



HAL
open science

Modélisation de l'effet de la conduite d'élevage sur la propagation de *Salmonella* en élevage naisseur-engraisseur

Amandine Lurette, Catherine C. Belloc, Suzanne Touzeau, Thierry Hoch,
Henri H. Seegers, Christine Fourichon

► To cite this version:

Amandine Lurette, Catherine C. Belloc, Suzanne Touzeau, Thierry Hoch, Henri H. Seegers, et al..
Modélisation de l'effet de la conduite d'élevage sur la propagation de *Salmonella* en élevage naisseur-
engraisseur. 39. Journées de la Recherche Porcine, Feb 2007, Paris, France. hal-02752145

HAL Id: hal-02752145

<https://hal.inrae.fr/hal-02752145>

Submitted on 3 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Modélisation de l'effet de la conduite d'élevage sur la propagation de *Salmonella* en élevage naisseur-engraisseur

Amandine LURETTE (1), Catherine BELLOC (1), Suzanne TOUZEAU (2), Thierry HOCH (1),
Henri SEEGERS (1), Christine FOURICHON (1)

(1) UMR Gestion de la Santé Animale, ENVN-INRA, Atlanpole La Chantrerie, Nantes
(2) UR Mathématiques et Informatiques Appliquées, INRA, Domaine de Vilvert, Jouy-en-Josas

lurette@vet-nantes.fr

Modélisation de l'effet de la conduite d'élevage sur la propagation de *Salmonella* en élevage naisseur-engraisseur

Pour réduire la propagation de *Salmonella* dans les étapes de transformation et la contamination des produits porcins qui en résulte, il est important de maîtriser la prévalence du portage par les porcs charcutiers en sortie d'élevage. L'objectif de cette étude est d'élaborer un modèle qui permette de simuler, dans un élevage naisseur-engraisseur, à la fois la dynamique de la population de porcs et la transmission de *Salmonella*. Ce modèle permet d'étudier l'influence de la conduite en bande et de la qualité du nettoyage-désinfection sur la prévalence du portage de *Salmonella* en sortie d'élevage. Trois modalités de conduite sont représentées : (i) une conduite en bande stricte (aucun mélange de bande) classiquement recommandée, (ii) une conduite en bande stricte dans laquelle la période de vide sanitaire est supprimée en fin d'engraissement et (iii) une conduite en bande dans laquelle des mélanges de bandes et la suppression de la période de vide sanitaire peuvent être réalisés en fin d'engraissement (MB). La prévalence moyenne des porcs porteurs en sortie d'élevage est significativement inférieure ($P < 0,001$) pour une conduite en bande stricte ($0,13 \pm 0,01$) comparées aux deux autres modalités de conduite (respectivement $0,16 \pm 0,02$ et $0,17 \pm 0,02$). Le modèle montre des fluctuations de prévalence du portage entre les lots de porcs charcutiers au départ à l'abattoir. Notre modèle permet d'étudier l'impact du non respect des recommandations concernant la conduite en bande sur la prévalence du portage de salmonelles chez les lots de porcs charcutiers et reproduit la variabilité de prévalence entre lots généralement décrite dans la littérature.

Modelling of the effect of producers' management on the spread of *Salmonella* in a farrow-to-finish herd.

To reduce the *Salmonella* spread within the processing stage of the pork chain and the resulting pork products contamination, the prevalence of carrier pigs at slaughter age has to be controlled. The aim of this study is to elaborate a mathematical model simulating the pig population dynamics and the pathogen transmission within a farrow-to-finish herd. This model allows us to study the influence of the producers' management and of the efficiency of the cleaning-disinfecting processes on the prevalence of carrier pigs at the slaughterhouse delivery. Three management modes are represented : (i) strict all-in/all-out management, (ii) all-in/all-out management with suppression of the drying period between batches (NDP), and (iii) possible batch mixing and suppression of the drying period between batches (BM). The average prevalence of carrier pigs was significantly lower under the strict all-in/all-out management ($0,13 \pm 0,01$) than the two others management modes ($0,16 \pm 0,02$ and $0,17 \pm 0,02$ respectively). The model shows the fluctuations of the prevalence of the carrier pigs between the different groups of delivered pigs within the same herd. Our model allows us to study the effect of the modifications from the recommended management on the prevalence of carrier pigs at the slaughterhouse delivery. It simulates the fluctuations of the prevalence over time which are generally described in literature.

