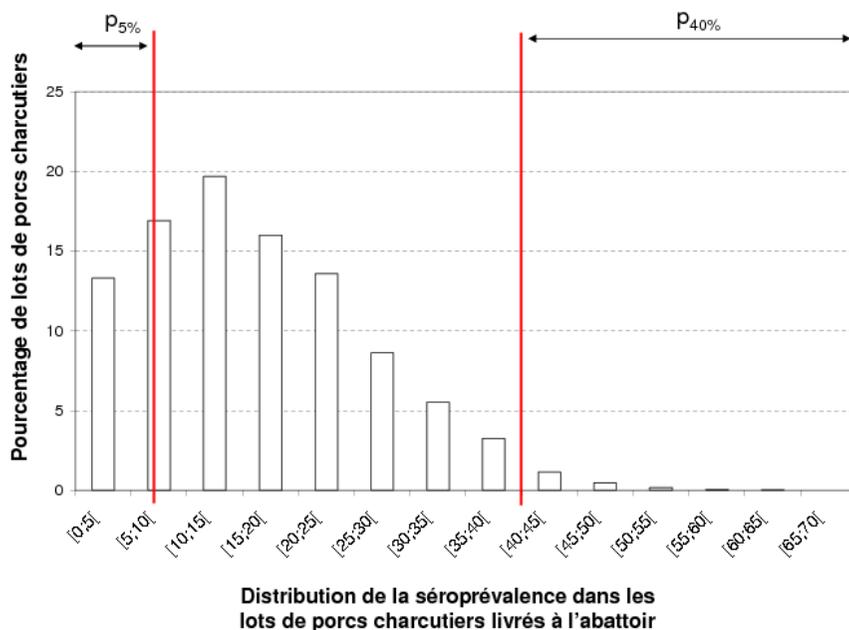


Fig. IV.1 – Représentation du pourcentage de lots de porcs charcutiers avec une séroprévalence inférieure à 5% et du pourcentage de lots avec une séroprévalence supérieure à 40% pour 150 simulations réalisées sur 400 semaines soit 30000 lots

IV.3 Mesures de maîtrise mises en oeuvre à l'échelle d'un troupeau porcin

IV.3.1 Mesures de biosécurité interne : respect de la conduite en bandes stricte et efficacité de la décontamination des salles

IV.3.1.1 Résumé de l'article

Parmi les mesures applicables dans un troupeau, les pratiques de biosécurité interne ont été mises en évidence comme facteur protecteur du risque de détecter des animaux infectés à l'abattoir. Ces mesures de biosécurité interne impliquent la mise en oeuvre d'une conduite en bandes stricte et une décontamination efficace des salles de l'exploitation. Cependant, comme cela a été démontré précédemment le non respect de la conduite en bandes stricte a des conséquences sur la structure de contact et donc probablement sur la transmission des salmonelles au sein d'un troupeau.

L'objectif de cette étude est d'étudier l'influence du non respect de la conduite en bandes stricte sur la séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers livrés à l'abattoir.

Dans cette étude, nous avons utilisé le modèle épidémiologique de transmission des salmonelles dans un troupeau naisseur-engraisseur décrit dans la section (III.2.2, p.90).

A chaque changement de salle, tous les animaux d'une bande sont transférés au même moment. Cela permet une occupation en tout-plein/tout-vide des locaux par les bandes et la mise en oeuvre d'une décontamination des salles entre deux bandes successives.

Au sein d'une bande, tous les animaux de la salle sont exposés au même nombre de salmonelles. Entre bande, la transmission peut intervenir par mélange de bandes ou par les salmonelles résiduelles d'une salle d'élevage.

Nous avons testé 12 scénarios combinant une conduite en bandes stricte ou une conduite avec mélanges de porcs charcutiers issus de bandes différentes en

fin d'engraissement avec trois valeurs d'efficacité de décontamination des salles et deux valeurs de durée de présence des porcs dans l'élevage. Les trois valeurs de décontamination correspondent à la meilleure décontamination obtenue en condition d'élevage (99,9%), à une valeur de décontamination obtenue dans des conditions détériorées (80%) et à une valeur intermédiaire (90%). Une augmentation de la durée de présence des porcs induit un recours plus fréquent au mélange de bandes en fin d'engraissement (voir section II.3.2, p.53). Ce mélange de bandes peut avoir une influence sur la transmission des salmonelles. Nous avons testé la valeur de durée moyenne et la limite supérieure de l'intervalle de confiance à 95% des données techniques observées.

Le troupeau est initialement infecté par les salmonelles avec une séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers égale à 10%. Chaque scénario est répété 150 fois. La séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers livrés à l'abattoir est calculée pour les 400 pas de temps de la simulation. Une séroprévalence moyenne est calculée pour chaque scénario. Les pourcentages de lots avec une séroprévalence inférieure à 5% ($p_{5\%}$) et ceux avec une séroprévalence supérieure à 40% ($p_{40\%}$) sont calculés pour chaque scénario.

L'efficacité de la décontamination possède la plus forte contribution à la variabilité de la séroprévalence moyenne. La croissance a un effet plus modeste. Quant à la conduite elle n'a un effet marqué qu'en interaction avec la durée de croissance. En effet, une croissance ralentie entraîne plus de contact par mélange de bandes qui amplifie la transmission entre bandes.

Entre les deux scénarios extrêmes, conduite en bandes stricte - décontamination de 99,9% - croissance de 25,5 semaines et conduite avec mélange de bandes - décontamination de 80% - croissance de 27 semaines, la séroprévalence a augmenté de 12% à 28%.

Une diminution de l'efficacité de la décontamination a entraîné une diminution du pourcentage de lots avec une séroprévalence inférieure à 5%. L'effet de la conduite était plus marqué quand la durée de croissance était ralentie. Dans ce cas, la conduite avec mélange de bandes a entraîné une diminution de $p_{5\%}$ de 3% par rapport à une conduite en bandes stricte.

L'effet des scénarios sur $p_{40\%}$ était différent de celui obtenu sur $p_{5\%}$. Une crois-

sance plus lente a entraîné une augmentation de $p_{40\%}$ par rapport à une croissance moyenne, et ce, quelle que soit la conduite considérée. Une différence de $p_{40\%}$ a été obtenue entre les deux conduites uniquement pour une croissance ralentie et une décontamination de 80%. Dans ce cas, $p_{40\%}$ varie entre 15,3% pour AIAO et 20% pour BM.

La conduite avec mélange de bandes a permis une réduction de 2/3 de l'effectif de porcs livrés hors gamme par rapport à une conduite en bandes stricte lorsque la croissance est moyenne. Elle a permis une diminution de 1/3 quand la croissance est ralentie.

Ce modèle permet une comparaison de mesures en tenant compte à la fois de la production des porcs charcutiers par l'éleveur et du statut sanitaire du troupeau vis-à-vis des salmonelles.

La conduite avec mélange de bandes en fin d'engraissement a permis de réduire le nombre de porcs livrés hors gamme. Le recours au mélange a induit une augmentation significative de la séroprévalence pour des scénarios combinant à la fois une mauvaise décontamination et une croissance des porcs ralentie. Cette conduite doit donc être évitée dans des troupeaux où ces facteurs sont présents.

Le choix de la conduite de troupeau résulte d'un compromis entre production et biosécurité. Ce compromis pourrait être modifié si des pénalités financières étaient appliquées aux troupeaux livrant des lots de porcs charcutiers avec de fortes séroprévalences.

Ces mesures biosécurité interne permettent aussi de réduire l'infection du troupeau par d'autres agents pathogènes susceptibles de ralentir la croissance et donc, d'amplifier la transmission des salmonelles. La mise en oeuvre de mesures de biosécurité interne permet de maintenir la séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers à un niveau faible mais ne permet pas de réduire cette séroprévalence une fois l'infection installée dans le troupeau. Des mesures permettant d'accroître la résistance des porcs à l'infection lors de l'exposition doivent être étudiées.

IV.3.1.2 Manuscrit

Influence of within-herd biosecurity on the *Salmonella* seroprevalence in groups of delivered pigs from a farrow-to-finish herd : a modelling

study

A. Lurette¹, C. Belloc¹, S. Touzeau², T. Hoch¹, H. Seegers¹ and C. Fourichon¹

¹ UMR708 Unit of Animal Health Management, Veterinary School, ENVN,
INRA, F-44000, Nantes, France

² UR341 Unit of Applied Mathematics and Computer Science, INRA, F-78350,
Jouy-en-Josas, France

**Article en Préparation pour *Preventive Veterinary Medicine*. Date de
soumission prévue : le 15 Novembre 2007**

Introduction

Salmonella spp. is one of the major causes of foodborne illnesses in humans. Pork, after eggs and poultry meat, is a major source of human foodborne salmonellosis in the European Union (EU). However, its actual contribution is not known for all countries and varies between countries because of different food habits (EFSA, 2006). The regulation (EC) No 2160/2003 on the control of *Salmonella* obligates countries to fix targets of *Salmonella* prevalence reduction and to provide control plans to reach these targets. Control plans have to start with implementation of a surveillance plan to estimate the prevalence of *Salmonella* in herds. Given *Salmonella* resistance in the environment, eradication seems to be difficult at the herd level (WHO, 1983). The aim is then to reduce the prevalence of *Salmonella* in the herd under acceptable thresholds. Actually, the infected pigs are responsible for contamination of other pigs during transport and lairage, and of carcasses during the slaughtering plan. A correlation between the number of infected pigs at the slaughtering age and the prevalence of *Salmonella* positive carcasses has been shown (Berends *et al.*, 1997; Beloeil *et al.*, 2004). The first step of *Salmonella* control concentrates on the reduction of infected pigs at slaughtering age.

Recent modelling studies have shown that focusing on strong control on only high prevalence herds may not be the optimal strategy. In these studies, the greatest health benefit is obtained from modest improvements of *Salmonella* prevalence in all farms rather than large improvements only in farms with a high prevalence (Alban and Stärke, 2005; Cook *et al.*, 2005). Guidelines and recommendations have

been presented by EFSA (EFSA, 2006). At the herd level, epidemiological studies have shown that *Salmonella* control measures which reduce exposure of animal to the bacteria in the environment can limit the within-herd spread of *Salmonella*. In a study of Dahl *et al.* (1997), when weaned piglets were moved into cleaned growing rooms, it allows for reducing prevalence of *Salmonella*-seropositive pigs at slaughtering age which decreased to zero. The hygiene at the herd level combined with the implementation of a batch management system is associated with a reduced risk for *Salmonella* positive pigs at the slaughtering age (SalinPork, 2000). Batch management system relies on age-segregated rearing. Growing pigs from different batches are housed in different rooms and have no direct contact. Animals from a batch leave a room all together and the room is cleaned and the disinfected before a new batch enters the room. The cleaning-disinfecting process reduced the risk to test *Salmonella*-positive pigs at slaughterhouse (Beloeil *et al.*, 2004). The decontamination efficiency in herds can vary according to the temperature of the room or the disinfectant used. Moreover, even if cleaning reduces significantly the positive samples in farms (Schmidt *et al.*, 2004), the residual room contamination, which is not complete after cleaning, was a risk factor for higher prevalence in finishing pigs (Fablet *et al.*, 2006).

However, as shown in Lurette *et al.* (II.3.2, p.53), the strict all-in/all-out management could result in delivering high proportions of pigs below slaughtering weight (out-of-range pigs), especially when growth rate decreases. Producers may decide to keep them longer but then cannot stick to the strict all-in/all-out management : they may mix the slow growing pigs with the following batch or reduce the duration of the room decontamination period and then its efficiency. This results in direct contacts between animals from different batches, and an increased risk of transmission of *Salmonella* via the room environment. The alteration of the contact structure can influence the within-herd *Salmonella* spread.

The decontamination corresponds to the percentage of bacteria eliminated by the cleaning-disinfecting process. This implementation of cleaning and disinfecting procedures may vary between farms and be more or less efficient in reducing the room contamination. In laboratory conditions, the effect of temperature and concentration of disinfectant allows for reducing a maximal proportion of *Salmo-*

nella. In fields conditions, these conditions are not combined and the implementation of the disinfectant is less efficient on the reduction in *Salmonella*. The risk of indirect transmission between batches via the room environment is also increased.

The overall effect of contacts between batches and room decontamination on the prevalence of infection in the groups of slaughter pigs has not been evaluated at the farm level, this paper aimed at testing the influence of the strict all-in/all-out batch management and the rooms' decontamination efficiency, on the seroprevalence of *Salmonella* in groups of slaughter pigs with different age at slaughterhouse delivery. A modelling approach was used to assess different combinations of these biosecurity measures.

Model framework

The full stochastic model is described in details in Lurette *et al.* (submitted). This model represents both the population dynamics within a farrow-to-finish pig herd and the *Salmonella* transmission. In this herd model, the batch management of sows and growing pigs was implemented and the batch was the modelling unit.

Herd model description

This dynamic model represents both the entire reproduction cycle of sows and the entire growth of pigs from birth to slaughterhouse delivery. A batch management system with a three-week interval between two matings is implemented. The sow herd, consisted in 183 sows (mean of technical data, ITP, 2006), is divided into groups of equal size called batches. Each batch of 16 sows moves as one unit through the entire model. The reproduction cycle of sows is represented by the occupation of three successive rooms : the mating room (4 weeks), the gestating room (12 weeks) and the farrowing room (5 weeks). Every three weeks a batch of sows is inseminated. A proportion of these sows, which have failed to conceive, are re-inseminated or culled. The others become pregnant and enter into the gestating room. One week before parturition, the batch of sows is transferred into the farrowing room, where it spends the four weeks after farrowing with their piglets. They then return to the mating room to begin a new reproductive cycle. At the

end of each reproductive cycle, a fixed number of gilts is recruited to compensate the sows culled or dead during the previous cycle.

A batch of piglets corresponds to the sum of the litters from a batch of sows (mean of 180 piglets weaning by batch). These piglets are kept together until their slaughterhouse delivery. The growth of pigs is represented by three successive stages corresponding to the occupation of three different rooms : the farrowing room (the suckling period during four weeks), the post-weaning room (during 8 weeks) and the finishing room (for around 14 weeks). In farrowing, post-weaning and finishing rooms, pigs of a batch, which have the same age, enter and leave their rearing room at once. This all-in/all-out housing system allows a decontamination process between two batches : cleaning-disinfecting and a rest of one week. In this model, a batch of pigs occupies only one room during each growing stage.

The slaughterhouse deliveries occur at regular intervals, every two weeks. Given that producers have to deliver groups of finisher pigs with a homogeneous weight and knowing the variation in pig growth, these delivered groups consist in pigs coming from several batches. Moreover, if pigs which have not reached the market weight remain in the finishing room when this room has to be emptied for the entry of another batch, producers can mix them with the following batch (three weeks younger).

Epidemiological model

Infected animals shed *Salmonella* in their faeces and, hence, contaminate their local environment (their rearing room). The model considers the transmission via the free-living *Salmonella* in the room, which represents indirect faecal-oral transmission. A *Salmonella* infectious unit is estimated as the quantity of *Salmonella* responsible for infection after an 'effective contact' of a susceptible pig. Infectious animals of a batch contribute to their room contamination by shedding the bacteria in their faeces. This shedding is intermittent (Nielsen *et al.*, 1995). All animals of a batch being housed in the same room, we assume that they are exposed to the same number of *Salmonella* infectious units. Transmission between animals from different batches can occur :

- (i) via the room due to the residual *Salmonella* infectious units in the room

between two successive batches. The decontamination process allows for strongly reducing the quantity of bacteria but does not eliminate the totality ;

- (ii) via the animals if infected animals are mixed with another batch (moved into another room), the moved animals are exposed to the room contamination of the batch in which they are introduced and can shed bacteria in this room.

The sub-clinic *Salmonella* infection does not affect the pig growth and sow reproduction. Four states regarding the *Salmonella* infection were identified from the literature : a susceptible pig free of *Salmonella* (F) becomes Shedding pig (Sh) after ingestion of *Salmonella*. After seroconversion, the pig is called the seropositive Shedding pig (Shs) and becomes a seropositive Carrying pig (Cs) when the shedding stops. The shedding has been shown to be intermittent and the transition between the shedding and the carrying state can occur in both directions. At each time step, pigs of a batch are distributed in these four states and the number of pigs affected by a transition between states is drawn from a binomial law in the considered population. The probability of infection of the binomial law depends on the quantity of *Salmonella* in the room. The other transition probabilities depend on the duration in each infection state.

We assume that demographic processes are not affected by infection states of animals.

Within-herd biosecurity measures

The within-herd biosecurity measures tested are (i) the decontamination process with different efficiency values and (ii) the implementation of the strict all-in/all-out management of pigs in which pigs coming from different batches have no contact. The decontamination process corresponds to the percentage of *Salmonella* infectious units eliminated when the cleaning, the disinfection and the drying period are implemented between two successive batches in the same room. Three values of decontamination efficiencies are tested. These values are : 99.9%, 90% and 80%. The decontamination efficiency of 99.9% corresponds to the better

result of *Salmonella* reduction obtained in field conditions. Indeed, efficiency of disinfectant in in vitro studies can reach a decrease by five log of the quantity of the flora present in the sample tested. However, under commercial farm conditions, the remaining organic matter (feces) after cleaning (Thomas *et al.*, 1982) and the temperature of the rooms induce a less efficient decontamination (between two or three log) (Rajkowski *et al.*, 1998). Moreover, a bad use of disinfectants (related to dilution for example) or the presence of high amount of faeces can lead to a very poor decontamination of 80%, which represents a theoretical extreme case.

Moreover, the frequency of batch mixing is influenced by pig growth duration. Two batch management systems were tested :

- a batch management with a strict all-in/all-out occupation of farm facilities for pigs, called AIAO ;
- a batch management with a strict all-in/all-out occupation of farm facilities except at the end of the finishing period when batch mixing occur, called BM.

Because batch mixing is more frequent if the growth was retarded, different values of the average time to reach the slaughter weight (called growth duration) were simulated : 25.5 weeks (mean of pig growth from technical data) and 27 weeks (corresponds to the higher limit of the 95% confidence interval found in technical data).

Combinations of batch management system, pig growth and decontamination efficiency represented 12 scenarios.

Initialisation and model outcome

The herd is initially infected by *Salmonella* with a seroprevalence in slaughter pigs equal to 10%. There are repeated introductions of seropositive gilts (shedding or not) at each new reproduction cycle. The seroprevalence in groups of recruited gilts is drawn from an exponential law of probability equal to 5%.

Results for each scenario tested is obtained from 150 runs of the model. To highlight the compromise between implementing the within-herd biosecurity measures and obtaining a maximum income by pig delivery, the percentage of under-

weighting delivered pigs were calculated. At each slaughterhouse delivery, producers who performed the AIAO batch management delivered all pigs of the batch included the underweighting pigs. Producers who performed the BM batch management can mix the underweighting pigs with the following batch. The number of pigs mixed did not exceed the available places of the following batch room (mean of 35 places). The seroprevalence was calculated for each group of delivered pigs at each slaughterhouse delivery (every two weeks) and cumulated over time (400 weeks). The mean seroprevalence was calculated. The percentage of groups of slaughter pigs with a seroprevalence lower than 5% (denoted $p_{5\%}$) and those with a seroprevalence higher than 40% (denoted $p_{40\%}$) are calculated from all the groups of slaughter pigs delivered to the slaughterhouse during the whole simulation and over the all runs. These values correspond to the criteria used in the *Salmonella* Danish Plan which classifies herds according to their contamination level. The groups with a seroprevalence lower than 5% are considered as *Salmonella*-free and the groups with a seroprevalence higher than 40% are considered as an high risk for food chain contamination (Alban *et al.*, 2002). An ANOVA was implemented to compare the different scenarios tested. For each mean seroprevalence, a linear generalized model was run with the three factors : the batch management, the pig growth and the decontamination efficiency. A minimum variance criterion was defined : variables accounting for more than 5% were retained in the model. The contribution of each of these factors i to the variation in the seroprevalence output p was : $C_i^p = SS_i^p / SS_{tot}^p$ with SS_{tot}^p the total sum of squares of the model for p and SS_i^p the sum of squares related to the factor i for the seroprevalence output. The sum of the contributions equalled model R^2 .

Results

Seroprevalence in groups of slaughter pigs

Mean seroprevalence in groups of slaughter pigs over time

The mean seroprevalence in groups of slaughter pigs varied over time according to the scenarios tested. The FIG. IV.2 presents the results for the two ex-

Decontamination Efficiencies	Batch Management : AIAO		Batch Management : BM	
	Average Pig Growth	Pig Growth retardation	Average Pig Growth	Pig Growth retardation
99.9%	$AIAO_{G+D+}$	$AIAO_{G-D+}$	BM_{G+D+}	BM_{G-D+}
90%	$AIAO_{G+D\approx}$	$AIAO_{G-D\approx}$	$BM_{G+D\approx}$	$BM_{G-D\approx}$
80%	$AIAO_{G+D-}$	$AIAO_{G-D-}$	BM_{G+D-}	BM_{G-D-}

Tab. IV.1 – Scenarios combining the all-in/all-out management system and different values of pig growth and decontamination efficiencies

extreme cases : the strict all-in/all-out management system with the best efficiency of decontamination 99.9% and a normal growth of pigs ($AIAO_{G+D+}$) versus the batch mixing system, the worst decontamination efficiency 80% and a slow pig growth (BM_{G-D-}). The mean seroprevalence in groups of slaughter pigs was calculated between the week 200 and the week 400, when an apparent equilibrium was reached. The mean seroprevalence for the worst scenario was around three times higher than for the best scenario in terms of biosecurity (a mean of 0.28 for BM_{G-D-} instead of 0.12 for $AIAO_{G+D+}$). Considering the mean seroprevalence over time, a decreasing decontamination efficiency induced an increased mean seroprevalence of the groups of slaughter pigs (FIG. IV.3). For the pig growth of 25.5 weeks, there was no significant difference between the AIAO and the BM batch management whatever the value of the decontamination efficiency. However, the difference in the mean seroprevalence was significant between the two management systems for a slow pig growth and this difference increased with a decreasing value of decontamination efficiency.

These results showed the main contribution of the decontamination efficiency on the seroprevalence in groups of slaughter pigs (34.2%). The retarded pig growth, which can be associated to an higher frequency of contact between animals from different batch, induced different values of seroprevalence between AIAO and BM. Its contribution alone was 23.8%. The contribution of the batch management was less than 5%.

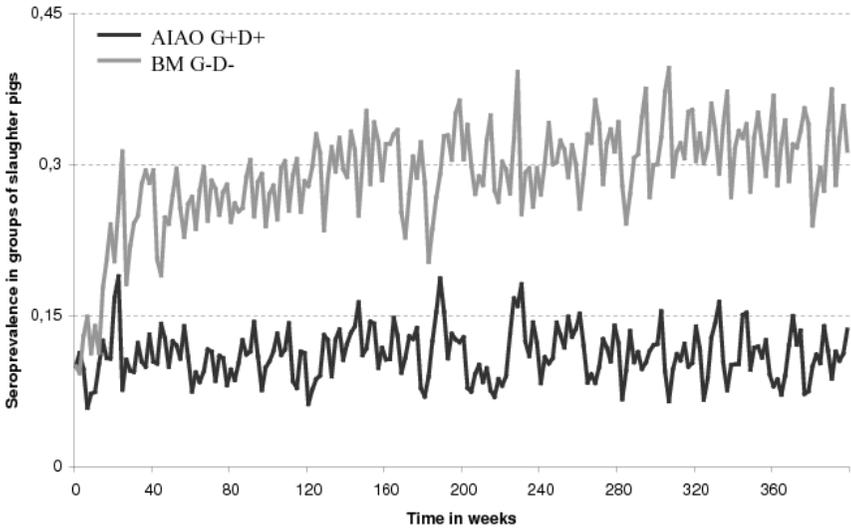


Fig. IV.2 – Seroprevalence in groups of slaughter pigs over 400 weeks. In black : the strict all-in/all-out management system with the best efficiency of decontamination 99.9% and a normal growth of pigs (25.5 weeks) ($AIAO_{G+D+}$). In grey : the batch management system with batch mixing, the worst decontamination efficiency 80% and a retarded pig growth (27 weeks) (BM_{G+D+})

Percentage of groups of slaughter pigs with a seroprevalence lower than 5% and higher than 40%

The percentage of groups of pigs with a seroprevalence lower than 5% varied between the scenarios (FIG. IV.4). The worst scenario BM_{G-D-} led to a percentage $p_{5\%}$ equal to 1.9% whereas the best scenario in terms of biosecurity $AIAO_{G+D+}$ led to a percentage $p_{5\%}$ equal to 14.7%. Within scenarios with equivalent pig growth, a progressive decrease in this percentage occurred with the reduction of the decontamination efficiency. When pigs had an average pig growth (G_+), the percentage $p_{5\%}$ decreased significantly by 3% from the AIAO to the BM management systems whatever the decontamination efficiency tested ($p < 0.001$). When pigs had a retarded pig growth, the percentage of groups with a seropre-

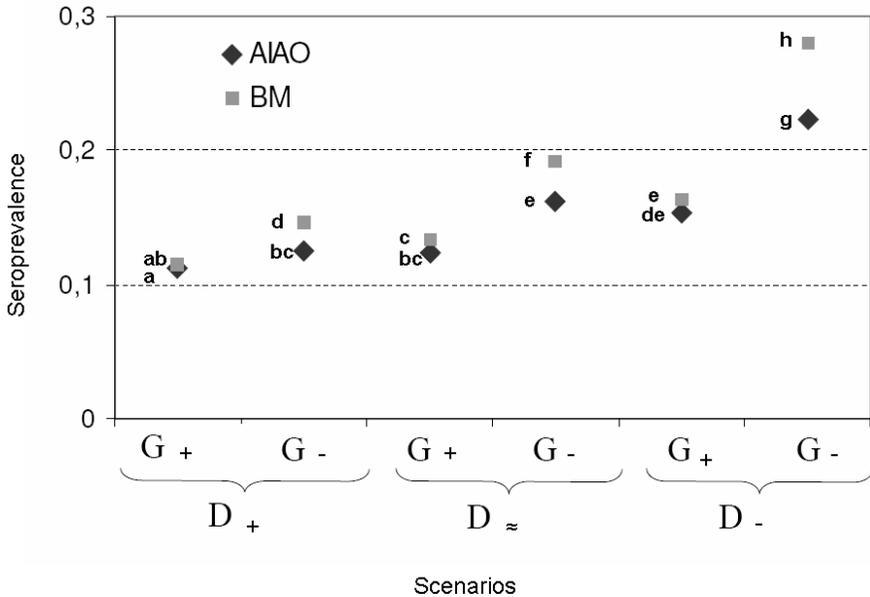


Fig. IV.3 – Mean seroprevalence in groups of slaughter pigs over 200 weeks and 150 replications for 12 scenarios combining the strict all-in/all-out batch management (AIAO in grey) or the batch mixing management (BM in black) with three values of decontamination efficiency (D) and two values of pig growth (G). D₊ : 99.9% ; D_≈ :90% ; D₋ :80% ; D₋ :27 weeks ; G₊ : 25.5 weeks ; G₋ :27 weeks. Results with the same letter were not significantly different ($p < 0.001$)

valence lower than 5% was almost twice lower for batch management systems with batch mixing than for the strict all-in/all-out batch management for a same decontamination efficiency.

This decrease was not observed for the percentage of groups of slaughter pigs with a seroprevalence higher than 40%. Indeed, when pig growth was slow and when decontamination efficiency was 99.9% and 90%, the percentage $p_{40\%}$ did not differ between the AIAO and BM management system.

The percentage $p_{40\%}$ varied between scenarios and tended to increase when within-herd biosecurity measures were not correctly implemented (FIG. IV.5). It varied from 3.8% for the scenario $AIAO_{G_+D_+}$ to 20.0% for the scenario $BM_{G_-D_-}$.

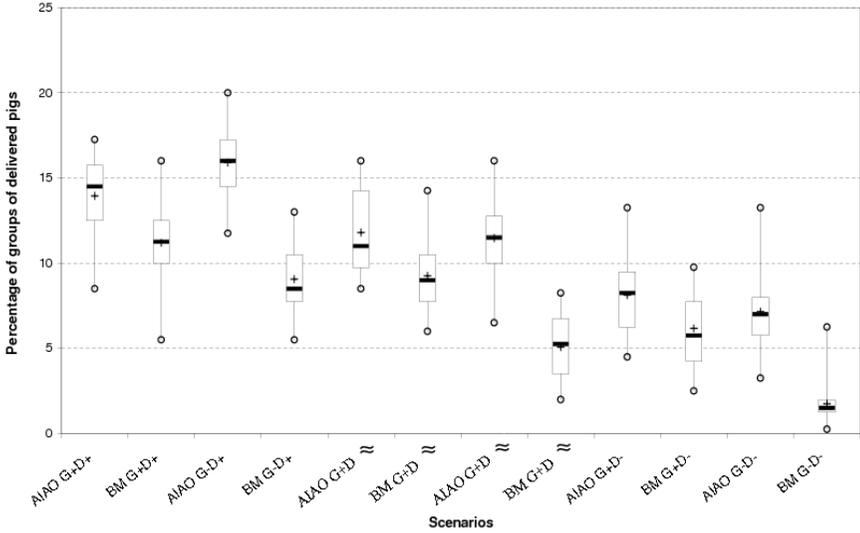


Fig. IV.4 – Percentage of groups of slaughtered pigs with a seroprevalence lower than 5% according to the 12 scenarios tested. AIAO : all-in/all-out management system ; BM : batch management system with batch mixing ; D : Decontamination efficiency, G : Pig growth. (D+ : 99.9% ; D≈ :90% ; D- : 80% ; G+ : 25.5 weeks ; G- :27 weeks) *Results with the same letter were not significantly different ($p < 0.001$)*

For all scenarios with the same pig growth (normal and slow), a progressive increase of this percentage was observed when the decontamination efficiency decrease of 99.9% to 80%. The difference of percentage was significant between the all-in/all-out batch management and the batch management system with batch mixing only for a decontamination efficiency 80% and a slow pig growth.

When the pig growth was normal, this percentage was not significantly different for the two batch management systems tested for a same decontamination efficiency.

Under-weighting delivered pigs

The percentage of pigs delivered under the expected weight varied according to the batch management system tested. The percentage was three times lower for

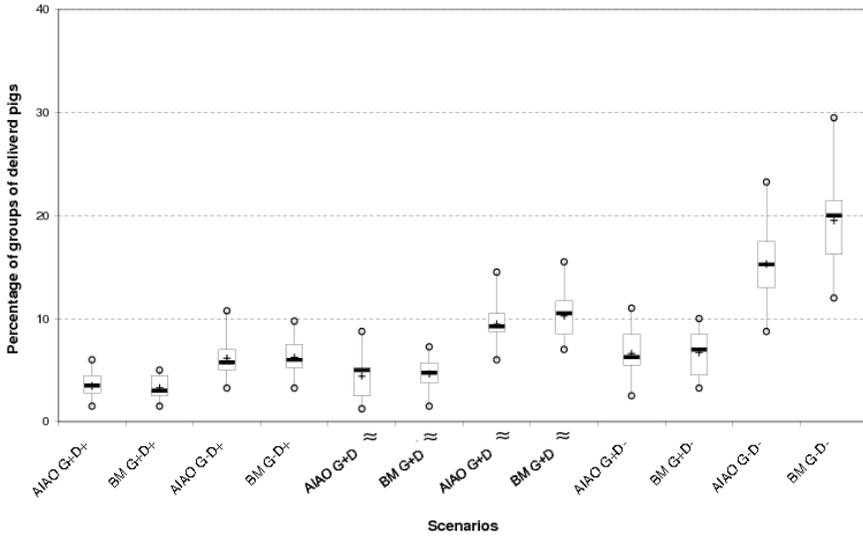


Fig. IV.5 – Percentage of groups of slaughter pigs with a seroprevalence higher than 40% according to the 12 scenarios tested. AIAO : all-in/all-out management system ; BM : batch management system with batch mixing ; D : Decontamination efficiency, G : Pig growth. (D+ : 99.9% ; D≈ : 90% ; D- : 80% ; G+ : 25.5 weeks ; G- : 27 weeks) Results with the same letter were not significantly different ($p < 0.001$)

the batch management system with batch mixing than for the all-in/all-out batch management for a normal pig growth. However, percentages of under-weighting pigs were high whatever the batch management system.

