



MASTER 2<sup>ème</sup> ANNÉE :  
GESTION INTÉGRÉE DES MALADIES  
ANIMALES TROPICALES

**RAPPORT DE STAGE**

**Analyse de l'influence de la structure du réseau  
sur la diffusion de maladies :  
étude sur la mobilité du bétail au Sénégal**

Présenté et soutenu par  
**Alessandra GIACOMINI**

le 15 Juin 2021

Réalisé sous la direction du Dr Andrea APOLLONI, Modélisateur (CIRAD-ASTRE Montpellier, France)

Co-encadrants : Dr Facundo MUÑOZ, Statisticien (CIRAD-ASTRE Montpellier, France)

Dr Mamadou CISS, Mathématicien (ISRA-LNERV Dakar, Sénégal)

Lieu de stage : CIRAD – Montpellier / UMR ASTRE

Période de stage : 25 Janvier – 25 Juillet 2021



## Remerciements

Je tiens à remercier le projet ECO-PPR (projet visant l'éradication de la peste des petits ruminants) et la Commission Européenne pour la lutte contre la fièvre aphteuse EuFMD de m'avoir permis de réaliser ce stage.

**Au Dr Andrea APOLLONI,**

Pour son encadrement, sa disponibilité et sa compréhension tout au long du stage. Grazie per avermi lasciato lavorare autonomamente, aiutandomi nei momenti di difficoltà e indirizzandomi quando avevo dei dubbi. L'ambiente di lavoro è sempre stato positivo e stimolante e sono davvero contenta di aver avuto la possibilità di lavorare al tuo fianco.

**Au Dr. Facundo MUÑOZ et au Dr. Mamadou CISS,**

pour leur disponibilité et leur regard critique, qui m'ont permis d'améliorer mes analyses.

**Au Dr Mbargou LO, au Dr Adjil GUEYE et au Dr Mathioro FALL (DSV Sénégal),**

pour leurs précieux conseils.

**Au Dr Claire GUINAT (ENVT) et au Dr Pascal HENDRIKX (CIRAD),**

qui nous font l'honneur de participer au jury de la soutenance.

**A toute la promo GIMAT 2020/2021,**

avec laquelle j'ai partagé cette aventure (à courte et longue distance).

Je suis ravie de vous avoir rencontrés.

**A Andréa, Aude et Diane,**

pour votre bonne humeur, votre gentillesse et votre présence dans les moments difficiles.

Merci les filles !

# Sommaire

Introduction .....	1
Partie 1 : Etude bibliographique .....	3
Le Sénégal.....	3
Climat et végétation.....	3
Situation géographique et administrative.....	3
Elevage .....	4
La mobilité des animaux .....	4
Transhumance.....	5
Mobilité commerciale.....	5
Tabaski : influence de la religion sur la mobilité des animaux.....	5
Risques sanitaires liés à la mobilité animale .....	6
Exemples de maladies transfrontalières.....	6
La surveillance dans le contexte des systèmes complexes .....	8
Objectifs du travail .....	8
Partie 2 : Matériels et Méthodes.....	9
Matériels : .....	9
Méthodes :.....	9
Analyse descriptive.....	9
Analyse de cluster.....	9
Analyse de réseaux agrégés .....	10
Description de réseaux.....	10
Mesures de centralité .....	11
Mesures globales .....	11
Concept de communauté .....	13
Concept de robustesse .....	13
La vulnérabilité dans un réseau agrégé .....	13
Analyse de réseaux temporels .....	14
Atteignabilité et vulnérabilité dans les réseaux temporels.....	15
Vulnérabilité et méthode CART .....	15
Partie 3 : Résultats et Discussion.....	17
Analyse descriptive.....	17
Analyse cluster .....	19
Analyse de réseaux agrégés .....	19
Description des réseaux.....	19
Mesures globales .....	20
Mesures de centralité .....	21
Communautés .....	24
Robustesse .....	25
Comparaison des mesures de centralité agrégées et temporelles.....	26
Analyse de réseaux temporels : cas de propagation d'une maladie provenant de la Mauritanie .....	26
Atteignabilité et vulnérabilité .....	27
Comparaison de l'atteignabilité dans les réseaux agrégés et temporels.....	27
Méthode CART.....	28
Limites de l'étude .....	30
Partie 4 : Conclusion .....	31
Références bibliographiques.....	32

