

REVUE DES FACTEURS DE RISQUE SPATIALISÉS DE TRANSMISSION DU VIRUS DE L'INFLUENZA AVIAIRE HAUTEMENT PATHOGÈNE H5N8 EN FRANCE EN 2016-2017

Claire Guinat¹, Benoit Durand², Jean Artois³, Marius Gilbert^{3,4}, Anne Bronner⁵, Tifenn Corre¹, Séverine Rautureau⁵, Nathalie Rouchy⁶, Floriane Camy⁶, Axelle Scoizec⁷, Sophie Le Bouquin-Leneveu⁷, Timothée Vergne¹, Jean-Luc Guérin¹, Mathilde Paul¹

Auteur correspondant : claire.guinat@envt.fr

- ¹ Université de Toulouse, INRAE, ENVT, Toulouse, France
- ² Université Paris-Est, Agence Nationale de Sécurité Sanitaire de l'Alimentation, Maisons-Alfort, France
- ³ Université Libre de Bruxelles, Bruxelles, Belgique
- ⁴ Fonds National de la Recherche Scientifique, Bruxelles, Belgique
- ⁵ Direction Générale de l'Alimentation, Paris, France
- ⁶ Météo-France, Toulouse, France
- ⁷ Agence Nationale de Sécurité Sanitaire de l'Alimentation de l'Environnement et du Travail, Ploufragan, France

Les données contenues dans cet article sont disponibles depuis 2018-2020 et ont été mises à disposition afin d'alimenter les réflexions sur les suites à donner aux crises précédentes. La publication de cet article, en pleine crise 2020 -2021, permettra de partager des éléments d'analyse. Les conditions et explications de survenue de la crise actuelle feront l'objet d'une étude en cours de mise en œuvre.

Résumé

Avec un total de 484 foyers en élevages de volailles sur une période de quatre mois, la France a été le pays européen le plus sévèrement touché par l'épizootie d'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) H5N8 de l'hiver 2016-2017. Les foyers ont été principalement reportés dans des élevages de canards à foie gras (81,6 %) situés dans le sud-ouest de la France. Alors que le virus aurait été introduit dans le pays via des oiseaux migrateurs infectés en provenance du nord de l'Eurasie, les foyers apparus par la suite seraient probablement associés aux mouvements de lots de canards infectés avant la mise en place de mesures de contrôles sur les mouvements par les autorités françaises. Les oiseaux sauvages et la voie aéroportée sembleraient avoir joué un rôle mineur dans la dissémination du virus entre élevages. De manière plus générale, la propagation spatiale de la maladie serait majoritairement expliquée par des événements locaux de transmission d'un élevage à un autre au début de l'épizootie, puis par des sauts de transmission à longue distance vers la fin de l'épizootie. L'épizootie a finalement été contenue à la fin du mois de mars 2017 après l'application de mesures de contrôle très strictes, incluant un abattage préventif et des restrictions de mouvements de lots afin d'endiguer la propagation du virus H5N8.

Mots clés : influenza aviaire hautement pathogène, H5N8, facteurs de risque, France

Abstract

Title: Review of spatial risk factors for transmission of highly pathogenic avian influenza H5N8 virus in France in 2016-2017

With a total of 484 poultry outbreaks within a 4-month period, France was the most severely affected European country. Outbreaks were mainly reported in duck flocks (81.6%) and located in south-west France. H5N8 incursion into the country was attributed to long-distance flights of infected migratory birds from northern Eurasia. Then, the first subsequent outbreaks were likely associated with the movement of infected ducks prior to the implementation of movement controls. Most of the geographic spread was then linked to local farm-to-farm transmission events followed by long-range jumps in the disease dispersal towards the end, which was likely explained by the reinforcement of control measures. Wild birds and wind-borne route appeared to have played a minor role in the spread of H5N8. The epidemic was finally contained by end of March 2017 in the country, through the application of severe control measures, including pre-emptive culling and stringent movement restrictions that ultimately led to the eradication of H5N8.

Keywords: highly pathogenic avian influenza, H5N8, France, risk factors

En 2016-2017, la France a été durement touchée par une vague de foyers d'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) A(H5N8) sans précédent, ayant de lourdes conséquences socio-économiques pour la filière volaille. Au total, 484 foyers d'IAHP H5N8 ont été détectés en élevage par le dispositif de surveillance, la plupart dans des élevages de canards à foie gras localisés dans le sud-ouest de la France (Guinat et al. 2018). Après une succession de deux phases épizootiques distinctes (la première basée sur une diffusion de proche en proche, et la deuxième sur une propagation accélérée via des sauts à longue distance) (Guinat et al. 2018, 2017), l'épizootie a été contenue en France à la fin du mois de mars 2017, grâce à la mise en place rapide de mesures de contrôle après la détection des premiers foyers, en accord avec la législation de l'Union Européenne (DGA 2008, 2017b). Ces mesures comprenaient le dépeuplement et l'assainissement de l'élevage infecté, la mise en place d'une zone de protection de trois km et d'une zone de surveillance de dix km autour de l'élevage infecté. Elles ont été accompagnées de restrictions sur les mouvements entrants et sortants, de tests avant mouvements ainsi qu'un renforcement des mesures de biosécurité pour les élevages situés dans ces zones, notamment vis-à-vis du risque lié à l'avifaune (claustration des volailles dans les zones à risque élevé, restrictions relatives aux événements de rassemblements d'oiseaux et mouvements de gibier à plumes, renforcement de la surveillance dans l'avifaune) (Van De Wiele et al. 2017; Bronner et al. 2017). Compte tenu de la forte densité d'élevages et de forts niveaux d'excrétion, des mesures d'abattage préventif ont été mises en place autour des foyers à partir de février 2017, dans le but de diminuer la pression d'infection et de stopper la propagation virale. A partir d'avril 2017, un vide sanitaire a été organisé dans les cinq départements du sud-ouest les plus affectés par l'épizootie jusqu'en mai 2017. Plusieurs hypothèses ont été avancées pour expliquer les caractéristiques de l'épizootie observée : mouvements de personnes de véhicules ou d'animaux, survenue d'un événement climatique exceptionnel, avifaune, diffusion aéroportée (Bronner et al. 2017).