Discussion

The simulation model previously developed allowed to represent both the herd management system and the producers decisions and their influence on *Salmonella* transmission within a farrow-to-finish herd. The effect of several management systems on the pig delivery and on the seroprevalence in groups of slaughter pigs was tested with an average pig growth and with a retarded pig growth. This model allowed the comparison of measures taking into account both the pig delivery and

Batch Management	Pig growth	
	Normal Pig Growth	Slow Pig Growth
<i>AIAO</i>	9.7%(±0.2)	35.8%(±0.8)
<i>BM</i>	2.3%(±0.3)	23.1%(±1.8)

Tab. IV.2 – Percentage of pigs delivered to the slaughterhouse under the slaughterhouse expected weight. *AIAO* : All-in/All-out batch management system, *BM* : Batch management system with batch mixing, Average pig growth : (25.5 weeks) and pig growth retardation : (27 weeks)

the animal *Salmonella* status.

The batch mixing management system allowed for reducing the percentage of under-weighting delivered pigs and allows for keeping a low percentage of high seroprevalence groups of pigs when the decontamination efficiencies of 99.9 and 90%. On the contrary, with the same conditions of decontamination and pig growth, the BM management system reduced strongly the percentage of low prevalence groups of slaughter pigs.

The effect of batch management system differed for groups of delivered pigs with high or low seroprevalence. Producers should consider the further *Salmonella* control targets, before decided a batch management system to perform. They can choose to mix pigs if they are sure of their decontamination efficiency and of the zootechnical performances. If not, they should performed the strict all-in/all-out management system to avoid group of slaughter pigs with high seroprevalences.

Considering only the mean seroprevalence of groups of delivered pigs, the strict all-in/all-out management system was the best measure to maintain low seroprevalence whatever the pig growth considered. However, a lower room decontamination efficiency can lead to induce an increasing mean seroprevalence for scenarios with *AIAO* when the pig growth was retarded. It could be explain by the fact that a pig growth retardation induced more numerous pigs in a batch at the end of the finishing period than an average pig growth (almost all animals of the batch left the herd at time to empty the finishing room). It could lead to more shedding pigs which can shed bacteria in the room and infected more susceptible pigs. The

implementation of the strict all-in/all-out batch management system induced a higher reduction of the effect of a poor decontamination on the seroprevalence in groups of slaughter pigs than the batch mixing management system. However, in this study, this strict AIAO can be implemented only when the pig growth was normal because with a slow pig growth the percentage of under-weighting delivered was too high.

The producer choice in terms of management is related to the compromise between biosecurity measures implementation and maximum income by pig delivery. The pig delivery has to be considered, because without financial penalties for *Salmonella* contamination of groups of delivered pigs, producers can choose to avoid to deliver under-weighting pigs rather than to implement within-herd biosecurity measures. Their priorities may change according to the implementation of control plans which generate financial penalties for groups of delivered pigs with a high seroprevalence. The producers priorities may also depend on the health status history of their herd. If they had already been faced to a disease spread which induces important losses (zootechnical performance and/or financial), they may tend to implement the within-herd biosecurity measures.

The within-herd biosecurity measures tested were fixed over time because we assumed that the batch management system was constrained by the farm structure and by the producers decisions which did not vary over time. On the contrary, pig growth can vary accidentally, for example because of the occurrence of a disease in the herd. But producers can not tolerate a pig growth retardation for a long time. Our results show that a variation in pig growth can rapidly influence the seroprevalence in groups of delivered pig. A first step to control *Salmonella* infection is based on the control of pig growth.

The within-herd biosecurity measures can be sufficient to maintain a low seroprevalence of *Salmonella* in herds.

The within-herd biosecurity are also essential to the control of other pathogens than *Salmonella*. Actually, pigs infected by some other pathogens also present retarded growth because of infection (Wilson *et al.*, 1986). If the within-herd biosecurity measures are not implemented, the disease spread more rapidly and there are more pigs with a slower pig growth and, then, more under-weighting pigs. It

leads to more batch mixing and then, higher magnitude of the disease's spread.

The within-herd biosecurity measures, which reduce the contact of pigs with the bacteria, are needed to maintain low seroprevalence in herds but are not always sufficient to reduce the seroprevalence under an acceptable threshold as shown with the values tested. The measures which lead to reduce the sensibility of pigs to a new infection have to be assessed.

References

- Alban L. and Stärk K. D. C., Where should the effort be put to reduce the *Salmonella* prevalence in the slaughtered swine carcass effectively? *Prev. Vet. Med.*(2005) 68(1), 63-79.
- Beloil P.A., Fravallo P., Fablet C., Jolly J.P., Eveno E., Hascoet Y., Chauvin C., Salvat G. and Madec F., Risk factors for *Salmonella enterica* subsp *enterica* shedding by market-age pigs in French farrow-to-finish herds. *Prev. Vet. Med.* (2004) 63(1-2) : 103-120.
- Berends B.R., Urlings H.A.P., Snijders J.M.A., Van Knapen F., Identification and quantification of risk factors in animal management and transport regarding *Salmonella* spp. In pigs. *Int. J. Food Microbiol.*, (1996) 30, 37-53.
- Cook A.J.C., Miller A., Snow L., Davies R.H., Epidemiological studies of *Salmonella* infection in pigs. *MedVetNet General Scientific Meeting*. Winchester (2005).
- Dahl, J., Wingstrand, A., Nielsen, B., Baggesen, D.L., Elimination of *Salmonella* Typhimurium infection by the strategic movement of pigs. *Vet. Res.* (1997) 28 : 679-681.
- EFSA, Opinion of the scientific panel on biological hazards on 'Risk assessment and mitigation options of *Salmonella* in pig production'. *The EFSA journal*, (2006) 341, 1-131.
- Fablet C., Chauvin C., Jolly J.P., Eveno E., Chöuet S., Miéli L., Madec F., Beloil P.A., Etude des circonstances associées à l'infection des porcs en crois-

sance(2006)

Institut Technique du Porc, Le porc par les chiffres 2005. ITP eds.(2006) 52 pp.

Lurette A., Belloc C., Touzeau S., Hoch T., Seegers H., Fourichon C., Modelling batch farrowing management within a farrow-to-finish pig herd : influence of management on contact structure and pig delivery (Accepted in Animal).

Nielsen B., Baggesen D., Bager F., Haugegaard J., Lind P., The serological response to *Salmonella* serovars Typhimurium and Infantis in experimentally infected pigs. The time course followed with an indirect anti-LPS ELISA and bacteriological examinations. Vet. Microbiol. (1995) 47 : 205-218.

WHO, Report of the WHO/WAVFV. Round table conference on the present status of the *Salmonella* problem (Prevention and control). Bilthoven, (1983) WHO/VPH/81.27.

Rajkowski K.T., Eblen S. and Laubauch C., Efficacy of washing and sanitizing trailers used for swine transport in reduction of *Salmonella* and *Escherichia coli*. J. Food Protect. (1982) 61(1) : 31-35.

SalinPork, Pre-harvest and harvest control options based on epidemiologic, diagnostic and economic research. D.M.A. Lo FoWong and T. Hald, eds. (2000) 266pp.

Schmidt P.L., O'Connor A.M., McKean J.D., The association between cleaning and disinfection of lairage pens and the prevalence of *Salmonella enterica* in swine at harvest. J. Food Protect. (2004) 67(7) : 1384-1388.

Thomas (1982)

Wilson M.R., Takov R., Friendship R.M., Martin S.W., McMillan I., Hacker R.R. and Swaminathan S., Prevalence of respiratory diseases and their association with growth rate and space in randomly selected swine herds. J. Can. Vet. Res. (1986) 50(2) 209-216.

IV.3.2 Evaluation exploratoire de mesures accroissant la résistance des porcs à l'infection : exemple de la vaccination et de l'acidification de l'aliment en élevages porcins

IV.3.2.1 Introduction

Dans certains troupeaux, des limites à la mise en place de mesures strictes de biosécurité interne peuvent exister. Du fait de la variabilité de croissance des porcs d'une même bande, la conduite en bande stricte est difficile à respecter pour les éleveurs [66, 88] et le recours au mélange de bandes est fréquent. Face à la difficulté de maîtriser la prévalence des salmonelles en élevage à l'aide des mesures de biosécurité, il est intéressant d'étudier des mesures qui permettent d'accroître la résistance des porcs à l'infection lors de l'exposition.

Les principaux résultats d'études épidémiologiques analytiques et des travaux réalisés en exploitations avicoles, montrent que les mesures d'acidification de l'aliment [143] et de vaccination [68] semblent être des perspectives intéressantes pour la maîtrise de l'infection par les salmonelles dans la filière porcine. Nous avons donc choisi d'évaluer l' (ou les) effet(s) de la mise en oeuvre de ces deux mesures dans un troupeau porcin.

L'acidification de l'alimentation ou de l'eau de boisson est déjà utilisée dans les troupeaux porcins pour lutter contre les troubles digestifs d'origine bactérienne (par exemple *Lawsonia intracellularis*). L'application de cette mesure est également associée à de plus faibles prévalences de *Salmonella* [45, 51]. En effet, des études épidémiologiques ont montré que la distribution de l'aliment sous forme liquide (en soupe) permet de réduire la prévalence en salmonelles dans un troupeau par rapport à l'utilisation d'aliment sec [21]. De plus, parmi les aliments liquides, ceux fermentés entraînent une réduction supérieure de la prévalence de l'infection [45, 51, 139, 141]. Or, les aliments fermentés contiennent une flore produisant des acides organiques [144]. Cette mesure d'acidification modifie l'écosystème digestif du porc [59] :

- le pH de la lumière intestinale est abaissé ;
- les acides ont un rôle anti-bactérien (augmente la perméabilité de la mem-

brane cellulaire des bactéries, inhibition des fonctions métaboliques des bactéries, modification de leur pH interne et accumulation d'anions toxiques dans les bactéries) ;

- les bactéries lactiques issues de la fermentation entrent dans la flore de compétition.

L'acidification entraîne donc un accroissement de la résistance à l'infection par le biais d'une limitation de la colonisation du tractus gastro-intestinal par les salmonelles. La modification de l'écosystème digestif induit une diminution de la multiplication de la bactérie qui, associée à une moindre multiplication, induit une dose excrétée en plus petite quantité.

En Europe, les salmonelloses cliniques restent peu fréquentes, les infections sub-cliniques sont majoritaires. Un vaccin idéal contre *Salmonella* Typhimurium préviendrait : (1) la colonisation du tractus digestif, (2) l'excrétion de *Salmonella* dans l'environnement, (3) le développement d'animaux porteurs et (4) les cas cliniques et permettrait l'élimination des bactéries chez les porcs infectés. Pour le moment cependant, comme en filière de volailles, la vaccination dirigée contre les salmonelles semble seulement réduire la pression de l'infection i.e. l'excrétion et est efficace uniquement associée à d'autres mesures (additifs alimentaires, probiotiques...) [11]. Etant donné l'importance des infections en Europe, un vaccin contre les salmonelles devrait être capable de : (1) prévenir les symptômes cliniques, (2) réduire l'excrétion de la bactérie par les porcs infectés et donc la transmission à d'autres porcs et (3) augmenter le seuil d'infection des animaux sensibles [63].

Les premiers vaccins développés sont dirigés contre les salmonelloses cliniques dues à *Salmonella* Choleraesuis et à *Salmonella* Typhimurium [90]. Les infections par le sérotype adapté aux porcs *S. Choleraesuis* sont fréquentes en Amérique du Nord mais ne sont que rarement décrites en Europe de l'Ouest. Les maladies associées à ce sérotype sont caractérisées par des septicémies, des entérites ou des pneumonies. Les vaccins dirigés contre *S. Choleraesuis* ont permis de diminuer la sévérité des signes cliniques, l'excrétion de la bactérie dans les matières fécales et le portage dans les organes internes. L'inoculation intra-nasale avec un vaccin similaire de *S. Choleraesuis* réduit le portage de *Salmonella* Typhimurium dans les noeuds lymphatiques mais ne réduit pas l'excrétion dans les matières fécales [84].

Au Danemark, Dahl *et al.* (1997b) [38] ont montré que l'utilisation de vaccins réduit l'impact clinique des salmonelloses à *Salmonella* Typhimurium chez les porcs mais ne réduit pas l'infection sub-clinique. Récemment, un vaccin dirigé contre *Salmonella* Typhimurium a montré quelque protection contre la colonisation du tractus digestif par les salmonelles en conditions expérimentales [128] et en conditions d'élevage [86].

L'approche par modélisation est ici utilisée pour évaluer l'impact de différents effets biologiques sur la transmission des salmonelles dans un troupeau. Aucune information n'est actuellement disponible quant à l'effet quantifié de la mise en oeuvre de l'une ou l'autre mesure sur le mécanisme d'infection. Dans cette étude, nous avons donc utilisé le modèle épidémiologique d'une manière exploratoire c'est-à-dire qu'il a été utilisé de manière à déterminer les valeurs de paramètres du modèle permettant de réduire la transmission dans le troupeau. Cette étude consiste (1) à déterminer l'effet de la mesure sur les mécanismes de l'infection, (2) à identifier les paramètres du modèle associés à cet (ces) effet(s) et (3) à évaluer le niveau de variation de ces paramètres à atteindre pour que la mesure ait un effet significatif sur la prévalence de l'infection.

IV.3.2.2 Matériels et méthodes

Représentation des mesures par le modèle Nous avons supposé que l'acidification de l'aliment et la vaccination permettaient de réduire [59] :

- la colonisation et la multiplication des salmonelles dans le tractus gastro-intestinal ;
- la quantité de bactéries excrétées ;
- la durée d'excrétion (primo-infection, réactivation chez les animaux porteurs) ;

D'après nos hypothèses, les mesures d'acidification et de vaccination agissent sur les mêmes mécanismes d'infection. Ces mécanismes sont représentés dans le modèle par des paramètres épidémiologiques (FIG. IV.6) :

- la probabilité d'infection (p_I) ;
- la durée d'excrétion (λ_2) ;

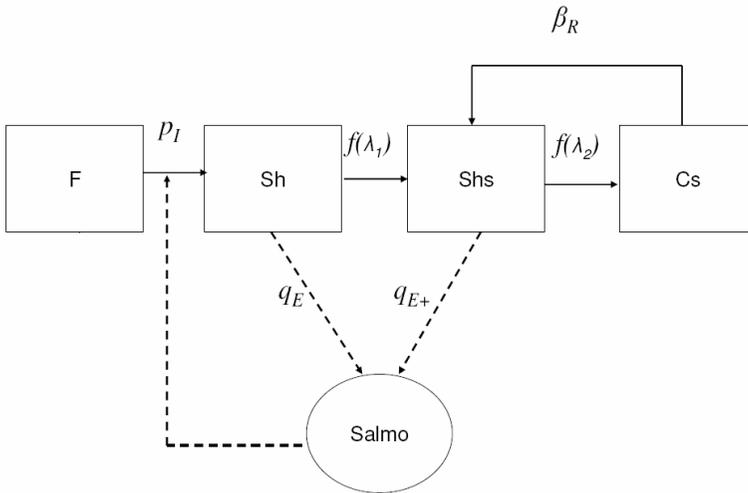


Fig. IV.6 – Représentation des paramètres épidémiologiques associé aux mécanismes d'infection ciblés par les mesures d'acidification de l'alimentation et de vaccination. p_I : probabilité d'infection; λ_2 : durée d'excrétion; q_{E+} et q_E : dose excrétée par un excréteur (séropositif ou non); β_R : probabilité de réactivation

- la dose excrétée par un excréteur (séropositif ou non) (q_{E+} ou q_E);
- la probabilité de réactivation (transition de l'état C_S à l'état Sh_S) (β_R).

Pour chacun de ces paramètres une réduction de 25, 50, et 90% par rapport à la valeur initiale a été testée. Nous avons considéré que l'application d'une mesure d'acidification de l'alimentation consisterait à traiter toutes les bandes d'animaux d'un même stade de reproduction (truies) ou de croissance (porcs) pour lesquels l'aliment utilisé est identique. Afin de simuler la mise en oeuvre de l'acidification, les modifications des paramètres associés à cette mesure sont appliquées à différentes catégories d'animaux selon les scénarios :

- aux truies durant les périodes de verraterie et de gestation,
- aux truies durant la période maternité,
- aux porcelets durant la période post-sevrage,
- aux porcs durant la période d'engraissement.

La modification des valeurs de paramètres est appliquée pendant la totalité de la période décrite ci-dessus. Quand les animaux changent de stade de reproduction (truies) ou de croissance (porcs), l'arrêt de la mesure correspond à la réinitialisation des paramètres précédemment modifiés.

Deux protocoles de vaccination ont été simulés : la vaccination des truies et celles des porcelets. Le protocole vaccinal des truies associé à ces hypothèses est une vaccination des cochettes en quarantaine et puis un rappel des truies à chaque nouveau cycle de reproduction avec l'immunité vaccinale acquise lors de la mise à la reproduction. Pour les porcelets, la vaccination serait réalisée au moment de la disparition des anticorps maternels pour prendre le relai de l'immunité passive en début de post-sevrage. Nous avons modifié les valeurs des paramètres énoncés ci-dessus pour représenter la présence d'une immunité vaccinale :

- chez les truies en début de gestation,
- chez les porcelets au sevrage.

Une fois la modification des paramètres appliquée pour une population considérée, cette population conserve ces nouvelles valeurs jusqu'à leur sortie de l'élevage (mort, réforme ou départ abattoir).

Simulations et analyse Différents scénarios ont été testés représentant la mise en oeuvre de ces deux mesures en élevage. Le troupeau est initialement contaminé par les salmonelles avec une moyenne de séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers égale à 10%. Toutes les trois semaines, un lot de cochettes infectées de séroprévalence moyenne 5% est introduit dans le troupeau de truies. Pour chaque type de mesure étudié, les scénarios combinent :

- les catégories d'animaux ciblées (4 pour l'acidification et 2 pour la vaccination)
- les trois niveaux de réduction pour chacun des 4 paramètres épidémiologiques testé et leur niveau par défaut.

Les combinaisons possibles pour la mesure d'acidification représentent 1024 scénarios ($4^4 \times 4$) soient 1024 simulations. Cela représente 512 simulations pour la mesure de vaccination. De plus, pour chacune des simulations, dix répliques ont été réalisées sur 400 semaines.

La mesure correspondant à la plus forte réduction de tous les paramètres épidémiologiques et appliquée à toutes les catégories d'animaux de l'élevage est intuitivement celle qui permet d'obtenir les meilleurs résultats en termes de réduction de séroprévalence.

Pour identifier le niveau de réduction d'un ou de plusieurs paramètres s'accompagnant d'un effet significatif sur la séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers livrés à l'abattoir. L'identification de ces paramètres pourrait être un préliminaire pour la mise en oeuvre d'expérimentations où l'on s'attachera les étudier en particulier. Nous avons voulu aussi identifier la catégorie d'animaux sur laquelle la mesure doit être appliquée.

Une étude statistique a été réalisée. Deux variables à expliquer ont été considérées séparément : les pourcentages de lots de porcs charcutiers avec une séroprévalence supérieure à 40% (aussi noté $p_{40\%}$) ou avec une séroprévalence inférieure à 5% (noté $p_{5\%}$). Les variables explicatives étaient des combinaisons des paramètres épidémiologiques p_I , d_E , q_E et β_R et des catégories d'animaux concernées. Dans un premier temps, pour identifier l'effet des différents paramètres testés, nous avons utilisé une analyse de variance avec la PROC GLM sous SAS 8.0 [123]. Cette étude permet de sélectionner les scénarios intéressants à comparer et nécessitant un nombre de simulations plus élevé.

Pour chacune des combinaisons retenues, 150 simulations sont réalisées et les moyennes de $p_{5\%}$ et de $p_{40\%}$ sont calculées pour tous les niveaux de facteurs combinés (taux de réduction des paramètres). Ces moyennes sont comparées par une ANOVA ($p < 0.05$).

Pour chacune des variables de sortie utilisées ($p_{5\%}$ et $p_{40\%}$), un seuil d'efficacité peut être choisi comme valeur limite qui serait appliquée dans le cas de la mise en place d'une action collective à l'échelle de la filière de production. Dans notre étude, cette action viserait à la fois (i) à augmenter le nombre de lots inférieurs à 5% de séroprévalence, en attribuant des aides financières par exemple, et (ii) à diminuer le nombre de lots supérieurs à 40% de séroprévalence en infligeant des pénalités financières. Nous avons considéré une valeur de seuil à ne pas dépasser pour le pourcentage de lots de porcs charcutiers envoyés à l'abattoir avec une séroprévalence élevée égale à 0,5%. Le seuil à atteindre pour le pourcentage de

lots de porcs charcutiers envoyés à l'abattoir avec une séroprévalence inférieure à 5% est fixé à 35%.

IV.3.2.3 Résultats

Effet potentiel d'une acidification de l'alimentation sur la séroprévalence de salmonelles Le modèle linéaire généralisé a permis de mettre en évidence l'effet significatif ($p < 0.001$) de la catégorie d'animaux, de la probabilité d'infection p_I , de la durée d'excrétion λ_2 et de la dose excrétée q_E sur les variables de sortie. Tous ces paramètres sont associés au mécanisme d'infection et l'effet significatif de chacun d'entre eux confirme bien leur action sur la réduction de la séroprévalence. Le modèle linéaire généralisé met aussi en évidence l'effet significatif de deux interactions d'ordre 1 sur les pourcentages de lots de porcs charcutiers avec une séroprévalence inférieure à 5% et ceux avec une séroprévalence supérieure à 40% ($p < 0.05$). Ces interactions sont :

- la catégorie d'animaux ciblée combinée avec la probabilité d'infection ($pop \times p_I$);
- la catégorie d'animaux ciblée combinée avec la durée d'excrétion ($pop \times \lambda_2$);
- la catégorie d'animaux ciblée combinée avec la dose excrétée ($pop \times q_E$).

Les interactions d'ordre 2 n'ont pas d'effet significatif ($P_{value} > 0.05$).

Pourcentage de lots avec une séroprévalence inférieure à 5% ($p_{5\%}$)

L'influence de la diminution de la probabilité d'infection sur le pourcentage de lots avec une séroprévalence inférieure à 5% varie en fonction des catégories d'animaux considérées (FIG. IV.7).

Une réduction de 25% de la valeur initiale de la probabilité d'infection chez les truies en verraterie, les porcs en post-sevrage et en engraissement induit une augmentation significative de $p_{5\%}$. Une réduction de 90% entraîne une augmentation de $p_{5\%}$ correspondant à plus de trois fois sa valeur initiale. Par contre, quelle que soit la réduction de la probabilité d'infection chez les truies en maternité, aucune augmentation significative de $p_{5\%}$ n'est observée. Un effet significatif de la diminution de la durée d'excrétion est constaté pour chaque catégorie d'animaux testée sauf pour les truies en maternité, à partir d'une réduction de 50% de cette durée. Une réduction de 25% de la dose de salmonelles excrétées par les truies

Catégories d'animaux	% de réduction de la probabilité d'infection				% de réduction de la durée d'excrétion				% de réduction de la dose excrétée			
	0	25	50	90	0	25	50	90	0	25	50	90
Truies en verraterie et en gestation	16.4	23	29	52	16.4	17.7	24	27	16.4	17	14.5	15.2
Truies en maternité	16.4	16.4	16.4	16.4	16.4	16.4	19	24	16.4	29	52	56
Porcs en post-sevrage	16.4	22	32	47	16.4	14.8	19	20	16.4	17	17.5	16.3
Porcs en engraissement	16.4	27	40	62	16.4	14.7	23	21	16.4	14.7	16.5	14.6

Fig. IV.7 – Influence de la diminution de trois paramètres épidémiologiques pour différentes catégories d'animaux pendant la durée de leur stade de croissance ou de reproduction sur le pourcentage de lots de porcs charcutiers livrés à l'abattoir avec une séroprévalence inférieure à 5% ($p_5\%$). En gras : catégories d'animaux et réduction de la valeur de paramètre entraînant une diminution significative de $p_5\%$ ($p < 0.001$)

en maternité entraîne une augmentation significative de $p_5\%$, qui triple pour une réduction de 50%. Par contre, il n'y a aucun effet significatif de la diminution de cette dose pour les autres populations considérée.

Pourcentage de lots avec une séroprévalence supérieure à 40%

L'influence de la réduction des valeurs de paramètres n'est pas identique sur le pourcentage de lots avec une séroprévalence inférieure à 5% et sur ceux avec une séroprévalence supérieure à 40% (FIG. IV.8).

Une réduction de la probabilité d'infection supérieure ou égale à 50% est nécessaire pour obtenir un effet significatif pour les truies en verraterie et en gestation et pour les truies en maternité. Une réduction de 25% pour les porcs (en post-sevrage et en engraissement) permet d'obtenir une diminution significative de $p_{40\%}$. Un pourcentage nul est atteint à partir d'une réduction de 50% pour les porcs en engraissement. Une réduction de plus de 50% de la durée d'excrétion chez les porcs en post-sevrage et chez ceux en engraissement entraîne un effet significatif sur $p_{40\%}$. Comme pour $p_5\%$, un effet significatif d'une réduction de la dose de

Catégories d'animaux	% de réduction de la probabilité d'infection				% de réduction de la durée d'excrétion				% de réduction de la dose excrétée			
	0	25	50	90	0	25	50	90	0	25	50	90
Truies en verraterie et en gestation	1.6	1.2	0.7	0.2	1.6	1.5	1.1	0.4	1.6	1.7	1.8	1
Truies en maternité	1.6	2.2	0.9	1.5	1.6	1.7	1	0.2	1.6	0.4	0.1	0
Porcs en post-sevrage	1.6	0.5	0.1	0	1.6	1.2	0.7	0.3	1.6	1.3	1.7	1.1
Porcs en engraissement	1.6	0.1	0	0	1.6	1.3	0.9	0.3	1.6	2.3	1.7	1.9

Fig. IV.8 – Influence de la diminution de trois paramètres épidémiologiques pour différentes catégories d'animaux pendant la durée de leur stade de croissance ou de reproduction sur le pourcentage de lots de porcs charcutiers livrés à l'abattoir avec une séroprévalence supérieure à 40%. En gras : catégories d'animaux et réduction de la valeur de paramètre entraînant une diminution significative de $p_{40\%}$ ($p < 0.001$)

salmonelles excrétées n'est observé que pour les truies en maternité et ce, à partir de 25% de réduction de la dose.

Effet potentiel d'une vaccination sur la séroprévalence de *Salmonella* Les mêmes interactions que la mesure d'acidification sont mises en évidence par le modèle linéaire généralisé.

Pourcentage de lots avec une séroprévalence inférieure à 5%

Pour les truies et les jeunes porcs, une réduction de la probabilité d'infection de plus de 50% induit une augmentation significative de $p_{5\%}$ qui double par rapport à sa valeur initiale (FIG. IV.9).

L'effet de la réduction de la durée d'excrétion est significatif à partir de 50% pour les deux populations considérées. Par contre, pour la dose de salmonelles excrétée, aucun effet sur $p_{5\%}$ n'est constaté pour les jeunes porcs quelle que soit la réduction de . A l'inverse une réduction de 25% de la dose excrétée pour les truies entraîne une augmentation significative de $p_{5\%}$.

Catégories d'animaux	% de réduction de la probabilité d'infection				% de réduction de la durée d'excrétion				% de réduction de la dose excrétée			
	0	25	50	90	0	25	50	90	0	25	50	90
Truies en verraterie	17.1	17.2	34	56	17.1	16.5	25	28	17.1	26	52	54
Porcs en début post-sevrage	17.1	15.5	33	57	17.1	16.9	21	22	17.1	15	14.4	16.4

Fig. IV.9 – Influence de la diminution de trois paramètres épidémiologiques pour les truies à partir de la verraterie et les porcelets après le sevrage et de façon durable sur le pourcentage de lots de porcs charcutiers livrés à l'abattoir avec une séroprévalence inférieure à 5%. En gras : catégories d'animaux et réduction de la valeur de paramètre entraînant une diminution significative de $p_5\%$ ($p < 0.001$)

Pourcentage de lots avec une séroprévalence supérieure à 40%

Une diminution significative de $p_{40\%}$ est constatée pour une réduction de 25% de la probabilité d'infection des truies (FIG. IV.10). Une réduction de p_I supérieure ou égale à 90% pour les truies et supérieure ou égale à 25% pour les jeunes porcs permet d'obtenir un pourcentage de lots de porcs charcutiers avec une séroprévalence supérieure à 40% égal à zéro. Une réduction de la durée d'excrétion supérieure ou égale à 50% entraîne un pourcentage de lots avec une séroprévalence supérieure à 40% significativement réduit. Comme pour $p_5\%$, quelle que soit le taux de réduction de la dose de salmonelles excrétées, aucun effet significatif n'est observé sur $p_{40\%}$ pour les jeunes porcs. Au contraire, une réduction de 50% de cette dose chez les truies permet d'obtenir un pourcentage $p_{40\%}$ nul.

Application d'une mesure Dans le cas d'une acidification de l'aliment, les catégories d'animaux associées aux valeurs de paramètres qui permettent d'atteindre les seuils de cette mesure pour $p_5\%$ correspondent à une réduction de la probabilité d'infection pour les truies en verraterie, les porcs en post-sevrage et les porcs en engraissement IV.3. Pour les truies en maternité, le seuil de $p_5\%$ est atteint par la diminution de la dose de salmonelles excrétées. Concernant le seuil de

Catégories d'animaux	% de réduction de la probabilité d'infection				% de réduction de la durée d'excrétion				% de réduction de la dose excrétée			
	0	25	50	90	0	25	50	90	0	25	50	90
Truies en verraterie	1.5	1.1	0	0	1.5	1.3	0	0	1.5	1	0	0
Porcs en début post-sevrage	1.5	0	0	0	1.5	1	1	0	1.5	2	2.2	1.3

Fig. IV.10 – Influence de la diminution de trois paramètres épidémiologiques pour les truies à partir de la verraterie et les porcelets après le sevrage et de façon durable sur le pourcentage de lots de porcs charcutiers livrés à l'abattoir avec une séroprévalence supérieure à 40%. En gras : catégories d'animaux et réduction de la valeur de paramètre entraînant une diminution significative de $p_{40\%}$ ($p < 0.001$)

$p_{40\%}$, il est atteint soit par diminution de la probabilité d'infection p_I pour toutes les catégories d'animaux (90% pour les truies et 25% pour les porcs), soit par une diminution de la dose de salmonelles excrétées pour les catégories de truies ou par une diminution de la durée d'excrétion pour les catégories de porcs.

Dans le cas d'une vaccination, le nombre de combinaisons permettant d'atteindre les seuils de cette mesure pour $p_{5\%}$ est plus élevé pour les truies que pour les jeunes porcs (IV.4). Les seuils de $p_{5\%}$ et de $p_{40\%}$ sont atteints pour les deux catégories d'animaux avec une diminution de la probabilité d'infection de 90%. Les deux seuils sont atteints pour une diminution de la quantité excrétée des truies de 50 et 25% pour respectivement $p_{5\%}$ et $p_{40\%}$. Le seuil de $p_{40\%}$ est atteint pour les truies et les porcelets avec une diminution de la durée d'excrétion de 50%.

IV.3.2.4 Discussion

Cette étude a permis de tester l'effet potentiel de la diminution des paramètres épidémiologiques, étant des cibles de mesures de maîtrise, sur le pourcentage de lots de porcs charcutiers avec des séroprévalences très faibles ou avec des séroprévalences élevées. Les paramètres épidémiologiques testés ici sont ceux susceptible d'être la cible d'une mesure d'acidification de l'aliment et d'une mesure de vaccina-

Catégories d'animaux		
	$p_{5\%}$	$p_{40\%}$
Truies en verraterie et gestation	<ul style="list-style-type: none"> ● réduction de 50% de p_I 	<ul style="list-style-type: none"> ● réduction de 90% de p_I ; ● réduction de 25% de q_E
Truies en maternité	<ul style="list-style-type: none"> ● réduction de 90% de q_E 	<ul style="list-style-type: none"> ● réduction de 90% de p_I ● réduction de 90% de q_E
Porcs en post-sevrage	<ul style="list-style-type: none"> ● réduction de 90% de p_I 	<ul style="list-style-type: none"> ● réduction de 25% de p_I ; ● réduction de 90% de λ_2
Porcs en engraissement	<ul style="list-style-type: none"> ● réduction de 50% de p_I 	<ul style="list-style-type: none"> ● réduction de 25% de p_I ; ● réduction de 90% de λ_2

Tab. IV.3 – Combinaisons de populations cibles et de réduction de paramètres épidémiologiques permettant d'atteindre le seuil de 35% de lots de porcs charcutiers avec une séroprévalence inférieure à 5% ($p_{5\%}$) et le seuil de 0,5% pour les lots avec une séroprévalence supérieure à 40% ($p_{40\%}$) pour une mesure d'acidification de l'aliment

tion. Ces deux mesures ne diffèrent que par rapport aux populations sur lesquelles elles sont appliquées et à leur durée d'action respective (durable pour la vaccination et temporaire pour l'acidification de l'aliment).

