



**HAL**  
open science

# Fréquence et nombre d'échantillons pour la minimisation des coûts d'une pathologie contagieuse animale ou végétale à évolution rapide

Jean-Philippe Terreaux

## ► To cite this version:

Jean-Philippe Terreaux. Fréquence et nombre d'échantillons pour la minimisation des coûts d'une pathologie contagieuse animale ou végétale à évolution rapide. 2024. hal-04850981

**HAL Id: hal-04850981**

**<https://hal.inrae.fr/hal-04850981v1>**

Submitted on 20 Dec 2024

**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.

# Fréquence et nombre d'échantillons pour la minimisation des coûts d'une pathologie contagieuse animale ou végétale à évolution rapide

Jean-Philippe Terreaux  
INRAE  
UR ETTIS  
Cestas - Bordeaux  
jean-philippe.terreaux@inrae.fr

Traduction en français de : Terreaux J.P., 2024, Frequency and Sample Size to Minimize the Cost of a Rapidly Evolving Infectious Animal or Plant Disease, *Agricultural & Rural Studies*, 2, 4, 0021, 8 p.

## Résumé

Face à une pathologie contagieuse, animale ou végétale, quelle politique d'échantillonnage faut-il mettre en place si l'on veut minimiser les coûts, ceux de la maladie ainsi que ceux liés aux prélèvements et analyses pour le suivi de son évolution ? Dans un premier temps nous calculons l'imprécision de la mesure en fonction du l'échantillonnage retenu et de la prévalence de la pathologie (Fig. 1 et 2). Ensuite, en fonction de la précision souhaitée et de la prévalence, nous calculons le nombre de prélèvements à réaliser (Fig. 3). Enfin, dans le cas d'échantillonnages itératifs (Fig. 4), en fonction des coûts de chaque prélèvement et analyse, et des coûts liés à la propagation de la pathologie, nous montrons sur un exemple quantitatif qu'il existe un optimum, c'est-à-dire une relation entre la fréquence et l'effectif (le nombre de prélèvements) de chaque échantillon, permettant de minimiser le coût de la pathologie. Nous donnons la relation qu'il existe à l'optimum entre l'effectif et la périodicité (Fig. 5), la relation entre le coût global minimum et la périodicité (Fig. 6), et enfin, sur un graphique à 3 dimensions (Fig. 7), nous montrons comment évolue le coût global en fonction de la périodicité et de l'effectif.

## Mots clés

échantillonnage, épidémie, épizootie, épiphytie, pathologie, dynamique, économie, coût, risque, probabilité, périodicité, répétition, optimisation, Monte Carlo

# 1. Introduction

Les organisations internationales sont de plus en plus conscientes de l'importance de la santé des animaux d'élevage et des cultures, comme en témoignent les publications de la Convention internationale pour la protection des végétaux (voir Secrétariat de la CIPV, 2023) et de l'Organisation mondiale de la santé animale (voir Organisation mondiale de la santé animale, 2023). Le présent document porte sur l'échantillonnage destiné à contrôler la propagation rapide des maladies animales ou végétales infectieuses : combien de prélèvements faut-il effectuer, et à quelle fréquence, pour réduire au minimum le coût de la maladie et le coût des mesures ? En effet, chaque mesure est coûteuse, trop en faire serait ruineux. Mais un suivi trop lâche risquerait de laisser la pathologie se développer et diffuser, ce qui aurait les mêmes conséquences.

Ce travail pluridisciplinaire participe à un ensemble d'études et de résultats, combinant épidémiologie, économie et modélisation, dans le but de ne pas chercher systématiquement à éradiquer les pathologies, mais d'en évaluer les coûts afin de les minimiser. Dans le même ordre d'idées, Silal (2021) montre comment la recherche opérationnelle multidisciplinaire peut contribuer à une gestion efficace des maladies infectieuses, avec un accent particulier sur la minimisation des coûts de détection des pathologies. Ces études incluent par exemple Han et al. (2020) sur le virus de la diarrhée virale bovine pour les troupeaux de vaches laitières et de bovins de boucherie.

L'enjeu est important financièrement. Pour prendre juste deux exemples, la grippe aviaire, qui impacte notamment les élevages de volaille a coûté à l'Etat français de l'ordre de 1,5 milliards d'euros pour la seule année 2022 (indemnisations des éleveurs, réquisitions, euthanasie des animaux, nettoyage et désinfection...) ; coûts auxquels il faut ajouter les pertes des professionnels des filières de transformation. L'anaplasmose chez les bovins (voir Railey & Marsh, 2021) entraîne le même type de conséquences économiques et pose ainsi les mêmes problèmes d'échantillonnage pour la détection précoce.

Concernant les végétaux, les dommages estimés de la maladie du « verdissement » des agrumes (citrus Huanglongbing, ou HLB) au cours des 5 dernières années avant 2020 s'élèvent, rien qu'en Floride, à plus d'un milliard de dollars par an, avec près de 5 000 emplois perdus chaque année (Li et al., 2020). Dans de nombreux pays, la sharka est une pathologie virale qui atteint les fruits à noyaux. Les modalités de surveillance et de détection évoluent actuellement suite au règlement européen UE 2016/2031 (voir Terreaux, 2023). Le suivi de cette pathologie est ainsi à réorganiser. L'enjeu est la poursuite de la production française de ces fruits (abricots, pêches, brugnons...). D'autres pathologies affectant les plantes cultivées et faisant l'objet de questions similaires incluent *Xylella fastidiosa* (voir Burbank, 2022). De nombreuses autres pathologies animales ou végétales induisent les mêmes questions, mais dans la suite de ce papier, nous prendrons comme exemple d'application et d'illustration celui de la grippe aviaire.

