HAL
open science

Dairy Health Manager : un simulateur multi-agents flexible pour l'étude des maladies des animaux d'élevage

Philippe Gontier, Nathalie Bareille, Sébastien Picault

To cite this version:

Philippe Gontier, Nathalie Bareille, Sébastien Picault. Dairy Health Manager : un simulateur multi-agents flexible pour l'étude des maladies des animaux d'élevage. 30. Journées Francophones sur les Systèmes Multi-Agents, Plate-forme Intelligence Artificielle (PFIA), Jun 2022, Saint-Etienne, France. pp.97-106. hal-03710369

HAL Id: hal-03710369

https://hal.inrae.fr/hal-03710369

Submitted on 11 Jul 2022

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.

Dairy Health Manager : un simulateur multi-agents flexible pour l'étude des maladies des animaux d'élevage

Philippe Gontier
philippe.gontier@oniris-nantes.fr

Nathalie Bareille
nathalie.bareille@oniris-nantes.fr

Sébastien Picault
sebastien.picault@inrae.fr

INRAE, Oniris, BIOEPAR, 44300, Nantes, France

Résumé

La simulation permet de comparer des scénarios d'apparition, de développement et de traitement de maladies et d'identifier des leviers de maîtrise efficaces. Dans le cas de l'élevage, des simulateurs ad hoc ont été régulièrement élaborés pour quantifier l'effet des maladies sur les performances animales et leurs conséquences économiques. La plateforme DHM (Dairy Health Manager) propose un cadre multi-agents pour renforcer la performance, la généricité et l'évolutivité de tels modèles et faciliter les échanges avec des scientifiques non modélisateurs en sciences animales. Dans cet article, nous illustrons la modularité de DHM à travers des Agents Vaches Laitières (AVL) et les Agents Délégués Quartiers (ADQ) évoluant au sein des différents lots du troupeau. Le développement d'une première application à une maladie métabolique, les cétoses, offre de nombreuses perspectives.

Mots-clés : *Simulation de troupeaux, Maladies des bovins laitiers, Modélisation multi-niveaux*

Abstract

Simulation allows to compare the dynamics and treatment scenarios for various diseases and to identify the most effective control measures. In animal production, simulators have been regularly developed to assess the effect of animal diseases on animal performances and their economic consequences. The DHM platform (Dairy Health Manager) offers a multi-agent framework to enhance the performance, genericity and upgradability of such models and facilitate exchanges with non-modelling scientists in animal sciences. We illustrate the modularity of DHM through Dairy Cow Agents and Quarter Delegate Agents evolving within the batches of the herd. The development of a first application to a metabolic disease, ketosis, opens multiple perspectives.

Keywords: *Herd simulation, Dairy cattle diseases, Multi-level modelling*

1 Introduction

La rentabilité économique des mesures collectives de maîtrise de la santé est un axe majeur des recherches menées dans le domaine de l'agriculture. Pour être en mesure d'analyser les effets économiques de scénarios de maîtrise de la santé animale au niveau du troupeau, toutes choses égales par ailleurs, le recours à un simulateur d'élevage bovin laitier prenant en compte les effets individuels et leurs interrelations est très pertinent. À cette fin, ce simulateur doit représenter les fonctions biologiques impactées par les maladies les plus fréquentes et les fonctions ayant un impact fort sur la rentabilité de l'activité.

Les résultats obtenus en simulation doivent être cohérents avec ceux qui seraient observés sur le terrain. Cela passe par une modélisation précise des décisions prises par l'éleveur et de leur impact biologique sur chacun des animaux, compte tenu de leurs caractéristiques propres. Du fait de la diversité des caractères individuels à modéliser pour chaque fonction biologique, le système à représenter doit être centré sur l'individu.

En santé animale, des simulateurs de troupeaux laitiers intégrant la gestion individuelle et une dimension économique ont déjà été dé-

veloppés pour répondre à des problématiques ciblées et sans anticiper l'évolution des besoins, la transposition à des contextes différents ou l'évolution des connaissances scientifiques. Pourtant, la réponse à apporter aux professionnels de l'élevage pour mettre au point leur stratégie de maîtrise doit permettre d'intégrer de manière réactive le progrès des connaissances en sciences animales. Elle doit prévoir d'emblée l'évolutivité propre à intégrer de nouvelles pratiques d'élevage (réelles ou expérimentales) ou liées à la modélisation de nouvelles maladies. Cette réactivité implique un dialogue permanent et interdisciplinaire entre biologistes et informaticiens quant aux besoins fonctionnels induits par de nouvelles questions scientifiques.

L'objectif de cet article est de présenter l'approche méthodologique mise en œuvre à partir d'une vision macroscopique des champs disciplinaires et de décrire la modélisation du Système Multi-Agents (SMA) mis en pratique pour la production du logiciel de simulation « *Dairy Health Manager* » DHM [8] avec comme première application la prise en compte de la cétose, maladie métabolique des bovins laitiers.