Cet article dresse la synthèse d'une série de travaux conduits récemment afin d'identifier, de hiérarchiser et de quantifier l'effet de déterminants spatialisés du risque influençant le patron spatio-temporel de l'épizootie à virus IAHP H5N8 en France et de générer des cartes de risque.

CARTOGRAPHIE DU RISQUE D'INFECTION IAHP H5N8

Une étude a tout d'abord été conduite dans le but de générer des cartes de risque pour l'IAHP H5N8 à l'échelle de la commune, et de quantifier l'effet de différents prédicteurs spatialisés associés à la répartition des foyers. Pour cela, des modèles de type Boosted Regression Trees (BRT) (Elith, Leathwick, and Hastie 2008) ont été développés et appliqués à une liste de douze variables spatialisées. Les sources de données ainsi que la méthode employée sont décrites en détails dans une publication récente (Guinat et al. 2019). Une comparaison des performances des différents modèles de BRT a été utilisée pour réduire le nombre total de variables prédictives et traiter la multicollinéarité entre les variables prédictives.

Les résultats montrent que les modèles BRT expliquant le mieux la distribution des foyers d'IAHP H5N8 étaient des modèles contenant les variables de « densité de population humaine »,

ainsi que les variables liées à la production avicole, c'est à dire « densité d'élevages de poulets », « densité d'élevages de canards » et « densité de mouvements de lots de canards » par commune. Par la suite, ces variables ont été conservées dans le modèle BRT final afin de produire une carte de risque pour l'IAHP H5N8 à l'échelle nationale (Figure 1). Il est important de noter que les résultats (principaux facteurs de risque et cartes de risque) pourraient être influencés par l'évolution entre les données du recensement des exploitations avicoles utilisées dans cette étude et le nombre d'exploitations actives au moment d'une future épizootie.

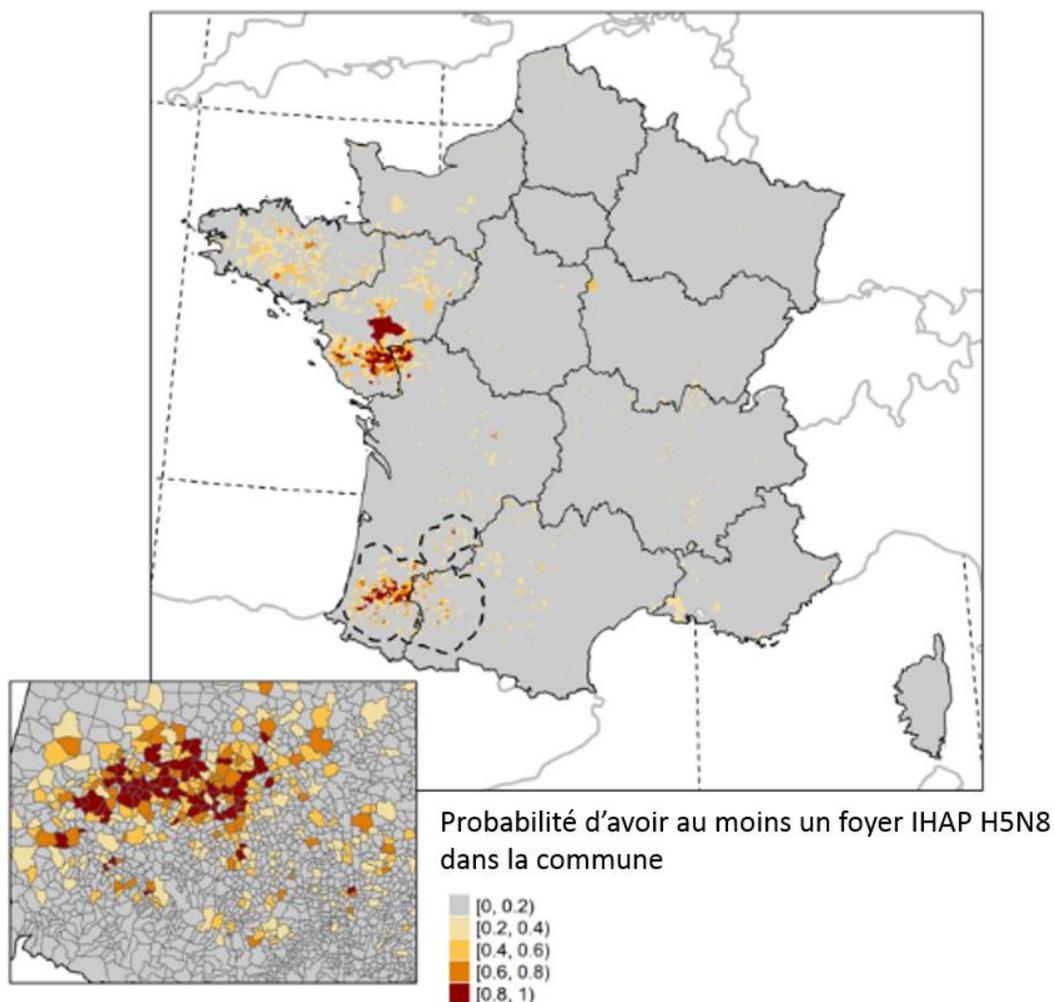


Figure 1. Probabilité d'avoir au moins un foyer IAHP H5N8 dans la commune prédite par le modèle BRT final.