## Résumé

La mobilité animale est l'un des principaux facteurs contribuant à la diffusion des maladies animales transfrontalières. En Afrique de l'Ouest, la mobilité du bétail est un élément fondamental tant de l'élevage que du commerce, par conséquent, la compréhension des patterns de ces mouvements est nécessaire pour la prévention et le contrôle des épidémies. Dans cette étude, nous avons donc analysé les données de la mobilité du bétail (bovins et petits ruminants) de l'année 2014 au Sénégal, et notamment celles concernant les mouvements commerciaux nationaux et internationaux avec la Mauritanie, le Mali, la Guinée-Bissau et la Gambie. L'objectif était d'identifier les départements vulnérables (i.e. plus fréquemment infectés) et les plus précocement infectés par une maladie provenant d'un pays voisin, afin d'aider les systèmes de contrôle et de surveillance. Pour ce faire, une approche réseau a été utilisée, dans laquelle les départements ont été considérés comme nœuds et les mouvements commerciaux entre deux départements comme liens. Initialement, nous avons considéré un réseau agrégé, dont la structure ne change pas dans le temps. Des indicateurs de réseaux ont été utilisés afin de déterminer les caractéristiques structurelles du réseau de la mobilité du bétail et d'identifier le rôle des départements dans la diffusion d'un pathogène. Cependant, l'analyse des données nous a montré l'existence de fortes variations de la structure pendant l'année, particulièrement autour de grandes fêtes religieuses. Une analyse de réseaux temporels a donc été réalisée, en utilisant de nouveaux indicateurs afin d'en décrire la structure. La vulnérabilité du nœud, i.e. la probabilité d'être touché par une maladie, a été calculée aussi bien dans les réseaux agrégés que temporels et les résultats ont été comparés. L'analyse de réseaux temporels n'a pas seulement permis de déterminer, semaine par semaine, les départements touchés les plus précocement, mais a également permis d'identifier les semaines autour de la Tabaski comme une période de diffusion majeure de la maladie, probablement à cause de l'augmentation de mouvements commerciaux. Comparée à cette dernière, l'analyse du réseau agrégé a montré une surestimation des départements touchés précocement par la maladie. Ces résultats mettent en évidence le potentiel de l'analyse de réseaux temporels dans l'identification de départements sentinelles pour améliorer la surveillance de maladies. En outre, ils pourraient être utilisés comme base pour des études plus approfondies de maladies à contact direct comme la fièvre aphteuse et la peste des petits ruminants.

Mots-clés : Sénégal, maladies animales transfrontalières, bétail, mobilité du bétail, analyse de réseaux, réseau temporel, vulnérabilité, surveillance.

## Abstract

Animal mobility is one of the principal factors contributing to the spread of transboundary animal diseases. In West Africa, livestock mobility is a key element of both livestock farming and trade, thereby increasing the risk of disease introduction and diffusion within the region. Therefore, in order to prevent and control epidemics it is necessary to comprehend the mobility patterns. In this study, we analysed 2014 livestock mobility data (cattle and small ruminants) of Senegal, particularly those concerning national and international (with Mauritania, Mali, Guinea-Bissau and Gambia) commercial trade. The objective was to identify the departments that were vulnerable (more likely to get infected) and precociously infected by a disease coming from a neighbouring country, with the aim of helping control and surveillance systems. To this end, we used to consider the mobility under the framework as a complex network, where departments correspond to nodes and a link exist if a movement is registered between two departments. We used centrality measures to determine the characteristics of the livestock mobility network structure and identify the role of the departments in the disease diffusion. Initially, we consider a static representation of the network (i.e. there are no variations in the structure) and estimated the set of indicators for the nodes. However, preliminary analysis has shown that the structure of the network changes drastically during the year, particularly in the proximity of religious festivities. Therefore, we did an analysis of the temporal network, using recalculated measures to describe the structure. The vulnerability of a node, i.e. the likelihood of getting infected, was computed for both static and temporal networks and the results were compared. Temporal network analysis has allowed identifying the earliest infected departments along the year, moreover it showed that the weeks around Tabaski are a period of major disease diffusion, due to the increase in commercial trade. Compared to the temporal one, using a static representation of the network lead to an overestimate of the vulnerability and the time of infection for departments, compared to a temporal one. These results highlight the potential of temporal network analysis in the identification of sentinel departments (i.e. nodes that can be likely and timely reached), with the aims to improve disease surveillance. Furthermore, they could be used as a base for further studies on direct contact diseases as FMD and PPR.

Keywords: Senegal, transboundary animal diseases, livestock, livestock mobility, network analysis, temporal network, vulnerability, surveillance.