2 Besoins et travaux proches

2.1 Besoins de simulation

Le développement d'un simulateur de troupeau laitier évolutif a été entamé en 2015 au sein de l'UMR BIOEPAR (Biologie, Épidémiologie et Analyse des Risques en santé animale). Dans cette unité, les travaux conduits visent à comprendre et agir sur les déterminants et la transmission des maladies des animaux d'élevage d'origine multifactorielle. L'objectif de ce développement était de permettre à un expérimentateur d'évaluer des stratégies de maîtrise des maladies multifactorielles courantes en élevage bovin d'un point de vue technique et économique afin d'*in fine* conseiller les éleveurs. La solution à mettre en œuvre devait donc prendre en compte la dynamique d'individus aux caractéristiques biologiques multiples et de leurs interactions, ce qui orientait naturellement vers une approche SMA. Compte tenu de la diversité des objets d'application abordés par les chercheurs de l'unité, la modélisation devait intégrer des contraintes d'évolutivité et s'appuyer sur une structuration modulaire répartissant la complexité des différents domaines à traiter (reproduction, production laitière, alimentation, génétique des animaux, gestion de la population et maladies multifactorielles ou purement infectieuses). De plus, la solution devait être suffisamment générique pour intégrer de nouveaux concepts de manière réactive. Enfin, la stochasticité des modèles et la variété des scénarios à explorer, conduisant à de nombreuses répétitions, nécessitait de garantir les meilleures performances techniques possibles tout en préservant la reproductibilité des simulations.

2.2 Simulateurs de troupeaux laitiers

Le développement de simulateurs de troupeaux bovins laitiers intégrant l'impact économique des maladies multifactorielles n'est pas nouveau. ECOMAST (« ECOnomy MASTitis ») a été développé à BIOEPAR à partir de 1997. Son but était d'appuyer une thèse relative à l'efficacité économique de la maîtrise des mammites (maladie multifactorielle à composante infectieuse) en élevage bovin laitier [10]. Il a ensuite fait l'objet d'évolutions au gré des questions scientifiques qui se sont succédé, par exemple en intégrant un sous-modèle génétique pour l'évaluation de l'intérêt du croisement génétique entre des races laitières [5]. ECOMAST est écrit en Visual Basic et s'appuie sur une base de données Access. Les produits issus de cette technologie vieillissante étant peu performants et difficilement maintenables, ECOMAST n'était plus en mesure d'évoluer au gré des connaissances scientifiques, de la disponibilité croissante de données réelles d'exploitation, ni pour intégrer de nouvelles questions de recherche.

Parmi les autres outils de simulation d'intérêt figure le simulateur danois SIMHERD [16] qui se base sur une gestion des individus et met en œuvre un large spectre de fonctions (production, reproduction, santé, comptabilité, alimentation). Si la prise en compte de ces sujets représentait un intérêt certain pour notre projet, la spécificité danoise, notamment en matière de conduite de troupeau, rendait difficile son réemploi. D'autres simulateurs comme DAFOSYM [18] ou encore celui développé par Simone Kraatz [12] proposaient des fonctionnalités intéressantes, mais leur axe fonctionnel était orienté vers les questions de nutrition et de maladies métaboliques uniquement.

2.3 Modèles épidémiologiques

Les modèles épidémiologiques mécanistes sont destinés à comprendre et prédire la propagation d'agents pathogènes, et à comparer des scénarios de maîtrise des maladies purement infectieuses. Ils peuvent opérer à différentes échelles (lot d'animaux, troupeau, région, filière de production), ainsi que la dynamique de leurs vecteurs le cas échéant. Leur intérêt pour l'appui à la décision en santé [6] est désormais bien connu depuis la pandémie de Covid-19. Certains de ces modèles mettent en œuvre une gestion individuelle associée à des performances animales.

En revanche, ils sont généralement sujets à trois limitations. D'abord, ils n'intègrent pas la production de bilans économiques, pourtant nécessaires dans le cas des maladies multifactorielles. Ensuite, ces modèles se sont généralement focalisés sur la question scientifique traitant des voies de transmission et des leviers pour les réduire, ils intègrent peu les effets combinés de caractéristiques multidisciplinaires. En effet, la nature purement infectieuse des maladies traitées et la spécificité des leviers de maîtrise associés sont assez éloignées des problématiques rencontrées avec les maladies multifactorielles. Enfin, la plupart de ces modèles sont développés de façon très spécifique à une maladie cible et manquent de généricité. Ce n'est que récemment que se sont développées des approches ouvertes et génériques, telles que des frameworks orientés objets comme Broadwick [14], ou un couplage entre un simulateur générique et un langage dédié à la modélisation épidémiologique tels qu'EMULSION [17] ou Kendrick [2]. Néanmoins, l'intégration dans ces outils de modes de conduite d'élevage complexes reste encore une question de recherche [20].