INTRODUCTION

Les salmonelles sont responsables d'environ 200 000 cas de toxi-infections alimentaires recensés en Europe en 2004. Les produits porcins, après les œufs et la viande de volaille, sont une des sources majeures de salmonelloses humaines en Europe (Anonymes, 2006). La contamination de produits porcins est liée, notamment, à la présence à l'abattoir de porcs charcutiers infectés. Pour réduire la propagation de *Salmonella* dans les étapes de transformation, il est donc important de maîtriser la prévalence du portage par les porcs charcutiers en sortie d'élevage. Or cette prévalence est très variable entre les élevages et entre les lots d'animaux issus d'un même élevage. Il est alors nécessaire d'identifier les mécanismes clés de propagation de salmonelles au niveau de l'élevage producteur de porcs charcutiers. Cette propagation résulte des caractéristiques de l'infection par *Salmonella*, de la dynamique de population dans un élevage et des interactions entre les animaux permettant la transmission de *Salmonella*. Un grand nombre d'interactions est à prendre en compte.

Salmonella se transmet à la fois par les animaux infectés et par la présence de bactéries dans l'environnement des animaux contaminé par leurs matières fécales. Les populations d'animaux d'un élevage porcin sont structurées en bandes et gérées par l'éleveur. Ces populations sont séparées dans des salles différentes. Cela entraîne une structure de contact particulière puisque les animaux d'âges différents (issus de bandes différentes) ne se mélangent pas. La structure de contact est la façon dont les animaux entrent en contact les uns avec les autres selon différentes modalités permettant la transmission de l'agent pathogène entre eux. Entre les bandes, deux modalités de contact sont à prendre en compte : (i) le contact entre bandes via les animaux, quand des écarts sont réalisés par rapport aux recommandations de conduite (mélange de bandes), (ii) le contact entre bandes via les salles qui intervient quand la décontamination d'une salle est incomplète avant l'entrée d'une nouvelle bande. Pour étudier la propagation de *Salmonella* dans un troupeau porcin, les flux d'animaux entre bandes et la succession des bandes dans les différentes salles de l'élevage doivent donc être considérés.

Une approche par modélisation permet de représenter ce système complexe. La structure de contact doit être modélisée car elle influence significativement la propagation de pathogènes au sein d'une population (Reed et Kealing, 2003). Or, dans les modèles précédemment publiés sur la transmission de *Salmonella* en élevage porcin (van der Gaag *et al.*, 2003 ; Ivanek *et al.*, 2004), la conduite en bande n'a pas été considérée.

L'objectif de cette étude est d'élaborer un modèle qui permette de simuler, dans un élevage naisseur-engraisseur, à la fois la dynamique de la population de porcs et la transmission de *Salmonella*. Il permettra d'étudier l'influence de la conduite en bande et de la qualité du nettoyage-désinfection sur la prévalence de *Salmonella* en sortie d'élevage.

1. MATERIEL ET METHODES

Nous avons développé un modèle stochastique en temps discret avec un pas de temps d'une semaine. La bande est la plus petite unité modélisée. Nous avons considéré la conduite en bandes stricte classiquement recommandée. Le modèle prend en compte à la fois la dynamique des populations de porcs et de truies, la transmission de *Salmonella* et les modifications de conduite par l'éleveur par rapport aux recommandations. Les modifications représentées sont la suppression du vide sanitaire et le mélange d'animaux issus de bandes différentes.