L'effet de l'application de ces mesures sur $p_{5\%}$ et $p_{40\%}$ varie en fonction de la catégorie d'animaux sur laquelle la mesure est appliquée. Les seuils utilisés dans cette étude permettent d'identifier les combinaisons de catégories d'animaux cibles et de paramètres épidémiologiques nécessaires à prendre en compte pour obtenir une réduction de prévalence chez le porc charcutier. Dans notre cas, les seuils fixés permettent d'observer l'effet de la mise en oeuvre de mesures sur les lots fortement contaminés et les lots faiblement contaminés. Les seuils de séroprévalence choisis sont arbitraires dans cette étude. Selon les objectifs des mesures appliquées (autre que diminuer les lots fortement contaminés et augmenter les lots indemnes), d'autres critères pourront être utilisés et intégrés dans le modèle.

De plus, les résultats de cette étude montrent que les effets des mesures testées diffèrent selon la variable de sortie considérée. En effet, un taux de réduction

Catégories d'animaux		
	$p_{5\%}$	$p_{40\%}$
Truies en verraterie	<ul style="list-style-type: none"> • réduction de 90% de p_I ; • réduction de 50% de q_E 	<ul style="list-style-type: none"> • réduction de 90% de p_I ; • réduction de 50% de λ_2 ; • réduction de 25% de q_E
Porcs en début de post-sevrage	<ul style="list-style-type: none"> • réduction de 90% de p_I 	<ul style="list-style-type: none"> • réduction de 90% de p_I ; • réduction de 50% de λ_2

Tab. IV.4 – Combinaisons de populations cibles et de réduction de paramètres épidémiologiques permettant d'atteindre le seuil de 35% de lots de porcs charcutiers avec une séroprévalence inférieure à 5% ($p_{5\%}$) et le seuil de 0,5% pour les lots avec une séroprévalence supérieure à 40% ($p_{40\%}$) pour une mesure de vaccination

des paramètres épidémiologiques plus faible permet d'obtenir des effets plus marqués sur le pourcentage de lots avec une séroprévalence faible que sur celui des lots avec une séroprévalence élevée. Cependant, étant donnée la valeur initiale du pourcentage de lots de séroprévalence élevée, ces résultats sont à préciser.

L'effet de la réduction des valeurs de paramètres épidémiologiques est différent selon la variable de sortie considérée. Dans une perspective de mise en place d'un plan de maîtrise, il sera donc nécessaire d'identifier l'objectif prioritaire de la mesure à appliquer : soit réduire les lots envoyés à l'abattoir avec une forte prévalence, soit augmenter les lots avec une faible prévalence. Par exemple, les pénalités financières du plan danois sont de l'ordre de 2 à 8% des recettes d'abattage pour les troupeau possédant un indice de séroprévalence supérieur à 40% [94] et visent en priorité à réduire les lots de porcs charcutiers avec une séroprévalence élevée.

La probabilité d'infection semble être le facteur prioritaire à cibler. En effet, pour toutes les populations considérées, et quelle que soit la durée de l'action sur la probabilité d'infection (réduction durable ou durant une étape de croissance ou de reproduction), un effet significatif est observé sur les variables de sortie $p_{5\%}$ et $p_{40\%}$.

Les autres facteurs ont une influence sur les variables de sortie uniquement pour une population cible spécifique ou pour des taux de réduction très élevés.

Quelles que soient les combinaisons testées, celles permettant de limiter l'infection des porcelets par les truies (diminution de la probabilité d'infection des truies ou diminution de la dose de salmonelles excrétées par les truies en maternité) sont efficaces pour réduire les lots de porcs charcutiers à risque et augmenter ceux de très faible prévalence. De même, les combinaisons qui entraînent un effet significatif d'amélioration de la prévalence en salmonelles sont celles qui permettent de réduire l'infection des porcs en engraissement.

Le fait d'agir sur les truies en maternité (dose de salmonelles excrétées) est probablement un point clé pour la maîtrise de la transmission intra-troupeau. Ces résultats sont à associer à ceux de l'étude d'analyse de sensibilité de Lurette *et coll.* (à soumettre) (III.3.2, 124). En effet, les mesures permettant de limiter l'infection des porcelets durant la période de lactation semblent être essentielles dans la maîtrise des salmonelles dans un troupeau porcin. Cependant, les modèles précédemment développés sur la transmission des salmonelles dans un troupeau dans une perspective de maîtrise ne considèrent pas la phase de naissage [138, 67].

La vaccination semble une mesure plus efficace que l'acidification de l'aliment surtout quand elle est appliquée aux truies. Même si elle confère aux animaux vaccinés une immunité partielle, elle est plus durable que la protection associée à l'ingestion d'aliment acidifié. Dans notre hypothèse, la vaccin ne permet pas aux animaux d'être protégés contre une nouvelle infection et les animaux vaccinés ne sont donc pas retirés de la dynamique d'infection. En effet, des études ont montré que la vaccination des truies permettait de réduire la prévalence des truies excrétrices (de 28% à 9%) mais n'élimine pas l'infection du lot de truies testées [115].

Dans cette étude, seul l'effet d'un paramètre pour une population cible a été étudié. Il serait intéressant de comparer de la réduction d'un paramètre *versus* l'effet de la réduction de plusieurs paramètres sur une population cible puisqu'une mesure agit simultanément sur plusieurs paramètres.

Cette approche correspond à un exemple d'utilisation de notre modèle, qui permet d'évaluer *ex-ante* l'effet de l'application d'une mesure dans un troupeau porcin. Les résultats de cette section sont cependant à considérer avec prudence puisque nous avons fait des hypothèses quand aux paramètres cibles des mesures

testées.

IV.4 Influence de l'introduction de cochettes infectées en élevage naisseur-engraisseur sur la séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers

IV.4.1 Introduction

Le fonctionnement d'un troupeau le met en relation avec un grand nombre de sources potentielles d'introduction de salmonelles : intrants (alimentation, eau, matériels...), personnes et véhicules (livreurs d'aliments, fournisseurs de reproducteurs ou de porcelets, services techniques et vétérinaires, transporteurs vers l'abattoir, équarrissage). En outre, le troupeau se situe dans un environnement potentiellement soumis à la contamination par les oiseaux, les rongeurs ou les animaux domestiques. Il peut également être contaminé par d'autres troupeaux de porcs ou de volailles (par épandage des lisiers/fumiers), ou d'animaux d'autres espèces, situés à proximité.

Parmi tous ces intrants, nous avons choisi d'étudier l'influence du statut au regard d'une infection par les salmonelles des animaux reproducteurs introduits dans les troupeaux pour le renouvellement sur la prévalence de l'infection dans les lots de porcs charcutiers livrés à l'abattoir.

Dans un troupeau porcin, 40 à 45% des truies sont réformées chaque année. En pratique, dans le cas d'une conduite en bandes, cela revient à introduire en moyenne 25% de cochettes dans chaque bande de truies au sevrage [44]. Deux types de renouvellement existent :

- l'achat systématique de nouveaux reproducteurs ;
- l'auto-renouvellement des futurs reproducteurs.

L'achat de reproducteurs dans un troupeau fournisseur spécialisé (multiplicateur ou sélectionneur) est le système le plus largement utilisé (80 à 90% des troupeaux [44]). La programmation des approvisionnements en cochettes, associée à la syn-

chronisation des chaleurs, permet de disposer au moment opportun de femelles aptes à l'insémination.

L'autorenouvellement est, quant à lui, plus rarement utilisé. Dans ce type de fonctionnement, l'éleveur produit lui-même ses futurs reproducteurs. L'autorenouvellement est généralement utilisé dans les troupeaux de l'étage de sélection dans lesquels les truies de races pures sont conservées. Il est plus rarement rencontré dans les étages inférieurs.

Les flux d'animaux reproducteurs entre les troupeaux des différents étages d'une structure de production ont lieu à des intervalles réguliers et fixes. Ces flux sont généralement réalisés d'un fournisseur à plusieurs acheteurs.

D'après différentes études concernant les salmonelles dans la filière porcine, les animaux vivants introduits dans les troupeaux et les animaux reproducteurs (cochettes), en particulier, sont considérés comme la source majeure d'introduction de l'infection dans les troupeaux de production [23, 10]. Toutefois peu d'informations mettent en relation la prévalence de l'infection par les salmonelles dans les lots de cochettes et la prévalence de l'infection dans les lots de porcs charcutiers livrés à l'abattoir. Même si Lo Fo Wong et Hald (2000) [121] ont montré que des troupeaux composés de truies séropositives aux salmonelles produisent de lots de cochettes séropositives capables d'introduire la bactérie dans les troupeaux de truies qu'elles intégreront ; à l'inverse Corrége *et coll.* (2002) [37] ne peuvent pas relier le statut en salmonelles des lots de porcs charcutiers d'un troupeau à celui de ses cochettes ni à celui du troupeau fournisseur de cochettes. Le rôle des cochettes dans l'introduction et la transmission des salmonelles dans un troupeau doit donc être étudié particulièrement.

Notre modèle couplé (épidémiologie des salmonelles et dynamique d'un troupeau porcin) permet d'étudier l'influence de l'introduction de cochettes infectées dans le troupeau de truies sur la séoprévalence des lots de porcs charcutiers envoyés à l'abattoir dans le cas d'une conduite en bandes avec mélange de bandes en fin d'engraissement (BM¹). Nous avons, d'une part, comparé une introduction

¹La conduite représentée ici est une conduite avec mélange de bandes en fin d'engraissement, une efficacité de décontamination de 99,9% et une durée de croissance moyenne

unique de cochettes infectées et une introduction répétée (dans chaque bande de truies). D'autre part, nous avons testé l'influence de trois valeurs moyenne de prévalence d'infection dans les lots de cochettes introduites dans le troupeau.

IV.4.2 Matériels et méthodes

L'influence des modalités d'introduction de salmonelles dans un troupeau a été étudiée. Dans un premier temps, l'introduction unique et l'introduction répétée de salmonelles par le biais des cochettes recrutées ont été comparées sur la séroprévalence induite dans les lots de porcs charcutiers. L'introduction de cochettes a lieu en salle de verraterie lorsqu'elles intègrent le troupeau de truies, c'est-à-dire ici toutes les trois semaines. La séroprévalence des lots de cochettes est tirée dans une loi exponentielle de moyenne 0,05 (pour l'introduction unique et répétée). Cette valeur correspond à la séroprévalence moyenne rencontrée en troupeaux de sélection et de multiplication dans une étude réalisée dans une structure de production [83]. Dans un deuxième temps, l'influence de la seroprévalence dans les lots de cochettes recrutées sur la séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers livrés à l'abattoir a été étudiée. Les simulations sont réalisées avec trois valeurs différentes de séroprévalence des lots de cochettes :

- 0,05, considérée comme une séroprévalence rencontrée dans les troupeaux des étages supérieurs ;
- 0,15, qui correspond à la séroprévalence observée dans les lots de porcs de l'étage de production ;
- 0,50, qui correspond à une très forte valeur de séroprévalence, permet de tester une situation extrême où l'élevage fournisseur est fortement contaminé.

Les lots de cochettes sont introduits dans le troupeau de truies de façon répétée avec une séroprévalence moyenne de 0,05, 0,15 ou 0,50 à chaque date de recrutement correspondant à chaque début de cycle de reproduction (toutes les trois semaines). Les cochettes séropositives sont distribuées par une loi uniforme entre l'état porteur excréteur séropositif *PEs* et l'état porteur non-excréteur séropositif

PNEs. Les simulations ont été réalisées à partir d'un troupeau initialement indemne de salmonelles. Les résultats de simulations ont été obtenus à partir de 150 répétitions.

IV.4.3 Résultats

IV.4.3.1 Effet de l'introduction répétée de cochettes infectées *versus* l'introduction unique sur la séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers

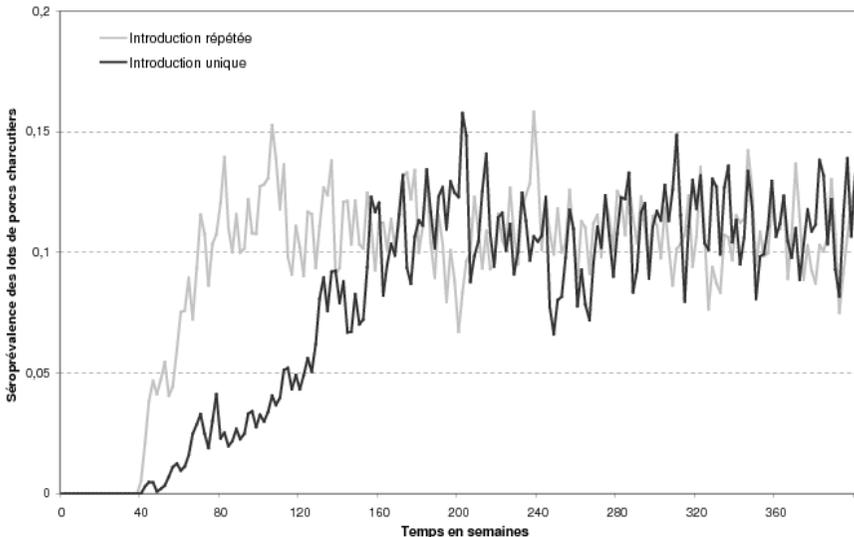


Fig. IV.11 – Séroprévalence moyenne dans les lots de porcs charcutiers livrés à l'abattoir quand l'introduction de cochettes infectées est unique (en noir) et quand elle est répétée (en gris)

Quelle que soit la modalité d'introduction de salmonelles testée, unique ou répétée, le premier lot de porcs charcutiers, composé d'animaux issus de la bande de truies présente en salle de verraterie, est livré à l'abattoir avec des animaux séropositifs au plus tôt 38 semaines après l'introduction de la bactérie dans le troupeau de

truies (FIG. IV.11). Ce temps est nécessaire à la production d'une bande de porcs charcutiers (21 semaines pour le cycle de reproduction des truies et 27 semaines pour la durée de présence des porcs dans l'exploitation). La séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers est plus élevée dans le cas d'une introduction répétée entre la semaine 38 et la semaine 160. Même avec une introduction unique de cochettes infectées, toutes les simulations montrent une installation de l'infection. Seule la vitesse à laquelle un équilibre est atteint diffère entre scénario.

La séroprévalence des lots de porcs charcutiers atteint une valeur d'équilibre apparent (valeur moyenne autour de laquelle des fluctuations ont lieu) dans un délai d'environ 200 semaines après l'introduction de l'agent pathogène pour l'introduction unique.

Une introduction répétée de salmonelles par le biais du recrutement de cochettes infectées séropositives entraîne une installation de l'infection plus rapide que pour une introduction unique, la valeur d'équilibre est atteinte 80 semaines après la première introduction contre 200 semaines en cas d'introduction unique.

La valeur d'équilibre est ensuite très proche dans les deux modalités d'introduction testées. Une fois cette valeur d'équilibre atteinte, la répétition de l'introduction de salmonelles n'induit pas d'augmentation de cette valeur.

IV.4.3.2 Effet de la séroprévalence dans les lots de cochettes sur la séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers

Quelle que soit la séroprévalence dans les lots de cochettes introduites, la séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers atteint une valeur d'équilibre moyenne qui n'est pas augmentée par l'introduction répétée de lots de cochettes infectées (FIG. IV.12).

La séroprévalence moyenne dans les lots de porcs charcutiers augmente avec la séroprévalence des cochettes introduites, elle augmente peu (de 11 à 12%) quand la séroprévalence dans les lots de cochettes recrutées augmente de 5 à 15% et double quand la séroprévalence des cochettes atteint 50%.

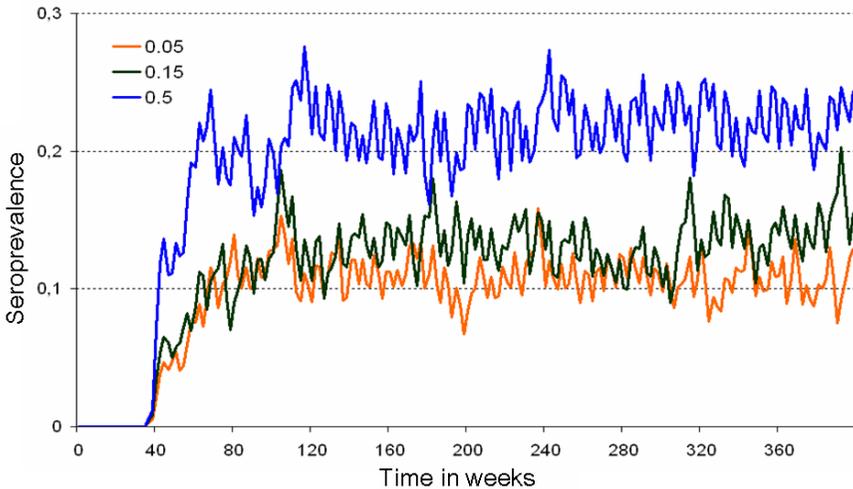


Fig. IV.12 – Séroprévalence des lots de porcs charcutiers envoyés à l’abattoir en fonction de la séroprévalence des lots de cochettes introduites

IV.4.4 Discussion

Les résultats de simulation du modèle montrent qu’une introduction unique de salmonelles dans un troupeau entraîne, à la fois, l’installation de l’infection dans toutes les catégories d’animaux du troupeau (des truies aux porcs charcutiers) et la persistance de l’infection chez les porcs charcutiers à long terme.

Le scénario représentant une introduction répétée de cochettes infectées correspond à une situation où un éleveur s’approvisionne toujours chez le même fournisseur (ce qui est le plus fréquemment rencontré [44]) qui est contaminé. L’introduction unique de cochettes infectées peut correspondre à une situation où l’éleveur s’approvisionne ponctuellement dans un autre troupeau fournisseur que le sien. Ce qui peut survenir quand le troupeau fournisseur a un retard de croissance sur une bande de cochettes à livrer ou si un problème de transport nécessite de s’approvisionner chez un éleveur géographiquement plus proche.

La séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers ne varie plus une fois la valeur moyenne d’équilibre atteinte. Cela pourrait être dû à l’homogénéisation de la transmission dans les différentes bandes de truies. En effet, les truies de bandes

différentes entrent généralement en contact régulièrement puisqu'elles sont logées ensemble en salle de verraterie et pas complètement séparées en salle de gestation. Cette transmission quasi-systématique entre truies rend difficile la maîtrise de la prévalence de salmonelles dans un troupeau porcin naisseur-engraisseur.

Le fait que la séroprévalence des porcs charcutiers augmente fortement pour une séroprévalence de cochettes égale à 50% par rapport à l'augmentation induite par une séroprévalence de 15% suggérerait l'existence d'un seuil à ne pas dépasser dans les lots de cochettes.

L'influence de la séroprévalence dans les lots de cochettes recrutées sur la séroprévalence dans lots de porcs charcutiers est d'autant plus importante à prendre en compte quand le lot de cochettes est fortement contaminé. Dans une perspective de plans de maîtrise des salmonelles visant à réduire la prévalence à un faible niveau en production, la surveillance de la prévalence de l'infection dans les troupeaux fournisseurs de reproducteurs est indispensable. L'étude réalisée ici utilise une introduction répétée de lots de cochettes de même séroprévalence moyenne mais cette moyenne est distribuée dans une loi exponentielle ce qui permet de prendre en compte les fluctuations de séroprévalence dans les lots successifs de cochettes introduites. Ces fluctuations sont rapportées dans la littérature pour les lots de porcs charcutiers [45, 121] et sont rencontrées en étage de sélection et de multiplication [83]. Cependant, peu d'études ont été réalisées sur la séroprévalence des cochettes, il est donc difficile d'évaluer l'amplitude des fluctuations des valeurs de séroprévalence puisqu'elle pourrait être différente entre troupeaux de même étage. Elle pourrait aussi être différente aux étages de sélection et de multiplication. Ces résultats montrent que la séroprévalence dans les lots de cochettes recrutées dans un troupeau de truies peut influencer la séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers livrés à l'abattoir, en particulier si le troupeau fournisseur est fortement contaminé.

Des résultats obtenus par suivi épidémiologique [37] n'ont pas démontré la relation entre le statut d'un troupeau au regard de l'infection par les salmonelles avec celui des cochettes recrutées, ni avec celui du troupeau fournisseur de cochettes. D'après nos résultats, la séroprévalence dans les lots de cochettes recrutées diffère peu entre des valeurs moyennes de 5% et de 15%, ce qui pourrait expliquer pour-

quoi à un temps donné, la corrélation entre le troupeau d'origine de cochettes et le troupeau approvisionné ne soit pas mise en évidence. De plus, quand un troupeau approvisionné en cochettes est faiblement contaminé, la séroprévalence moyenne à l'équilibre est la même que le troupeau fournisseur soit continuellement contaminé où qu'il ne fournisse qu'un lot de cochettes infectées. Des études de suivi longitudinal des lots de cochettes livrées dans un troupeau et des lots de porcs charcutiers de ce troupeau permettraient d'obtenir des informations quantifiées quant à l'influence de la séroprévalence dans les lots de cochettes sur celle des lots de porcs charcutiers.

L'excrétion de salmonelles par les truies en maternité a été mise en évidence dans plusieurs études [42, 85, 104]. Contrairement à Kjaersgaard *et al.* (2001) [76] qui ont montré l'existence d'une corrélation entre la prévalence de l'infection des truies et celle de leurs porcelets, Nollet *et al.* (2006) n'ont pas pu mettre en évidence un lien direct entre l'excrétion des truies en fin de gestation ou pendant la lactation et l'excrétion de salmonelles chez les porcelets. Cependant, Beloeil *et al.* (2004) [21] ont montré une relation avec les mesures d'hygiène en maternité, notamment celles visant à limiter le contact des porcelets avec les matières fécales de leur mère. L'infection du troupeau de truies par les cochettes infectées recrutée peut donc avoir un effet sur l'infection précoce des porcelets qui semble être un point critique de contrôle pour la maîtrise de la prévalence de l'infection en fin d'engraissement (III.3.2, p.124).

Notre étude confirme le rôle des cochettes comme voie d'introduction et de persistance des salmonelles dans un troupeau. Nos résultats montrent, en effet, que l'introduction d'un seul lot de cochettes infectées entraîne la contamination durable de tout le troupeau quand uniquement des mesures d'hygiène sont mises en place par l'éleveur. Ces résultats ont été rencontrés en station expérimentale pour un troupeau de truies exemptes d'organismes pathogènes spécifiques infectées par des salmonelles (R. Cariolet, comm. pers.). Dans ce troupeau, l'infection par les salmonelles a persisté plus de 8 ans. Par contre, d'après nos résultats, une fois contaminé, la répétition de l'introduction de salmonelles ne semble pas avoir un effet majeur.

La mise en évidence du rôle des cochettes dans l'introduction de salmonelles

dans les troupeaux souligne l'importance de prendre en compte les animaux reproducteurs dans les plans de maîtrise. Il serait donc intéressant d'évaluer des mesures tenant compte des flux d'animaux reproducteurs entre troupeaux.

IV.5 Mesures d'orientation des flux d'animaux reproducteurs dans une structure de production

IV.5.1 Introduction

Les sections précédentes de ce travail de thèse ont montré les effets possibles de plusieurs facteurs sur la prévalence de l'infection par les salmonelles dans un troupeau porcin : la diminution des contacts des animaux avec la bactérie (par les voies d'introduction et de transmission IV.3.1, p.156, IV.4, p.189) et l'augmentation de la résistance des porcs à une infection par les salmonelles (IV.3.2, p.175).

Ces résultats s'ajoutant à la mise en évidence du rôle des animaux reproducteurs dans l'introduction des salmonelles dans les exploitations nécessite d'étudier des mesures à l'échelle d'un réseau de troupeaux.

Nous avons choisi de représenter et d'évaluer une mesure permettant d'orienter les flux d'animaux reproducteurs entre les troupeaux des différents étages de la filière en fonction de leur niveau de prévalence de l'infection par les salmonelles. Etant donné que 40 à 45% du troupeau de truies est renouvelé en un an, ces flux représentent l'équivalent de 40% du cheptel de truies français par an, soit environ $1300000 \times 40\%$ de cochettes vendues. L'ampleur de ces flux montre la nécessité de mettre en oeuvre de mesure en tenant compte.

Dans les étages amont de la filière de viande et de produits porcins, les troupeaux qui produisent les porcs charcutiers sont regroupés en structures de production. Dans cette étude, nous avons représenté les flux d'animaux reproducteurs entre troupeaux d'une structure incluant les trois étages de la pyramide (sélection, multiplication et production).

Dans une structure de production, une diffusion d'animaux reproducteurs non

contrôlée sur le plan sanitaire représente l'un des plus gros risques sanitaires pour la production porcine. C'est pourquoi, de plus en plus, les unités de sélection sont peuplées avec des animaux de très bonne qualité sanitaire et qui doivent faire l'objet de contrôles permanents, ceci pour obtenir le niveau sanitaire le plus élevé dans la pyramide de diffusion. Mais les risques de contamination existent, d'où la nécessité de connaître la prévalence parmi les animaux reproducteurs introduits dans un troupeau et de limiter les flux des lots d'animaux plus contaminés.

Le rôle potentiel des flux d'animaux reproducteurs infectés dans l'introduction de salmonelles dans les troupeaux est controversé dans la littérature. Si certaines études l'ont démontré [10, 121], d'autres ne peuvent pas lier le statut du troupeau à celui de leur cochette [37]. Cependant, nous avons montré que le rôle des cochettes dans l'introduction de salmonelles dans un troupeau est d'autant plus important dans un troupeau sain puisqu'elle induit la persistance de l'infection dans toutes les catégories d'animaux. De plus, la mise en évidence de l'influence d'une séroprévalence élevée dans les lots de cochettes sur la séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers livrés à l'abattoir (IV.4, p.189) a montré la nécessité de surveiller la prévalence des lots d'animaux introduits dans les troupeaux.

Sur la base des plans de contrôle déjà développés en Europe, nous avons choisi d'évaluer l'effet d'une mesure d'orientation de flux d'animaux reproducteurs. Cette mesure est fondée sur le classement des troupeaux d'une structure de production en fonction de leur niveau de contamination (séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers ou de cochettes). Les flux d'animaux reproducteurs vers un troupeau de niveau de contamination donné sont orientés et ne peuvent provenir que de troupeaux fournisseurs de niveau de contamination égal ou inférieur.

L'hypothèse testée dans cette étude est la limitation de l'introduction d'animaux reproducteurs infectés par un approvisionnement ciblé d'un troupeau fournisseur vers un troupeau de l'étage directement inférieur.

L'étude de cette mesure nécessite de considérer des flux d'animaux entre troupeaux. Cette étude nécessite d'élaborer un modèle représentant les interactions entre troupeaux. La première étape dans l'élaboration d'un modèle inter-troupeau consiste à définir la structure de contact de chaque troupeau. Dans la structure de production que nous avons représentée, un troupeau entre uniquement en contact

avec un troupeau fournisseur par le biais de l'achat d'animaux reproducteurs. Les flux d'animaux sont considérés unidirectionnels, les animaux reproducteurs ne retournent pas dans leur troupeau d'origine. De plus, il n'existe aucun contact de voisinage entre ces troupeaux. Deux types de représentation peuvent être utilisés pour représenter les flux d'animaux entre troupeaux :

- mécanistique, les mouvements d'animaux sont représentés explicitement ;
- phénoménologique, les flux sont représentés par un risque d'introduction d'un agent pathogène.

Dans notre modèle, l'infection par les salmonelles persiste dans le troupeau du fait de la propagation qui en a résulté. La démographie n'induit pas de variation importante de la prévalence de l'infection. Le départ de cochettes d'un troupeau fournisseur infecté n'a donc aucune influence sur la persistance de l'infection dans ce troupeau. Nous avons donc choisi de représenter la flux d'animaux de manière phénoménologique par le biais du risque d'introduire de l'infection dans le troupeau approvisionné.

De plus, l'existence de fluctuations entre groupes d'animaux au sein d'un même troupeau (III.2.2, p.90) nécessite de prendre en compte la séroprévalence au cours du temps. Nous avons donc découplé les troupeaux des trois étages de la structure de production, la séroprévalence au cours du temps est simulée pour chaque troupeau de chaque étage. Cette séroprévalence est utilisée pour incrémenter les troupeaux de l'étage inférieur.

IV.5.2 Elaboration du modèle pour évaluer une mesure d'orientation de flux

Caractéristiques des troupeaux de chaque étage A chaque étage de la structure, nous avons représenté des troupeaux de type naisseur-engraisseur. Pour chacun des étages, nous avons supposé que les caractéristiques des troupeaux représentés diffèrent. Les caractéristiques des troupeaux modélisés sont décrites brièvement ci-dessous :

- A l'étage de sélection, le troupeau de type naisseur-engraisseur fonctionne en auto-renouvellement, c'est-à-dire que l'éleveur se fournit lui-même en cochettes.

A cet étage, les animaux produits sont destinés à la reproduction (cochettes destinées à d'autres troupeaux et verrats au centres d'insémination artificielle) et ont une période d'engraissement plus courte (en moyenne 155 jours [133]). Les animaux mâles et femelles ne présentant pas les performances recherchées sont livrés à l'abattoir.

Dans ce type de troupeau, le niveau d'hygiène est le plus élevé de l'organisation. Nous avons donc considéré pour les troupeaux de cet étage, une conduite en bandes stricte est respectée et un processus de nettoyage-désinfection a l'efficacité maximale obtenue en conditions d'élevage (99,9%);

- A l'étage de multiplication, le troupeau de truies est renouvelé par l'achat de cochettes reproductrices provenant de l'étage de sélection. L'introduction des cochettes dans le troupeau est représentée dans le modèle à chaque début de cycle de reproduction pour chaque bande, soit toutes les trois semaines. Le nombre de cochettes introduites correspond à 25% du nombre de places dans une salle de maternité.

Les femelles, aptes à être vendues, quittent l'élevage en moyenne à 155 jours d'âge pour approvisionner des troupeaux de l'étage inférieur [133]. Les mâles peuvent être envoyés en centre d'insémination, mais plus généralement sont livrés à l'abattoir.

A cet étage, le niveau d'hygiène est également très élevé. La conduite en bande stricte est modélisée et l'efficacité des processus de nettoyage-désinfection est moins élevée qu'à l'étage de sélection, elle est fixée à 99%.

- A l'étage de production, le troupeau de truies est renouvelé par achat de cochettes en étage de multiplication. .

L'introduction des cochettes représentée a lieu toutes les trois semaines.

Par contre le niveau d'hygiène est un peu inférieur à celui des étages supérieurs. Nous avons considéré une élimination de 90% des salmonelles à chaque processus de nettoyage-désinfection. A cet étage, la conduite en bandes avec mélange de bandes des porcs en fin d'engraissement est représentée.

Les différences de conduite représentées sont liées au fait que les objectifs de production des éleveurs d'étages différents ne sont pas les mêmes. Aux étages de sélection et de multiplication, les performances zootechniques de l'animal et

son statut sanitaire sont privilégiés. La biosécurité interne décrite précédemment (IV.3.1 p.156) permet de maintenir ce statut. A l'étage de production, l'envoi de lots importants de poids homogène est prioritaire, d'où le recours au mélange de bandes en étage inférieur (chap. II).

La répartition des troupeaux au sein de la structure de production considérée correspond à [56] : 11 troupeaux sélectionneurs, 38 troupeaux multiplicateurs et 110 troupeaux producteurs de porcs charcutiers. Nous avons choisi de représenter le fait qu'un éleveur possède un seul fournisseur attiré. Ainsi, le modèle couplé prend en compte : 10 troupeaux sélectionneurs qui approvisionnent chacun 4 troupeaux multiplicateurs en cochettes reproductrices, soit 40 troupeaux multiplicateurs qui fournissent eux-mêmes 4 troupeaux producteurs en cochettes reproductrices, soit 120 troupeaux producteurs. La taille des troupeaux représentée est proche de la moyenne des troupeaux naisseurs-engraisseurs français (150 truies) [133] pour les trois étages de l'organisation.

Orientation des flux d'animaux entre troupeaux d'une structure de producteurs Actuellement, un troupeau s'approvisionne généralement chez le même fournisseur (sauf incident). La prévalence de l'infection de salmonelles de chacun des troupeaux n'est pas surveillée, donc quel que soit le statut du troupeau qui approvisionne en animaux reproducteurs et celui qui achète des animaux, les flux d'animaux entre ces troupeaux sont fixés.

Dans cette étude, nous avons supposé que le niveau contamination des troupeaux est évalué au cours du temps. En condition d'orientation de flux d'animaux reproducteurs, les éleveurs s'approvisionnent chez des éleveurs qui possèdent un troupeau de niveau de contamination inférieur ou égal au leur. En fonction du niveau de contamination de son troupeau, un éleveur va choisir de s'approvisionner chez son fournisseur attiré ou chez un autre fournisseur.

