

Le directeur général

Maisons-Alfort, le 13 janvier 2022

AVIS de l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail

relatif à un retour d'expérience sur la crise influenza aviaire
hautement pathogène 2020-2021 (3^{ème} partie).

*L'Anses met en œuvre une expertise scientifique indépendante et pluraliste.
L'Anses contribue principalement à assurer la sécurité sanitaire dans les domaines de l'environnement, du travail et de l'alimentation et à évaluer les risques sanitaires qu'ils peuvent comporter.
Elle contribue également à assurer d'une part la protection de la santé et du bien-être des animaux et de la santé des végétaux et d'autre part à l'évaluation des propriétés nutritionnelles des aliments.
Elle fournit aux autorités compétentes toutes les informations sur ces risques ainsi que l'expertise et l'appui scientifique technique nécessaires à l'élaboration des dispositions législatives et réglementaires et à la mise en œuvre des mesures de gestion du risque (article L.1313-1 du code de la santé publique).
Ses avis sont publiés sur son site internet.*

L'Anses a été saisie le 10 février 2021 par la DGAL pour la réalisation d'un retour d'expérience sur la crise influenza aviaire hautement pathogène 2020-2021.

1. CONTEXTE ET OBJET DE LA SAISINE

L'épizootie d'influenza de type A hautement pathogène (IAHP) de sous type H5N8 qui a sévi, en France, au cours de l'hiver 2020-2021 dans le compartiment élevage, principalement dans le Sud-Ouest¹ et dans une bien moindre mesure en Vendée/Deux-Sèvres, ainsi que dans la filière animalerie/ornement en Corse/Yvelines, a causé près de 500 foyers et entraîné l'abattage de plus de 3 millions de canards et autres volailles, répétant ainsi les épizooties de 2015-2016 et 2016-2017. Ces épizooties récurrentes posent des questions de fond sur l'organisation des filières, notamment dans le Sud-Ouest, et sur les facteurs de risque de diffusion de l'infection, à partir du moment où un premier élevage se trouve infecté. L'Anses a été saisie pour conduire un retour d'expérience suite à cette nouvelle épizootie, après avoir rendu différents avis et AST² en urgence tout au long de l'hiver 2020-2021. L'analyse des

¹ Régions Nouvelle Aquitaine plus Occitanie

² Un Avis de l'Agence est issu d'une expertise réalisée par un collectif d'experts. Un AST (Appui scientifique et technique) est issu d'une expertise interne de l'Agence sur des points techniques particuliers ou sur la base d'Avis antérieurs.

données épidémiologiques, ainsi que des actions gouvernementales ou professionnelles lors de cette épizootie, a été réalisée dans la première partie de l'avis 2021-SA-0022, du 26/05/2021, publié sur le site de l'Anses. L'analyse comparée des facteurs de risque a été réalisée dans la deuxième partie de l'avis 2021-SA-0022, signé le 05/11/2021 et publié sur le site de l'Agence. Cette troisième partie de l'avis 2021-SA-0022 complète les précédentes conclusions des experts en s'appuyant sur la modélisation construite à partir des données de l'épizootie de 2016-2017.

Au 16/09/2021, la plateforme ESA dresse le bilan³ suivant pour l'épizootie d'IAHP 2020-2021 : cette épizootie se caractérise notamment par une plus grande ampleur que les précédentes (2016-2017 et 2019-2020 (Europe sans la France)), en touchant l'avifaune et les volailles dans 29 pays (voir bilan européen en annexe 3). Il ressort de ce bilan que le sous-type H5N8 est majoritaire. Si d'autres sous-types ont été identifiés, ils étaient tous du clade 2.3.4.4b.

Il est à noter que la France est le pays qui a compté le plus de foyers chez les volailles, avec une épizootie très localisée dans le Sud-Ouest. Les premiers foyers déclarés chez des animaux de basse-cour ont été identifiés en Corse (n=7) à partir du 16/11/2020, en lien épidémiologique avec un autre foyer détecté dans une animalerie des Yvelines. Le neuvième foyer a été confirmé le 06/12/2020 dans les Landes (1^{er} foyer dans un élevage avicole). Puis le virus s'est propagé rapidement, dans le Sud-Ouest de la France, avec des foyers dans les Landes, les Hautes-Pyrénées, les Pyrénées-Atlantiques, le Lot-et-Garonne et le Gers. Le 12/12/2020, un foyer a été détecté en Vendée, puis le 13/12/2020 dans le département limitrophe des Deux-Sèvres.

Au total, 492 foyers en élevages de volailles (475 dans le Sud-Ouest et 17 hors Sud-Ouest) ont été déclarés au cours de cette saison 2020-2021. Le dernier foyer déclaré chez des volailles a été détecté le 26/04/2021.

Vingt cas ont été confirmés en avifaune sauvage libre et deux cas ont concerné des oiseaux sauvages captifs. Sept oiseaux sauvages infectés par le virus H5N8 auraient été contaminés secondairement, à partir de foyers en élevages de volailles : en Corse (2), dans les Landes (1), dans les Ardennes (3) et dans le Haut-Rhin (1) (Anses 2021b, BHVSI 2021). Un épisode de mortalité massive a été observé dans le département de la Manche à partir du 17/01/2021, où des bécasseaux maubèches (*Calidris canutus*) ont été retrouvés morts sur une plage (au moins 300 oiseaux morts sur un effectif d'environ 10 000 bécasseaux maubèches). Les quatre cas confirmés chez cette espèce (sur quatre testés) étaient associés à une infection par un virus d'IAHP H5N3 (sources : Laboratoire national de référence -LNR-, Office français de la biodiversité -OFB-). Des liens avec des cas dans d'autres pays européens ont été mis en évidence. Au total, trois sous-types différents de virus IAHP (H5N8, H5N3 et H5N1) ont été caractérisés dans l'avifaune.

Le dernier cas en avifaune sauvage libre a été identifié le 28/04/2021 (poussins de faucons pèlerins - *Falco peregrinus* - à Saint-Nicolas-de-Port en Meurthe-et-Moselle, suivis d'une adulte). Le dernier cas chez des oiseaux captifs a été observé le 02/07/2021 dans une basse-cour⁴.

³ <https://www.plateforme-esa.fr/article/influenza-aviaire-hautement-pathogene-en-europe-bilan-de-la-saison-2020-2021>, consulté le 16/09/2021

⁴ Définition réglementaire de la basse-cour : élevage non professionnel détenant moins de 250 oiseaux

Les virus IAHP ont très probablement été introduits en France continentale lors de la migration postnuptiale « descendante » d'automne (Anses 2021a). La présence de virus IAHP a été confirmée sur treize espèces d'oiseaux sauvages.

Dans la zone Sud-Ouest, deux introductions de souches distinctes de virus IAHP H5N8 ont été identifiées chez des volailles :

- une dans les Landes, suivie d'une très large diffusion entre élevages de proche en proche et à distance *via* des contacts directs ou indirects (mouvements d'animaux, de personnes ou de matériel), et responsable de la quasi-totalité des foyers observés dans cette zone ;
- l'autre dans une basse-cour de particulier dans les Hautes-Pyrénées, le virus responsable de l'infection n'ayant pas été retrouvé ailleurs.

Dans les départements de la Vendée et des Deux-Sèvres, les analyses phylogénétiques montrent qu'il y a eu trois souches distinctes introduites. Ce nombre de trois introductions serait attribuable à une exposition plus forte de cette zone à l'avifaune sauvage à risque car située plus au nord que celle du Sud-Ouest (Anses 2021a). Un seul foyer secondaire est à déplorer dans cette zone.

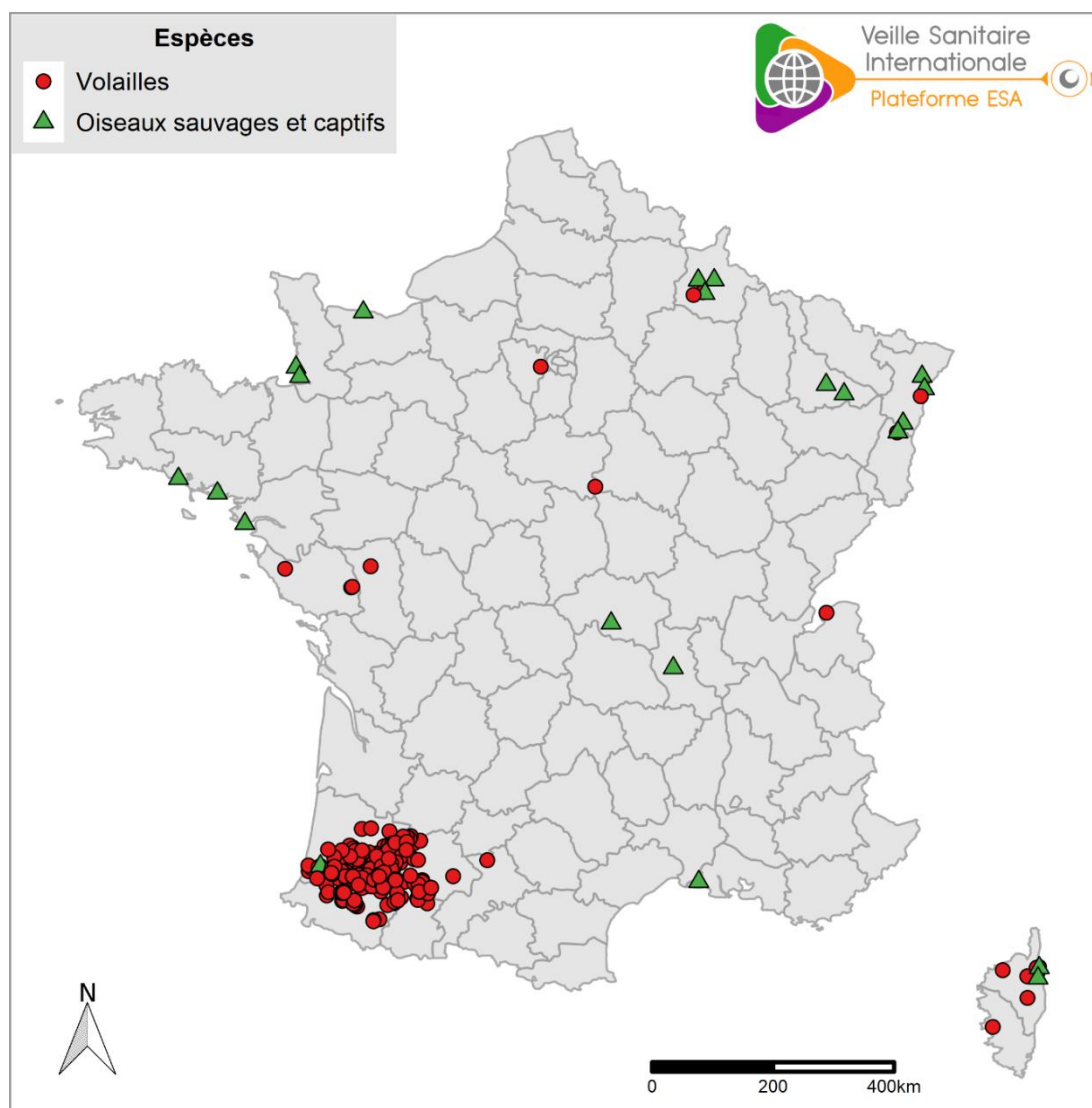


Figure 1 : Localisation des cas en faune sauvage et foyers domestiques d'IAHP H5Nx en France détectés entre le 07/11/2020 et le 02/07/2021 inclus (source : ADIS, site de la Plateforme ESA)

La situation s'est stabilisée à partir de début mai 2021 : un seul foyer d'infection par un virus IAHP H5N8 a été détecté après le 28 avril 2021, celui-ci ayant été identifié chez des oiseaux captifs en basse-cour dans le Loiret, plus de deux mois après la précédente détection. Les mesures de sécurité sanitaire renforcées, parmi lesquelles figuraient la claustration des oiseaux, ont été levées sur l'ensemble du territoire national métropolitain lorsque la situation a permis de repasser en niveau de risque négligeable, soit le 28 mai 2021. Classé « élevé » au regard de l'influenza aviaire, depuis le 17 novembre 2020, le niveau de risque est devenu « modéré » le 24 avril 2021 puis « négligeable » le 28 mai 2021. Le statut indemne (qui concerne les productions avicoles) a été retrouvé en France le 02 septembre 2021⁵.