Dans un précédent article (Terreaux, 2022), nous avons calculé quel était l'échantillonnage (nombre d'animaux à tester) dans un élevage pour savoir, avec une fiabilité de 99% ou 95%, s'il était atteint ou pas par la pathologie. Ici nous complétons cette approche en tenant compte du fait que la pathologie peut apparaître à tout moment dans l'élevage, par exemple suite à des mesures de biosécurité défaillantes et à une contamination par un vecteur humain, venant d'un établissement infecté, ou par la faune sauvage. Dans les faits, les mesures de biosécurité mises en œuvre peuvent varier fortement d'une exploitation à l'autre, en fonction du cahier des charges, des objectifs et des enjeux de chaque agriculteur (voir Fountain et al., 2023). Ensuite, nous ne cherchons pas à savoir si l'élevage est atteint de la pathologie avec une précision donnée (99% ou 95 %). Nous avons ici pour objectif la minimisation du coût global de la pathologie, à savoir le coût des prélèvements et analyses additionné au coût d'élimination des troupeaux atteints, et au coût de laisser se diffuser

une pathologie qui peut être asymptomatique, notamment lorsque peu d'animaux sont atteints et excrètent des virus (par exemple les canards peuvent excréter des virus jusqu'à cinq jours avant l'apparition des premiers symptômes).

Les modalités de calcul sont alors très différentes : Tout d'abord le coût est aléatoire, puisque la pathologie va se diffuser de manière non déterministe. Le critère de décision peut alors, en première approximation, être la minimisation de l'espérance mathématique des coûts.

Ensuite, si pour un élevage donné à une date donnée, la probabilité d'apparition de la pathologie est de  $p$ , nous ne supposons pas que systématiquement une proportion  $p$  des animaux sont infectés. La situation est dichotomique : soit tous sont indemnes, soit certains sont atteints et dans ce dernier cas la pathologie va diffuser dans l'élevage. La prévalence (proportion d'animaux atteints) est ainsi généralement de zéro, mais parfois elle devient strictement positive (suite à une infection) et elle va croître alors. On suppose qu'elle croît de manière asymptomatique jusqu'à ce que la pathologie soit détectée par un échantillonnage dont les paramètres, notamment le nombre d'animaux analysés et la fréquence d'analyse, devront être judicieusement choisis. Les animaux sont alors euthanasiés. Ou bien l'échantillonnage est insuffisant et la pathologie reste non détectée jusqu'à ce que suffisamment d'animaux soient atteints (la prévalence passe un certain seuil) pour que certains périssent, ou bien que la consommation d'aliments par le troupeau baisse significativement etc., et que la maladie devienne symptomatique. L'abattage du troupeau s'ensuivra. Mais le problème de cette dernière situation est que la pathologie aura pu diffuser plus longtemps, plus largement, en dehors de l'élevage étudié, avec des coûts collectifs (via les autres élevages) bien supérieurs à ce qu'ils auraient été si la pathologie avait été détectée à temps.

La prévalence est ainsi susceptible d'évoluer au fil du temps. Dans un article précédent (Terreaux, 2022), nous avons calculé le nombre minimal d'animaux à tester pour une prévalence de 5%. Section 2 nous calculons la précision obtenue en fonction du nombre de tests et de la prévalence. Section 3 nous calculons le nombre de tests à effectuer en fonction de la prévalence pour avoir une précision de 99% ou de 95 %.

Section 4, nous introduisons explicitement la dynamique de la pathologie dans le troupeau, et nous supposons que l'échantillonnage est itératif : par exemple au lieu de tester 60 animaux en une fois, nous en testons 20, puis 20 autres après un laps de temps de  $T$ , puis ensuite 20 autres après une même durée  $T$  etc. L'objectif, répétons-le, n'est plus d'avoir une précision donnée pour la mesure, mais de minimiser le coût global de la pathologie. Sections 4.1. et 4.2. nous décrivons le modèle et donnons les valeurs retenues arbitrairement pour les différents paramètres. Section 4.3. nous montrons que plus cette durée  $T$  est élevée, plus le nombre d'animaux à tester doit être élevé, ce qui était attendu. Section 4.4., nous montrons comment le coût global passe par un minimum pour une durée  $T$  donnée (associée à un nombre d'animaux à tester calculé section 4.2.). Enfin section 4.4., nous montrons comment le coût global évolue en fonction de la périodicité  $T$  des mesures et du nombre d'animaux testés.

Le modèle mis en place section 4, à savoir une représentation simplifiée de la réalité, avec un jeu de paramètres choisi à titre illustratif, représente la dynamique de la pathologie au sein de l'élevage étudié. L'apparition de la pathologie ainsi que la détection ou pas de la pathologie dans l'élevage s'il est atteint sont aléatoires et se font selon deux processus de Monte Carlo imbriqués.

## 2. Imprécision de la mesure en fonction du nombre de tests et de la prévalence

Dans Terreaux (2022) nous avons montré que pour une prévalence de  $prev$ , le nombre  $N$  d'animaux à tester pour avoir une précision de  $\alpha$  (par exemple  $\alpha = 95\%$ ), avec un nombre  $y$  d'animaux dans le troupeau considéré, est de (voir aussi : Wonnacott & Wonnacott, 1990; Mann, 2010; Weiss, 2011) :

$$\frac{\frac{(y \cdot (1 - prev))!}{N! (y \cdot (1 - prev) - N)!}}{\frac{(y)!}{N! (y - N)!}} \leq 1 - \alpha$$

Dans la suite, on prendra  $y = 8000$  animaux dans le troupeau. Calculons la précision de la mesure, en fonction de  $N$  (la taille de l'échantillon). On obtient la Figure 1 pour une prévalence de 5%, et la Figure 2, si l'on fait varier cette prévalence entre 1% et 10%.