## Sigles et acronymes

**ANSD** : Agence Nationale de Statistique et de la Démographie

**CART** : Classification and Regression Tree (arbre de classification et de régression)

**CBPP** : Contagious Bovine Pleuro Pneumonia (pleuropneumonie contagieuse bovine)

**CIRAD** : Centre de coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement

**CIT** : Certificat International de Transhumance

**CSAO** : Club du Sahel et de l'Afrique de l'Ouest

**DSV** : Direction des Services Vétérinaires

**ECO-PPR** : Epidemiology and Control of Peste des Petits Ruminants (Epidémiologie et Contrôle de la Peste des Petits Ruminants)

**EuFMD** : European commission for the control of Foot-and-Mouth Disease (Commission européenne pour le contrôle de la fièvre aphteuse)

**FAO** : Food and Agriculture Organisation (Organisation pour l'alimentation et l'agriculture)

**FAST** : Foot-and-mouth and Similar Transboundary animal diseases (fièvre aphteuse et les maladies transfrontalières similaires)

**FMD** : Foot-and-Month Disease (fièvre aphteuse)

**GF-TADs** : Global Framework for the Progressive Control of Transboundary Animal Diseases (Cadre Mondial pour le contrôle progressif des maladies animales transfrontalières)

**HCPC** : Hierarchical Clustering on Principle Components (Classification Hiérarchique sur Composantes Principales)

**LPS** : Laissez-Passer Sanitaire

**MEPA** : Ministère de l'Elevage et des Productions Animales du Sénégal

**OCDE** : Organisation de Coopération et de Développement Economiques

**OIE** : Organisation mondiale de la santé animale (Office Internationale des Epizooties)

**PCP-FMD** : Progressive Control Pathway for Foot-and-Mouth Disease (approche de lutte progressive contre la fièvre aphteuse)

**PIB** : Produit Intérieur Brut

**PNS-PPR** : Plan National Stratégique d'éradication de la PPR

**PPR** : Peste des Petits Ruminants

**PSE** : Plan Sénégal Emergent

**PVS** : Performance of Veterinary Services Pathway (évaluation de la performance des services vétérinaires)

**RVF** : Rift Valley Fever (fièvre de la Vallée du Rift)

## Liste des figures

<b>Figure 0.1</b> : Exemple de flux commerciaux de bétail en Afrique de l'Ouest. ....	1
<b>Figure 1.1</b> : Carte climatique du Sénégal ; cartes représentant la densité de la population humaine au Sénégal en 2020 et la densité de bovins et de petits ruminants au Sénégal en 2010. ....	3
<b>Figure 1.2</b> : Flux de transhumance et flux commerciaux au Sénégal. ....	4
<b>Figure 2.1</b> : Représentations graphiques de réseaux non orienté, orienté, non pondéré, pondéré.....	10
<b>Figure 2.2</b> : Représentation des composantes connexes. ....	12
<b>Figure 2.3</b> : Représentation d'un réseau agrégé, d'une série d'images temporelles et d'un digraphe ordonné temporellement.....	14
<b>Figure 2.4</b> : Arbre de régression et méthode CART. ....	15
<b>Figure 2.5</b> : Schéma récapitulatif du processus d'analyse réalisé au sein de cette étude.....	16
<b>Figure 3.1</b> : Distribution du volume d'animaux dans les différents départements.....	17
<b>Figure 3.2</b> : Nombre de liens commerciaux mois par mois. ....	18
<b>Figure 3.3</b> : Distribution par mois des animaux commercialisés. ....	18
<b>Figure 3.4</b> : Division des départements en clusters selon leur activité.....	19
<b>Figure 3.5</b> : Composantes fortement connexes dans les trois réseaux. ....	20
<b>Figure 3.6</b> : Distribution des mesures de centralité. ....	22
<b>Figure 3.7</b> : Distribution des nœuds selon la <i>closeness</i> et la <i>betweenness</i> . ....	23
<b>Figure 3.8</b> : Division en communautés. ....	24
<b>Figure 3.9</b> : Analyse de la robustesse. ....	25
<b>Figure 3.10</b> : Diagramme en boîte représentant l'atteignabilité et le temps d'infection.....	27
<b>Figure 3.11</b> : Cartes géographiques de comparaison de l'atteignabilité et du temps d'infection. ....	28
<b>Figure 3.12</b> : Arbres des régression réalisés avec méthode CART. ....	29

## Liste des tableaux

<b>Tableau 1</b> : Interprétation épidémiologique des mesures de centralité et des mesures globales.....	12
<b>Tableau 2</b> : Composants des trois réseaux : nœuds, liens et poids. ....	19
<b>Tableau 3</b> : Mesures globales des trois réseaux. ....	20
<b>Tableau 4</b> : Départements à cibler selon l' <i>out-degree</i> . ....	25
<b>Tableau 5</b> : Comparaison des mesures de centralité calculé à partir d'un réseau agrégé, d'une série d'images temporelles et d'un réseau ordonné temporellement. ....	26
<b>Tableau 6</b> : Exemple de la base de données obtenue avec la fonction <i>tPath</i> .....	26

## Introduction

Les maladies transfrontalières sont définies comme maladies épidémiques hautement contagieuses, susceptibles de se diffuser très rapidement au-delà des frontières nationales et d'avoir des graves répercussions socio-économiques mais également des conséquences pour la santé publique.

