

ROLE DES RESEAUX DES MOUVEMENTS DE CANARDS DANS LA PROPAGATION DU VIRUS DE L'INFLUENZA AVIAIRE HAUTEMENT PATHOGENE H5N8, FRANCE 2016-17

Claire Guinat¹, Benoit Durand², Tifenn Corre¹, Timothée Vergne¹
Anne Bronner³, Jean-Luc Guérin¹, Mathilde Paul¹

¹UMR 1225 ENVT-INRA IHAP - 23 chemin des capelles - 31300 TOULOUSE,

²ANSES - 14 rue Pierre et Marie Curie - 94701 MAISONS-ALFORT

³DGAI - 251 rue de Vaugirard - 75732 PARIS

c.guinat@envt.fr

RÉSUMÉ

Au cours de l'hiver 2016-17, le virus H5N8 de l'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) s'est propagé en France, provoquant une épizootie sans précédent. Une des hypothèses fréquemment avancée est que l'IAHP pourrait être transmis entre exploitations avicoles par le transport d'oiseaux vivants infectés. Cette étude vise ainsi à caractériser les mouvements opérés dans la filière palmipèdes gras au cours de l'épizootie 2016-17, et à analyser la contribution du transport d'oiseaux vivants dans la propagation du virus. Cette étude met en évidence une association statistique entre la structure du réseau de mouvements et l'apparition des foyers H5N8, mais révèle également que seul un nombre limité de foyers, principalement groupés dans la phase initiale de l'épizootie, serait le résultat de la propagation de H5N8 par les réseaux de contact. Ces résultats soulignent le rôle clé des efforts effectués pour améliorer la biosécurité des transports dans la maîtrise du risque de dispersion du virus de l'influenza.

ABSTRACT

Role of duck contact networks in shaping HPAI H5N8 disease transmission, France 2016-17

In winter 2016-17, Highly Pathogenic Avian Influenza (HPAI) H5N8 virus spread in France, causing unprecedented epizootics. One important hypothesis is that HPAI could be dispersed from an infected poultry holding to the neighbouring holdings by transport of live poultry flocks. The objectives of this study were to characterize flock movements of a past HPAI outbreak and investigate their role in the spread of the disease. This study reveals that a number of outbreaks was the result of the propagation of H5N8 through the contact networks before February 2017. Despite their limited number, these identified at-risk movements may have launched the French epizootic. These findings support efforts to enhance biosecurity along the duck transport to minimize the risk of contact infection.

INTRODUCTION

Au cours de l'hiver 2016-17, le virus de l'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) du sous-type A(H5N8) (clade 2.3.4.4.) a provoqué d'importantes épizooties en Europe, touchant volailles et oiseaux sauvages dans un grand nombre de pays. Avec un total de 484 foyers confirmés chez les volailles au 23 mars 2017, la France a été l'un des pays européens les plus touchés par la maladie au cours de l'hiver 2016-2017. Les foyers ont été principalement reportés en élevage de canards. Lors de l'épizootie, les mouvements d'oiseaux vivants ont été identifiés comme potentiel facteur de la transmission du virus de l'IAHP H5N8 entre les élevages. Cette étude vise ainsi à caractériser les mouvements de lots de palmipèdes au cours de l'épizootie 2016-2017, et à analyser la contribution du transport d'oiseaux vivants dans la dispersion du virus.

1. MATERIELS ET METHODES

1.1. Données

La liste des foyers d'IAHP H5N8 apparus en élevage de volailles en France au cours de l'épizootie 2016-17 (28 novembre 2016 au 23 mars 2017) a été obtenue auprès de la DGAL, Paris, France. Pour chaque foyer, des informations supplémentaires ont pu être collectées sur le numéro d'identification de l'exploitation, l'emplacement géographique et la date de suspicion.

La liste des mouvements de lots de canards entre exploitations a été obtenue auprès du CIFO, France. Pour chaque mouvement, des informations étaient disponibles sur la date du mouvement, le numéro d'identification de l'exploitation de départ et d'arrivée et le nombre de canards déplacés. L'analyse des données relatives aux mouvements a été restreinte à la période contemporaine à l'épizootie H5N8, soit la période du 1er novembre 2016 au 31 mars 2017.

1.2. Analyses

Des statistiques descriptives ont d'abord été effectuées sur le nombre d'exploitations actives (c.-à-d. les exploitations qui ont reçu ou envoyé des lots de canards pendant la période étudiée), le nombre de lots déplacés, les distances parcourues par les lots déplacés par paire de types d'exploitation.

Une analyse de réseau a ensuite été effectuée, considérant chaque exploitation comme un *nœud* et un mouvement de lot de canards entre deux exploitations comme un *lien*. Des poids ont été attribués à chaque *lien* en fonction du nombre de lots de canards déplacés entre deux *nœuds*.