1.1. Dynamique du troupeau

1.1.1. Conduite en bandes

Le système modélisé est un élevage naisseur-engraisseur conduit en 7 bandes avec un intervalle de 3 semaines entre bandes. Le troupeau est composé de 120 truies. Nous représentons à la fois le cycle de reproduction des truies et la croissance des porcs charcutiers de leur naissance à leur départ pour l'abattoir. Le cycle de reproduction des truies est représenté par la succession des bandes dans 3 salles différentes : verraterie, gestation et maternité. La durée dans chacune des salles et le changement de salle sont induits par le stade physiologique des animaux. Le cycle débute en salle de verraterie. La bande y reste 4 semaines (1 semaine d'intervalle sevrage-oestrus et 3 semaines après l'insémination pour la confirmation de la gestation). La bande de truies est ensuite transférée en salle de gestation pour 12 semaines. La fin du cycle est réalisée en salle de maternité depuis une semaine avant la mise bas et jusqu'au sevrage des porcelets (5 semaines en tout). Les truies de la bande sont alors conduites en salle de verraterie pour débiter un nouveau cycle.

La croissance des porcs charcutiers correspond à la succession des bandes dans 3 salles spécifiques : maternité (allaitement de 4 semaines), post-sevrage (8 semaines) et engraissement (12 à 16 semaines). Un vide sanitaire d'une semaine est réalisé dans les salles entre chaque bande. L'effectif de chaque bande correspond à la capacité d'une salle.

1.1.2. Cycle de reproduction des truies

Les processus considérés dans le cycle de reproduction des truies sont de deux types : les processus liés à la biologie de l'animal (mortalité, réussite ou échec à l'insémination et avortement) et les processus liés à la gestion par l'éleveur tels que la réforme et le recrutement de cochettes. A chaque pas de temps, l'effectif de chaque bande de truies est calculé et la salle qu'elles occupent est déterminée en fonction de leur stade dans le cycle de reproduction (Tableau 1).

1.1.3. Croissance des porcs charcutiers

La croissance des porcs est estimée à partir de leur âge. Elle est représentée par le poids atteint à une date considérée. Un taux de mortalité est affecté à la bande de porcs à chaque stade physiologique. Les dates de mortalité sont uniformément réparties tout au long du stade.

Tableau 1 - Récapitulatif des équations de calcul des effectifs dans les bandes de truies et de porcs charcutiers en fonction du stade physiologique considéré

Population concernée : évènements pris en compte	Equations au temps t pour une bande b dans une salle donnée selon l'instant considéré :		
	Entrée de la bande b dans la salle (flux d'entrée)	Séjour de la bande b dans la salle	Sortie de la bande b de la salle (flux de sortie)
Truie en Verraterie : Recrutement de cochettes Mortalité Echec à l'insémination Réforme Retour suite à échec de l'insémination Retour suite à avortement	$S_V(t,b) = (1 - \mu_M) S_M(t-1,b) + G$	$S_V(t,b) = (1 - \mu_V)(1 - \tau)(1 - c(t)) S_V(t-1,b) + \tau S_V(t-1,b-1) + (1 - a(t)) S_G(t-1,bG)$	$S_V = 0$ $S_G(t,b) = (1 - \mu_V) S_V(t-1,b)$
Truies en Gestation : Mortalité Avortement	$S_G(t,b) = (1 - \mu_V) S_V(t-1,b)$	$S_G(t,b) = (1 - \mu_G)(1 - a(t)) S_G(t-1,bG)$	$S_G(t,b) = 0$ $S_G(t,b) = (1 - \mu_G) S_G(t-1,b)$
Truies en Maternité : Mortalité	$S_M(t,b) = (1 - \mu_G) S_G(t-1,b)$	$S_M(t,b) = (1 - \mu_M) S_M(t-1,b)$	$S_M(t,b) = 0$ $S_V(t,b) = (1 - \mu_M) S_M(t-1,b)$
Porcelets en Maternité : Naissance Mortalité	$P_L(t,b) = T_p(t)$	$P_L(t,b) = (1 - \mu_L) P_L(t-1,b)$	$P_L(t,b) = 0$ $P_{PS}(t,b) = (1 - \mu_L) P_L(t-1,b)$
Porcs en post-sevrage : Mortalité	$P_{PS}(t,b) = (1 - \mu_L) P_L(t-1,b)$	$P_{PS}(t,b) = (1 - \mu_{PS}) P_{PS}(t-1,b)$	$P_{PS}(t,b) = 0$ $P_E(t,b) = (1 - \mu_{PS}) P_{PS}(t-1,b)$
Porcs en engraissement : Mortalité Mélange de bandes Départ à l'abattoir	$P_E(t,b) = (1 - \mu_{PS}) P_{PS}(t-1,b)$	$P_E(t,b) = (1 - \mu_E)(1 - s(t)) P_E(t-1,b) + m(t) P_E(t-1,b_E)$	$P_E(t,b) = 0$