Certaines maladies transfrontalières, comme la pleuropneumonie contagieuse bovine (CBPP, Contagious Bovine Pleuro Pneumonia), la fièvre aphteuse (FMD, Foot-and-Mouth Disease), la peste des petits ruminants (PPR) et la fièvre de la Vallée du Rift (RVF, Rift Valley Fever), sont actuellement problématiques en Afrique de l'Ouest (Bouslikhane 2015; Apolloni et al. 2018).

La mobilité animale est un des facteurs pouvant augmenter le risque sanitaire, ayant le double effet d'exposer les animaux à nouveaux pathogènes, et, au même temps, d'introduire des animaux malades dans des zones indemnes.

La région de l'Afrique de l'Ouest comprend la portion sud du côté saillant du continent africain, qui s'étend vers l'océan Atlantique, et est composée de 18 pays. Elle est délimitée au nord par la Mauritanie, le Mali et le Niger, à l'est par le Tchad et le Cameroun, à sud et à l'ouest par l'océan Atlantique et est traversée par le Sahel, une bande de transition située entre le désert saharien, au nord, et la zone soudanienne, au sud (OCDE/CSAO 2009).

La région est caractérisée par une diversité de climats qui se traduit par la présence de différentes zones agro-écologiques (divisées, selon la période végétative et la pluviosité, en aride, semi-aride, subhumide, humide) et, par conséquent, de plusieurs systèmes d'élevage (Missouhou et al. 2016).

L'élevage est une des activités économiques les plus importantes en Afrique de l'Ouest. La production animale et la commercialisation produisent non seulement des revenus pour nombreux acteurs de la filière, comme les producteurs, les commerçants, les transporteurs et les revendeurs, mais contribuent également à la sécurité alimentaire et nutritionnelle de la région (Valerio 2020).