Cette carte montre une forte probabilité d'infection dans le sud-ouest de la France ainsi qu'une probabilité modérée dans le nord-ouest de la France. La variable « densité de mouvements de lots de canards » a été identifiée comme une des quatre variables contribuant fortement à la distribution spatiale des foyers d'IAHP H5N8 lors de l'épizootie 2016-2017 en France. Ceci pourrait confirmer le rôle des nombreux mouvements de lots de canards s'opérant entre les différentes unités de production, caractéristiques de la filière canards à foie gras, dans l'épizootie 2016-2017 (Encadré 1).

Encadré 1. Filière foie gras et mouvements de lots

La filière de production de canards à foie gras est organisée en structure pyramidale. Après éclosion au couvoir, les canetons d'un jour sont groupés en lot de plusieurs milliers de canetons et élevés pendant une période pouvant aller jusqu'à douze semaines dans des ateliers dits de « prêts-à-gaver ». Ces lots sont ensuite divisés en plus petits lots de plusieurs centaines de canards pour être déplacés vers des ateliers de gavage où ils resteront pendant près de douze jours. Ainsi, la filière est caractérisée par un cycle de production court et spécialisé, facilitant les contacts directs et indirects entre les lots de canards à certaines étapes clés de la production. La conduite en bande multiple (système qui consiste à mettre en place un nouveau lot sur l'élevage, avant que le précédent ne soit sorti) par unité de production a été interdite depuis 2016 pour des raisons sanitaires. Seule la conduite en bande unique est autorisée (système « tout plein-tout vide »).

La variable « densité d'élevages de poulets » a été identifiée par le modèle BRT final comme associée négativement à la proportion d'élevages infectés, ce qui pourrait s'expliquer par le fait que le virus de l'IAHP H5N8 serait moins adapté aux poulets qu'aux canards (Bertran et al. 2016). Alors que la variable « densité de population humaine » a souvent été identifiée comme l'un des principaux prédicteurs spatiaux de l'infection par d'autres virus IAHP de sous-type H5, et notamment H5N1, (Gilbert and Pfeiffer 2012), cette variable était ici associée négativement à la proportion d'exploitations infectées et ne contribuerait que faiblement à expliquer la distribution spatiale des foyers. Ces résultats illustreraient le fait que le virus H5N8 se soit propagé dans le sud-ouest de la France, zone avec une démographie humaine relativement faible comparée à d'autres zones de France. Enfin, la variable « densité des cours d'eau » a été utilisée dans le modèle comme un indicateur des habitats favorables aux oiseaux sauvages. Cette variable n'a pas été identifiée comme très informative dans la distribution spatiale des foyers par les modèles BRT, suggérant un rôle limité de l'avifaune dans la transmission du virus entre élevages de volailles lors de l'épizootie de 2016-2017 en France. Il est néanmoins important de noter que l'avifaune aurait joué un rôle majeur dans l'introduction du virus en France, via les oiseaux migrateurs infectés en provenance d'Asie (Van de Wiele et al. 2017).

Au-delà de la valence cartographie du risque, cette première étude nous a permis d'identifier « la densité de mouvements de lots de canards » comme variable d'intérêt sur laquelle l'étude suivante portera spécifiquement.

RESEAU DE MOUVEMENTS DE LOTS DE CANARD ET RISQUE D'INFECTION

Suite à ces premiers résultats, une étude (Guinat et al. 2020) a été mise en place afin de mieux quantifier le rôle des mouvements de canards à foie gras entre élevages dans la distribution des foyers d'IAHP H5N8 observés dans cette même espèce. Cette étude s'est basée sur les outils d'analyse des réseaux, souvent utilisés pour décrire les mouvements d'animaux entre élevages (Magalhaes et al. 2012, Poolkhet et al. 2020, Rautureau et al. 2012, Relun et al. 2016, Salines et al.

2017), et plus particulièrement une approche basée sur des tests de permutation (Soares Magalhães et al. 2010; Bouchez-Zacria, Courcoul, and Durand 2018). Ces outils ont été appliqués à un jeu de données combinant des informations relatives à la distribution des foyers (localisation de l'élevage, date d'infection) et d'autres relatives aux mouvements de lots de canards à foie gras opérés entre élevages. Comme les restrictions de mouvement ont été renforcées à partir du 2 février 2017, nous n'avons retenu pour cette analyse que les données entre le début de l'épizootie (début novembre 2016) et le 2 février 2017.