Ces éléments ne tiennent pas compte des événements survenus lors de la nouvelle saison, à savoir à partir du 1^{er} août 2021, dans la mesure où ils ne concernent pas le contexte de la présente saisine sur le retour d'expérience de l'épizootie 2020-2021⁶. Ceux-ci illustrent néanmoins le fait que les virus IAHP H5Nx appartenant au clade 2.3.4.4b se maintiennent durablement au niveau mondial et appellent à rester vigilant sur le risque de nouvelles introductions chaque année en Europe (Anses 2021a).

2. ORGANISATION DE L'EXPERTISE

Dans la saisine 2021-SA-0022 en date du 10/02/2021 (cf. annexe 2), la DGAL indique :

« Nous avons besoin de comprendre quels sont les facteurs qui ont contribué à l'introduction et à la diffusion de la maladie au sein des élevages de palmipèdes notamment dans le Sud-Ouest et dans les Landes en particulier afin que toutes les leçons soient tirées de cette nouvelle crise.

(...) Divers paramètres devront être étudiés aussi bien comme facteurs d'introduction depuis la faune sauvage que de diffusion entre élevages :

- *[Paramètre 1] -Le niveau de biosécurité dans les élevages : des failles de la biosécurité sont pointées du doigt au niveau des élevages mais aussi des opérateurs intervenant dans la filière (p. ex. équipes de ramassage)*
- *[Paramètre 2] - L'implantation de l'élevage dans une ZRP et/ou une redéfinition des ZRP*
- *[Paramètre 3] - L'influence dans la dynamique d'infection de fortes densités d'élevages dans la zone (en termes de nombre d'animaux mais aussi de nombre d'élevages)*
- *[Paramètre 4] - La présence de canards sur parcours extérieurs en période à risque élevé*
- *[Paramètre 5] - Des systèmes d'élevage divers au sein de la filière. En effet, au sein de la filière palmipède gras existent des systèmes de production très intégrés nécessitant des multiples mouvements au cours de la vie de l'animal et d'autres systèmes autarciques concentrant l'ensemble d'étapes dans une seule exploitation*
- *[Paramètres 6] - Enfin, d'autres paramètres d'ordre naturel sont à considérer comme des facteurs climatiques ou d'autres facteurs externes, et des facteurs intrinsèques au virus, comme par exemple la capacité de diffusion, son tropisme ou sa résistance dans le milieu extérieur.*
- *[-Paramètres 7] - Ainsi que tout autre paramètre que vous aurez identifié comme pertinent ».*

⁵ La France a à nouveau perdu son statut indemne au regard de l'IAHP chez les volailles le 26 novembre 2021.

⁶ Le niveau de risque était déjà passé à « modéré » le 10 septembre 2021, il est passé à « élevé » le 05 novembre 2021.

Le délai fixé initialement par la saisine prévoyait deux échéances, selon la nature des facteurs ayant contribué à l'épizootie : l'une très rapide (fin avril 2021), l'autre plus tardive (fin juin 2021). Aussi, leur analyse a été initialement organisée en deux temps et les délais ont été actualisés en tenant compte des contraintes de traitement :

- compte tenu du court délai imparti pour les premiers travaux, l'ensemble des facteurs a d'abord fait l'objet d'une expertise qualitative, prenant en compte les publications accessibles, des informations collectées par le Gecu *via* ses experts ainsi qu'au cours d'auditions. Cette 1^{ère} partie a donné lieu à un avis, signé le 26/05/2021 et publié sur le site de l'Agence.
- les paramètres 3 et 5 nécessitaient d'être traités de façon plus approfondie, en s'appuyant sur des approches faisant notamment appel à de la modélisation. Ces approches sont en premier lieu dépendantes de l'accès aux données concernant l'épizootie 2020-2021. Or, les délais d'accès aux données se sont révélés particulièrement longs, ces dernières n'ayant pu être intégralement transmises au GT avant l'été 2021 (voir chapitre 3.1). En outre, leur exploitation a nécessité une longue phase de « nettoyage » des bases de données, induisant un délai supplémentaire, avant celui du traitement, lui-même incompressible. Ces difficultés ont abouti à un allongement important du processus, rendu non compatible avec les délais initialement fixés par le demandeur.

Dans ces conditions, l'Anses a organisé l'expertise de la manière suivante :

- conduire une évaluation de risque qualitative et comparée des différents types d'élevages en fonction des facteurs de risque d'introduction et de diffusion de l'IAHP (paramètre 5). Ce point a fait l'objet d'un 2^{ème} avis, signé le 05/11/2021 et publié sur le site de l'Agence ;
- une première analyse ayant montré l'utilisation possible, pour la situation de 2020-2021, de la modélisation construite à partir des données de l'épizootie de 2016-2017, utiliser cette modélisation et ces données pour étudier le paramètre 3. Cette partie fait l'objet du présent avis.

L'expertise relève du domaine de compétences du comité d'experts spécialisé « Santé et bien-être des animaux » (CES SABA). L'Anses a confié l'expertise au groupe d'expertise collective d'urgence « Influenza 2020-2021 », groupe complété par deux rapporteurs. Le Gecu s'est réuni les 09 juin, 05 juillet, 10 septembre, 1^{er} et 20 octobre, 1^{er} décembre 2021 et a adopté ses conclusions en séance du 1^{er} décembre 2021. Sur la base de ces conclusions, un projet d'analyse et conclusions du Gecu a été rédigé par la coordination scientifique, qui a été relu et validé par le Gecu par voie télématique.

Les travaux ont été présentés au CES SABA tant sur les aspects méthodologiques que scientifiques le 14/12/2021 et ont été adoptés lors de cette même séance.

L'expertise a été réalisée dans le respect de la norme NF X 50-110 « Qualité en expertise – Prescriptions générales de compétence pour une expertise (Mai 2003) ».

Ces travaux sont ainsi issus d'un collectif d'experts aux compétences complémentaires.

L'Anses analyse les liens d'intérêts déclarés par les experts avant leur nomination et tout au long des travaux, afin d'éviter les risques de conflits d'intérêts au regard des points traités dans le cadre de l'expertise.

Les déclarations d'intérêts des experts sont publiées sur le site internet : <https://dpi.sante.gouv.fr/>.

L'expertise s'est appuyée sur les éléments suivants :

- la saisine ;
- les données relatives aux foyers d'IAHP et à la situation épidémiologique, extraites de la note « Influenza aviaire hautement pathogène en Europe : bilan de la saison 2020-2021 » (site de la plateforme ESA ; <https://www.plateforme-esa.fr/article/influenza-aviaire-hautement-pathogene-en-europe-bilan-de-la-saison-2020-2021>, consulté le 16/09/2021) ;
- les résultats des travaux menés sur l'épizootie de 2016-2017, faute de pouvoir disposer des données sur l'épizootie 2020-2021 ;
- la bibliographie citée à la fin du présent avis, notamment celle relative aux modèles mathématiques calibrés avec les données de l'épizootie 2016-2017 compte tenu de la forte similarité entre les épizooties 2016-2017 et 2020-2021.

3. ANALYSE ET CONCLUSIONS DU CES ET DU GECU

3.1. Collecte des données de la saison 2020-2021, difficultés rencontrées

Pour réaliser l'étude de « *l'influence dans la dynamique d'infection de fortes densités d'élevages dans la zone (en termes de nombre d'animaux mais aussi de nombre d'élevages)* », les experts se sont intéressés au risque de diffusion entre élevages et se sont appuyés sur une approche par modélisation, dont l'avantage est d'apporter de la précision dans l'analyse et les conclusions, mais qui requiert un accès à l'ensemble des données quantitatives relatives aux élevages de volailles et à leurs activités, ainsi qu'aux foyers d'IAHP.

Ainsi, les experts ont :

- recensé les données nécessaires,
- recensé les bases de données existantes,
- organisé la phase de collecte des données auprès de leurs détenteurs.

Ces opérations se sont avérées particulièrement longues et difficiles. L'intégralité des données nécessaires à la réalisation de cette expertise n'ayant pu être obtenue, les experts ont fait le bilan des obstacles rencontrés. Ce bilan est inclus dans les paragraphes suivants.

3.1.1. Recensement des données nécessaires

Compte tenu des caractéristiques de l'épizootie et du temps de traitement nécessaire à l'exploitation de ces données, la période concernée par le recensement des données a été définie du 01/09/2020 au 28/02/2021 par les experts.

Les données nécessaires ont été listées et la liste transmise à la DGAL le 19/02/2021. Cela concernait à la fois des données sur les foyers (identification, localisation géographique, date et type de détection, mode de gestion, etc.), sur les ateliers avicoles ayant été dépeuplés préventivement (identification, géolocalisation, dates d'abattage préventif), l'évolution des zones réglementées (dates d'entrée des communes en zones de surveillance -ZS-, zones de protection -ZP-, zones réglementées -ZR-), le recensement de l'ensemble des ateliers avicoles en France (identification atelier, identification établissement, géolocalisation de l'atelier,

espèce de l'atelier, accès plein air, etc.), ainsi que les mouvements de volailles pour déterminer les ateliers pleins ou vides au moment de l'épizootie (date, espèce et nombre mis en place et sortis, par atelier rattaché à un établissement). Ces données doivent permettre de prendre en compte à la fois la densité des élevages, mais aussi la densité des animaux.

3.1.2. Recensement des bases de données existantes concernant les données de mouvements, le recensement des ateliers avicoles

Les experts ont recensé les différentes bases de données nécessaires à la réalisation de l'expertise. Il convient de souligner l'existence de multiples bases de données détenues par différents organismes, ce qui induit une multiplication des interlocuteurs et une augmentation du temps nécessaire à l'acquisition des informations. Cette situation est non compatible avec un traitement en urgence des questions de la saisine.

Ainsi, les données de recensement des ateliers/établissements avicoles sont contenues pour partie dans les bases de la DGAL SIGNAL et RESYTAL, mais pour une autre partie, ainsi que pour les mouvements des volailles, dans les bases de données Avicole (BD Avicole) et « Animaux Trouvés Morts » (ATM) (ces deux dernières bases de données correspondent à des bases de recensement des ateliers/établissements avicoles et de mouvements des volailles). La BD Avicole recense les élevages et mouvements de palmipèdes à foie gras, poules pondeuses et partiellement de volailles de chair ; une autre partie des élevages et des mouvements de volailles est déclarée dans ATM (il s'agit principalement de volailles de chair).

A noter que la BD Avicole ne permet pas un accès unique à l'ensemble des données, mais que chacune des filières qui y adhère dispose de ses propres données et de ses propres extractions (et donc de modèles différents d'extraction de données). L'une des conséquences de ce type d'organisation est que chaque filière doit être contactée individuellement pour disposer des données et que chaque extraction correspond au modèle de sa filière.

Enfin, les données relatives aux élevages ayant fait l'objet de dépeuplement préventif ont été fournies d'une part par le CIFOG (Comité Interprofessionnel des Palmipèdes à Foie Gras) qui était en charge de l'organisation des abattages préventifs dans les abattoirs et les plateformes réquisitionnés et d'autre part par la Direction départementale de l'emploi, du travail, des solidarités et de la protection des populations (DDETSPP) des Landes (fichier interne de gestion).

Ces bases de données sont aussi très différentes dans leur format et vis-à-vis des informations qui les constituent, ce qui complique considérablement la phase de « nettoyage » et de calibrage des données en vue de leur exploitation ultérieure.

3.1.3. Phase de collecte des données auprès de leurs détenteurs et difficultés rencontrées

En pratique, la phase de collecte des données a été extrêmement laborieuse. En effet, celle-ci s'est échelonnée du 8 février 2021, (date à laquelle la DGAL a présenté aux filières la demande de l'Anses de mise à disposition de données pour le traitement de la partie modélisation de la saisine 2021-SA-0022) au 04/10/2021 (date d'arrivée des dernières données). Ces délais très importants sont notamment dus, comme indiqué ci-dessus, aux multiples interlocuteurs à contacter, à relancer ainsi qu'aux différents conventionnements de partage de données nécessitant des échanges nombreux et des avis juridiques, etc....