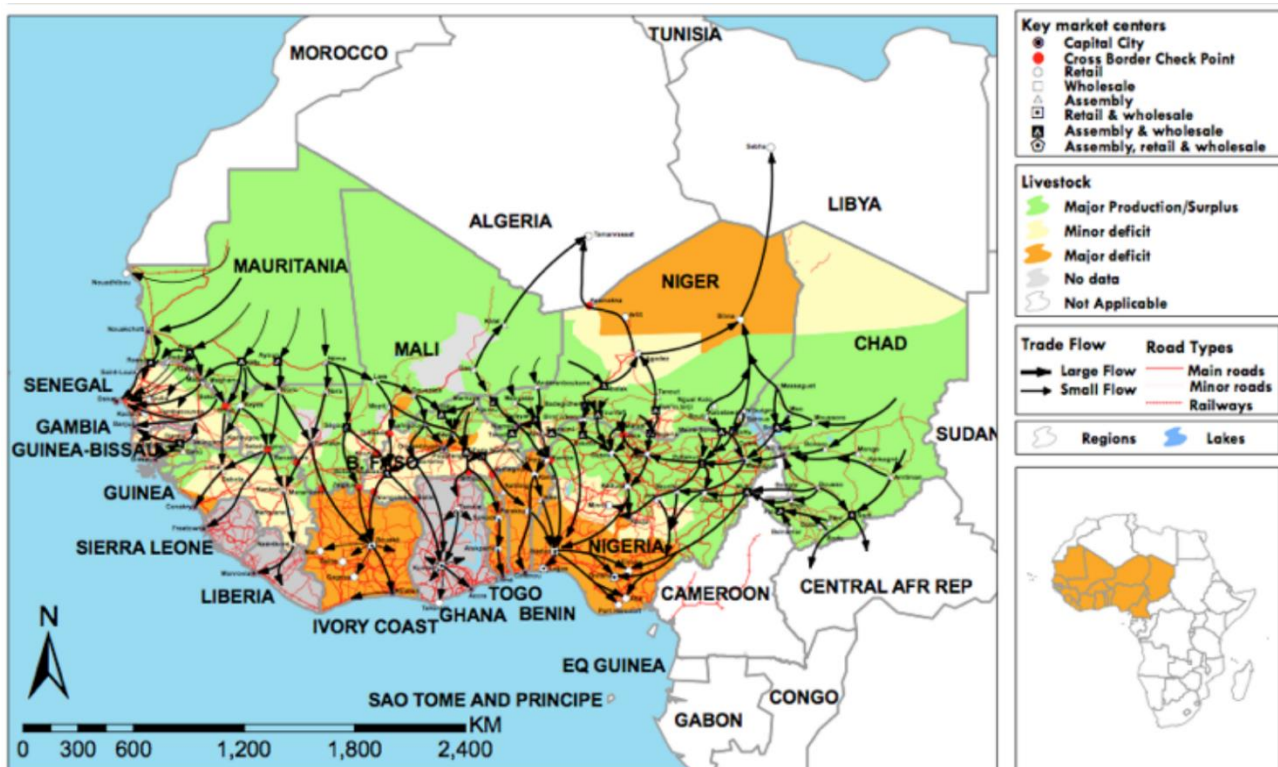


Figure 0.1 : Exemple de flux commerciaux de bétail en Afrique de l'Ouest (Torres et al. 2017).

La majorité du bétail est concentré dans la partie nord de la région, notamment au Mali, au Tchad, au Niger et en Mauritanie, où les vastes zones inhabitées et inadaptées à l'agriculture fournissent l'espace aux élevages extensifs des ruminants. Afin d'optimiser l'exploitation des ressources naturelles comme les pâturages et les eaux de surface, dont la disponibilité varie pendant l'année, les éleveurs sont obligés de déplacer leurs troupeaux ; ces mouvements peuvent se produire tout au long de l'année (nomadisme) ou pendant périodes spécifiques (transhumance).

Le nomadisme est une forme de mobilité dans laquelle les éleveurs, leurs familles et leurs troupeaux, constitués majoritairement par chameaux et petits ruminants, sont constamment en mouvement, rendant difficile l'accès aux ressources essentielles et également le contrôle des mouvements par les autorités.

De plus en plus répandue, la transhumance est un système de production animale caractérisé par des mouvements saisonniers de nature cyclique et d'étendue variable. Ces mouvements, concernant uniquement une portion du troupeau, se produisent entre des zones écologiques complémentaires avec le reste des animaux qui est sédentaire. En effet, la transhumance est une forme d'adaptation aux conditions environnementales de la région, ainsi que d'optimisation de ses ressources naturelles (Bouslikhane 2015; Apolloni et al. 2019).

Outre la transhumance et le nomadisme, le commerce des produits d'origine animale contribue fortement à la mobilité animale. Notamment à cause du faible nombre d'abattoirs et de la quasi absence de maîtrise du froid, la majorité des animaux sont commercialisés vivants. La structure de la mobilité animale et la quantité d'animaux déplacés varient énormément au cours de l'année, fortement influencés par la fluctuation de la demande de viande, comme par exemple lors des fêtes religieuses de l'Eid al-Adha ou Tabaski (Cesaro et al. 2010; Apolloni et al. 2019).

Afin de réduire l'impact des maladies transfrontalières, il devient donc essentiel de connaître le pattern de la mobilité animale, pour pouvoir prédire le risque d'introduction et de diffusion du pathogène et conséquemment mettre en place des mesures pour le réduire.

La rapidité dans l'identification des épidémies émergentes est un critère essentiel des systèmes de surveillance. En épidémiologie vétérinaire, il existe principalement deux méthodes d'alerte précoce : la surveillance syndromique et la surveillance sentinelle. Tandis que la première se base sur le monitoring et l'analyse épidémiologique de cas de syndromes (neurologique, respiratoire, digestive, ainsi que données de mortalité et mortinatalité) afin de détecter rapidement des événements inhabituels, la seconde est un outil direct se basant sur l'analyse de données de transport des animaux dans le but de sélectionner des lieux « sentinelle », caractérisés par un développement précoce de la maladie (Schirdewahn et al. 2021).

La mobilité animale ayant un rôle clé dans la diffusion des maladies transfrontalières, nous avons utilisé des méthodes d'analyse des réseaux afin d'identifier des possibles nœuds<sup>1</sup> sentinelles, c'est-à-dire des nœuds à surveiller pour détecter précocement ces maladies.

Malheureusement, dans la région de l'Afrique de l'Ouest il n'existe pas un système unique d'identification et traçabilité des animaux ; cependant, dans certains pays comme le Sénégal, certaines informations sur les mouvements du bétail sont recueillies dans les postes vétérinaires (CIT et LPS) et sur les marchés (registre de comptabilité) (Apolloni et al. 2019).