L'hypothèse à tester était que si les foyers résultaient d'une propagation du virus via le réseau de mouvements, le nombre moyen d'élevages infectés en contact avec un élevage infecté dans le réseau de mouvements serait beaucoup plus élevé que celui attendu si les élevages infectés étaient répartis de manière aléatoire dans le réseau. Dans cette analyse, nous avons défini un mouvement à risque d'infection comme un mouvement de lot de canards provenant d'un élevage infecté (l'expéditeur) dans les quatorze jours précédant sa date de suspicion et dirigé vers un élevage infecté (le destinataire) dans les quatorze jours précédant sa date de suspicion. Nous avons ensuite comparé le nombre moyen de mouvements à risque par élevage infecté avec la distribution du nombre de mouvements attendus sous l'hypothèse nulle, c'est-à-dire si les dates de suspicion étaient réparties aléatoirement entre les élevages infectés du réseau de mouvements.

Afin d'évaluer le rôle du réseau de proximité spatio-temporelle, nous avons adapté ce test en calculant la statistique suivante : le nombre moyen d'élevages de canards infectés à des dates proches dans le temps (différences de dates de suspicion de moins de quatorze jours) et qui sont proches dans l'espace (tous deux situés dans un rayon de dix km (Guinat et al. 2018)) par élevage infecté. Grâce à ces deux analyses nous avons identifié les origines probables des infections des élevages en calculant la proportion d'élevages de canards infectés identifiés comme destinataires dans la liste des mouvements à risque dans le réseau de mouvements et la proportion d'élevages de canards infectés pour lesquels au moins un élevage infecté proche dans le temps et l'espace d'un autre élevage infecté a été identifié dans le réseau de proximité.

L'analyse a permis de décrire un total de 6 521 mouvements de lots de canards à foie gras, opérés entre 1 988 élevages (ce qui représente près de 94,8% des élevages de canard à foie gras ayant envoyé ou reçu au moins un lot au cours de l'épizootie), dont 104 élevages infectés, sur la période du 1er novembre 2016 au 2 février 2017. Parmi l'ensemble de ces mouvements, seulement seize (0,2 %) ont été identifiés comme étant à risque (Figure 2).

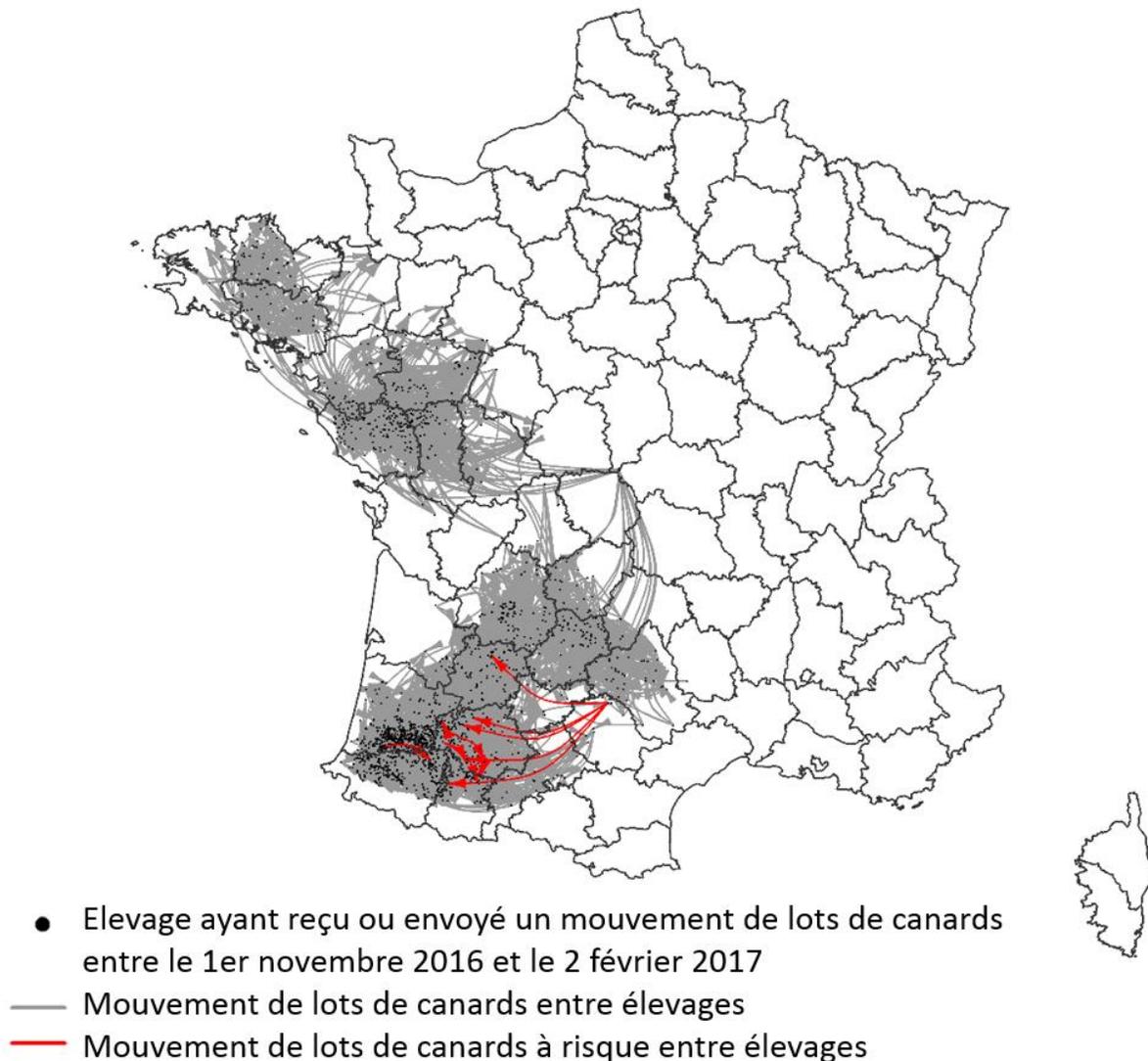


Figure 2. Distribution spatiale des mouvements de lots de canards à risque, c'est à dire identifiés comme potentiellement responsables des événements de transmission du virus IHAP H5N8 entre élevages via le réseau de mouvements de lots de canards, France, 1er novembre 2016 - 2 février 2017

