

# Importance de la prise en compte des mouvements de porcs pour l'organisation de la surveillance des pathogènes d'intérêt pour la filière porcine : application au virus de l'hépatite E

Morgane SALINES (1,2), Mathieu ANDRAUD (1,2), Nicolas ROSE (1,2)

(1) Anses, laboratoire de Ploufragan/Plouzané, unité Epidémiologie et Bien-Être du Porc, BP 53, 22440 Ploufragan, France

(2) Université Bretagne-Loire, Rennes, France

*morgane.salines@anses.fr*

## Importance de la prise en compte des mouvements de porcs pour l'organisation de la surveillance des pathogènes d'intérêt pour la filière porcine : application au virus de l'hépatite E

Les mouvements d'animaux entre élevages constituent une voie prépondérante de propagation des agents pathogènes dans la filière porcine. La présente étude a visé à évaluer l'impact des mouvements de porcs sur la prévalence d'un pathogène et le risque d'exposition des départements français en fonction de l'importance de leurs échanges. Le virus de l'hépatite E (VHE), agent zoonotique fortement prévalent dans les élevages de porcs, a constitué l'objet d'application de cette étude via (i) la mise en relation des caractéristiques de mouvements des élevages avec leur niveau de séroprévalence et (ii) l'évaluation du risque d'exposition des départements au VHE par l'intermédiaire des échanges interdépartementaux.

Le réseau de mouvements de porcs (données BDporc, 2013) et les résultats d'une enquête nationale de prévalence du VHE (données de 172 élevages dans 49 départements, 2009) ont été modélisés et analysés. Le lien entre les indicateurs de centralité des élevages et leur niveau de séroprévalence VHE a été exploré grâce à un modèle linéaire généralisé. La multiplicité des approvisionnements d'un élevage (degré entrant) ainsi que sa centralité de proximité par ses liens entrants apparaissent statistiquement associées à une séroprévalence VHE élevée dans l'élevage ( $p < 0.05$ ). Le risque d'exposition au VHE d'un département a été évalué en combinant la distribution de la prévalence du VHE dans les départements sources avec le nombre de mouvements en provenance de ces départements. Le risque d'exposition des départements a ainsi été cartographié. Cette étude montre que la répartition d'un pathogène tel que le VHE est liée aux mouvements d'animaux, qui doivent être pris en considération pour l'élaboration de stratégies de surveillance ciblées et fondées sur le risque.

## Pig movements should be taken into account to organise pathogen surveillance in the pig production sector: application to hepatitis E virus

Animal movements between farms are a major transmission route of pathogens in the pig production sector. The present study aimed to assess the impact of pig movements on the prevalence of a pathogen and the risk of French *départements* being exposed to pathogens because of pig trade. Hepatitis E virus (HEV) is a zoonotic agent highly prevalent in pig farms. We applied our methodology to HEV by (i) linking farms' movement features with their HEV seroprevalence level and (ii) assessing the risk of *départements* being exposed to HEV because of their external incoming movements.

Pig movement network (BDporc data, 2013) and results of a nation-wide HEV prevalence survey (data from 172 farms located in 49 departments, 2009) were modelled and analysed. The link between farms' centrality indices and their HEV seroprevalence level was explored with a generalised linear model. Farms' in-degree and ingoing closeness were found statistically associated with high HEV within-farm seroprevalence ( $p < 0.05$ ). The risk of a *département* being exposed to HEV was calculated by combining the distribution of HEV farm-level prevalence in source *départements* with the number of movements coming from those source *départements*. By doing so, the risk of exposure of *départements* was mapped. This study shows that pathogen distribution is linked to animal movements and that they should be taken into account to develop targeted and risk-based surveillance strategies.

## INTRODUCTION

Les maladies infectieuses des porcs ont des conséquences économiques pour la filière et peuvent affecter la santé publique. Les pathogènes peuvent être transmis d'élevage en élevage par l'intermédiaire des mouvements d'animaux et la diffusion des maladies est étroitement liée aux caractéristiques du réseau de mouvements d'animaux. Comprendre la topologie des échanges d'animaux permet d'expliquer la dynamique d'infection et la propagation des pathogènes, d'identifier des facteurs de risque liés aux caractéristiques du réseau et ainsi de développer des programmes de surveillance fondés sur le risque. C'est la raison pour laquelle les données de mouvements d'animaux sont de plus en plus étudiées par des méthodes d'analyse de réseau, dans lesquelles les élevages sont considérés comme des nœuds et les mouvements d'animaux entre élevages comme des liens (Wasserman, Faust, 1994; Bigras-Poulin *et al.*, 2006; Bigras-Poulin *et al.*, 2007; Natale *et al.*, 2009; Ribbens *et al.*, 2009; Nöremark *et al.*, 2011; Lindstrom *et al.*, 2012; Rautureau *et al.*, 2012; Buttner *et al.*, 2013; Dorjee *et al.*, 2013; Guinat *et al.*, 2016; Thakur *et al.*, 2016). Bien que la plupart des publications présentant des analyses de réseau soient motivées par l'étude des conséquences des échanges d'animaux sur l'épidémiologie des maladies, le rôle spécifique des transports d'animaux dans la transmission des pathogènes et/ou l'exposition à une maladie n'a été que rarement quantifié, particulièrement dans la filière porcine (Keeling, 2005; Lloyd-Smith *et al.*, 2005; Ortiz-Pelaez *et al.*, 2006; Green *et al.*, 2008; Martin *et al.*, 2011; Porphyre *et al.*, 2011; Frössling *et al.*, 2012; Nicolas *et al.*, 2013; Beaune *et al.*, 2015; Lee *et al.*, 2017; Salines *et al.*, 2017b; Sintayehu *et al.*, 2017).