Calcul d'un indice de séroprévalence mensuel et classement des troupeaux A chaque étage de la structure de production, la séroprévalence initiale de chaque troupeau est aléatoirement tirée parmi deux situations : (1) le troupeau est initialement indemne de salmonelles ou (2) le troupeau est initialement contaminé. Cette séroprévalence initiale, quand elle est non nulle est fixée

pour tous les troupeaux du même étage mais diffère entre troupeaux d'étages différents : 3% en sélection, 5% en multiplication et 10% en production.

Pour chaque troupeau k , et quel que soit l'étage considéré, la séroprévalence dans les bandes d'animaux en fin d'engraissement $prev^k(t)$ est calculée avec :

$$prev^k(t) = \frac{\sum_{i \in b^E} (PE_S(t, i) + PNE_S(t, i))}{\sum_{i \in b^E} P(t, i)} \quad (\text{IV.1})$$

Avec k , le troupeau testé, t le pas de temps considéré, $PE_S(t, i)$ et $PNE_S(t, i)$ le nombre respectif d'animaux séropositifs porteurs excréteurs et porteurs non-excréteurs dans la bande i au temps t , et b^E la bande en fin d'engraissement.

Parallèlement, nous avons représenté un protocole de détection similaire à celui utilisé dans le plan danois [2]. Chaque mois t_{test} , et durant toute la durée de la simulation (400 semaines), une estimation de la séroprévalence des lots d'animaux au départ à l'abattoir est utilisée afin de calculer un indice de séroprévalence représentant le niveau de contamination du troupeau.

L'estimation de la séroprévalence dans les lots d'animaux est réalisée à chaque étage : 10 animaux sont tirés aléatoirement parmi un lot de porcs à la sortie de l'exploitation ou envoyés à l'abattoir.

Le statut de chacun des 10 animaux est déterminé et la séroprévalence obtenue est utilisée pour le calcul d'un indice de séroprévalence pour le troupeau k . Cette séroprévalence correspond à une estimation de la séroprévalence dans la totalité du lot d'animaux, elle est noté $p_{est}^k(t)$. L'indice de séroprévalence i_{sero}^k est calculé suivant le protocole de mesure du plan danois [2] et correspond à la moyenne pondérée de la séroprévalence au temps t_{test} et de celles obtenues lors des deux derniers mois : la séroprévalence du mois en cours compte pour 60% et la séroprévalence des deux derniers mois comptent pour 20% chacune.

Si $t = t_{test}$ alors :

$$i_{sero}^k(t) = p_{est}^k(t) \times 60\% + p_{est}^k(t - \delta t_{test}) \times 20\% + p_{est}^k(t - 2\delta t_{test}) \times 20\% \quad (\text{IV.2})$$

Avec t_{test} , un pas de temps correspondant à un test de détection, δt_{test} , l'intervalle de temps entre deux tests, $p_{est}^k(t)$ la séroprévalence du lots des 10 animaux testés au temps t dans le troupeau k .

Cet indice de séroprévalence mensuel permet d'attribuer un niveau de contamination pour les troupeaux testés. A l'image du protocole danois [2], nous avons

choisi de représenter des niveaux de contamination différents pour les étages de sélection et de multiplication et pour l'étage de production : Pour les troupeaux de sélection (S) et en multiplication (M) :

- si $i_{sero}^k(t) \leq 5\%$ alors $niv^k(t) = 0$;
- si $5\% < i_{sero}^k(t) \leq 15\%$ alors $niv^k(t) = 1$;
- si $i_{sero}^k(t) \geq 15\%$ alors $niv^k(t) = 2$.

Avec, $k \in S, M$.

En production (P) :

- si $i_{sero}^k(t) \leq 5\%$ alors $niv^k(t) = 0$;
- si $5\% < i_{sero}^k(t) \leq 40\%$ alors $niv^k(t) = 1$;
- si $40\% < i_{sero}^k(t) \leq 70\%$ alors $niv^k(t) = 2$;
- si $i_{sero}^k(t) \geq 70\%$ alors $niv^k(t) = 3$.

Chaque troupeau possède un troupeau fournisseur attiré parmi les troupeaux de l'étage supérieur. Nous avons considéré que le troupeau numéro 1 de l'étage de sélection était le fournisseur attiré des troupeaux 1, 2, 3 et 4 de l'étage de multiplication. Cette attribution est identique pour les troupeaux suivants, ainsi, pour un troupeau multiplicateur k , le troupeau sélectionneur qui lui est attribué est donné par : $k^S = E - (\frac{k}{n_S})$ avec, E la partie entière inférieure de la division et n_S , le nombre de troupeaux multiplicateurs attiré à chaque troupeau sélectionneur. Le calcul est identique pour l'étage de production.

A l'étage de sélection, la séroprévalence des lots de cochettes recrutées correspond à celle calculée au temps précédent.

A l'étage de multiplication, à chaque renouvellement, soit toutes les trois semaines, le modèle calcul le niveau de contamination du troupeau k ($niv^k(t)$) à partir de son indice de séroprévalence mensuel $i_{sero}^k(t)$. Si ce niveau est supérieur ou égal à celui de son fournisseur, la séroprévalence dans le lot de cochettes introduites correspond à celle calculée dans le troupeau fournisseur. Si ce niveau de contamination est inférieur à celui de son fournisseur, alors la séroprévalence dans le lot de cochettes introduites est la moyenne des séroprévalences des troupeaux sélectionneurs de niveau de contamination inférieur ou égal au temps t . Cette séroprévalence moyenne correspond au risque moyen d'introduire des cochettes infectées dans un troupeau en s'adressant à un fournisseur de niveau inférieur ou égal

au sien. La séroprévalence dans le lot de cochettes introduites dans le troupeau k de l'étage de multiplication au temps t est notée $c(t, k)$ et donnée par :

$$c(t, k) = \begin{cases} prev^{k^S}(t) & \text{si } niv^k(t) \geq niv^{k^S}(t), \\ \frac{\sum_{l \leq niv^k(t)} prev^l(t)}{N_{\leq niv^k(t)}} & \text{si } niv^k(t) < niv^{k^S}(t), \end{cases} \quad (IV.3)$$

Avec k^S le troupeau fournisseur, $N_{\leq niv^k(t)}$ le nombre de troupeau dans le niveau égal à celui du troupeau k .

En étage de production, à chaque renouvellement, la séroprévalence du lot de cochettes introduites est calculée de la même manière que pour les troupeaux de l'étage de multiplication.

Sans la mise en place de la mesure d'orientation des flux d'animaux reproducteurs, la séroprévalence du lot de cochettes introduites dans un troupeau correspond à celle calculée dans le troupeau de l'étage supérieur qui lui est attiré et ce quels que soient leurs niveaux de contamination respectif.

IV.5.3 Simulations et sorties du modèle

Une simulation correspond à l'ensemble des flux d'animaux entre troupeaux des trois étages d'une organisation durant 400 semaines et à l'évolution de la transmission intra-troupeau des salmonelles. Etant donné le temps de simulation pour chaque structure de production, dans cette première approche, chaque simulation est répétée 10 fois pour les deux situations, avec et sans orientation des flux d'animaux reproducteurs. Les résultats de séroprévalence moyenne ne diffèrent pas de plus de 1% quand 10 simulations sont ajoutées. Pour chaque simulation, la séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers envoyés à l'abattoir est calculée. Les pourcentages des lots de porcs charcutiers avec une séroprévalence inférieure à 5% ($p_{5\%}$) et des lots avec une séroprévalence supérieure à 40% ($p_{40\%}$) sont calculés.

La décision de ré-orientation du flux d'animaux reproducteurs étant fondée sur une estimation, il est important de considérer l'effet de la fiabilité de ce classement sur les résultats de séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers. Le modèle permet ainsi de calculer le pourcentage de fois où la séroprévalence des cochettes produites dans un troupeau est mal estimée en comparant la valeur de séroprévalence obtenue sur 10 animaux ($p_{est}^k(t)$) et celle obtenue sur le lot complet

($prev^k(t)$). Ce pourcentage correspond au nombre de fois où le niveau de classement, estimé à partir de la séroprévalence des 10 animaux tirés aléatoirement, ne correspond pas à la séroprévalence du lot entier d'animaux testé au temps t . Ce pourcentage est mesuré pour les troupeaux des trois étages de la pyramide et notée M_p . De même, une des sorties du modèle correspond au pourcentage de changement de fournisseurs C_f , est calculé pour les troupeaux de multiplication et de production.

IV.5.4 Résultats

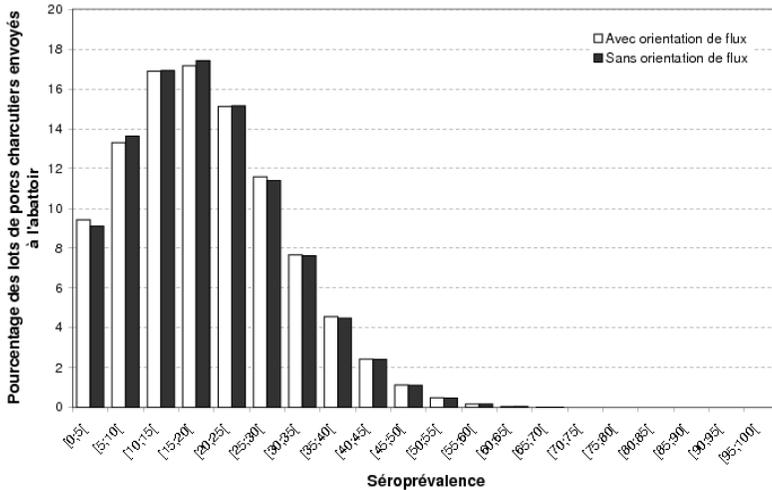


Fig. IV.13 – Distribution de la séroprévalence des lots de porcs charcutiers issus de troupeaux producteurs et envoyés à l'abattoir. 120 troupeaux de production \times 10 simulations.

Avec les niveaux de paramètres et les seuils utilisés, la distribution de la séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers envoyés à l'abattoir ne diffère pas quand les flux d'animaux reproducteurs sont orientés et quand ils ne le sont pas (FIG. IV.13). Plus de 57% des lots de porcs charcutiers livrés à l'abattoir ont une séroprévalence comprise en 0 et 20%. La séroprévalence maximale atteinte dans

un lot de porcs charcutiers ne dépasse pas 80%, et ce, même si les flux d'animaux reproducteurs ne sont pas orientés.

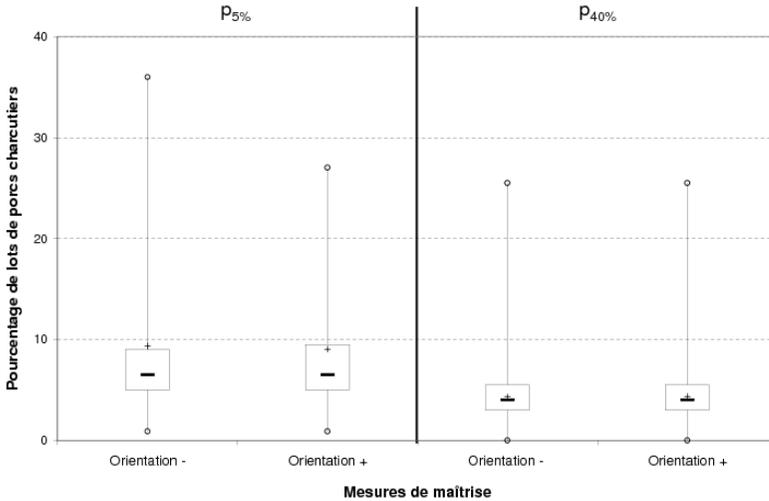


Fig. IV.14 – Pourcentage de lots de porcs charcutiers avec une séroprévalence inférieure à 5% ($p_{5\%}$) et celui des lots avec un séroprévalence supérieure à 40% ($p_{40\%}$). 120 troupeaux de production \times 10 simulations.

Les pourcentages de lots de porcs avec une séroprévalence inférieure à 5% ($p_{5\%}$) ou supérieure à 40% ($p_{40\%}$) ne sont pas différents non plus pour les deux situations testées (FIG. IV.14).

A tous les étages, la mesure d'orientation de flux entraîne un classement dans le niveau de contamination 1 plus faible que quand aucune restriction n'est mise en place (FIG. IV.15). Le nombre de troupeaux de production dans le niveau de contamination 4 est élevé pour les deux situations, avec et sans orientation de flux, cependant, le pourcentage de lots de séroprévalence faible est comparable.

Etage	Mesure	
	Aucune	Orientation de flux
Sélection	15.3 (sd 20.3)	22.9 (sd 21.6)
Multiplication	34.6 (sd 26.0)	53.1 (sd 12.5)
Production	47.3 (sd 26.8)	56.2 (sd 14.4)

Tab. IV.5 – Pourcentage de tests où le niveau de classement attribué à partir de 10 animaux dans un lot n'est pas cohérent avec la séroprévalence du lot complet pour les troupeaux sélectionneurs, multiplicateurs et producteurs durant la totalité de la simulation

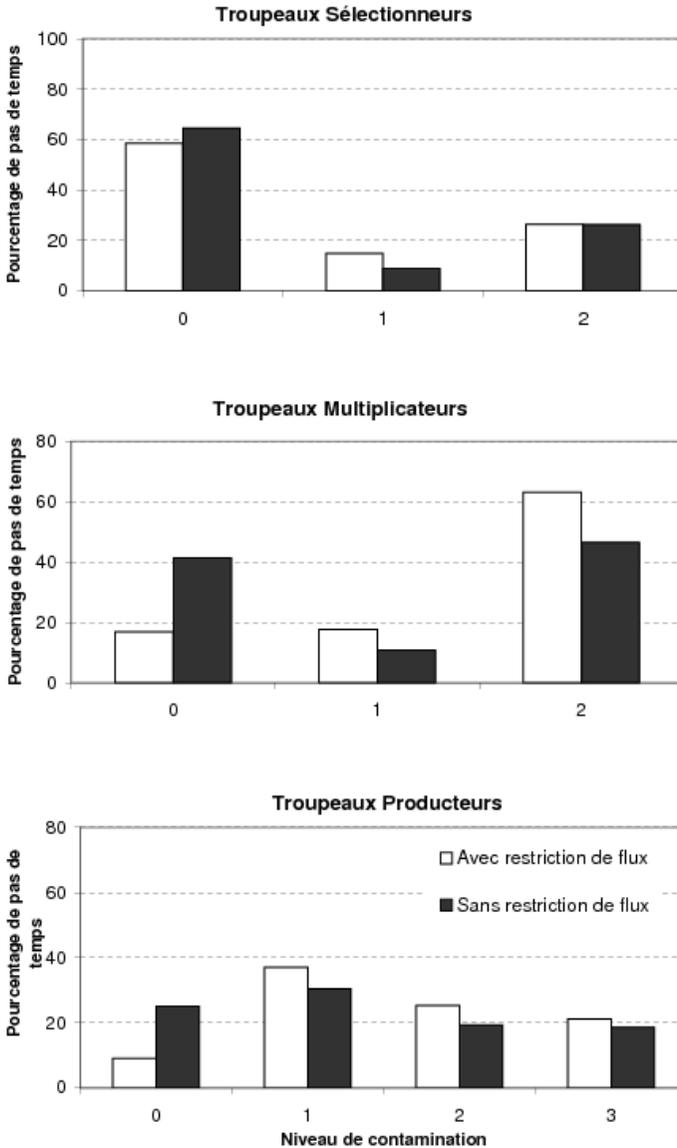


Fig. IV.15 – Distribution du classement des troupeaux sélectionneurs, multiplicateurs et producteurs au cours du temps par niveau de contamination (Moyenne pour 10 répétitions)

Le pourcentage de mauvaise estimation de la séroprévalence des lots varie selon les étages considérés.

Le pourcentage de changement de fournisseur est très élevé pour les troupeaux multiplicateurs quand les flux d'animaux sont orientés est égal à 27,8% (sd 23,1%), pour les troupeaux de production cette valeur s'élève à 74,5% (sd 28,1%).

IV.5.5 Discussion

Le modèle présenté ici permet de représenter les flux d'animaux reproducteurs entre les troupeaux dans les trois étages d'une organisation. Cette représentation, nous a ainsi permis de tester l'application d'une mesure d'orientation des flux de cochettes entre troupeaux en fonction de leur niveau de contamination en salmonelles.

Ce modèle est une première approche afin d'évaluer des mesures de maîtrise du portage de salmonelles à l'échelle d'une organisation. Son élaboration a souligné la nécessité de recueillir des informations concernant notamment les conduites de troupeaux et les flux d'animaux entre troupeaux des trois étages représentés. Dans cette première représentation d'une organisation, nous avons considéré des caractéristiques identiques, excepté pour la biosécurité interne, pour les trois étages de l'organisation. Or, des différences à ce niveau, de type de conduite par exemple, pourraient entraîner des différences dans la transmission des salmonelles entre salles de la ferme et entre animaux. Une enquête en exploitations afin de représenter de manière plus fiable la conduite des troupeaux à chacun des étages de l'organisation et un recueil de données concernant les flux d'animaux reproducteurs entre troupeaux sont nécessaires pour compléter notre approche. Nous avons représenté des troupeaux de taille identique et un nombre de troupeaux attirés similaire pour chaque troupeau fournisseur. Or, un troupeau de plus grande taille pourrait approvisionner plus de troupeaux que ceux représentés dans ce modèle, sa contamination pourrait alors avoir plus d'influence que la contamination d'un troupeau de plus petite taille, d'autant plus qu'une taille de troupeau supérieure à 800 porcs est un facteur de risque de la transmission de salmonelles [141].

Les résultats obtenus montrent qu'il n'y a pas d'amélioration significative en termes de séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers livrés à l'abattoir. Cela

ne signifie pas pour autant que cette mesure n'est pas efficace. En effet, le protocole de détection utilisé afin d'estimer la séroprévalence d'un troupeau est appliqué sur seulement 10 animaux parmi un lot équivalent à la taille d'une bande en fin d'élevage (entre 130 et 180 animaux en moyenne). Ce protocole induit une mauvaise estimation de la séroprévalence vraie du lot d'animaux testé ce qui entraîne le classement du troupeau dans un mauvais niveau de contamination pour plus de 20% des tests effectués en éleveur de sélection et plus de 50% en éleveur de multiplication. Il serait intéressant de tester si la séroprévalence dans les lots d'animaux testés est plutôt surestimée ou sous-estimée par rapport à la vraie valeur de séroprévalence.

Une mauvaise estimation de la séroprévalence entraîne un risque non négligeable d'introduire des cochettes infectées dans des troupeaux des étages inférieurs. Cette introduction de cochettes infectées a d'autant plus de conséquences quand elle survient dans un troupeau indemne puisqu'elle peut induire la persistance de l'infection à long terme (cf. IV.4, p.189).

Les résultats obtenus dans cette étude tendent à démontrer que la méthode d'estimation utilisée dans notre étude, et reposant sur le protocole de détection du plan danois, n'est pas suffisante pour estimer les lots d'animaux reproducteurs à risque. Pour éviter l'introduction de lots très contaminés, une méthode visant à détecter tous les animaux infectés seraient plus appropriée mais plus difficilement réalisable à grande échelle étant donné le coût de chaque analyse.

Ces résultats sont à interpréter prudemment puisque dans cette première approche, nous n'avons pas tenu compte de l'étape de transport des cochettes et de la phase de quarantaine quand elles arrivent dans l'exploitation. Or pendant les 6 mois entre le départ des cochettes vers un autre troupeau et leur première mise bas, les occasions de stress semblent être nombreuses (transport, mise en quarantaine, recrutement dans le troupeau de truies, insémination, mise-bas). Des études ont montré que ces deux facteurs liés au stress amplifient l'excrétion des porcs charcutiers déjà infectés et réactivent l'excrétion des porcs porteurs de salmonelles [116]. Aucune information n'est cependant disponible sur l'influence de ces facteurs sur le statut des cochettes au regard de l'infection par les salmonelles et le stress de la mise-bas n'induirait pas l'augmentation de l'excrétion chez les truies excrétrices

(P. Fravalo, com. perso.). Une étude permettant de suivre le statut des cochettes tout au long de ces 6 mois permettrait d'obtenir des informations essentielles pour l'évaluation de mesures de maîtrise mises en place à l'échelle d'une organisation.

Au Danemark, le plan de maîtrise a permis de réduire les troupeaux de niveaux 3 à moins de 1% des troupeaux testés en appliquant des mesures d'hygiène dans ces troupeaux. Pour détecter les troupeaux avec de plus faibles prévalences, la nécessité de la mise en place d'un protocole incluant un plus grand nombre de prélèvements s'est présentée [134]. Cependant, cette méthode était trop onéreuse, l'approche choisie a été d'abaisser les seuils de positivité des tests sérologiques afin d'en augmenter la sensibilité [65].

Au Danemark, la détection des animaux infectés et des cas de salmonelloses humaines, a permis de mettre en évidence une amélioration de 93% de cas humains due à l'application de leur plan de maîtrise. Contrairement à notre étude, le plan de maîtrise danois oblige les troupeaux les plus contaminés (niveaux 2 et 3) à mettre en place des mesures d'hygiène afin de réduire la prévalence de l'infection. Dans notre cas, aucune mesure corrective n'est appliquée ce qui n'induit aucun résultat significatif en termes d'amélioration de la prévalence de l'infection dans les lots de porcs charcutiers. Les troupeaux danois engraisseurs sont majoritairement distribués dans les niveaux de contamination O et 1 (plus de 90%). Dans notre étude, seulement 60% sont classés dans ces niveaux de contamination. Cependant, la distribution de la séroprévalence intra-troupeau obtenue est proche de celles obtenues par observation par Van der Wolf *et al.* (2001) [141] aux Pays-Bas et par Roullier (2006) [118] en France.

Si une telle mesure est mise en place dans la filière porcine, il est nécessaire de considérer les relations entre organisations dans la filière. Les études par modélisation précédemment publiées ont montré que la mise en place de mesures de maîtrise des salmonelles dans la filière porcine n'est efficace que si tous les éleveurs respectent leur application [137]. Elles ont aussi démontré que le fait de diminuer faiblement la prévalence de l'infection dans tous les troupeaux de la filière induit un effet plus marqué sur la prévalence de l'infection à l'abattoir que de diminuer beaucoup la prévalence de l'infection dans les troupeaux fortement contaminés [2]. Ce qui montre l'intérêt de mettre en place des mesures de maîtrise incluant

l'ensemble des éleveurs de la filière.

De plus, le fait de réaliser des mesures de biosécurité interne dans un troupeau permet de maintenir l'infection par les salmonelles à un niveau faible (IV.3.1, p.156), mais semble inutile si des lots de cochettes infectées sont introduits dans le troupeau toutes les trois semaines.

Notre modèle de structure de production permettrait de tester l'effet de l'interaction entre la mise en oeuvre de différentes mesures, par exemple une mesure d'orientation de flux associée à une vaccination des troupeaux les plus contaminés.

En filière avicole, la mise en place d'un plan de maîtrise à l'échelle de la pyramide de production fondée sur la détection et la destruction des troupeaux fortement contaminés a permis une réduction de toxo-infection alimentaire due aux salmonelles de 20% entre 1998 et 2004 [12].

La mesure d'orientation de flux testée dans cette thèse nécessite une modification des flux d'animaux reproducteurs par rapport aux relations existantes. Les éleveurs doivent pouvoir changer de fournisseurs sans compromettre leurs choix quant aux types génétiques de porcs présents dans leur troupeau.

Cette mesure permettrait aussi de réduire la prévalence d'autres agents pathogènes ciblés par la même directive européenne [8] et qui possèderaient des caractéristiques de transmission communes à celles des salmonelles telles que *Campylobacter* spp..

Quelles que soient les mesures mises en place, à l'échelle d'un troupeau ou d'une organisation, les protocoles de détection sont essentiels. Ils permettent un suivi longitudinal de l'infection dans tous les étages des organisations au cours du temps. Leurs résultats permettent une réaction plus rapide quand un pic épidémique de l'enzootie survient. Ils permettent aussi d'évaluer l'effet de la mise en place de mesure. Cette évaluation est d'autant plus intéressante quand elle est complétée par un suivi des salmonelloses humaines.

D'autres mesures peuvent être envisagées à l'échelle d'une structure de production. L'arrêt de troupeaux multiplicateurs fortement contaminés peut en être une. Cette mesure est déjà utilisée pour certaines maladies du porc (par exemple la Maladie de l'amaigrissement du porcelet (J.P. Graton, comm. pers.)). Ces arrêts créent des modifications dans les flux d'animaux au sein d'une organisation et

doivent être évités.

Chapitre V

Discussion générale

Cette thèse avait pour objectif d'élaborer un modèle afin d'évaluer des mesures de maîtrise du portage de salmonelles chez le porc charcutier. Le corps principal de cette thèse correspond à l'élaboration du modèle de simulation puis à son utilisation. Ceci a permis d'obtenir une meilleure compréhension des aspects épidémiologiques liés à la maîtrise de la prévalence de l'infection par les salmonelles dans un troupeau porcin et d'agir sur cette infection.

Les conditions nécessaires pour simuler un système peuvent être résumées en quatre étapes [15, 43] :

1. définir le système et formuler la question de recherche et les objectifs ;
2. collecter les données disponibles et élaborer le modèle ;
3. vérifier et valider le modèle, ce qui inclut une analyse de sensibilité ;
4. réaliser les simulations et analyser les résultats.

La première étape, la définition du système et des objectifs, est la base des étapes suivantes et est décrite dans le chapitre I. Le sujet de chaque chapitre est résumé ci-après : le chapitre II décrit le modèle représentant la dynamique des populations de truies et de porcs d'un troupeau naisseur-engraisseur afin d'étudier l'influence de la conduite du troupeau et de ses adaptations sur les contacts entre animaux ; le chapitre III décrit le modèle épidémiologique couplé au modèle de

dynamique du troupeau ; le chapitre IV présente différentes utilisations du modèle pour évaluer des mesures de maîtrise du portage de salmonelles au niveau d'un troupeau puis au niveau d'un ensemble de troupeaux organisés au sein d'une structure de production.

Cette discussion générale vient en complément des discussions des différentes parties de la thèse et aborde (1) l'approche méthodologique utilisée dans cette thèse pour l'élaboration du modèle et le paramétrage, (2) les principaux résultats du modèle et (3) les perspectives de ces travaux.

V.1 Approche méthodologique

Pour maîtriser le portage de salmonelles chez le porc charcutier, réduire la prévalence de l'infection chez les porcs charcutiers est nécessaire puisqu'ils entraînent la présence de carcasses contaminées à l'abattoir [19, 22] à l'origine de la contamination des produits de consommation de l'homme.

Le système d'intérêt dans ces travaux correspond donc aux étages amont de la filière de viande porcine ayant le porc charcutier comme produit final.

Aux étages amont de la filière, les troupeaux et les flux d'animaux reproducteurs ont été représentés. Parmi les types de troupeaux existants, nous avons choisi de représenter un troupeau naisseur-engraisseur incluant le cycle de reproduction des truies et la croissance complète des porcs charcutiers jusqu'à leur départ pour l'abattoir. Dans ces troupeaux, la conduite en bandes et la gestion du troupeau par l'éleveur ont été représentées.

V.1.1 Choix de l'approche par modélisation

Pour obtenir une meilleure compréhension des effets épidémiologiques liés à la mise en oeuvre de mesure de maîtrise du portage de salmonelles, deux approches sont possibles : (1) les études épidémiologiques et/ou expérimentales et (2) la modélisation.

Dans ces travaux, nous avons choisi une approche méthodologique par modélisation. Cette approche permet d'étudier le système de manière intégrative. Elle est complémentaire des études épidémiologiques et expérimentales. Leurs résul-

tats, bien que ponctuels, sont nécessaires à la calibration du modèle. De plus, la modélisation permet d'identifier des points critiques de contrôle, et permet de sélectionner des mesures potentielles à expérimenter en conditions d'élevage ou expérimentales. L'élaboration d'un modèle nécessite des aller-retours fréquents entre modèle et données disponibles.

La modélisation est appropriée pour l'étude de la mise en oeuvre de mesures de maîtrise d'une infection puisqu'elle permet une évaluation *ex ante* de ces mesures.

En modélisation, deux méthodes mathématiques peuvent être utilisées : la résolution analytique et la simulation. Law et Kelton (2000) [81] estiment que la résolution analytique est préférable. Cependant, quand les modèles sont complexes comme celui décrit dans la thèse, la simulation est souvent la seule alternative. Une approche intégrative requiert de représenter le système dans sa globalité, ce qui entraîne l'élaboration de modèles complexes. Dans ces travaux, nous avons donc utilisé un modèle de simulation

La démarche d'élaboration de notre modèle de simulation s'est déroulée en plusieurs étapes successives. Dans un premier temps, le modèle décrivant la dynamique des sous-populations de truies et de porcs dans un troupeau a été développé. Puis dans un second temps, un modèle représentant le processus d'infection d'un animal a été défini. Les deux modèles ont ensuite été couplés pour représenter la transmission des salmonelles au sein d'un troupeau porcin. Nous avons, en dernier lieu, couplé plusieurs modèles intra-troupeau entre eux afin d'obtenir une représentation des interactions entre troupeaux au sein d'une structure de production.

V.1.2 Elaboration du modèle pour l'évaluation de mesures de maîtrise

Le modèle décrivant la dynamique intra-troupeau prend en compte à la fois les sous-populations de truies et de porcs dans le troupeau au cours du temps. Il représente la démographie des animaux et leur flux dans les salles d'élevage. Cette gestion de l'éleveur dépend aussi de la structure de l'exploitation, par exemple la capacité et le nombre de salles, que nous avons fixés. Les processus de reproduction et de croissance stochastiques permettent de prendre en compte la variabilité biologique intra et inter-individus.

Le modèle épidémiologique représente le processus d'infection d'un animal. Ce processus est représenté de manière stochastique.

Ce modèle couplé est en temps discret avec un pas de temps d'une semaine. Cet intervalle de temps est choisi car il est considéré comme adapté à la planification des tâches d'un éleveur, aux flux d'animaux entre salles d'élevage et à la dynamique d'infection par les salmonelles. Une approche individu-centrée n'était pas nécessaire ici puisque nous avons considéré que les animaux d'une bande étaient soumis à la même pression d'infection étant donné que la transmission des salmonelles dépend de la contamination de l'environnement des animaux, c'est-à-dire de leurs salles d'élevage.

Le modèle couplé doit pouvoir représenter la variabilité des résultats observée dans un troupeau. Cette représentation de la variabilité est d'autant plus importante quand une des perspectives d'utilisation du modèle est la maîtrise de l'infection par les salmonelles puisqu'elle permet de prendre en compte toutes les réponses possibles du système à la mise en oeuvre de mesures.

V.1.3 Modèle de dynamique des populations dans un troupeau

Le fonctionnement d'un troupeau relève d'un ensemble de règles confrontant les décisions de l'éleveur, les performances zootechniques des animaux et les conditions de réalisation de conduite de troupeau [93].

V.1.3.1 Choix de modélisation

Les choix de modélisation effectués lors de l'élaboration du modèle de dynamique d'un troupeau naisseur-engraisseur ont tenu compte du fait que ce modèle serait utilisé à des fins d'études épidémiologiques.

En France, les troupeaux de type naisseur-engraisseur sont les plus fréquemment rencontrés et ont été choisis comme système à étudier dans ces travaux de thèse. Étant donné l'objectif de maîtrise des salmonelles dans un troupeau, ce type de troupeau a l'avantage de prendre en compte toute la croissance des porcs charcutiers, y compris leur naissance et la période d'allaitement.

Cette représentation permet l'étude d'autres types de troupeaux, tels que les engraisseurs ou les post-sevreurs-engraisseurs qui peuvent être simulés à partir d'une partie de notre modèle.

Dans un troupeau porcin, la conduite particulière en bandes induit une structure de contact dans laquelle les contacts entre animaux d'âge différents sont gérés par l'éleveur. Etant donné l'influence des contacts entre animaux dans la transmission d'agents pathogènes [47], la conduite en bandes est nécessaire à prendre en compte pour l'étude de la transmission intra-troupeau des salmonelles. A l'origine, la conduite en bandes était une spécificité française. Cependant, les améliorations en termes de performances techniques et sanitaires ([121]) liées à sa mise en oeuvre ont entraîné son expansion dans les pays producteurs (en Europe ([27]) et aux Etats-Unis [114]). Les résultats de notre étude pourront donc être appliqués et généralisés, non seulement en France, mais aussi dans tous ces pays.