Ces mouvements ont essentiellement eu lieu d'ateliers de prêt-à-gaver vers des ateliers de gavage, au tout début de l'épizootie (fin novembre 2016), avant que les restrictions de mouvements de lots ne soient mises en place. La plupart de ces mouvements à risque provenaient du cas index reporté au début de l'épizootie (fin novembre 2016). Malgré leur faible nombre, ces mouvements pourraient donc avoir joué un rôle crucial dans le déclenchement et la propagation de l'épizootie dans différents départements du sud-ouest de la France dans sa phase initiale (Figure 2). Au total, les résultats montrent que seuls 14,4 % (15/104) des élevages infectés avant le 2 février 2017 seraient imputables aux mouvements de palmipèdes vivants

opérés au sein du réseau alors que 66,3 % (69/104) seraient imputables à la proximité spatio-temporelle (Tableau 1).

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

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

Cette faible contribution du réseau de mouvements dans la propagation du virus pourrait s'expliquer par la mise en place rapide de stratégies de contrôle et de restrictions de mouvements après la détection des premiers foyers (DGAI 2017a, 2017b). Ces résultats viennent appuyer les mesures mises en place par les autorités françaises en collaboration avec les organisations de production afin de renforcer la biosécurité pendant le transport des canards suite aux vagues successives de foyers d'IAHP (DGAI 2017c). Une proportion plus élevée d'exploitations (66,3 %) aurait été infectée via le réseau de proximité (c'est-à-dire situées à moins de dix km d'un élevage infecté), ce qui corrobore les résultats de travaux de recherche antérieurs qui avaient identifié la propagation locale comme une voie de transmission prédominante au début de l'épizootie, c'est-à-dire avant février 2017 (Guinat et al. 2017). Les facteurs épidémiologiques sous-jacents (parmi lesquels le partage des équipements, l'équarrissage, les livraisons de gaz et d'aliments, les mouvements des équipes d'attrapage, etc.) aux transmissions de proximité spatio-temporelle ou en relation avec les 23,1% des élevages pour lesquels l'origine de l'infection a été attribuée à des voies autres que les réseaux de mouvements ou de proximité restent difficiles à élucider.

DISPERSION AERIENNE DU VIRUS IHAP H5N8 ET RISQUE D'INFECTION

De précédents travaux ont mis en évidence une accélération très nette de la vitesse de propagation du virus lors des semaines du 13 et 20 février 2017 (Guinat et al. 2018). Le rôle d'évènements météorologiques (tempêtes Leiv, Kurt et Marcel) survenus entre le 3 et 5 février 2017 dans le département de Landes a souvent été évoqué par les acteurs de terrain comme potentiel facteur de diffusion du virus à cette période. Afin de tester cette hypothèse, et d'affiner les connaissances relatives aux différentes voies de diffusion du virus, une collaboration a été mise en place avec Météo-France, l'agence météorologique française. L'objectif était d'étudier la dispersion aérienne potentielle du virus de l'IAHP H5N8 entre les élevages de volailles du sud-ouest de la France pendant une période à risque. Le modèle PERLE (http://www.meteorologie.eu.org/CMC/web_CMC_extranet_fixe/fr_doc_perle.html), un modèle de dispersion atmosphérique développé par Météo-France, a été utilisé pour générer la zone

d'infection prédite d'infection à partir d'un point source, défini par un élevage de volailles infecté entre le 3 et le 5 février 2017. L'hypothèse était que le virus de l'IAHP se dispersait dans l'air à partir d'un point source via des particules de poussière vectrices du virus (Zhao et al. 2014). Le modèle PERLE a été exécuté le 5 février 2017, jour où les vents les plus forts ont été observés, libérant des particules de poussière de 10µm à une hauteur de 0-10m au-dessus du sol à partir du point source avec un débit constant de 1g/h (Jonges et al. 2015; Schofield et al. 2005; Ssematimba, Hagenaars, and Jong 2012). La zone à risque d'infection prédite par le modèle a ensuite été comparée avec les emplacements géographiques des élevages de volailles infectés qui ont été reportés au cours des deux semaines suivantes (du 5 au 20 février 2017).

Les résultats montrent que la distribution spatiale des particules de virus d'IAHP H5N8 prédite par le modèle était orientée est-sud-est en fonction de la direction du vent (Figure 3).