Avec : $S_V(t,b)$, $S_G(t,b)$, $S_M(t,b)$: effectif d'une bande b de truies à t en verraterie, en gestation et en maternité,
 μ_V , μ_G , μ_M : taux de mortalité hebdomadaire en salles de verraterie, de gestation et de maternité,
 τ : taux de réussite à l'Insémination Artificielle,
 $c(t)$: proportion de la bande réformée à t ,
 $a(t)$: proportion de la bande b_G en gestation qui a subi un avortement à t ,
 G : nombre de cochettes recrutées,
 $P_L(t,b)$, $P_{PS}(t,b)$, $P_E(t,b)$: effectif de la bande b de porcs à t en maternité, en post-sevrage et en engraissement,
 μ_L , μ_{PS} , μ_E : taux de mortalité hebdomadaire des porcs en maternité, en post-sevrage et en engraissement,
 $T_p(t)$: Effectif de porcelets issus d'une bande de truies,
 $s(t)$: proportion de la bande envoyée à l'abattoir au pas de temps t ,
 $m(t)$: proportion de la bande b_E en fin d'engraissement mélangée à la bande suivante,

Le départ à l'abattoir et la formation des lots de porcs charcutiers sont pris en compte. Etant donnée l'obligation pour l'éleveur de fournir des lots de porcs charcutiers de poids homogène et considérant la variabilité de la vitesse de croissance, une bande part à l'abattoir en plusieurs fois. Les lots au départ à l'abattoir sont composés d'animaux issus de plusieurs bandes. A chaque pas de temps correspondant à un départ à l'abattoir, soit toutes les deux semaines, la proportion d'une bande qui quitte l'élevage est calculée à partir d'une distribution log-normale de l'âge auquel est atteint le poids d'abattage.

Au moment de vider la salle d'engraissement pour le nettoyage-désinfection et le vide sanitaire, il peut rester des porcs avec un poids inférieur au poids d'abattage. La gestion du départ à l'abattoir est alors différente suivant les

choix de l'éleveur. L'éleveur peut choisir : (i) de vendre ces porcs hors gamme ou (ii) de les conserver dans l'élevage afin de prolonger leur durée de croissance. Ce dernier choix entraîne des adaptations de conduite telles que le mélange de bandes ou la suppression de vide sanitaire.

1.1.4. Structure de contact

Les contacts sont homogènes pour les animaux d'une même bande. Par contre, ils sont hétérogènes pour les animaux de bandes différentes séparés dans plusieurs salles.

Deux modalités de contact entre bandes sont prises en compte : (i) le contact via les animaux, quand des mélanges de bandes surviennent, (ii) le contact via les salles qui intervient quand la décontamination de la salle est incomplète.

Dans cette étude, aucun contact entre bandes n'est modélisé en maternité et en post-sevrage. Les deux types de contact entre bandes sont considérés uniquement en fin d'engraissement.