En troupeau naisseur-engraisseur de moins de 200 truies (majoritaires en France), la conduite à trois semaines est la plus souvent utilisée. Il existe cependant d'autres types de conduite dicté par des choix sanitaires ou une volonté d'organisation différente. Parmi ces conduites, on peut citer la conduite à la semaine (intervalle d'une semaine entre deux bandes), la conduite à 5 semaines et la conduite à 4 semaines [66]. Dans le cas d'une exploitation existante, le choix d'une conduite optimale est fonction des bâtiments présents, de la disponibilité en main d'oeuvre, des objectifs de productivité et de gestion sanitaire [16]. Nous avons choisi de représenter la conduite à trois semaines, d'une part, car notre troupeau de truies simulé comprend environ 180 truies et d'autre part, car cette conduite est la plus fréquemment rencontrée (86% des troupeaux naisseur-engraisseurs bretons [44]). Notre modèle est, cependant, assez adaptable pour pouvoir représenter ces différents types de conduite et différentes tailles de troupeau.

La taille des troupeaux est un facteur de risque de transmission d'agents pathogènes au sein d'un troupeau [141]. Cette étude s'est cependant limitée à une taille de troupeau de truies variant autour d'une moyenne de 180 truies présentes, moyenne proche des troupeaux naisseurs-engraisseurs français [133]. En élevage porcin, la taille du troupeau est relativement fixe puisqu'elle est conditionnée par le nombre de salles d'élevage disponibles. Une augmentation de la taille du troupeau

nécessiterait une adaptation des bâtiments voire une adaptation de la conduite du troupeau. Or, étant donné que la conduite en bandes influence la structure de contact (II.3.1 p.50), cette modification de conduite pourrait influencer la transmission au sein d'un troupeau et influencer l'effet de la mise en oeuvre d'une mesure de maîtrise de l'infection. L'étude de la transmission de salmonelles au sein de troupeau de plus grande taille nécessiterait de représenter une conduite en bande à la semaine (plus appropriée à cette taille de troupeau). Cette conduite implique un intervalle d'une semaine entre deux bandes successives et de ce fait, un recours au mélange de bandes plus fréquent entre une bande n et des bandes $n - 1$, $n - 2$, voire $n - 3$ [66]. Ce mélange devrait porter plus à conséquence que le mélange de bandes que nous avons représenté (entre une bande n et une bande $n - 1$). Une étude complémentaire sur les modalités de conduite au sein des troupeaux conduisant à la semaine serait nécessaire pour identifier les modalités de conduite les plus fréquemment utilisées dans ce type de troupeau.

Les éleveurs sont confrontés à l'augmentation de la productivité numérique des truies [133]. La taille et le nombre de salles disponibles dans l'exploitation ne sont plus suffisants pour loger les animaux ce qui entraîne une perte de cohérence dans l'enchaînement des bâtiments. Le modèle, tel que nous l'avons élaboré, permet de représenter la gestion du troupeau par l'éleveur et ses adaptations de conduite. Ces adaptations doivent être considérées puisqu'elles peuvent influencer la transmission des salmonelles dans un troupeau porcin (II.3.2 p.53, IV.3.1 p.156) à travers la modification de sa structure de contact.

V.1.3.2 Paramétrage

La phase d'élaboration du modèle conceptuel permet de faire une synthèse des connaissances sur le système en identifiant les processus à représenter et les données disponibles et manquantes.

Les paramètres démographiques (moyenne et écart-type) utilisés dans le modèle représentant le fonctionnement du troupeau naisseur-engraisseur sont issus des résultats de Gestion Technique des Troupeaux de Truies et de Gestion Technico-Economique [133]. La validation partielle du modèle décrivant le troupeau a été réalisée en comparant les résultats zootechniques simulés à ceux observés.

L'élaboration de ce modèle nous a amenés à nous interroger sur la mise en oeuvre réelle de la conduite en bandes dans un troupeau porcin par rapport à la conduite en bandes stricte théorique. En effet, le fonctionnement de la conduite en bandes stricte théorique est connu mais des adaptations à partir de cette conduite ont été décrites [108]. Dans une perspective d'étude épidémiologique, la représentation de ces adaptations susceptibles de modifier la structure de contact, et donc, la transmission des salmonelles était indispensable.

Pour répondre aux interrogations concernant les modalités de conduite de troupeau une enquête en exploitations a été réalisé afin d'identifier, en fonction du type de conduite, les adaptations et d'évaluer leur fréquence relative.

Les données collectées ont, dans un premier temps, permis de confirmer l'existence de différentes modalités de conduite de troupeau par les éleveurs. Dans un second temps, l'enquête nous a permis d'identifier les modalités les plus courantes à intégrer dans le modèle. Dans un troisième temps, les différentes réponses obtenues ont fourni des informations quantifiées sur le nombre de salles, leur capacité, sur la présence de salles tampons. Ces informations ont ensuite été utilisées pour estimer les seuils de décision considérés dans le chapitre I. Cette enquête est une illustration des différents aller-retours entre le modèle et les données indispensables à l'élaboration d'un modèle représentant un système complexe [109].

V.1.4 Modèle épidémiologique

Notre modèle épidémiologique de transmission repose sur un modèle SIR classique auquel des adaptations ont été apportées. D'une part, l'intermittence de l'excrétion et sa réactivation aux périodes stressantes pour un porc (sevrage, départ à l'abattoir) sont à considérer dans la dynamique de propagation des bactéries. D'autre part, la résistance des salmonelles dans le milieu extérieur a nécessité de représenter une transmission indirecte via l'environnement des porcs.

V.1.4.1 Choix de modélisation

L'infection par les salmonelles est généralement sub-clinique. Les différents états à représenter dans notre modèle devaient pouvoir être comparés à des données disponibles dans la littérature. Pour détecter les animaux infectés, des analyses

bactériologiques et immunologiques ont été développées. Nous avons donc défini des états vis-à-vis de l'infection correspondant à la dynamique d'infection et traduisant les états détectables par analyses bactériologique et sérologique.

Ce choix de représentation d'animaux porteurs de salmonelles et présentant des anticorps est aussi observé dans d'autres modèles épidémiologiques décrivant la transmission des salmonelles dans un troupeau porcin [138, 67].

La transmission représentée dans ce modèle dépend de la quantité de salmonelles dans une salle. Dans cette transmission nous avons tenu compte du contact des animaux avec les bactéries quelle que soit leur localisation dans la salle. En effet, elles peuvent être présentes sur le sol, les parois, les auges et les animaux eux-mêmes souillés par des excréments contaminés. La quantité de salmonelles excrétées par un animal infecté peut être quantifiée. Notre fonction d'infection considère par ailleurs la probabilité qu'un contact efficace puisse avoir lieu, c'est-à-dire induise l'infection d'un animal sensible. Cette probabilité est d'autant plus difficile à estimer qu'elle varie entre individus. Dans un premier temps, nous avons identifié dans la littérature qu'une quantité suffisante de salmonelles ingérées (10^4) était nécessaire pour induire un état de excréteur chez un animal sensible [57]. De plus, à partir d'une quantité de 10^6 salmonelles tous les animaux étaient infectés. Nous avons donc choisi de décrire la fonction d'infection pour les animaux d'une bande comme dépendante de la quantité de salmonelles auxquels ils sont exposés avec deux seuils. La valeur de la probabilité d'infection en fonction de la quantité de salmonelles n'était pas disponible dans la littérature, une calibration du modèle avec des données de prévalence de l'infection par les salmonelles a donc été nécessaire. Une analyse de sensibilité a, de plus, permis d'évaluer l'effet des paramètres constitutifs de cette fonction d'infection sur la séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers envoyés à l'abattoir.

V.1.4.2 Paramétrage

Le modèle épidémiologique représenté nécessite l'utilisation de plusieurs paramètres qui sont pour la plupart, soit incertains (par exemple les paramètres qui génèrent la fonction de probabilité d'infection ou la probabilité de ré-activation), soit variables (par exemple durée d'excrétion, délai de séroconversion, dose de sal-

monelles excrétées). La plupart des données disponibles dans la littérature sur le mécanisme d'infection par les salmonelles sont issues d'expérimentations dans lesquelles les animaux sont infectés avec une dose infectante élevée. La question de la représentativité de ce type d'infection dans un troupeau se pose. De ce fait, les résultats de ces expérimentations sont difficilement utilisables directement dans le modèle, bien qu'ils fournissent des connaissances indispensables à prendre en compte.

Quand les données disponibles sont insuffisantes, le recours aux avis d'experts est une manière appropriée de recueillir des informations complémentaires. Van der Gaag *et coll.* (2002) [136] ont montré que la variabilité des réponses est élevée pour l'estimation des paramètres associés aux mécanismes d'infection par les salmonelles. Ceci peut s'expliquer par le fait que ces paramètres ne sont pas directement mesurables et qu'ils reposent sur des avis subjectifs. Dans cette même étude, les réponses étaient aussi variables en fonction des pays d'origine des experts questionnés.

Une fois les états et les transitions entre états déterminés, la calibration du modèle a été réalisée par un aller-retour entre les données disponibles et les sorties du modèle. La difficulté pour valider de notre modèle est due au manque de données de suivis longitudinaux de plusieurs bandes successives au sein d'un troupeau, en tenant compte à la fois (1) du statut de toutes les truies d'une bande et de leurs porcelets, (2) de la contamination des salles d'élevage et (3) des mélanges d'animaux entre bandes.

V.1.5 Couplage

- **Couplage intra-troupeau**

La bande est l'unité modélisée dans le modèle couplé de dynamique de troupeau porcin et transmission des salmonelles au sein de ce troupeau. Cette représentation est appropriée puisque nous pouvons considérer un niveau d'exposition aux bactéries identique pour tous les animaux d'une bande logés dans une même salle. Au sein d'un bande, les animaux sont séparés dans plusieurs cases comprenant entre 8 et 30 animaux en moyenne [66]. Le fait que les cloisons entre cases soient fréquemment ajourées, que les porcs puissent avoir un contact avec les excréments

contaminés des animaux des cases voisines et que l'éleveur ne nettoie pas ses bottes quand il passe d'une case à l'autre, tendent à homogénéiser la quantité de bactéries à l'intérieur d'une salle. Nous avons considéré dans ce modèle qu'une bande occupait une seule salle durant un stade de croissance donné. Dans certains élevages, les bandes peuvent être séparées dans deux salles différentes durant la période de post-sevrage et durant la période d'engraissement. Notre modèle permettrait de représenter ce type de conduite puisque l'on pourrait considérer que la transmission à l'intérieur de ces deux salles était uniforme. En effet, la plupart du temps les porcs sont distribués de façon aléatoire dans une salle ou dans l'autre. Le risque d'introduire un animal infecté dans une salle est donc le même pour chacune des deux salles. Les animaux excrètent autant de salmonelles dans les deux salles, la probabilité d'infection est donc identique. Les salles ont, en principe, les mêmes caractéristiques (même taille, même nombre de case, ...) avec un nettoyage identique et donc une contamination résiduelle identique.

L'infection n'a aucune influence sur les processus démographiques. Nous avons donc appliqué les mêmes paramètres démographiques pour les animaux d'une même bande, quel que soit leur état au regard de l'infection.

Dans ce modèle, nous avons considéré un seul type d'introduction de salmonelles dans l'élevage : l'introduction par le biais de cochettes infectées. Cependant, notre modèle permettrait de représenter d'autres types d'introduction tel que par le biais d'aliment contaminé, d'eau de boisson contaminée, de visiteurs ou de rongeurs. La représentation de ces introductions consisterait à augmenter la quantité de salmonelles dans les salles correspondantes, de façon ponctuelle (visiteur) ou plus durable (eau).

Dans les différentes études décrites dans cette thèse, nous avons réalisé 150 simulations pour chaque scénario testé. Nous avons testé 100 simulations supplémentaires mais cela n'entraînait pas une différence de plus de 1% des résultats de séroprévalence moyenne.

• Couplage inter-troupeau

Le couplage de plusieurs modèles naisseur-engraisseurs a été réalisé afin d'évaluer une mesure tenant compte des flux d'animaux reproducteurs entre troupeaux d'une structure de production. Le couplage entre troupeaux repose uniquement

sur les flux d'animaux et prend en compte la dynamique intra-troupeau. Beaucoup de modèles considérant la transmission d'agents pathogènes entre troupeaux ne représentent pas cette dynamique intra-troupeau. Cette simplification est justifiée quand les agents étudiés présentent une contagiosité élevée et une propagation rapide dans le troupeau, car cela entraîne une infection du troupeau rapide et ce, quelle que soit la conduite mise en oeuvre (par exemple, le virus de la peste porcine [74, 96]). La conduite n'ayant pas d'influence sur la propagation de l'agent, il n'est pas indispensable de la représenter. D'autre part, certains agents étudiés comme le virus responsable de la fièvre aphteuse sont maîtrisés par l'abattage systématique du troupeau dès qu'un animal est infecté. Dans ce cas, il suffit de savoir qu'au moins un animal du troupeau est infecté. Cela ne nécessite pas la représentation de la dynamique intra-troupeau.

Dans notre étude, la dynamique du troupeau influence la transmission des salmonelles au sein du troupeau et doit être représentée. Une simplification du modèle de dynamique intra-troupeau pourrait être envisagée si elle permet de multiplier les scénarios testés sans augmenter de manière démesurée les durées de simulations. Cependant, cette simplification ne devrait pas induire une modification trop forte de la distribution des valeurs séroprévalence simulées.

L'élaboration du modèle représentant l'ensemble des troupeaux d'une structure de production a, comme pour les modèles précédents, permis d'identifier des données manquantes. Ce manque de données concerne d'une part les différentes modalités de conduite dans les troupeaux des étages de sélection et de multiplication. D'autre part, peu d'informations sont disponibles concernant le statut des troupeaux des étages supérieurs d'une structure de production vis-à-vis de l'infection par les salmonelles [83].

Dans ces travaux de thèse, nous avons considéré une situation initiale identique pour toutes nos études (taille de troupeau, performance zootechniques, prévalence de l'infection). Cependant, cette situation est variable d'un troupeau à l'autre. D'autres situations initiales devraient donc être testées.

V.1.6 Evaluation des modèles

Pour tous les modèles et particulièrement pour les modèles non-linéaires comme celui décrit dans cette thèse, la sensibilité de la sortie du modèle dépend de la valeur d'un paramètre particulier, de la valeur d'autres paramètres (en interaction), du temps et des résultats du modèle [60]. Dans ces travaux de thèse nous avons réalisé plusieurs analyses de sensibilité. Une analyse de sensibilité 'one-at-a-time' effectuée sur les paramètres démographiques et de conduite susceptibles de modifier la structure de contact a permis d'étudier l'effet de la variation individuelle de ces paramètres sur le nombre de porcs vendus hors-gamme et sur les contacts entre animaux (II.3.2, p.53). Elle a mis en évidence le rôle d'une augmentation de la durée de croissance sur la fréquence du recours aux différentes adaptations de conduite. Cette méthode d'analyse de sensibilité a aussi été utilisée afin d'étudier l'effet individuel des paramètres épidémiologiques les plus incertains de notre modèle sur la séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers livrés à l'abattoir (III.2.2, p.90).

Cette première approche d'analyse a permis d'identifier les paramètres clés à prendre en compte dans une analyse de sensibilité plus complète qui tient compte de la variation individuelle des paramètres mais aussi de leurs interactions [122]. Dans un premier temps, nous avons réalisé une ANOVA sur des sorties de modèles afin d'estimer la contribution des paramètres de conduite, de croissance et de décontamination des salles d'élevage sur la séroprévalence moyenne dans les lots de porcs charcutiers (IV.3.1, p.156).

Pour étudier, une sortie de séroprévalence moyenne correspondant à une trajectoire et non à un scalaire, les tests statistiques usuels ne conviennent pas. La méthode développée par Monod *et coll.* (à soumettre) permet d'étudier l'effet de paramètres sur des trajectoires. Cette méthode originale n'avait pas encore été appliquée en épidémiologie [29]. Nous avons donc choisi de l'appliquer sur un modèle simplifié représentant uniquement la transmission des salmonelles au sein d'une bande de la naissance au départ pour l'abattoir (III.3.2, p.124). Ce modèle a été simplifié afin d'étudier l'effet de tous les paramètres épidémiologiques du modèle et des interactions d'ordre 3, soit 4096 scénarios d'après un plan d'expériences calculé avec SAS [123] (plan factoriel fractionné). Cette méthode consiste à résumer l'information de la trajectoire en un scalaire, correspondant à un score, et de

réaliser une ANOVA afin de comparer le score de chaque scénario. L'information ainsi résumée prend en compte la variabilité qui ne pourrait pas être représentée avec une moyenne par exemple. Cette analyse a permis d'étudier la contribution de chaque paramètre épidémiologique et des interactions de ces paramètres à la variabilité de la séroprévalence dans la bande au cours du temps.

V.2 Résultats principaux

Le degré d'informations disponibles est variable ce qui conditionne la validité de nos résultats. En effet, des données sont disponibles concernant la conduite de troupeau et l'efficacité de la décontamination et l'effet de leur combinaison en termes d'amélioration de séroprévalence est admis [21, 121, ?]. Par contre, les autres mesures sont testées à partir de suppositions relatives à leur action sur le mécanisme d'infection (paramètre ciblé et intensité de l'action). Les résultats obtenus, même s'ils sont cohérents avec les résultats des études de facteurs de risque, doivent être interprétés comme les résultats d'une approche exploratoire qui nécessite des études épidémiologiques ou expérimentales complémentaires.

V.2.1 Rôle des truies et contribution de l'infection précoce des porcelets sur la séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers

Les résultats des différentes parties de cette thèse tendent à mettre en évidence le rôle majeur du troupeau de truies dans l'infection précoce des porcelets et, de ce fait, dans la séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers livrés à l'abattoir. Ce rôle consiste notamment (i) au maintien de l'infection dans l'ensemble du troupeau, (ii) à la transmission indirecte de salmonelles via leurs excréments à leurs porcelets et (iii) à l'existence d'une immunité passive transmise à leurs porcelets via le colostrum.

L'infection du troupeau de truies induit une installation de l'infection dans toutes les catégories d'animaux du troupeau et une persistance de l'infection dans les lots de porcs charcutiers livrés à l'abattoir (IV.4, p.189). De plus, l'introduction

répétée de cochettes infectées dans le troupeau de truies n'augmente ni la séroprévalence des truies, ni celles des lots de porcs charcutiers une fois que la valeur d'équilibre est atteinte. La prévalence de l'infection tend à s'homogénéiser dans les bandes de truies qui entrent en contact en salle de verraterie et de gestation. Ce cycle d'infection dû au troupeau de truies a été observé en conditions expérimentales avec la persistance de salmonelles pendant plus de 6 ans dans un troupeau de truies exemptes d'organismes pathogènes spécifiques (R. Cariolet, comm. pers.).

L'analyse de sensibilité (III.3.2, p.124) et l'étude de la mise en oeuvre d'une mesure de vaccination (IV.3.2, p.175) ont mis en évidence le rôle majeur de l'infection précoce des porcelets sur les résultats de séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers simulés. L'infection des porcelets dépend aussi du paramètre représentant l'effet protecteur de l'immunité passive liée à la prise de colostrum. Le rôle protecteur des anticorps maternels n'a pas été directement mis en évidence. Cependant, Nollet *et al.* (2004) ([105]) ont montré que les porcelets issus de truies séropositives ont un risque moins élevé de séroconvertir pendant la période de lactation et de post-sevrage que ceux issus de truies séronégatives. De plus, la vaccination des truies entraîne une prévalence plus faible de salmonelles chez les porcelets de leurs portées [115]. Le rôle de cette protection partielle des porcelets dans leur infection par les salmonelles est mis en évidence par analyse de sensibilité (III.3.2, p.124). Des études complémentaires permettant d'identifier le rôle protecteur des anticorps maternels sont nécessaires. De plus, une variabilité de cette protection chez les porcelets issus d'une même truie est envisageable étant donné que la prise de colostrum dépend de l'ordre de naissance. Cette variabilité est prise en compte au sein d'une bande dans notre modèle. Des données réelles permettraient, cependant, de quantifier cette protection.

L'infection précoce des porcelets dépend aussi de la contamination de la salle de maternité. Cette contamination résulte de l'inefficacité de la décontamination de la salle mais aussi de l'excrétion des truies infectées (III.3.2, p.124). Le rôle de l'excrétion des truies dans le processus d'infection des porcelets a été mis en évidence dans quelques études [79, 21]. L'étude exploratoire d'une mesure d'acidification de l'aliment et d'un protocole de vaccination montre l'influence plus marquée de cibler les truies plutôt que les porcs charcutiers pour réduire le nombre de lots de

porcs charcutiers avec une séroprévalence élevée (IV.3.2, p.175). Cependant, l'excrétion des truies a été peu étudiée [104]. De plus, l'effet du stress des truies ou des cochettes sur leur excrétion n'a pas été mis en évidence en conditions d'élevage. Il semblerait que contrairement aux vaches [33], le stress de la mise bas n'induit pas d'augmentation de l'excrétion des truies (P. Fravallo, comm. pers.). L'effet du stress des cochettes lors de leur transport et de leur introduction dans le troupeau de truie pourrait avoir des conséquences sur leur excrétion à prendre en compte dans notre modèle. Un suivi longitudinal des cochettes entre le départ de leur troupeau d'origine jusqu'à leur première mise-bas dans le troupeau approvisionné permettrait de combler le manque de données disponibles.

L'infection des porcelets est donc un point critique de maîtrise pour réduire la prévalence de l'infection des salmonelles dans les lots de porcs charcutiers. L'évaluation de telles mesures, ciblant cette infection, pourra être réalisée avec notre modèle naisseur-engraisseur qui représente la période de lactation.

V.2.2 Influence de la conduite de troupeau et de la décontamination sur la propagation des salmonelles dans l'exploitation

Les différentes modalités de conduite de troupeau observées dans l'enquête en exploitations [66] ont été testées dans le modèle, ainsi que différentes valeurs de seuils de décision. Les résultats de simulation montrent que ces facteurs influencent la structure de contact. Leur influence sur la structure de contact est d'autant plus élevée quand un retard de croissance des porcs survient.

Le mélange de bandes entraîne une modification de la structure de contact (chap. II.3.1, p.50) mais n'influe sur la transmission des salmonelles au sein d'un troupeau qu'en cas de retard de croissance ou de mauvaise décontamination des salles d'élevage (chap. IV.3.1, p.156). En considérant un objectif double, gain maximum par livraison à l'abattoir et maintien d'un bon statut sanitaire (dans notre étude, ce statut est uniquement lié aux salmonelles), le mélange de bandes (en croissance moyenne et décontamination efficace) peut être rentable si le fait de livrer des lots de porcs charcutiers porteurs de salmonelles n'induit pas de pénalités

financières trop élevées. Dans un contexte économique, on parle d'externalités. Au Danemark, dans le cadre du plan de maîtrise les pénalités varient entre 2 et 8% de la recette du lot livré en fonction de sa prévalence en animaux infectés [98]. Le choix de l'éleveur entre livrer des porcs hors-gammes ou des lots de porcs charcutiers avec une séroprévalence élevée devrait dépendre des pénalités induites dans chacun des cas.

Le mélange de bandes, tel qu'il est représenté dans notre modèle, n'est pas le facteur qui contribue le plus à la production de lots de porcs charcutiers avec une séroprévalence élevée (IV.3.1, p.156). Cependant, le mélange d'animaux de bandes différentes peut intervenir en post-sevrage et en maternité [66]. Bien que moins fréquents que ceux en engraissement, il serait intéressant de représenter ces mélanges dans notre modèle puisqu'ils surviennent plus précocement dans la croissance des porcs et pourraient avoir une conséquence plus importante sur la transmission des salmonelles.

Etant donné la résistance des salmonelles dans l'environnement, celui-ci est considéré comme une source d'infection majeure [10]. Murray (1991) [95], dans une revue sur la survie des salmonelles, conclut que la maîtrise des salmonelles doit débiter par une diminution significative du nombre de bactéries présentes dans l'environnement. D'autres études épidémiologiques ont montré le rôle protecteur du nettoyage des salles vis-à-vis du risque de transmission au sein d'un troupeau [121, 21]. La prise en compte de la contamination en salmonelles des salles d'élevage est donc nécessaire. Ces résultats ont été retrouvés par notre analyse de sensibilité (III.3.2, p.124) qui a mis en évidence la contribution majeure de la contamination des salles par des salmonelles résiduelles des salles d'élevage sur la séroprévalence dans une bande. Les niveaux de contamination des salles sont cependant difficiles à mesurer en conditions d'élevage avec les analyses bactériologiques disponibles actuellement, ces analyses nécessitent d'être approfondie.

Dans la représentation des mesures de biosécurité interne, nous avons considéré une même efficacité de décontamination pour toutes les salles de l'élevage. Cependant, il pourrait exister une différence d'efficacité selon les salles nettoyées (effort de l'éleveur plus important en maternité par exemple), il serait intéressant de tester l'effet de différents niveaux de décontamination des salles sur la séroprévalence

dans les lots de porcs charcutiers.

V.2.3 Mesures de maîtrise de l'infection par les salmonelles au sein d'un troupeau et au sein d'une structure de production

Les paramètres du modèle contribuant majoritairement à la variabilité des résultats de séroprévalence ont été mis en évidence par l'analyse de sensibilité (III.3.2, p.124). Certains de ces paramètres (contamination résiduelle des salles de l'exploitation, taux de protection des anticorps maternels et probabilité d'infection) sont associés à des mécanismes modifiés par la mise en place d'une mesure de maîtrise. La mise en place de mesures de maîtrise dans un troupeau est donc susceptible de modifier la séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers livrés à l'abattoir. Cependant, même si nos résultats de simulation montrent un effet de la mise en oeuvre de mesures de maîtrise sur la séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers, la modification des valeurs de paramètres que nous avons utilisées ne peut pas être confrontée à des données issues d'expérimentations. Des travaux complémentaires sont nécessaires.

L'hygiène et la conduite en bandes sont efficaces pour éviter le contact des animaux avec la bactérie dans une exploitation. Ces pratiques de biosécurité interne sont recommandées par l'Organisation Mondiale de la Santé [6] comme une part essentielle de la maîtrise de l'infection par les salmonelles dans les troupeaux. En général, ces pratiques, qui ont un effet sur l'amélioration du statut d'un troupeau vis-à-vis des salmonelles, permettent de limiter la transmission d'autres maladies infectieuses. Ces pratiques sont d'autant plus bénéfiques sur le statut vis-vis de l'infection par les salmonelles, qu'elles peuvent limiter des maladies immuno-déprimantes et induisant une augmentation de la sensibilité des porcs à l'infection lors d'une exposition aux salmonelles [21].

Les différentes mesures agissent différemment sur les lots de porcs charcutiers avec une forte prévalence (supérieure à 40%) et sur ceux avec une faible prévalence (inférieure à 5%). Le choix des mesures de maîtrise à mettre en place de manière collective devrait donc être différent selon les objectifs fixés à l'abattoir par le

groupe de travail français : réduire les lots de forte prévalence ou augmenter ceux avec une faible prévalence. Cela souligne l'intérêt d'une approche par modélisation qui permet de tester les interactions associées à la mise en oeuvre de mesures combinées.

Les principaux résultats de notre modèle mettent en évidence des points critiques à considérer dans une perspective de maîtrise des salmonelles :

- limiter le contact des animaux avec les salmonelles (biosécurité interne : IV.3.1, p.156) ;
- prévenir de l'introduction des salmonelles dans les exploitations (cochettes : IV.4, p.189) ;
- limiter de l'infection précoce des porcelets (immunité passive via le colostrum, décontamination des salles, excréation des truies : III.3.2, p.124 et IV.3.2, p.175) ;
- diminuer la sensibilité des animaux vis-à-vis d'une infection (probabilité d'infection : III.3.2, p.124 et IV.3.2, p.175).

La première voie de maîtrise de l'infection par les salmonelles est d'identifier les animaux infectés et de limiter leurs mouvements au sein d'un troupeau et entre troupeaux. Au sein d'un troupeau, cela consisterait à pouvoir détecter tous les animaux infectés et à les élever séparément des autres porcs. Entre troupeaux, cela consisterait à limiter les flux d'animaux reproducteurs infectés.

D'après une étude anglaise, les troupeaux de truies qui n'achètent pas de cochettes ont un risque moins élevé d'être infectés par des salmonelles que les troupeaux qui achètent des cochettes [10]. L'auto-renouvellement est surtout réalisé dans les troupeaux des étages supérieurs d'une structure de production. Cette pratique permet d'éviter l'introduction d'animaux reproducteurs infectés dans les troupeaux de truies. Cependant, dans les cas d'une infection par salmonelles, si le troupeau de truies est déjà infecté, le cycle d'infection continu ne devrait pas être influencé par les modalités de renouvellement des truies.

De plus, une étude de modélisation récente a montré que la plus forte amélioration pour la santé publique correspond à une amélioration modeste de la séroprévalence de tous les troupeaux de la filière plutôt qu'à une forte amélioration des troupeaux les plus contaminées [2]. Ces résultats montrent la nécessité d'agir

de manière collective au niveau 'pre-harvest'.

Etant données les incertitudes liées aux paramètres influant sur la transmission des salmonelles, les résultats de séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers doivent être interprétés avec prudence. L'effet de la mise en oeuvre de mesures de maîtrise doit être interprétée en termes de tendance plutôt qu'en termes d'amélioration quantifiée de la séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers livrés à l'abattoir.

V.2.4 Réalisme des mesures évaluées et limites

Les mesures de maîtrise que nous avons testées dans cette étude correspondent à des mesures déjà mises en oeuvre dans les troupeaux porcins (acidification de l'aliment, biosécurité interne) ou à des mesures mises en oeuvre dans d'autres troupeaux d'animaux de rente (vaccination dans les troupeaux de volailles). La faisabilité en exploitation et l'acceptabilité de ces mesures de maîtrise par les éleveurs semblent donc acquises. Par contre, la mesure d'orientation des flux d'animaux reproducteurs correspond à une première approche et n'a pas encore été confrontée à l'avis des professionnels de la filière. Concernant cette mesure, un recueil de données sur la conduite des troupeaux des différents étages d'une structure de production et sur les flux d'animaux reproducteurs entre ces troupeaux devra être réalisé. La possibilité de mettre en oeuvre une telle mesure dans la filière porcine devra par ailleurs être discutée avec les professionnels.

L'ensemble des mesures testées dans cette thèse sont des mesures visant à réduire la prévalence de l'infection dans des troupeaux déjà infectés. L'évaluation de la mesure d'orientation des flux d'animaux reproducteurs a fait apparaître la nécessité d'utiliser des protocoles de détection adaptés aux mesures appliquées. Dans le cadre du plan danois, la méthode de détection sérologique est appropriée pour classer les troupeaux en fonction de leur niveau de contamination. De plus, la confirmation par analyse bactériologique permet une estimation plus précise de la prévalence de l'infection. C'est l'interaction entre le protocole de détection et la mise en oeuvre de mesures correctives qui a permis la réduction de nombres de salmonelloses humaines [98]. Ce protocole de détection ne semble pas suffisant dans notre représentation d'une mesure d'orientation des flux d'animaux repro-

ducteurs entre troupeaux puisqu'elle ne permet pas d'identifier très précisément la séroprévalence au sein d'un lot d'animaux reproducteurs.

L'analyse sérologique permet une meilleure estimation pour des troupeaux avec une forte prévalence de l'infection [30] que pour des troupeaux de faible prévalence. Le protocole danois a, cependant, dû être modifié (diminution de seuil de positivité du test) quand le nombre de troupeaux de plus forte séroprévalence est devenu inférieur à 1% [65]. Dans les troupeaux de faible prévalence, les changements de statuts vis-à-vis de l'infection par les salmonelles sont fréquents au sein du troupeau [45, 112]. La détection de ces changements peut être faite uniquement par le biais d'analyses successives et continues et par confirmation par analyse bactériologique.

Les plans de surveillance doivent pouvoir détecter le plus tôt possible les changements de statut d'un troupeau. La détection des animaux infectés doit donc être réalisée à des points critiques de maîtrise de l'infection tels que ceux mis en évidence dans cette thèse. Ces plans doivent aussi permettre de quantifier l'occurrence de l'infection et ce, même dans des lots faiblement infectés.