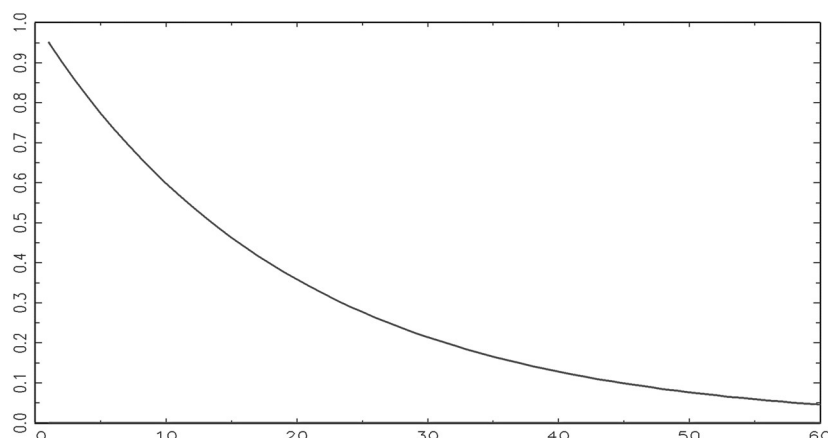


Figure 1 : Imprécision de la mesure pour une prévalence de 5 % en fonction de l'échantillonnage

En abscisse : nombre d'échantillons ; en ordonnée : imprécision ( $1-\alpha$ ) obtenue.

Exemple de lecture : avec 20 prélèvements, l'imprécision de la mesure est de 36 % ; autrement dit, si la pathologie est dans le troupeau, il y a 36 % de risque de ne pas la détecter.

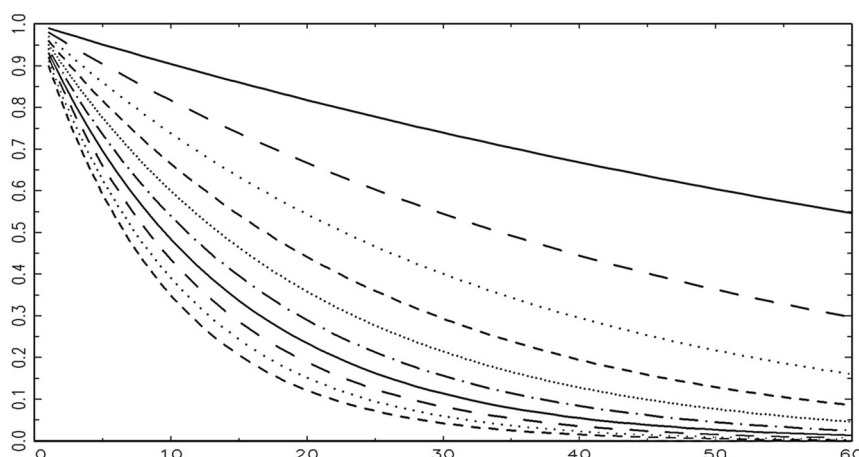


Figure 2 : Imprécision de la mesure en fonction de l'échantillonnage pour différentes prévalences

De haut en bas : prévalence de 1%, 2%...10%

Exemple de lecture : avec 20 prélèvements et une prévalence de 2%, l'imprécision de la mesure est de 67 % ; autrement dit, si la pathologie est dans le troupeau, il y a 67 % de risque de ne pas la détecter.

### 3. Nombre d'échantillons en fonction de la prévalence

Calculons maintenant, toujours avec la même formule, le nombre d'échantillons nécessaires pour avoir une précision de 99 % ou 95 %, en fonction de la prévalence. Nous obtenons le graphique suivant (Figure 3). Nous prenons toujours  $y = 8000$ .

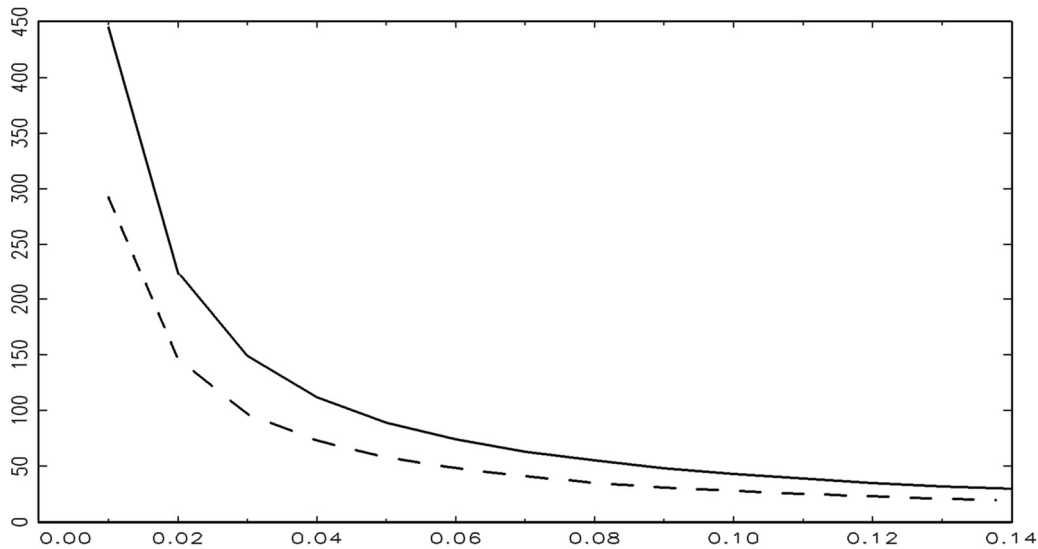


Figure 3 : Nombre d'échantillons nécessaires pour obtenir une précision donnée :  
courbe du haut : 99 %, courbe du bas : 95 %

Abscisse : prévalence ; ordonnée : nombre d'échantillons

Exemple de lecture : avec une prévalence de 5%, il est nécessaire de faire 89 prélèvements pour une précision de 99% et 58 prélèvements pour une précision de 95 %.