Les agrégats de *nœuds*, dits *communautés*, ont été identifiés dans l'ensemble du réseau à l'aide d'un algorithme Walktrap (Pons and Latapy, 2005). Cet algorithme est basé sur des marches aléatoires à travers les *liens* du réseau qui identifient les *communautés*, c'est-à-dire un sous-ensemble de *nœuds* qui ont beaucoup plus de *liens* que prévu. Les 15 plus grandes *communautés* en termes de nombre d'exploitations ont été identifiées et classées en fonction de leur taille et des types de production des exploitations. Les *communautés* identifiées ont ensuite été comparées aux groupes d'organisations de producteurs.

Pour évaluer si la distribution des exploitations infectées par l'IAHP H5N8 résulte d'événements de transmission via le réseau de contact, le k-test (VanderWaal et al., 2016) a été utilisé. Ce test consiste à calculer une statistique k observée qui est ensuite comparée à la distribution de la statistique k aléatoire, c'est-à-dire si les foyers étaient distribués aléatoirement dans le réseau, la p-value correspondant à la proportion de permutations pour lesquelles la statistique k aléatoire est supérieure à la statistique k observée. Dans notre étude, le k test a été adapté en identifiant les mouvements à risque sur fenêtre d'infection possible : un mouvement à risque est défini par un mouvement ayant lieu entre un *expéditeur*, c'est-à-dire une exploitation infectée qui a envoyé des lots dans les 14 jours précédant sa date de suspicion, et un *destinataire*, c'est-à-dire une exploitation infectée qui a reçu des lots dans les 14 jours précédant cette date. La statistique k a donc été définie comme le nombre moyen d'exploitations infectées parmi les voisins de chaque exploitation infectée au sein des mouvements à risque. Les interdictions de mouvement ont été renforcées à partir du 2 février 2017, de sorte que seules les données relatives aux mouvements entre le 1er novembre 2016 et le 2 février 2017 ont été conservées pour cette analyse.

2. RESULTATS ET DISCUSSION

Les statistiques descriptives sont présentées dans le **Tableau 1**. Au total, 9096 mouvements de 10945388 canards ont été effectués entre 2098 exploitations entre le 1er novembre 2016 et le 31 mars 2017. La plupart des exploitations réalisant des mouvements ont été caractérisées de type gavage exclusif (48,8%), suivi par élevage exclusif (35,7%) et élevage combiné au gavage (11,9%). Les exploitations étaient principalement situées dans la partie diagonale inférieure gauche de la France. Dans l'ensemble, la plupart des lots (95,8%) sont passés d'exploitations de type élevage à celles de type gavage, et un nombre limité de mouvements ont eu lieu d'exploitations de type démarrage à des exploitations de type élevage.

(4,2%) (**Tableau 1**). Cependant, un plus grand nombre de canards ont été déplacés entre les exploitations de type démarrage à celles de type élevage (taille médiane du lot = 4773) comparativement aux mouvements entre élevage et gavage (taille médiane du lot = 958). La distance moyenne parcourue par les lots lorsqu'ils se déplaçaient d'une exploitation de type démarrage à celle de type élevage est de 57 km, et de l'élevage au gavage de 50 km. Les lots de canards déplacés entre différentes unités d'une même ferme (10,6%) ont tendance à couvrir des distances limitées (distance moyenne de 300 m, avec un maximum de 46 km - données non indiquées).

L'ensemble du réseau a été divisé en 99 *communautés*, dont 2098 exploitations. Les 15 plus grandes *communautés* en termes de nombre d'exploitations comprenaient 91,8% des exploitations. Les *communautés* montrent une distribution spatiale bien distincte dans le Grand-Ouest avec beaucoup de superpositions dans l'espace dans le Sud-Ouest (**Figure 1**), mais des compositions similaires dominées par les exploitations de type élevage et gavage. Ces *communautés* sont très similaires aux 15 plus grands groupes d'organisations de producteurs.

Au total, 6521 mouvements entre 1988 exploitations (dont 104 exploitations infectées) ont eu lieu entre le 1er novembre 2016 et le 2 février 2017. La plupart des exploitations infectées sont de type élevage (39,4%), suivies par type gavage (34,6%) et élevage combiné avec gavage (22,1%). Parmi tous les mouvements, 16 ont été identifiés comme étant à risque avec une distance médiane couverte par des lots de 48 km (max = 200 km). Le k test s'est avéré significatif : le nombre moyen d'exploitations infectées entourant chaque exploitation infectée parmi les mouvements à risque était significativement supérieur à la distribution du nombre obtenu si les foyers avaient été distribués de manière aléatoire dans le réseau (valeur k statistique observée sur l'ensemble des exploitations = 0,22, valeur statistique k aléatoire = $0,13 \pm 0,03$, $p = 0,02$).