2.4 Plateformes multi-agents

Une fois le cadre SMA identifié comme pertinent, l'utilisation d'une plateforme multi-agents générique a été étudiée. Repast HPC [4] propose d'excellentes performances techniques obtenues notamment grâce à la parallélisation. Il permet d'agir finement sur l'architecture du système modélisé et ses caractéristiques opérationnelles, et offre un ordonnancement efficace pour la simulation des scénarios souhaités. Toutefois l'emploi de cette solution en soutien à la question scientifique d'un chercheur non-modélisateur aurait imposé le développement d'une interface logicielle qui facilite les interactions. Ce type d'interface est offert par la plateforme GAMA [9], mais les performances techniques affichées par cette solution s'avéraient insuffisantes au regard du besoin.

Les limitations rencontrées sur les simulateurs de troupeaux existants, le manque de détails économiques et techniques dans les modèles épidémiologiques, et les besoins de performance et de contrôle sur le moteur, nous ont conduit à développer *de novo* un nouveau système de simulation. Le choix méthodologique retenu consiste donc d'une part à s'appuyer sur de bonnes pratiques de génie logiciel pour un développement performant et ouvert, et d'autre part à mobiliser UML [19] comme support d'échange entre disciplines, d'expression et de validation des hypothèses, ainsi que

préconisé par Bersini [1] pour le développement de simulations multi-agents.

3 Le simulateur DHM

Le simulateur DHM vise à fournir un laboratoire virtuel permettant d'étudier des questions de recherche sur la santé des bovins laitiers. Il combine des fonctionnalités sous forme de modules évolutifs et interconnectés (figure 1). Chaque module contient des machines à états décrivant les processus constituant les comportements des agents, et des classes qui décrivent des modèles biologiques (par exemple un modèle de lactation selon l'état des agents).

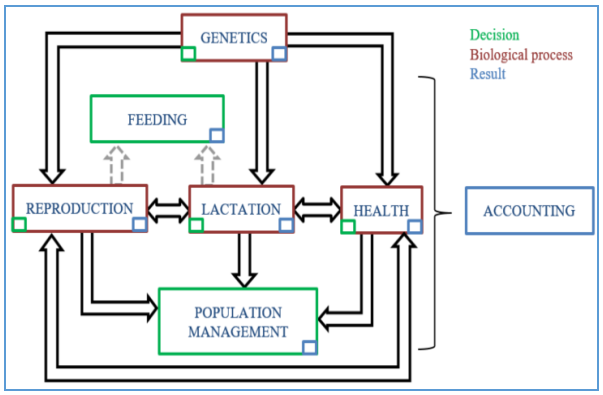

FIG. 1 - Modules constituant le simulateur DHM

Ce simulateur permet l'expérimentation de scénarios diversifiés en termes d'échelle de temps, paramètres d'élevage, durée de simulation et nombre de répétitions. De plus, son architecture doit permettre à moyen terme une déclinaison pour d'autres conduites d'élevage, d'autres types de troupeaux voire d'autres espèces. Sa production devait donc s'inspirer des méthodes agiles pour privilégier l'interaction avec les scientifiques non-modélisateurs afin de pouvoir identifier les domaines attachés aux besoins fonctionnels potentiels et les intégrer dans une architecture multi-agents cohérente et extensible. UML a donc été mobilisé pour définir les éléments constitutifs de l'élevage bovin laitier en y décrivant les agents, leur environnement ainsi que les règles de leurs interactions, en mettant en œuvre les *design patterns* [7] idoines, le tout garantissant leur évolutivité descriptive.

3.1 Les agents et leur environnement

Les stratégies de maîtrise en santé animale et leur évaluation économique mobilisent un éventail disciplinaire très vaste, combinant différentes échelles (intra- ou inter-individuelles, lots, troupeaux) et ciblant différentes espèces. En tant qu'outil de recherche, DHM est par ailleurs amené à incorporer des travaux de maturité variable. Une étude préliminaire des domaines impliqués a donc été menée dès le lancement du projet. Des interviews auprès d'acteurs de différentes disciplines (épidémiologistes, modélisateurs, économistes, zootechniciens, parasitologues) ont permis d'identifier les notions pertinentes autour de la santé des animaux et de les positionner dans un méta-modèle multi-agents, avec l'animal pour élément central.

Pour DHM, l'agent central de la simulation de troupeau laitier est la vache laitière : « Agent Vache Laitière » (AVL). Cet agent s'inscrit dans une hiérarchie de classes intégrant différents niveaux d'abstraction pour garantir la généricité et l'évolutivité pour des extensions ultérieures (figure 2).

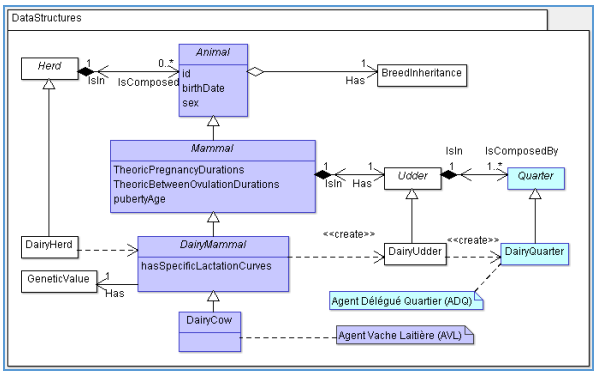

FIG. 2 - Définition statique des agents

Les agents dérivés du concept « *Mammal* » encapsulent un environnement « mamelle » (« *Udder* ») qui se compose pour une vache de quatre quartiers (agents « *Quarter* ») ayant leur propre production et sensibilité aux divers agents pathogènes. La modélisation multi-niveaux de ces notions permet de déléguer une partie des fonctions biologiques à une échelle intra-individuelle tout en

gagnant en modularité.