### 4. Echantillonnage itératif

Puisque la contamination de l'exploitation par la pathologie peut se produire à tout instant, il semble intéressant non pas de déterminer avec précision si cette contamination a eu lieu ou pas à un instant  $t$ , et à cause de coûts qui seraient prohibitifs, de ne pas réitérer peu après cette mesure, mais au contraire de faire régulièrement des tests quoiqu'avec un échantillonnage plus faible. L'objectif n'est alors plus de s'assurer que la pathologie est absente, mais de minimiser les coûts, à la fois les coûts de l'échantillonnage et de l'analyse et aussi les coûts liés à une diffusion de la pathologie (en évitant que la prévalence ne devienne trop élevée, ou que la pathologie ne devienne symptomatique). Il s'agit ainsi d'un coût global pour la société, nous y reviendrons en conclusion. Par exemple, pour un grand troupeau, au lieu de tester 60 individus à la fois (voir Terreaux, 2022 : ces 60 individus sont suffisants pour savoir si un troupeau de 8000 individus, comme dans l'exemple numérique ci-dessus, ou plus petit, est affecté par la pathologie avec une précision de 95% lorsque la prévalence est de 5%), on peut tester de façon répétée, tous les  $T$  pas de temps,  $N$  individus, avec  $N < 60$ ,  $N$  et  $T$  restant à calculer.

#### 4.1. Un échantillonnage itératif pour limiter les coûts

Nous représentons Figure 4 la situation envisagée : échantillonnage de  $N$  individus tous les  $T$  pas de temps (ici en jours). La flèche brisée représente l'arrivée de la pathologie. A partir de ce moment le nombre d'animaux atteints et la prévalence augmentent de manière exponentielle. Cela correspond à une représentation standard du début de l'évolution d'une pathologie : un modèle SIR (voir Murray, 2002 ; Terreaux, 2017) sans R, c'est-à-dire sans rémission pour certains individus.

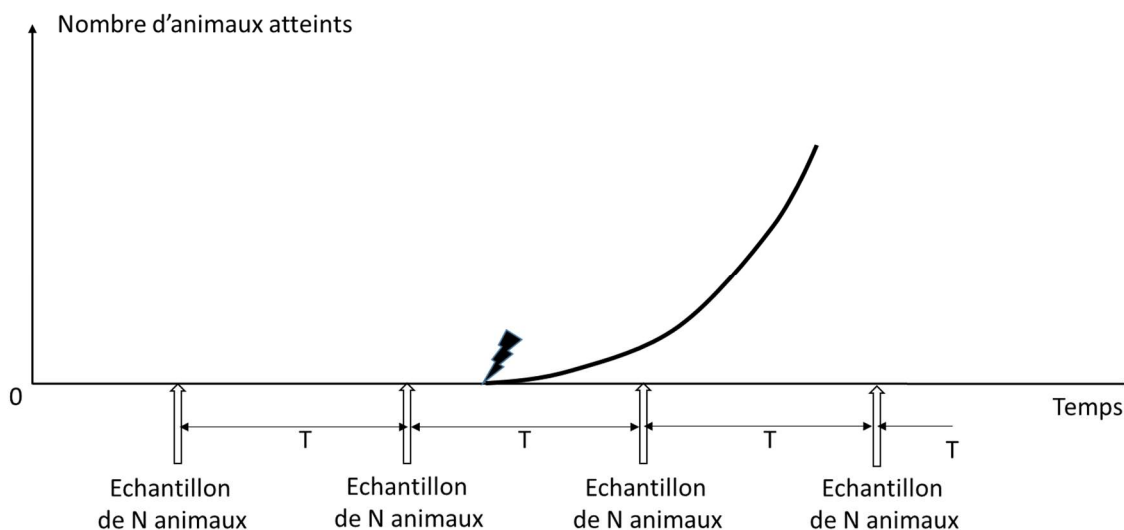


Figure 4 : Schéma représentant la survenue de la pathologie et les différents échantillonnages espacés de  $T$

Nous utilisons alors une procédure de Monte Carlo : En partant de l'instant initial, nous simulons une première trajectoire sur un horizon  $H$  : à chaque date  $t$ , la pathologie peut arriver dans l'exploitation avec une probabilité  $p$ , ou sinon le troupeau reste sain. A partir du moment où elle arrive en  $t$ , elle se développe de manière exponentielle avec un coefficient  $\delta$  (à chaque incrément de date, c'est-à-dire toutes les 24 heures, le nombre d'individus infectés est multiplié par  $\delta$ ). Cela augmente mécaniquement la prévalence, et ainsi la probabilité de détecter la pathologie lors de l'échantillonnage suivant. Si la pathologie est détectée, le troupeau est éliminé avec un coût  $C1$ . Et alors pendant un temps de quarantaine  $Q$  le bâtiment est laissé vide, avant de mettre en place un nouveau troupeau. Mais un échantillonnage de seulement  $N$  animaux, une prévalence faible, la malchance peuvent entraîner que la pathologie, bien que présente n'ait pas été détectée. Elle continue alors de se développer au rythme imposé par  $\delta$ . Si la prévalence devient supérieure à un taux  $P_{\max}$ , la pathologie devient symptomatique, et le troupeau est abattu ; le coût est alors de  $C2$ , supérieur à  $C1$ , car la pathologie aura pu se diffuser pendant ce temps. Une quarantaine de même durée s'ensuit, avant une nouvelle mise en place.