V.3 Perspectives

Le modèle tel qu'il est couplé dans cette étude consiste en deux modèles qui fonctionnent séparément. L'intérêt de ce fonctionnement est de pouvoir étudier, la transmission des salmonelles au sein d'un troupeau avec une dynamique différente et la transmission d'un autre agent pathogène avec notre modèle de dynamique de troupeau. La représentation de la transmission au niveau d'une bande nécessite cependant d'étudier des agents pathogènes ayant des caractéristiques de transmission proches de celles des salmonelles : pas d'effet sur les processus démographiques, transmission indirecte, capacité de survie dans l'environnement plus ou moins élevée (par exemple *Campylobacter*). Pour représenter la propagation d'agents pathogènes avec d'autres caractéristiques, telles que la transmission verticale ou dépendant de l'immunité des truies et de celle de leurs porcelets (exemple de la maladie d'amaigrissement du porcelet [36, 89]), le modèle devra être adapté.

D'autres conduites de troupeau ont été mises en évidence [66] (II.2 p.48). Ces conduites sont moins fréquemment rencontrées que la conduite à trois semaines,

bien que certaines d'entre elles tendent à devenir plus fréquentes (conduites à 4 et à 5 bandes, C. Belloc, comm. pers.). Etant donnée la flexibilité de notre modèle, ces conduites en bandes pourraient y être facilement représentées. Pour le moment, en effet, nous avons représenté l'effet de la mise en oeuvre de mesures de maîtrise dans un seul type de troupeau, un troupeau naisseur-engraisseur avec conduite à trois semaines. L'effet de ces mesures est influencé par la structure de contact. Or cette structure est différente selon la conduite de troupeau considérée. Dans la suite de ces travaux, il serait intéressant de considérer un gamme de troupeaux possédant des caractéristiques différentes :

- taille de troupeau plus élevée qui induirait une conduite à la semaine et des mélanges plus fréquents [66] ;
- types de troupeaux différents (post-sevreurs-engraisseurs, engraisseurs...) et flux entre ses troupeaux ;
- conduite de troupeau différente (conduite à la semaine, à 5 semaines ...).

Cette gamme de troupeaux serait alors à inclure dans le modèle représentant l'ensemble des troupeaux au sein d'une structure de production.

D'autres mesures telles que l'accroissement de la résistance génétique à l'infection pourraient être étudiées. En effet, cette résistance génétique a déjà été identifiée et étudiée dans la filière avicole et pourrait s'avérer efficace pour réduire l'infection par les salmonelles chez le porc. Chez le porc, des études ont mis en évidence l'existence de lignées résistantes à l'infection par les salmonelles [80, 145]. Notre modèle pourrait permettre d'envisager quel niveau de résistance est nécessaire pour réduire de manière significative la séroprévalence dans les lots de porcs charcutiers. Il pourrait aussi permettre de mesurer le délai nécessaire pour obtenir cette amélioration de séroprévalence dans le cas d'une introduction progressive des cochettes résistantes dans un troupeau déjà infecté. Cependant, les études dans ce domaine sont encore peu nombreuses chez le porc et des données complémentaires sont nécessaires pour identifier les mécanismes d'infection affectés par ce type de mesure.

L'objectif à long terme de ce modèle est de fournir un outil d'aide à la décision pour les décideurs de la filière porcine. Dans cette perspective, il sera nécessaire d'ajouter un volet économique à notre modèle, qui permette de tenir compte des

coûts des mesures et du compromis liés aux différentes contraintes économiques qui pourraient être envisagées. Dans ce cas, des pénalités pourraient être intégrées ce qui pourrait modifier les choix de conduite des éleveurs représentés dans le modèle. En 2001, sur l'ensemble de la littérature disponible sur la maîtrise des salmonelles dans les filières porcines, seulement 2 sur 533 publications scientifiques développaient le volet économique [14]. Depuis, seul le modèle de van der Gaag *et coll.* (2004) [137] a représenté cet aspect. Le volet économique serait indispensable à considérer étant donné le compromis existant entre rentabilité de la production et maintien d'un bon statut sanitaire du troupeau.

Chapitre VI

Conclusion générale

Dans cette thèse, nous avons élaboré un modèle de simulation afin d'évaluer des mesures de maîtrise du portage des salmonelles chez le porc charcutier. L'approche multidisciplinaire et intégrative combinant les domaines de l'épidémiologie, de la zootechnie et de la modélisation a permis d'obtenir une meilleure prise en compte des aspects épidémiologiques liés à la maîtrise de la prévalence de l'infection.

L'élaboration du modèle représentant la transmission indirecte des salmonelles au sein d'un troupeau porcin a nécessité de fréquents aller-retours entre modèle et données disponibles. Ces aller-retours ont notamment permis d'identifier les modalités de conduite de troupeau à représenter dans notre modèle en générant la mise en oeuvre d'une enquête en exploitations. Si un déficit de données existe, l'analyse de sensibilité est une alternative intéressante pour obtenir des informations sur ces données. Les différentes analyses de sensibilité ont montré un effet majeur de la probabilité d'infection et du taux de protection associée à la présence des anticorps maternels sur la prévalence de l'infection. Des données supplémentaires sont nécessaires afin de mieux évaluer ces paramètres.

Ces travaux de recherche ont permis de représenter les aspects épidémiologiques et zootechniques permettant d'évaluer des mesures de maîtrise visant à (i) réduire l'exposition des animaux aux bactéries, (ii) accroître la résistance des porcs à l'infection lors de l'exposition et (iii) limiter l'introduction de salmonelles dans un

troupeau par le biais de l'achat d'animaux reproducteurs.

La représentation de la transmission des salmonelles au sein des populations de truies et de porcs au sein d'un troupeau naisseur-engraisseur et des interactions entre troupeaux de sélection, de multiplication et de production au sein d'une structure de production a permis d'identifier des points de contrôle critiques dans la maîtrise de la prévalence du portage de salmonelles au sein d'un troupeau et dans les plans collectifs. Dans une perspective de maîtrise de l'infection au sein d'un troupeau, l'infection précoce des porcelets par les truies et la conduite de troupeau semblent être des cibles potentielles de mesures. De plus, au sein d'une structure de production, la mise en oeuvre d'une action collective est efficace à réduire la prévalence si les protocoles de détection sont adaptés aux mesures appliquées. L'application de ces protocoles doit, cependant, tenir compte de leur faisabilité.

Le modèle développé dans ces travaux de thèse est adaptable à l'étude de la transmission des salmonelles au sein d'autres types de troupeaux ou de conduites. Ce modèle pourrait, de plus, être adapté à l'étude d'autres agents pathogènes transmissibles au sein d'un troupeau mais aussi au sein d'une structure de production.

Références bibliographiques

- [1] ALBAN, L., H., S., AND J., D. The new classification system for slaughter-pig herds in the danish *Salmonella* surveillance-and-control program. *Preventive Veterinary Medicine* 53, 9-10 (2002), 133–146.
- [2] ALBAN, L., AND STARK, K. D. C. Where should the effort be put to reduce the *Salmonella* prevalence in the slaughtered swine carcass effectively? *Preventive Veterinary Medicine* 68, 1 (2005), 63–79.
- [3] AMSTRONG, D. An introduction to the batch farrowing. *Meat and Livestock commission* (2002).
- [4] ANDERSON, R., AND MAY, R. *Infectious diseases of humans : Dynamics and control*. Cambridge University Press, Cambridge, 1999.
- [5] ANONYME. World health organization - report of the who/wavfv. round table conference on the present status of the *Salmonella* problem (prevention and control). Tech. rep., WHO, 1980.
- [6] ANONYME. *World Health Organization - Guidelines on Prevention and Control of Salmonellosis*. Linton A., Geneva, Switzerland, 1989.
- [7] ANONYME. European union - decision no 2001/738/ec de la commission du 17 octobre 2001 approuvant le plan de surveillance et de contrôle des salmonelles dans les volailles présenté par les pays-bas. *Official Journal of the European Union* (1991), C(2001)3095.

- [8] ANONYME. European union - regulation no 2160/1003 on the control of *Salmonella* and other specified food-borne zoonotic agents. *Official Journal of the European Union* (1996), L 325/1.
- [9] ANONYME. Annual report on zoonoses in denmark 2003. *Ministry of food, Agriculture and Fisheries* (2003).
- [10] ANONYME. European food safety agency - opinion of scientific panel on hazards on risk assement and mitigation options of *Salmonella* in pig production. *The EFSA Journal* 341 (2006), 1–131.
- [11] ANONYME. European food safety agency - avis du groupe scientifique sur les risques biologiques à la demande de la commission sur l'utilisation des vaccins pour le contrôle des salmonelles chez les espèces aviaires *Salmonella* in pig production. *The EFSA Journal Q-2003-080* (21 Octobre 2004).
- [12] ANONYME. Agence française de sécurité sanitaire des aliments - le programme national de maîtrise de *Salmonella enterica* dans les filières chair et ponte de l'espèce *Gallus gallus*. In *Bulletin Epidémiologique* (Mars 2005), vol. 16, pp. 2–5.
- [13] BAGGESEN, D. L., WEGENER, H. C., BAGER, F., STEGE, H., AND CHRISTENSEN, J. Herd prevalence of *Salmonella enterica* infections in Danish slaughter pigs determined by microbiological testing. *Preventive Veterinary Medicine* 26, 3-4 (1996), 201–213.
- [14] BAHNSON, P. *Salmonella* epidemiology and control in pork : questions addressed and questions remaining. In *Proceedings of the 4th International Symposium on the Epidemiology and Control of Salmonella in Pork* (Leipzig, Germany, 2001), pp. 308–312.
- [15] BANKS, J. *Handbook of simulation*. John Wiley and Sons, Inc. New York, USA, 2001.
- [16] BAS, D. L. 3-4-5 bandes, une autre stratégie! *Porc Magazine* 348 (2001), 42–56.
- [17] BATES, T. W., THURMOND, M. C., AND CARPENTER, T. E. Description of an epidemic simulation model for use in evaluating strategies to control

- an outbreak of foot-and-mouth disease. *Am. J. Veterinary Research* 64, 2 (2003), 195–204.
- [18] BEAUMONT, C., PROTAIS, J., GUILLOT, J. F., COLIN, P., PROUX, K., MILLET, N., AND PARDON, P. Genetic resistance to mortality of day-old chicks and carrier-state of hens after inoculation with *Salmonella enteritidis*. *Avian Pathology* 28, 2 (1999), 131–135.
- [19] BELOEIL, P. A., CHAUVIN, C., PROUX, K., MADEC, F., FRAVALO, P., AND ALIOUM, A. Impact of the *Salmonella* status of market-age pigs and the pre-slaughter process on the *Salmonella* caecal contamination at slaughter. *Veterinary Research* 35, 5 (2004), 513–530.
- [20] BELOEIL, P. A., CHAUVIN, C., PROUX, K., ROSE, N., QUEGUINER, S., EVENO, E., HOUDAYER, C., ROSE, V., FRAVALO, P., AND MADEC, F. Longitudinal serological responses to *Salmonella enterica* of growing pigs in a subclinically infected herd. *Preventive Veterinary Medicine* 60, 3 (2003), 207–226.
- [21] BELOEIL, P. A., FRAVALO, P., FABLET, C., JOLLY, J. P., EVENO, E., HASCOET, Y., CHAUVIN, C., SALVAT, G., AND MADEC, F. Risk factors for *Salmonella enterica* subsp *enterica* shedding by market-age pigs in French farrow-to-finish herds. *Preventive Veterinary Medicine* 63, 1-2 (2004), 103–120.
- [22] BERENDS, B., KNAPEN, F. V., SNIJDERS, J., AND MOSSEL, D. Identification and quantification of risk factors regarding *Salmonella* spp. on pork carcasses. *Journal of Food Protection* 36 (1997), 199–206.
- [23] BERENDS, B. R., URLINGS, H. A. P., SNIJDERS, J. M. A., AND KNAPEN, F. V. Identification and quantification of risk factors in animal management and transport regarding *Salmonella* spp in pigs. *International J. Food Microbiology* 30, 1-2 (1996), 37–53.
- [24] BLAHA, T., SOLANO-AGUILAR, G., AND PIJOAN, C. The early colonisation pattern of *S. Typhimurium* in pigs after oral intake. In *Proceedings of the Second International Symposium on Epidemiology and Control of Salmonella in Pork* (Copenhagen, Denmark, 20–22 August 1997), pp. 71–73.

- [25] BLANKENSHIP, L., BAILEY, J., COX, A., STERN, N., BREWER, R., AND WILLIAMS, O. Two-step mucosal competitive exclusion flora treatment to diminish salmonellae in commercial broiler chickens. *Poultry Science* 72 (1993), 1672–1676.
- [26] BOUDRY, C., KORSACK, N., JACOB, B., ETIENNE, G., THÉWIS, A., AND DAUBE, G. Ecologie de *Salmonella* dans le tube digestif du porc à l'abattage et étude de la contamination des carcasses. *Annales de Médecine Vétérinaire* 146 (2002), 353–360.
- [27] BROWN, P. Advantages and disadvantages of batch farrowing. *Farm Animal Practice* (2004), 94–96.
- [28] BUIJTELS, J., HUIRNE, R., DIJKHUIZEN, A., DE JONG, M., AND VAN NES, A. Computer simulation to support policy making in the control of pseudorabies. *Veterinary Microbiology* 55, 1-4 (2004), 181–185.
- [29] CAMPBELL, K., MCKAY, M., AND WILLIAMS, B. Sensitivity analysis when model output are functions. *Reliability Engineering & System Safety* 91, 10–11 (2006), 1468–1472.
- [30] CASEY, P., BUTLER, D., GARDINER, G., TANGNEY, M., SIMPSON, P., LAWLOR, P., STANTON, C., ROSS, R., HILL, C., AND FITZGERALD, G. *Salmonella* carriage in an irish pig herd : correlation between serological and bacteriological detection methods. *Journal of Food Protection* 67, 12 (2004), 2797–2800.
- [31] CAUGANT, A., AND QUÉMÉRÉ, A. La conduite en tou-plein/tout-vide. *Atout Porc* (Septembre 1999), 14–15.
- [32] CHRISTENSEN, J., BAGGESEN, D. L., NIELSEN, B., AND STRYHN, H. Herd prevalence of *Salmonella* spp. in Danish pig herds after implementation of the Danish *Salmonella* Control Program with reference to a pre-implementation study. *Veterinary Microbiology* 88, 2 (2002), 175–188.
- [33] COBBOLD, R. N., RICE, D. H., DAVIES, M. A., BESSER, T. E., AND HANCOCK, D. D. Long-term persistence of multi-drug-resistant *Salmonella enterica* serovar newport in two dairy herds. *J Am Vet Med Assoc.* 228, 4 (2006), 585–591.

- [34] CORRÉGÉ, I. La problématique salmonelles dans la filière porcine. *Livestock and Production Science* 63, 3 (2000), 223–233.
- [35] CORRÉGÉ, I., DUBROCA, S., AND SALAÜN, Y. Etats des lieux de la mise en oeuvre du plan de lutte contre les salmonelles en france. *Techni-Porc* 28, 6 (2005), 15–20.
- [36] CORRÉGÉ, I., PIROUELLE, H., GAUDRÉ, D., AND TRAIN, M.-H. L. La maladie de l’amaigrissement du porcelets (map) - influence de différents paramètres zootechniques sur son incidence dans un élevage expérimental. In *Compte-rendu des 33eme journées de la Recherche Porcine en France* (Paris, France, 2001), ITP, pp. 283–290.
- [37] CORRÉGÉ, I., PROUX, K., FRAVALO, P., CORNOU, C., AND FLÉHO, J.-Y. Les salmonelles en élevage porcin : caractérisation et rôle épidémiologique du statut des cochettes. In *Compte-rendu des 34eme journées de la Recherche Porcine en France* (Paris, France, 2002), ITP, pp. 309–315.
- [38] DAHL, J. The relation between *Salmonella* shedding and the *Salmonella* mix elisa on the pig level. In *Proceedings of the third International Symposium on Epidemiology and control of Salmonella in Pork* (Washington DC, USA, 20-22 August 1997), pp. 153–156.
- [39] DAHL, J., AND WINGSTRAND, A. Reduction of subclinical *Salmonella* infection in danish pigs herds. a summary of documented and plausible risks factors and how this knowledge is implemented into a guide for reduction and control of *Salmonella* infection. In *Proceedings of Salmonella and Salmonellosis* (Ploufragan, France, 20-22 May 1997), pp. 631–635.
- [40] DAHL, J., WINGSTRAND, A., NIELSEN, B., AND BAGGESEN, D. L. Elimination of *Salmonella* typhimurium infection by the strategic movement of pigs. *Veterinary Record* 140, 26 (1997), 679–681.
- [41] DALEY, D., AND GANI, J. *Epidemic modelling - An Introduction*. Oxford University Pres, Oxford, 1991.
- [42] DAVIES, P., BOVEE, F., FUNK, J., MORROW, W., JONES, F., AND DEEN., J. Isolation of *Salmonella* serotypes from feces of pigs raised in a multiple-site production system. *J Am Vet Med Assoc.* 212, 12 (1998), 1925–1929.

- [43] DIJKHUIZEN, A., AND MORRIS, R. *Animal health economics*. University of Sidney, Australia, 1997.
- [44] DU PORC, I. T. *Mémento de l'éleveur de porcs*, 6 ed. IFIP - Institut du Porc, Paris, 2000.
- [45] DUBROCA, S., CORRÈGÉ, I., GOUSET, M., GUYOMARD, F., LOISEAU, D., SALAUN, Y., MINVIELLE, B., AND ROUX, A. L. Caractérisation du staut salmonelles d'un élevage de porcs : Analyse comparée de la sérologie et de la bactériologie. *Epidémiologie et Santé Animale* 48 (2005), 41–49.
- [46] DURAND, B., AND MAHUL, O. An extended state-transition model for foot-and-mouth disease epidemics in france. *Preventive Veterinary Medicine* 47, 1-2 (2000), 121–139.
- [47] DUSHOFF, J., AND LEVIN, S. The effetes of population heterogeneity on disease invasion. *Mathematical Bioscience* 128 (1995), 25–40.
- [48] <http://www.enternet.com/>. Daté de Décembre 2003 ; Site officiel EnterNet : réseau européen de surveillance des salmonelloses humaines.
- [49] <http://www.enternet.com/>. Daté de Décembre 2006 ; Site officiel EnterNet : réseau européen de surveillance des salmonelloses humaines.
- [50] EUROBAROMETER. Standard eurobarometer number 57. Directorate-General Press and Communication, European Commission <http://europa.ue.int/comm/public-opinion>.
- [51] FARZAN, A., FRIENDSHIP, R. M., DEWEY, C. E., WARRINER, K., POPPE, C., AND KLOTINS, K. Prevalence of *Salmonella* spp. on Canadian pig farms using liquid or dry-feeding. *Preventive Veterinary Medicine* 73, 4 (2006), 241–254.
- [52] FEDORKA-CRAY, P., GRAY, J., AND WRAY, C. *Salmonella infection in pigs*. Cabi publishing, Oxon, 2000.
- [53] FEDORKA-CRAY, P., HARRIS, D. L., AND WHIPP, S. Using isolated weaning to raise *Salmonella*-free swine. *Preventive Veterinary Medicine* 92 (2005), 375–382.
- [54] FISHER, I. Le réseau de surveillance international enter-net - objectifs et organisation. *Euro Surveillance* 4, 5 (1999), 52–55.

- [55] FOSSE, J., SEEGER, H., AND MAGRAS, C. Foodborne zoonoses due to meat : a quantitative approach for a comparative risk assesment applied to pig slaughtering in europe. *Veterinary research* 39 (2007), 01.
- [56] FOURNIER, E., AND FRESSENON, J. 80% de nos clients plébiscitent les atouts des cochettes arca. In *Arca magazine : informations, analyses et solution porc* (Septembre 2005), p. p.5.
- [57] FRAVALO, P., CARIOLET, R., PROUX, K., AND SALVAT, G. Le portage asymptomatique de *Salmonella enterica* par les porcs : résultats issus de la constitution d'un modèle en conditions expérimentales. In *Compte-rendu des 35eme journées de la Recherche Porcine en France* (Paris, France, 2003), ITP, pp. 393–400.
- [58] FRIENDSHIP, R. M., AND KAINS, F. Low-cost housing and batch farrowing. *Compendium On Continuing Education For Practicing Veterinarian* 20, 9 (1998), S205–+.
- [59] GAUTHIER, R. Le mode d'action des acidifiants et leur intérêt en engraissement. In *Actualités en production porcine : pathologie digestive en engraissement - Maladie d'amaigrissement du porcelet - Immunité-Vaccination* (Maisons-Alfort, France, 5-6 Décembre 2002), p. 15 pp.
- [60] GINOT, V., GABA, S., BAUDOUIN, R., F.ARIES, AND MONOD, H. Combined use of local and anova-based global sensitivity model : Application to the case study of an individual-based model of fish population. *Ecological modelling* 193 (2006), 479–491.
- [61] GIOVANNACCI, I., VENDEUVRE, J., ERMEL, G., SALVAT, G., AND CARLIER, V. Origine des *Listeria monocytogenes* et de *Salmonella* présentes sur les produits de découpe de porc - apport des outils innovants de typage moléculaires pour le suivi des contaminations en abattage et découpe de porc. *Partie II : Salmonella Bulletin Liaison CTSCCV* 11, 3 (2001), 139–149.
- [62] H., K., JORGENSEN, L., WACHMANN, H., AND DAHL., J. Effect on *Salmonella* prevalence by feeding sows meal or pelleted feed strategic movement of pigs. In *Proceedings of the 4th International Symposium on Epidemiology and Control of Salmonella and Other Food Borne Pathogens in Pork*.

- (Leipzig University, Leipzig, Germany., 1997), P. J. van der Wolf (ed.), Ed., vol. 140, pp. 115–117.
- [63] HAESEBROUCK, F., PAKSMAN, F., CHIERS, K., MAES, D., DUCATELLE, R., AND DECOSTERE, A. Efficacy of vaccines against bacterial diseases in swine : what can expected? *Veterinary Microbiology* 100 (2004), 255–268.
- [64] HALD, T., VOSE, D., AND WEGENER, H. Quantifying the contribution of animal-food sources to human salmonellosis by a bayesian approach. *Risk Analalysis* 146 (2003), 353–360.
- [65] HALD, T., WEGENER, H., BROCK, B., FoWONG, D. L., BAGGESEN, D., MADSEN, M., KOORSGAARD, H., ETHELBERG, S., GERNER-SMIDT, P., AND MOLBAK, K. The integrated surveillance of *Salmonella* in Denmark and the effect on public health. In *Risk Management Strategies : monitoring and surveillance*, F. Smulders and J. Collins, Eds. Wageningen Academic, 2005, pp. 213–238.
- [66] HÉBERT, H. Modalités de conduite en bandes en élevage porcin : effets sur les contacts entre animaux. Tech. rep., Thèse vétérinaire, Ecole Nationale Vétérinaire de Nantes, 27 Octobre 2006.
- [67] HILL, A., SNARY, E., ARNOLD, M., ALBAN, L., AND COOK, A. Dynamics of *Salmonella* transmission on a british pig grower-finisher farm : a stochastic model. *Epidemiology and Infection* (2007), 1–14.
- [68] HOLT, R., GAST, R., AND KELLY-AEHLE, S. Use of a live attenuated *Salmonella* typhimurium vaccine to protect hens against *Salmonella* enteritidis infection while undergoing molt. *Avian Diseases* 47 (2003), 656–661.
- [69] HURD, H. S., GAILEY, J. K., MCKEAN, J. D., AND ROSTAGNO, M. H. Experimental rapid infection in market swine following exposure to a *Salmonella* contaminated environment. *Berliner und Munchener Tierarztliche Wochenschrift* 114, 9-10 (2001), 382–384.
- [70] HURD, H. S., WESLEY, I. V., KARRIKER, L. A., AND MCKEAN, J. D. The effect of lairage on *Salmonella* isolation from market swine. *Journal of Food Protection* 64 (2001), 939–944.

- [71] IVANEK, R., SNARY, E. L., COOK, A. J. C., AND GRÖHN, Y. T. A mathematical model for the transmission of *Salmonella* typhimurium within a grower-finisher pig herd in Great Britain. *Journal of Food Protection* 67, 11 (2004), 2403–2409.
- [72] JALVINGH, A. W., NIELEN, M., MAURICE, H., STEGEMAN, A. J., ELBERS, A. R. W., AND DIJKHUIZEN, A. A. Spatial and stochastic simulation to evaluate the impact of events and control measures on the 1997–1998 classical swine fever epidemic in The Netherlands. I. Description of simulation model. *Preventive Veterinary Medicine* 42, 3–4 (1999), 271–295.
- [73] JORGENSEN, L., DAHL, J., AND WINGSTRAND, A. The effect of feeding pellets, meal and heat treated on the *Salmonella* prevalence in finishing pigs. In *Proceedings of the 3rd International Symposium on the Epidemiology and Control of Salmonella in Pork* (Washington, USA, 2001), pp. 308–312.
- [74] KARSTEN, S., RAVE, G., AND KRIETER, J. Monte Carlo simulation of classical swine fever epidemics and control - I. General concepts and description of the model. *Veterinary Microbiology* 108, 3–4 (2005), 187–198.
- [75] KARSTEN, S., RAVE, G., AND KRIETER, J. Monte Carlo simulation of classical swine fever epidemics and control - II. Validation of the model. *Veterinary Microbiology* 108, 3–4 (2005), 199–205.
- [76] KJAERGAARD, H., JORGENSEN, L., WACHMANN, H., AND DAHL, J. Effect on *Salmonella* prevalence by feeding sows meal or pelleted feed. In *Proceedings of the Third International Symposium on Epidemiology and Control of Salmonella in Pork* (Leipzig, Germany), P. van der Wolf (ed.), Ed., pp. 115–117.
- [77] KORSACK, N., CLINQUART, A., AND DAUBE, G. *Salmonella* spp. dans les denrées d'origine animale : un réel problème de santé publique ? *Annales de Médecine Vétérinaire* 148 (2004), 174–193.
- [78] KRANKER, S., ALBAN, L., BOES, J., AND DAHL, J. Longitudinal study of *Salmonella enterica* serotype typhimurium infection in three Danish farrow-to-finish swineherds. *Journal of Clinical Microbiology* 41, 6 (2003), 2282–2288.

- [79] KRANKER, S., DAHL, J., AND WINGSTRAND, A. Bacteriological and serological examination and risk factor analysis of *Salmonella* occurrence in sow herds, including risk factors for high *Salmonella* seroprevalence in receiver finishing herds. *Berliner Und Munchener Tierarztliche Wochenschrift* 114, 9-10 (2001), 350–352.
- [80] LACEY, C., WILKIE, B., KENNEDY, B., AND MALLARD, B. Genetic and other effects on bacterial phagocytosis and killing by cultured peripheral blood monocytes on sla-defined miniature pigs. *Animals Genetics* 20 (1989), 371–381.
- [81] LAW, A., AND KELTON, W. *Simulation Modelling and Analysis*. McGraw-Hill Book Co, Singapore, 200.
- [82] LE MINOR, L. Genus III. *Salmonella*. In *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*, N. Krieg and J. Holt, Eds., vol. 1. Williams and Wilkins, Baltimore, 1984, pp. 427–458.
- [83] LEJOLIVET, A. Prévalence des salmonelles dans le schéma de sélection d'un groupement de producteurs de porcs, pratiques à risques et intervention sur l'excrétion. Tech. rep., Thèse vétérinaire, Ecole Nationale Vétérinaire de Nantes, 17 Novembre 2004.
- [84] LETELLIER, A., MESSIER, S., LESSARD, S., AND QUESSY, S. Host response to different treatments to reduce *Salmonella* infections in swine. In *Proceedings of the third International Symposium on the Epidemiology and Control of Salmonella in Pork* (Washington DC, USA, 5-7 August 1999), pp. 317–320.
- [85] LETELLIER, A., MESSIER, S., PARE, J., MENARD, J., AND QUESSY, S. Distribution of *Salmonella* in swine herds in quebec. *Veterinary Microbiology* 67, 4 (1999), 299–306.
- [86] LINDNER, T., SPRINGER, S., STEINBACH, G., AND SELBITZ, H. J. Immunoprophylaxis as a method to help reduce the incidence of *Salmonella* infection in swine. In *Proceedings of the 4th International Symposium on the Epidemiology and Control of Salmonella and other food borne pathogens in Pork*. (Leipzig, germany, 2001), pp. 89–91.

- [87] LUMDSEN, J., AND WILKIE, B. Immune response of pigs to parenteral vaccination with an aromatic-dependent mutant of *Salmonella typhimurium*. *Canadian journal of Veterinary Research* 56, 4 (1992), 296–302.
- [88] LURETTE, A., BELLOC, C., TOUZEAU, S., HOCH, T., SEEGER, H., AND FOURICHON, C. Modelling batch farrowing management within a farrow-to-finish pig herd : influence of management on contact structure and pig delivery. Accepted in *Animal*, Mar. 2007.
- [89] MADEC, F., EVENO, E., MORVAN, P., HAMON, L., BLANCHARD, P., CARIOLET, R., AMENNA, N., MORVAN, H., TRUONG, C., MAHE, D., ALBINA, E., AND JESTIN, A. Post-weaning multisystemic wasting syndrom (PMWS) in pig in france : clinical observations from follow-up studies on affected farms. *Techni-Porc* 24, 2 (2001), 25–31.
- [90] MEYER, H., KOCH, H., METHNER, U., AND STEINBACH, G. Vaccines in salmonellosis control in animals. *Zentralblatt fur Bakteriologie* 278 (2003), 407–415.
- [91] MOORE, M., AND CARGILL, C. *Batch farrowing*. Roseworthy Campus, The university of Adelaide, South Australia, 2002.
- [92] MORSE, E., AND DUNCAN, M. Salmonellosis, an environmental health problem. *Journal of the American Veterinary Medical Association* 165 (1974), 1015–1019.
- [93] MOULIN, C., AND TILLARD, E. Le troupeau : un système biotechnique complexe. les enseignements d’une recherche pluridisciplinaire menée au sénégal. In *Actes du Symposium International 'Recherches-systèmes en en agriculture et développement durable* (21-25 Novembre 1994), CIRAD, Ed., pp. 526–530.
- [94] MOUSING, J., JENSEN, P. T., HALGAARD, C., BAGER, F., FELD, N., NIELSEN, B., NIELSEN, J. P., AND BECH NIELSEN, S. Nation-wide *Salmonella enterica* surveillance and control in Danish slaughter swine herds. *Preventive Veterinary Medicine* 29, 4 (1997), 247–261.
- [95] MURRAY, C. *Salmonella* in the environment. *Revue scientifique et technique (International Office of Epizootie)* 24, 2 (2001), 25–31.