Il est à souligner que, en dehors de la liste des suspicions et foyers issue de l'application SIGNAL-IA, versions non consolidées transmises au GT *via* la plateforme ESA en cours d'épizootie et version en partie consolidée transmise le 12/07/2021, la DGAL n'a pas réalisé la collecte des données de mouvements et de dépeuplement, contrairement à l'épizootie précédente. Aussi, malgré les différentes démarches engagées, certaines données n'ont pas pu être obtenues, notamment de la part de la DGAL, du fait d'une absence de centralisation des données par ses services, comme par exemple, la liste des établissements ayant demandé une dérogation à la claustration des volailles auprès des DDETSP, ou la liste consolidée de tous les établissements ayant été dépeuplés au cours de l'épizootie (avec les identifiants, date, nombre, type de volailles, ainsi que les données complètes sur les densités d'oiseaux, etc.).

3.1.4. Nature et analyse des données reçues

Comme indiqué précédemment, le fait que les données aient été transmises sous différents formats, combiné à l'absence d'une clé d'identification unique des élevages (clé différant selon les bases), a entraîné un travail important pour les « nettoyer ».

Ce travail de « nettoyage » consiste à la fois à mettre les bases en cohérence les unes avec les autres, à reconstituer les sites de productions avicoles (qui constituent les unités épidémiologiques utilisées dans le modèle), à partir de données hétérogènes d'ateliers ou d'établissements et à croiser les différentes bases pour reconstituer les événements sanitaires d'intérêt.

Enfin, l'arrivée échelonnée des différents fichiers a entraîné une répétition des actions de « nettoyage » et de mise en forme car l'ensemble des fichiers n'a pas pu être traité concomitamment.

Même s'il est difficile à évaluer précisément, le temps passé sur le « nettoyage » des bases de données correspond à plusieurs mois de travail à temps complet de la part d'une personne aguerrie. Ce temps de « nettoyage » des bases de données n'est pas compatible avec la réalisation en urgence d'une expertise, ni avec la réalisation d'un retour d'expérience à chaud.

En conclusion

Malgré toute l'énergie dépensée par les experts, compte tenu des difficultés rencontrées pour lancer la collecte des données et les obtenir dans un temps raisonnable, compte tenu du temps de « nettoyage » des bases de données et de l'absence d'une partie des données nécessaires à la modélisation de l'épizootie IAHP 2020-2021, il n'a pas été possible, dans le temps imparti, d'étudier l'influence sur la dynamique d'infection de fortes densités d'élevages dans la région du Sud-Ouest (en termes de nombre d'animaux mais aussi de nombre d'élevages) avec les données 2020-2021.

Les experts soulignent la vulnérabilité d'un système de données aussi épars et non harmonisé, qui conduit à deux conséquences :

- ne pas pouvoir explorer en temps réel la dynamique d'une épizootie dans une filière, limitant ainsi considérablement les moyens d'analyse des experts en période de crise, pour éclairer le gestionnaire dans ses décisions ;

- ne pas pouvoir opérer un retour d'expérience complet six mois après la crise, alors que l'infection IAHP est réputée saisonnière et que pour la nouvelle saison, des premiers foyers sont déjà survenus en France en cette fin 2021.

A défaut de pouvoir mener le travail initialement prévu, les experts ont eu recours :

- aux travaux menés sur l'épizootie de 2016-2017, qui ont été conduits afin de générer des cartes de risque à l'échelle de la commune et d'étudier spécifiquement certains facteurs de risque qui semblaient avoir un impact important sur la diffusion du virus (tels que les mouvements de canards à foie gras ou la dispersion aérienne potentielle du virus de l'IAHP H5N8 entre les élevages) ;
- à des modèles mathématiques calibrés avec les données de l'épizootie 2016-2017, compte tenu de la forte similarité entre les épizooties 2016-2017 et 2020-2021, suggérée par de précédents travaux :
 - Un modèle statistique d'analyse spatiale développé pour l'épizootie 2016-2017 (Guinat *et al.*, 2019a) présentait une bonne capacité prédictive pour l'épizootie 2020-2021 (une très forte corrélation entre les communes à risque en 2016-2017 et les foyers observés en 2020-2021 est observée).
 - Le modèle de transmission entre élevages ajusté à l'épizootie d'IAHP H5N8 française de 2016-2017 (Andronico *et al.*, 2019), permettait quant à lui d'explorer la dynamique de l'épizootie. Mais il utilise l'élevage comme unité épidémiologique et **ne permet pas la prise en compte des densités d'animaux. Aussi, seule l'influence, dans la dynamique d'infection, de fortes densités d'élevages dans la zone (en nombre d'élevages) sera traitée dans le présent avis.**

3.2. Analyse des facteurs de risque mis en évidence dans l'épizootie de 2016-2017 et perspectives pour l'épizootie de 2020-2021

Les travaux conduits sur l'épizootie 2016-2017 permettent d'éclairer le rôle des différents facteurs liés à la diffusion du virus IAHP H5N8.

Une étude a tout d'abord été conduite dans le but de générer des cartes de risque pour l'IAHP H5N8 à l'échelle de la commune, et de quantifier l'effet de différents facteurs de risque spatialisés associés à la répartition des foyers (Guinat *et al.*, 2019a). Pour cela, des modèles de type "arbres de régression" (*Boosted Regression Trees*) ont été développés et appliqués à une liste de douze variables spatialisées. Après analyse des sorties graphiques (de lecture très complexe), les experts ont choisi de présenter la liste des variables les plus intéressantes. Quatre variables (ou facteurs de risque) ont été retenues dans le modèle final (« densité d'élevages de canards », « densité de mouvements de lots de canards par commune », « densité de population humaine⁷ » et « densité d'élevages de poulets »). Les deux facteurs de risque ayant la plus forte influence sur la distribution spatiale des foyers d'IAHP H5N8 étaient liés à la production de palmipèdes. Ainsi, la probabilité d'apparition des foyers d'IAHP H5N8 dans une commune augmentait avec des valeurs croissantes de densité d'élevages de canards et de densité de mouvements de lots de canards par commune. Bien que significatif,

⁷ Faute de données disponibles adaptées, cette variable est utilisée comme proxy pour tenir compte de deux facteurs différents : la probabilité de détection des foyers et l'intensité d'activités humaines liées à l'élevage

l'effet des deux autres facteurs de risque (« densité de population humaine », et « densité d'élevages de poulets ») était de moindre importance. Ce modèle statistique permet, sur la base des facteurs de risque cités, d'établir des cartes de risque représentant la probabilité de survenue de foyers H5N8 à l'échelle des communes (Figure 2).

L'étude de ces cartes révèle une très forte corrélation entre le niveau de risque estimé sur la base des données 2016-2017 et les foyers observés en 2020-2021. La capacité prédictive de ce modèle, estimée sur la base de l'aire sous la courbe ROC (*Receiver Operating Characteristic*), peut ainsi être considérée comme bonne (aire sous la courbe = 0,87).

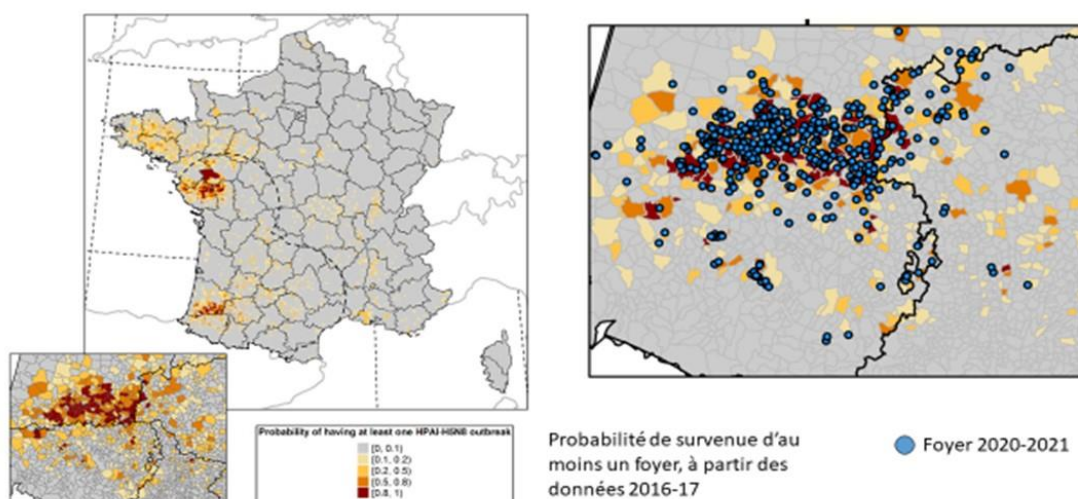


Figure 2 : Cartes de risque illustrant la probabilité de survenue de foyers H5N8 à l'échelle des communes établie à partir des données de 2016-2017 et la superposition des foyers déclarés en 2020-2021.

Suite à ces premiers résultats, une autre étude (Guinat *et al.*, 2020) a été conduite afin de quantifier le rôle des mouvements de canards de production de foie gras dans la distribution des foyers d'IAHP H5N8. Compte-tenu du renforcement des mesures de contrôle des mouvements opérées à partir du 2 février 2017, l'analyse s'est concentrée sur la période du début de l'épizootie (de novembre 2016 à février 2017). Les résultats montrent que, parmi l'ensemble des mouvements opérés (6 521 mouvements de lots de canards de production de foie gras opérés entre 1 988 élevages), seulement seize (0,2 %) ont été identifiés comme étant à risque (c'est à dire potentiellement responsables des événements de transmission du virus IAHP H5N8 *via* le réseau de mouvements). La plupart de ces mouvements à risque provenaient du cas index déclaré au début de l'épizootie (fin novembre 2016). Les résultats montrent aussi que seules 10,6 % (11/104) des infections en élevages avant le 2 février 2017

seraient imputables aux mouvements de palmipèdes vivants opérés au sein du réseau alors que 66,3 %⁸ seraient imputables à la proximité spatio-temporelle des élevages (Tableau 1).

Tableau 1. Contribution des réseaux de mouvements de lots de canards à foie gras et des réseaux de proximité dans les événements de transmission du virus IAHP H5N8 entre élevages, en France, du 1er novembre 2016 au 2 février 2017

Origine probable d'infection	Nombre d'élevages infectés (%)
Réseau de mouvements	11 (10,6%)
Réseau de proximité	65 (62,5%)
Réseaux de mouvements et proximité	4 (3,8%)
Autre	24 (23,1%)

Enfin, des travaux visant à étudier la dispersion par le vent du virus de l'IAHP H5N8 à moyenne et longue distance entre les élevages de volailles du Sud-Ouest pendant une période à risque (février 2017) montrent que, bien que la présence d'ARN viral ait pu être détectée dans des échantillons d'air situés à proximité immédiate de bâtiments de volailles (Scoizec et al. 2018), la direction du vent n'était pas un critère suffisant pour expliquer la distribution spatiale des foyers dans le Sud-Ouest de la France au début du mois de février 2017 (Guinat et al, 2019b).

Conclusion

Les différents travaux de modélisation conduits à partir de l'épizootie de 2016-2017, concernant les facteurs de risque de diffusion, indiquent que :

- la distribution spatiale des foyers survenus en 2020-2021 est très proche de celle de l'épizootie 2016-2017, ce qui rend l'utilisation du modèle mécaniste présenté ci-après comme pertinent pour analyser l'épizootie de 2020-2021 ;
- cette distribution est principalement influencée par des variables liées à la production de palmipèdes à foie gras ;
- les mouvements de palmipèdes vivants n'ont joué un rôle dans la diffusion qu'au tout début de l'épizootie de 2016-2017 (notamment lors de la diffusion à partir du cas index), ce qui montre que les mesures de contrôle de ces mouvements ont été efficaces ;
- la **proximité spatio-temporelle** entre élevages a joué un rôle important dans la propagation, mais les facteurs autres que la diffusion aérienne de proche en proche (notamment les prêts de matériels, équarrissage, visites, etc.) restent difficiles à déterminer et à intégrer dans les modèles.

⁸ La proximité spatio-temporelle des élevages correspond à la somme des : « réseaux de proximité » (caractérisée par une fenêtre de 14 jours et une distance de (moins de) 10 km d'un autre foyer), soit 65/104 du nombre d'élevages infectés, et des « réseaux de mouvements et proximité », soit 4/104 du nombre d'élevages infectés.