Dans cette étude, nous avons pu analyser les données de la mobilité commerciale recueillies par les Services Vétérinaires sénégalais en 2014, concernant les mouvements nationaux, mais également quelques mouvements internationaux entre le Sénégal et 4 pays de l'Afrique de l'Ouest : Gambie, Guinée-Bissau, Mali et Mauritanie.

Ce stage s'inscrit dans le cadre du projet ECO-PPR et des activités du CIRAD en collaboration avec la Commission Européenne pour la lutte contre la fièvre aphteuse EuFMD.

Guidé par l'OIE et le secrétariat de la PPR de la FAO, ECO-PPR est un projet de recherche visant à soutenir certains pays de l'Afrique de l'Est (Ethiopie, Kenya, Tanzanie) et de l'Ouest (Burkina Faso, Mali et Sénégal) dans le contrôle et l'éradication de la PPR. Ce dernier va générer des nouvelles informations afin de renforcer les actions de surveillance et de contrôle dans les zones à haut risque, difficiles d'accès aux campagnes de vaccination et propices aux épidémies (Wieland et al. 2019).

De même la EuFMD cherche également à combattre la PPR, mais dans un cadre plus large de lutte qui englobe également la fièvre aphteuse et les maladies transfrontalières similaires (FAST). Depuis 2013, elle travaille avec les états membres sur leur préparation et avec les pays voisins de l'Europe sur la mise en place de programmes de contrôle durables, afin de promouvoir et soutenir le contrôle progressif de la FMD dans toutes les régions suivant la stratégie globale de contrôle de la FMD de la FAO et de l'OIE (FAO).

---

<sup>1</sup> Il s'agit d'un terme spécifique utilisé dans l'analyse de réseaux, indiquant les entités qui composent un réseau. Dans ce cadre, ils représentent les départements du Sénégal et des autres pays concernés.