1.2. Dynamique d'infection

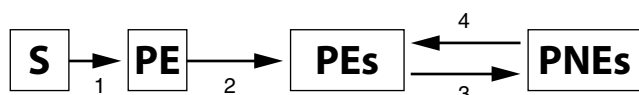
1.2.1. Infection par *Salmonella*

Chez le porc, le portage de salmonelles est généralement asymptomatique (Berends et al., 1996). Les animaux infectés ne sont pas détectables par observation. Deux principales méthodes de dépistage ont été développées : (i) la méthode bactériologique sur échantillons de matière fécale met en évidence la présence de bactéries et la méthode sérologique sur sérum met en évidence les anticorps anti-*Salmonella* (Van Winsen et al., 2001). Les états de santé modélisés tiennent compte de ces deux types de mesure.

1.2.2. Etats de santé vis-à-vis d'une infection par *Salmonella*

L'infection par *Salmonella* est représentée par des états de santé vis-à-vis de l'infection et par des transitions entre ces états (Figure 1). On distingue quatre états : (i) les Sensibles (S), i.e. les porcs exempts de *Salmonella*, (ii) les Porteurs Excréteurs (PE), i.e. les porcs infectés par *Salmonella* qui excrètent la bactérie et contaminent leur salle, (iii) les Porteurs Excréteurs séroconvertis (PEs), i.e. les animaux porteurs excréteurs qui ont des anticorps anti-*Salmonella* et (iv) les Porteurs Non-Excréteurs séroconvertis (PNEs) i.e. les animaux porteurs de la bactérie mais dont l'excrétion est interrompue et qui présentent les anticorps anti-*Salmonella*. Les animaux PNEs peuvent retrouver l'état PEs si leur excrétion est réactivée.

1.2.3. Transitions entre états



S : animaux Sensibles, PE : animaux Porteurs Excréteurs,
 PEs : animaux Porteurs Excréteurs séroconvertis,
 PNEs : animaux Porteurs Non-Excréteurs séroconvertis.
 1 : Infection, 2 : Séroconversion, 3 : Arrêt de l'excrétion,
 4 : Réactivation de l'excrétion.

Figure 1 - Représentation des états de santé vis-à-vis de l'infection par *Salmonella* et des transitions entre états

Le risque pour un animal sensible de devenir porteur excréteur dépend du nombre d'animaux excréteurs dans la bande et de la contamination des locaux d'élevage qui en résulte. Pour être infecté, un porc doit avoir ingéré une dose suffisante de salmonelles correspondant à une dose infectante de 10^4 bactéries (Fravalo et al., 2003). La probabilité d'infection est calculée en fonction de la quantité de salmonelles dans la salle. Cette quantité est incrémentée à chaque pas de temps en fonction de la quantité de salmonelles résiduelles et de la quantité excrétée par les animaux infectieux présents. La transition entre l'état porteur excréteur et l'état porteur excréteur séroconverti dépend du délai de séroconversion (en moyenne

deux semaines). La transition entre l'état de porteur excréteur séroconverti et l'état de porteur non-excréteur séroconverti dépend de la durée d'excrétion (en moyenne quatre semaines) (Nielsen et al., 1995 ; van Winsen et al., 2001 ; Kranker et al., 2003 ; Fravalo et al., 2003). La réactivation de l'excrétion (transition 4) est calculée à partir d'un taux de réactivation.

A chaque pas de temps, l'effectif de chaque bande est distribué dans les quatre états de santé :

$$\begin{aligned} S_t &= S_{t-1} - p_1 S_{t-1} \\ PE_t &= (1-p_2) PE_{t-1} + p_1 S_{t-1}, \\ PEs_t &= (1-p_3) PEs_{t-1} + p_2 PE_{t-1} + p_4 PNEs_{t-1}, \\ PNEs_t &= (1-p_4) PNEs_{t-1} + p_3 PEs_{t-1} \end{aligned}$$

- p_1 , la proportion de porcs nouvellement infectés,
- p_2 , la proportion d'animaux porteurs excréteurs qui ont séroconverti,
- p_3 , la proportion d'animaux porteurs excréteurs qui ont arrêté d'excréter,
- p_4 , la proportion d'animaux dont l'excrétion a été ré-activée.

