Modélisation du portage des salmonelles dans un élevage porcin

Justine Guillaumont, Caroline Bidot, Suzanne Touzeau

▶ **To cite this version:**

Justine Guillaumont, Caroline Bidot, Suzanne Touzeau. Modélisation du portage des salmonelles dans un élevage porcin. [Rapport Technique] 2017-2, INRA, UR1404 Mathématiques et Informatique Appliquées du Génome à l'Environnement. 2017, pp.47. hal-01605512v2

HAL Id: hal-01605512

https://inria.hal.science/hal-01605512v2

Submitted on 27 Aug 2017

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.

Distributed under a Creative Commons Attribution - ShareAlike 4.0 International License

Modélisation du portage des salmonelles dans un élevage porcin

Justine GUILLAUMONT, Caroline BIDOT, Suzanne TOUZEAU

Rapport technique 2017-2, juin 2017

UR1404 Mathématiques et Informatique Appliquées du Génome à l'Environnement
INRA
Domaine de Vilvert
78 352 Jouy-en-Josas Cedex
France
http://maiage.jouy.inra.fr

© 2017 INRA

Justine Guillaumont [1]
justine.guillaumont@gmail.com

Caroline Bidot
UR 1404 MaIAGE
INRA
Domaine de Vilvert
78 352 Jouy-en-Josas Cedex, France
caroline.bidot@inra.fr

Suzanne Touzeau
Institut Sophia Agrobiotech (UMR INRA 1355, CNRS 7254, UNS)
Équipe M2P2
400 route des Chappes, BP 167
06 903 Sophia Antipolis Cedex, France
suzanne.touzeau@inra.fr

1. Justine Guillaumont a effectué un stage en 2010–2011 dans l'UR 341 MIA à l'INRA Jouy-en-Josas, devenue l'UR 1404 MaIAGE.

Résumé

Ce rapport décrit un modèle de simulation stochastique représentant la dynamique des populations de truies et de porcs dans un troupeau naisseur engraisseur et la transmission indirecte des salmonelles au sein de ce troupeau. Ce modèle a été initialement développé pendant la thèse de doctorat d'Amandine Lurette [4]. Il a ensuite été repris et étendu dans le cadre du stage de Justine Guillaumont [1], pour intégrer les différentes conduites en bandes rencontrées en Bretagne. L'effet du mélange de bandes et du type de conduite ont été évalués à partir de ce modèle.

Mots clés : Modèle dynamique en temps discret ; Modèle stochastique ; Couplage démographie & épidémiologie ; Porc ; Salmonelles ; Conduite en bandes.

Abstract

This report describes a stochastic simulation model which represents both the pig and sow population dynamics in a farrow-to-finish herd and the indirect *Salmonella* transmission within this herd. This model was initially developed during Amandine Lurette's PhD thesis [4]. It was then picked up and extended as part of Justine Guillaumont's traineeship [1], to integrate the various batch management systems encountered in Brittany. The effect of batch mixing and management systems were assessed using this model.

Keywords: Discrete time dynamical model; Stochastic model; Coupling demography & epidemiology; Pig; *Salmonella*; Batch management.

Préambule

Ce rapport présente une partie des résultats issus du projet de dernière année de Justine Guillaumont [1], élève-ingénieur à l'INSA Rouen, spécialisation Génie Mathématique.

Pour son projet, Justine Guillaumont a été accueillie dans l'UR 341 *Mathématiques et Informatique Appliquées* (devenue UR 1404 MaIAGE) à l'INRA Jouy-en-Josas, entre juin 2010 et juin 2011 (à temps partiel). Elle était encadrée par Suzanne Touzeau et Caroline Bidot.

Le projet portait sur le *portage de salmonelles en filière porcine*. Il a été réalisé dans le cadre du projet SANCRE *Santé ANimale, sécurité des aliments et Compétitivité des filières animales REgionales* (programme PSDR Grand Ouest), en partenariat avec Catherine Belloc de l'UMR BIOEPAR à l'INRA Nantes.

Table des matières

Titre **1**

Résumé & abstract **3**

Préambule **4**

Table des matières **6**
Liste des figures 7
Liste des tableaux 7

I Présentation du modèle **9**

1 Modèle troupeau **9**
1.1 Introduction 9
1.1.1 Types d'élevages représentés 9
1.1.2 Choix de modélisation 11
1.2 Cycle de reproduction des truies 12
1.2.1 Description d'une bande de truies 12
1.2.2 Reproduction 14
1.2.3 Réforme et mortalité 15
1.2.4 Recrutement des cochettes 15
1.2.5 Dynamique des bandes de truies 15
1.3 Croissance des porcs 16
1.3.1 Description d'une bande de porcs 16
1.3.2 Naissance 17
1.3.3 Mortalité 18
1.3.4 Départs à l'abattoir 18
1.3.5 Adaptations de conduite 19
1.3.6 Dynamique des bandes de porcs 20

2 Modèle salmonelles **21**
2.1 Description des états épidémiologiques 21
2.1.1 Liste des états potentiels 21
2.1.2 Choix des états modélisés 21
2.2 Description du modèle 22
2.2.1 Variables d'état 22
2.2.2 Transitions 22
2.2.3 Environnement 24
2.2.4 Dynamique épidémiologique 24

3 Couplage **25**
3.1 Variables d'état 25
3.2 Liens entre démographie et épidémiologie 25
3.3 Dynamique des bandes 25
3.4 Dynamique des salles 26

II Étude du modèle **27**

4 Description des simulations **27**
4.1 Scénarios de conduites en bandes . . . 27
4.2 Implémentation du modèle . . . 28

5 Résultats obtenus pour le scénario de référence **29**
5.1 Évolution de la séroprévalence des truies . . . 29
5.2 Séroprévalence des porcs selon leur âge . . . 30
5.3 Évolution de la séroprévalence des porcs . . . 32
5.4 Évolution de la séroprévalence des lots . . . 33
5.5 Mélange de bandes . . . 35
5.5.1 En fin de post-sevrage . . . 35
5.5.2 En fin d'engraissement . . . 36

6 Effet du mélange de bandes sur la séroprévalence **37**

7 Effet du type de conduite sur la séroprévalence **39**
7.1 Conduite en 21 bandes . . . 39
7.2 Conduite en 7 bandes . . . 39
7.3 Conduite en 5 bandes . . . 39
7.4 Conclusion . . . 42

Annexes **43**

A Abréviations **43**

B Variables et paramètres **44**

Références **47**

Liste des figures

1 Schéma des flux d'animaux au sein d'un troupeau naisseur engraisseur 10
2 Schéma de la conduite en 7 bandes 11
3 Schéma de la conduite en 5 bandes 11
4 Schéma de la conduite en 4 bandes 11
5 Schéma du modèle épidémiologique de transmission des salmonelles 22
6 Fonction dose–réponse sigmoïde 23
7 États épidémiologiques des truies (scénario #4 déterministe) 29
8 Séroprévalence des truies en fonction du temps (scénario #4 stochastique) . . . 30
9 Séroprévalence des porcs en fonction de leur âge (scénario #4) 31
10 États épidémiologiques des porcs (scénario #4 déterministe) 32
11 Séroprévalence des porcs en fonction du temps (scénario #4 stochastique) 33
12 États épidémiologiques des porcs envoyés à l'abattoir (scénario #4 déterministe) 33
13 Séroprévalence des lots en fonction du temps (scénario #4 stochastique) 34
14 Distribution de la séroprévalence des lots (scénario #4 stochastique) 34
15 Mélange de bandes en post-sevrage (scénario #4 stochastique) 35
16 Mélange de bandes en engraissement (scénario #4 stochastique) 36
17 Impact du mélange de bandes sur la séroprévalence moyenne des porcs 38
18 Impact de la conduite en bandes sur la séroprévalence des lots 40
19 Impact de la conduite en bandes sur la séroprévalence moyenne des porcs 41

Liste des tableaux

1 Importance des différentes conduites en bandes en Bretagne 9
2 Durées des stades physiologiques selon la conduite 16
3 Scénarios de conduites en bandes simulés 27
4 Caractéristiques du mélange de bandes pour les conduites en 7 bandes 37
5 Abréviations 43
6 Variables et paramètres démographiques des truies 44
7 Variables et paramètres démographiques des porcs 45
8 Variables et paramètres épidémiologiques 46

Première partie
Présentation du modèle

Le but de cette partie est de présenter le modèle mathématique développé initialement dans le cadre de la thèse d'Amandine Lurette et utilisé dans la suite pour étudier la propagation de salmonelles dans un élevage porcin.

Il s'agit d'un modèle dynamique à temps discret, qui décrit l'évolution des effectifs du troupeau au cours du temps. Le troupeau est structuré en stades physiologiques et états épidémiologiques. Sont représentés dans ce modèle les processus démographiques du troupeau, les processus épidémiologiques liés aux salmonelles et la gestion du troupeau par l'homme. Le pas de temps choisi est d'une semaine. Il convient à la fois à l'organisation d'un élevage et aux échelles de temps des processus représentés. Certaines composantes du modèle sont stochastiques pour tenir compte de la variabilité biologique.

L'infection des porcs en Europe par les salmonelles est sub-clinique (*i.e.* sans symptôme apparent), les porcs sont des porteurs sains. Ainsi, la partie gestion de l'élevage peut-être découplée du modèle épidémiologique. Nous présentons donc tout d'abord le modèle troupeau, qui inclut les processus démographiques et la gestion de l'élevage. Puis nous décrivons le modèle épidémiologique. Ces deux modèles sont ensuite couplés.

N.B. Les abréviations utilisées dans ce modèle se trouvent en annexe A, page 43; les variables et paramètres du modèle sont reprise en annexe B, à partir de la page 44.

1 Modèle troupeau

1.1 Introduction

1.1.1 Types d'élevages représentés

Le type d'élevage étudié est un élevage *naisseur engraisseur* (NE). Ce type d'élevage regroupe l'intégralité du cycle de reproduction des truies et l'intégralité de la croissance des porcs charcutiers jusqu'à leur départ pour l'abattoir. Il existe d'autres élevages qui ne réalisent qu'une partie du naissage engraissage, mais leur fonctionnement peut facilement être déduit de ce cas plus global.

Nous représentons la *conduite en bandes*, qui consiste à diviser le cheptel de truies en groupes de taille égale, appelés bandes, et à synchroniser le sevrage des truies afin de regrouper les différents évènements d'un cycle de reproduction. Ce cycle de reproduction dure entre 20 et 21 semaines en fonction de l'âge auquel les porcelets sont sevrés.

Il existe plusieurs types de conduites en bandes, que nous retrouvons dans le tableau 1, ci-dessous.

Nombre de bandes	**4**		**5**	**7**		**10**		**20**	**21**
Âge au sevrage (en jours)	21	28	21	21	28	21	28	21	28
Nombre d'élevages	60	16	99	90	632	49	9	86	18
% d'élevages	5,7	1,5	9,3	8,5	59,7	4,6	0,9	8,1	1,7
Truies présentes	155	141	222	220	176	344	198	616	453

Tableau 1 – Importance des différentes **conduites en bandes** en Bretagne (GTTT 2007).

N.B. Une conduite en bandes est en général caractérisée par le nombre de bandes de truies qu'elle utilise et l'âge des porcelets au sevrage, comme on peut le voir sur le tableau 1. Mais on peut aussi la définir à partir de l'intervalle de temps s'écoulant entre le sevrage de deux bandes, appelé *interbande*. Au final, la manière la plus classique de caractériser une conduite en bandes est de donner son nombre de bandes de truies, ou l'interbande, et l'âge des porcelets au sevrage.

Le modèle de la thèse d'Amandine Lurette [4] repose sur la conduite à 7 bandes et 28 jours de sevrage, représentant 59,7% des élevages bretons, mais nous avons étendu le modèle à d'autres conduites. Mais depuis 2007, les conduites en 4 et 5 bandes prennent de l'importance, et il devient de plus en plus nécessaire de les représenter dans les modèles.

Ces conduites lient étroitement les stades physiologiques à l'occupation des bâtiments. En effet, chaque stade physiologique correspond à l'occupation d'une salle spécifique de l'élevage, dans laquelle les bandes se succèdent mais ne se croisent pas, comme nous pouvons le voir sur la figure 1. Certaines conduites permettent de vider intégralement la salle et de réaliser une décontamination et une période de vide sanitaire entre deux bandes successives, ce qui correspond à une occupation en tout-plein/tout-vide des salles de l'élevage.

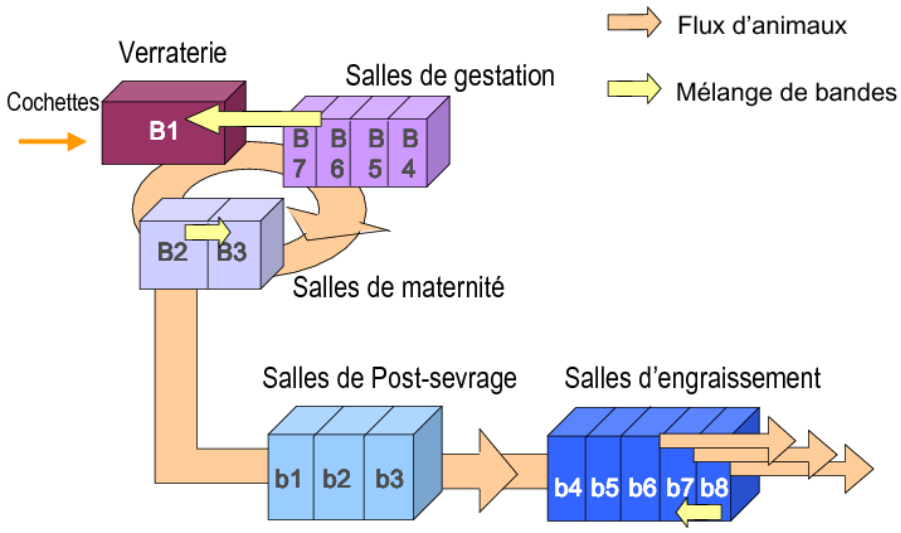


Figure 1 – Schéma des **flux d'animaux** au sein d'un troupeau naisseur engraisseur [4].
BX : bande de truies numéro X ; bY : bande de porcs numéro Y.

En fonction de la conduite en bandes choisie, le travail de l'éleveur est plus ou moins réparti entre les différentes bandes selon le stade physiologique des animaux (saillie, mise bas et sevrage). Les figures 2 à 4 donnent un exemple de planification des cycles des différentes bandes de truies, pour des élevages fonctionnant en 7, 5 et 4 bandes.

— Dans la conduite classique en 7 bandes (figure 2), l'éleveur a une opération à faire chaque semaine.
— Dans la conduite émergente en 5 bandes (figure 3), l'éleveur a des semaines de travail plus ou moins chargées, avec une ou deux opération par semaine, suivies de deux semaines de vide.
— Dans la conduite émergente en 4 bandes (figure 4), l'éleveur enchaîne trois semaines de travail puis a deux semaines de vide.

Sem	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
B 1	Sev1	IA1																MB1		
B 2				Sev2	IA2															
B 3			MB3				Sev3	IA3												
B 4						MB4				Sev4	IA4									
B 5									MB5				Sev5	IA5						
B 6												MB6				Sev6	IA6			
B 7															MB7				Sev7	IA7
	Sev1	IA1	MB3	Sev2	IA2	MB4	Sev3	IA3	MB5	Sev4	IA4	MB6	Sev5	IA5	MB7	Sev6	IA6	MB1	Sev7	IA7

Figure 2 – Conduite en 7 bandes : schéma de la planification hebdomadaire des principaux évènements du cycle de reproduction des truies.
Sev : sevrage, IA : insémination artificielle, MB : mise bas + numéro de bande accolé.