Au total, cette trajectoire occasionne différents coûts sur l'horizon temporel considéré : celui des mesures, et éventuellement un ou plusieurs coûts  $C1$  et un ou plusieurs coûts  $C2$ . En les additionnant, on obtient le coût global de cette trajectoire. En répétant un grand nombre de fois (en pratique 100.000 fois) la génération de telles trajectoires sur un horizon  $H$ , on en déduit le coût moyen de ces trajectoires, qui n'est autre que l'espérance mathématique de coût, en fonction des valeurs numériques choisies pour chacun des paramètres.

Cette méthode implique ainsi deux éléments aléatoires imbriqués : l'arrivée de la pathologie, et si elle est présente sa détection ou non. Les deux principaux paramètres que nous faisons varier ici sont N la taille de chaque échantillon, et T la durée séparant deux échantillonnages. Les autres paramètres dépendent de la nature du problème traité. Ici nous n'avons pas fait d'étude économétrique précise de la valeur de ces paramètres, et de ce fait les résultats présentés ici n'ont qu'un intérêt qualitatif.

La Figure 7 mobilise 30 x 70 c'est-à-dire 2100 jeux de paramètres, avec la possibilité d'arrivée de la pathologie sur 100 pas de temps. Ainsi 21 milliards (30 x 70 x 100 x 100.000) de tirages de nombres pseudo-aléatoires sont requis pour simuler la possible arrivée de la pathologie. Un problème de recyclage de ces nombres pourrait survenir : le générateur de nombres utilisé est celui présenté dans Terreaux (2000), il ne présente pas ce risque (voir pour plus de détails Vila, 1997 et Fishman, 1995).

#### 4.2. Les différents paramètres du modèle

Les paramètres intervenant ici, et les valeurs numériques retenues sont présentés dans le Tableau 1. Rappelons que les valeurs sont arbitraires et doivent être ajustées pour un travail à vocation quantitative.

Paramètre	Symbole	Valeur numérique
effectif du troupeau	y	8.000
coût si pathologie détectée par test	C1	30.000 €
coût si pathologie détectée car symptomatique	C2	300.000 €
coût d'un prélèvement et test pour un animal		20 €
« coût d'entrée » d'un échantillonnage (voir texte)		150 €
pas de temps		1 jour
horizon des calculs	H	100 jours
probabilité de survenue de la pathologie, chaque pas de temps	p	0.0005
prévalence entraînant détection symptomatique	$P_{max}$	40 %
coefficient d'évolution de la pathologie	$\delta$	1.6
durée de la quarantaine	Q	20 jours
nombre d'individus par échantillon	N	variable à optimiser
durée séparant deux échantillonnages	T	variable à optimiser

Tableau 1 : Valeurs des différents paramètres pour les simulations numériques

Le coût d'un échantillonnage est défini par son « coût d'entrée » (à savoir les coûts fixes quelle que soit la taille N de l'échantillon) plus la taille N de l'échantillon multipliée par le « coût d'un prélèvement et test pour un animal ».



### 4.3. Echantillonnage : taille optimale en fonction du nombre de jours déparant deux échantillonnages

Nous avons ainsi deux variables, N et T, dont nous pouvons choisir les valeurs, ce qui déterminera le coût global (mesures, tests, abattages et diffusion à d'autres élevages) de la lutte contre la pathologie. Notre objectif s'écrit ici :

$$\min_{N,T}(\text{Coût global})$$

Lorsque T est prédéfini, cela conduit à une valeur de N permettant d'atteindre ce minimum. Nous représentons ainsi N en fonction de T Figure 5.

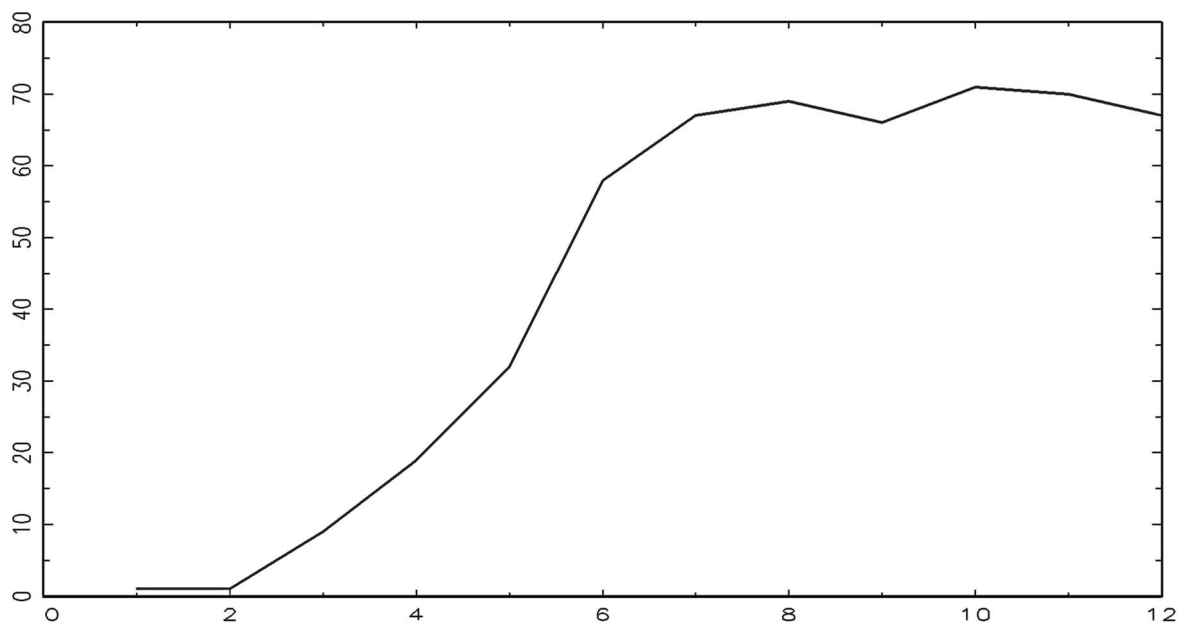


Figure 5 : N (effectif de chaque échantillon) en fonction de T (périodicité de l'échantillonnage, en jours) conduisant à la minimisation du coût global

Lecture : pour minimiser les coûts globaux (coûts des tests + coûts d'euthanasies si positifs + impacts de la diffusion de la pathologie si elle n'est pas détectée à temps), si l'on prend un échantillon tous les 4 jours (abscisse = 4),

le nombre d'animaux à tester est de 19 (ordonnée = 19).