Le modèle a été paramétré de façon à obtenir des prévalences de porteurs (PE, PEs et PNEs) chez les lots de porcs charcutiers compatibles avec les données de la littérature. Les valeurs des paramètres utilisés dans ce modèle sont disponibles auprès des auteurs.

1.1. Modalités de conduite étudiées

Trois modalités de conduite ont été testées. Elles représentent les modifications possibles de l'éleveur par rapport aux recommandations de conduite et correspondent à des niveaux de biosécurité différents. La première modalité représente une conduite en bande stricte (aucun mélange de bande) dans laquelle toutes les périodes de vide sanitaire sont respectées. La conduite est réalisée en tout-plein/tout-vide (TPTV). La deuxième modalité représente une conduite en bande stricte dans laquelle la période de vide sanitaire est supprimée en fin d'engraissement afin de prolonger la durée d'engraissement des porcs dans leur salle (SVS). La troisième modalité représente une conduite en bande dans laquelle des mélanges de bandes et la suppression de la période de vide sanitaire peuvent être réalisés en fin d'engraissement (MB). Cette conduite permet d'allonger la durée d'engraissement des porcs charcutiers en les mélangeant à la bande suivante (trois semaines plus jeune) quand leur salle doit être vidée.

1.2. Simulations

Les résultats du modèle ont été obtenus à partir de 150 simulations réalisées sur une période de 400 semaines pour chaque scénario. Le modèle a été initialisé par une unique introduction de salmonelles dans l'élevage par une source externe. La propagation de *Salmonella* dans l'élevage a été simulée avec une conduite en bande stricte. Les trois scénarios de modalités de conduite ont été modélisés et les résultats ont été obtenus à partir de 200 semaines et jusqu'à la fin de la simulation.

Pour chaque simulation, la prévalence de porcs porteurs, excréteurs ou non, dans chaque lot de porcs charcutiers au départ à l'abattoir a été calculée au cours du temps. La

moyenne de la prévalence sur les six derniers mois a été estimée pour les trois conduites.

Pour décrire les mécanismes à l'origine de la transmission de *Salmonella*, l'importance des deux types de contact a été évaluée. Le contact via les salles a été estimé à partir du nombre de fois où le vide sanitaire a été supprimé en fin d'engraissement. Le pourcentage de contact via les animaux a été estimé à partir du nombre de bandes mélangées pendant la durée de la simulation. De plus, le nombre moyen de porcs charcutiers mélangés à la bande suivante a été calculé quand des mélanges surviennent.

Les adaptations de conduite entraînent une gestion différente de l'hétérogénéité de la vitesse de croissance des porcs. Cette gestion se traduit par le pourcentage de porcs charcutiers envoyés à l'abattoir avant d'avoir atteint leur poids d'abattage et par le nombre de bandes composant un lot au départ à l'abattoir. Ces deux résultats ont été obtenus pour chaque modalité de conduite.

Des analyses statistiques ont été réalisées par ANOVA ($P=0,05$) suivies par un test de Tukey pour comparer les résultats obtenus pour chaque modalité.

2. RESULTATS

La prévalence des porcs porteurs en sortie d'élevage au cours du temps est représentée sur la figure 2. La prévalence moyenne est significativement inférieure pour une conduite en bande stricte ($0,16 \pm 0,03$) comparées aux deux autres conduites ($0,23 \pm 0,02$ pour SVS et $0,26 \pm 0,02$ pour MB). La différence de prévalence de porcs porteurs entre la conduite en bande stricte (TPTV) et la conduite supprimant les vides sanitaires (SVS) est significativement moins importante ($P < 0,001$) que la différence entre la conduite supprimant les vides sanitaires (SVS) et celle supprimant les vides sanitaires et autorisant le mélange de bandes (BM). En moyenne ($6,88 \pm 0,17$) porcs charcutiers sont mélangés avec la bande suivante en fin d'engraissement. Le modèle montre des fluctuations de prévalence de porcs porteurs entre lots au départ à l'abattoir. Ces fluctuations résultent de la grande hétérogénéité de prévalence entre les bandes d'un même élevage.