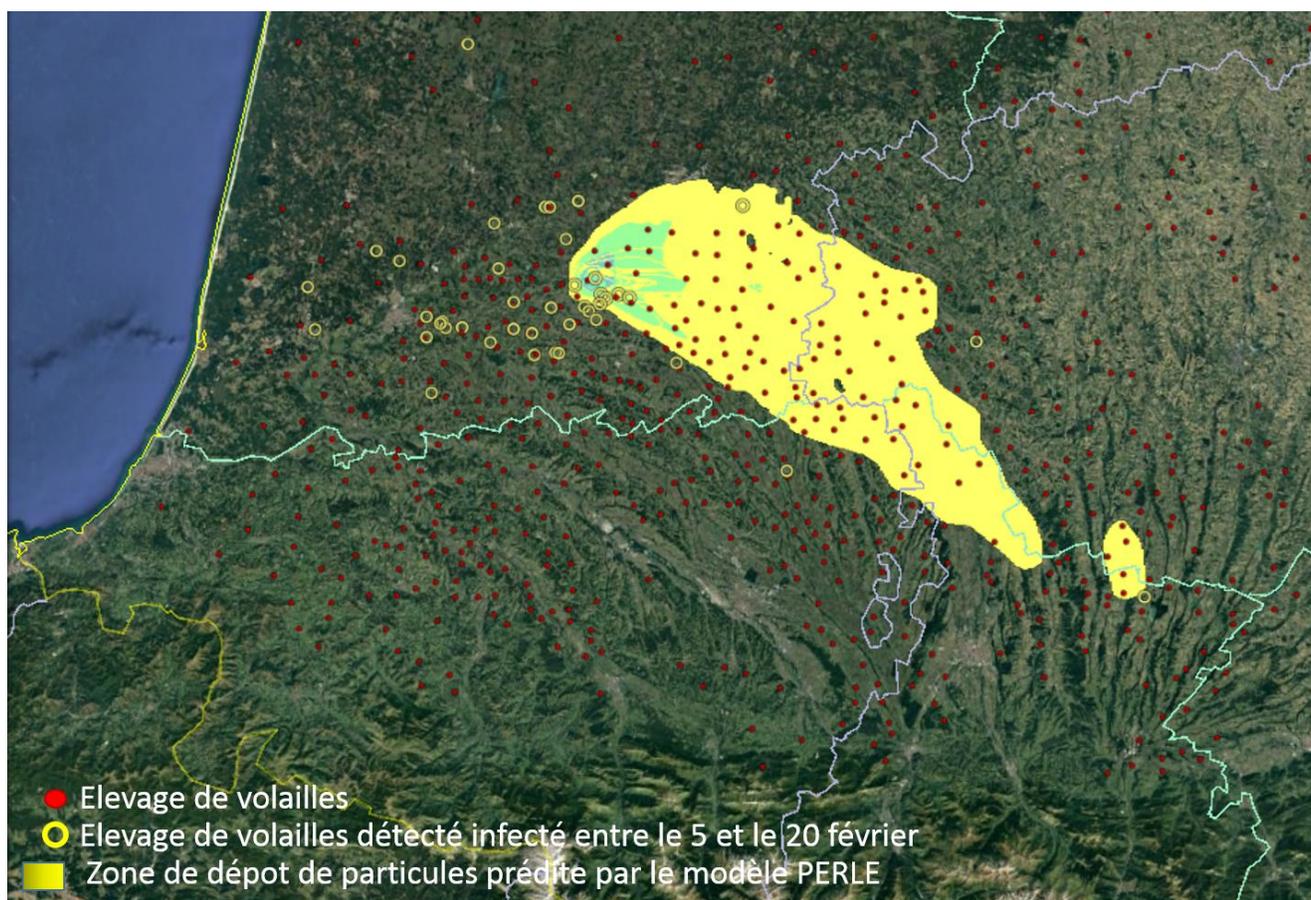


Figure 3. Distribution spatiale des particules de virus d'IAHP H5N8 (gradient de couleur) prédite par le modèle PERLE à partir d'un point source et distribution spatiale des foyers (cercles jaunes) reportés du 5 au 20 février 2017. Les points rouges représentent les élevages de volailles susceptibles pendant l'épizootie de 2016-2017

Cela contraste avec la distribution spatiale des foyers d'IAHP H5N8 reportés du 5 au 20 février 2017, qui se sont propagés vers l'ouest. Ces observations suggèrent que, bien que la présence d'ARN viral ait pu être détectée dans des échantillons d'air situés à proximité immédiate de

bâtiments de volailles (Scoizec et al. 2018), suggérant l'hypothèse d'une contamination de proche en proche possible par voie aérienne, la voie aérienne n'était pas suffisante pour expliquer la distribution spatiale des foyers sur de grandes distances dans le sud-ouest de la France au début du mois de février 2017. Bien que l'analyse de sensibilité ait montré que la variation des valeurs des paramètres du modèle n'affecte pas la distribution spatiale de la zone prédite par le modèle, ces résultats doivent être néanmoins considérés comme indicatifs, étant donné le niveau d'incertitude lié aux paramètres d'entrée du modèle et aux données épidémiologiques des enquêtes sur les foyers.