- [96] NIELEN, M., JALVINGH, A. W., MEUWISSEN, M. P. M., HORST, S. H., AND DIJKHUIZEN, A. A. Spatial and stochastic simulation to evaluate the impact of events and control measures on the 1997-1998 classical swine fever epidemic in The Netherlands. II. Comparison of control strategies. *Preventive Veterinary Medicine* 42, 3-4 (1999), 297-317.
- [97] NIELEN, M., JALVINGH, A. W., MEUWISSEN, M. P. M., HORST, S. H., AND DIJKHUIZEN, A. A. Spatial and stochastic simulation to evaluate the impact of events and control measures on the 1997-1998 classical swine fever epidemic in The Netherlands. II. Comparison of control strategies. *Preventive Veterinary Medicine* 42, 3-4 (1999), 297-317.
- [98] NIELSEN, B. The danish *Salmonella* surveillance and control program for swine. In *Actualités en production porcine (Economie mondiale, reproduction, salmonellose) 1 et 2 décembre 2004*. (Maisons-Alfort, France, 2001), pp. 125-133.
- [99] NIELSEN, B., ALBAN, L., STEGE, H., SORENSEN, L. L., MOGELMOSE, V., BAGGER, J., DAHL, J., AND BAGGESEN, D. L. A new *Salmonella* surveillance and control programme in Danish pig herds and slaughterhouses. *Berliner Und Munchener Tierarztliche Wochenschrift* 114, 9-10 (2001), 323-326.
- [100] NIELSEN, B., BAGGESEN, D., BAGER, F., HAUGEGAARD, J., AND LIND, P. The serological response to *Salmonella* serovars typhimurium and infantis in experimentally infected pigs. The time course followed with an indirect anti-LPS ELISA and bacteriological examinations. *Veterinary Microbiology* 47, 3-4 (1995), 205-218.
- [101] NIELSEN, J. P., A., J., AND A., W. Age related sero-prevalence in 4-7 month old breeding animals, gilts and sows from danish breeding and multiplying herds. In *Proceedings of the 4th International Symposium on the Epidemiology and Control of Salmonella and other food borne pathogens in Pork*. (Leipzig, Germany, 2001), pp. 281-284.
- [102] NODELIJK, G., JONG, M. D., NES, A. V., VERNOOY, J., LEENGOED, L. V., POL, J., AND VERHEIJDEN, J. Introduction, persistence and fade-out of porcine reproductive and respiratory syndrome virus in a Dutch breeding

- herd : a mathematical analysis. *Epidemiology Infection* 124, 1 (2000), 173–182.
- [103] NOLLET, N., HOUF, K., DEWULF, J., DUCHATEAU, L., ZUTTER, L. D., KRUIF, A. D., AND MAES, D. Distribution of *Salmonella* strains in farrow-to-finish pig herds : A longitudinal study. *J. Food Protection* 68, 10 (2005), 2012–2021.
- [104] NOLLET, N., HOUF, K., DEWULF, J., KRUIF, A. D., ZUTTER, L. D., AND MAES, D. *Salmonella* in sows : a longitudinal study in farrow-to-finish pig herds. *Veterinary Research* 36, 4 (2005), 645–656.
- [105] NOLLET, N., MAES, D., ZUTTER, L. D., DUCHATEAU, L., HOUF, K., HUYSMANS, K., IMBERECHTS, H., GEERS, R., DE KRUIF, A., AND HOOF, J. V. Risk factors for the herd-level bacteriologic prevalence of *Salmonella* in Belgian slaughter pigs. *Preventive Veterinary Medicine* 65, 1-2 (2004), 63–75.
- [106] O'BRIEN, S., GILLEPSIE, I., AND ADAK, K. Foodborne disease surveillance as a basis for policy-making. In *Risk Management Strategies : monitoring and surveillance*, F. Smulders and J. Collins, Eds. Wageningen Academic, 2005, pp. 33–52.
- [107] <http://www.pasteur.fr/sante/clre/cadrecnr/salmcncr/salmcncr-actualites.html>. Daté de Mai 2006.
- [108] PELLOIS, H., AND CAUGANT, A. La conduite en bandes à revoir. *Atout Porc* (Novembre 1999), 6–7.
- [109] PERROCHON, L. Les aller-retour entre connaissance et modèle de simulation. In *Actes du Séminaire INRA-CIRAD* (31 Janvier - 1er Février 2001), CIRAD, Ed., pp. 51–58.
- [110] PROUX, K., CARIOLET, R., FRAVALO, P., HOUDAYER, C., KERANFLECH, A., AND MADEC, F. Contamination of pigs by nose-to-nose contact or airborne transmission of *Salmonella typhimurium*. *Veterinary Research* 32, 6 (2001), 591–600.
- [111] PROUX, K., HOUDAYER, C., HUMBERT, F., CARIOLET, R., ROSE, V., EVENO, E., AND MADEC, F. Development of a complete ELISA using *Salmo-*

- nella* lipopolysaccharides of various serogroups allowing to detect all infected pigs. *Veterinary Research* 31, 5 (2000), 481–490.
- [112] RAJIC, A., KEENLISIDE, J., MCFALL, M., DECKERT, A., MUCKLE, A., O’CONNOR, B., MANNINEN, K., DEWEY, C., AND MCEWEN, S. Longitudinal study of *Salmonella* species in 90 alberta swine finishing farms. *Vet. Microbiol.* 105 (2005), 47–56.
- [113] READ, M., AND KEELING, M. Disease evolution on networks : the role of contact structure. *Proceedings of Biological Science* 270, 1516 (2003), 699–708.
- [114] RIEU, M., AND VAN FERNIEU, J. La production porcine aux Etats-Unis. In *Compte-rendu des 28eme journées de la Recherche Porcine en France* (Paris, France, 1996), ITP, pp. 61–68.
- [115] ROESLER, U., HELLER, P., WALDMANN, K., TRUYEN, U., AND HENSEL, A. Immunization of sows in an integrated pig-breeding herd using a homologous inactivated *Salmonella* vaccine decreases the prevalence of *Salmonella* typhimurium infection in the offspring. *Journal of veterinary medicine. B, Infectious diseases and veterinary public health* 53, 5 (2006), 224–228.
- [116] ROSSEL, R., AND MINVIELLE, A. L. R. B. Contamination en salmonelles des camions de transport de porcs charcutiers et des porcheries d’attente à l’abattoir. *TechniPorc* 25, 2 (2002), 27–31.
- [117] ROSTAGNO, M. . H. ., HURD, H., MCKEAN, J., ZIEMER, C., GAILEY, J., AND LEITE, R. Preslaughter holding environment in pork plants is highly contaminated with *Salmonella enterica*. *Journal of Food Protection* 64 (2001), 939–944.
- [118] ROULLIER, J. Les salmonelles dans des élevages de porcs du sud-ouest de la france : séroprévalence en fin d’engraissement et facteurs de risques associés. Tech. rep., Thèse vétérinaire, Ecole Nationale Vétérinaire de Nantes, 13 Janvier 2006.
- [119] RUBEL, F., AND FUCHS, K. A decision-support system for real-time risk assessment of airborne spread of the foot-and-mouth disease virus. *Methods Information In Medicine* 44, 4 (2005), 590–595.

- [120] SAATKAMP, H. W., HUIRNE, R. B. M., GEERS, R., DIJKHUIZEN, A. A., NOORDHUIZEN, J. P. T. M., V., G., MANGEN, M. J. J., BURRELL, A. M., MOURITS, M. C. M., BUIJTELS, J., HUIRNE, R., DIJKHUIZEN, A., DEJONG, M., AND VANNES, A. Computer simulation to support policy making in the control of pseudorabies. *Veterinary Microbiology* 55, 1-4 (1997), 181–185.
- [121] SALINPORK. *Pre-harvest and harvest control options based on epidemiologic, diagnostic and economic research*. D.M.A. Lo FoWong and T. Hald, 2000.
- [122] SALTELLI, A., CHAN, K., AND SCOTT, E. *Sensitivity Analysis*. John Whisley and Sons, Ltd, 2000.
- [123] <http://wwwsas.stat.ucl.ac.be/sasdiscute/tutorials/intro/sas-tutorial.html>. Tutoriel d'introduction à l'utilisation de SAS sur le serveur d'applications statistiques de l'UCL. Daté de Août 2007.
- [124] SCHMIDT, F. ?? ?? (1999).
- [125] SCHMIDT, P., O'CONNOR, A., MCKEAN, J., AND HURD, H. The association between cleaning and disinfection of lairage pens and the prevalence of *Salmonella enterica* in swine at harvest. *Journal of Food Protection* 67, 7 (2004), 1384–1388.
- [126] SCWHARTZ, K. *Salmonellosis*. Straw B.E. and D'Allaire S. and Mengeling W.L. and Taylor D.J. eds, Oxford, 1999.
- [127] SPINDLER, F. Les trois âges de la production porcine en france au xxème siècle. *Ethnozootecnie* 74, 7 (2004), 7–26.
- [128] SPRINGER, S., LINDNER, T., STEINBACH, G., AND SELBITZ, H. J. Investigation of the efficacy of a genetically-stabile live *Salmonella* Typhimurium vaccine for use in swine. *Berliner Und Munchener Tierarztliche Wochenschrift* 114, 9-10 (2001), 342–345.
- [129] STEENHARD, N., JENSEN, T., BAGGESEN, D., ROEPSTORFF, A., AND MOLLER, K. Excretion in feces and mucosal persistence of *Salmonella* ser. typhimurium in pigs subclinically infected with *Oesophagostomum* spp. *American Journal of Veterinary Research* 63 (2002), 130–136.

- [130] STEGE, H., JENSEN, T. K., MOLLER, K., BAEKBO, P., AND JORSAL, S. E. Risk factors for intestinal pathogens in Danish finishing pig herds. *Preventive Veterinary Medicine* 50, 1-2 (2001), 153–164.
- [131] SWANENBURG, M., URLINGS, H. A., KEUZENKAMP, D. A., AND SNIJDERS, J. M. *Salmonella* in the lairage of pig slaughterhouses. *Journal of Food Protection* 64, 1 (2001), 12–16.
- [132] SWANENBURG, M., URLINGS, H. A. P., SNIJDERS, J. M. A., KEUZENKAMP, D. A., AND VAN KNAPEN, F. *Salmonella* in slaughter pigs : prevalence, serotypes and critical control points during slaughter in two slaughterhouses. *Int. J. Food Microbiology* 70, 3 (2001), 243–254.
- [133] .. INSTITUT TECHNIQUE DU PORC. *Le Porc par les chiffres - Edition 2006*. IFIP - Institut du Porc, Paris, 2006.
- [134] TOMA, B., DUFOUR, B., SANAA, M., J.J, J. B., ELLIS, P., MOUTOU, F., AND LOUZÀ, A. *Epidémiologie appliquée à la lutte collective contre les maladies animales transmissibles majeures*. AEEMA éd., 1996.
- [135] VALLERON, A.-J. Les rôles de la modélisation en épidémiologie. *Compte-rendu de l'Académie des Sciences de la Vie* 323 (2000), 429–433.
- [136] VAN DER GAAG, M. A., AND HUIRNE, R. B. M. Elicitation of expert knowledge on controlling *Salmonella* in the pork supply chain. *Journal on Chain and Network Sciences* 2, 2 (2002), 135–146.
- [137] VAN DER GAAG, M. A., SAATKAMP, H. W., BACKUS, G. B. C., VAN BEEK, P., AND HUIRNE, R. B. M. Cost-effectiveness of controlling *Salmonella* in the pork chain. *Food Control* 15, 3 (2004), 173–180.
- [138] VAN DER GAAG, M. A., VOS, F., SAATKAMP, H. W., VAN BOVEN, M., VAN BEEK, P., AND HUIRNE, R. B. M. A state-transition simulation model for the spread of *Salmonella* in the pork supply chain. *European J. Operational Research* 156, 3 (2004), 782–798.
- [139] VAN DER WOLF, P. J., BONGERS, J. H., ELBERS, A. R. W., FRANSSSEN, F. M. M. C., HUNNEMAN, W. A., VAN EXSEL, A. C. A., AND TIELEN, M. J. M. *Salmonella* infections in finishing pigs in The Netherlands : bacterio-

- logical herd pre-valence, serogroup and antibiotic resistance of isolates and risk factors for infection. *Veterinary Microbiology* 67, 4 (1999), 263–275.
- [140] VAN DER WOLF, P. J., ELBERS, A. R. W., VAN DER HEIJDEN, H. M. J. F., VAN SCHIE, F. W., HUNNEMAN, W. A., AND TIELEN, M. J. M. *Salmonella* seroprevalence at the population and herd level in pigs in The netherlands. *Veterinary Microbiology* 80, 2 (2001), 171–184.
- [141] VAN DER WOLF, P. J., WOLBERS, W. B., ELBERS, A. R. W., VAN DER HEIJDEN, H. M. J. F., KOPPEN, J. M. C. C., HUNNEMAN, W. A., VAN SCHIE, F. W., AND TIELEN, M. J. M. Herd level husbandry factors associated with the serological *Salmonella* prevalence in finishing pig herds in The netherlands. *Veterinary Microbiology* 78, 3 (2001), 205–219.
- [142] VAN DER WOLF, P. J., WONG, D. M. A. L., WOLBERS, W. B., ELBERS, A. R. W., VAN DER HEIJDEN, H. M. J. F., VAN SCHIE, F. W., HUNNEMAN, W. A., WILLEBERG, P., AND TIELEN, M. J. M. A longitudinal study of *Salmonella enterica* infections in high- and low-seroprevalence finishing swine herds in the netherlands. *Veterinary Quarterly* 23, 3 (2001), 116–121.
- [143] VAN IMMERSEEL, F., CAUWERTS, K., DEVRIESE, L., HAESBROUCK, F., AND DUCATELLE, R. Feed additives to control *Salmonella* in poultry. *World Poultry science* 48 (2003), 501–513.
- [144] VAN WINSEN, R. L., LIPMAN, L. J. A., BIESTERVELD, S., URLINGS, B. A. P., SNIJDERS, J. M. A., AND VAN KNAPEN, F. Mechanism of *Salmonella* reduction in fermented pig feed. *J. Science Food Agriculture* 81, 3 (2001), 342–346.
- [145] VAN WINSEN, R. L., URLINGS, B. A. P., LIPMAN, L. J. A., SNIJDERS, J. M. A., KEUZENKAMP, D., VERHEIJDEN, J. H. M., AND VAN KNAPEN, F. Effect of fermented feed on the microbial population of the gastrointestinal tracts of pigs. *Appl. Environmental Microbiology* 67, 7 (2001), 3071–3076.
- [146] VOS, C. J. D., SAATKAMP, H. W., AND HUIRNE, R. B. M. Cost-effectiveness of measures to prevent classical swine fever introduction into The netherlands. *Preventive Veterinary Medicine* 70, 3-4 (2005), 235–256.

- [147] WINGSTRAND, A., DAHL, J., THOMSEN, L., JORGENSEN, L., AND JENSEN, B. Influence of dietary administration of organic acids and increased feed structure on *Salmonella typhimurium* infection in pigs. In *Proceedings of the Second International Symposium on Epidemiology and Control of Salmonella in Pork* (Copenhagen, Denmark, 20-22 August 1997), pp. 631–635.
- [148] WINSEN, R. V., B.A.P. URLINGS, LIPMAN, L., J.M.A.SNIJDERS, KEUZENKAMP, D., VERHEIJDEN, J., AND VAN KNAPEN, F. Effect of fermented feed on the microbial population of the gastrointestinal tracts of pigs. *Applied Environmental Microbiology* 67 (2001), 3071–3076.
- [149] WONG, D. L. F. *Salmonella enterica*. *Journal of Food Protection* 64 (2001), 939–944.
- [150] WOOD, R., A., A. P., AND ROSE, R. Distribution of persistent *Salmonella typhimurium* in internal organs of experimentally infected carrier pigs. *American Journal of Veterinary Research* 50 (1989), 1015–1021.
- [151] WRAY, C. *Review of research into Salmonella infections in pigs*. Meat and Livestock Commission, 2001.
- [152] YOON, H., WEE, S. H., STEVENSON, M. A., O'LEARY, B. D., MORRIS, R. S., HWANG, I. J., PARK, C. K., AND STERN, M. W. Simulation analyses to evaluate alternative control strategies for the 2002 foot-and-mouth disease outbreak in the Republic of Korea. *Preventive Veterinary Medicine* 74, 2-3 (2006), 212–225.

Liste des publications et des communications issues de la thèse

Publications scientifiques dans revues avec comité de lecture

Lurette, A., Belloc, C., Touzeau, S., Hoch, T., Seegers, H., Fourichon, C., 2008. Modelling batch farrowing management within a farrow-to-finish pig herd : influence of management on contact structure and pig delivery. *Animal*, 2 :1, 105-116.

Lurette, A., Belloc, C., Touzeau, S., Hoch, T., Seegers, H., Fourichon, C., 2007. Modelling *Salmonella* spread within a farrow-to-finish pig herd. Soumis à *Veterinary Research*.

Ezanno, P., Lurette, A., 2007. Modelling the spread of an indirectly transmitted pathogen between host populations sharing environment. Soumis à *Journal of Theoretical Biology*.

Communications dans Congrès

Lurette, A., Belloc, C., Touzeau, S., Hoch, T., Seegers, H., Fourichon, C., 2007. Influence des conduites et des pratiques d'hygiène sur la prévalence de portage de

Salmonella dans les lots de porcs charcutiers : étude par modélisation. Journées d'animation scientifique du département Santé Animale, Tours, Juin 2007.

Lurette, A., Belloc, C., Touzeau, S., Hoch, T., Seegers, H., Fourichon, C., 2007. Influence des conduites et des pratiques d'hygiène sur la prévalence de portage de *Salmonella* dans les lots de porcs charcutiers : étude par modélisation. AEEMA, Maisons-Alfort, 1er Juin 2007.

Lurette, A., Belloc, C., Touzeau, S., Hoch, T., Seegers, H., Fourichon, C., 2007. Modelling the prevalence of *Salmonella* carrier pigs at slaughtering age : influence of management systems and of the *Salmonella* status of replacement gilts. *Proceedings of the 7th International Symposium 'Safepork' - On the epidemiology and control of foodborne pathogens in pork*, 9-11 May, Verona, Italy, 555-555.

Amandine Lurette, Catherine Belloc, Suzanne Touzeau, Thierry Hoch, Henri Seegers et Christine Fourichon, 2007. Modélisation de l'effet de la conduite d'élevage sur la propagation de *Salmonella* en élevage naisseur-engraisseur. *Compte-rendu des 39èmes Journées de la Recherche Porcine*, 6-8 février, Paris, France, 555-555.

Amandine Lurette, Catherine Belloc, Suzanne Touzeau, Thierry Hoch, Henri Seegers et Christine Fourichon, 2007. Modélisation de l'effet de la conduite d'élevage sur la propagation de *Salmonella* en élevage porcin. *Conférence Francophone dsur la Modélisation Mathématique en Biologie et en Médecine*, 12-14 Juillet, Craiova, Roumanie, 19.

Lurette, A., Belloc, C., Touzeau, S., Hoch, T., Seegers, H., Fourichon, C., 2006. Simulation of the influence of biosecurity strategies on prevalence of *Salmonella* in slaughter pigs. *International Porcine Veterinary Society Congress*, 16-19 July, Copenhagen, Denmark, 555-444.

Posters dans congrès internationaux

Lurette, A., Belloc, C., Touzeau, S., Hoch, T., Seegers, H., Fourichon, C., 2006. Modelling *Salmonella* transmission in a pig farm under three biosecurity strategies. *111th International Symposium on Veterinary Epidemiology and Economics*, 6-11 August, Cairns, Australia.

Lurette, A., Belloc, C., Touzeau, S., Hoch, T., Seegers, H., Fourichon, C., 2006. Modelling *Salmonella* transmission in a pig farm under three biosecurity strategies. *International Symposium of Salmonella and Salmonellosis*, 10-12 May, Saint Malo, France.

Annexe

Annexe A

Modélisation

Contenu

A.1 Introduction	265
A.2 Modèle troupeau	266
A.2.1 Introduction	266
A.2.1.1 Type d'élevage représenté	266
A.2.1.2 Choix de modélisation	266
A.2.2 Cycle de reproduction des truies	267
A.2.2.1 Description d'une bande de truies	267
Liste des étapes physiologiques	268
Numérotation des bandes	268
Détermination de l'étape d'une bande	268
Attribution des salles	269
Effectif	269
A.2.2.2 Mortalité	270
Réforme involontaire	270
A.2.2.3 Reproduction	270
Insémination	270

	Avortement	270
	Case tampon	271
	Taille de portée	271
A.2.2.4	Réforme volontaire	271
A.2.2.5	Recrutement des cochettes	271
A.2.2.6	Dynamique des bandes de truies	272
A.2.3	Croissance des porcs	272
A.2.3.1	Description d'une bande de porcs	273
	Liste des étapes physiologiques	273
	Numérotation des bandes	273
	Détermination de l'étape d'une bande	273
	Attribution des salles	274
	Effectif	274
A.2.3.2	Naissance	275
A.2.3.3	Mortalité	275
A.2.3.4	Départs à l'abattoir	275
	Modélisation de la croissance	276
	Départs à l'abattoir	276
	Adaptations de conduite	276
A.2.3.5	Dynamique des bandes de porcs	278
A.3	Modèle salmonelles	278
A.3.1	Description des états épidémiologiques	279
A.3.1.1	Liste des états épidémiologiques potentiels	279
	Les statuts décrits bactériologiquement	279
	Les statuts décrits sérologiquement	279
A.3.1.2	Choix des états épidémiologiques modélisés	280
A.3.2	Description du modèle	281
A.3.2.1	Variables d'état	281

A.3.2.2	Transitions	281
	Infection $F \rightarrow Sh$	282
	Séroconversion $Sh \rightarrow Shs$	282
	Arrêt d'excrétion $Shs \rightarrow Cs$	282
	Réexcrétion $Cs \rightarrow Shs$	283
A.3.2.3	Dynamique épidémiologique	283
A.4	Couplage	283
	Variables d'état	284
	Interactions entre le modèle épidémiologique et les étapes physiologiques	284
	Dynamique des bandes	284
	Dynamique des salles	285

A.1 Introduction

Le but de cette annexe est de présenter le modèle mathématique utilisé dans les différents chapitres de cette thèse pour étudier la propagation de salmonelles dans un élevage porcin.

Il s'agit d'un modèle dynamique à temps discret, qui décrit l'évolution des effectifs du troupeau au cours du temps. Le troupeau est structuré en étapes physiologiques et états épidémiologiques. Sont représentés dans ce modèle les processus démographiques du troupeau, les processus épidémiologiques liés aux salmonelles et la gestion du troupeau par l'homme. Le pas de temps choisi est d'une semaine. Il convient à la fois à l'organisation d'un élevage et aux échelles de temps des processus représentés. Certaines composantes du modèle sont stochastiques pour tenir compte de la variabilité biologique.

Le portage des salmonelles est généralement sub-clinique. Ainsi, la partie gestion de l'élevage peut-être découplée du modèle épidémiologique. Nous présentons donc tout d'abord le modèle troupeau, qui inclut les processus démographiques et

la gestion de l'élevage. Puis nous décrivons le modèle épidémiologique. Ces deux modèles sont ensuite couplés.

N.B. : Nous utilisons dans ce chapitre les notations anglaises, pour être cohérents avec les articles inclus dans la thèse.

A.2 Modèle troupeau

A.2.1 Introduction

A.2.1.1 Type d'élevage représenté

Le type d'élevage étudié est un *élevage naisseur-engraisseur*. Ce type d'élevage regroupe l'intégralité du cycle de reproduction des truies et l'intégralité de la croissance des porcs charcutiers jusqu'à leur départ pour l'abattoir.

Nous avons choisi de représenter la *conduite en bandes*, qui consiste à diviser le cheptel de truies en lots de taille égale, appelés *bandes*, et à synchroniser le sevrage des truies afin de regrouper les différents événements d'un cycle de reproduction. De chaque bande de truies est issue une bande de porcs.

Cette conduite lie étroitement les étapes physiologiques à l'occupation des bâtiments. En effet, chaque étape physiologique correspond à l'occupation d'une salle spécifique de l'élevage, dans laquelle les bandes se succèdent mais ne se croisent pas. Cette conduite permet de vider intégralement la salle et de réaliser une décontamination et une période de vide sanitaire entre deux bandes successives. Elle correspond à une occupation en *tout-plein/tout-vide* des salles de l'élevage.

A.2.1.2 Choix de modélisation

Ce modèle dynamique à temps discret représente l'évolution de l'effectif des bandes de porcs charcutiers et de truies au cours du temps dans un élevage. Il repose sur quelques hypothèses générales de modélisation décrites ci-dessous.

- La bande est la plus petite unité modélisée dans ce modèle pour les porcs. Pour les truies, on sub-divise la bande selon leur parité.

- L’occupation des salles est simplifiée. En effet, notre choix est de représenter un salle comme la capacité d’une bande. Ce choix est limitant quant à l’étude de gros élevages (> 500 truies) dans lesquels une même bande est divisée en plusieurs salles pour une même étape physiologique.
- Le pas de temps est d’une semaine ; c’est le plus grand pas de temps possible en fonction de l’organisation d’un élevage. L’unité de temps est aussi la semaine.
- Le modèle a une structure déterministe, avec quelques composantes stochastiques permettent de représenter la variabilité biologique des phénomènes suivants :
 - le taux de réussite à l’insémination artificielle,
 - le taux de réforme involontaire des truies,
 - la taille de portée,
 - la croissance des porcs.
- Dans le modèle, les individus ne sont pas en nombres entiers.

Les bandes de porcs et de truies sont conduites séparément et n’interagissent qu’au moment de la naissance des porcelets. Nous allons tout d’abord présenter la partie du modèle relative aux truies, puis celle concernant les porcs.

A.2.2 Cycle de reproduction des truies

Les truies sont réparties en bandes dans le troupeau, chaque bande étant caractérisée par son effectif. Les différents événements intervenant pendant le cycle de reproduction des truies et affectant cet effectif sont : la mortalité, les échecs à la reproduction, la réforme et le recrutement de cochettes. Après avoir décrit plus en détails la bande de truies et les processus qui l’affectent, nous présenterons les équations de la dynamique du modèle.

A.2.2.1 Description d’une bande de truies

Chaque salle de l’élevage n’est occupée que par une seule bande de truies à la fois. Des salles spécifiques sont attribuées à chaque étape physiologique. Les bandes occupent donc une salle différente à chaque étape.

Liste des étapes physiologiques Le cycle de reproduction des truies se décompose en trois étapes physiologiques x' de durée d'_x :

1. $x' = 1$ l'attente-saillie, de durée $d'_1 = d'_M = 4$ semaines (M pour « Mating »), en salle de verraterie ;
2. $x' = 2$ la gestation, de durée $d'_2 = d'_G = 12$, en salle de gestation ;
3. $x' = 3$ la lactation, de durée $d'_3 = d'_F = 5$ semaines (F pour « Farrowing »), en salle de maternité.

La durée du cycle de reproduction est donc de $D' = d'_M + d'_G + d'_F = 21$ semaines.

N.B. : Le nombre d'étapes dans le modèle est un paramètre qui peut facilement être modifié.

Numérotation des bandes Les bandes sont inséminées à intervalles réguliers. On note bb l'intervalle entre bandes, qui est généralement de 3 semaines ; dans ce cas, le cycle étant de 21 semaines, 7 bandes de truies co-habitent dans l'élevage. Plus généralement, le nombre de bandes est : $N'_b = \text{floor}(D'/bb)$, où floor est l'entier inférieur le plus proche. Les bandes sont numérotées par ordre croissant selon leur entrée en verraterie, à partir d'une bande et d'un temps de référence donnés.

Référence : à $t = t_0$, la bande de truies $b' = b'_0$ entre en salle de verraterie.

Détermination de l'étape d'une bande On déduit de cette référence les dates d'entrée en verraterie (« Mating room ») de la bande b' :

$$t_M(b') = t_0 + (b' - b'_0)bb + kD', \quad k \in \mathbb{Z}(k = \dots, -1, 0, 1, \dots).$$

La dernière date d'entrée en verraterie de la bande b au temps t est donc :

$$t_M(t, b') = t_0 + (b' - b'_0)bb + \text{floor}\left(\frac{t - t_0 - (b' - b'_0)bb}{D'}\right)D',$$

où la fonction floor donne l'entier inférieur ou égal le plus proche.

On obtient l'étape du cycle de reproduction $x'(t, b')$ dans laquelle se trouve la bande de truie b' au temps t en comparant la durée écoulée depuis sa dernière date d'entrée en verraterie $t_M(t, b')$ avec les durées des différentes étapes. Elle est définie à partir des inégalités suivantes :

$$\sum_{i=1}^{x'(t, b')-1} d'_i \leq t - t_M(t, b') < \sum_{i=1}^{x'(t, b')} d'_i \quad (\text{A.1})$$

Attribution des salles On calcule tout d'abord le nombre de salles R'_x attribuées à chaque étape du cycle de reproduction x' (R pour « Room »). Ce nombre dépend du temps d'occupation d'une salle. Le temps d'occupation d'une salle est la somme de la durée dans l'étape du cycle correspondante d'_x et de la durée du vide sanitaire réalisé entre deux bandes successives v'_x . Ce nombre est calculé comme suit :

$$R'_x = \text{ceil} \left(\frac{d'_x + v'_x}{bb} \right),$$

où la fonction *ceil* donne l'entier supérieur ou égal le plus proche.

Les salles sont numérotées successivement, en commençant par les salles de verraterie ($x' = 1$). Les numéros r' des salles d'une étape physiologique x' sont donnés par les inégalités suivantes :

$$1 + \sum_{i=1}^{x'-1} R'_i \leq r < 1 + \sum_{i=1}^{x'} R'_i.$$

Par convention, on suppose que la bande de truies b'_0 occupe à chaque étape la salle de plus petit numéro, soit la salle numéro $1 + \sum_{i=1}^{x'-1} R'_i$, $x' = 1, 2, 3$. De même, la bande $b'_0 + 1$ occupe la salle de plus petit numéro+1, etc. L'attribution d'une salle r à la bande b' au temps t se fait donc grâce à l'équation suivante :

$$r(t, b') = 1 + \text{mod}(b' - b'_0, R_{x'(t, b')}) + \sum_{i=1}^{x'(t, b')-1} R'_i, \quad (\text{A.2})$$

où la fonction modulo $\text{mod}(y, z)$ donne le reste de la division euclidienne de y par z .

Effectif Chaque bande de truies est subdivisée selon la *parité* des truies $p \in \{1, \dots, N_p\}$. Cette structuration est motivée par le fait que certaines caractéristiques des truies, comme les taux d'avortement et les tailles de portée, sont très

dépendantes de la parité. En général, on ne considère que $N_p = 2$ parités : $p = 1$ pour les cochettes dans leur premier cycle de reproduction et $p = 2$ pour les autres truies.

Chaque bande de truies b' est caractérisée à tout instant t par son effectif par parité $S(t, p, b')$ (S pour « Sow »). Son étape physiologique est déterminée par l'équation (A.1) et sa salle par A.2.

A.2.2.2 Mortalité

Le taux de mortalité s'applique à chaque pas de temps et à chaque bande de truies. Il ne dépend que de l'étape physiologique x' de la bande et est noté $\mu'_{x'}$.

Réforme involontaire La réforme involontaire est considérée comme la partie aléatoire de la mortalité des truies. À chaque pas de temps t et pour chaque bande b' , on tire si oui ou non il y a réforme involontaire. Dans le cas où la réforme a lieu, une faible proportion $r_i(b', t)$ de la bande, tirée aléatoirement, est réformée. Le taux de mortalité est augmenté d'autant.

A.2.2.3 Reproduction

Insémination L'insémination artificielle (IA) est réalisée une semaine après le retour en salle de verraterie. Aux pas de temps $t = t_M(b') + d_1$ correspondant à la sortie de verraterie de la bande b' , la réussite à l'IA est vérifiée et un taux d'échec à l'IA est appliqué à l'effectif de truies. Afin de générer une certaine variabilité entre bandes, ce taux $\tau(t, b')$ est tiré séparément pour chaque bande dans une loi normale de moyenne τ_m et d'écart-type τ_d .

Les truies de la bande b en échec sont soit réformées, selon un taux constant c_r , soit ré-inséminées avec la bande suivante $b' + 1$.

Avortement L'avortement peut avoir lieu tout au long de la période de gestation. Le taux d'avortement cumulé η est fixe. Il est réparti sur cette période selon une loi lognormale de moyenne α_m et d'écart-type α_d . Chaque semaine de gestation $t \in \{t_M(b') + d_1, \dots, t_M(b') + d_2 - 1\}$, le taux d'avortement $\alpha(t, b')$ de la bande b' est égal au produit de η avec l'aire sous la courbe de la densité de probabilité

associée à la loi, correspondant à cette semaine. Lors de la dernière semaine de gestation, le taux est calculé de manière à obtenir un taux cumulé égal à η .

Les truies ayant avorté sont soit réformées, selon un taux constant c_α , soit ré-inséminées avec la bande en verraterie prête à être inséminée (entre $b' + 2ebb' + 5$).

Case tampon Aux dates d'entrée en verraterie $t = t_M(b')$, l'effectif de truies de la bande b' est comparé au nombre F_{max} de places disponibles en salle de maternité. Si cet effectif $\sum_p S(t, p, b') > F_{max}$, les truies surnuméraires sont conduites en salle tampon. L'effectif de truies surnuméraires $\sum_p S(t, p, b') - F_{max}$ ne peut pas dépasser le nombre de places en salle tampon ER'_{MAX} ; sinon, les truies de parité plus grande sont réformées. Au sevrage, les truies de la case tampon et leurs porcelets rejoignent leurs bandes respectives.

Taille de portée Les truies mettent bas une semaine après leur entrée en salle de maternité. La taille de portée est différente selon la parité des truies. À parité fixée, elle est aussi relativement variable. C'est pourquoi la taille de portée $L_p(t, b')$ est tirée pour chaque bande b' à chaque mise bas, i.e. pour $t = t_M(b') + d_1 + d_2 + 1$, dans une loi normale de moyenne L_{p_m} et d'écart type L_{p_d} ; ces deux paramètres dépendent de la parité des truies.

A.2.2.4 Réforme volontaire

Les truies sont réformées au moment du sevrage des porcelets avec un taux constant c .

A.2.2.5 Recrutement des cochettes

Pour compenser la mortalité et la réforme des truies, un nombre constant de cochettes est recruté G dans chaque bande b' qui entre en verraterie à $t = t_M(b')$.