L'hépatite E est une zoonose alimentaire émergente pour laquelle les porcs sont reconnus comme le réservoir principal dans les pays industrialisés (Dalton *et al.*, 2008; Pavo *et al.*, 2010; EFSA *et al.*, 2017). En effet, plusieurs cas humains d'hépatite E ont été reliés à la consommation de produits contenant du foie de porc consommés crus ou insuffisamment cuits (Colson *et al.*, 2010; Moal *et al.*, 2012; Motte *et al.*, 2012). Le virus de l'hépatite E (VHE) est fortement prévalent dans les élevages de porcs et est susceptible de diffuser entre les élevages par l'introduction de porcs infectés, notamment du fait de l'organisation pyramidale de la production porcine (Salines *et al.*, 2017a).

La présente étude vise à développer une méthode quantitative combinant analyse de réseau et données épidémiologiques pour évaluer le rôle des mouvements d'animaux à deux échelles différentes : tout d'abord en mesurant l'impact des mouvements d'animaux sur la prévalence d'un pathogène en élevage, puis en évaluant le risque pour les départements français d'être exposés à un agent infectieux du fait de mouvements en provenance de départements infectés. Notre méthodologie a été appliquée au virus de l'hépatite E dans la filière porcine.

## 1. MATERIEL ET METHODES

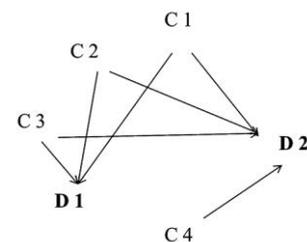
### 1.1. Données

#### 1.1.1. Données de mouvements

**Base de données.** Comme décrit par Salines *et al.* (2017a), les données de mouvements de porcs proviennent de la base de données nationale BDporc, gérée par les professionnels de la

filière porcine et reconnue par le ministère en charge de l'agriculture. Tous les mouvements de porcs entre élevages ou vers un abattoir, un site d'équarrissage ou un centre de rassemblement sont enregistrés dans BDporc. Les mouvements ne sont pas saisis à l'échelle individuelle mais pour un lot d'animaux : des groupes de porcs quittent des sites de production (mouvements de chargement, notés C) et sont envoyés dans d'autres sites (mouvements de déchargement, notés D). Un camion de transport peut charger et décharger des animaux dans plusieurs sites : une tournée correspond à une série de mouvements d'un camion, de la première opération de chargement au dernier mouvement de déchargement au terme duquel le camion est vide.

**Modélisation du réseau de mouvements (Figure 1).** Les données de mouvements enregistrées de janvier à décembre 2013 ont été représentées par un réseau dirigé à un mode, agrégé sur l'année. Les mouvements entre deux élevages donnés ayant eu lieu plusieurs fois dans l'année ont été agrégés en un lien unique entre ces deux élevages. Les mouvements intermédiaires composant une tournée ont été remplacés par des mouvements directs entre les élevages, en négligeant les mouvements de transit des camions sans déchargement d'animaux. Au sein d'une tournée, tous les sites dans lesquels des animaux ont été déchargés ont été reliés à tous les sites de chargement antérieurs dans la tournée.



**Figure 1** – Représentation du réseau de mouvements de porcs en France en 2013. Les nœuds C et D correspondent respectivement à des élevages dans lesquels des mouvements de chargement et de déchargement ont lieu. Les numéros correspondent à la chronologie de la tournée d'un camion.

#### 1.1.2. Données de prévalence du VHE

Une enquête nationale de prévalence du VHE a été conduite en 2009. Comme décrit par Rose *et al.* (2011), 6 565 échantillons de sérum provenant de 186 élevages localisés dans 49 départements ont été collectés à l'abattoir. Les échantillons de sérum ont été testés avec le kit EIAGEN HEV Ab Kit® Adaltis (Ingen, France).