CONCLUSION

Les épizooties d'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP), ayant successivement frappé la France lors des hivers 2015-2016 et 2016-2017 ont fortement affecté les filières avicoles. Les travaux conduits jusqu'ici éclairent certaines facettes de l'épizootie due au virus H5N8 survenue lors de l'hiver 2016-2017. Les travaux de cartographie du risque ont permis une première évaluation spatialisée du risque influenza en France pour cette période ; bien que ces travaux restent informatifs au regard de la situation actuelle, une mise à jour – intégrant les dernières données de distribution des élevages - serait nécessaire afin d'affiner et actualiser l'évaluation des niveaux de risque. Les résultats suggèrent aussi que certaines voies de transmission (voie aéroportée et interface avifaune / zones humides) ont probablement joué un rôle limité dans la propagation du virus sur le territoire. Les résultats montrent aussi que les mouvements de palmipèdes ont, quant à eux, joué un rôle clé principalement au moment du déclenchement de l'épizootie, dans sa phase initiale. Il convient cependant de souligner qu'une proportion importante des événements de transmission reste à ce jour expliquée par la simple proximité spatiale entre élevages. Il est donc nécessaire de poursuivre les recherches sur l'évaluation des facteurs de risque de transmission entre les exploitations. L'intégration des données génétiques et épidémiologiques via des outils phylogénétiques apparaît à ce jour prometteuse pour aider à mieux comprendre les modes de transmission de l'IAHP et reconstruire les chaînes de transmission. Les résultats viennent appuyer les mesures de prévention prises dans les élevages pour éviter l'introduction du virus en période de risque élevé (i.e. la claustration des élevages de plein-air) et la propagation du virus via le renforcement des mesures de biosécurité, en élevage et lors des transports (notamment le nettoyage et la désinfection des caisses de transport et des véhicules). Dans ce contexte, la collaboration entre les professionnels de l'élevage et les services de l'Etat revêt une importance cruciale pour la prévention et la maîtrise des risques associés aux virus de l'influenza aviaire.

REMERCIEMENTS

Les auteurs remercient la Direction Générale de l'Alimentation (DGAL, France) du Ministère de l'Agriculture et de l'Alimentation (MAA) et le Comité Interprofessionnel des Palmipèdes à Foie Gras (CIFOOG, France) pour le partage des données. Ce travail a été conduit dans le cadre de la Chaire de biosécurité aviaire de l'École Nationale Vétérinaire de Toulouse (ENVT, France), financée par le MAAF. Cette étude a été financée par le People Programme (Marie Curie Actions) du European Union's Seventh Framework Programme (FP7/2007-2013) dans le cadre de la convention de subvention REA n. PCOFUND-GA-2013-609102, à travers le programme PRESTIGE coordonné par Campus France ainsi que par le projet FEDER/Région Occitanie Recherche et Sociétés 2018 – AI – TRACK.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Bertran K., Swayne D.E., Pantin-Jackwood M.A., Kapczynski D. A.; Spackman E., and Suarez D. L. 2016. "Lack of Chicken Adaptation of Newly Emergent Eurasian H5N8 and Reassortant H5N2 High Pathogenicity Avian Influenza Viruses in the US Is Consistent with Restricted Poultry Outbreaks in the Pacific Flyway during 2014–2015." *Virology* 494: 190–97.
- Bouchez-Zacria M., Courcoul A., Durand B. 2018. "The Distribution of Bovine Tuberculosis in Cattle Farms Is Linked to Cattle Trade and Badger-Mediated Contact Networks in South-Western France, 2007–2015." *Frontiers in Veterinary Science* 5 (July).
<https://doi.org/10.3389/fvets.2018.00173>.
- Bronner A., Niqueux E., Schmitz A., Le Bouquin S., Huneau-Salaün A., Guinat C., Paul M., Courcoul A., Durand B. 2017. "Description de L'épisode D'influenza Aviaire Hautement Pathogène En France En 2016-2017." *Bulletin Épidémiologique, Santé Animale et Alimentation*, no. 79: 13–17.
- DGAL. 2008. "Arrêté Du 18 Janvier 2008 Fixant Des Mesures Techniques et Administratives Relatives À La Lutte Contre L'influenza Aviaire [Available at: <https://Www.legifrance.gouv.fr/affichTexte.do?cidTexte=JORFTEXT000017958300> [Accessed in December 2019]]."
- . 2017a. "Arrêté Du 4 Janvier 2017 Définissant Les Zones Géographiques Dans Lesquelles Un Abattage Préventif Est Ordonné En Application de L'arrêté Du 4 Janvier 2017 Relatif Aux Mesures Complémentaires Techniques et Financières Pour La Maîtrise de L'épizootie D'influenza Aviaire Due Au Virus H5N8 Dans Certains Départements . [Available at: <https://Www.legifrance.gouv.fr/affichTexte.do?cidTexte=JORFTEXT000033793904&fastPos=32&fastReqId=1447282691&categorieLien=cid&oldAction=rechTexte> (Accessed in May 2019)]."
- . 2017b. "Arrêté Du 31 Mars 2017 Déterminant Des Dispositions de Prévention, de Surveillance et Lutte Complémentaires Contre L'influenza Aviaire Hautement Pathogène Dans Certaines Parties Du Territoire. [Available at:

<https://www.legifrance.gouv.fr/affichTexte.do?cidTexte=JORFTEXT000034330812&fastPos=17&fastReqId=1447282691&categorieLien=id&oldAction=rechTexte> (Accessed in May 2019)].”

———. 2017c. “Le Pacte de Lutte Contre l’Influenza Aviaire et de Relance de La Filière Foie Gras [Available at : [Http://Agriculture.gouv.fr/Le-Pacte-de-Lutte-Contre-Linfluenza-Aviaire-et-de-Relance-de-La-Filiere-Foie-Gras](http://Agriculture.gouv.fr/Le-Pacte-de-Lutte-Contre-Linfluenza-Aviaire-et-de-Relance-de-La-Filiere-Foie-Gras) (Accessed in May 2017)],” 2017.