Les mammifères élevés spécifiquement pour la production laitière (« *DairyMammal* ») présentent une valeur génétique dédiée (« *GeneticValue* ») et disposent d'une mamelle dotée d'une capacité de production journalière (« *DairyUdder* »). C'est à ce niveau que se situent les « Agents Délégués Quartiers » (ADQ) qui ont leurs propres états et interactions. L'AVL (« *DairyCow* ») héberge donc quatre ADQ qui représentent les quatre quartiers de la mamelle. Cette dernière constitue un environnement qui permet les interactions entre l'AVL et les ADQ ou entre les ADQ, ce qui joue un rôle clé dans la propagation des agents pathogènes responsables de mammites. De même, les AVL interagissent au sein de l'environnement encapsulé par le troupeau. Ce dernier peut s'accroître par la naissance ou l'achat d'AVL qui évoluent ensuite de façon autonome selon leurs propres caractéristiques, en contribuant à l'activité productive de l'exploitation laitière et à la charge comptable associée (e.g. frais de santé, de reproduction et d'alimentation).

3.2 Comportements

Les actions des individus concernent les fonctions biologiques et comportementales, les effets de la conduite d'élevage (performances de production et de reproduction, santé, valeur génétique propre) et leurs éventuelles conséquences collectives (interactions liées à la reproduction et à la santé entre agents situés dans le même environnement). Tous ces comportements ont été modélisés par des machines à états.

Pour l'AVL, sont pris en compte l'avancement de son âge, sa situation reproductive (ovulation, gestation, vêlage…), son état de production laitière (en cours de lactation, tarie…), l'apparition ou l'évolution d'une maladie, la prise de traitements médicaux, sa consommation d'aliment ou même sa mort. Pour l'ADQ, l'activité concerne principalement la quantité et la composition du lait produit, et l'état d'avancement des éventuelles maladies. Les mammites, dont les cas les plus graves peuvent aller jusqu'à occasionner l'arrêt de leur activité, impliquent des interactions avec les autres ADQ de la mamelle. La figure 3 illustre les relations impliquées dans la modélisation du processus biologique de reproduction, piloté par une gestion d'états. Les ovulations peuvent être détectées par l'éleveur qui procède à une insémination, et conduit en cas de succès à une gestation.

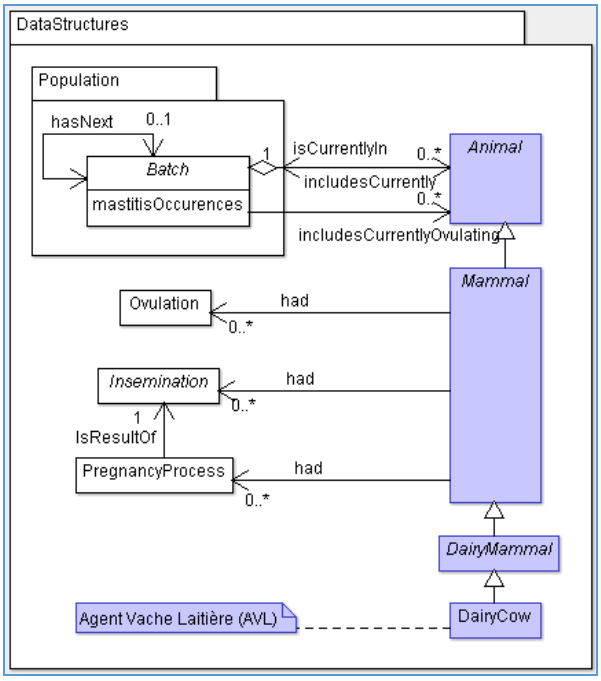

FIG. 3 - Définition des principales associations dynamiques de l'AVL

Certaines actions confiées aux agents peuvent dépasser leur responsabilité du fait de la complexité de la réponse à apporter. C'est le cas par exemple du calcul de la quantité de lait produite quotidiennement par un AVL, qui dépend pour partie de sa propre capacité du moment ou de celle de ses ADQ, mais