## 1.2. Analyses statistiques

### 1.2.1. Centralité des élevages et séroprévalence VHE intra-élevage

**Indicateurs de centralité des élevages.** Parmi les 186 élevages inclus dans l'étude de prévalence, seuls 172 étaient enregistrés dans la base de données des mouvements. Plusieurs mesures de centralité ont été calculées à partir du réseau de mouvements de 2013 : le degré entrant, i.e. le nombre de mouvements entrant dans un élevage ; le degré sortant, i.e. le nombre de mouvements sortant d'un élevage ; les centralités de proximité entrante et sortante qui traduisent la proximité d'un élevage en termes de nombres de liens entrants ou sortants le séparant des autres élevages du réseau ; la centralité d'intermédiarité, i.e. la proportion de plus courts chemins sur lesquels se trouve l'élevage étudié ; les chaînes de contact entrante et sortante mensuelles, i.e. le nombre

d'établissements connectés à une exploitation en incluant les contacts directs (adjacents) et indirects (tous les chemins menant à cette exploitation) sur une période d'un mois et en tenant compte de la chronologie des contacts ; la loyauté des nœuds qui mesure la fraction des contacts d'un nœud qui sont préservés entre deux fenêtres de temps consécutives (ici d'un semestre à l'autre). Du fait de leur faible variabilité, les indicateurs de centralité de proximité ont été catégorisés selon leur valeur moyenne.

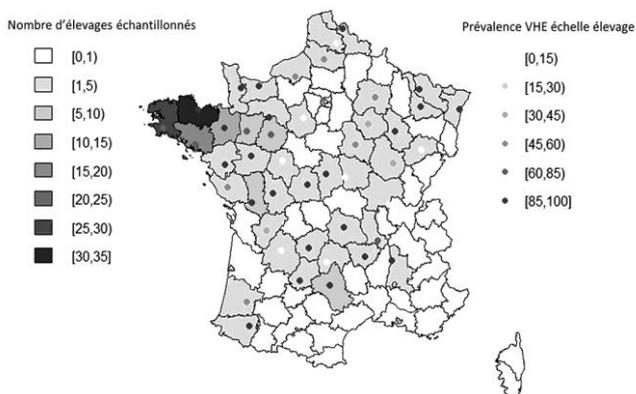
**Séroprévalence VHE intra-élevage.** Pour chacun des 172 élevages, la séroprévalence VHE a été définie comme le nombre de porcs séropositifs parmi le nombre total de porcs échantillonnés dans l'élevage. La sensibilité et la spécificité individuelles du test (Rose *et al.*, 2010) ont été utilisées pour corriger la séroprévalence apparente (Rogan, Gladen, 1978).

**Modèle statistique.** Une analyse univariée a été conduite pour évaluer le lien statistique entre chacune des variables explicatives (i.e. les indicateurs de centralité des élevages) et la variable à expliquer (i.e. la prévalence du VHE intra-élevage corrigée). Pour ce faire, une régression logistique (*generalised estimating equation*) a été réalisée, avec la variable « élevage » en effet répété (procédure GENMOD dans SAS 9.4) (SAS, 2014).

1.2.2. *Risque d'exposition des départements au VHE*

**Mouvements de porcs à l'échelle départementale.** Pour chaque département de France métropolitaine, le nombre de mouvements de porcs provenant de chacun des autres départements en 2013 a été calculé.

**Prévalence du VHE à l'échelle des élevages.** La prévalence du VHE a cette fois été définie au niveau départemental comme le nombre d'élevages ayant au moins un porc séropositif parmi le nombre total d'élevages échantillonnés dans le département (Figure 2). L'écart type de la prévalence a été calculé par un test binomial exact et a été pondéré avec un facteur de correction lié au taux de sondage (i.e. la proportion d'élevages échantillonnés parmi le nombre total d'élevages dans le département). Pour tenir compte de l'incertitude relative à l'estimation de la prévalence du VHE (Figure 2), la prévalence a été représentée par une distribution beta, avec la prévalence observée et son intervalle de confiance pondéré comme paramètres de la distribution.



**Figure 2** – Nombre d'élevages échantillonnés par département dans l'enquête de prévalence de 2009 et prévalence du VHE observée à l'échelle des élevages par département.

**Evaluation du risque d'exposition au VHE.** Le risque d'exposition au VHE d'un département a été calculé comme suit : tout d'abord, une valeur de prévalence du VHE a été tirée aléatoirement dans la distribution beta ; le nombre

correspondant d'élevages positifs dans le département a ensuite été dérivé de cette valeur de prévalence sélectionnée et les statuts individuels des élevages ont été aléatoirement attribués. Les élevages sources ont ensuite été aléatoirement sélectionnés selon le nombre de mouvements ayant quitté le département en 2013, ce qui a permis d'obtenir un nombre de mouvements sortants infectés. Enfin, le risque d'exposition d'un département au VHE a été défini comme le nombre de mouvements infectés qu'il a reçus depuis des départements sources, divisé par son nombre total de mouvements entrants. Ce calcul a été répété 10 000 fois, ce qui a conduit à une distribution du risque d'exposition au VHE pour chaque département. Ce modèle de risque d'exposition a été développé sous R (R, 2017).