Elith J., Leathwick J.R., Hastie T. 2008. “A Working Guide to Boosted Regression Trees.” *Journal of Animal Ecology* 77: 802–13. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2656.2008.01390.x>.

Gilbert M., Pfeiffer D. U. 2012. “Risk Factor Modelling of the Spatio-Temporal Patterns of Highly Pathogenic Avian Influenza (HPAIV) H5N1: A Review.” *Spatial and Spatio-Temporal Epidemiology* 3 (3): 173–83. <https://doi.org/10.1016/j.sste.2012.01.002>.

Guinat C., Artois J., Bronner A., Guérin J.L., Gilbert M., Paul M.C. 2019. “Duck Production Systems and Highly Pathogenic Avian Influenza H5N8 in France, 2016–2017.” *Scientific Reports* 9 (1): 6177.

Guinat C., Durand B., Corre T., Rautureau S., Scoizec A., Lebouquin-Leneveu S., Guerin J.L., Paul M.C.. 2020. “Role of Live-Duck Movement Networks in Transmission of Avian Influenza, France, 2016–2017.” *Emerg Infect Dis.* 26 (3). <https://doi.org/https://doi.org/10.3201/eid2603.190412>.

Guinat C., Nicolas G., Vergne T., Bronner A., Durand B., Courcoul A., Gilbert M., Guérin J.L., and Paul M.C.. 2017. “Dynamique de Propagation Du Virus Influenza Aviaire Hautement Pathogène (IAHP) Sous-Type H5 (Clade 2.3.4.4) Chez Les Volailles Domestiques En France 2016-2017.” *Bulletin Épidémiologique, Santé Animale et Alimentation*, no. 79.

———. 2018. “Spatio-Temporal Patterns of Highly Pathogenic Avian Influenza Virus Subtype H5N8 Spread, France, 2016 to 2017.” *Eurosurveillance* 23 (26). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2018.23.26.1700791>.

Jonges M., Van Leuken J., Wouters I., Koch G., Meijer A., Koopmans M. 2015. “Wind-Mediated Spread of Low-Pathogenic Avian Influenza Virus into the Environment during Outbreaks at Commercial Poultry Farms.” *PLOS ONE* 10 (5): e0125401. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0125401>.

Magalhaes, Ricardo J. Soares, Xiaoyan Zhou, Beibei Jia, Fusheng Guo, Dirk U. Pfeiffer, et Vincent Martin. “Live poultry trade in Southern China provinces and HPAIV H5N1 infection in humans and poultry: the role of Chinese New Year festivities.” *PLoS One* 7, no. 11 (2012): e49712.

Poolkhet, C., P. Chairatanayuth, S. Thongratsakul, N. Yatbantoong, S. Kasemsuwan, D. Damchoey, and T. Rukkhwamsuk. “Social network analysis for assessment of avian influenza spread and trading patterns of backyard chickens in Nakhon Pathom, Suphan Buri and Ratchaburi, Thailand.” *Zoonoses and public health* 60, no. 6 (2013): 448-455.

Rautureau S., Dufour B., Durand B.. 2012. “Structural Vulnerability of the French Swine Industry Trade Network to the Spread of Infectious Diseases.” *Animal* 6 (7): 1152–62. <https://doi.org/10.1017/S1751731111002631>.

Relun A., Grosbois V., Sánchez-Vizcaíno J. M., Alexandrov T., Feliziani F., Waret-Szkuta A., Molia S., Etter E. M. C., Martínez-López B. 2016. "Spatial and Functional Organization of Pig Trade in Different European Production Systems: Implications for Disease Prevention and Control." *Frontiers in Veterinary Science* 3: 4.

Salines M., Andraud M., Rose N. 2017. "Pig Movements in France: Designing Network Models Fitting the Transmission Route of Pathogens." *PloS One* 12 (10).

Schofield L., Ho J., Kournikakis B., Booth T. 2005. "Avian Influenza Aerosol Sampling Campaign in the British Columbia Fraser Valley, 9–19 April 2004." *National Microbiology Laboratory PaPHB, Health Canada*.

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

Soares M., Ricardo J., Ortiz-Pelaez A., Lan Lai Thi K., Hoang Dinh Q., Otte J., Pfeiffer D. U. 2010. "Associations between Attributes of Live Poultry Trade and HPAI H5N1 Outbreaks: A Descriptive and Network Analysis Study in Northern Vietnam." *BMC Veterinary Research* 6 (1): 10. <https://doi.org/10.1186/1746-6148-6-10>.

Ssematimba A., Hagenaars T. J., de Jong M. C. M. 2012. "Modelling the Wind-Borne Spread of Highly Pathogenic Avian Influenza Virus between Farms." *PLOS ONE* 7 (2): e31114. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0031114>.

Van De Wiele A., Humeau A., Bronner A. C., Guillemain M., Le Loc'h, Guérin J. L., Cauchard J., Mercier A., Calavas D. 2017. "Episode H5N8 D'influenza Aviaire En France En 2016-2017: Quel Rôle Pour La Faune Sauvage?" *Bulletin Epidémiologique*, no. 79: 27–31.

Zhao Y., Aarnink A. J. A., De Jong M. C. M., Groot P. W. G., Koerkamp. 2014. "Airborne Microorganisms From Livestock Production Systems and Their Relation to Dust." *Critical Reviews in Environmental Science and Technology* 44 (10): 1071–1128. <https://doi.org/10.1080/10643389.2012.746064>.