Sem	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18
B 1	Sev1	IA1																MB1
B 2		MB2			Sev2	IA2												
B 3						MB3			Sev3	IA3								
B 4										MB4			Sev4	IA4				
B 5														MB5			Sev5	IA5
	Sev1	IA1 MB2	/	/	Sev2	IA2 MB3	/	/	Sev3	IA3 MB4	/	/	Sev4	IA4 MB5	/	/	Sev5	IA5 MB1

Figure 3 – Conduite en 5 bandes : schéma de la planification hebdomadaire des principaux évènements du cycle de reproduction des truies.
Sev : sevrage, IA : insémination artificielle, MB : mise bas + numéro de bande accolé.

Sem	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18
B 1	Sev 1	IA1																MB1
B 2			MB2			Sev 2	IA2											
B 3								MB3			Sev 3	IA3						
B 4													MB4			Sev 4	IA4	
	Sev 1	IA1	MB2	/	/	Sev2	IA2	MB3	/	/	Sev3	IA3	MB4	/	/	Sev 4	IA4	MB1

Figure 4 – Conduite en 4 bandes : schéma de la planification hebdomadaire des principaux évènements du cycle de reproduction des truies.
Sev : sevrage, IA : insémination artificielle, MB : mise bas + numéro de bande accolé.

Ces deux conduites émergentes, en 4 et 5 bandes, grâce à leurs semaines sans opération, permettent aux éleveurs de prendre du repos et même de pouvoir embaucher des salariés auxquels ils pourront donner des congés.

1.1.2 Choix de modélisation

Ce modèle dynamique à temps discret représente l'évolution de l'effectif des bandes de porcs charcutiers et de truies au cours du temps dans un élevage. Il repose sur quelques hypothèses générales de modélisation décrites ci-dessous.

— La bande est la plus petite unité modélisée dans ce modèle pour les porcs. Pour les truies, on subdivise la bande selon leur parité, *i.e.* selon le nombre de portées qu'elles ont eues.
— L'occupation des salles est simplifiée. En effet, notre choix est de représenter une salle comme la capacité d'une bande.
— Le pas de temps est d'une semaine. C'est le plus grand pas de temps possible en fonction de l'organisation d'un élevage. L'unité de temps est aussi la semaine.

— Le modèle a une structure déterministe, avec quelques composantes stochastiques qui permettent de représenter la variabilité biologique des phénomènes suivants :
  ◦ le taux de réussite à l'insémination artificielle,
  ◦ la taille de portée,
  ◦ la croissance des porcs, ...
— Dans le modèle, les individus ne sont pas en nombres entiers.

Les bandes de porcs et de truies sont conduites séparément et n'interagissent qu'au moment de la naissance des porcelets. Nous allons tout d'abord présenter la partie du modèle relative aux truies, puis celle concernant les porcs.

1.2 Cycle de reproduction des truies

Les truies sont réparties en bandes dans le troupeau, chaque bande étant caractérisée par son effectif par parité. Les différents évènements intervenant pendant le cycle de reproduction des truies et affectant cet effectif sont : la mortalité, les échecs à la reproduction, la réforme et le recrutement de cochettes. Après avoir décrit plus en détail la bande de truies et les processus qui l'affectent, nous présenterons les équations de la dynamique du modèle.

1.2.1 Description d'une bande de truies

Chaque salle de l'élevage n'est occupée que par une seule bande de truies à la fois. Des salles spécifiques sont attribuées à chaque stade physiologique. Les bandes occupent donc une salle différente à chaque stade.

Liste des stades physiologiques Le cycle de reproduction des truies se décompose en $n_x^T = 3$ stades physiologiques x^T de durée d_x^T :

1. $x^T = 1$ ou V : l'attente–saillie, de durée $d_V^T = 4$ semaines, en salle de verraterie ;
2. $x^T = 2$ ou G : la gestation, de durée $d_G^T = 12$ semaines, en salle de gestation ;
3. $x^T = 3$ ou M : la mise bas et lactation, de durée $d_M^T = 4$ semaines (si sevrage à 21 jours) ou 5 semaines (si sevrage à 28 jours), en salle de maternité.

La durée du cycle de reproduction est donc de $d^T = d_V^T + d_G^T + d_M^T = 20$ ou 21 semaines.

Numérotation des bandes Les bandes sont inséminées à intervalles réguliers. On note bb l'intervalle entre bandes, qui peut être égal à 1, 2, 3, 4 ou 5 semaines. A partir de cet intervalle et de la durée du cycle de reproduction des truies, on calcule le nombre de bandes co-habitant dans l'élevage. Le nombre de bandes est $nb^T = \text{ceil}(d^T/bb)$, où ceil donne l'entier supérieur ou égal le plus proche.

Une bande de truies est caractérisée par son indice $ib^T \in \{1, \ldots, nb^T\}$ et son numéro $b^T \in \mathbb{Z}$. Une même bande garde toujours le même indice, mais son numéro change à chaque début de cycle On peut parler de numérotation continue (numéro) et cyclique (indice) des bandes. Les bandes sont numérotées par ordre croissant selon leur entrée en verraterie, à partir d'une bande et d'un temps de référence donnés.

Référence : à $t = t_0^T$, la bande de truies $b^T = b_0^T$ d'indice $ib^T = ib_0^T$ entre en salle de verraterie. Sans perte de généralité, on pourrait fixer $b_0^T = 0$ et $ib_0^T = 1$.

Les deux identifiants sont liés. On peut facilement déduire l'indice de bande à partir du numéro de bande :

$$ib^T = \mathrm{mod}(b^T - b_0^T + ib_0^T - 1, nb^T) + 1,$$

où $\mathrm{mod}(y, z)$ donne le reste de la division euclidienne de y par z (fonction modulo).
On en déduit le calcul de l'indice de bande à partir de son numéro :

$$b^T = b_0^T + ib^T - ib_0^T + \left(\mathrm{floor}\left(\frac{t - t_0^T}{d^T}\right) - \omega\right) nb^T \text{ avec } \begin{cases} \omega = 0 & \text{si } ib^T \leqslant ib_0^T \\ \omega = 1 & \text{si } ib^T > ib_0^T \end{cases}$$

où floor donne l'entier inférieur ou égal le plus proche, $\mathrm{floor}((t - t_0^T)/d^T)$ étant le nombre de cycles entiers écoulés depuis t_0^T.

Détermination du stade physiologique d'une bande Selon la référence ci-dessus, la date d'entrée en verraterie de la bande b^T, qui correspond à la « naissance » de la bande, est donnée par :

$$t_V(b^T) = t_0^T + (b^T - b_0^T)\, bb.$$

On en déduit l'« âge » de la bande, soit le temps écoulé depuis son entrée en verraterie :

$$\mathrm{age}(t, b^T) = t - t_V(b^T).$$

On obtient le stade du cycle de reproduction $x^T(t, b^T)$ dans laquelle se trouve la bande de truies b^T au temps t en comparant son âge avec les durées des différents stades. Elle est définie à partir des inégalités suivantes :

$$\sum_{i=1}^{x^T(t,b^T)-1} d_i^T \leqslant \mathrm{age}(t, b^T) < \sum_{i=1}^{x^T(t,b^T)} d_i^T \tag{1}$$

soit sous forme d'algorithme :

```
age = t - (t0^T + num^T * bb)
k = nx^T
Tant que ( age < Σ_{x=1}^{k} dx^T )
x = k
k = k-1
Fin tant que
```

Attribution des salles On calcule tout d'abord le nombre de salles nS_x^T attribuées à chaque stade du cycle de reproduction x^T. Ce nombre dépend du temps d'occupation d'une salle, qui correspond à la somme de la durée dans le stade du cycle correspondante d_x^T et de la durée du vide sanitaire réalisé entre deux bandes successives v_x^T. On en déduit :

$$nS_x^T = \mathrm{ceil}\left(\frac{d_x^T + v_x^T}{bb}\right),$$

où ceil donne l'entier supérieur ou égal le plus proche.

Les salles sont numérotées successivement, en commençant celles de verraterie ($x^T = 1$). Les numéros s_x^T des salles d'un stade physiologique x^T sont donnés par les inégalités suivantes :

$$1 + \sum_{i=1}^{x^T-1} nS_i^T \leqslant s_x^T < 1 + \sum_{i=1}^{x^T} nS_i^T.$$

L'attribution d'une salle s à la bande b^T au temps t se fait grâce à l'équation suivante :

$$s(t, b^T) = 1 + \sum_{i=1}^{x^T-1} (nS_i^T) + \mathrm{mod}(b^T - b_0^T, nS_x^T). \tag{2}$$

La convention est que la bande b_0^T occupe à chaque stade x^T la salle de plus petit numéro, soit la salle $s = 1 + \sum_{i=1}^{x^T-1}(nS_i^T)$.

Effectif Chaque bande de truies est subdivisée selon la *parité* des truies p. Cette structuration est motivée par le fait que certaines caractéristiques des truies, comme les taux d'avortement et les tailles de portée, sont très dépendantes de la parité.
En général, on ne considère que le nombre de classes parité est égal à 2 :

— $p = 1$ pour les cochettes dans leur premier cycle de reproduction,
— $p = 2$ pour les autres truies.

Chaque bande de truies est ainsi caractérisée à tout instant t par son effectif par parité $N^T(t, b^T, p)$. Son stade physiologique est déterminée par l'équation (1) et sa salle par (2).

1.2.2 Reproduction

Insémination L'insémination artificielle (IA) est réalisée une semaine après le retour en salle de verraterie $t = t_V(t, b^T) + 1$. Au pas de temps $t = t_V(t, b^T) + d_V$ correspondant à la sortie de verraterie de la bande b^T, la réussite à l'IA est vérifiée et un taux d'échec à l'IA est appliqué à l'effectif de truies. Afin de générer une certaine variabilité entre bandes, ce taux $\tau(t, b^T)$ est tiré séparément pour chaque bande dans une loi normale de moyenne τ_m et d'écart-type τ_e.

Les truies de la bande b^T en échec sont :
— soit réformées, selon un taux constant ref_{IA},
— soit dirigées vers une autre bande, la prochaine bande entrant en verraterie, pour être ré-inséminées avec elle.

Avortement L'avortement peut avoir lieu tout au long de la période de gestation. Le taux d'avortement cumulé η est fixe. Il est réparti sur cette période selon une loi log-normale de moyenne α_m et d'écart-type α_e. Chaque semaine de gestation, le taux d'avortement $\alpha(t, b^T)$ de la bande b^T est égal au produit de η avec l'aire sous la courbe de la densité de probabilité associée à la loi, correspondant à cette semaine.

Les truies ayant avorté sont :
— soit réformées, selon un taux constant ref_{Av},
— soit dirigées vers une autre bande, la prochaine bande entrant en verraterie, pour être ré-inséminées avec elle.

Taille de portée Les truies mettent bas une semaine après leur entrée en salle de maternité. La taille de portée est différente selon la parité des truies. À parité fixée, elle est aussi relativement variable. C'est pourquoi la taille de portée $\pi(t, b^T)$ est tirée pour chaque bande b^T à chaque mise bas, *i.e.* pour $t = t_V(b^T) + d_V + d_G + 1$, dans une loi normale de moyenne π_m et d'écart type π_e ; ces deux paramètres dépendent de la parité des truies.

1.2.3 Réforme et mortalité

Réforme des surnuméraires Aux dates d'entrée en gestation $t = t_V(b^T) + d_V$, l'effectif de truies de la bande b^T est comparé au nombre ν^M_{max} de places disponibles en salle de maternité. Si cet effectif dépasse $\nu^M_{\max}$, les truies surnuméraires sont réformées.

Réforme Outre les causes de réforme présentées ci-dessus (échec à l'IA, avortement et truies surnuméraires), les truies sont réformées au moment du sevrage des porcelets selon un taux constant ref_V indépendant de la parité.

Mortalité naturelle Le taux de mortalité « naturelle » s'applique à chaque pas de temps et à chaque bande de truies. Il représente toute cause de mortalité hors réforme. Il ne dépend que du stade physiologique x^T de la bande et est noté μ^T_x.

1.2.4 Recrutement des cochettes

Pour compenser la mortalité et la réforme des truies, un nombre constant de cochettes (N^T_C) est recruté dans chaque bande b^T qui entre en verraterie à $t = t_V(t, b^T)$.

1.2.5 Dynamique des bandes de truies

Les équations de la dynamique de la bande $b^T = b$ de parité p à l'instant t sont donc :

$$N^T(t,b,p) = \begin{cases} N^T_C & \text{si } t = t_V(b) \,\&\, p = 1 \\ & \text{(recrutement des cochettes),} \\ (1-\mu^T_V)(1-\text{ref}_V)\sum_p N^T(t-1,b,p) + R(t) & \text{si } t = t_V(b) \,\&\, p = 2 \\ & \text{(entrée en verraterie des truies),} \\ (1-\mu^T_V)N^T(t-1,b,p) & \text{si } t_V(b) < t < t_V(b) + d^T_V \\ & \text{(en verraterie),} \\ (1-\mu^T_G)(1-\tau(t,b))(1-\text{ref}_{IA})N^T(t-1,b,p) & \text{si } t = t_V(b) + d^T_V \ ^* \\ & \text{(entrée en gestation - échec IA),} \\ (1-\mu^T_G)(1-\alpha(t,b))(1-\text{ref}_{Av})N^T(t-1,b,p) & \text{si } t_V(b) + d^T_V < t < t_V(b) + d^T_V + d^T_G \\ & \text{(en gestation - avortement),} \\ (1-\mu^T_M)N^T(t-1,b,p) & \text{si } t = t_V(b) + d^T_V + d^T_G \\ & \text{(entrée en maternité),} \\ (1-\mu^T_M)N^T(t-1,b,p) & \text{si } t_V(b) + d^T_V + d^T_G < t < t_V(b) + d^T \\ & \text{(en maternité).} \end{cases} \quad (3)$$

*On réforme éventuellement des truies pour respecter la contrainte $\sum_p N^T(t,b,p) \leqslant \nu^M_{\max}$.

$R(t)$ sont les truies d'autres bandes ayant « redoublé » suite à un échec IA ou un avortement :

$$R(t) = \sum_p (1-\mu^T_G)\tau(t, b' = b + [d^T_V/bb])N^T(t-1,b',p) + \sum_{b''=b'}^{b'+d^T_G/bb} \sum_p (1-\mu^T_G)\alpha(t,b'')N^T(t-1,b'',p).$$

N.B. Entre deux pas de temps, les processus sont appliqués dans l'ordre suivant : mortalité, reproduction, réforme et recrutement des cochettes.

1.3 Croissance des porcs

Les porcs sont répartis en bandes dans le troupeau, chaque bande étant caractérisée par son effectif. Les différents évènements intervenant pendant la croissance des porcs et affectant cet effectif sont la naissance, la mortalité et les départs à l'abattoir. Après avoir décrit plus en détail la bande de porcs et les processus qui l'affectent, nous présenterons les équations de la dynamique du modèle.

1.3.1 Description d'une bande de porcs

Chaque salle de l'élevage n'est occupée que par une seule bande de porcs à la fois. Des salles spécifiques sont attribuées à chaque stade physiologique. Les bandes occupent donc une salle différente à chaque stade.

Liste des stades physiologiques La croissance des porcs se décompose en $n_x^P = 4$ stades physiologiques x^P de durée d_x^P :

1. $x^P = 1$ ou L, la lactation, de durée d_L^P, en salle de maternité (avec les truies) ;
2. $x^P = 2$ ou N, le pré-post-sevrage, de durée d_N^P , en nurserie ;
3. $x^P = 3$ ou PS, le post-sevrage, de durée d_{PS}^P, en salle de post-sevrage ;
4. $x^P = 4$ ou E, l'engraissement, de durée d_E^P, en salle d'engraissement.