A.2.2.6 Dynamique des bandes de truies

Les équations régissant la dynamique de la bande de truies b' à l'instant t sont donc :

$$S(t, p, b') = \begin{cases} G & \\ \text{si } t = t_M(b') \text{ \& } p = 1 \text{ (gilts recruited in mating room),} & \\ (1 - \mu'_3)(1 - c) \sum_p S(t - 1, p, b') & \\ \text{si } t = t_M(b') \text{ \& } p = 2 \text{ (sows entering mating room),} & \\ (1 - \mu'_1)S(t - 1, p, b') + (1 - c_\tau)\tau(t - 1, b' - 1)S(t - 1, p, b' - 1) & \\ \text{si } t_M(b') < t < t_M(b') + d'_1 \text{ (mating room),} & \\ (1 - \mu'_1)(1 - c_\tau)(1 - \tau(t - 1, b'))S(t - 1, p, b') & \\ \text{si } t = t_M(b') + d'_1 \text{ (entering gestating room),} & \\ (1 - \mu'_2)(1 - \alpha(t - 1, b'))S(t - 1, p, b') & \\ \text{si } t_M(b') + d'_1 < t < t_M(b') + d'_1 + d'_2 \text{ (gestating room),} & \\ (1 - \mu'_2)S(t - 1, p, b') & \\ \text{si } t = t_M(b') + d'_1 + d'_2 \text{ (entering farrowing room),} & \\ (1 - \mu'_3)S(t - 1, p, b') & \\ \text{si } t_M(b') + d'_1 d'_2 < t < t_M(b') + D' \text{ (farrowing room).} & \end{cases} \quad (\text{A.3})$$

N.B. : Entre deux pas de temps, les processus sont appliqués dans l'ordre suivant : mortalité, reproduction, réforme et recrutement des cochettes.

A.2.3 Croissance des porcs

Les porcs sont répartis en bandes dans le troupeau, chaque bande étant caractérisée par son effectif. Les différents événements intervenant pendant la croissance des porcs et affectant cet effectif sont : la naissance, la mortalité, et les départs à l'abattoir. Après avoir décrit plus en détails la bande de porcs et les processus qui l'affectent, nous présenterons les équations de la dynamique du modèle.

A.2.3.1 Description d'une bande de porcs

Chaque salle de l'élevage n'est occupée que par une seule bande de porcs à la fois. Des salles spécifiques sont attribuées à chaque étape physiologique. Les bandes occupent donc une salle différente à chaque étape.

Liste des étapes physiologiques La croissance des porcs se décompose en trois étapes physiologiques x de durée d_x :

1. $x = 1$ la lactation, de durée $d_1 = d_S = 4$ semaines (S pour « Suckling »), en salle de maternité (avec les truies) ;
2. $x = 2$ le post-sevrage, de durée $d_2 = d_{PW} = 8$ semaines (PW pour « Post-Weaning »), en salle de post-sevrage ;
3. $x = 3$ l'engraissement, de durée $d_3 = d_F = 15$ semaines environ (F pour « Finishing »), en salle d'engraissement.

La durée de croissance des porcs est donc environ de $D = d_S + d_{PW} + d_F = 27$ semaines.

N.B. : La durée en salle d'engraissement est approximative, car les porcs ne quittent pas la salle tous au même moment : certains peuvent être envoyés plus tôt à l'abattoir, s'ils sont assez gros ; d'autres peuvent rester plus longtemps dans l'élevage, en case tampon ou avec une autre bande, s'ils sont trop petits.

Numérotation des bandes Les bandes naissent à intervalles réguliers, avec bb l'intervalle entre bandes. Les bandes sont numérotées par ordre croissant selon leur date de naissance, à partir d'une bande et d'un temps de référence donnés.

Référence : à $t = t_0 - 1$ naît la bande de porcs $b = b_0$.

Détermination de l'étape d'une bande On déduit de cette référence la date de naissance (« Birth ») de la bande b :

$$t_b = t_0 - 1 + (b - b_0)bb.$$

On obtient l'étape physiologique $x(t, b)$ dans laquelle se trouve la bande de porcs b au temps t en comparant son âge $t - t_B(b)$ avec les durées des différentes étapes. Elle est définie à partir des inégalités suivantes :

$$\sum_{i=1}^{x(t,b)-1} d_i \leq t - t_b < \sum_{i=1}^{x(t,b)} d_i \quad (\text{A.4})$$

Attribution des salles On calcule tout d'abord le nombre de salles R_x attribuées à chaque étape physiologique x (R pour « Room »). Ce nombre dépend du temps d'occupation d'une salle. Le temps d'occupation d'une salle est la somme de la durée dans l'étape physiologique correspondante d_x et de la durée du vide sanitaire réalisé entre deux bandes successives v_x . Ce nombre est calculé comme suit :

$$R_x = \text{ceil} \left(\frac{d_x + v_x}{bb} \right),$$

où la fonction *ceil* donne l'entier supérieur ou égal le plus proche.

Les porcs partagent les salles de maternité avec les truies. Les salles de post-sevrage et d'engraissement sont numérotées successivement aux salles de maternité. On note $R' = R'_1 + R'_2$ le nombre de salles de verraterie et de gestation ; $R' + 1$ est alors le numéro de la première salle de maternité. Les numéros des salles d'une étape physiologique x sont alors donnés par les inégalités suivantes :

$$R' + 1 + \sum_{i=1}^{x-1} R_i \leq r < R' + 1 + \sum_{i=1}^x R_i.$$

Par convention, on suppose que la bande de porcs b_0 occupe à chaque étape la salle de plus petit numéro, soit la salle numéro $R' + 1 + \sum_{i=1}^{x-1} R_i$, $x = 1, 2, 3$. De même, la bande $b_0 + 1$ occupe la salle de plus petit numéro+1, etc. L'attribution d'une salle r à la bande b au temps t se fait donc grâce à l'équation suivante :

$$r(t, b) = R' + 1 + \text{mod}(b - b_0, R_{x(t,b)}) + \sum_{i=1}^{x(t,b)-1} R_i, \quad (\text{A.5})$$

où la fonction modulo $\text{mod}(y, z)$ donne le reste de la division euclidienne de y par z .

Effectif Chaque bande de porcs b est caractérisée à tout instant t par son effectif $P(t, b)$. Son étape physiologique est déterminée par l'équation (A.4) et sa salle par A.5.

A.2.3.2 Naissance

Dans la conduite en bande, on a au plus une bande que la bande de truies b' mette bas à t . Son effectif par parité est $S(t, p, b')$. Le nombre de porcelets nés à t est alors :

$$B(t) = \sum_{p=1}^{N_p} L_p(t, b') S(t, p, b'), \quad (\text{A.6})$$

où $L_p(t, b')$ est la taille de portée pour une truie de la bande b de parité p au temps t (cf. section A.2.2.3).

À $t_0 - 1$ la bande de porcelets b_0 naît dans la première salle de maternité $R' + 1$. La bande de truies b' présente dans cette salle à t_0 est telle que $\text{mod}(b' - b'_0, R'_3) = 0$. C'est la bande de plus petit numéro vérifiant cette équation, b'_0 excepté, car elle doit entrer en verraterie à $t = t_0 + d'_3 - 1$ (la mise bas a lieu une semaine après l'entrée en maternité). Donc il s'agit de la bande $b' = b'_0 + R'_3$.

A.2.3.3 Mortalité

Le taux de mortalité s'applique à chaque pas de temps et à chaque bande de porcs. Il ne dépend que de l'étape physiologique x de la bande et est noté μ_x .

A.2.3.4 Départs à l'abattoir

Les départs à l'abattoir ont lieu à intervalles réguliers Δt , souvent toutes les 2 semaines. On suppose qu'il y a un départ à l'abattoir à t_0 .

L'éleveur doit livrer à l'abattoir des lots de porcs charcutiers au poids homogène, situés dans une gamme fixé par l'abatteur. Ceci est facilité par la conduite en bande qui permet le regroupement d'animaux de même âge et donc approximativement de même poids. Cependant la vitesse de croissance est variable entre les porcs d'une même bande. L'éleveur livre donc des lots de porcs charcutiers composés d'animaux issus de plusieurs bandes en engraissement.

Parfois, certains porcs n'ont pas atteint le poids d'abattage quand la salle d'engraissement doit être vidée pour accueillir une autre bande. L'éleveur peut choisir de vendre ces porcs hors-gamme ou de les conserver dans l'élevage ce qui nécessite des adaptations de conduite.

Modélisation de la croissance Pour représenter la proportion de la bande b qui a atteint le poids d'abattage selon son âge, on utilise une distribution lognormale de paramètres s_m , âge moyen au poids à l'abattage, et $s_d(b)$, son écart type. L'âge moyen s_m est le même pour toutes les bandes de l'élevage. Pour introduire une variabilité de croissance inter-bandes en plus de la variabilité intra-bande, l'écart type est tiré pour chaque bande dans une loi normale de moyenne σ_m et d'écart type σ_d . Soit $\varphi_b(t - t_b)$ la densité de probabilité associée à la lognormale. À chaque date de départ à l'abattoir $t = k \Delta t$, $k \in \mathbb{N}$, la proportion de porcs envoyés à l'abattoir correspond aux animaux qui ont atteint le poids d'abattage depuis le dernier départ. Cette proportion, calculée par rapport au nombre initial de porcelets dans la bande, s'exprime par : $\int_{t-t_b-\Delta t}^{t-t_b} \varphi_b(s) ds$.

Départs à l'abattoir Avec la représentation que nous avons choisi pour la croissance des porcs, il est possible que des porcs soient envoyés à l'abattoir trop tôt. On ne débute donc pas les départs avant l'âge seuil a_{min} , avec $a_{min} > d_1 + d_2$ ($a_{min}=18$ semaines convient). Au contraire, il est possible que certains porcs soient trop petits lors du dernier départ à l'abattoir avant que la salle ait besoin d'être vidée. La date du dernier départ pour l'abattoir de la bande b s'exprime ainsi :

$$\theta_b = \max_{k \in \mathbb{N}} \{k \Delta t : k \Delta t - t_b \leq D\}.$$

La proportion de la bande b qui part à l'abattoir au temps t , relativement à l'effectif de la bande est donné par :

$$a(t, b) = \begin{cases} 0 & \text{si } t - t_b < a_{min} \text{ ou si } t \neq k \Delta t, k \in \mathbb{N} \text{ (pas de départ);} \\ \frac{\int_{t-t_b-\Delta t}^{t-t_b} \varphi_b(s) ds}{1 - \int_{t-\Delta t}^{t-t_b-\Delta t} \varphi_b(s) ds} & \text{if } t_b + a_{min} \leq t = k \Delta t < \theta_b; \\ 1 & \text{si } t = \theta_b \text{ (vidage de la salle).} \end{cases}$$

Comme on suppose qu'entre deux pas de temps, la mortalité s'applique en premier, le nombre de porcs de la bande b envoyés à l'abattoir au temps t est :

$$A(t, b) = (1 - \mu_3)a(t, b)P(t - 1, b). \quad (\text{A.7})$$

Adaptations de conduite Les départs décrits ci-dessus correspondent à une conduite AIAO (all-in/all-out) ou tout plein/tout vide. Mais l'éleveur peut choisir

d'adapter sa conduite et de conserver les porcs trop petits encore quelques semaines dans l'élevage. Pour cela, il choisit en général le *mélange de bandes* : il introduit les porcs trop petits dans la bande suivante, dans la limite de sa capacité d'accueil, que l'on note C_{max} . S'il dispose d'une case tampon, il l'utilise en priorité, dans la limite des places disponibles ; on note $ER(t)$ l'effectif dans la case tampon au temps t et ER_{max} sa capacité. Cette adaptation de conduite est décrite ci-dessous.

Soit la bande de porcs b au temps θ_b , date de vidage de la salle d'engraissement. On note $P_b = (1 - \mu_3)(1 - a(\theta_b, b))P(\theta_b - 1, b)$ l'effectif de la bande juste avant θ_b , après mortalité et départ à l'abattoir des porcs dans la gamme. On note $R(\theta_b, b)$ le nombre de porcs qui sont mélangés avec la bande suivante $b + 1$, $A_{or}(\theta_b, b)$ le nombre de porcs hors gamme envoyés à l'abattoir.

- Si $P_b \leq T_{min}$, alors on vide la salle :

$$A_{or}(\theta_b, b) = P_b \text{ et } R(\theta_b, b) = 0.$$

- Sinon, si $P_b > T_{min}$, alors :

- s'il existe une case tampon, on la remplit au maximum :

$$ER(\theta_b) = \min(P_b, ER_{max} - ER(\theta_b - 1));$$

- s'il reste des porcs trop petits, i.e. si $P_b > ER_{max} - ER(\theta_b - 1)$, alors on les mélange dans la bande suivante $b + 1$;

- si la capacité de la bande $b + 1$ n'est pas atteinte, i.e. si :

$$R(\theta_b, b) = P_b - ER_{max} + ER(\theta_b - 1) \leq C_{max} - P(t_b, b + 1),$$

alors la salle est vide : $A_{or}(\theta_b, b) = 0$.

- sinon, $R(\theta_b, b) = C_{max} - P(t_b, b + 1)$ et on vide la salle :

$$A_{or}(\theta_b, b) = P_b - ER_{max} + ER(\theta_b - 1) - C_{max} + P(t_b, b + 1).$$

- sinon, la salle est vide : $A_{or}(\theta_b, b) = 0$ et $R(\theta_b, b) = 0$.

- s'il n'existe pas de case tampon, alors on mélange les porcs trop petits dans la bande suivante $b + 1$;

- si la capacité de la bande $b + 1$ n'est pas atteinte, i.e. si :

$$R(\theta_b, b) = P_b \leq C_{max} - P(t_b, b + 1), \text{ alors la salle est vide : } A_{or}(\theta_b, b) = 0.$$

- sinon $R(\theta_b, b) = C_{max} - P(t_b, b + 1)$, on vide la salle :

$$A_{or}(\theta_b, b) = P_b - C_{max} + P(t_b, b + 1).$$

À chaque départ à l'abattoir 1/3 de la salle tampon est vidée.

Si l'on autorise le mélange de bandes, le nombre de porcs de la bande b envoyés à l'abattoir au temps t est :

$$A(t, b) = \begin{cases} (1 - \mu_3)a(t, b)P(t - 1, b) & \text{sit} < \tau_b \text{ (engraissement),} \\ (1 - \mu_3)a(t, b)P(t - 1, b) + A_{or}(t, b) & \text{textsit} = \tau_b \text{ (vidage).} \end{cases} \quad (\text{A.8})$$

A.2.3.5 Dynamique des bandes de porcs

Les équations régissant la dynamique de la bande de porcs b à l'instant t sont donc :

$$P(t, b) = \begin{cases} B(t) & \text{si } t = t_b \text{ (naissance),} \\ (1 - \mu_1)P(t - 1, b) & \text{si } t_b < t < t_b + d_1 \text{ (lactation),} \\ (1 - \mu_2)P(t - 1, b) & \text{si } t_b + d_1 \leq t < t_b + d_1 + d_2 \text{ (post-sevrage),} \\ (1 - \mu_3)(1 - a(t, b))P(t - 1, b) & \text{si } t_b + d_1 + d_2 \leq t < \theta_b \text{ (engraissement),} \\ (1 - \mu_3)(1 - a(t, b))P(t - 1, b) & \text{si } t = \tau_{b-1} \text{ (engraissement} \\ & \text{+ } R(t, b - 1) \text{ + mélange),} \\ 0 & \text{si } t = \theta_b \text{ (vidage),} \end{cases} \quad (\text{A.9})$$

où R correspond au mélange de bandes et est défini en section (A.2.3.4) dans le paragraphe ayant trait aux adaptations de conduite. Pour la conduite AIAO, il suffit de mettre ce terme à 0.

Les départs à l'abattoir sont donnés par (A.7) pour la conduite AIAO et par (A.8) quand on autorise le mélange de bandes.

N.B. : Entre deux pas de temps, la mortalité s'applique avant le départ à l'abattoir.

A.3 Modèle salmonelles

Les salmonelles sont des bactéries connues pour leur forte résistance dans l'environnement. Les animaux contaminés excrètent la bactérie dans leur environnement, i.e. leur salle. Le modèle représente la transmission indirecte féco-orale des salmonelles, par ingestion des bactéries présentes dans la salle.

La bactérie n'influence pas la dynamique de population des truies et des porcs charcutiers. Les porcs infectés ne présentent pas de signes cliniques et ne sont pas directement détectables dans l'élevage. Deux méthodes de détection sont développées en élevage : une méthode bactériologique, mise en place sur des échantillons de matière fécale, met en évidence l'excrétion de la bactérie ; une méthode sérologique par prise de sang, détecte la présence d'anticorps.

On développe ici un modèle de type SIR dans une population homogène, adapté aux salmonelles, que l'on couple en section A.4 avec le modèle de troupeau décrit en A.2.

A.3.1 Description des états épidémiologiques

A.3.1.1 Liste des états épidémiologiques potentiels

Les statuts décrits bactériologiquement

- F : sensibles. Ce sont des porcs exempts de salmonelles, pour qui l'infection est possible.
- L : latents. Ce sont des animaux qui ont ingéré des salmonelles mais qui ne les excrètent pas encore, juste au stade colonisation.
- Sh : porteurs excréteurs. Présence de la bactérie dans le tube digestif et dans les ganglions périphériques, les animaux excrètent la bactérie dans leurs fèces.
- C : porteurs non excréteurs. Présence de la bactérie dans le tube digestif et dans les ganglions périphériques, pas d'excrétion.
- R : immunisés. Ils possèdent une protection immunitaire efficace contre une nouvelle infection par salmonelles.
- Rm : porcelets possédant des anticorps maternels protecteurs.

Les statuts décrits sérologiquement

- *Séroconvertis*, indice s : l'infection par salmonelles a entraîné la production d'anticorps anti-salmonelles. Les anticorps sont détectés par les tests sérologiques.
- *Non séroconvertis* : l'animal ne produit pas ou plus d'anticorps anti-salmonelles : soit il n'est pas infecté, soit il n'a pas encore séroconverti, soit il a éliminé

la bactérie et arrêté de produire des anticorps.

On peut a priori croiser les statuts bactériologiques et sérologiques.

A.3.1.2 Choix des états épidémiologiques modélisés

L'état L est éliminé. La durée dans cet état est rarement supérieure à 48 heures. Dans notre étude, le pas de temps choisi est la semaine. L'état L n'a aucune influence dans la dynamique d'infection par salmonelles.

L'état C est aussi écarté. Cet état correspond à des porteurs non excréteurs qui ne produisent plus d'anticorps anti-salmonelles, tout en présentant la bactérie dans leur tube digestif. En effet, chez des porcs charcutiers la durée de séroconversion est plus courte que la durée d'excrétion.

Le passage à l'état de porteur non excréteur ne concerne donc que des animaux ayant déjà séroconverti. La durée de portage est plus longue que la durée de vie d'un porc charcutier. Les porteurs ne produisant plus d'anticorps n'existent pas en élevage. Les porteurs sont toujours séroconvertis donc Cs .

L'état R n'est pas renseigné par la littérature. Le temps de transition vers l'état est sans doute R trop long par rapport à la durée de vie d'un porc charcutier. Aucune expérimentation n'est réalisée sur les truies. Pour obtenir des certitudes, la détection de salmonelles chez des lots de vieilles truies à l'abattoir pourrait être faite.

Pour l'état Rm , on peut considérer la même hypothèse. On peut toutefois tester dans le modèle, différentes valeurs de protection des anticorps maternels et observer si il existe un effet notable.

On obtient donc 4 états épidémiologiques :

- F : sensible (Free of Salmonella),
- Sh : porteur excréteur (Shedding),
- Shs : porteur excréteur séroconverti,
- Cs : porteur non excréteur séroconverti (Carrier).

A.3.2 Description du modèle

A.3.2.1 Variables d'état

- Soit $P(t, Y)$ l'effectif de la population porcine dans l'état Y au temps t . $P(t)$ représente la taille de la population totale.
- Les salmonelles de la salle sont modélisées comme un nombre d'unités infectieuses noté $Q(t)$ au temps t .

A.3.2.2 Transitions

Un cochon sensible ($Y = F$) devient porteur excréteur ($Y = Sh$) suite à l'ingestion de salmonelles. Suite à un délai de séroconversion, il passe dans l'état porteur excréteur séroconverti ($Y = Shs$). L'excrétion est intermittente. Lorsqu'elle s'arrête, l'animal devient porteur non excréteur séroconverti ($Y = Cs$). L'excrétion peut être réactivée, en particulier sous l'effet d'un stress. Ces transitions sont représentées dans la FIG. A.1.

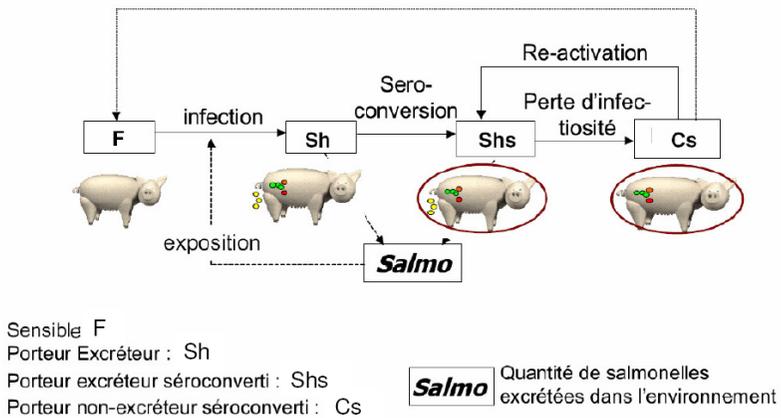


Fig. A.1 – Schéma du modèle épidémiologique de transmission des salmonelles

Toutes les transitions entre états sont *stochastiques*. Le nombre de cochons effectue une transition entre deux états est tiré dans une loi binomiale. Le premier

paramètre de cette loi est l'effectif de la population dans l'état de départ ; le second paramètre est la probabilité de transition individuelle.

Infection $F \rightarrow Sh$ La probabilité d'infection d'un individu sensible dépend de la quantité d'unités infectieuses de salmonelles q qu'il ingère. Cette probabilité, notée $f(q)$, est une fonction croissante de q avec deux plateaux définis par les doses seuils q_i , $i = 1, 2$ et les probabilités seuils a_i , $i = 1, 2$:

$$f(q) = \begin{cases} 0 & \text{si } q = 0, \\ a_1 & \text{si } 0 < q \leq q_1, \\ a_1 + \frac{a_2 - a_1}{q_2 - q_1}(q - q_1); & \text{si } q_1 < q \leq q_2, \\ a_2 & \text{si } q > q_2. \end{cases} \quad (\text{A.10})$$

En supposant qu'il y a un mélange homogène au sein de la population, chaque individu est exposé à $q(t) = Q(t)/P(t)$ unités infectieuses de salmonelles. Le nombre de cochons sensibles qui s'infectent et deviennent des porteurs excréteurs est calculé à chaque pas de temps t à partir de la loi binomiale suivante : $Bin(P(t), F, f(Q(t)/P(t)))$.

Séroconversion $Sh \rightarrow Shs$ La probabilité qu'un porteur excréteur devienne séropositif s'exprime à partir du délai de séroconversion λ_1 comme suit : $1 - \exp(-\frac{t}{\lambda_1})$. Le nombre de porteurs excréteurs qui séroconvertissent et deviennent des porteurs excréteurs séroconvertis est calculé à chaque pas de temps t à partir de la loi binomiale suivante : $Bin(P(t), Sh, 1 - \exp(-\frac{t}{\lambda_1}))$.

Arrêt d'excrétion $Shs \rightarrow Cs$ De manière similaire, la probabilité pour qu'un porteur excréteur séropositif arrête d'excréter dépend de la durée d'excrétion $\lambda_2(t)$. Cette durée suit une loi lognormale de paramètres m_{λ_2} et s_{λ_2} , moyenne et écart type. Elle est recalculée à chaque pas de temps t pour prendre en compte une variabilité liée à l'environnement. Le nombre de porteurs excréteurs séroconvertis qui cessent d'excréter et deviennent des porteurs non excréteurs séroconvertis est calculé à chaque pas de temps t à partir de la loi binomiale suivante : $Bin(P(t), Shs, 1 - \exp(-\frac{t}{\lambda_2(t)}))$.

Réexcrétion $Cs \rightarrow Shs$ β est la probabilité u'un porteur non excréteur séroconverti recommence à excréter. Le nombre de porteurs non excréteurs séroconvertis qui deviennent des porteurs excréteurs séroconvertis est calculé à chaque pas de temps t à partir de la loi binomiale suivante : $Bin(P(t, Shs), 1 - \exp(\frac{-1}{\lambda_2(t)}))$.

A.3.2.3 Dynamique épidémiologique

Ainsi, nous obtenons le système d'équations ci-dessous, qui décrit l'évolution de la population dans les 4 états épidémiologiques :

$$\left\{ \begin{array}{l} P(t, F) = P(t-1, F) - Bin\left(P(t-1, F), f\left(\frac{Q(t-1)}{P(t-1)}\right)\right), \\ P(t, Sh) = P(t-1, Sh) + Bin\left(P(t-1, F), f\left(\frac{Q(t-1)}{P(t-1)}\right)\right) \\ \quad - Bin\left(P(t-1, Sh), 1 - \exp\left(\frac{-1}{\lambda_1}\right)\right), \\ P(t, Shs) = P(t-1, Shs) + Bin\left(P(t-1, Sh), 1 - \exp\left(\frac{-1}{\lambda_1}\right)\right) \\ \quad - Bin\left(P(t-1, Shs), 1 - \exp\left(\frac{-1}{\lambda_2(t-1)}\right)\right) + Bin(P(t-1, Cs), \beta), \\ P(t, Cs) = P(t-1, Cs) + Bin\left(P(t-1, Shs), 1 - \exp\left(\frac{-1}{\lambda_2(t-1)}\right)\right) \\ \quad - Bin(P(t-1, Cs), \beta). \end{array} \right. \quad (A.11)$$

Le nombre d'unités infectieuses de salmonelles présentes dans l'environnement est soumis à un processus de dégradation à chaque pas de temps grâce à un taux fixe ν . Ce nombre est incrémenté par les unités excrétées par les porteurs excréteurs séronégatifs et séropositifs. On note s_1 et s_2 leurs taux d'excrétion respectifs. Il en résulte l'équation de la dynamique des unités infectieuses de salmonelles suivante :

$$Q(t) = (1 - \nu)Q(t-1) + s_1P(t, Sh) + s_2P(t, Shs).$$

A.4 Couplage

Le modèle de troupeau décrit en A.2 et le modèle épidémiologique décrit en A.3 sont couplés de la manière décrite ci-dessous.

Variables d'état Les variables d'état du système couplé sont :

- $S(t, p, b', Y)$, l'effectif par parité p de la bande de truies b' dans l'état épidémiologique Y au temps t ;
- $P(t, b, Y)$, l'effectif de la bande de porcs b dans l'état épidémiologique Y au temps t ;
- $Q(t, r)$, le nombre d'unités infectieuses de salmonelles dans la salle r de l'élevage.

Soit en ou

Interactions entre le modèle épidémiologique et les étapes physiologiques Quelques transitions et paramètres épidémiologiques dépendent du stade physiologique de la bande, ce qui implique que les deux modèles ne sont pas totalement découplés.

- La sensibilité des porcelets à l'infections par salmonelles est supposée plus faible pendant la période d'allaitement, grâce à une protection immunitaire maternelle partielle. La probabilité d'infection (A.10) dépend donc de l'étape physiologique des porcs : pendant la période d'allaitement S , $f_S = \varepsilon f$, ε étant un facteur protecteur ($0 < \varepsilon < 1$) ; pendant toutes les autres étapes physiologiques des porcs $X \neq S$ et des truies X' , $f_X = f'_X = f$.
- Les taux d'excrétions dépendent aussi de l'étape physiologique des porcs et sont notés s_{1_X} et s_{2_X} pour les porcs, $s_{1'_X}$ et $s_{2'_X}$ pour les truies.
- Enfin, les porcelets sont soumis à un stress supplémentaire quand ils sont sevrés. La probabilité qu'un porteur non excréteur se mette à réexcréter à ce moment-là est plus forte à cet instant. Ainsi, pour chaque bande de porcs b à $t = t_b + d_1$, cette probabilité $\beta = \beta_S$; dans tous les autres cas, pour les porcs comme pour les truies $\beta = \beta_R$, avec $\beta_S > \beta_R$.

Dynamique des bandes À chaque pas de temps, les processus démographiques et de gestion des truies (section A.2.2) et des porcs charcutiers (section A.2.3) sont appliqués de manière uniforme sur les 4 états épidémiologiques de chaque bande. Il en découle que les porcs envoyés à l'abattoir sont ainsi répartis

entre les différents états physiologiques :

$$A(t, b, Y) = A(t, b) \frac{P(t-1, b, Y)}{P(t-1, b)},$$

où $A(t, b) = \sum_Y A(t, b, Y)$ est donné par (A.7) ou (A.8) et $P(t, b) = \sum_Y P(t, b, Y)$.

Ensuite, les transitions épidémiologiques sont tirées pour chaque bande de truies et de porcs selon les équations présentées en (A.11) appliquées à chaque bande.

Dynamique des salles Enfin, les nombre d'unités infectieuses de salmonelles dans toutes les salles r sont mis à jour. Les deux modèles interagissent naturellement au niveau de la salle : son occupation est déterminée par la gestion du troupeau et c'est par la salle que la transmission de salmonelles a lieu. Entre deux bandes, les salles sont vidées, nettoyées et désinfectées.

La bande de truies ou de porcs occupant la salle r au temps t est déterminée grâce aux équations (A.2) ou (A.5) ; dans le cas des salles de maternité, il peut s'agir d'une bande de truies et d'une bande de porcs ; si la salle est vidée, il n'y a aucune bande présente. L'état de cette bande se déduit de (A.1) ou (A.4). On distingue ainsi trois cas :

- si t n'est pas un temps de vidage de la salle r et si, par exemple, la salle r est une salle de maternité occupée par la bande de porcs b et la bande de truies b' , on a :

$$Q(t, r) = (1 - \nu)Q(t-1, r) + s_{1_S}P(t, b, Sh) + s_{2_S}P(t, b, Shs) \\ + s_{1'_F} \sum_p T(t, p, b', Sh) + s_{2'_F} \sum_p T(t, p, b', Shs);$$

- si t n'est pas un temps de vidage de la salle r et si, par exemple, la salle r est une salle d'engraissement occupée par la bande de porcs b , on a :

$$Q(t, r) = (1 - \nu)Q(t-1, r) + s_{1_F}P(t, b, Sh) + s_{2_F}P(t, b, Shs);$$

- si la salle r est vide au temps t , on a :

$$Q(t, r) = (1 - \xi_R)Q(t-1, r),$$

où ξ_r représente le taux de salmonelles éliminées par le processus de nettoyage-désinfection de la salle r . Les salles de verraterie et de gestation sont en effet moins bien nettoyées.

RÉSUMÉ

Nous avons élaboré un modèle de simulation stochastique représentant la dynamique des populations de truies et de porcs dans un troupeau naisseur-engraisseur et la transmission indirecte des salmonelles au sein de ce troupeau. Nous avons testé l'effet des paramètres associées aux modalités de conduite et au mécanisme d'infection sur la prévalence de l'infection dans les lots de porcs charcutiers livrés à l'abattoir par analyses de sensibilité. Les interactions entre troupeaux au sein d'une structure de production ont été représentées par couplage de modèles. Le rôle des truies dans l'infection des porcelets et la conduite du troupeau sont des points critiques pour la maîtrise de l'infection. Au sein d'un ensemble de troupeaux, il est nécessaire d'adapter les protocoles d'estimation de la prévalence de l'infection afin d'améliorer cette prévalence de manière collective. La méthodologie est originale et permettra d'étudier d'autres mesures au sein d'un troupeau et de la filière.

Mots-clés : modélisation, salmonelles, porc, stochastique, simulation, population gérée, conduite en bandes, mesure de maîtrise.

ENGLISH TITLE & SUMMARY

Modelling to assess control measures for Salmonella carriage in slaughter pigs

A stochastic simulation model has been developed to represent both the pig and sow population dynamics within a farrow-to-finish herd and the indirect Salmonella transmission within this herd. The effect of parameters related to herd management and infection mechanism on the infection prevalence in groups of slaughter pigs were studied by sensitivity analyses. The interactions between herds within a production structure were represented by coupling several herd models. The role of sows in piglet infection and the batch management system are critical points to consider for the infection control. Within a herd network, detection samplings which estimated the Salmonella infection prevalence have to be adapted to improve this prevalence in a collective way. The methodology used is original and allows to study others control measures within a herd and within the pork food chain.

Key-words: modelling, Salmonella, pig, stochastic, simulation, managed population, batch management, control measures.

INTITULÉ ET ADRESSE DU LABORATOIRE

UMR708 ENV-Nantes & INRA Gestion de la Santé Animale
École Nationale Vétérinaire de Nantes, BP 40706, F-44 307 Nantes Cedex 3