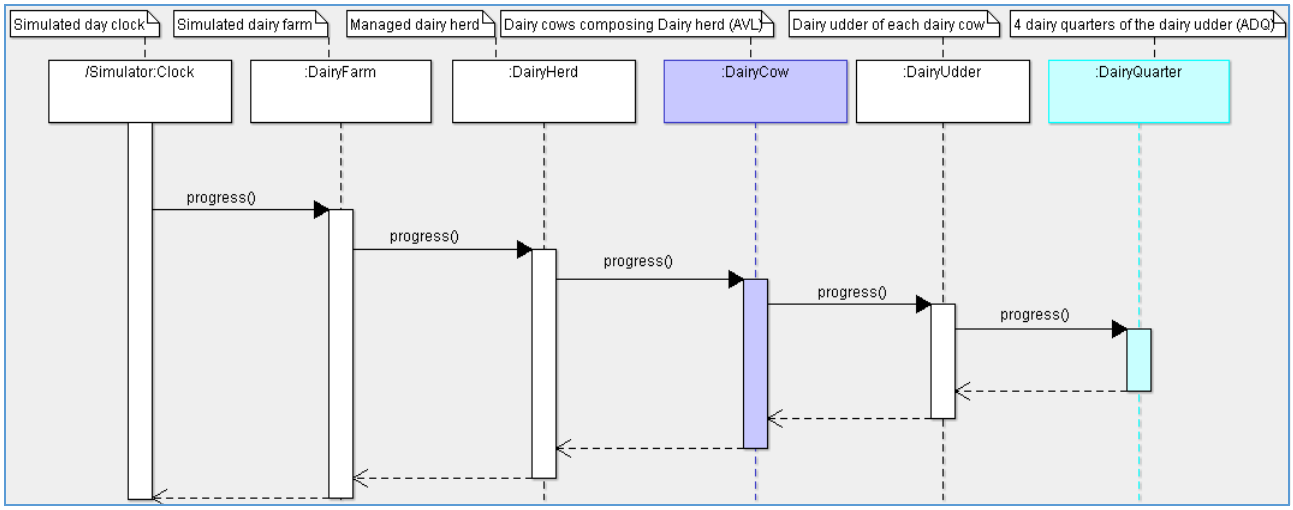

FIG. 4 – Enchaînement du signal de progression jusqu'à et à travers l'agent

également d'influences externes (nombre de traites quotidiennes, objectifs de production, période de l'année). Dans ce cas, les agents s'appuient sur des sous-modèles biologiques définis dans chaque module (par exemple l'équation de production laitière selon l'état de l'agent, module « LACTATION » de la figure 1). Les interactions entre AVL sont mises en œuvre dans trois domaines précis : le vêlage, l'effet de groupe des chaleurs et la contagiosité de certaines maladies. Les AVL ont pour environnement le lot dans lequel ils se trouvent (« *Batch* », figure 3), i.e. le regroupement des animaux bénéficiant de la même conduite d'élevage. Le vêlage est l'interaction la plus forte entre deux individus, car il s'agit pour un AVL mère d'instancier un ou plusieurs autres AVL veaux, avec transmission d'une partie de son patrimoine génétique. Pour ce qui est de l'effet de groupe, l'expression comportementale de l'ovulation d'une vache (l'œstrus) peut favoriser celle de ses congénères dans la même situation et du même lot, ce qui peut faciliter sa détection par l'éleveur. Pour cela l'agent AVL dépose dans son environnement « lot » l'information relative à son entrée en ovulation.

Enfin pour la contagiosité, la probabilité qu'une vache soit atteinte par la maladie peut être accentuée par la prévalence de la maladie dans son lot. C'est le cas des mammites dont l'incidence augmente si d'autres vaches du lot sont également concernées. Cette interaction existe aussi au niveau de la mamelle puisque l'état sanitaire de chaque ADQ influe sur la probabilité d'apparition d'une mammite sur les ADQ voisins.

3.3 Parallélisation et ordonnancement

L'ordonnanceur du simulateur a été conçu pour garantir la reproductibilité des expériences. Les modèles manipulés étant stochastiques, chaque répétition d'une expérience est associée à une graine du générateur pseudo-aléatoire. À graine fixée, l'ordre d'activation des agents est toujours le même, de sorte que les exécutions peuvent être parallélisées sans préjudice pour la reproductibilité des résultats. En ce qui concerne la dynamique de simulation, le système modélisé est caractérisé par une échelle temporelle qui rythme les actions des agents de l'élevage à simuler. Les comportements de l'AVL et de l'ADQ sont rythmés par l'horloge selon un signal qui se propage d'agent en agent (figure 4). Ce signal se déclenche une fois par jour simulé pour que les agents réalisent en toute autonomie les actions de progression liées à leur état, en tenant compte des circonstances.

3.4 Mise en œuvre

DHM a été implémenté en C++ dans une

architecture orientée objets de façon à faciliter la mise en œuvre des concepts SMA. UML a été employé avec les utilisateurs pour définir la spécification des agents et leurs comportements. Afin de maximiser les performances du simulateur, la parallélisation des répétitions a été utilisée en s'appuyant sur la sérialisation binaire pour le transfert de données et en exploitant la technologie « *OpenMP* » [15]. Le bénéfice en temps de calcul a pu être constaté lors de la première exploitation du simulateur sur les serveurs de calcul du Centre de Calcul Intensif des Pays de la Loire [3].

Le déploiement proposé sous la forme d'un composant ré-employable (bibliothèque dynamique multiplateforme) offre une réponse à l'objectif visé d'une mise en œuvre diversifiée (application autonome, web…).