La durée de croissance des porcs est de $d^P = d_L^P + d_N^P + d_{PS}^P + d_E^P = 28$ semaines. Nous donnons les durées précises passées dans chaque état physiologique dans le tableau 2, ci-dessous, car elles changent beaucoup en fonction de la conduite utilisée.

Nombre de bandes de truies	**4**		**5**	**7**		**10**		**20**	**21**
Âge au sevrage (en jours)	21	28	21	21	28	21	28	21	28
Intervalle entre les bandes (en semaines)	5	5	4	3	3	2	2	1	1
Temps passé en **lactation** (en semaines)	3	4	3	3	4	3	4	3	4
Temps passé en **nurserie** (en semaines)	4	0	3	3	0	3	0	3	0
Temps passé en **post-sevrage** (en semaines)	5	8	4	5	8	4	8	5	8
Temps passé en **engraissement** (en semaines)	16	16	18	17	16	18	16	17	16

Tableau 2 – Durées des différents **stades physiologiques** en fonction de la conduite.

N.B. Le temps passé en salle d'engraissement donné dans la tableau 2 est en fait une durée maximale. En effet, les porcs ne quittent pas la salle tous au même moment, certains peuvent être envoyés plus tôt à l'abattoir, s'ils sont assez gros.

Numérotation des bandes Les bandes naissent à intervalles réguliers, avec bb l'intervalle entre bandes. Les bandes sont numérotées par ordre croissant selon leur date de naissance, à partir d'une bande et d'un temps de référence donnés.

Référence : à $t = t_0^P$, la bande de truies b_0^T donne naissance à la bande de porcs b_0^P.
$\Rightarrow t_0^P = t_0^T + d_V^T + d_G^T + 1$;
$\Rightarrow$ chaque bande de truies b^T donne naissance à la bande de porcs $b^P = b^T - b_0^T + b_0^P$.

Détermination du stade d'une bande On déduit de cette référence la date de naissance de la bande b^P :

$$t_n(b^P) = t_0^P + (b^P - b_0^P)\, bb.$$

On en déduit l'âge de la bande au temps t :

$$\text{age}(t, b^P) = t - t_n(b^P).$$

On obtient le stade physiologique $x^P(t, b^P)$ dans laquelle se trouve la bande de porcs b^P au temps t en comparant son âge avec les durées des différents stades. Elle est définie à partir des inégalités suivantes :

$$\sum_{i=1}^{x^P-1} d_i^P \leqslant \text{age}(t, b^P) < \sum_{i=1}^{x^P} d_i^P. \tag{4}$$

Attribution des salles On calcule tout d'abord le nombre de salles nS_x^P attribuées à chaque stade physiologique x^P. Ce nombre dépend du temps d'occupation d'une salle, qui correspond à la somme de la durée dans le stade physiologique correspondante d_x^P et de la durée du vide sanitaire réalisé entre deux bandes successives v_x^P. On en déduit :

$$nS_x^P = \text{ceil}\left(\frac{d_x^P + v_x^P}{bb}\right).$$

Les porcs en lactation partagent les salles de maternité avec les truies. Les salles de nurserie, de post-sevrage et d'engraissement sont numérotées successivement aux salles de maternité. $nS_V^T + nS_G^T$ étant le nombre de salles de verraterie et de gestation, $nS_V^T + nS_G^T + 1$ est alors le numéro de la première salle de maternité. Les numéros des salles s_x^P, d'un stade physiologique x^P sont alors donnés par les inégalités suivantes :

$$nS_V^T + nS_G^T + 1 + \sum_{i=1}^{x^P-1} nS_i^P \leqslant s_x^P < nS_V^T + nS_G^T + 1 + \sum_{i=1}^{x^P} nS_i^P.$$

L'attribution d'une salle s_x^P à la bande b^P au temps t se fait grâce à l'équation suivante :

$$s_x^P(t, b^P) = nS_V^T + nS_G^T + 1 + 1 + \sum_{i=1}^{x^P-1} nS_i + \text{mod}(b^P - b_0^P, nS_x^P). \tag{5}$$

La convention est que la bande de porcs b_0^P occupe à chaque stade la salle de plus petit numéro, soit la salle $s = nS_V^T + nS_G^T + 1 + 1 + \sum_{i=1}^{x^P-1} nS_i$.

Effectif Chaque bande de porcs b^P est caractérisée à tout instant t par son effectif $N^P(t, b^P)$. Son stade physiologique est déterminée par l'équation (4) et sa salle par (5).

1.3.2 Naissance

Dans la conduite en bandes, on a au plus une bande de truies mettant bas au temps à chaque pas de temps. Soit b^T la bande de truies donnant naissance à t_n à la bande $b^P = b^T - b_0^T + b_0^P$. $\pi(t, b^T)$ étant la taille de portée (cf. section 1.2.2), le nombre de porcelets est :

$$\begin{aligned} N_n^P(t_n) &= \sum_p \pi(t_n, b^T)\, N^T(t_n, b^T, p), \\ \Leftrightarrow N_n^P(b^P) &= \sum_p \pi(t, b^P - b_0^P + b_0^T)\, N^T(t, b^P - b_0^P + b_0^T T, p). \end{aligned} \tag{6}$$

1.3.3 Mortalité

Le taux de mortalité s'applique à chaque pas de temps et à chaque bande de porcs. Il représente toute cause de mortalité. Il ne dépend que du stade physiologique x^P de la bande et est noté μ_x^P.

1.3.4 Départs à l'abattoir

Les départs à l'abattoir ont lieu à intervalles réguliers Δ_{Ab}, en général toutes les 2 semaines. On suppose qu'il y a un départ à l'abattoir à t_0^P.

L'éleveur doit livrer à l'abattoir des lots de porcs charcutiers au poids homogène, situés dans une gamme fixée par l'abatteur. Ceci est facilité par la conduite en bandes qui permet le regroupement d'animaux de même âge et donc approximativement de même poids. Cependant la vitesse de croissance est variable entre les porcs d'une même bande. L'éleveur livre donc des lots de porcs charcutiers composés d'animaux issus de plusieurs bandes en engraissement.

Parfois, certains porcs n'ont pas atteint le poids d'abattage quand la salle d'engraissement doit être vidée pour accueillir une autre bande. L'éleveur peut choisir de vendre ces porcs hors gamme ou de les conserver dans l'élevage ce qui nécessite des adaptations de conduite.

Modélisation de la croissance Pour représenter la proportion de la bande b^P qui a atteint le poids d'abattage selon son âge, on utilise une distribution log-normale de paramètres ς_m, âge moyen au poids à l'abattage, et $\varsigma_v(b^P)^2$, sa variance.

- L'âge moyen ς_m est le même pour toutes les bandes de l'élevage.
- Pour introduire une variabilité de croissance inter-bandes en plus de la variabilité intra-bande, l'écart type « de base » ς_v varie pour une fraction des bandes : il est multiplié par un coefficient tiré pour chacune de ces bandes dans une loi uniforme.

Soit $\varphi(age)$ la densité de probabilité associée à la log-normale. À chaque date de départ à l'abattoir $t = k\,\Delta_{Ab},\ k \in \mathbb{N}$, la proportion de porcs envoyés à l'abattoir correspond aux animaux qui ont atteint le poids d'abattage depuis le dernier départ. Cette proportion, calculée par rapport au nombre initial de porcelets dans la bande, s'exprime par : $\int_{age+1-\Delta_{Ab}}^{age+1} \varphi(s)ds$.

Lots pour l'abattoir Avec la représentation que nous avons choisi pour la croissance des porcs, il est possible que des porcs soient envoyés à l'abattoir trop tôt. On ne débute donc pas les départs avant l'âge seuil $a_{\min}$, avec $a_{\min} > d_M + d_N + d_{PS}$ ($a_{\min}$ =18 semaines convient). Au contraire, il est possible que certains porcs soient trop petits lors du dernier départ à l'abattoir avant que la salle ait besoin d'être vidée. La date du dernier départ pour l'abattoir de la bande b^P s'exprime ainsi : $\theta_{Ab} = \max_{k\in\mathbb{N}}\{k\,\Delta_{Ab} \quad | \quad k\,\Delta_{Ab} - t_n \leqslant d^P\}$.

La proportion de la bande b^P qui part à l'abattoir au temps t, relativement à l'effectif de la bande est donné par :

$$a(t,b^P) = \begin{cases} 0 & \text{si } t - t_n < a_{min} \text{ ou si } t \neq k\,\Delta_{Ab}, k \in \mathbb{N} \text{ (pas de départ)}\,; \\ \dfrac{\int_{age+1-\Delta_{Ab}}^{age+1} \varphi(s)ds}{1-\int_{t-\Delta_{Ab}}^{age+1-\Delta_{Ab}} \varphi(s)ds} & \text{si } t_n + a_{min} \leqslant t = k\,\Delta_{Ab} < \theta_{Ab}\,; \\ 1 & \text{si } t = \theta_{Ab} \text{ (vidage de la salle).} \end{cases}$$

Comme on suppose qu'entre deux pas de temps, la mortalité s'applique en premier, le nombre de porcs de la bande b^P envoyés à l'abattoir au temps t est :

$$A(t,b^P) = (1-\mu_E^P)a(t,b^P)N^P(t-1,b^P). \tag{7}$$

1.3.5 Adaptations de conduite

En fin d'engraissement Les départs à l'abattoir décrits ci-dessus correspondent à une conduite dite « all-in/all-out » (AIAO) ou tout-plein/tout-vide. Mais l'éleveur peut choisir d'adapter sa conduite et de conserver les porcs trop petits encore quelques semaines dans l'élevage. Pour cela, il choisit en général le *mélange de bandes* : il introduit les porcs trop petits dans la bande suivante, dans la limite de sa capacité d'accueil. S'il dispose d'une case tampon, il l'utilise en priorité, dans la limite des places disponibles. Cette adaptation de conduite est décrite ci-dessous. On suppose que l'éleveur ne la met en place que s'il a plus de $P_{\min}$ porcs trop petits.

Soit la bande de porcs $b^P = b$ au temps $t = \theta_{Ab}$, date de vidage de la salle d'engraissement. On note :

— $\nu^E_{\max}$ la capacité d'accueil d'une bande de porcs en engraissement ;
— $C_E(t)$ l'effectif dans la case tampon au temps t et $\nu^{C_E}_{\max}$ sa capacité ;
— $P_b = (1-\mu_E)(1-a(\theta_{Ab},b))N^P(\theta_{Ab}-1,b)$ l'effectif de la bande juste avant θ_{Ab}, après mortalité et départ à l'abattoir des porcs dans la gamme ;
— $BM(\theta_{Ab},b)$ le nombre de porcs qui sont mélangés avec la bande suivante $b+1$;
— $A_{or}(\theta_{Ab},b)$ le nombre de porcs hors gamme envoyés à l'abattoir.

- Si $P_b \leqslant P_{\min}$, alors on vide la salle :
  $\rightarrow BM(\theta_{Ab},b) = 0$ & $A_{or}(\theta_{Ab},b) = P_b$.
- sinon, si $P_b > T_{min}$, alors :
  - s'il existe une case tampon, on la remplit au maximum :
    $\rightarrow C_E(\theta_{Ab}) = \min(P_b, \nu^{C_E}_{\max} - C_E(\theta_{Ab}-1))$;
    - ⋆ s'il reste des porcs trop petits, *i.e.* si $P_b > \nu^{C_E}_{\max} - C_E(\theta_{Ab}-1)$, alors on les mélange dans la bande suivante $b+1$;
      - si la capacité de la bande $b+1$ n'est pas atteinte, *i.e.* :
        $\rightarrow BM(\theta_{Ab},b) = P_b - \nu^{C_E}_{\max} + C_E(\theta_{Ab}-1) \leqslant \nu^E_{\max} - P(\theta_{Ab},b+1)$,
        alors la salle est vide :
        $\rightarrow A_{or}(\theta_{Ab},b) = 0$.
      - sinon :
        $\rightarrow BM(\theta_{Ab},b) = \nu^E_{\max} - P(\theta_{Ab},b+1)$
        et on vide la salle :
        $\rightarrow A_{or}(\theta_{Ab},b) = P_b - \nu^{C_E}_{\max} + C_E(\theta_{Ab}-1) - \nu^E_{\max} + P(\theta_{Ab},b+1)$.
    - ⋆ sinon, la salle est vide :
      $\rightarrow BM(\theta_{Ab},b) = 0$ & $A_{or}(\theta_{Ab},b) = 0$.
  - s'il n'existe pas de case tampon, alors on mélange les porcs trop petits dans la bande suivante $b+1$;
    - ⋆ si la capacité de la bande $b+1$ n'est pas atteinte, *i.e.* :
      $\rightarrow BM(\theta_{Ab},b) = P_b \leqslant \nu^E_{\max} - P(\theta_{Ab},b+1)$,
      alors la salle est vide :
      $\rightarrow A_{or}(\theta_{Ab},b) = 0$.
    - ⋆ sinon :
      $\rightarrow BM(\theta_{Ab},b) = \nu^E_{\max} - P(\theta_{Ab},b+1)$
      et on vide la salle :
      $\rightarrow A_{or}(\theta_{Ab},b) = P_b - \nu^E_{\max} + P(\theta_{Ab},b+1)$.

À chaque départ à l'abattoir un tiers de la salle tampon est vidée.

Si l'on autorise le mélange de bandes, le nombre de porcs de la bande b envoyés à l'abattoir au temps t est :

$$A(t,b) = \begin{cases} (1-\mu_E)a(t,b)P(t-1,b) & \text{si } t < \theta_{Ab} \text{ (engraissement)}, \\ (1-\mu_E)a(t,b)P(t-1,b) + A_{or}(t,b) & \text{si } t = \theta_{Ab} \text{ (vidage)}. \end{cases} \tag{8}$$

En fin de post-sevrage Pour certaines conduites dans lesquelles les bandes de porcs sont très rapprochées, il est également possible que l'éleveur choisisse de maintenir certains porcs en post-sevrage quand la salle est vidée. Comme dans le cas précédent, il utilise de préférence une case tampon spécifique, de capacité $\nu_{\max}^{C_{PS}}$. Il peut également procéder à du mélange de bandes, si la capacité de la salle de post-sevrage $\nu_{\max}^{PS}$ de la bande suivante n'est pas atteinte.

Pour calculer la proportion de porcs trop petits pour passer en engraissement, on utilise le poids moyen en fin de post-sevrage et l'écart-type associée. Ces paramètres sont estimés à partir des données de GMQ (gain moyen quotidien). Cela permet d'introduire une variabilité de croissance intra-bande. Comme dans la section 1.3.4, on introduit également une variabilité de croissance inter-bandes, l'écart type « de base » étant multiplié, pour une fraction des bandes, par un coefficient tiré dans une loi uniforme.

1.3.6 Dynamique des bandes de porcs

Les équations régissant la dynamique de la bande de porcs $b^P = b$ à l'instant t sont donc :

$$N^P(t,b) = \begin{cases} N_n^P(t) & \text{si } t = t_n \\ & \text{(naissance)}, \\ (1-\mu_M)N^P(t-1,b) & \text{si } 0 < t - t_n < d_M \\ & \text{(lactation)}, \\ (1-\mu_N)N^P(t-1,b) & \text{si } 0 \leqslant t - (t_n + d_M) < d_N \\ & \text{(nurserie)}, \\ (1-\mu_{PS})N^P(t-1,b) & \text{si } 0 \leqslant t - (t_n + d_M + d_N) < d_{PS} \\ & \text{(post-sevrage)}, \\ (1-\mu_E)(1-a(t,b))N^P(t-1,b) & \text{si } t_n + d_M + d_N + d_{PS} \leqslant t < \theta_{Ab} - 1 \\ & \text{(engraissement)}, \\ (1-\mu_E)(1-a(t,b))N^P(t-1,b) + BM(t,b-1) & \text{si } t = \theta_{Ab} - 1 \\ & \text{(engraissement + mélange)}, \\ 0 & \text{si } t = \theta_{Ab} \\ & \text{(vidage)}. \end{cases} \tag{9}$$

BM correspond au mélange de bandes (batch mixing) et est défini en section (1.3.4) dans le paragraphe ayant trait aux adaptations de conduite. Pour la conduite AIAO, il suffit de mettre ce terme à 0.