Le nombre de bandes composant un lot au départ à l'abattoir est plus élevé pour les conduites supprimant la période de vide sanitaire (SVS et MB) que pour une conduite stricte (Tableau 2).

Le pourcentage moyen de porcs charcutiers envoyés à l'abattoir avant d'atteindre leur poids d'abattage varie significativement ($P < 0,001$) entre les trois conduites. Ce pourcentage est plus de deux fois plus élevé pour une conduite en bande stricte que pour une conduite supprimant les vides sanitaires et trois fois plus élevé quand on considère une conduite avec mélange de bandes.

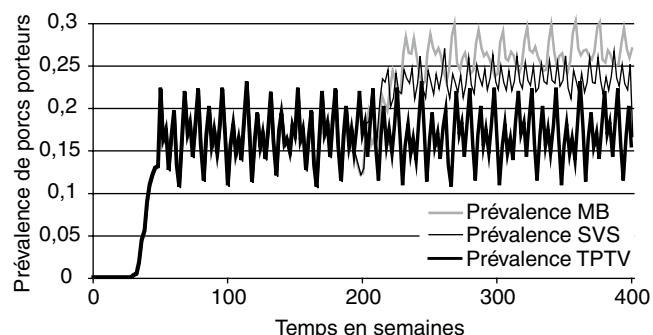


Figure 2 - Prévalence du portage de *Salmonella* dans les lots de porcs charcutiers au départ à l'abattoir au cours du temps en fonction de la conduite en bande en engraissement : conduite en bande stricte (TPTV) ; conduite en bande stricte avec suppression du vide sanitaire (SVS) et conduite avec mélange de bandes et suppression du vide sanitaire (MB) (moyenne sur 150 simulations pendant 400 semaines)

3. DISCUSSION ET CONCLUSION

L'étude par simulation montre une prévalence du portage différente selon le scénario de conduite modélisé. Les différences de prévalence en sortie d'élevage montrent un plus fort impact de la suppression du vide sanitaire que du mélange de bandes en fin d'engraissement (Figure 2). Cependant, ceci doit être mis en relation avec la valeur du paramètre de qualité de nettoyage-désinfection choisi dans le modèle.

Tableau 2 - Influence des 3 modalités de conduite (TPTV, SVS et MB) sur les contacts et la gestion du départ à l'abattoir (moyenne sur 150 simulation sur une période de 400 semaines)

Modalités de Conduite	Vides sanitaires supprimés entre deux bandes (%)	Bandes mélangées (%)	Porcs charcutiers envoyés à l'abattoir avant d'atteindre le poids d'abattage (%)	Nombre de bandes composant un lot au départ à l'abattoir (moyenne \pm écart-type)
TPTV	0 ^a	0 ^a	9,6 ^a	2,02 (\pm 0,01) ^a
SVS	48 ^b	0 ^a	4,1 ^b	2,33 (\pm 0,09) ^b
BM	48 ^b	48 ^b	2,3 ^c	2,33 (\pm 0,01) ^b

a : les moyennes d'une même colonne n'ayant pas de lettres en commun sont significativement différentes.

(TPTV : conduite en bande stricte, SVS : conduite en bande stricte avec suppression du vide sanitaire et MB : conduite avec mélange de bandes et suppression du vide sanitaire.)

Cette valeur influence la quantité résiduelle de salmonelles dans la salle. Elle est donc susceptible de modifier la proportion d'animaux nouvellement infectés.

Notre modèle reproduit les fluctuations de la prévalence des porcs porteurs dans les lots de porcs charcutiers généralement décrites dans la littérature.