**2. RESULTATS**

**2.1. Centralité des élevages et séroprévalence VHE intra-élevage**

Les valeurs moyennes des degrés entrants et sortants des élevages étaient respectivement de 2,46 (de 0 à 22) et 5,14 (de 0 à 134). Les centralités de proximité entrante et sortante étaient en moyenne de  $2,17 \cdot 10^{-9}$  et  $2,18 \cdot 10^{-9}$  respectivement, avec une faible variabilité. La centralité d'intermédiarité moyenne était de 27,06 (de 0 à 1 439). Les chaînes de contact mensuelles entrante et sortante étaient en moyenne égales à 0,98 (de 0 à 5) et à 1,15 (de 0 à 29) respectivement. La loyauté moyenne des nœuds était de 0,65 (de 0 à 1). Dans les 172 élevages, la séroprévalence corrigée variait de 0 à 100 % de porcs séropositifs (moyenne : 29 %, médiane : 17 %).

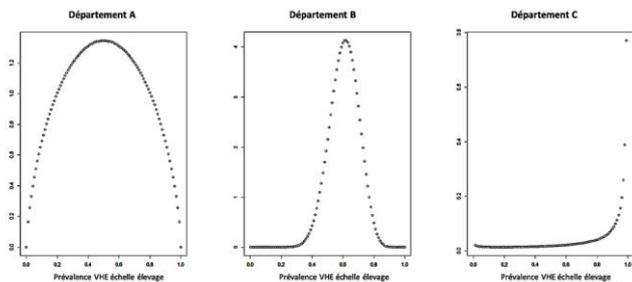
L'analyse univariée a montré qu'un fort degré entrant et une valeur de centralité de proximité entrante élevée étaient significativement et positivement associés à une séroprévalence VHE intra-élevage élevée ( $p < 0,05$ ) (Tableau 1). Ces deux variables étant corrélées entre elles (coefficient de corrélation de Pearson égal à 0,6,  $p < 0,01$ ), elles n'ont pas été incluses dans un modèle multivarié.

**Tableau 1** – Lien entre les indicateurs de centralité des élevages et la séroprévalence VHE intra-élevage.

Indicateurs de centralité	Odds ratio (intervalle de confiance 95%)	p-value
Degré entrant	1,07 [1,01 – 1,13]	0,02
Degré sortant	0,99 [0,98 – 1,01]	> 0,1
Centralité de proximité entrante	1,91 [1,08 – 3,38]	0,02
Centralité de proximité sortante	0,54 [0,18 – 1,6]	> 0,1
Centralité d'intermédiarité	0,99 [0,99 – 1,01]	> 0,1
Chaîne de contact entrante	1,23 [0,96 – 1,58]	0,09
Chaîne de contact sortante	0,98 [0,92 – 1,04]	> 0,1
Loyauté des nœuds	0,72 [0,37 – 1,38]	> 0,1

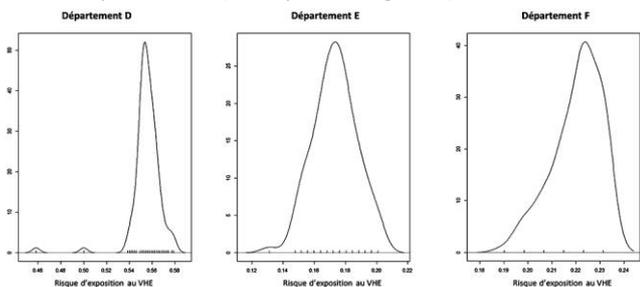
**2.2. Risque d'exposition des départements au VHE**

**Prévalence du VHE à l'échelle élevage dans les départements et incertitude liée.** Les distributions de la prévalence apparente du VHE à l'échelle élevage ont été représentées (exemples en Figure 3). Du fait du nombre variable d'élevages échantillonnés selon le département (Figure 2), certains départements montrent une forte incertitude quant à leur niveau de prévalence (par exemple le département A de la Figure 3).



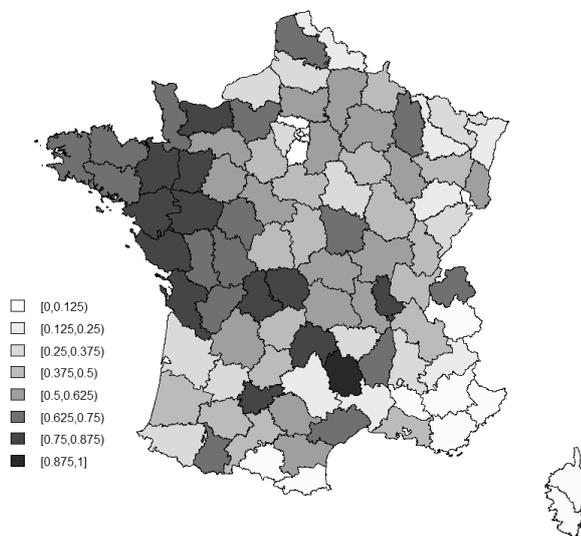
**Figure 3** – Exemples de distributions de la prévalence du VHE à l'échelle élevage dans trois départements.

**Estimation du risque d'exposition au VHE.** Les distributions du risque pour les départements français d'être exposés au VHE ont été représentées (exemples en Figure 4).



**Figure 4** – Exemples de distribution du risque d'exposition au VHE de trois départements.

Le risque d'exposition médian de chaque département a été cartographié (Figure 5). Les répartitions géographiques de la prévalence du VHE et du risque d'exposition au VHE présentent des différences majeures (Figure 2 et Figure 5).