Les départs à l'abattoir sont donnés par (7) pour la conduite AIAO et par (8) quand on autorise le mélange de bandes.

N.B. Entre deux pas de temps, la mortalité s'applique avant le départ à l'abattoir.

2 Modèle salmonelles

Les salmonelles sont des bactéries connues pour leur forte résistance dans l'environnement. Les animaux contaminés excrètent la bactérie dans leur environnement, *i.e.* leur salle. Le modèle représente la transmission indirecte féco-orale des salmonelles, par ingestion des bactéries présentes dans la salle.

La bactérie n'influence pas la dynamique de population des truies et des porcs charcutiers. Les porcs infectés ne présentent pas de signes cliniques et ne sont pas directement détectables dans l'élevage. Deux méthodes de détection sont développées en élevage : une méthode bactériologique, mise en place sur des échantillons de matière fécale, met en évidence l'excrétion de la bactérie ; une méthode sérologique par prise de sang, détecte la présence d'anticorps.

On développe ici un modèle de type SIR (Susceptible, Infectious, Recovered) dans une population homogène, adapté aux salmonelles, que l'on couple en section 3 avec le modèle de troupeau décrit en 1.

2.1 Description des états épidémiologiques

2.1.1 Liste des états épidémiologiques potentiels

Les statuts décrits bactériologiquement

- F : sensibles. Ce sont des porcs exempts de salmonelles, pour qui l'infection est possible.
- L : latents. Ce sont des animaux qui ont ingéré des salmonelles mais qui ne les excrètent pas encore, juste au stade colonisation.
- Sh : porteurs excréteurs. Présence de la bactérie dans le tube digestif et dans les ganglions périphériques, les animaux excrètent la bactérie dans leurs fèces.
- C : porteurs non excréteurs. Présence de la bactérie dans le tube digestif et dans les ganglions périphériques, pas d'excrétion.
- R : immunisés. Ils possèdent une protection immunitaire efficace contre une nouvelle infection par salmonelles.
- Rm : porcelets possédant des anticorps maternels protecteurs.

Les statuts décrits sérologiquement

- *Séroconvertis* : l'infection par salmonelles a entraîné la production d'anticorps anti-salmonelles. Les anticorps sont détectés par les tests sérologiques.
- *Non séroconvertis* : l'animal ne produit pas ou plus d'anticorps anti-salmonelles : soit il n'est pas infecté, soit il n'a pas encore séroconverti, soit il a éliminé la bactérie et arrêté de produire des anticorps.

On peut a priori croiser les statuts bactériologiques et sérologiques.

2.1.2 Choix des états épidémiologiques modélisés

L'état L est éliminé. La durée dans cet état est rarement supérieure à 48 heures. Dans notre étude, le pas de temps choisi est la semaine. L'état L n'a aucune influence dans la dynamique d'infection par salmonelles.

L'état C est aussi écarté. Cet état correspond à des porteurs non excréteurs qui ne produisent plus d'anticorps anti-salmonelles (séronégatifs), tout en présentant la bactérie dans leur tube digestif. En effet, chez des porcs charcutiers la durée de séroconversion est plus courte que la durée d'excrétion.

Le passage à l'état de porteur non excréteur ne concerne donc que des animaux ayant déjà séroconverti. La durée de portage est plus longue que la durée de vie d'un porc charcutier. Les porteurs ne produisant plus d'anticorps n'existent pas en élevage. Les porteurs sont toujours séroconvertis donc Cs.

L'état R n'est pas renseigné par la littérature. Le temps de transition vers l'état est sans doute R trop long par rapport à la durée de vie d'un porc charcutier. Aucune expérimentation n'est réalisée sur les truies. Pour obtenir des certitudes, la détection de salmonelles chez des lots de vieilles truies à l'abattoir pourrait être faite.

Pour l'état Rm, on peut considérer la même hypothèse. On peut toutefois tester dans le modèle, différentes valeurs de protection des anticorps maternels et observer s'il existe un effet notoire.

On obtient donc *4 états épidémiologiques* :

- F : sensible (« Free of Salmonella »),
- Sh : porteur excréteur (« Shedder »),
- Shs : porteur excréteur séroconverti,
- Cs : porteur non excréteur séroconverti (« Carrier »).

2.2 Description du modèle

2.2.1 Variables d'état

- Soit $N(t, Y)$ l'effectif de la population porcine dans l'état Y au temps t. $N(t)$ représente la taille de la population totale.
- Les salmonelles de la salle sont modélisées comme un nombre d'unités infectieuses noté $Q(t)$ au temps t.

2.2.2 Transitions

Un cochon sensible ($Y = F$) devient porteur excréteur ($Y = Sh$) suite à l'ingestion de salmonelles. Suite à un délai de séroconversion, il passe dans l'état porteur excréteur séroconverti ($Y = Shs$). L'excrétion est intermittente. Lorsqu'elle s'arrête, l'animal devient porteur non excréteur séroconverti ($Y = Cs$). L'excrétion peut être réactivée, en particulier sous l'effet d'un stress. Ces transitions sont représentées dans la figure 5.

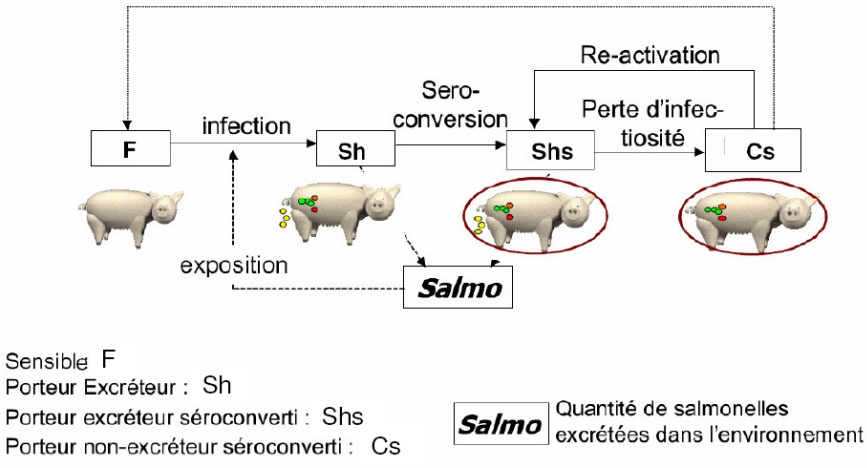


Figure 5 – Schéma du **modèle épidémiologique** de transmission des salmonelles [4].

Toutes les transitions entre états sont *stochastiques*. Le nombre de cochons effectue une transition entre deux états est tiré dans une loi binomiale. Le premier paramètre de cette loi est l'effectif de la population dans l'état de départ ; le second paramètre est la probabilité de transition individuelle.

Infection $F \to Sh$ La probabilité d'infection d'un individu sensible dépend de la quantité d'unités infectieuses de salmonelles q' auxquelles il est exposé. Cette probabilité est une fonction croissante du logarithme de la dose $q = \log(1+q')$. Deux fonctions dose–réponse sont proposées. La première est une fonction avec deux plateaux définis par les doses seuils $q_i,\ i = 1, 2$ et les probabilités seuils $\psi_i,\ i = 1, 2$:

$$f(q) = \begin{cases} 0 & \text{si } q = 0, \\ \psi_1 & \text{si } 0 < q \leqslant q_1, \\ \psi_1 + \frac{\psi_2 - \psi_1}{q_2 - q_1}(q - q_1); & \text{si } q_1 < q \leqslant q_2, \\ \psi_2 & \text{si } q > q_2. \end{cases} \tag{10}$$

La seconde est une fonction sigmoïde plus lisse à trois paramètres :

$$f(q) = \psi_2 \Big(1 - \exp\big(- \rho_1\, q^{\rho_2} \big) \Big), \tag{11}$$

où ψ_2 correspond à la probabilité plafond et où ρ_1, ρ_2 contrôlent la forme de la sigmoïde. L'allure de cette courbe est donnée dans la figure 6 ci-dessous.

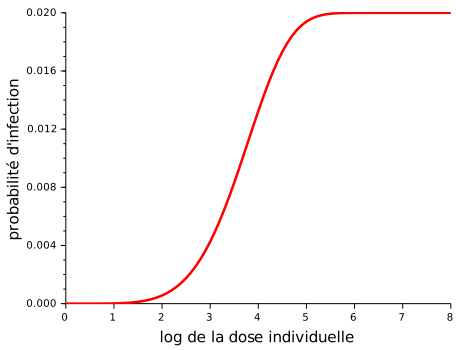


Figure 6 – Fonction **dose–réponse** sigmoïde (échelle log pour la dose).

En supposant qu'il y a un mélange homogène au sein de la population, chaque individu est exposé à une dose individuelle $q'(t) = Q(t)/N(t)$. Le nombre de cochons sensibles qui s'infectent et deviennent des porteurs excréteurs est calculé à chaque pas de temps t à partir de la loi binomiale suivante :

$$\mathcal{B}\Big(N(t, F), f\Big(\log\Big(1 + \frac{Q(t)}{N(t)} \Big) \Big) \Big).$$

Séroconversion $Sh \to Shs$ La probabilité qu'un porteur excréteur séroconvertisse s'exprime à partir du délai de séroconversion λ_1 comme suit : $1 - \exp(\frac{-1}{\lambda_1})$. Le nombre de porteurs excréteurs qui deviennent séropositifs est calculé à chaque pas de temps t à partir de la loi binomiale suivante :

$$\mathcal{B}\Big(N(t, Sh), 1 - \exp\Big(\frac{-1}{\lambda_1} \Big) \Big).$$

Arrêt d'excrétion *Shs* → *Cs* De manière similaire, la probabilité qu'un porteur excréteur séropositif arrête d'excréter dépend de la durée d'excrétion $\lambda_2(t)$. Cette durée suit une loi log-normale de moyenne m_{λ_2} et d'écart-type e_{λ_2}. Elle est recalculée à chaque pas de temps t pour prendre en compte une variabilité liée à l'environnement. Le nombre de porteurs excréteurs séropositifs deviennent porteurs est calculé à chaque pas de temps t à partir de la loi binomiale suivante :

$$\mathcal{B}\left(N(t, Shs), 1 - \exp\left(\frac{-1}{\lambda_2(t)}\right)\right).$$

Ré-excrétion *Cs* → *Shs* On note β la probabilité qu'un porteur non excréteur séropositif recommence à excréter. Le nombre de porteurs non excréteurs séroconvertis qui deviennent des porteurs excréteurs séroconvertis est calculé à chaque pas de temps t à partir de la loi binomiale suivante :

$$\mathcal{B}\big(N(t, Cs), \beta\big).$$

2.2.3 Environnement

Le nombre d'unités infectieuses de salmonelles présentes dans l'environnement est soumis à un processus de dégradation à chaque pas de temps grâce à un taux fixe γ. Ce nombre est incrémenté par les unités excrétées par les porteurs excréteurs séronégatifs et séropositifs. On note e_{Sh} et e_{Shs} leurs taux d'excrétion respectifs. Il en résulte l'équation de la dynamique des unités infectieuses de salmonelles suivante :

$$Q(t) = (1 - \gamma)Q(t-1) + e_{Sh}\, N(t, Sh) + e_{Shs}\, N(t, Shs).$$

Les doses individuelles excrétées sont soit fixes, soit tirées pour chaque bande selon une loi normale de moyenne dépendant du statut de l'animal (séroconverti ou non) et d'écart-type constant.

2.2.4 Dynamique épidémiologique

Ainsi, nous obtenons le système d'équations ci-dessous, qui décrit l'évolution de la population dans les quatre états épidémiologiques et de l'environnement :

$$\begin{cases} N(t,F) = N(t-1,F) - \mathcal{B}\left(N(t-1,F), f\left(\log\left(1+\dfrac{Q(t)}{N(t)}\right)\right)\right), \\ N(t,Sh) = N(t-1,Sh) + \mathcal{B}\left(N(t-1,F), fbigg(\log\left(1+\dfrac{Q(t)}{N(t)}\right)\right)\right) \\ \qquad\qquad - \mathcal{B}\left(N(t-1,Sh), 1-\exp\left(\dfrac{-1}{\lambda_1}\right)\right), \\ N(t,Shs) = N(t-1,Shs) + \mathcal{B}\left(N(t-1,Sh), 1-\exp\left(\dfrac{-1}{\lambda_1}\right)\right) \\ \qquad\qquad - \mathcal{B}\left(N(t-1,Shs), 1-\exp\left(\dfrac{-1}{\lambda_2(t-1)}\right)\right) + \mathcal{B}(N(t-1,Cs),\beta), \\ N(t,Cs) = N(t-1,Cs) + \mathcal{B}\left(N(t-1,Shs), 1-\exp\left(\dfrac{-1}{\lambda_2(t-1)}\right)\right) \\ \qquad\qquad - \mathcal{B}(N(t-1,Cs),\beta), \\ Q(t) = (1-\gamma)Q(t-1) + e_{Sh}\, N(t,Sh) + e_{Shs}\, N(t,Shs), \end{cases} \tag{12}$$

la fonction dose–réponse f étant définie par l'équation (10) ou (11).

3 Couplage

Le modèle de troupeau décrit en section 1 et le modèle épidémiologique décrit en section 2 sont couplés de la manière décrite ci-dessous.

3.1 Variables d'état

Les variables d'état du système couplé sont :

— $N^T(t, b^T, p, Y)$, l'effectif de truies de parité p de la bande b^T, dans l'état épidémiologique Y, au temps t ;

— $N^P(t, b^P, Y)$, l'effectif de porcs de la bande b^P, dans l'état épidémiologique Y, au temps t ;

— $Q(t, s)$, le nombre d'unités infectieuses de salmonelles dans la salle s au temps t.

En outre, $A(t, b^P, Y)$ est le nombre de porcs de la bande b^P dans l'état épidémiologique Y envoyés à l'abattoir au temps t.

3.2 Liens entre les modèles démographique et épidémiologique

Quelques transitions et paramètres épidémiologiques dépendent du stade physiologique de la bande, ce qui implique que les deux modèles ne sont pas totalement découplés.

— La sensibilité des porcelets aux salmonelles est supposée plus faible pendant la période d'allaitement, grâce à une protection immunitaire maternelle partielle. La probabilité d'infection, donnée par la fonction dose–réponse (10) ou (11), dépend donc du stade physiologique des porcs : pendant la période d'allaitement L, $f_L = (1 - \varepsilon)f$, ε étant un facteur protecteur $(0 < \varepsilon < 1)$; pendant tous les autres stades physiologiques des porcs $x^P \neq L$ et des truies x^T, $f_{x^P} = f_{x^T} = f$.

— On considère que les taux d'excrétion des porteurs séroconvertis ou non augmentent avec l'âge de l'animal. Ils dépendent ainsi du stade physiologique des porcs : $e^{x^P}_{Shs}$ ou $e^{x^P}_{Sh}$; mais pas de celui des truies : e_{Shs} ou e_{Sh}.