3.3. Etude de l'influence de la forte densité des élevages dans la dynamique d'infection

L'étude spécifique de « *l'influence dans la dynamique d'infection de fortes densités d'élevages dans la zone (en termes de nombre d'élevages)* », comme facteurs de diffusion entre élevages, a été réalisée en utilisant la modélisation construite à partir de l'exploitation des données de l'épizootie de 2016-2017 (Andronico *et al.*, (2019)). Compte tenu de la similarité des épizooties de 2016-2017 et 2020-2021, les experts ont estimé que les résultats obtenus avec les données 2016-2017 pourraient être transposables à l'épizootie 2020-2021. L'objectif du modèle développé, la méthode utilisée et les résultats sont présentés et discutés dans les paragraphes suivants.

3.3.1. Objectif du modèle

L'objectif de ce travail est d'évaluer dans quelle mesure la densité des élevages de palmipèdes a influencé la dynamique de transmission et les moyens d'action dans ce domaine. L'approche par modélisation a permis de tester si une diminution de la densité des élevages de palmipèdes dans les zones à très forte densité aurait permis d'aboutir à une épizootie de moins grande ampleur.

3.3.2. Matériel et méthode

Pour répondre à cette question, les experts se sont appuyés sur un modèle mécaniste spatialisé de la transmission entre élevages ajusté à l'épizootie d'IAHP H5N8 française de 2016-2017 (Andronico *et al.*, 2019). Six scénarios de densité d'élevages de palmipèdes ont été évalués. Le scénario de référence incluait les 8 379 élevages commerciaux de volailles (répartis en 4 188 élevages de galliformes et 4 191 élevages de palmipèdes) distribués dans 2 878 communes du grand Sud-Ouest de la France (Figure 3), qui avaient été utilisés par Andronico *et al.* (2019) pour estimer les paramètres de transmission de l'épizootie de 2016-2017. Les cinq autres scénarios simulaient une diminution de la densité d'élevages de palmipèdes dans les communes où cette densité était la plus élevée. Pour ce faire, les percentiles à 98 %, 95 %, 90 %, 85 % et 80 % de la distribution de la densité d'élevage par commune ont été déterminés pour explorer différents scénarios. Il a été décidé de ne pas tester de réductions plus drastiques de la densité des élevages du fait de l'impossibilité pratique de leur application sur le terrain. Par construction, les communes où la densité était supérieure au percentile représentaient respectivement 2 %, 5 %, 10 %, 15 % et 20 % de l'ensemble des communes de la zone étudiée. Pour chacun des cinq percentiles, des élevages de palmipèdes ont été aléatoirement « retirés » de ces communes, jusqu'à ce que la densité d'élevages y soit inférieure ou égale au percentile considéré. Pour ces cinq scénarios, cette opération d'écrêtage de la distribution de la densité d'élevages par commune a nécessité le retrait de 62, 188, 477, 648 et 825 élevages de palmipèdes dans respectivement 33, 80, 174, 256 et 341 communes.

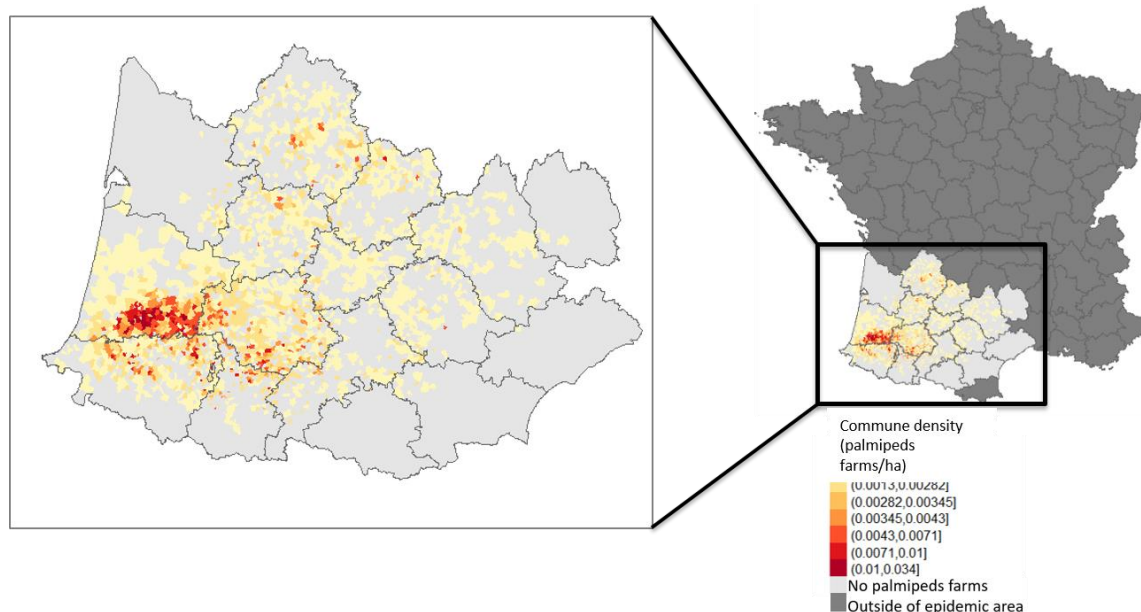


Figure 3 : Distribution spatiale de la densité d'élevages de palmipèdes à l'échelle des communes dans le grand Sud-Ouest de la France.

Pour chacun des scénarios, le **nombre de reproduction de base (R0)** pour chaque élevage, défini comme le nombre moyen d'élevages que l'élevage considéré infecterait s'il était infecté et si tous les autres élevages étaient réceptifs (*i.e.* sains) **en dehors de toute application de mesures de gestion**, a tout d'abord été calculé selon le mode de calcul présenté en annexe 4.

Pour chacun des scénarios, 2 500 simulations du modèle ont ensuite été réalisées, avec les mêmes conditions initiales et valeurs de paramètres que dans le modèle original, et avec les mesures de lutte telles que mises en place au cours de l'épizootie de 2016-2017 (*i.e.* abattage des élevages infectés et détectés, mise en place de zones de surveillance (ZS) et de zones de protection (ZP), amélioration de la surveillance et des mesures de biosécurité dans les ZS/ZP, abattage préventif des élevages de palmipèdes dans la ZP et abattage de tous les élevages de volailles dans le kilomètre autour des élevages infectés à partir de début janvier 2017) qui ont été implémentées dans le modèle original (Andronico *et al.*, 2019). Les sorties de ces simulations ont été utilisées pour reconstruire, pour chacun des scénarios, l'incidence hebdomadaire observée attendue (moyenne des 2 500 simulations par scénario), ainsi que l'ampleur de l'épizootie correspondante, c'est-à-dire le nombre total d'élevages qui se seraient infectés entre le moment de la première infection et la fin de la gestion du dernier foyer.

3.3.3. Résultats et discussion

La Figure 4 représente la distribution spatiale du R0 dans la région du grand Sud-Ouest de la France. Dans une zone donnée, des valeurs de R0 supérieures à 1 suggèrent que si le virus était introduit, l'infection d'un élevage donnerait lieu à au moins une infection secondaire ce qui conduirait en moyenne à une augmentation du nombre d'élevages infectés au cours du temps, et donc à une épizootie. L'analyse des différents scénarios suggère qu'une diminution de la densité des élevages de palmipèdes dans les communes les plus denses, a un impact

sur la distribution spatiale du R0. En effet, pour des diminutions croissantes de densité, on peut observer une diminution de la zone associée à un R0 supérieur à 1,5 (en orange clair et foncé sur la Figure 4) ainsi que l'apparition d'une séparation d'une zone importante à risque élevé en deux zones à risque élevé (R0 > 1,5) de tailles plus réduites à partir du scénario 4 (en bas à gauche sur la Figure 4). Cependant, même en ramenant la densité maximale des élevages par commune au 80^{ème} percentile de la distribution, c'est-à-dire en retirant plus de 800 élevages de palmipèdes dans les 20 % des communes les plus denses (scénario 6, en bas à droite de la Figure 4) cela ne permet pas de ramener le R0 à des valeurs inférieures à 1 sur l'ensemble de la zone d'étude.

Ces travaux ont été menés en dehors de toute application de mesures de gestion. Dans ce contexte, ces résultats suggèrent que diminuer de manière drastique la densité des élevages dans les communes où la densité est la plus élevée ne permet pas d'empêcher la diffusion du virus entre élevages.

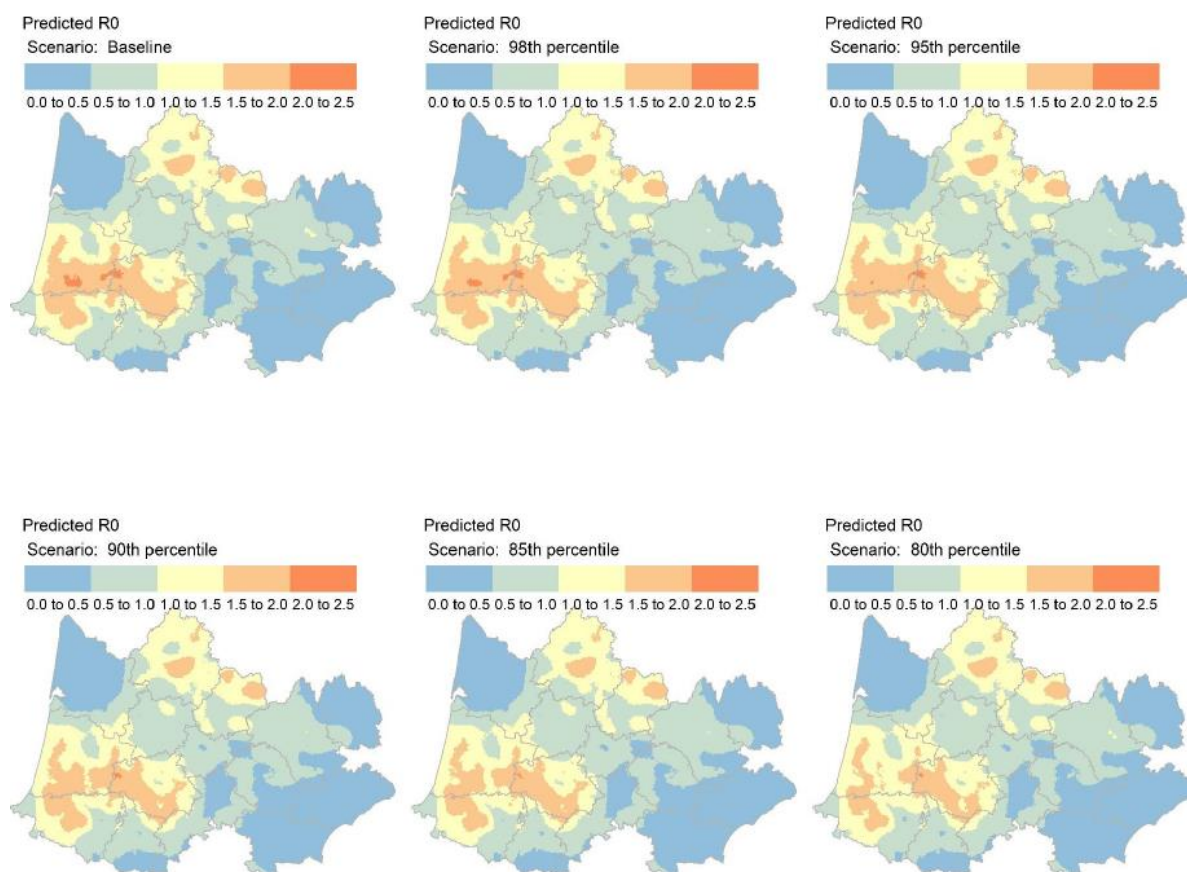


Figure 4 : Distribution spatiale lissée du nombre de reproduction de base (R0) pour chacun des six scénarios simulant une diminution de la densité des élevages de palmipèdes dans les 0 % (baseline ou scénario de référence), 2 %, 5 %, 10 %, 15 % et 20 % des communes où la densité des élevages de palmipèdes est la plus élevée (scénarios sans application de mesures de gestion).

Les Figures 5 et 6 représentent l'incidence quotidienne observée attendue (moyenne) des foyers d'IAHP H5N8 ainsi que la distribution de l'ampleur attendue de l'épizootie pour chaque scénario de diminution de densité d'élevages de palmipèdes, avec les conditions initiales identiques à celles de l'épizootie de 2016-2017 (i.e. même élevage index) ainsi que les

mesures de surveillance et de gestion telles que mises en place au cours de l'épizootie pour bloquer la progression du virus.