4 Une première application : MO3SAN

DHM est un simulateur destiné à s'étendre, en accueillant au fil du temps et de manière itérative diverses questions nouvelles. Le projet MO3SAN relatif à la santé des vaches Montbéliardes a été le premier à mettre en œuvre DHM. Son objectif est de développer des méthodes et des indicateurs nouveaux pour mettre à disposition des éleveurs laitiers des références et moyens de maîtrise des principales maladies bovines par l'amélioration des pratiques et la génétique [13]. DHM a été choisi comme support pour la simulation des scénarios devant intégrer en particulier les règles de gestion relatives à la cétose, maladie métabolique multifactorielle des bovins laitiers [11]. L'intégration des fonctionnalités nécessaires a été facilitée par la modularité et la généricité de l'architecture. Le processus mis en œuvre visait dans un premier temps à déterminer comment des facteurs de risque associés à la prévalence d'une maladie dans le troupeau pouvaient influer sur l'état de santé des animaux, et par voie de conséquence sur leurs performances de production, donc sur le bilan économique de l'élevage (figure 5).

Nous avons décrit les différents niveaux de gravité des cétoses que pouvait subir une vache et les conséquences individuelles sur chacun des aspects la concernant (reproduction, production, létalité…). La dynamique associée à l'évolution de la maladie et la prise des traitements médicaux correspondants ont été réalisées par une machine à états spécifique. Pour ce qui est des impacts individuels présentant un niveau de décision plus complexes comme celui de l'application des taux d'incidence, leurs modulations éventuelles et la détectabilité, ils ont été pris en charge par le sous-modèle biologique représenté par le module « HEALTH » de la figure 1. Des leviers de conduite d'élevage ont été ajoutés sous la forme de paramètres d'entrée pour permettre à l'utilisateur de manipuler le troupeau selon le scénario désiré en relation avec la maladie. Ils concernent le niveau général de prévention des cétoses de l'élevage, la mise en œuvre de moyens complémentaires de détection et la description des effets des traitements médicaux prodigués (délai d'action, effet sur la production laitière et la reproduction, probabilité de succès et de réduction du risque d'aggravation). Également paramétrables selon les scénarios, les données tarifaires liées aux activités et événements relatifs à la cétose ont été introduites pour contribuer à la constitution du bilan économique.

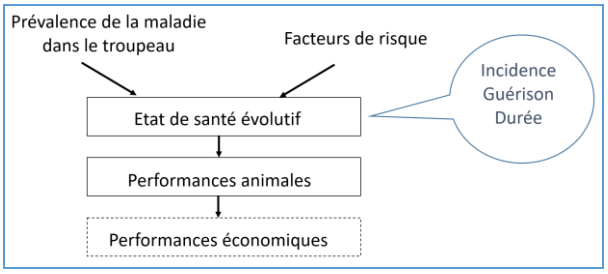

FIG. 5 - Impact des agents pathogènes et des facteurs de risque sur les performances économiques

Cette modélisation à base d'agents a permis de reproduire les conditions réalistes de la maîtrise des maladies multifactorielles au sein du troupeau et de fournir des résultats en

conséquence. Pour autant, l'intégration de ce nouveau modèle de maladie dans le simulateur a conduit à un réajustement de certaines constantes générales. Par exemple, la prise en compte du taux de mortalité propre à la cétose a nécessité de recalculer celui appliqué jusqu'alors, qui traduisait la mortalité générale du troupeau quelle qu'en soit l'origine. Le principe adopté a été d'opérer un calibrage empirique de la mortalité observée dans les résultats de simulation du scénario par défaut (intégrant désormais la cétose), de manière à respecter les données d'observation et de la littérature.

Les simulations réalisées pour MO3SAN ont mis en œuvre trois types différents d'élevage. Leur spécificité résidait principalement dans la dimension du troupeau et son taux de renouvellement, les modalités de mise à la reproduction, la pratique du pâturage (influant les taux d'incidence des mammites), les rations alimentaires, les niveaux de production et enfin les prix pratiqués. Pour chacun de ces élevages, deux niveaux de fréquence combinés des mammites et des cétoses ont été déterminés en modulant le niveau de prévention, ce qui a conduit à paramétrer 12 élevages différents. Chaque scénario a donné lieu à 500 répétitions stochastiques [11] pour obtenir une distribution stable des sorties.

Avant de produire les résultats, nous avons réalisé un calibrage fonctionnel des données moyennes d'entrée. En effet, certains paramètres permettent de positionner un objectif pour l'expérimentateur (quantité de lait à produire, rémunération…), mais du fait de la multiplicité de facteurs impliquées, un écart à l'attendu peut être constaté, nécessitant un ajustement. Une fois les données d'entrée calibrées, les élevages ont été simulés dans les conditions prévues ci-dessus.

Ces simulations sur la plateforme de production du CCIPL ont occasionné plus d'un milliard d'activations d'AVL, et près du double pour les ADQ d'AVL adultes, sur une durée totale de l'ordre de 10 minutes, ce qui a représenté 1/10ème de seconde en moyenne pour une répétition.