— Enfin, les porcelets sont soumis à un stress supplémentaire quand ils sont sevrés. La probabilité qu'un porteur non excréteur se mette à ré-excréter à ce moment-là est plus forte à cet instant. Ainsi, pour chaque bande de porcs b^P à $t = t_n + d_L$, cette probabilité $\beta = \beta_M$; dans tous les autres cas, pour les porcs comme pour les truies β, avec $\beta_M > \beta$.

3.3 Dynamique des bandes

À chaque pas de temps, les processus démographiques et de gestion des truies (section 1.2) et des porcs charcutiers (section 1.3) sont appliqués de manière uniforme sur les quatre états épidémiologiques de chaque bande. Il en découle que les porcs envoyés à l'abattoir sont ainsi répartis entre les différents états physiologiques :

$$A(t, b^P, Y) = A(t, b^P)\frac{N^P(t-1, b^P, Y)}{N^P(t-1, b^P)},$$

où $A(t, b^P) = \sum_Y A(t, b^P, Y)$ est donné par (7) ou (8) et $N^P(t, b^P) = \sum_Y N^P(t, b^P, Y)$.

Ensuite, les transitions épidémiologiques sont tirées pour chaque bande de truies et de porcs selon les équations présentées en (12) appliquées à chaque bande.

3.4 Dynamique des salles

Enfin, le nombre d'unités infectieuses de salmonelles dans chaque salle s est mis à jour. Les deux modèles interagissent naturellement au niveau de la salle : son occupation est déterminée par la gestion du troupeau et c'est par la salle que la transmission de salmonelles a lieu. Entre deux bandes, les salles sont vidées, nettoyées et désinfectées.

La bande de truies ou de porcs occupant la salle s au temps t est déterminée grâce aux équations (2) ou (5) ; dans le cas des salles de maternité, il peut s'agir d'une bande de truies et d'une bande de porcs ; si la salle est vidée, il n'y a aucune bande présente. Le stade physiologique de cette bande se déduit de (1) ou (4). On distingue ainsi trois cas :

— si t n'est pas un temps de vidage de la salle s et si, par exemple, la salle s est une salle de maternité occupée par la bande de porcs b^P et la bande de truies b^T, on a :

$$\begin{aligned} Q(t,s) = (1-\gamma)Q(t-1,s) + e^L_{Sh} N^P(t, b^P, Sh) + e^L_{Shs} N^P(t, b^P, Shs) \\ + e_{Sh} \sum_p N^T(t, b^T, p, Sh) + e_{Shs} \sum_p N^T(t, b^T, p, Shs); \end{aligned}$$

— si t n'est pas un temps de vidage de la salle s et si, par exemple, la salle s est une salle d'engraissement occupée par la bande de porcs b^P, on a :

$$Q(t,s) = (1-\gamma)Q(t-1,s) + e^E_{Sh} N^P(t, b^P, Sh) + e^E_{Shs} N^P(t, b^P, Shs);$$

— si la salle s est vide au temps t, on a :

$$Q(t,s) = (1-\zeta_s)Q(t-1,s),$$

où ζ_s est le taux de salmonelles éliminées par le processus de nettoyage–désinfection de la salle s. Ce taux dépend de la salle, car les salles de verraterie et de gestation sont moins bien nettoyées.

Le modèle troupeau couplé au modèle salmonelles forme ainsi un modèle « élevage », qui représente différents types de conduites en bandes et qui décrit l'évolution du portage de salmonelles intra-élevage. Il a été implémenté sous `Scilab` *afin de faire comparer plusieurs scénarios de conduites (type de conduite et ajustements).*

Deuxième partie
Étude du modèle

L'objectif de cette partie est d'étudier l'impact des types de conduite d'élevage sur le portage de salmonelles intra-élevage. Cette étude *in silico* est fondée sur le modèle « élevage » décrit dans la partie I. Différents scénarios ont été élaborés à partir des conduites en bandes existant en Bretagne.

Nous décrivons tout d'abord plus en détails les simulations et scénarios implémentés en section 4. Puis nous présentons les résultats en termes de séroprévalence et de mélange de bandes en section 5 pour un scénario de référence. Enfin nous étudions l'impact du mélange de bandes et de la conduite dans les sections 6 et 7 respectivement.

4 Description des simulations

4.1 Scénarios de conduites en bandes

Le choix des scénarios s'est fait par rapport au tableau 1, page 9, répertoriant les conduites en bandes existant en Bretagne et leur importance. Ils sont décrits dans le tableau 3 ci-dessous.

Scénario	interbande (en semaines)	Âge au sevrage (en jours)	Mélange de bandes en post-sevrage	Mélange de bandes en engraissement	Nbre de bandes de truies
#1	1	21	oui	oui	20
#2	1	28	oui	oui	21
#3	2	21	oui	oui	10
#4	**3**	**28**	**oui**	**oui**	**7**
#5	3	28	non	oui	7
#6	3	28	non	non	7
#7	4	21	non	oui	5
#8	4	21	non	non	5
#9	5	21	non	oui	4
#10	5	21	non	non	4

Tableau 3 – Scénarios de conduites en bandes simulés dans cette étude.
Le scénario de **référence** #4 apparaît en **gras** dans le tableau.

Ces conduites sont partiellement contraintes. En particulier, les conduites dont les bandes sont espacées d'1 seule semaine (interbande = 1) pratiquent obligatoirement le mélange de bandes en fin de post-sevrage et d'engraissement, car les bandes de porcs se suivent de très près. En revanche, quand les bandes sont espacées de 4 ou 5 semaines, il n'y a pas de mélange en fin de post-sevrage et le mélange en fin d'engraissement est autorisé mais pas obligatoire.

La conduite en bandes la plus fréquente (*cf.* tableau 1) est la conduite en 7 bandes. En effet, en 2007 elle représentait plus de 59 % des élevages Breton selon la GTTT, Gestion Technique des Troupeaux de Truies. Cette conduite autorise le mélange de bandes en fin de de post-sevrage et d'engraissement. Jusqu'à maintenant le scénario #4 (en gras dans le tableau 3) est le plus « standard » et constitue donc notre **scénario de référence**.

Pour connaître les durées passées dans chaque salle ou état physiologique en fonction de la conduite en bandes, on pourra se rapporter au tableau 2, page 16.

4.2 Implémentation du modèle

Le modèle « élevage » décrit dans la partie I a été implémenté en modes *stochastique* et *déterministe*. Ce dernier permet de calibrer les paramètres plus facilement de vérifier que les différentes variables se stabilisent bien.

Dans cette étude, le modèle a été utilisé principalement en mode stochastique pour simuler le fonctionnement d'un élevage sur 500 semaines, soit environ *10 ans*. Ainsi, pour chacun des scénarios présentés ci-dessus dans le tableau 3, plusieurs répétitions ont été simulées.

Répétitions Nous avons choisi d'effectuer *1001 répétitions par scénario*. Ce nombre suffit très largement à atteindre une stabilisation de la variabilité entre simulations. En effet, avec 500 répétitions sélectionnées au hasard parmi les 1001 répétitions, nous pouvons déjà observer cette même stabilisation.

En outre, il est acceptable au niveau du temps de calcul. En effet, pour le scénario #4, une répétition tourne en près de 22 secondes et 1001 répétitions en un peu plus de 6 heures.

Initialisation Pour chaque répétition, l'élevage commence à t_0 avec une *population de truies et porcs complètement saine*. Chaque bande de truies est composée d'environ *24 truies*, chiffre correspondant au nombre de places disponibles en salle de maternité. Les bandes de porcs sont limitées à *300 porcs*, nombre de places libres en salles de post-sevrage et d'engraissement. Ces deux paramètres dépendent bien sûr de la taille de l'élevage étudié et peuvent être très facilement changés par l'utilisateur du programme de simulation.

L'*introduction des salmonelles* dans l'élevage se fait par le biais *cochettes porteuses excrétrices séronégatives* (état *Sh*). À chaque fois qu'une bande de truies entre en verraterie, elle recrute des cochettes (jeunes truies n'ayant jamais eu de portées) afin de compenser la mortalité et les réformes du cycle précédent. Parmi ces cochettes, nous effectuons un tirage selon une loi binomiale pour définir combien de cochettes sont infectées.

Le nombre de cochettes introduites à chaque cycle dépend de la taille d'une bande de truie et du cumul de sa mortalité sur un cycle ; il tourne ici autour de *5 cochettes*. Nous avons choisi d'infecter en moyenne *5 %* des cochettes introduites, comme l'avait fait Amandine Lurette [2]. Ce paramètre de la loi binomiale peut être modifié, selon la qualité de la mise en quarantaine des cochettes par exemple.

Sorties Notre but est d'étudier l'évolution du portage de salmonelles dans un élevage. Comme nous l'avons vu en section 2.1, il existe deux méthodes de détection de salmonelles en élevage, bactériologique et sérologique. La méthode la moins coûteuse et donc la plus pratiquée étant la méthode sérologique, nous nous sommes concentrés sur la représentation de la *séroprévalence* dans l'élevage, c'est-à-dire la proportion d'animaux porteurs excréteurs séropositifs (*Shs*) et porteurs non excréteurs séropositifs (*Cs*).

Nous suivons donc la séroprévalence des truies et des porcs dans l'élevage, ainsi que des lots envoyés à l'abattoir, *en fonction du temps*. Nous étudions aussi la séroprévalence des porcs *en fonction de leur âge*.

Enfin, nous regardons la fréquence et le pourcentage de *mélange de bandes*, quand celui-ci est autorisé.

Les sorties en mode déterministe ont bien sûr été obtenues à partir d'une seule simulation par scénario. Les sorties en mode stochastique correspondent à 1001 répétitions par scénario.

5 Résultats obtenus pour le scénario de référence

Nous allons tout d'abord présenter ici les différentes sorties que nous avons obtenues pour le scénario #4 de référence, correspondant à une conduite en 7 bandes avec possibilité de mélange de bandes en fin de post-sevrage et d'engraissement.

5.1 Évolution de la séroprévalence des truies dans l'élevage

Au temps $t_0 = 0$, toutes les truies de l'élevage sont saines. On considère qu'une truie est réformée au bout de cinq portées. À la fin de chaque cycle de reproduction, l'éleveur réforme donc un cinquième de son cheptel. Ainsi, au bout de cinq cycles (soit 105 semaines), le cheptel est complètement renouvelé et toutes les truies présentes à t_0 ont été réformées. À chaque passage en verraterie, l'introduction de jeunes cochettes compense la réforme. Une fraction de ces cochettes est infectée, dans l'état épidémiologique porteur excréteur non séroconverti (*Sh*).

Sur la figure 7, on peut suivre l'évolution *déterministe* des truies en fonction de leur état épidémiologique. En mode déterministe, nous n'effectuons pas de tirage binomial, nous faisons directement entrer une fraction constante de cochettes infectées. L'introduction des salmonelles dans les salles de l'élevage est donc très régulière.

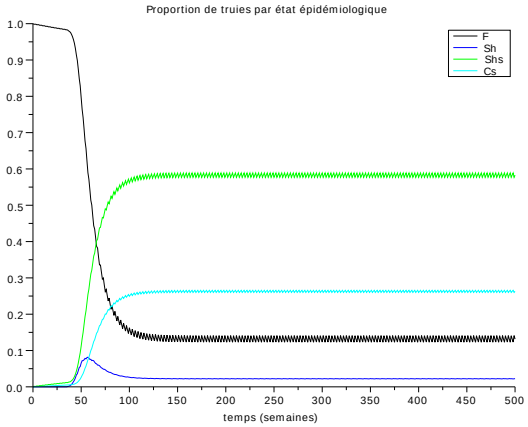
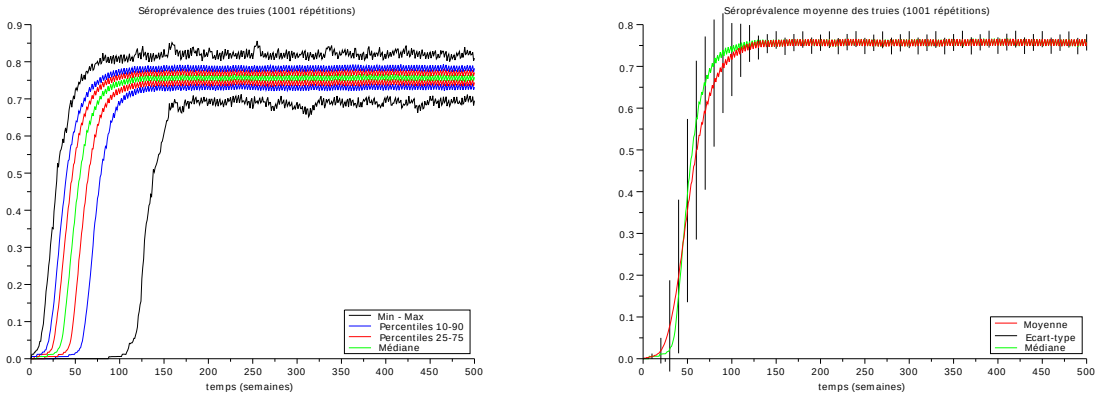


Figure 7 – Évolution temporelle des états épidémiologiques des truies dans l'élevage (en proportions) : scénario #4 de référence, cas déterministe.
F : individus sains (noir) ; *Sh* : porteurs excréteurs séronégatifs (bleu foncé) ; *Shs* : porteurs excréteurs séropositifs (vert), *Cs* : porteurs non excréteurs séropositifs (bleu clair).

On observe que le cheptel de truies connaît d'abord une période avec une contamination lente, pendant les 50 premières semaines. Puis soudain, la contamination s'accélère fortement, avant que les proportions d'individus dans chaque état épidémiologique ne se stabilisent aux alentours de 125 semaines. Après stabilisation, les porteurs séropositifs excréteurs (*Shs*) ou non (*Cs*) représentent 60 % et 25 % de la population de truies, ce qui donne une séroprévalence totale de 85 % dans le troupeau de truies.

L'évolution observée est due en partie à l'introduction de cochettes infectées. La contamination fulgurante du cheptel entre les semaines 50 et 125 est aussi liée au fait que les truies sont des animaux adultes, qui excrètent donc en grande quantité dans des salles peu nettoyées. Les truies n'étant pas directement destinées à l'alimentation, les conditions de nettoyage des salles sont moins strictes que pour les porcs (nettoyage à 80 % au lieu de 99 %).

En mode *stochastique*, la figure 8 représente l'évolution au cours du temps de la séroprévalence (proportion d'individus séropositifs *Shs* et *Cs*) des truies dans l'élevage pour les 1001 répétitions. L'arrivée de cochettes infectées se faisant par tirage selon une loi binomiale, l'introduction des salmonelles dans les salles de l'élevage n'est pas régulière.



(a) Minimum, maximum et quantiles.

(b) Médiane, moyenne et écart-type.

Figure 8 – Séroprévalence des truies en fonction du temps : scénario #4 de référence, cas stochastique (1001 répétitions). Moyenne, écart-type & quantiles calculés entre répétitions.

La contamination du cheptel de truies met plus ou moins de temps à se déclencher en fonction des répétitions. En effet, l'élevage reste sain entre 0 et 100 semaines avant de commencer à s'infecter. Certaines bandes peuvent rester saines à 100 % pendant un certain nombre de cycles. Tout de même, au bout de 100 semaines, lorsque le cheptel de départ a été complètement renouvelé, l'élevage est infecté pour toutes les répétitions.