Il ressort de ces simulations qu'une diminution de la densité des élevages dans les communes aux plus fortes densités aurait eu un impact fort sur le pic épizootique survenu au cours de la deuxième phase de l'épizootie (février 2017, autour du jour 80 depuis la première détection sur la Figure 5), ce qui est cohérent avec le fait qu'au cours de cette deuxième phase, le virus circulait principalement dans les zones à forte densité du Gers et des Landes. Du fait de la réduction relative de l'incidence quotidienne plus limitée au moment du premier pic (autour du jour 50 sur la Figure 5), il ressort que la diminution de la densité des élevages aurait eu un impact beaucoup plus modéré sur la première partie de l'épizootie (décembre 2016 - février 2017). Malgré cet impact évident sur la dynamique épizootique, il semblerait que la diminution de la densité d'élevages de palmipèdes dans les communes les plus denses ne permette pas, même dans les scénarios les plus contraignants, de contenir totalement l'épizootie. En effet, **pour une diminution de la densité dans les 20 % des communes les plus denses (retrait de 800 élevages de palmipèdes), l'ampleur de l'épizootie serait diminuée de moitié seulement, avec 214 élevages infectés attendus (intervalle très large de prédiction pour 2 500 simulations (4,5 – 402,5)).**

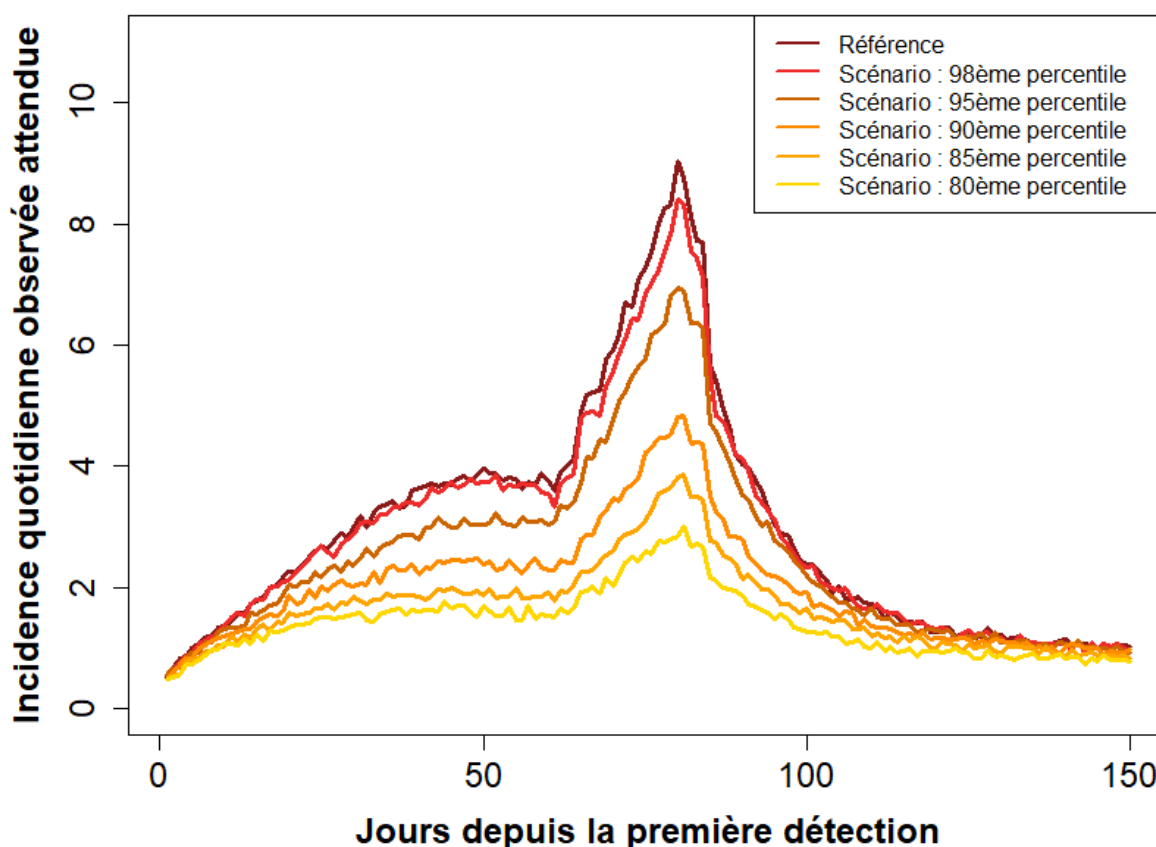


Figure 5 : Incidence quotidienne observée attendue (moyenne) des foyers d'IAHP H5N8 pour chaque scénario de diminution de densité d'élevages de palmipèdes (tenant compte des mesures de surveillance et de gestion telles que mises en place au cours de l'épizootie de 2016-2017).

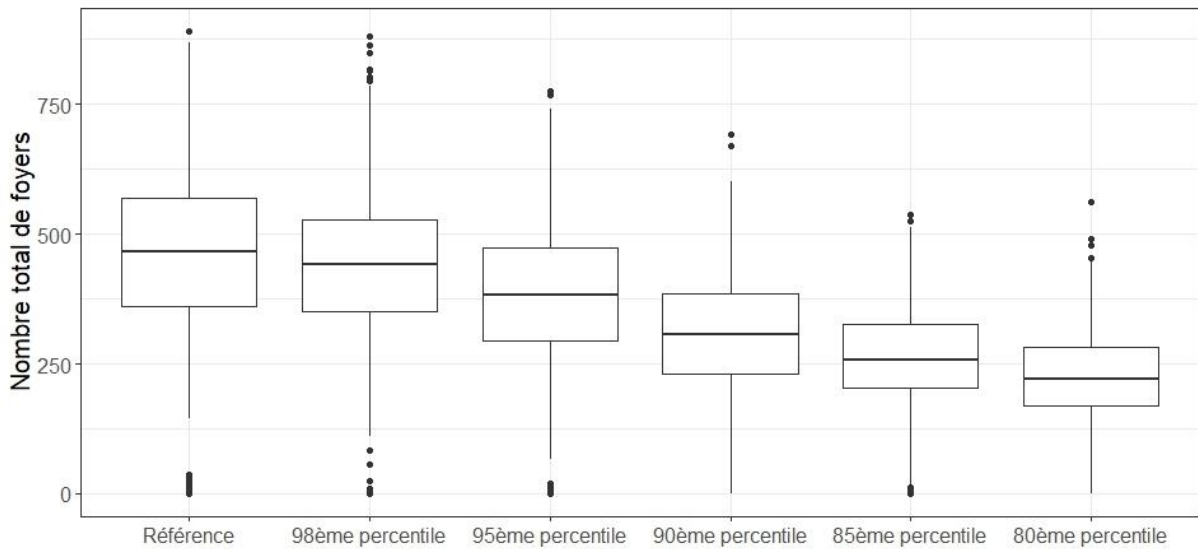


Figure 6 : Distribution de l'ampleur attendue de l'épizootie pour chaque scénario de diminution de densité d'élevages de palmipèdes (tenant compte des mesures de surveillance et de gestion telles que mises en place au cours de l'épizootie de 2016-2017)

Les experts attirent l'attention sur le fait que, même si l'allure générale de l'épizootie 2020-2021 est assez similaire à ce qui avait été observé en 2016-2017, l'incidence hebdomadaire maximale de cas détectés est largement supérieure en 2020-2021 à celle observée en 2016-2017 (cf. Figure 7).

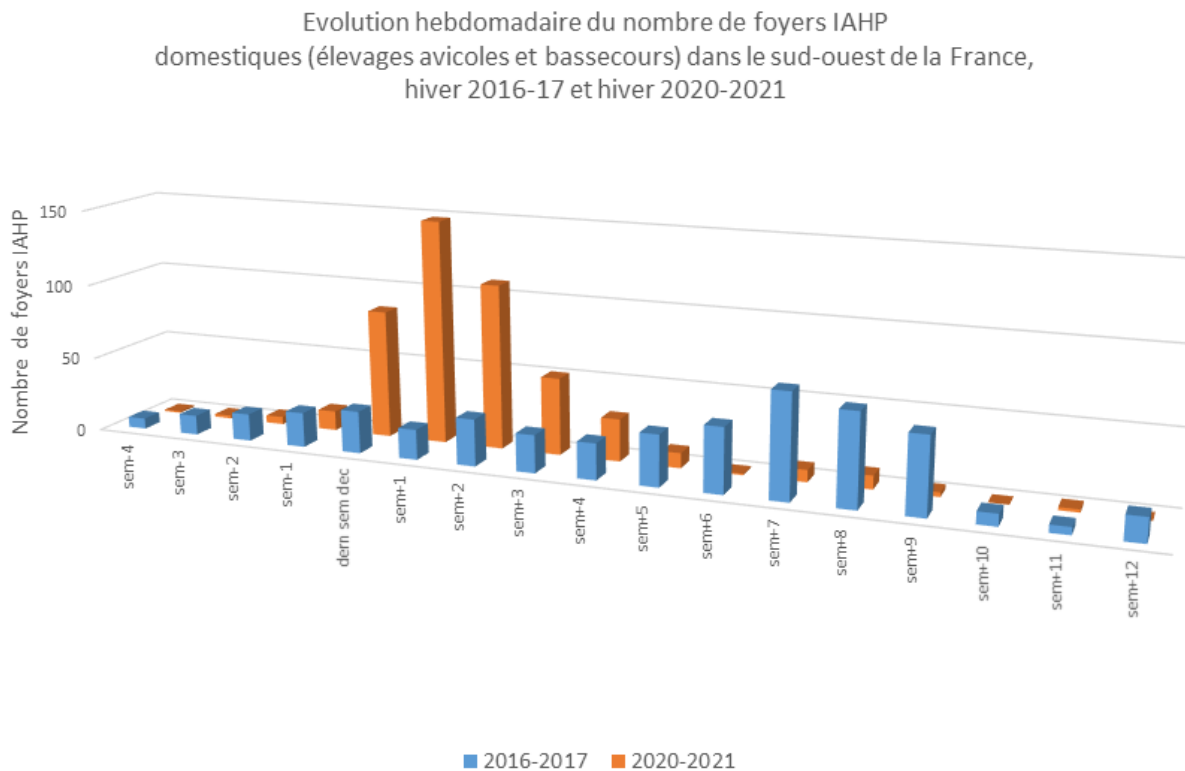


Figure 7 : Evolution hebdomadaire du nombre de foyers IAHP H5N8 chez les volailles (élevages avicoles et basses-cours) dans le Sud-Ouest de la France pour les hivers 2016-2017 et 2020-2021.

Compte tenu de cette différence dans l'augmentation du nombre de cas détectés par semaine, en 2020-2021 comparativement à celle observée en 2016-2017, les résultats obtenus dans la modélisation mécaniste avec les données 2016-2017 sous-évaluent probablement la capacité de diffusion inter-élevage du virus comparativement à ce qui s'est réellement passé en 2020-2021. Ces éléments seront à affiner avec l'analyse des données de l'épizootie de 2020-2021, notamment la prise en compte du nombre d'animaux présents dans les élevages.

En conclusion, il ressort de ces travaux préliminaires que :

- **Réduire le nombre d'élevages permet de limiter de façon modérée l'impact de l'influenza aviaire dans les zones à forte densité d'élevages.** En effet, au vu des données relatives au nombre de reproduction de base (R0), réduire ces densités, même dans des proportions importantes (20 %), ne permet pas d'empêcher la survenue d'une épizootie. D'autres facteurs que la densité des élevages interviennent dans la dynamique de diffusion du virus, notamment les mesures de prévention et de lutte appliquées. Ainsi, réduire la densité des élevages est un levier insuffisant à lui seul et doit être accompagné de mesures de biosécurité, de mesures de prévention par rapport aux mouvements d'oiseaux, de mise à l'abri des animaux, etc.
- **Diminuer le nombre des élevages de palmipèdes dans les communes les plus denses permettrait de rendre néanmoins la gestion des foyers d'infection plus aisée** (diminution de l'ampleur de l'épizootie pour une réduction de la densité d'élevages dans les 10 % des communes les plus denses, soit environ 500 élevages concernés répartis dans 174 communes).