**Figure 5** – Risque médian d'exposition des départements français au VHE par l'intermédiaire de leurs mouvements entrants de porcs.

### 3. DISCUSSION

L'analyse des caractéristiques des réseaux de mouvements d'animaux est indispensable à la compréhension de la dynamique d'infection des pathogènes, à l'exploration des facteurs de risque relatifs aux mouvements d'animaux et à la mise en place de stratégies de surveillance fondées sur le risque. Notre étude présente l'intérêt de développer une méthode couplant épidémiologie et analyse de réseau pour quantifier l'impact des mouvements de porcs à la fois sur la

prévalence des pathogènes dans les élevages et sur le risque pour des zones géographiques d'être exposées à des maladies du fait de leurs mouvements entrants. Le VHE a été choisi comme pathogène d'application. En effet, les mouvements de porcs sont susceptibles de jouer un rôle central dans l'épidémiologie du VHE (Nantel-Fortier *et al.*, 2016; Salines *et al.*, 2017a). De plus, aucun programme de surveillance du VHE n'est actuellement mis en place dans les pays industrialisés (Salines *et al.*, 2017a). Notre étude a ainsi visé à évaluer le rôle des mouvements de porcs en lien avec la prévalence du VHE intra-élevage et le risque d'exposition des départements français au VHE, afin d'orienter le développement de stratégies de surveillance du VHE fondées sur le risque lié aux mouvements d'animaux.

Les données de mouvements de porcs utilisées dans notre étude proviennent de la base de données BDporc dans laquelle tous les échanges de porcs sont enregistrés. Cette base de données est reconnue par le ministère en charge de l'agriculture, ce qui augmente la fiabilité des données. De plus, un nettoyage minutieux de la base de données a permis de traiter les données incorrectes ou incomplètes. Ainsi, la qualité des données en termes d'exhaustivité, de fiabilité et de précision assure la robustesse des résultats obtenus (Salines *et al.*, 2017b). La procédure de sélection aléatoire des porcs et des élevages testés dans l'enquête de prévalence, couplée à la correction de la séroprévalence apparente pour tenir compte des qualités diagnostiques du test, a permis d'estimer la prévalence du VHE intra-élevage (Rose *et al.*, 2011). Au niveau départemental, la faible précision de certaines valeurs de prévalence dans les départements où peu d'élevages avaient été échantillonnés a été prise en compte par un modèle impliquant la sélection aléatoire de valeurs de prévalence du VHE à l'échelle élevage dans des distributions beta, avec un intervalle de confiance pondéré par le taux de sondage. L'une des limites de l'étude réside dans la discordance temporelle des données, puisque les données de mouvements et de prévalence n'ont pas été simultanément collectées. Néanmoins, le réseau des mouvements de porcs en France est stable dans le temps (Salines *et al.*, 2017b), de sorte que les données de prévalence de 2009 peuvent être légitimement combinées avec les données de mouvements de 2013. L'agrégation des données de mouvements sur une base annuelle apparaît également justifiée du fait de l'absence de saisonnalité du réseau porcin français (Relun *et al.*, 2016; Salines *et al.*, 2017b) et permet d'obtenir des indicateurs représentant l'activité globale des élevages sur une année entière de production.

De récentes publications ont identifié plusieurs indicateurs de connectivité des élevages comme étant des facteurs de risque de la survenue et de la diffusion de pathogènes (Martin *et al.*, 2011; Frössling *et al.*, 2012; Lee *et al.*, 2017; Sintayehu *et al.*, 2017). Notre étude a mis en évidence que le degré entrant d'un élevage était positivement associé à un haut niveau de séroprévalence VHE intra-élevage. Ce résultat est en accord avec plusieurs études conduites dans différents secteurs de production animale (Martin *et al.*, 2011; Frössling *et al.*, 2012; Lee *et al.*, 2017; Sintayehu *et al.*, 2017). De plus, les échanges répétés d'animaux entre un même couple fournisseur-acheteur ont été condensés en un seul lien dans le modèle de réseau. L'association ainsi mise en évidence dans notre étude entre la séroprévalence VHE intra-élevage et le degré entrant ne traduit pas seulement que la séroprévalence VHE augmente avec le nombre de mouvements entrants, mais aussi que l'approvisionnement en animaux chez différents fournisseurs

explique en partie une séroprévalence VHE plus élevée. Nos résultats ont également montré que plus la centralité de proximité entrante de l'élevage était importante, plus son niveau de séroprévalence VHE était élevé. Une valeur élevée de la centralité de proximité entrante d'un élevage indique que l'élevage en question peut être atteint par ses partenaires commerciaux en seulement quelques mouvements. Ainsi, la centralité d'un élevage dans le réseau apparaît être un facteur de vulnérabilité au VHE. Ceci est cohérent avec les résultats de précédentes études (Lee *et al.*, 2017; Sintayehu *et al.*, 2017). Comme dans l'étude de Lee *et al.* (2017) au sujet du virus du SDRP, nos résultats mettent en évidence que le risque d'avoir une séroprévalence VHE intra-élevage plus élevée augmente plus avec la centralité de proximité entrante qu'avec le degré entrant, ce qui signifie que le niveau de connectivité global d'un élevage dans le réseau est un meilleur indicateur que le nombre d'élevages auxquels il est directement relié.