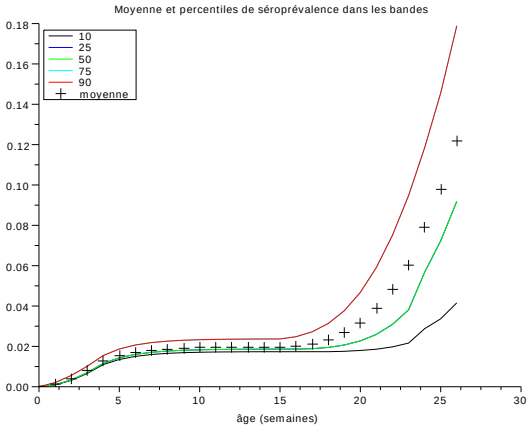
La variabilité entre répétitions est d'abord très grande, puis elle diminue avant de se stabiliser vers 150 semaines. Après stabilisation, la séroprévalence des truies dans les élevages reste comprise entre 66 % et 85 %, pour une moyenne (égale à la médiane) d'environ 75 %. Ces chiffres sont élevés. Cependant, lorsque les truies sont en salle de maternité avec leurs porcelets, ceux-ci sont partiellement protégés par les anticorps contenus dans le lait maternel.

5.2 Séroprévalence des porcs en fonction de leur âge

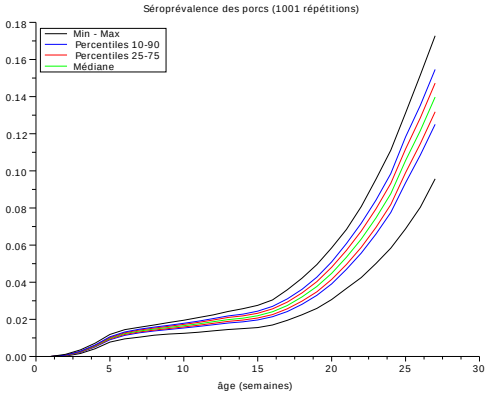
La figure 9 représente la séroprévalence des porcs dans l'élevage en fonction de leur âge. En mode déterministe (une seule simulation), la figure 9(a) illustre la variabilité de la séroprévalence entre les bandes de l'élevage. En mode stochastique (1001 répétitions), les figures 9(b) et 9(c) illustrent la variabilité entre répétitions de la séroprévalence moyenne dans l'élevage.

Il apparaît clairement que la séroprévalence du porc augmente avec son âge, mais on observe trois pentes différentes au cours de sa vie, liées au passage des porcs dans trois différentes salles au cours de leur croissance.

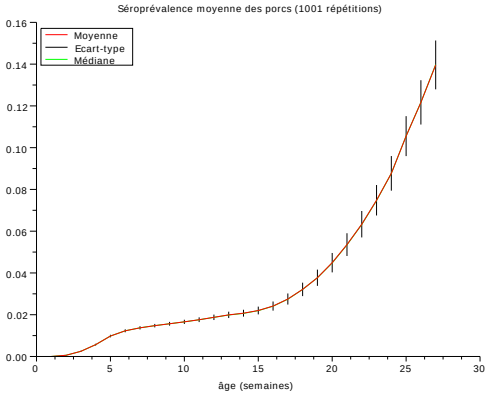
— Les salles de maternité étant fréquentées par les porcelets, elles sont correctement nettoyées (efficacité du nettoyage atteignant 99 %). Les truies entrent donc dans une salle propre une semaine avant de mettre bas. La semaine suivante, les porcelets naissent (tous sains) dans une salle qui n'est déjà plus propre car 60 % des 24 truies (*cf.* pourcentage de de truies excrétrices séronégatives *Sh* et séropositives *Shs*, figure 7) y ont excrété des salmonelles. Les porcelets sont donc dans une salle sale, mais ils sont partiellement protégés par les anticorps contenus dans le colostrum et le lait maternel.



(a) Cas déterministe : moyenne et quantiles.



(b) Cas stochastique : min, max et quantiles.



(c) Cas stochastique : moyenne et écart-type.

Figure 9 – Séroprévalence des porcs en fonction de leur âge : scénario #4 de référence. (a) Cas déterministe (1 simulation) : moyenne et quantiles de la séroprévalence calculés entre les bandes de l'élevage. (b,c) Cas stochastique (1001 répétitions) : moyenne, écart-type et quantiles de la séroprévalence moyenne dans l'élevage calculés entre les répétitions.

— Lorsque les porcs changent de salle à l'âge de 4 semaines, ils entrent dans une salle de post-sevrage propre. Les porcelets contaminés malgré l'immunité maternelle vont excréter dans cette salle. Mais l'excrétion d'un porc en post-sevrage étant plus faible que celle d'une truie adulte, la contamination de la salle n'est pas vraiment suffisante pour contaminer les autres porcs.

— À l'âge de 12 semaines, ils entrent dans une salle d'engraissement propre. Les porcs excrètent alors la même dose que les truies adultes. La salle va donc se salir beaucoup plus vite, jusqu'à dépasser un seuil à partir duquel la contamination s'accélère, vers l'âge de 15 semaines. Cette accélération est due à la forme de la fonction dose–réponse sigmoïde que nous utilisons décrite dans l'équation (11), section 2.2.2, page 23.

En fin de vie, les porcs atteignent une séroprévalence de moyenne d'un peu plus de 12 % en mode déterministe et de 15 % en mode stochastique. On observe sur les trois sous-figures de la figure 9 que la variabilité entre bandes ou entre répétitions de la séroprévalence augmente avec l'âge des porcs.

5.3 Évolution de la séroprévalence des porcs dans l'élevage

À $t_0 = 0$, les porcs sont initialement sains. La figure 10 représente l'évolution *déterministe* des porcs en fonction de leur état épidémiologique.

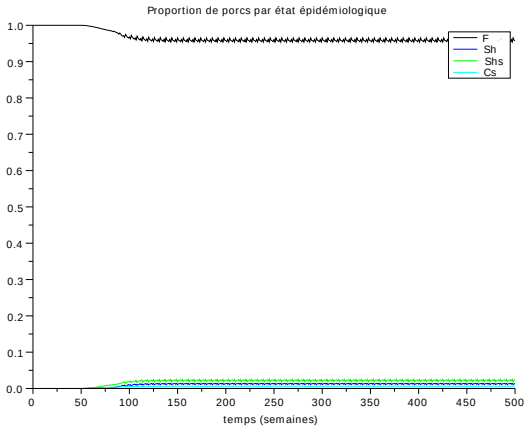


Figure 10 – Évolution temporelle des états épidémiologiques des porcs dans l'élevage (en proportions) : scénario #4 de référence, cas déterministe.
F : individus sains (noir) ; *Sh* : porteurs excréteurs séronégatifs (bleu foncé) ; *Shs* : porteurs excréteurs séropositifs (vert), *Cs* : porteurs non excréteurs séropositifs (bleu clair).

Les porcs mettent environ 50 semaines avant d'être notablement infectés. Les proportions d'individus dans chaque état épidémiologique se stabilisent aux alentours de 125 semaines. Après stabilisation, les porteurs séropositifs excréteurs (*Shs*) ou non (*Cs*) représentent à peine quelques % de la population de porcs.

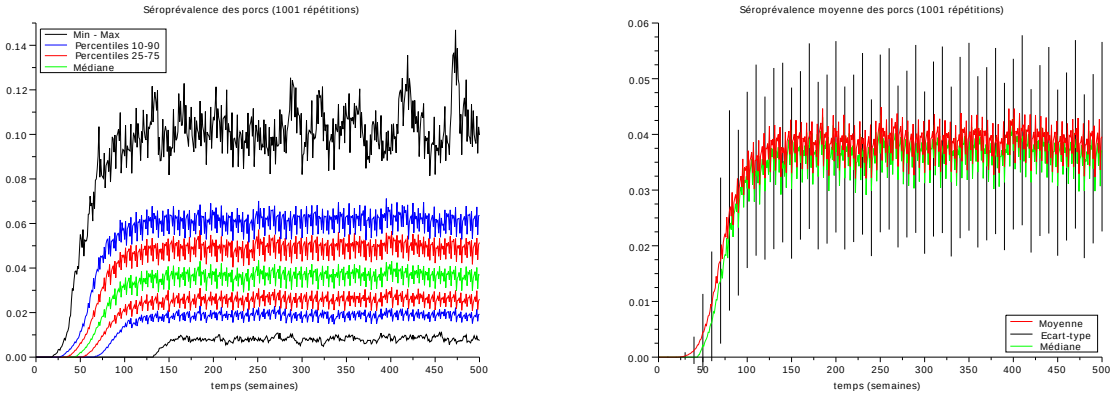
Le délai observé avant que les porcs ne s'infectent est assez important. En effet, il faut que leurs mères soient elles-mêmes infectées. Les premières truies à recevoir des cochettes infectées sont celles entrant en verraterie après $t_0 = 0$; ces truies ne mettent bas que 17 semaines plus tard. Mais ce n'est qu'au bout d'une cinquantaine de semaines qu'on voit se développer l'infection, quand toutes les bandes de porcs présentes sont issues de bandes de truies ayant eu une introduction de cochettes infectées.

La faible proportion de porcs séropositifs s'explique à partir de la figure 9(a), dans laquelle on constate que les jeunes porcs présents dans l'élevage ont une très faible séroprévalence, due à la protection maternelle et un bon nettoyage des salles.

Les (faibles) oscillations s'expliquent par la fréquence des départs à l'abattoir (toutes les 2 semaines), qui privent l'élevage d'un nombre non négligeable de porcs âgés et dont la séroprévalence est ainsi relativement élevée par rapport aux autres porcs.

En mode *stochastique*, la figure 11 représente l'évolution au cours du temps de la séroprévalence des porcs dans l'élevage pour les 1001 répétitions.

La figure 11(b) montre qu'en moyenne 4 % des porcs d'un élevage sont séropositifs. Étant donné que nous représentons la séroprévalence de la totalité des porcs de l'élevage, la moyenne est basse, car elle regroupe aussi bien des jeunes porcelets (sains) que des porcs en fin d'engraissement (14 % de séropositifs). La variabilité augmente avec le temps, mais se stabilise au bout de 125 semaines. Cette variabilité est relativement grande par rapport au faible pourcentage moyen.



(a) Minimum, maximum et quantiles

(b) Médiane, moyenne et écart-type

Figure 11 – Séroprévalence des porcs en fonction du temps : scénario #4 de référence, cas stochastique (1001 répétitions). Moyenne, écart-type & quantiles calculés entre répétitions.

Sur la figure 11(a), on observe que les porcs commencent à se contaminer entre les semaines 25 et 125. Il y a un décalage par rapport au démarrage de la contamination chez les truies (figure 8(a)). En effet, comme nous l'avons expliqué ci-dessus, il faut une vingtaine de semaines avant que les truies ne puissent infecter les porcs.

Comme dans le cas déterministe, les oscillations s'expliquent par la fréquence des départs à l'abattoir (toutes les 2 semaines).

5.4 Évolution de la séroprévalence des lots envoyés à l'abattoir

Les départs à l'abattoir s'effectuant en fonction de la croissance des bandes, certains porcs peuvent partir dès l'âge de 20 semaines et les lots envoyés à l'abattoir, toutes les deux semaines, sont donc composés de porcs d'âges compris entre 20 et 28 semaines et donc de bandes différentes.

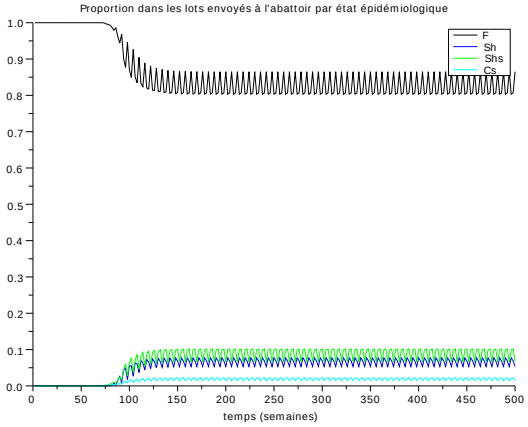
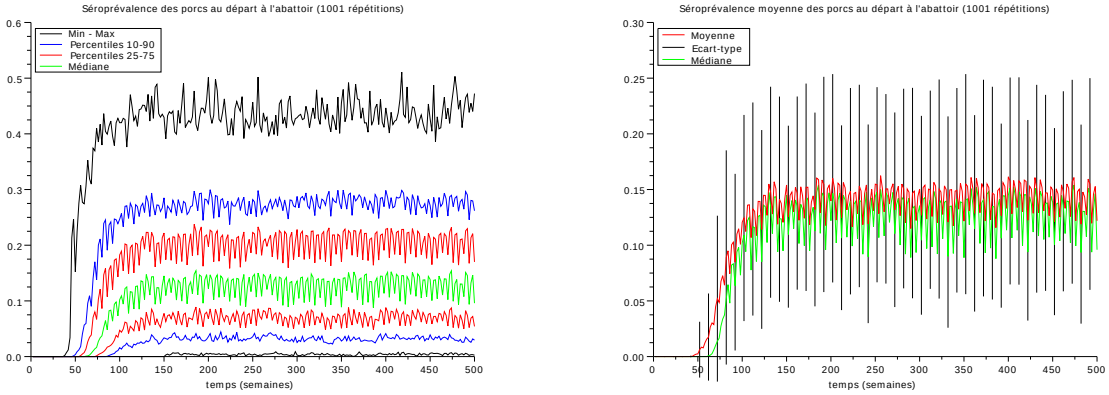


Figure 12 – Évolution temporelle des états épidémiologiques des porcs envoyés à l'abattoir (proportions) : scénario #4 de référence, cas déterministe.
F : individus sains (noir) ; *Sh* : porteurs excréteurs séronégatifs (bleu foncé) ; *Shs* : porteurs excréteurs séropositifs (vert), *Cs* : porteurs non excréteurs séropositifs (bleu clair).

La figure 12 représente l'évolution *déterministe* des lots de porcs envoyés à l'abattoir selon leur état épidémiologique. On y retrouve la séroprévalence d'un porc en fin d'engraissement de 12 % environ (*cf.* figure 9(a)).



(a) Minimum, maximum et quantiles

(b) Stochastique : moyenne, écart-type

Figure 13 – Séroprévalence des lots de porcs envoyés à l'abattoir en fonction du temps : scénario #4 de référence, cas stochastique 1001 (répétitions).
Moyenne, écart-type et quantiles calculés entre répétitions.

En mode *stochastique*, la figure 13 représente la séroprévalence des lots. On observe sur la figure 13(a) qu'il faut un certain temps avant que les lots envoyés ne soient contaminés. En effet, il faut attendre 17 semaines avant que les premières bandes de porcs contaminées ne naissent et donc une vingtaine de semaines de plus avant qu'elles ne partent à l'abattoir. Les figures 13(a) et plus particulièrement 13(b) montrent que la séroprévalence au départ à l'abattoir a une très grande variabilité. En effet, son enveloppe après stabilisation (à 125 semaines) est comprise entre 0 et 45 % en moyenne, avec un écart-type de 10 % environ.

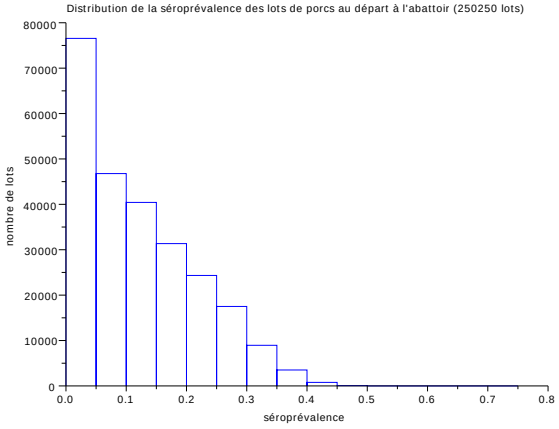


Figure 14 – Distribution des lots de toutes les répétitions selon leur séroprévalence : scénario #4 de référence, cas stochastique (250 lots × 1001 répétitions).