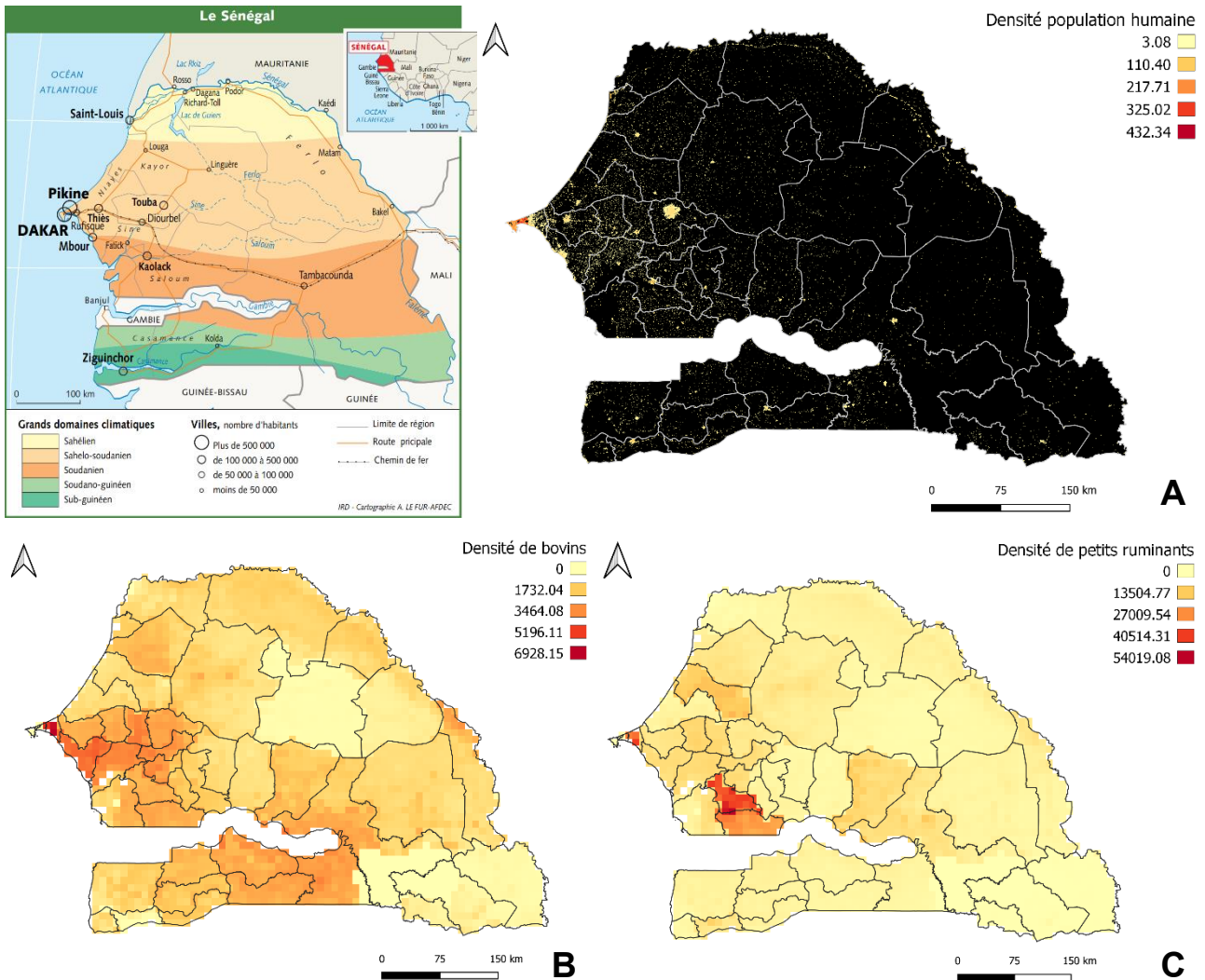
# Partie 1 : Etude bibliographique

## Le Sénégal

### Climat et végétation

Le climat du Sénégal est très diversifié et, du nord au sud, on peut remarquer cinq zones différentes, avec chacune un type de végétation : une zone sahélienne désertique, une zone sahélo-soudanienne caractérisée par les savanes, une zone soudanienne caractérisée par les savanes et les forêts, une zone soudano-guinéenne riche en forêts et une zone guinéenne caractérisée par la forêt tropicale humide (**Figure 1.1**).

Indépendamment de la zone, il est possible de distinguer deux saisons bien démarquées : une saison sèche de Novembre à Mai avec des températures plus douces, et une saison humide de Juin à Octobre, avec des pluies de mousson et des températures élevées (Cesaro et al. 2010).



**Figure 1.1 :** Carte climatique du Sénégal (Cormier et al. 2000) (en haut à gauche) ; cartes représentant la densité de la population humaine au Sénégal en 2020 (Bondarenko et al. 2020) (A) et la densité de bovins (Gilbert et al. 2018) (B) et de petits ruminants (ovins et caprins) (Gilbert et al. 2018) (C) au Sénégal en 2010.

### Situation géographique et administrative

Limitrophe de la Mauritanie au nord, du Mali à l'est, de la Guinée et de la Guinée-Bissau au sud et de la Gambie et de l'océan Atlantique à l'ouest, le Sénégal occupe une surface de 196 722 km<sup>2</sup> et présente une population estimée à 16 296 364 personnes en 2019 (World Bank 2020).

Le territoire du Sénégal est divisé et organisé selon différentes unités administratives, dont les principales sont les régions (14), les départements (45) et les arrondissements (123) (Ministère de l'Intérieur du Sénégal).

Le pays est caractérisé par une nette opposition entre l'Est vide et l'Ouest peuplé et urbanisé : 90% de la population sénégalaise est distribuée à l'ouest d'une ligne Dagana-Kolda, avec Dakar, la capitale, qui compte quasi 4 millions d'habitants en aire urbaine, mais aussi Touba (965 422 hab.), Mbour (830 495 hab.), Thiès (829 174 hab.), Kaolack (625 022 hab.) (Cesaro et al. 2010) (**Figure 1.1**).

## Elevage

L'élevage des ruminants (bovins, ovins et caprins) joue un rôle majeur au Sénégal. En effet, l'effectif du cheptel était évalué en 2018 à 18 millions de têtes, contre 16,5 millions de têtes en 2014 (année étudiée par ma recherche), soit un taux de croissance de 9%. Cette hausse est principalement imputable à la croissance des principales composantes du cheptel : les ovins, les caprins et les bovins, qui représentent plus de 90% de l'effectif total (MEPA 2016; ANSD).

Au Sénégal, comme dans toute l'Afrique de l'Ouest, l'élevage occupe une place importante sur le plan humain, économique et environnemental. En effet, si d'une part il contribue pour environ un tiers à la richesse agricole nationale et fournit de l'emploi à une grosse tranche de la population, d'autre part il permet la valorisation des zones arides défavorable à l'agriculture ainsi que la réduction des effets de la dégradation des sols (Kamuanga et al. 2008). Or, dans les dernières années, son développement a subi un ralentissement sous l'effet conjugué de la croissance démographique, de mutations écologiques, de l'urbanisation et de la libéralisation des marchés. En 2018, son poids dans le PIB (3,6%) ainsi que sa contribution à la croissance (0,1% pour un progrès de 6,4%) étaient relativement faibles par rapport au potentiel du secteur (Cesaro et al. 2010; ANSD). C'est pourquoi il figure parmi les secteurs prioritaires du Plan Sénégal Emergent (PSE), une stratégie née en 2014 visant à l'émergence du Sénégal et à son expansion économique d'ici 2035 (World Bank 2014).