3.4. Conclusions et recommandations

Les experts rappellent avant toute chose les limites de l'évaluation qui a été menée :

- Le modèle de transmission entre élevages ajusté à l'épizootie d'IAHP H5N8 française de 2016-2017 (Andronico *et al.*, 2019) prend en compte l'élevage comme unité épidémiologique (donc la densité des élevages dans une zone) et ne permet pas la prise en compte du nombre d'animaux présents dans les élevages. Aussi, **seule l'influence de fortes densités d'élevages dans une zone sur la dynamique d'infection** a été traitée dans le présent avis.
- Du fait de l'indisponibilité des données nécessaires à l'analyse de la saison 2020-2021, **la modélisation a été construite à partir de l'exploitation des données de l'épizootie de 2016-2017, époque à laquelle les conditions de mise à l'abri différaient.** En 2020-2021, même si de nombreux élevages avaient demandé des dérogations à la mise à l'abri (ou n'avaient simplement pas mis à l'abri leurs volailles)⁹, en particulier dans les Landes, de nombreux autres élevages avaient confiné leurs

⁹ L'avis 2021-SA-022 (1^{ère} partie) indiquait : « Des auditions, il apparaît qu'en Vendée, moins de 10 dérogations à la mise à l'abri ont été demandées et accordées pour des pintades et pour des élevages engagés dans des cahiers des charges de productions sous signes officiels de qualité.... Dans les Landes, plus de 300 dérogations ont été demandées (environ 200 accordées), notamment pour des canards PAG, sans compter les élevages qui n'avaient pas sollicité de dérogation, tout en maintenant leurs oiseaux en plein air. »

oiseaux (notamment dans le Grand-Ouest), participant ainsi à la limitation de la propagation du virus.

- Les résultats obtenus avec la modélisation mécaniste seront à affiner avec l'analyse des données de l'épizootie de 2020-2021 et la prise en compte du nombre d'animaux présents dans les élevages.

Compte tenu des réserves et des résultats précédemment décrits, les experts concluent que :

- Comme le montre **la modélisation mécaniste**, la densité **des élevages** de canards a un impact sur le risque de diffusion de l'influenza aviaire, mais ne peut être considérée comme le seul paramètre à prendre en compte. En effet, même en réduisant drastiquement la densité des élevages dans une zone, on ne peut arrêter complètement la diffusion du virus IAHP. Néanmoins, une diminution de la densité des élevages de palmipèdes dans les communes les plus denses permettrait de rendre la gestion des foyers d'infection plus aisée.
- **Les analyses statistiques (carte de risque, analyses de réseaux)** développées sur les données de l'épizootie de 2016-2017 confirment l'implication d'autres facteurs que la densité des élevages dans le risque de diffusion de la maladie. Parmi ces facteurs qui interviennent fortement dans la limitation du risque de diffusion et qui n'ont pas pu être pris complètement en compte dans le modèle, les mesures de biosécurité sont tout particulièrement importantes, associées à la conduite d'élevage (comme la mise à l'abri des animaux, la gestion des visiteurs, le partage de matériel, etc.), ainsi que les mesures de lutte et les modalités d'abattage, notamment au début de l'épizootie.

La prévention de futures épizooties nécessite donc de poursuivre le travail de fond engagé en matière de biosécurité, en le combinant à des mesures de gestion appropriées et à une diminution progressive de la densité du nombre d'élevages dans les zones les plus à risque.

La situation en Vendée l'illustre particulièrement car même si ce département a une forte densité du nombre d'élevages de volailles, les modalités de conduite d'élevage (existence de bâtiments permettant une mise à l'abri, mise en place d'effectifs de volailles correspondant à la capacité de mise à l'abri de l'exploitation, application généralisée des mesures de biosécurité), semblent avoir contribué à éviter toute flambée des foyers en cette saison 2020-2021. Il faut ajouter à ce constat de départ une gestion de crise différente de celle suivie dans les autres départements : il y a eu en effet un abattage préventif immédiat très important des animaux, autour des foyers, ce qui a correspondu ponctuellement à une réduction d'environ 50 % des unités de production de volailles en Vendée sur cette période autour des foyers index¹⁰ (abattage anticipé en grande majorité de *Gallus*, en décembre 2020 et janvier 2021), contribuant ainsi à réduire de manière significative le risque de diffusion.

Les experts soulignent à nouveau que le nombre de volailles présentes dans les élevages n'a pu être pris en compte dans les différents modèles développés, mais que ce paramètre (plus

¹⁰ 1,6 millions de volailles ont été envoyées à l'abattoir sous laisser-passer depuis les zones réglementées (zone de protection / zone de surveillance + zone de contrôle temporaire) sur une population estimée à 3,2 millions.

facile à modifier sur le terrain que la densité des élevages) joue sans doute un rôle non négligeable dans la diffusion virale et reste à explorer.

Recommandations du CES et du Gecu en termes de travaux de modélisation, une fois l'ensemble des données de la saison 2020-2021 collectées :

- réaliser une nouvelle modélisation qui permette d'analyser l'impact du nombre de volailles présentes dans les élevages dans la diffusion du virus,
- affiner la modélisation pour distinguer les élevages maintenus en « plein air » et ceux ayant mis leurs volailles à l'abri, afin d'analyser l'impact de la diffusion du virus entre élevages lié à ce facteur,
- prendre en compte dans la modélisation les arbres phylogénétiques (actuellement en cours de développement par le LNR), ce qui permettra d'étudier l'impact des îlots de production ou l'impact du transport des volailles sur le risque de diffusion.

Recommandations du CES et du Gecu permettant de mener à bien des travaux de modélisation :

Enfin, de manière générale, afin de faire face, d'une part, aux difficultés d'accès aux bases de données, et, d'autre part, à l'inadéquation de ces bases de données à des fins d'analyses épidémiologiques (cette situation n'étant pas spécifique à la crise IAHP), les experts recommandent la mise en place, par la DGAL, d'un centre de données unique coordonné par une personne formée à l'épidémiologie, ce qui permettrait : 1) la construction de nouveaux modèles de bases de données permettant une exploitation épidémiologique, 2) un fonctionnement permettant de coupler le suivi des populations de volailles et celui des foyers, pour que le gestionnaire dispose d'un outil de suivi en temps réel.

Ces données, utiles pour la modélisation, seraient particulièrement importantes pour une application des mesures de biosécurité adaptée aux spécificités des bassins de production.

Et à tout le moins, les experts recommandent que l'appel à candidature en vue de délivrer un agrément au futur gestionnaire de la base de données nationale de traçabilité des volailles appelée « base avicole déléguée¹¹ » soit adapté à ces exigences¹² et que ses données soient accessibles pour mener à bien des travaux de recherche et d'expertise.

4. CONCLUSIONS ET RECOMMANDATIONS DE L'AGENCE

Cette troisième partie de traitement de la saisine relative au retour d'expérience sur la crise influenza aviaire hautement pathogène 2020-2021 traite de l'influence sur la dynamique d'infection de zones à fortes densités d'élevages dans la zone du grand Sud-Ouest. Pour ce faire, les experts se sont appuyés sur une approche par modélisation, en s'intéressant en particulier au risque de diffusion entre élevages.

¹¹ APC DGAL-BICMA-2021-076 –

<https://www.marches-publics.gouv.fr/index.php?page=entreprise.EntrepriseDemandeTelechargementDce&refConsultation=816338&orgAcronyme=b4>

¹² cf. données collectées en pages 16-17 du cahier des charges correspondant

L'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail endosse les conclusions et recommandations du Gecu « Influenza 2020-2021 » et du CES « Santé et bien-être des animaux ».

L'Anses regrette que l'accès à l'ensemble des données de l'épizootie 2020-2021, nécessaire à la conduite de cette expertise, n'ait pu être obtenu dans les temps impartis. Elle regrette également que les données transmises l'aient été sous des formats très variés, ce qui a nécessité un temps de traitement de ces données qui met en évidence qu'elles ne pourraient en aucun cas être exploitées dans le cadre d'une situation de crise, malgré l'utilité opérationnelle que cela pourrait représenter.

De ce fait, l'Agence souligne l'importance de la mise en place d'un mécanisme de collecte des données par la DGAL, qui, outre la standardisation des bases de données, permettrait le suivi d'une future épizootie et l'analyse de ces données en temps réel. Ceci constituerait un véritable atout en temps de crise. Même si de nombreux travaux ont été réalisés avec les filières au cours de l'été, ce chantier des bases de données reste aujourd'hui inachevé, alors que la France connaît périodiquement des épisodes d'IAHP sur son territoire, comme l'illustre le nouvel épisode 2021-2022.

Faute de disposer des données adéquates dans des délais appropriés, l'expertise a été conduite en s'appuyant sur l'exploitation des données collectées en 2016-2017.

En cohérence avec les conclusions émises dans le cadre de la deuxième partie de l'avis 2021-SA-0022, il ressort en particulier de cette nouvelle étude qu'au-delà de la densité **des élevages** de canards, qui a un impact sur le risque de diffusion de l'influenza aviaire, d'autres facteurs interviennent fortement dans la limitation du risque de diffusion, notamment les mesures de biosécurité associées à la conduite d'élevage (comme la mise à l'abri des animaux, la gestion des visiteurs, le partage de matériel, etc.). L'absence de données pertinentes et exploitables ne permet pas d'accéder à une quantification de l'importance relative de ces différents facteurs.

Dans ce contexte, la question de l'acceptabilité sociale de ces facteurs prend tout son sens, comme celle de l'accompagnement des filières dans la formation, la mise en place et le suivi de leur application et de leur bonne observance. L'Anses encourage la mise en place de démarches adaptées spécifiquement à chacune des filières.

Dr Roger Genet

MOTS-CLÉS

Influenza aviaire, retour d'expérience, canard, introduction, diffusion, facteurs de risque, modélisation

Avian Influenza, feedback, duck, introduction, dissemination, risk factors, epidemiological modeling

BIBLIOGRAPHIE

Andronico, A., Courcoul, A., Bronner, A., Scoizec, A., Lebouquin-Leneveu, S., Guinat, C., Paul, M. C., Durand, B. et S. Cauchemez. 2019. « Highly pathogenic avian influenza H5N8 in south-west France 2016-2017: A modeling study of control strategies ». *Epidemics*. 2019 Sep;28:100340. doi: 10.1016/j.epidem.2019.03.006. Epub 2019 Mar 28. PMID: 30952584.

Anses. 2021a. « Avis relatif à un retour d'expérience sur la crise influenza aviaire hautement pathogène 2020-2021 (1^{ère} partie). (Saisine 2021-SA-0022) ». Maisons-Alfort : Anses, 79 p.

Anses. 2021b. « Avis relatif à un retour d'expérience sur la crise influenza aviaire hautement pathogène 2020-2021 (2^{ème} partie). (Saisine 2021-SA-0022) ». Maisons-Alfort : Anses, 38 p.

BHVS I 2021 ; <https://www.plateforme-esa.fr/article/influenza-aviaire-hautement-pathogene-en-europe-bilan-de-la-saison-2020-2021>, consulté le 16/09/2021

Guinat, C., Artois, J., Bronner, A., Guérin, J. L., Gilbert et M C. Paul. 2019. "Duck production systems and highly pathogenic avian influenza H5N8 in France, 2016–2017". *Scientific Reports*. 9, 6177. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-42607-x>

Guinat, C., Rouchy, N., Camy, F., Guérin, J.L., et M. C. Paul. 2019. « Exploring the Wind-Borne Spread of Highly Pathogenic Avian Influenza H5N8 During the 2016-2017 Epizootic in France ». *Avian Disease*. 2019 Mar 1;63(sp1) : 246-248. doi: 10.1637/11881-042718-ResNote.1. PMID: 31131582.

Guinat, C., Durand, B., Vergne, T., Tifenn, C., Rautureau, S., Scoizec, S., Lebouquin-Leneveu, S., Guérin, J L., et M. C. Paul. 2020. « Role of Live-Duck Movement Networks in Transmission of Avian Influenza, France, 2016-2017 ». *Emerging Infectious Diseases*. 2020;26(3): 472-480. doi:10.3201/eid2603.190412

Scoizec A., Niqueux E., Thomas R., Daniel P., Schmitz A. et S. Le Bouquin. 2018. "Airborne Detection of H5N8 Highly Pathogenic Avian Influenza Virus Genome in Poultry Farms, France." *Frontiers in Veterinary Science* 5. <https://doi.org/10.3389/fvets.2018.00015>

CITATION SUGGÉRÉE

Anses. (2021). Avis relatif à un retour d'expérience sur la crise influenza aviaire hautement pathogène 2020-2021 (3^{ème} partie). (Saisine 2021-SA-0022). Maisons-Alfort : Anses, 32 p.