Les résultats obtenus ont permis de comparer l'effet des différents scénarios dans chacun des domaines modélisés (production laitière, gestion de la population, performance de reproduction, états de santé mammites et cétoses, et enfin bilan comptable des charges et produits de l'exploitation). Le niveau de fréquence des cas de cétoses dépend de divers facteurs d'influence (génétique, rang de lactation, niveau de production laitière, durée de la lactation précédente, présence d'autres maladies comme les mammites, actions de prévention).

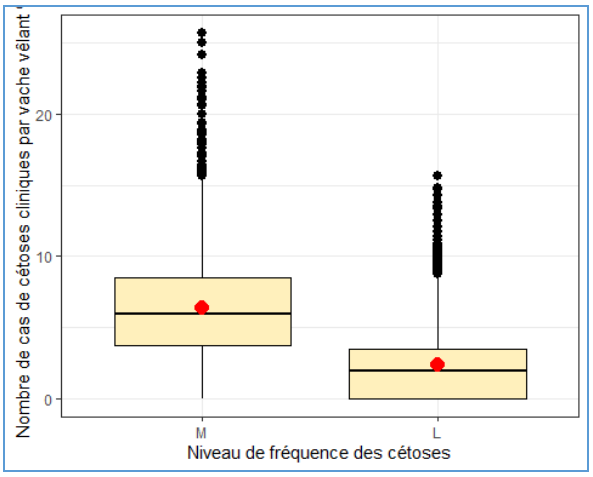

FIG. 6 - Variabilité du nombre de cas de cétoses cliniques (i.e. observées) par vache vêlant en fonction du niveau de fréquence des cétoses

La figure 6 présente une comparaison du nombre de cas de cétoses relevées dans deux scénarios, selon que la conduite de troupeau met en œuvre un niveau de prévention moyen (M) ou renforcé (L). Par ailleurs, l'analyse des effets comptables d'une amélioration des pratiques préventives (passage d'un niveau M à L) a permis de démontrer leur intérêt économique dans 3 contextes d'élevage différents (tableau 1).

TAB. 1 - Perte de marge brute de l'activité de production laitière (€/1000 litres)

Elevage	Grand-Ouest	AOP Comté	Massif Central
Effet des cétoses	-2,5	-2,8	-3,9
Effet des mammites	-7,5	-8,9	-7,0

Ce premier cas concret d'emploi du simulateur au profit d'une nouvelle question scientifique montre la capacité d'évolution de DHM.

5 Conclusion et perspectives

Le besoin de disposer d'un simulateur de troupeau laitier permettant à un expérimentateur d'évaluer des stratégies de maîtrise des maladies multifactorielles en fournissant des bilans techniques et économiques a conduit au développement d'un nouveau logiciel : DHM. L'évolutivité et la performance de l'outil produit ont démontré la pertinence du choix ayant consisté à réaliser en propre une architecture de type SMA. Grâce à la gestion individuelle des vaches laitières modélisées sous forme d'agents, les effets sur les performances des animaux en la présence d'agents pathogènes combinée avec des facteurs de risques dépendant de chaque situation ont pu être évalués tant au niveau individuel que collectif. Ainsi, par sa prise en compte fine des processus multifactoriels et complexes, ce SMA produit des résultats aussi fidèles à des situations réelles que réalistes pour des scénarios expérimentaux.

L'approche méthodologique adoptée consistant à intégrer d'emblée une dimension générique à la modélisation pour faciliter l'intégration itérative et en circuit court des réponses aux besoins fonctionnels exprimés a posteriori a fait la preuve de son intérêt. Tout cela participe à la recherche menée avec des approches pluridisciplinaires et multi-échelles dans le domaine de la santé des animaux d'élevage.

En ce qui concerne l'état de la connaissance scientifique, référence de la modélisation fonctionnelle, la base décrite dans la littérature est dans la plupart des cas obtenue dans un cadre restreint (une race, une région…) ou à l'inverse à une large échelle (performances animales publiées annuellement, publications agrégées…). La modélisation de ces différents grains de connaissance peut être problématique pour une implémentation dans DHM qui nécessite de détenir l'exhaustivité des règles de gestion à appliquer pour tous les contextes modélisés. L'accès à des données précises d'observation ou *a minima* les avis d'expert peuvent aider à contrecarrer cet inconvénient.

Si DHM est actuellement pleinement exploitable, du travail reste à réaliser, notamment des travaux d'analyses de sensibilité qui permettront d'identifier les leviers les plus influents sur les résultats clé afin d'en consolider la modélisation. Le simulateur sera ensuite mobilisé pour comparer *ex ante* l'efficacité technique et économique de stratégies de maitrise des maladies à la disposition des éleveurs. Une adaptation de DHM pour l'étude de problématiques analogues en élevage de bovins allaitants pourra être entrepris. Ces orientations dépendront des demandes éventuelles des entreprises privées du secteur de l'élevage ou de celles des pouvoirs publics.