A l'inverse de ce qu'ont montré Lee *et al.* (2017) pour le virus du SDRP, aucune association significative entre la séroprévalence VHE intra-élevage et le degré sortant ni la centralité de proximité sortante n'a été mise en évidence. L'absence d'effet de ces indicateurs est cohérente : en effet, le VHE est principalement transmis par l'introduction de porcs infectés dans une population naïve ; l'introduction du virus dans un élevage du fait du seul transit d'un camion contaminé chargeant des porcs dans l'élevage, sans introduction d'animaux infectés, est ainsi peu probable. A l'inverse de Sintayehu *et al.* (2017) à propos de la tuberculose bovine, nos résultats ne montrent pas d'effet significatif de la centralité d'intermédiarité d'un élevage sur son niveau de séroprévalence VHE. Les élevages ayant une centralité d'intermédiarité élevée jouent un rôle central dans la diffusion de maladies dans un réseau car ils peuvent faire office de pont entre deux composantes séparées du réseau. Comme nous avons étudié l'impact des mesures de centralité sur la prévalence du VHE dans un élevage et non sur sa capacité à diffuser le virus vers d'autres élevages, l'absence d'effet de la centralité d'intermédiarité est cohérente. Les chaînes de contact entrante et sortante n'apparaissent pas associées à la séroprévalence VHE intra-élevage. Là encore, comme nous n'avons pas exploré la capacité d'un élevage à transmettre le VHE, aucun lien entre la chaîne d'infection sortante et la séroprévalence VHE n'était attendu. Une association entre la chaîne d'infection entrante et la séroprévalence VHE aurait pu être observée. Néanmoins, Frössling *et al.* (2012) ont montré que cette association dépendait du pathogène.

A notre connaissance, l'exposition d'une aire géographique à un pathogène du fait des mouvements d'animaux n'a jamais été quantifiée. Le choix du niveau départemental pour notre étude est lié au fait que les départements sont les zones administratives locales à l'échelle desquelles les programmes de surveillance sont généralement conçus et mis en œuvre. Du fait de la faible précision des données de prévalence à l'échelle des élevages dans certains départements, la distribution du risque d'exposition est large dans ces départements.

Néanmoins, les sorties de la procédure utilisée pour évaluer le risque d'exposition ont été stabilisées grâce à un nombre élevé de simulations. Une grande variabilité du risque d'exposition médian au VHE est observée selon les départements français, ce qui confirme l'intérêt de développer des stratégies de surveillance ciblées et différenciées selon le niveau de risque de la zone géographique. De plus, les différences entre les niveaux de prévalence et ceux du risque d'exposition des départements justifient de surveiller non seulement les zones fortement prévalentes mais aussi celles recevant des animaux en provenance de zones infectées.

Plusieurs équipes de recherche ont développé des scores de risque à l'échelle des élevages prenant en compte les mouvements d'animaux. Par exemple, Schärer *et al.* (2015) ont utilisé un score cumulatif incluant différents paramètres, dont la chaîne de contact entrante, le nombre d'animaux par mouvement entrant, le type de pâture et le nombre de semaines dans l'année durant lesquelles des échanges ont eu lieu. Une autre publication présente une méthode pour calculer un risque accru d'infection dû à l'introduction d'animaux (Frössling *et al.*, 2014). Ribeiro-Lima *et al.* (2015) ont aussi développé un score fondé sur les mouvements pour identifier les élevages ayant un risque plus élevé de tuberculose bovine. Une prochaine étape de notre étude pourrait être de construire un score à l'échelle des élevages qui inclurait à la fois des facteurs de risque liés aux mouvements d'animaux et d'autres facteurs de risque vis-à-vis du VHE qui ont déjà été identifiés (certaines pratiques d'élevage, le type d'élevage,...) (Walachowski *et al.*, 2014). Un tel score permettrait de cibler uniquement les élevages à risque et d'optimiser ainsi la surveillance.

## CONCLUSION

Le couplage de méthodes d'analyse de réseau avec des données épidémiologiques a permis de montrer que la connectivité directe des élevages et leur centralité de proximité dans le réseau sont associées à la prévalence du VHE intra-élevage et que certaines aires géographiques sont plus à risque vis-à-vis du VHE du fait de leur approvisionnement depuis des zones infectées. Plus généralement, les méthodes proposées dans cette étude démontrent que des paramètres à l'échelle de l'élevage ou du département dérivés des caractéristiques du réseau de mouvements d'animaux peuvent orienter la sélection des élevages pour des programmes de surveillance fondés sur le risque, ou la mise en place de stratégies de surveillance différenciées selon les caractéristiques de mouvements des zones géographiques.