Autre exemple : si T = 5, alors N = 32.

Au-delà de 11 jours, l'optimum est d'environ 70 pour les valeurs retenues des paramètres.

Sur ce graphique, la petite baisse observée quand T = 9 n'est pas significative ; elle est due au nombre encore trop faible de trajectoires générées, bien qu'égal à 100.000 pour chaque jeu de paramètres N et T. Augmenter ce nombre permettrait d'effacer cet artefact, et de rendre plus « lisse » la surface présentée Figure 7.

On remarquera que le coût minimal, pour une durée T supérieure à 7 jours, correspond à un échantillonnage de nombre supérieur à 60, c'est-à-dire celui obtenu avec une hypothèse de prévalence de 5% et une précision souhaitée de 95 % pour un échantillonnage unique (voir Terreaux, 2022).

#### 4.4. Coût minimal en fonction de la périodicité de l'échantillonnage

Représentons maintenant l'évolution de ce coût minimal (c'est-à-dire en ajustant au mieux  $N$ , l'effectif de chaque échantillon) en fonction de la périodicité de l'échantillonnage. Figure 6, on constate qu'au-delà de  $T = 3$ , plus la périodicité augmente, plus le coût global augmente. Le coût minimal est obtenu pour  $T = 3$ , et correspond (voir Figure 5) à un échantillonnage de  $N = 9$ .

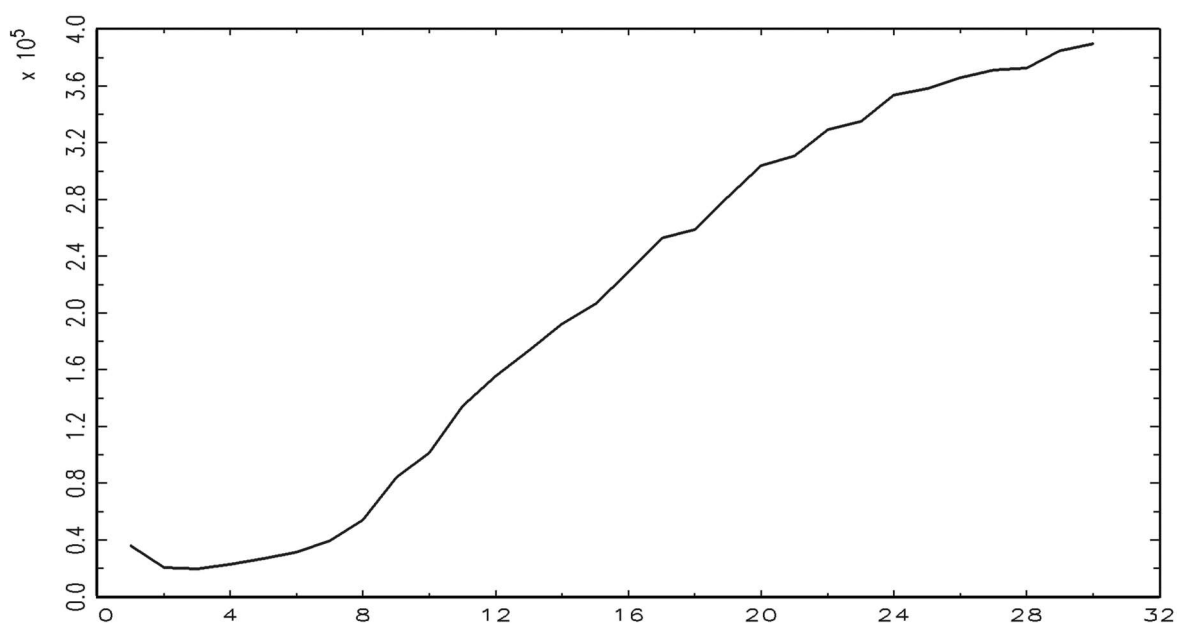


Figure 6. Evolution du coût global (ordonnée, en €) en fonction de la périodicité  $T$  (en jours) de l'échantillonnage.

Au-delà de trois jours, plus la périodicité  $T$  de l'échantillonnage est grande, plus le coût augmente.

Le minimum correspond à un échantillonnage tous les 3 jours, ce qui, au vu de la Figure 5, correspond à un effectif de 9 animaux testés tous les 3 jours, avec ces données d'exercice.

#### 4.5. Coût en fonction de la périodicité et du cardinal.

Représentons maintenant, sur une vue en perspective d'un graphique en 3 dimensions, l'évolution du coût global en fonction de  $N$  et  $T$ .