ANNEXE 1

Présentation des intervenants

PRÉAMBULE : Les experts membres de comités d'experts spécialisés, de groupes de travail ou désignés rapporteurs sont tous nommés à titre personnel, intuitu personae, et ne représentent pas leur organisme d'appartenance.

GRUPE D'EXPERTISE COLLECTIVE D'URGENCE « INFLUENZA 2020-2021 »

Présidente

Mme Barbara DUFOUR – Professeur Ecole nationale vétérinaire d'Alfort - Epidémiologie, évaluation de risque, maladies réglementées

Membres

M. Matthieu ANDRAUD – Chargé de projets Anses, Laboratoire de Ploufragan, Plouzané, Niort - Modélisation de processus biologiques

M. Olivier DEHORTER – Ingénieur de recherche Muséum National d'Histoire naturelle - Ornithologie

Mme Mariette DUCATEZ – Directrice de recherche INRAE - Virologie, épidémiologie moléculaire

M. Benoît DURAND – Chef d'unité Epidémiologie Anses, laboratoire de santé animale de Maisons-Alfort - Epidémiologie, santé animale

M. Matthieu GUILLEMAIN - Chef de l'Unité Avifaune Migratrice, Office français de la Biodiversité - Avifaune migratrice

M. Jean HARS – Retraité de l'ancien ONCFS - Santé publique vétérinaire -surveillance et gestion des maladies transmissibles animaux sauvages/domestiques

Mme Sophie LE BOUQUIN - Cheffe d'Unité Adjointe EPISABE, Laboratoire de Ploufragan, Plouzané, Niort - Epidémiologie, pathologie aviaire

M. Pascal MESSIN - Vétérinaire praticien SELARL Vétérinaire "Le Lézard Bleu - filières avicoles, biosécurité

M. Eric NIQUEUX - Responsable LNR influenza aviaire, Anses Ploufragan ; Plouzané, Niort - Virologie, méthodes d'analyse

Mme Mathilde PAUL - Enseignant-chercheur Ecole nationale vétérinaire de Toulouse - Epidémiologie, influenza aviaire

M. Jean-Pierre VAILLANCOURT - Professeur Université de Montréal, Faculté de médecine - Epidémiologie, biosécurité, zoonoses, évaluation des risques

Mme Anne VAN DE WIELE - Responsable influenza aviaire faune sauvage, Office Français de la Biodiversité - Influenza aviaire, épidémiologie, système d'information, surveillance

RAPPORTEURS

Mme Axelle SCOIZEC – épidémiologiste vétérinaire Anses Ploufragan, Plouzané, Niort - Epidémiologie

Mr Timothée VERGNE – Enseignant-Chercheur Ecole Nationale Vétérinaire de Toulouse – Epidémiologie, modélisation

COMITÉ D'EXPERTS SPÉCIALISÉ

Les travaux, objets du présent rapport ont été suivis et adoptés par le CES « Santé et Bien-être des animaux » (SABA) le 14 décembre 2021 :

Président

- M. Gilles MEYER – Professeur, Ecole Nationale Vétérinaire de Toulouse, Département Pathologie des Ruminants - Virologie, immunologie, vaccinologie, pathologie des ruminants.

Membres

- Mme Catherine BELLOC – Professeur, Oniris - Ecole Vétérinaire de Nantes - Infectiologie, approche intégrée de la santé animale, maladies des monogastriques.
- M. Stéphane BERTAGNOLI – Professeur, Ecole Nationale Vétérinaire de Toulouse - Virologie, immunologie, vaccination, maladies des lagomorphes.
- M. Alain BOISSY – Directeur de Recherche INRAE Clermont-Ferrand – Theix - Bien-être animal
- M. Henri-Jean BOULOUIS – Professeur, Ecole Nationale Vétérinaire d'Alfort - Bactériologie, diagnostic de laboratoire, immunologie, vaccinologie.
- M. Eric COLLIN – Vétérinaire libéral - médecine vétérinaire, médicament vétérinaire, maladies vectorielles, maladies à prion, épidémiologie, maladies des ruminants.
- M. Jean-Claude DESFONTIS – Professeur Oniris - Ecole Vétérinaire de Nantes – Physiologie animale, bien-être animal, médicament vétérinaire
- Mme Maria-Eleni FILIPPITZI – Vétérinaire épidémiologiste, SCIENSANO (B) – épidémiologie quantitative, évaluation de risque.
- M. David FRETIN – Chef du service zoonoses bactériennes des animaux de rente. SCIENSANO (B) - Bactériologie, zoonoses, diagnostic de laboratoire
- Mme Emmanuelle GILOT-FROMONT – Professeur, VetAgro Sup – Campus vétérinaire de Lyon – Epidémiologie quantitative, évaluation de risque, interface faune sauvage-animaux domestiques, maladies réglementées.
- M. Etienne GIRAUD – Chargé de recherche, INRAE Toulouse – Bactériologie, antibiorésistance, maladies des poissons.
- M. Lionel GRISOT – Vétérinaire libéral - Médecine vétérinaire, médicament vétérinaire, maladies des ruminants, santé des abeilles.
- Mme Nadia HADDAD – Professeur, Ecole Nationale Vétérinaire d'Alfort - Infectiologie, maladies réglementées, zoonoses.

- Mme Viviane HENAUX – Cheffe d'unité adjointe, Unité d'épidémiologie et appui à la surveillance, Anses Lyon – Epidémiologie quantitative, évaluation de risque.
- Mme Elsa JOURDAIN – Chargée de recherche, INRAE Clermont-Ferrand - Theix - Zoonoses, épidémiologie, interface faune sauvage-animaux domestiques.
- Mme Sophie LE BOUQUIN – LE NEVEU – Cheffe d'Unité Adjointe, Unité Epidémiologie, Santé et Bien-Etre, Anses Ploufragan-Plouzané-Niort - Epidémiologie, évaluation de risque, approche intégrée de la santé animale
- Mme Sophie LE PODER – Maître de conférences, Ecole Nationale Vétérinaire d'Alfort - virologie, immunologie, vaccinologie
- Mme Elodie MONCHATRE-LEROY – Directrice du Laboratoire de la rage et de la faune sauvage, Anses Nancy - Virologie, épidémiologie, évaluation de risques, faune sauvage
- Mme Monique L'HOSTIS – Retraitée, Professeur, Oniris - Ecole Vétérinaire de Nantes – Parasitologie, santé des abeilles.
- M. François MEURENS – Professeur, Oniris - Ecole Vétérinaire de Nantes - Virologie, immunologie, vaccinologie, pathologie porcine.
- M. Pierre MORMEDE – Directeur de recherche émérite INRAE - Bien-être animal, stress.
- Mme Carine PARAUD – Chargée de projet de recherche en parasitologie, Anses Ploufragan-Plouzané-Niort – Parasitologie, maladies des ruminants.
- Mme Ariane PAYNE – Chargée d'étude, OFB - Epidémiologie, évaluation de risque, interface faune sauvage-animaux domestiques.
- Mme Carole PEROZ – Maître de conférences, Oniris Ecole Vétérinaire de Nantes - Infectiologie, maladies réglementées, approche intégrée de la santé animale.
- Mme Claire PONSART – Cheffe de l'unité des zoonoses bactériennes, Laboratoire de Santé Animale, Anses Maisons-Alfort - Bactériologie, zoonoses, diagnostic de laboratoire.
- M. Claude SAEGERMAN – Professeur, Faculté de Médecine vétérinaire de l'Université de Liège - Epidémiologie, évaluation de risque.
- Mme Gaëlle SIMON – Cheffe d'Unité Adjointe, Unité Virologie Immunologie Porcines, Anses Ploufragan-Plouzané-Niort - Virologie, immunologie, maladies des monogastriques.
- M. Jean-Pierre VAILLANCOURT – Professeur, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal - Epidémiologie, biosécurité, zoonose, évaluation de risque.

Coordination scientifique

Mme Karine PETIT – Cheffe de projet scientifique – Anses Direction de l'évaluation des risques (DER), Unité d'évaluation des risques liés à la santé, à l'alimentation et au bien-être des animaux (UERSABA)

Mme Charlotte DUNOYER – Cheffe d'unité – Anses DER, UERSABA

Secrétariat administratif

M. Régis MOLINET – Anses



Direction générale
de l'alimentation

Paris, le 10 février 2021

Le Directeur général de l'alimentation

Monsieur le Directeur Général de l'Agence
nationale de sécurité sanitaire de
l'alimentation, de l'environnement et du travail

Objet : Retour d'expérience crise influenza aviaire hautement pathogène 2020-2021

Conformément aux articles L. 1313-1 et L1313-3 du Code de la Santé publique, j'ai l'honneur de solliciter l'avis de l'Anses pour un retour d'expérience sur l'épisode de l'influenza aviaire hautement pathogène de forte ampleur, en cours notamment dans le Sud-Ouest.

Suite aux épizooties d'IAHP de 2015-2017, des évolutions importantes en termes de biosécurité visant à réduire le risque d'introduction du virus de l'influenza aviaire et de diffusion de celui-ci avaient été engagées au niveau réglementaire ainsi qu'au sein de la filière palmipèdes gras notamment dans le cadre du pacte national de biosécurité.

Aujourd'hui, force est de constater que ces mesures n'ont pas suffi à éviter la survenue d'une nouvelle crise de grande ampleur dans l'une des zones de production de foie gras les plus densément peuplées de France.

Nous avons besoin de comprendre quels sont les facteurs qui ont contribué à l'introduction et à la diffusion de la maladie au sein des élevages de palmipèdes notamment dans le Sud-Ouest et dans les Landes en particulier afin que toutes les leçons soient tirées de cette nouvelle crise.

Pour cela, nous souhaitons qu'une analyse soit faite conjointement par les équipes de l'Anses et de l'ENVT (Jean-Luc Guérin) sur les facteurs à l'origine de l'apparition et de la diffusion de cette épizootie, sur la base des données disponibles auprès des professionnels, de la DGAL et des données issues des enquêtes épidémiologiques qui ont pu être menées autour des foyers investigués. Il nous paraît essentiel de comprendre pourquoi les foyers ont été rapidement maîtrisés en Vendée et dans les Deux-Sèvres alors que cela n'a pas été le cas dans le Sud-Ouest.

Divers paramètres devront être étudiés aussi bien comme facteurs d'introduction depuis la faune sauvage que de diffusion entre élevages :

- Le niveau de biosécurité dans les élevages : des failles de la biosécurité sont pointés du doigt au niveau des élevages mais aussi des opérateurs intervenant dans la filière (p. ex. équipes de ramassage)
- L'implantation de l'élevage dans une ZRP et/ou une redéfinition des ZRP

- L'influence dans la dynamique d'infection de fortes densité d'élevages dans la zone (en termes de nombre d'animaux mais aussi de nombre d'élevages)
- La présence de canards sur parcours extérieurs en période à risque élevé
- Des systèmes d'élevage divers au sein de la filière. En effet, au sein de la filière palmipède gras existent des systèmes de production très intégrés nécessitant des multiples mouvements au cours de la vie de l'animal et d'autres systèmes autarciques concentrant l'ensemble d'étapes dans une seule exploitation
- Enfin, d'autres paramètres d'ordre naturel sont à considérer comme des facteurs climatiques ou d'autres facteurs externes, et des facteurs intrinsèques au virus, comme par exemple la capacité de diffusion, son tropisme ou sa résistance dans le milieu extérieur.
- Ainsi que tout autre paramètre que vous aurez identifié comme pertinent

Les professionnels ont été sollicités pour vous fournir les données dont ils disposent pour mener à bien cette analyse. Les points de contacts ont été définis. Pour notre part des données concernant les foyers sont disponibles dans SIGNAL et à votre disposition à l'exception de l'information sur l'accès au plein air et sur le nombre d'animaux confinés. Informations à recueillir auprès des professionnels.

A l'issue de cette analyse, nous souhaiterions connaître les recommandations du groupe scientifique concernant les mesures à mettre en place pour éviter la survenue de nouvelles épizooties d'une telle ampleur.