La figure 14 représente la distribution du nombre total de lots des 1001 répétitions, soit 250250 lots (un départ à l'abattoir toutes les 2 semaines, sur 500 semaines), en fonction de la séroprévalence. Cette distribution est décroissante et régulière.

5.5 Mélange de bandes

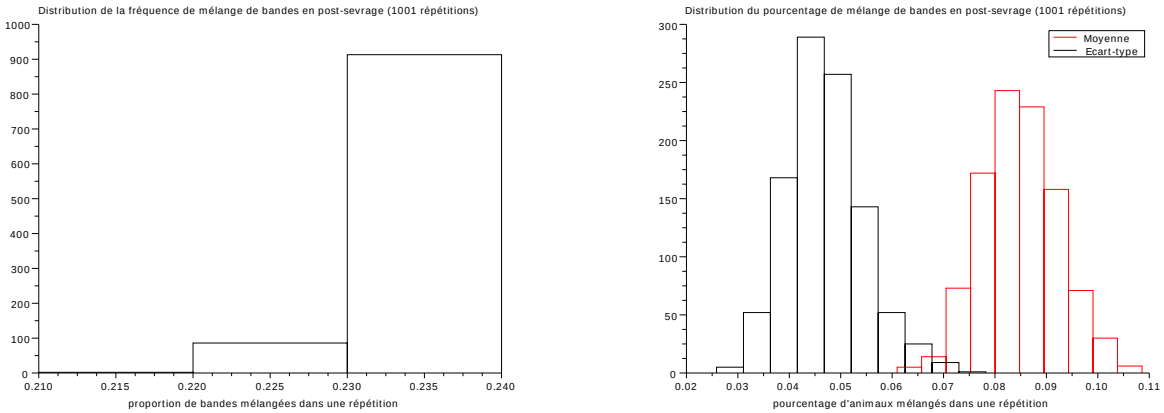
Le mélange de bandes permet aux porcs ayant une croissance plus lente de rester plus longtemps dans l'élevage. Dans ce scénario #4 de référence, le mélange de bandes est autorisé en fin de post-sevrage et d'engraissement, mais cela ne veut pas dire qu'il y aura forcément du mélange de bandes à ces deux moments. En effet, le mélange de bandes dépend en grande partie des paramètres de croissance et des capacités des salles de post-sevrage et d'engraissement.

La croissance des porcs dans ce modèle n'est pas homogène entre les individus. On introduit une variabilité de croissance intra-bande et interbande pour calculer les départs à l'abattoir en fin d'engraissement (*cf.* section 1.3.4, page 18). On procède de la même manière en fin de post-sevrage. Quand le scénario le permet, comme dans ce cas-ci, cela mène à des adaptations de conduite telles le mélange de bande (*cf.* section 1.3.5, page 19).

Dans ces simulations, les salles de post-sevrage et d'engraissement ne peuvent contenir que 300 porcs au maximum. Sachant que l'on compte 11,5 porcelets sevrés par portée, soit 276 porcs par bande, il reste donc 24 places dans chacune de ces salles, en moyenne.

Les figures 15 et 16 ci-dessous représentent les distributions du nombre de répétitions en fonction de deux caractéristiques du mélange de bandes : (i) la *fréquence de mélange*, soit la proportion de bandes ayant reçu des animaux d'autres bandes (figures 15(a) et 16(a)) ; (ii) le *taux de mélange* moyen, soit la proportion au sein d'une bande d'animaux issus d'autres bandes, moyennée sur les bandes ayant reçu des animaux d'autres bandes (figures 15(b) et 16(b)).

5.5.1 En fin de post-sevrage



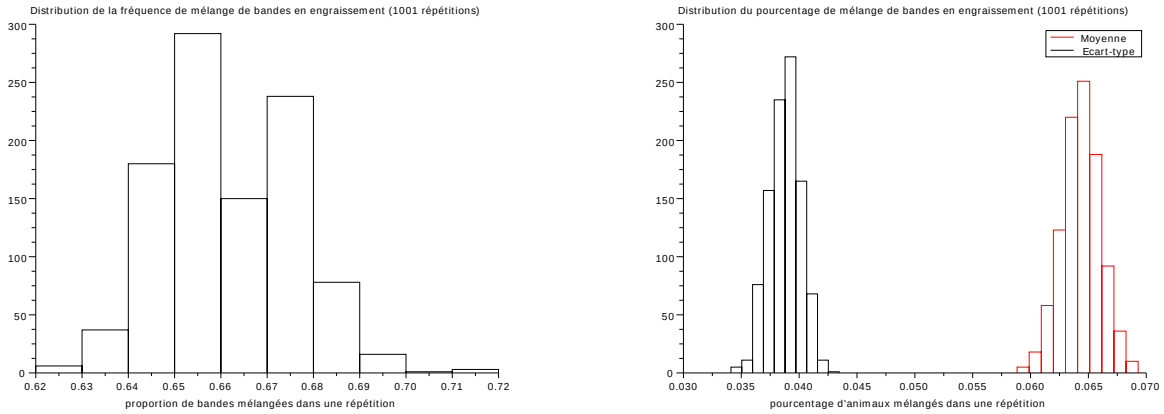
(a) Fréquence de mélange

(b) Taux de mélange : moyenne (rouge) et écart-type

Figure 15 – Distributions du nombre de répétitions en fonction des caractéristiques du mélange de bandes en fin de post-sevrage : scénario #4, cas stochastique (1001 répétitions).

En post-sevrage, on observe sur la figure 15(a) que le mélange de bandes intervient dans toutes les répétitions, mais qu'il touche seulement 22 à 24 % des bandes. Selon la figure 15(b), ces bandes sont alors mélangées à hauteur de 6 à 11 % en moyenne, avec un écart type de 3 et 7 %, ce qui traduit une certaine variabilité entre répétitions. On remarque en outre que l'écart-type du taux de mélange est proche du taux de mélange moyen, ce qui montre que le taux de mélange est également variable entre les bandes d'une même répétition.

5.5.2 En fin d'engraissement



(a) Fréquence de mélange

(b) Taux de mélange : moyenne (rouge) et écart-type

Figure 16 – Distributions du nombre de répétitions en fonction des caractéristiques du mélange de bandes en fin d'engraissement : scénario #4, cas stochastique (1001 répétitions).

En engraissement, on observe sur la figure 16(a) que le mélange de bandes intervient dans toutes les répétitions et qu'il touche 62 à 70 % des bandes. Selon la figure 16(b), ces bandes sont alors mélangées à hauteur de 6 à 7 % en moyenne, avec un écart-type de proche de 4 %, ce qui traduit une faible variabilité entre répétitions. . On remarque en outre que l'écart-type du taux de mélange est du même ordre que le taux de mélange moyen, ce qui montre que le taux de mélange est assez variable entre les bandes d'une même répétition.

6 Effet du mélange de bandes sur la séroprévalence

Afin de voir si le mélange de bandes a un effet sur la séroprévalence, nous comparons les trois scénarios correspondant à des conduites en 7 bandes :

— avec mélange autorisé en post-sevrage et en engraissement (scénario #4 de référence),
— avec mélange autorisé en engraissement uniquement (scénario #5),
— sans mélange de bandes (scénario #6).

Le tableau 4 résume les caractéristiques du mélange de bandes pour les trois scénarios étudiés. Ces caractéristiques, fréquence de mélange et taux de mélange moyen, sont définies en section 5.5 (page 35). On remarque que la présence de mélange de bandes en fin de post-sevrage n'a aucune influence apparente sur le mélange de bandes en fin d'engraissement.

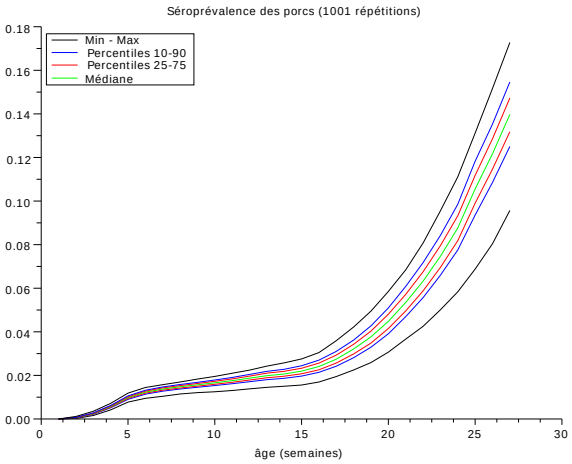
Scénario	*Mélange en **post-sevrage***		*Mélange en **engraissement***	
	Fréquence	*Taux moyen*	*Fréquence*	*Taux moyen*
#4	22 – 24 %	6 – 11 %	62 – 70 %	6 – 7 %
#5	—	—	61 – 67 %	6 – 7 %
#6	—	—	—	—

Tableau 4 – Caractéristiques du mélange de bandes pour les conduites en 7 bandes : cas stochastique (1001 répétitions).
La fréquence correspond au pourcentage de bandes avec mélange dans l'élevage ; le taux moyen au pourcentage moyen de porcs issus d'une autre bande dans une bande mélangée. Les intervalles correspondent à la variabilité observée entre les répétitions.

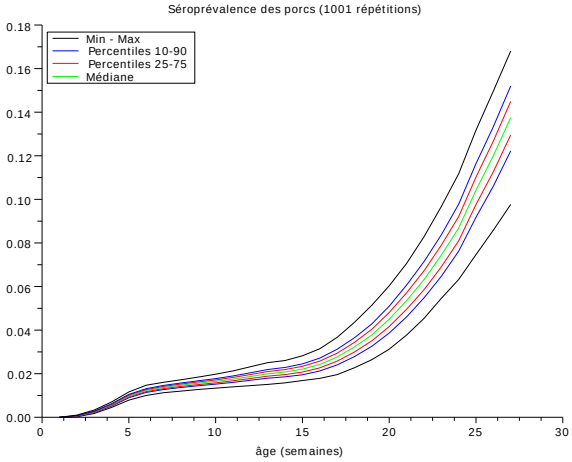
La figure 17 ci-contre représente l'évolution de la séroprévalence des porcs en fonction de leur âge pour les trois scénarios (la figure 17(a) correspond à la figure 9(b) pour le scénario #4 de référence).

On constate que la séroprévalence des porcs change peu ou prou entre les trois types de conduite en 7 bandes, autorisant plus ou moins le mélange de bandes. Les valeurs des extrema et quantiles de séroprévalence, par exemple en fin d'engraissement, sont quasiment identiques : 10 % pour le minimum, 17 % pour le maximum et environ 14 % pour la médiane.

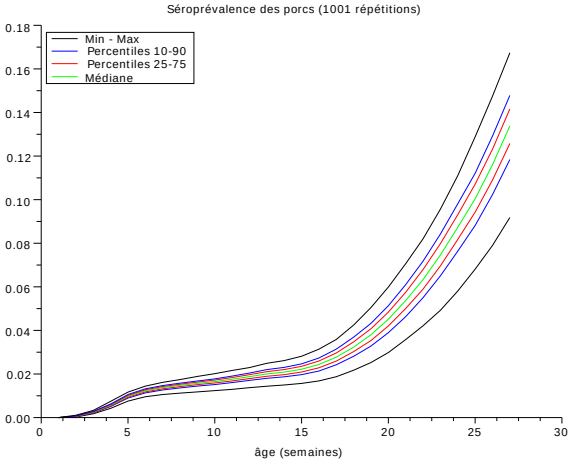
Conclusion Le mélange de bandes ne semble pas avoir un impact majeur sur la séroprévalence des porcs.



(a) Mélange en post-sevrage & engraissement (scénario #4)



(b) Mélange en engraissement uniquement(scénario #5)



(c) Pas de mélange (scénario #6)

Figure 17 – Impact du mélange de bandes sur la séroprévalence moyenne des porcs en fonction de leur âge : comparaison des conduites en 7 bandes, cas stochastique (1001 répétitions). Extrema et quantiles calculés entre les répétitions.

7 Effet du type de conduite sur la séroprévalence

Afin de voir si le type de conduite a un effet sur la séroprévalence, nous comparons trois scénarios correspondant à des conduites en bandes contrastées autorisant le mélange de bandes :

— conduite en 21 bandes, avec mélange de bandes autorisé en fin de post-sevrage et en fin d'engraissement (scénario #2),
— conduite en 7 bandes, avec mélange de bandes autorisé en fin de post-sevrage et en fin d'engraissement (scénario #4 de référence),
— conduite en 5 bandes, avec mélange de bandes autorisé en fin de d'engraissement mais pas en fin de post-sevrage (scénario #7).

Nous présentons dans cette section l'évolution de la séroprévalence des porcs en fonction de leur âge et la séroprévalence des lots envoyés à l'abattoir en fonction du temps, pour chacun de ces scénarios.

7.1 Conduite en 21 bandes

Pour la conduite en 21 bandes, les bandes de porcs restent :
— 4 semaines en maternité,
— 8 semaines en post-sevrage,
— 16 semaines en engraissement.

On observe sur la figure 18(a), une séroprévalence moyenne stabilisée au bout de 125 semaines d'environ 11 % au départ à l'abattoir. Cette séroprévalence possède un écart-type d'environ 6 %, ce qui montre qu'elle est relativement variable entre répétitions.

7.2 Conduite en 7 bandes

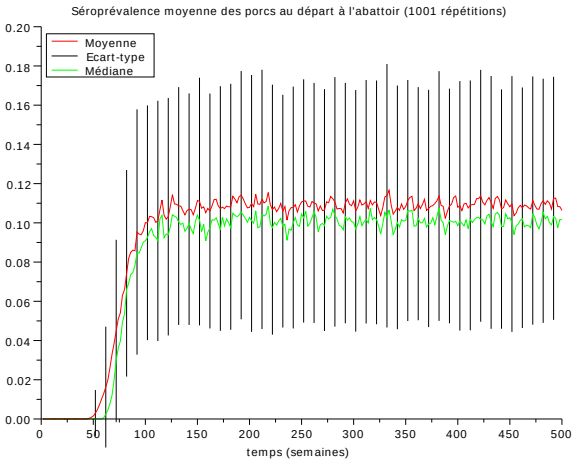
Pour la conduite en 7 bandes, les bandes de porcs restent :
— 4 semaines en maternité,
— 8 semaines en post-sevrage,
— 16 semaines en engraissement.

On observe sur la figure 18(b), une séroprévalence moyenne stabilisée d'environ 14 % au départ à l'abattoir. Cette séroprévalence possède un écart-type d'environ 10 %, ce qui montre qu'elle est fortement variable entre répétitions.

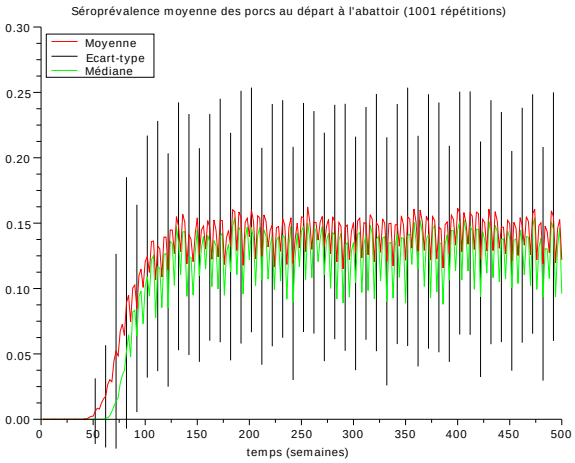
7.3 Conduite en 5 bandes

Pour la conduite en 5 bandes, les bandes de porcs restent :
— 3 semaines en maternité,
— 3 semaines en nurserie,
— 4 semaines en post-sevrage,
— 18 semaines en engraissement.