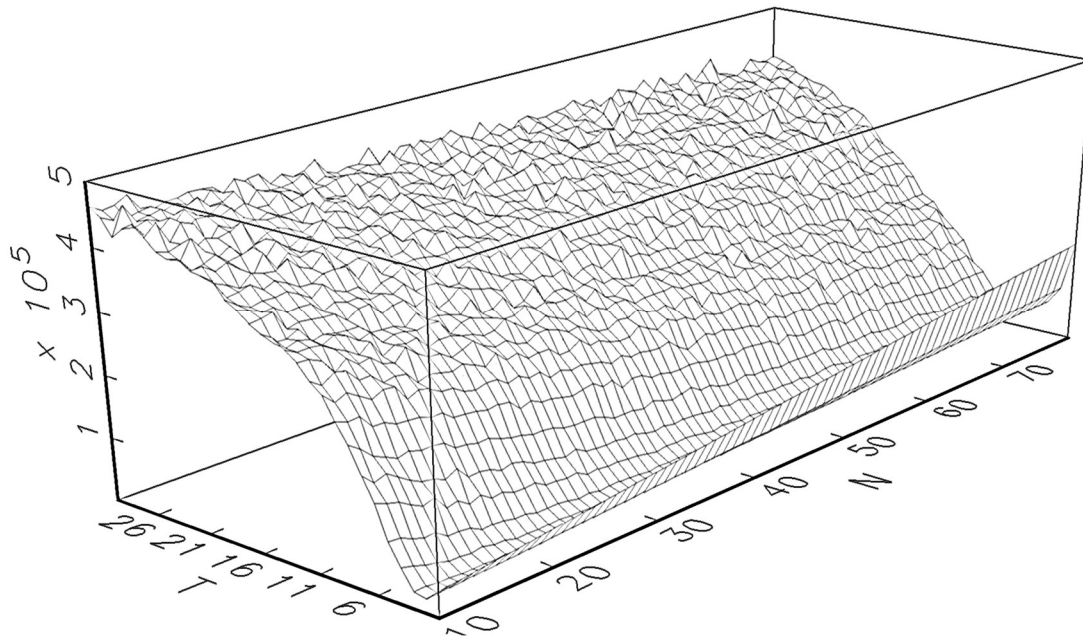


Figure 7. Evolution du coût global (axe z, en €) en fonction de la périodicité (T, en jours) de l'échantillonnage et de l'effectif de l'échantillon (N). A noter que l'échelle de l'axe z part de zéro : une erreur de paramétrage de N ou T peut être coûteuse, pouvant multiplier par plus de 5 le coût global de la pathologie.

## 5. Conclusion

Sur le plan pratique, les résultats de cette recherche montrent qu'il est possible de réduire significativement les coûts liés à la pathologie en remplaçant un échantillonnage unique ( $T \rightarrow \infty$ ) pour tester sa présence dans l'exploitation par des échantillonnages successifs de plus petite taille (moins d'animaux ou de plantes testés à chaque fois). Dans ce cas, il convient de trouver un compromis entre la périodicité de l'échantillonnage et la taille de l'échantillon. Les valeurs optimales dépendent de l'estimation des différents paramètres, donc de la maladie animale ou végétale étudiée et notamment des conditions économiques et des enjeux de la production agricole concernée, des coûts fixes et variables de l'échantillonnage, de la probabilité d'apparition de la pathologie dans l'exploitation et, le cas échéant, de sa dynamique. Les méthodes de Monte Carlo ont ici fait leurs preuves, permettant de calculer numériquement et d'illustrer graphiquement l'intérêt économique du choix des bons paramètres d'échantillonnage.

L'avancée scientifique de ces travaux réside dans le fait que, dans le problème d'échantillonnage abordé ici, on prend en compte à la fois les coûts et les bénéfices associés à une détection plus précoce de la pathologie et le fait que l'échantillonnage n'est pas réalisé une fois pour toutes pour savoir si la maladie est présente dans l'exploitation, mais qu'il est répété périodiquement au cours du temps. Ses caractéristiques - fréquence et taille de l'échantillonnage - sont déterminées par une approche pluridisciplinaire (économie, épidémiologie, calcul des probabilités, modélisation de Monte Carlo). Des travaux ultérieurs pourraient prendre en compte le fait que l'intérêt de chaque agriculteur n'est pas le même que celui de l'ensemble des agriculteurs, ni celui de la chaîne de transformation et de commercialisation, ni celui de l'État (voir Terreaux, 2017, sur une problématique similaire en apiculture, ou Terreaux, 2023, sur le virus de la sharka pour certaines

arboricultures fruitières). Dans certains cas, cela pourrait permettre de remplacer les contraintes réglementaires par des instruments incitatifs, dans l'intérêt de tous.

Par ailleurs, à l'instar de Giral-Barajas et al. (2023), notre modèle pourrait être étendu à des dynamiques épidémiologiques à plusieurs degrés, lorsque, pour certaines maladies, il est possible de distinguer différents stades cliniques. Un autre développement de nos travaux sur l'échantillonnage pourrait être la prise en compte de la possibilité de réduire l'incidence de la pathologie sur, par exemple, une partie des troupeaux (e.g. *via* la vaccination) ou des vergers sensibles à la maladie ; cela rendrait nos résultats plus précis lorsque cette possibilité est réelle (voir l'extension des modèles épidémiologiques en ce sens dans Ramponi & Tessitore, 2024).

Une autre piste de recherche serait d'étendre notre travail à finalité économique à des exploitations composées de différents troupeaux, vergers, ou plus généralement de différents sous-ensembles lorsque la prévalence de la pathologie diffère d'un sous-ensemble à l'autre (voir un exemple d'une telle situation dans Clement et al., 2023). Une autre voie de recherche pourrait être de combiner les coûts étudiés ici avec ceux des mesures de biosécurité, sachant que ces mesures peuvent être prises par l'agriculteur dans son propre intérêt, avec un effet d'externalité sur la propagation de la pathologie à d'autres agriculteurs (voir Hennessy & Rault, 2023). Enfin, pour en revenir à l'échantillonnage, il serait utile de pouvoir prendre en compte la possibilité, lorsqu'elle existe, de faux positifs et de faux négatifs lors des tests de dépistage de la pathologie chez les individus (voir Vasiliauskaite et al., 2021).