Pour ce qui est de la recherche en épidémiologie, une étude pourrait être lancée pour évaluer l'intérêt d'une connexion avec le langage de modélisation épidémiologique du simulateur EMULSION [17]. Cela pourrait faciliter la prise en compte par DHM de maladies contagieuses pouvant être rencontrées au sein du troupeau, qui auraient fait l'objet de modélisations antérieures moins précises en termes de conduite d'élevage.

Remerciements

Nous remercions Christine Fourichon, ancienne directrice de BIOEPAR pour le partage de sa longue expérience en simulation de la santé animale, Arnaud Rault et Vianney Sicard de l'équipe Dynamo pour leur lecture avisée, Claire Jutel première utilisatrice de DHM, le CCIPL pour les ressources de calcul mises gracieusement à notre disposition et enfin Marc Jaouen pour ses précieux enseignements.

Références

[1] Bersini H (2012) UML for ABM. J Artif Soc Soc Simul 15. doi: 10.18564/jasss.1897

[2] Bui TMA, Papoulias N, Stinckwich S, Ziane M, Roche B (2019) The Kendrick modelling platform: language abstractions and tools for epidemiology. BMC Bioinformatics 20:312. doi:10.1186/s12859-019-2843-0

[3] CCIPL (2021) Le centre de calcul intensif des Pays de la Loire. https://ccipl.univ-nantes.fr/

[4] Collier N, North M (2013) Parallel agent-based simulation with Repast for High Performance Computing. Simulation 89:1215-1235. doi:10.1177/0037549712462620

[5] Dezetter C (2015) Evaluation de l'intérêt du croisement entre races bovines laitières. Thèse de doctorat

[6] Ezanno P, Andraud M, Beaunée G, Hoch T, Krebs S, Rault A, Touzeau S, Vergu E, Widgren S (2020) How mechanistic modelling supports decision making for the control of enzootic infectious diseases. Epidemics 32:100398. doi:10.1016/j.epidem.2020.100398

[7] Gamma E, Helm R, Johnson R, Vlissides J (1995) Design Patterns: Elements of Reusable Object-Oriented Software. ISBN:020163361-2

[8] Gontier P, Bareille N (2021) Dairy Health Manager. http://www.dairyhealthmanager.com

[9] Grignard A, Taillandier P, Gaudou B, Vo DA, Huynh NQ, Drogoul A (2013) GAMA 1.6: Advancing the Art of Complex Agent-Based Modeling and Simulation. In: PRIMA 2013: Principles and Practice of Multi-Agent Systems. PRIMA 2013. Lecture Notes in Computer Science(), vol 8291. Springer, Berlin, Heidelberg. doi:10.1007/978-3-642-44927-7_9

[10] Hortet P (2000) Evaluation ex-ante de l'efficacité économique des programmes de maîtrise des infections intramammaires en élevage bovin laitier. Thèse de doctorat

[11] Jutel C (2021) Estimation de l'impact Technico-économique des mammites et des cétoses par simulation dans trois systèmes d'élevages en race Montbéliarde. Thèse pour le diplôme d'Etat de docteur vétérinaire

[12] Kraatz S (2012) Energy intensity in livestock operations – Modeling of dairy farming systems in Germany. Agric Syst 110:90-106. doi:10.1016/j.agsy.2012.03.007

[13] MO3 (2019) Projet global santé en Montbéliarde. http://www.mo3.fr/2019/04/03/mo3san-projet-global-sante-en-montbeliarde/

[14] O'Hare A, Lycett SJ, Doherty T, M. Salvador LC, Kao RR (2016) Broadwick: a framework for computational epidemiology. BMC Bioinformatics 17:65. doi:10.1186/s12859-016-0903-2

[15] OpenMP (2021) The OpenMP API specification for parallel programming. https://www.openmp.org/

[16] Østergaard S, Chagunda MGG, Friggens NC, Bennedsgaard TW, Klaas IC (2005) A Stochastic Model Simulating Pathogen-Specific Mastitis Control in a Dairy Herd. J Dairy Sci 88:4243-4257. doi:10.3168/jds.S0022-0302(05)73111-8

[17] Picault S, Huang Y-L, Sicard V, Arnoux S, Beaunée G, Ezanno P (2019) EMULSION: Transparent and flexible multiscale stochastic models in human, animal and plant epidemiology. PLoS Comput. Biol. 15 (9), e1007342. doi:10.1371/journal.pcbi.1007342

[18] Rotz CA, Mertens DR, Buckmaster DR, Allen MS, Harrison JH (1999) A Dairy Herd Model for Use in Whole Farm Simulations. Journal of Dairy Science 82:2826-2840. doi:10.3168/jds.S0022-0302(99)75541-4

[19] Rumbaugh J, Booch G, Jacobson I (2000) Le guide de l'utilisateur UML. ISBN:978-2-212-09103-8

[20] Sicard V, Andraud M, Picault S (2021) L'organisation comme Design Pattern dans les systèmes multi-agents multi-niveaux. In: Actes des 29e Journées Francophones sur les Systèmes Multi-Agents (JFSMA'21). Cépaduès, p 73-82