Nous souhaiterions pouvoir disposer des éléments d'analyse hors modélisation pour le 30 avril 2021 et de l'analyse incluant la modélisation pour le 30 juin au plus tard.

Le directeur général de l'alimentation

BRUNO
FERREIRA ID
Signature numérique
de BRUNO FERREIRA ID
Date : 2021.02.10
10:15:17 +01'00'

Bruno FERREIRA

Copie : Jean-Luc Guérin, ENVT

ANNEXE 3 : BILAN EUROPEEN DE LA SAISON 2020-2021 EN INFLUENZA AVIAIRE HAUTEMENT PATHOGENE

Source : <https://www.plateforme-esa.fr/article/influenza-aviaire-hautement-pathogene-en-europe-bilan-de-la-saison-2020-2021>, consultée le 16/09/2021

Tableau 2. Nombre de foyers chez les volailles et de cas sauvages d'IAHP H5 confirmés en Europe par pays du 01/08/2020 au 31/07/2021. Le "x" de H5Nx signifie que le typage de la neuraminidase est inconnu (Source : Commission européenne ADIS pour l'Europe, DEFRA pour le Royaume Uni, Empres-i pour l'Albanie, OIE pour la Russie occidentale au 31/07/2021).

Pays	Compartiment	Date de première confirmation	Nombre de foyers et cas confirmés pour la saison 2020/2021	Sous-types identifiés pour l'ensemble des foyers et cas de la saison 2020/2021					
				H5Nx	H5N1	H5N3	H5N4	H5N5	H5N8
Albanie	Volaille	08/06/2021	6						6
Allemagne*	Sauvage	30/10/2020	1 332	41	80	38	14	25	1 134
	Volaille	04/11/2020	235	5	6			2	222
Autriche	Sauvage	04/02/2021	30	7				3	20
Belgique	Sauvage	13/11/2020	30	17					13
	Volaille	25/11/2020	2	1				1	
Bulgarie	Sauvage	31/03/2021	2	0				2	
	Volaille	03/02/2021	8	8					
Croatie	Sauvage	08/03/2021	3	0					3
	Volaille	21/11/2020	1	0					1
Danemark	Sauvage	05/11/2020	318	5	3	2		7	301
	Volaille	16/11/2020	13	0					13
Espagne	Sauvage	27/11/2020	3	1					2
Estonie	Sauvage	12/02/2021	34	2	6				26
	Volaille	18/02/2021	2	0					2
Finlande	Sauvage	21/01/2021	34	6	16				12
	Volaille	10/02/2021	1	0					1
France**	Sauvage	27/11/2020	22	0	1	1			20
	Volaille	16/11/2020	492	39					453
Grèce	Sauvage	01/04/2021	4	0					4
Hongrie	Sauvage	06/01/2021	3	0				1	2

Avis de l'Anses
Saisine n°2021-SA-0022 (3^{ème} partie)

Pays	Compartiment	Date de première confirmation	Nombre de foyers et cas confirmés pour la saison 2020/2021	Sous-types identifiés pour l'ensemble des foyers et cas de la saison 2020/2021					
				H5Nx	H5N1	H5N3	H5N4	H5N5	H5N8
	Volaille	06/01/2021	7	1	1				5
Irlande	Sauvage	06/11/2020	27	0		1			26
	Volaille	10/12/2020	1	0					1
Italie	Sauvage	20/11/2020	19	7	5				7
	Volaille	23/01/2021	3	0					3
Kosovo	Volaille	01/06/2021	7	0					7
Lettonie	Sauvage	09/02/2021	37	0	1				36
Lituanie	Sauvage	08/01/2021	27	2					25
	Volaille	08/01/2021	39	0					39
Norvège	Sauvage	27/11/2020	36	1					35
Pays-bas	Sauvage	20/10/2020	114	8	34	1	2	1	68
	Volaille	29/10/2020	12	3					9
Pologne	Sauvage	09/12/2020	94	0	1			1	92
	Volaille	24/11/2020	357	0					357
Roumanie	Sauvage	09/01/2021	8	5				3	
	Volaille	14/01/2021	8	0				1	7
Royaume-Uni***	Sauvage	08/11/2020	317	1	14	1		6	295
	Volaille	02/11/2020	21	0	2				19
Russie****	Sauvage	17/12/2020	7					1	4
	Volaille	21/09/2020	19						18
Serbie	Sauvage	06/03/2021	3	3					
Slovaquie	Sauvage	07/01/2021	6	2				3	1
	Volaille	22/01/2021	2	1	1				
Slovénie	Sauvage	23/11/2020	6	0				1	5
Suède	Sauvage	26/11/2020	109	17	1		1	18	72
	Volaille	16/11/2020	16	1				2	13
Suisse	Sauvage	04/02/2021	2	1			1		
	Sauvage	21/01/2021	28	2				1	25

Avis de l'Anses
Saisine n°2021-SA-0022 (3^{ème} partie)

Pays	Compartiment	Date de première confirmation	Nombre de foyers et cas confirmés pour la saison 2020/2021	Sous-types identifiés pour l'ensemble des foyers et cas de la saison 2020/2021					
				H5Nx	H5N1	H5N3	H5N4	H5N5	H5N8
Tchèque (Rép.)	Volaille	22/01/2021	37	1					36
Ukraine	Sauvage	01/03/2021	4	4					
	Volaille	04/12/2020	14	10					4
Total Europe	Sauvage		2 659	132	162	44	18	73	2 228
	Volaille		1 303	70	10	0	0	6	1 216

* dont un cas mixte H5N1/H5N8 (Allemagne, oiseaux sauvages)

** Données consolidées par le LNR

*** Source : [OIE-WAHIS](#), (link is external) [DEFRA](#), correspondant à un décompte d'individus confirmés

**** Source : [OIE-WAHIS](#)

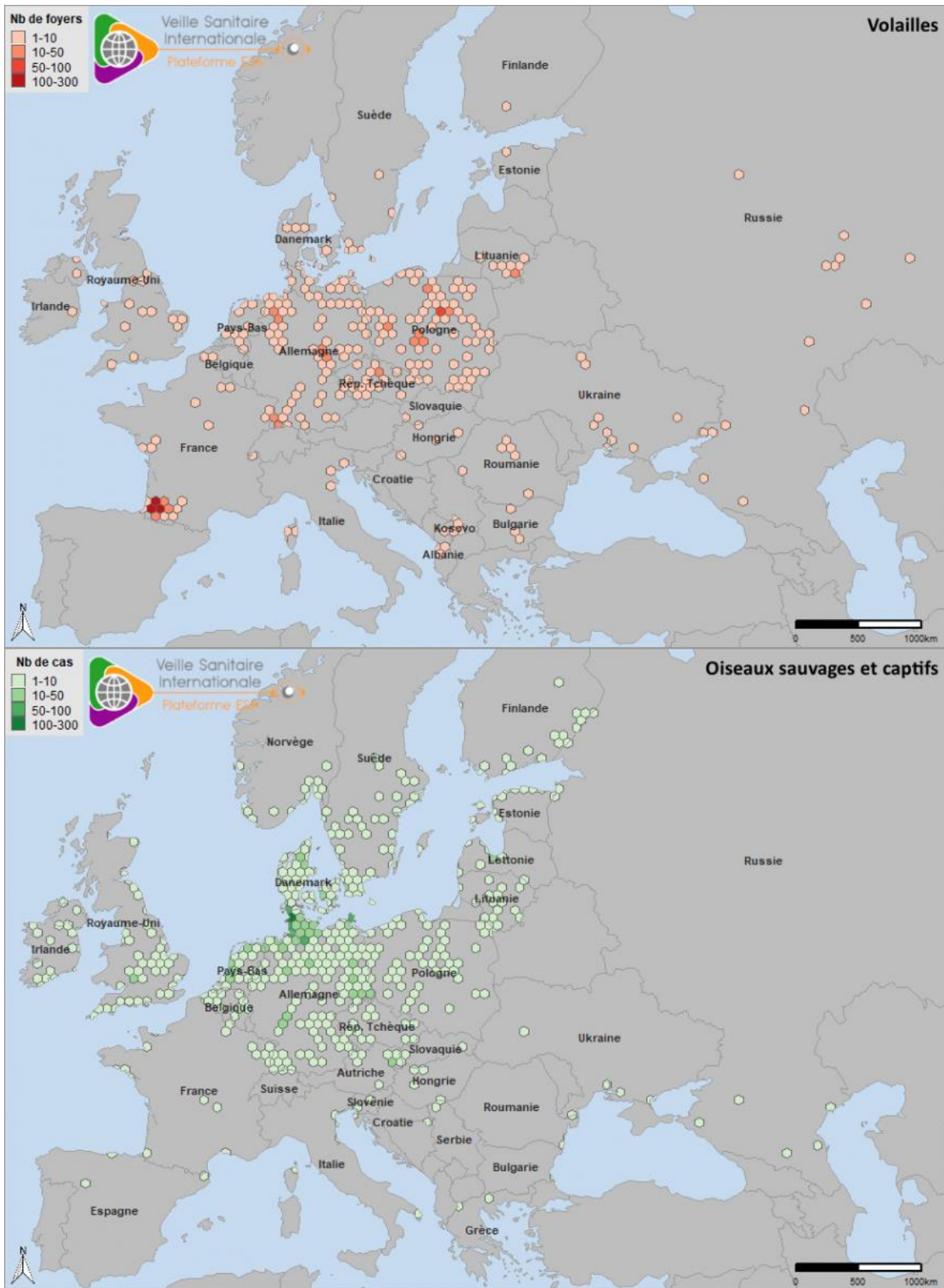


Figure 8. Densité des foyers domestiques (haut) et cas en avifaune sauvage (bas) d'IAHP en Europe occidentale, ayant débuté entre le 01/08/2020 et le 31/07/2021 (source : Commission européenne ADNS, ADIS, OIE).

ANNEXE 4 : MODALITES DE CALCUL DU R0 DANS L'ÉTUDE DE L'INFLUENCE DE LA FORTE DENSITE DES ELEVAGES DANS LA DYNAMIQUE D'INFECTION

Pour un élevage i donné, le $R0$ est donné par :

$$R0_i = \sum_j (1 - \exp(-\delta * \lambda_{i \rightarrow j}))$$

où δ est la durée de la période infectieuse d'un élevage (la durée entre le début de l'excrétion et l'abattage du troupeau infecté) et $\lambda_{i \rightarrow j}$ est la force d'infection exercée par l'élevage i sur un autre élevage j définie en cohérence avec Andronico et al. (2019) par :

$$\lambda_{i \rightarrow j} = \psi_i * \phi_j * \left(\frac{\beta * I[d_{ij} \leq d_c]}{N_i(d_c)} \right)$$

où ψ_i est l'infectiosité relative de l'élevage i ($\psi_i = 1$ pour les élevages de palmipèdes et $\psi_i = \psi$ pour les élevages de galliformes), ϕ_i est la réceptivité relative de l'élevage i ($\phi_i = 1$ pour les élevages de palmipèdes et $\phi_i = \phi$ pour les élevages de galliformes) ; β est le taux de transmission quotidien ; $I[d_{ij} \leq d_c]$ est une fonction prenant la valeur de 1 si la distance euclidienne en les élevages i et j (d_{ij}) est inférieure à une distance limite (d_c) et 0 sinon ; et $N_i(d_c)$ le nombre d'élevages situés à moins de d_c kilomètres de l'élevage i . Pour chaque scénario, les $R0_i$ ont été calculés en échantillonnant aléatoirement les valeurs des paramètres dans leur distribution *a posteriori* estimées par Andronico et al. (2019) et synthétisées dans le Tableau 3.

Tableau 3 : Distributions *a posteriori* des paramètres du modèle. (Andronico *et al.*, 2019)

Paramètre	Définition des paramètres utilisés dans le modèle	Valeurs estimées (intervalle de crédibilité)
ϕ	Réceptivité relative des élevages de galliformes	0.20 (0.15 – 0.27)
ψ	Infectiosité relative des élevages de galliformes	0.39 (0.09 – 0.85)
β	Taux de transmission entre élevages	0.25 (0.16 – 0.31) jour ⁻¹
d_c	Distance limite	15 kilomètres
δ	Durée de la période infectieuse pour un élevage	12 jours

(Pour plus de détails, se référer à la publication d'Andronico *et al.*, 2019).