Le pourcentage de porcs vendus hors gamme augmente lorsque la conduite en bande est strictement appliquée dans l'élevage. L'éleveur doit donc choisir entre contrôler la propagation des bactéries et vendre des porcs trop légers.

Un modèle doit être aussi simple que possible pour être interprétable. Mais il doit être réaliste et répondre aux objectifs d'application. Ainsi, pour mettre l'accent sur les modalités de propagation de *Salmonella*, nous avons choisi d'utiliser des taux fixes pour représenter la prolificité des truies et le recrutement des cochettes. Une modélisation plus fine de la prolificité des truies n'aurait d'effets que sur la taille des lots et non sur la prévalence. La fixation du nombre de cochettes n'a pas d'influence sur la prévalence puisque toutes les futures reproductrices sont ici considérées comme sensibles.

Notre choix de représentation fait correspondre une bande avec la capacité d'une salle. Le modèle pourrait être adapté pour représenter la répartition d'une même bande dans plusieurs salles en considérant une structure de contact différente.

La paramétrisation du modèle épidémiologique nécessite l'estimation de différentes données. Cependant, si certains paramètres sont fréquemment étudiés, d'autres sont peu renseignés. Ainsi, les valeurs des paramètres de dynamique de population, de délai de séroconversion et de durée d'excrétion peuvent être estimées à partir de la littérature. Mais les valeurs de certains paramètres tels que le taux de ré-excrétion ou la probabilité d'infection ne sont pas décrits. Deux méthodes de validation seraient intéressantes à utiliser : d'une part, tester des hypothèses quant aux valeurs de ces paramètres grâce au modèle (analyse de sensibilité) et, d'autre part, comparer nos résultats avec des données expérimentales.

En conclusion, notre modèle permet d'étudier l'impact du non respect des recommandations concernant la conduite en bande sur la prévalence du portage de salmonelles dans les lots de porcs charcutiers au départ à l'abattoir. Ceci constitue une première étape dans une perspective de maîtrise de ce portage.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Anonymes, 2006. Opinion of the Scientific Panel on Biological Hazards on "Risk assessment and mitigation options of *Salmonella* in pig production", The EFSA Journal, 341, 1-131.
- Berends B.R., Urlings H.A.P., Sniijders J.M.A., Van Knapen F., 1996. Identification and quantification of risk factors in animal management and transport regarding *Salmonella* spp. In pigs International Journal of Food Microbiology, 30, 37-53.
- Fravallo P., Cariolet R., Proux K., Salvat G., 2003. Le portage asymptomatique de *Salmonella enterica* par les porcs : résultats issus de la constitution d'un modèle en conditions expérimentales. Journées de la Recherche Porcine, 35, 393-400.
- Ivanek, R., Snary, E.L., Cook, A.J., Grohn, Y.T., 2004. A mathematical model for the transmission of *Salmonella* Typhimurium within a grower-finisher herd in Great Britain. Journal of Food Protection, 11, 2403-2409.
- Kranker S., Alban L., Boes J., Dahl J., 2003. Longitudinal study of *Salmonella enterica* serotype Typhimurium infection in three Danish farrow-to-finish swine herds. Journal of Clinical Microbiology, 41, 2282-2288.
- Nielsen B., Baggesen D., Bager F., Haugegaard J., Lind P., 1995. The serological response to *Salmonella* serovars typhimurium and infantis in experimentally infected pigs. The time course followed with an indirect anti-LPS ELISA and bacteriological examinations. Veterinary Microbiology, 47, 205-218.
- Read, J.M., and Keeling, M.J., 2003. Disease evolution on networks: the role of contact structure. Proceedings of the Royal Society of London, 270, 699-708.
- van der Gaag, M.A., Vos, F., Saatkamp, H.W., van Boven, M., van Beek, P. and Huirne, R.B.M., 2004. A state-transition simulation model for the spread of *Salmonella* in the pork supply chain. European Journal of Operational Research, 3, 782-798.