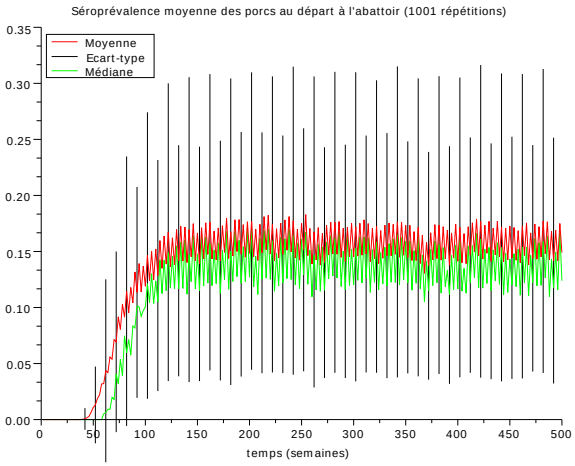
On observe sur la figure 18(c) une séroprévalence moyenne stabilisée d'environ 15 % au départ à l'abattoir. Cette séroprévalence possède un écart-type d'environ 13 %, ce qui montre qu'elle est très fortement variable entre répétitions.



(a) Conduite en 21 bandes (scénario #2)

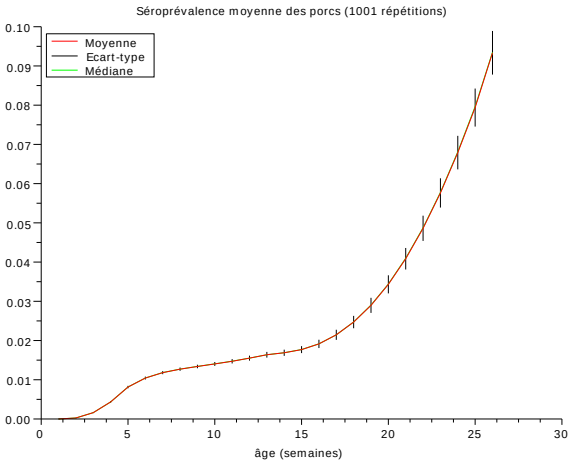


(b) Conduite en 7 bandes (scénario #4)

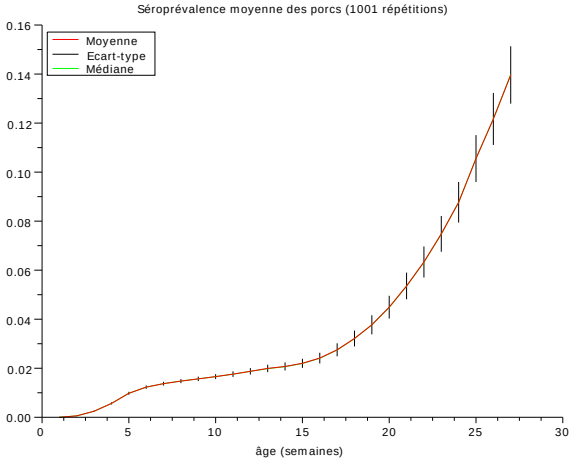


(c) Conduite en 5 bandes (scénario #7)

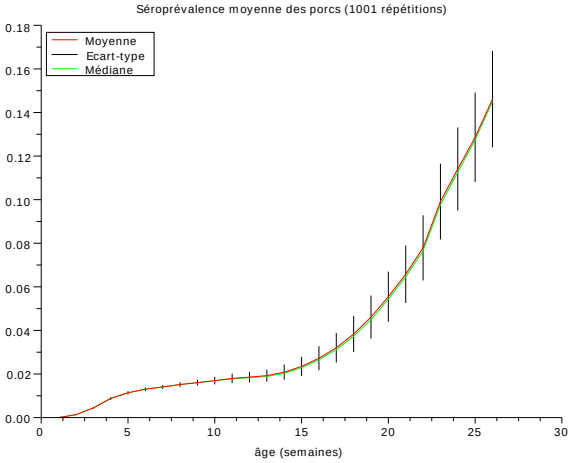
Figure 18 – Impact de la conduite en bandes sur la séroprévalence des lots de porcs envoyés à l'abattoir en fonction du temps : cas stochastique (1001 répétitions). Moyenne (rouge), écart-type et médiane (verte) calculés entre les répétitions.



(a) Conduite en 21 bandes (scénario #2)



(b) Conduite en 7 bandes (scénario #4)



(c) Conduite en 5 bandes (scénario #7)

Figure 19 – Impact de la conduite en bandes sur la séroprévalence moyenne des porcs dans l'élevage en fonction de leur âge : cas stochastique (1001 répétitions). Moyenne (rouge), écart-type et médiane (verte) calculés entre les répétitions.

7.4 Conclusion

Les courbes de la figure 19 ont a peu près la même allure, mais avec des pentes et échelles différentes. De plus, au départ à l'abattoir, les trois scénarios n'ont pas les mêmes séroprévalences (*cf.* figure 18). En outre, la variabilité entre répétitions diminue avec le nombre de bandes.

On remarque que les bandes de porcs issues de conduites en 21 bandes (scénario #2) et en 7 bandes (scénario #4) passent exactement le même nombre de semaines dans les différentes salles et n'ont pourtant pas la même évolution de séroprévalence (*cf.* figures 19(a) et 19(b)).

Il apparaît clairement qu'il existe un effet conduite agissant sur la séroprévalence des porcs. Nous avons comparé les scénarios différant sur plusieurs facteurs liés à la conduite, comme le mélange de bandes (*cf.* section 6), l'interbande, l'âge au sevrage, le temps passé en engraissement, *etc.*, mais aucun de ces facteurs n'est ressorti comme ayant un effet direct sur l'évolution de la séroprévalence dans l'élevage.

Il serait intéressant de poursuivre cette étude par une analyse de sensibilité sur certains des paramètres définissant la conduite en bandes, afin de mieux connaître leur influence sur la séroprévalence.

Annexes

A Abréviations

Types d'animaux	
CH	Porcs charcutiers
RF	Animaux (truies) de réforme
Types d'élevages	
S	Sélectionneurs
M	Multiplicateurs
P	Producteurs
N	Naisseur
NPS	Naisseur post-sevreur
NE	Naisseur engraisseur
PS	Post-sevreur
PSE	Post-sevreur engraisseur
E	Engraisseur
Options de conduite d'élevage	
AIAO	« All-In/All-Out » = tout-plein/tout-vide
BM	« Batch Mixing » = mélange de bandes
Salles des truies et porcs	
V	Verraterie
G	Gestation
M	Maternité
N	Nurserie
PS	Post-sevrage
E	Engraissement
Événements du cycle de reproduction des truies	
IA	Insémination artificielle
MB	Mise bas
Sev	Sevrage
États épidémiologiques	
F	« Free of Salmonella »b = sain
Sh	« Shedding » = porteur excréteur
Shs	porteur excréteur séroconverti
Cs	« Carrier » = porteur non excréteur séroconverti

Tableau 5 – Principales abréviations liées au portage de salmonelles en filière porcine.

B Variables et paramètres

Symbole	Signification
Général	
bb	interbande = intervalle de temps entre les bandes
b_0^T, t_0^T	référence : bande de truies entrant en verraterie au temps t_0^T
b^T	numéro (numéro continu) de la bande de truies
ib^T	indice (numéro cyclique) de la bande de truies
$\text{age}(t, b^T)$	« âge »/position de la bande b^T dans son cycle au temps t
x^T	stade physiologique des truies
n_x^T	nombre de stades physiologiques des truies
d_x^T	durées (en semaines) des stades physiologiques des truies
d^T	durée du cycle de reproduction d'une truie
nb^T	nombre de bandes de truies cohabitant dans l'élevage
μ_x^T	taux de mortalité des truies au stade physiologique x^T
$N^T(t, b^T, p)$	effectif de la bande de truies d'indice b^T et parité p au temps t
Verraterie V	
$t_V(b^T)$	temps d'entrée en verraterie de la bande b^T
N_C^T	nombre de cochettes recrutées par cycle
ref_V	taux de réforme des truies après sevrage
Gestation G	
$\tau(t, b^T)$	taux d'échec à l'IA tiré pour la bande b^T au temps t
τ_m	moyenne de la loi normale du taux d'échec à l'IA
τ_e	écart-type de la loi normale du taux d'échec à l'IA
ref_{IA}	taux de réforme des truies suite à un échec à l'IA
$\alpha(t, b^T)$	taux d'avortement tiré pour la bande b^T au temps t
η	taux d'avortement cumulé
α_m	moyenne de la loi log-normale du taux d'avortement
α_e	écart-type de la loi log-normale du taux d'avortement
ref_{Av}	taux de réforme des truies suit à un avortement
Maternité M	
$\nu_{\max}^M$	nombre de places disponibles pour les truies en maternité
$\pi_p(t, b^T)$	taille de portée tirée pour la bande b^T au temps t
π_m	moyenne de la loi normale de la taille de portée
π_e	écart-type de la loi normale de la taille de portée
Salles	
$s(t, b^T)$	salle de la bande b^T au temps t
nS_x^T	nombre de salles pour le stade physiologique x^T
v_x^T	vide sanitaire entre deux bandes successives

Tableau 6 – Variables et paramètres démographiques relatifs aux truies.

Symbole	Signification
Général	
bb	interbande = intervalle de temps entre les bandes
b_0^P, t_0^P	référence : bande de porcs naissant au temps t_0^P
b^P	indice de la bande de porcs
$\text{age}(t, b^P)$	âge de la bande b^P au temps t
x^P	stade physiologique des porcs
n_x^P	nombre de stades physiologiques des porcs
d_x^P	durées (en semaines) des stades physiologiques des porcs
d^P	durée de vie d'un porc
μ_x^P	taux de mortalité des porcs au stade physiologique x^P
$N^P(t, i^P)$	effectif de la bande de porcs d'indice i^P au temps t
Lactation L	
$t_n(b^P)$	date de naissance de la bande b^P
$N_n^P(t_n)$	nombre de porcelets nés au temps t_n
Post-sevrage PS	
$\nu_{\max}^{PS}$	nombre de places disponibles en salle de post-sevrage
$\nu_{\max}^{C_{PS}}$	nombre de places disponibles dans la case tampon en post-sevrage
Engraissement E	
$\nu_{\max}^{E}$	nombre de places disponibles dans une salle d'engraissement
$\nu_{\max}^{C_E}$	nombre de places disponibles dans la case tampon en engraissement
ς_m	âge moyen au poids à l'abattage
$\varsigma_v(b^P)$	variance du poids à l'abattage pour la bande b^P
$C_E(t)$	effectif en case tampon d'engraissement
$BM(\theta_{Ab}, b^P)$	nombre de porcs de la bande b^P mélangés à la bande suivante au temps θ_{Ab}
Abattoir	
Δ_{Ab}	intervalle entre 2 départs à l'abattoir
θ_{Ab}	date du dernier départ à l'abattoir de la bande (vidage)
$a_{\min}$	âge minimum de départ à l'abattoir
$a(t, b^P)$	proportion de la bande b^P qui part à l'abattoir au temps t
$A(t, b^P)$	de la bande b^P partant à l'abattoir au temps t
$A_{or}(t, b^P)$	nombre de porcs hors gamme de la bande b^P partant à l'abattoir au temps t
Salles	
nS_x^P	nombre de salles pour le stade physiologique x^P
$s(t, b^P)$	salle de la bande b^P au temps t
v_x^P	vide sanitaire entre deux bandes successives

Tableau 7 – Variables et paramètres démographiques relatifs aux porcs.

Symbole	Signification
États épidémiologiques	
F	sensible = sain (« Free of Salmonella »)
Sh	porteur excréteur (« Shedding »)
Shs	porteur excréteur séroconverti
Cs	porteur non-excréteur séroconverti (« Carrier »)
Dose–réponse	
f	fonction dose–réponse
q_1, q_2, ψ_1, ψ_2	paramètres de la fonction dose–réponse à deux plateaux
ρ_1, ρ_2, ψ_2	paramètres de la fonction dose–réponse sigmoïde
$q'(t)$	dose individuelle de salmonelles
$Q(t, s)$	quantité de salmonelles dans la salle s au temps t
ϵ	taux de protection immunitaire maternelle partielle
Autres transitions	
λ_1	délai de séroconversion
$\lambda_2(t)$	durée d'excrétion tirée au temps t
m_{λ_2}	moyenne de la loi log-normale de la durée d'excrétion
e_{λ_2}	écart-type de la loi log-normale de la durée d'excrétion
β	probabilité qu'un Cs recommence à excréter
$\beta_M (> \beta)$	probabilité qu'un porcelet Cs recommence à excréter au sevrage
Contamination environnementale	
γ	taux de dégradation des salmonelles
e_{Sh}	taux d'excrétion des truies porteuses non séroconverties
e_{Shs}	taux d'excrétion des truies porteuses séroconverties
$e_{Sh}^{x^P}$	taux d'excrétion des porcs porteurs non séroconvertis au stade x^P
$e_{Shs}^{x^P}$	taux d'excrétion des porcs porteurs séroconvertis au stade x^P
ζ_s	taux de salmonelles éliminées par nettoyage–désinfection de la salle s

Tableau 8 – Variables et paramètres épidémiologiques relatifs au portage des salmonelles.

Références

[1] Guillaumont, J. *Modélisation du portage de salmonelles en élevage porcin*. Projet de fin d'études, spécialisation Génie mathématique, INSA Rouen, 2011. Stage encadré par S. Touzeau et C. Bidot (UR341 MIA, INRA Jouy-en-Josas).

[2] Lurette, A., Belloc, C., Touzeau, S., Hoch, T., Ezanno, P., Seegers, H., and Fourichon, C. Modelling *Salmonella* spread within a farrow-to-finish pig herd. *Vet. Res.*, 39(5) : 49, 2008. doi:10.1051/vetres:2008026.

[3] Lurette, A., Belloc, C., Touzeau, S., Hoch, T., Seegers, H., and Fourichon, C. Modelling batch farrowing management within a farrow-to-finish pig herd : influence of management on contact structure and pig delivery to the slaughterhouse. *Animal*, 2(1) : 105–116, 2008. doi:10.1017/S1751731107000997.

[4] Lurette, A. *Modélisation pour l'évaluation de mesures de maîtrise du portage de salmonelles chez le porc charcutier*. Thèse de Doctorat, Université Rennes 1 (France), 2007. Mention : Biologie.
http://prodinra.inra.fr/record/40762.

[5] Lurette, A., Belloc, C., Touzeau, S., Hoch, T., Seegers, H., and Fourichon, C. Modélisation de l'effet de la conduite d'élevage sur la propagation de *Salmonella* en élevage naisseur-engraisseur. In *39èmes Journées de la Recherche Porcine* (Paris, France), IFIP, INRA, 2007, pp. 351–356.

[6] Lurette, A., Touzeau, S., Ezanno, P., Hoch, T., Fourichon, C., Seegers, H., and Belloc, C. How within-herd biosecurity can lead to better *Salmonella* infectious status in groups of slaughter pigs : a simulation study. *J. Anim. Sci.*, 89(7) : 2210–2219, 2011. doi:10.2527/jas.2010-2916.

[7] Lurette, A., Touzeau, S., Lamboni, M., and Monod, H. Sensitivity analysis to identify key parameters influencing *Salmonella* infection dynamics in a pig batch. *J. Theor. Biol.*, 258(1) : 43–52, 2009. doi:10.1016/j.jtbi.2009.01.026.

[8] Pellois, H., Larour, G., Le Moan, L., and Badouard, B. *Conduites en bandes – Partie 1 : Représentativité des conduites en bandes en Bretagne et performances technico économiques associées*. Étude, Chambres d'agriculture de Bretagne, pôle porcs/aviculture, 2009.