## REMERCIEMENTS

Cette étude a reçu le support financier du Ministère de l'Agriculture et de l'Alimentation et de l'Interprofession Nationale Porcine (INAPORC). Les auteurs remercient l'association BDporc pour la mise à disposition de l'extraction de la base de données.

## REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Beaune G., Vergu E., Ezanno P., 2015. Modelling of paratuberculosis spread between dairy cattle farms at a regional scale. *Vet Res*, 46, 111.
- Bigras-Poulin M., Barfod K., Mortensen S., Greiner M., 2007. Relationship of trade patterns of the Danish swine industry animal movements network to potential disease spread. *Prev Vet Med*, 80, 143-165.
- Bigras-Poulin M., Thompson R.A., Chriel M., Mortensen S., Greiner M., 2006. Network analysis of Danish cattle industry trade patterns as an evaluation of risk potential for disease spread. *Prev Vet Med*, 76, 11-39.

- Buttner K., Krieter J., Traulsen A., Traulsen I., 2013. Static network analysis of a pork supply chain in Northern Germany-Characterisation of the potential spread of infectious diseases via animal movements. *Prev Vet Med*, 110, 418-428.
- Colson P., Borentain P., Queyriaux B., Kaba M., Moal V., Gallian P., Heyries L., Raoult D., Gerolami R., 2010. Pig liver sausage as a source of hepatitis E virus transmission to humans. *J Infect Dis*, 202, 825-834.
- Dalton H.R., Bendall R., Ijaz S., Banks M., 2008. Hepatitis E: an emerging infection in developed countries. *Lancet Infect Dis*, 8, 698-709.
- Dorjee S., Revie C.W., Poljak Z., McNab W.B., Sanchez J., 2013. Network analysis of swine shipments in Ontario, Canada, to support disease spread modelling and risk-based disease management. *Prev Vet Med*, 112, 118-127.
- EFSA B.P., Ricci A., Allende A., Bolton D., Chemaly M., Davies R., Fernandez Escamez P.S., Herman L., Koutsoumanis K., Lindqvist R., Nørrung B., Robertson L., Ru G., Sanaa M., Simmons M., Skandamis P., Snary E., Speybroeck N., Ter Kuile B., Threlfall J., Wahlström H., Di Bartolo I., Johne R., Pavio N., Rutjes S., van der Poel W., Vasickova P., Hempen M., Messens W., Rizzi V., Latronico F., Girones R., 2017. Public health risks associated with hepatitis E virus (HEV) as a food-borne pathogen. *EFSA Journal*, 15, e04886-n/a.
- Frössling J., Ohlson A., Björkman C., Hakansson N., Noremark M., 2012. Application of network analysis parameters in risk-based surveillance - examples based on cattle trade data and bovine infections in Sweden. *Prev Vet Med*, 105, 202-208.
- Frössling J., Nusinovici S., Noremark M., Widgren S., Lindberg A., 2014. A novel method to identify herds with an increased probability of disease introduction due to animal trade. *Prev Vet Med*, 117, 367-374.
- Green D.M., Kiss I.Z., Mitchell A.P., Kao R.R., 2008. Estimates for local and movement-based transmission of bovine tuberculosis in British cattle. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 275, 1001-1005.
- Guinat C., Relun A., Wall B., Morris A., Dixon L., Pfeiffer D.U., 2016. Exploring pig trade patterns to inform the design of risk-based disease surveillance and control strategies. *Sci Rep*, 6, 28429.
- Keeling M., 2005. The implications of network structure for epidemic dynamics. *Theoretical Population Biology*, 67, 1-8.
- Lee K., Polson D., Lowe E., Main R., Holtkamp D., Martinez-Lopez B., 2017. Unraveling the contact patterns and network structure of pig shipments in the United States and its association with porcine reproductive and respiratory syndrome virus (PRRSV) outbreaks. *Prev Vet Med*, 138, 113-123.
- Lindstrom T., Lewerin S.S., Wennergren U., 2012. Influence on disease spread dynamics of herd characteristics in a structured livestock industry. *J R Soc Interface*, 9, 1287-1294.
- Lloyd-Smith J.O., Schreiber S.J., Kopp P.E., Getz W.M., 2005. Superspreading and the effect of individual variation on disease emergence. *Nature*, 438, 355-359.
- Martin V., Zhou X., Marshall E., Jia B., Fusheng G., FrancoDixon M.A., DeHaan N., Pfeiffer D.U., Soares Magalhães R.J., Gilbert M., 2011. Risk-based surveillance for avian influenza control along poultry market chains in South China: The value of social network analysis. *Prev Vet Med*, 102, 196-205.
- Moal V., Gerolami R., Colson P., 2012. First human case of co-infection with two different subtypes of hepatitis E virus. *Intervirology*, 55, 484-487.
- Motte A., Roquelaure B., Galambun C., Bernard F., Zandotti C., Colson P., 2012. Hepatitis E in three immunocompromized children in southeastern France. *J Clin Virol*, 53, 162-166.