## Remerciements

Je tiens à remercier tout particulièrement le Dr Iker Vaquero Alba pour son aide inestimable dans la préparation de ce manuscrit. Je tiens à exprimer mes remerciements aux deux évaluateurs anonymes dont les suggestions et les commentaires m'ont permis d'améliorer considérablement la qualité de l'article. Bien entendu, toute erreur reste de ma responsabilité.

## Références

- Burbank, L. P. (2022). Threat of *Xylella fastidiosa* and options for mitigation in infected plants. *CABI Reviews*. <https://doi.org/10.1079/cabireviews202217021>
- Clement, M. J., Justice-Allen, A., & Heale, J. D. (2023). Optimal risk-based allocation of disease surveillance effort for clustered disease outbreaks. *Preventive Veterinary Medicine*, 212, 105830. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2022.105830>
- Fishman, G. S. (1995). *Monte Carlo – Concepts, algorithms and applications* (3rd ed.). Springer Science & Business Media.
- Fountain, J., Hernandez-Jover, M., Manyweathers, J., Hayes, L., & Brookes, V. J. (2023). The right strategy for you: Using the preferences of beef farmers to guide biosecurity recommendations for on-farm management of endemic disease. *Preventive Veterinary Medicine*, 210. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2022.105813>
- Giral-Barajas, J., Herrera-Nolasco, C. I., Herrera-Valdez, M. A., & López, S. I. (2023). A probabilistic approach for the study of epidemiological dynamics of infectious diseases: Basic model and properties. *Journal of Theoretical Biology*, 572, 111576. <https://doi.org/10.1016/j.jtbi.2023.111576>
- Han, J. H., Weston, J. F., Heuer, C., & Gates, M. C. (2020). Modelling the economics of bovine viral diarrhoea virus control in pastoral dairy and beef cattle herds. *Preventive Veterinary Medicine*, 182, 105092. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2020.105092>

- Hennessy, D. A., & Rault, A. (2023). On systematically insufficient biosecurity actions and policies to manage infectious animal disease. *Ecological Economics*, 206, 107740. <https://doi.org/10.1016/j.ecolecon.2023.107740>
- IPPC Secretariat. (2023). *2022 IPPC Annual Report – Protecting the world’s plant resources from pests*. Food and Agriculture of the United Nations. <https://openknowledge.fao.org/handle/20.500.14283/cc4922en>
- Li, S., Wu, F., Duan, Y., Singerman, A., & Guan, Z. (2020). Citrus greening: Management strategies and their economic impact. *HortScience*, 55(5), 604–612. <https://doi.org/10.21273/HORTSCI14696-19>
- Mann, P. S. (2010). *Introductory statistics* (7th ed.). John Wiley & Sons. <https://bcs.wiley.com/he-bcs/Books?action=index&itemId=0470444665&bcsId=5345>
- Murray, J. D. (Ed.). (2002). *Mathematical biology: I. An introduction*. Springer New York. <https://doi.org/10.1007/b98868>
- Railey, A. F., & Marsh, T. L. (2021). Economic benefits of diagnostic testing in livestock: Anaplasmosis in cattle. *Frontiers in Veterinary Science*, 8, 626420. <https://doi.org/10.3389/fvets.2021.626420>
- Ramponi, A., & Tessitore, M. E. (2024). Optimal social and vaccination control in the SVIR epidemic model. *Mathematics*, 12(7), 933. <https://doi.org/10.3390/math12070933>
- Silal, S. P. (2021). Operational research: A multidisciplinary approach for the management of infectious disease in a global context. *European Journal of Operational Research*, 291(3), 929–934. <https://doi.org/10.1016/j.ejor.2020.07.037>
- Terreaux, J. P. (2000). Estimation de la rentabilité de la culture de certains eucalyptus dans le sud-ouest de la France [Estimating the profitability of eucalyptus cultivation in south-west France]. *Annals of Forest Science*, 57(4), 389–397. <https://doi.org/10.1051/forest:2000129>
- Terreaux, J. P. (2017). Epizooties et efficacité des processus de décision : Un exemple en apiculture [Epizootics and the efficiency of decision-making processes: An example from beekeeping]. *Revue Française d’Economie*, 32(2), 160–197. <https://doi.org/10.3917/rfe.172.0160>
- Terreaux, J. P. (2022). Animal or plant pathologies: Number of samples to be collected to know with a given precision if a farm is positive. *Journal of Research in Applied Mathematics*, 8(5), 4–10. <https://www.questjournals.org/jram/papers/v8-i5/B08050410.pdf>
- Terreaux, J. P. (2023). On the possible impacts of a regulatory change on resource conservation: The case of the plumpox virus in France. *Natural Resource Conservation and Research*, 6(2). <https://doi.org/10.24294/nrcr.v6i2.2986>
- Vasiliauskaite, V., Antulov-Fantulin, N., & Helbing, D. (2021). On some fundamental challenges in monitoring epidemics. *Philosophical Transactions of the Royal Society A*, 380(2214). <https://doi.org/10.1098/rsta.2021.0117>
- Weiss, N. A. (2011). *Introductory statistics* (9th ed.). Addison Wesley.
- Wonnacott, T. H., & Wonnacott, R. J. (1990). *Introductory Statistics for Business and Economics*. John Wiley et Sons.
- World Bank Group. (2010). *People, pathogens and our planet: Volume 1: Toward a one health approach for controlling zoonotic diseases*. <https://documents1.worldbank.org/curated/en/214701468338937565/pdf/508330ESW0whit1410B01PUBLIC1PPP1Web.pdf>
- World Organization for Animal Health. (2023). *Director general’s report on WOA AH activities: Administrative working document*. <https://www.woah.org/app/uploads/2024/04/91gs-2024-wd-adm-05-dg-activities-report-en.pdf>