CONCLUSION

Entre le 1er novembre 2016 et le 31 mars 2017 en France, le plus grand nombre de mouvements a été observé entre exploitations de type élevage à celles de gavage, avec les plus grandes tailles de lots de canards du stade démarrage à élevage. Ceci concorde avec les caractéristiques du cycle de production, au cours duquel les canards sont d'abord élevés en lots de grande taille pendant près de 12 semaines, et sont ensuite divisés en lots de petite taille pour être transférés dans des unités de gavage. Les différences dans les distances moyennes parcourues par les lots

montrent que les exploitations de type démarrage ont tendance à être liées à des exploitations d'élevage éloignées, tandis que les exploitations d'élevage ont tendance à échanger avec des unités de gavage plus locales. Dans l'ensemble, la plupart des déplacements ont été de courte distance (50% et 75% d'entre eux couvrant moins de 40 km et 75 km, respectivement) et sont principalement concentrés dans deux zones géographiques, le Grand-Ouest et Sud-Ouest de la France, avec un nombre limité de mouvements entre ces deux zones. Ceci expliquerait peut-être pourquoi la plupart des foyers IAHP H5N8 sont restés concentrés dans le Sud-Ouest de la France (Guinat et al., 2018).

L'analyse de réseau a permis d'identifier les 15 plus grandes *communautés* comprenant la majorité des exploitations (91,8%) et sont très similaires aux 15 plus grandes organisations de producteurs. Ceci est important en terme de prévention et de surveillance basée sur le risque, car cela suggère qu'il serait intéressant de cibler ces groupes d'exploitations très connectées, afin de prévenir la propagation de la maladie tout en minimisant la perturbation des échanges commerciaux (Ratananakorn and Wilson, 2011). De plus, le fait d'appartenir à une organisation de producteurs en particulier pourrait signifier qu'ils partagent les mêmes pratiques de biosécurité et de production, ce qui les rend maîtres des programmes de biosécurité des transports.

Le k test montre que les exploitations infectées avaient plus de voisins infectés que celles non infectées. Ceci suggère donc que pour ces mouvements à risque, l'apparition de foyers serait le résultat de la propagation du virus H5N8 par les réseaux de contact. Ces résultats confirment l'intérêt de l'importance portée par les autorités sanitaires et les professionnels des filières sur la biosécurité lors du transport des oiseaux. Néanmoins, il est important de noter que le nombre de mouvements identifiés comme « à risque » dans l'analyse reste finalement assez limité en nombre (16 mouvements) et dans le temps (de novembre à début février). Ceci suggère que, outre le déplacement d'oiseaux vivants potentiellement infectés, d'autres voies de propagation ont joué un rôle important dans la transmission du virus entre élevages lors de l'épizootie. Les travaux d'analyse spatio-temporelle précédemment conduits ont mis en lumière l'importance du phénomène de transmission locale (moins de 10km, via diffusion aéroportée, mouvements locaux de véhicules, d'équipements et de personnel, etc.) dans la propagation (Guinat et al., 2018). D'autres travaux restent nécessaires pour identifier plus précisément la part relative des différentes voies impliquées (notamment via des matériaux inertes contaminés) dans la diffusion du virus sur de courtes distances.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Guinat, C., Nicolas, G., Vergne, T., Bronner, A., Durand, B., Courcoul, A., Gilbert, M., Guérin, J.-L., Paul, M.C., 2018. Spatio-temporal patterns of highly pathogenic avian influenza virus subtype H5N8 spread, France, 2016 to 2017. *Eurosurveillance* 23. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2018.23.26.1700791>
- Pons, P., Latapy, M., 2005. Computing Communities in Large Networks Using Random Walks, in: *Computer and Information Sciences - ISCIS 2005*. Presented at the International Symposium on Computer and Information Sciences, Springer, Berlin, Heidelberg, pp. 284–293. https://doi.org/10.1007/11569596_31
- Ratananakorn, L., Wilson, D., 2011. Zoning and compartmentalisation as risk mitigation measures: an example from poultry production. *Rev. Sci. Tech.-OIE* 30, 297.
- VanderWaal, K., Enns, E.A., Picasso, C., Packer, C., Craft, M.E., 2016. Evaluating empirical contact networks as potential transmission pathways for infectious diseases. *J. R. Soc. Interface* 13, 20160166. <https://doi.org/10.1098/rsif.2016.0166>

Tableau 1. Caractéristiques des mouvements de canards opérés entre le 1er Novembre 2016 et le 31 Mars 2017 en France

Type de mouvements	Nombre de lots déplacés (%)	Nombre de canards déplacés			Distance (km)		
		Mediane	IQR*	Max	Mediane	IQR	Max
Démarrage - Elevage	382 (4.2)	4773	3016-8991	15090	35	1-101	213
Elevage -Gavage	8712 (95.8)	958	628-1188	8050	41	17-72	408

* IQR : Intervalle inter-quartile

Figure 1. Distribution spatiale des 15 plus grandes communautés entre le 1 novembre 2016 and le 31 Mars 2017 en France