- Nantel-Fortier N., Letellier A., Lachapelle V., Fravallo P., L'Homme Y., Brassard J., 2016. Detection and Phylogenetic Analysis of the Hepatitis E Virus in a Canadian Swine Production Network. *Food Environ Virol*,
- Natale F., Giovannini A., Savini L., Palma D., Possenti L., Fiore G., Calistri P., 2009. Network analysis of Italian cattle trade patterns and evaluation of risks for potential disease spread. *Prev Vet Med*, 92, 341-350.
- Nicolas G., Durand B., Duboz R., Rakotondraivo R., Chevalier V., 2013. Description and analysis of the cattle trade network in the Madagascar highlands: Potential role in the diffusion of Rift Valley fever virus. *Acta Tropica*, 126, 19-27.
- Nöremark M., Håkansson N., Lewerin S.S., Lindberg A., Jonsson A., 2011. Network analysis of cattle and pig movements in Sweden: Measures relevant for disease control and risk based surveillance. *Prev Vet Med*, 99, 78-90.
- Ortiz-Pelaez A., Pfeiffer D.U., Soares-Magalhães R.J., Guitian F.J., 2006. Use of social network analysis to characterize the pattern of animal movements in the initial phases of the 2001 foot and mouth disease (FMD) epidemic in the UK. *Prev Vet Med*, 76, 40-55.
- Pavio N., Meng X.J., Renou C., 2010. Zoonotic hepatitis E: animal reservoirs and emerging risks. *Vet Res*, 41, 46.
- Porphyre T., McKenzie J., Stevenson M.A., 2011. Contact patterns as a risk factor for bovine tuberculosis infection in a free-living adult brushtail possum *Trichosurus vulpecula* population. *Prev. Vet. Med.*, 100, 221-230.
- R C.T., 2017. R: A language and environment for statistical computing. . R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <https://www.R-project.org/>,
- Rautureau S., Dufour B., Durand B., 2012. Structural vulnerability of the French swine industry trade network to the spread of infectious diseases. *Animal*, 6, 1152-1162.
- Relun A., Grosbois V., Sánchez-Vizcaino J.M., Alexandrov T., Feliziani F., Waret-Szkuta A., Molia S., Etter E.M.C., Martínez-López B., 2016. Spatial and Functional Organization of Pig Trade in Different European Production Systems: Implications for Disease Prevention and Control. *Front. Vet. Sci.*, 3,
- Ribbens S., Dewulf J., Koenen F., Mintiens K., de Kruijff A., Maes D., 2009. Type and frequency of contacts between Belgian pig herds. *Prev Vet Med*, 88, 57-66.
- Ribeiro-Lima J., Enns E.A., Thompson B., Craft M.E., Wells S.J., 2015. From network analysis to risk analysis--An approach to risk-based surveillance for bovine tuberculosis in Minnesota, US. *Prev Vet Med*, 118, 328-340.
- Rogan W.J., Gladen B., 1978. Estimating prevalence from the results of a screening test. *Am J Epidemiol*, 107, 71-76.
- Rose N., Boutrouille A., Fablet C., Madec F., Eloit M., Pavio N., 2010. The use of Bayesian methods for evaluating the performance of a virus-like particles-based ELISA for serology of hepatitis E virus infection in swine. *J. Virol. Methods*, 163, 329-335.
- Rose N., Lunazzi A., Dorenlor V., Merbah T., Eono F., Eloit M., Madec F., Pavio N., 2011. High prevalence of Hepatitis E virus in French domestic pigs. *Comp Immunol Microbiol Infect Dis*, 34, 419-427.
- Salines M., Andraud M., Rose N., 2017a. From the epidemiology of hepatitis E virus (HEV) within the swine reservoir to public health risk mitigation strategies: a comprehensive review. *Vet Res*, 48, 31.
- Salines M., Andraud M., Rose N., 2017b. Pig movements in France: designing network models fitting the epidemiological context. *PLoS One*, , submitted,
- SAS, 2014. SAS 9.4. Language reference: Concepts, Third Edition. Cary, NC: SAS Institute Inc.,
- Scharrer S., Widgren S., Schwermer H., Lindberg A., Vidondo B., Zinsstag J., Reist M., 2015. Evaluation of farm-level parameters derived from animal movements for use in risk-based surveillance programmes of cattle in Switzerland. *Vet Res*, 11, 149.
- Sintayehu D.W., Prins H.H., Heitkonig I.M., de Boer W.F., 2017. Disease transmission in animal transfer networks. *Prev Vet Med*, 137, 36-42.
- Thakur K.K., Revie C.W., Hurnik D., Poljak Z., Sanchez J., 2016. Analysis of Swine Movement in Four Canadian Regions: Network Structure and Implications for Disease Spread. *Transbound Emerg Dis*, 63, e14-26.
- Walachowski S., Dorenlor V., Lefevre J., Lunazzi A., Eono F., Merbah T., Eveno E., Pavio N., Rose N., 2014. Risk factors associated with the presence of hepatitis E virus in livers and seroprevalence in slaughter-age pigs: a retrospective study of 90 swine farms in France. *Epidemiol Infect*, 142, 1934-1944.
- Wasserman S., Faust K., 1994. Social network analysis: methods and applications. Eds, 857 p.