Les différents systèmes d'élevage et leur répartition dans le territoire sont définis en partie par les gradients agro-climatiques, mais également par les ressources pastorales, les conditions sanitaires, la concurrence de l'agriculture et l'urbanisation (Cesaro et al. 2010). Il existe essentiellement trois catégories d'élevage au Sénégal : les systèmes pastoraux, les systèmes intensifs et les systèmes mixte agro-pastoraux.

Les systèmes pastoraux, majoritairement rencontrés au Nord et à l'Est, sont un type d'élevage extensif qui se fonde sur la valorisation des ressources naturelles des terres non cultivées, utilisées comme aliment pour les animaux, et qui nécessite d'une importante mobilité des troupeaux afin d'accéder à des nouvelles ressources en eau et en pâturage.

Au contraire, les systèmes intensifs, plus fréquents dans les zones plus peuplées et urbanisées de l'Ouest, sont caractérisés par une sédentarisation du troupeau et ils n'utilisent comme nourriture que des aliments achetés sur le marché intérieur ou importés.

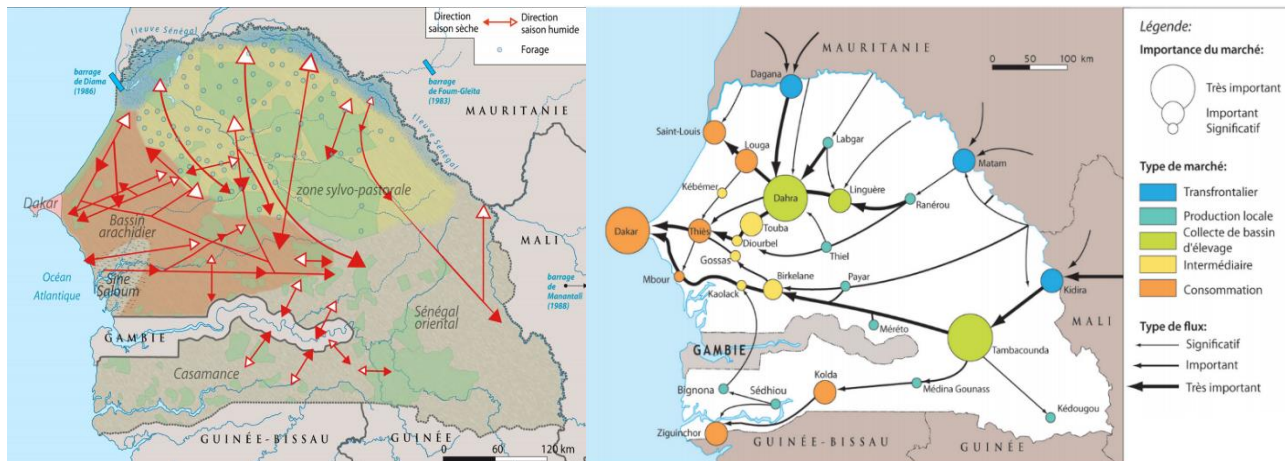
Le système mixte sont répandus au centre et au sud et se basent sur l'association d'agriculture et élevage ; les animaux, qui fournissent énergie pour les travaux et fertilisants aux terres cultivées, sont nourris avec une combinaison de pâturage sur des terres non cultivées et produits et sous-produits agricoles (Kamuanga et al. 2008; Vall et al. 2014).

## La mobilité des animaux

En Afrique de l'Ouest et au Sénégal en particulier, la mobilité du bétail est un composant intrinsèque du système d'élevage et un élément essentiel à la productivité des troupeaux. En effet, elle permet aux animaux de bénéficier de ressources fourragères différentes et de sélectionner les aliments dont ils ont besoin, afin d'arriver aux marchés avec une croissance adéquate pour la vente (Cesaro et al. 2010).

Cependant, il s'agit d'un phénomène complexe impliquant différentes échelles temporelles (de quelques jours à plusieurs mois) et spatiales (de quelques kilomètres pour rejoindre les marchés locaux aux mouvements internationaux de transhumance et/ou de commerce).

Les déterminants de la mobilité comprennent des facteurs environnementaux (disponibilité de ressources naturelles), des raisons commerciales (demande et prix du marché) et des facteurs sociaux comme les fêtes religieuses (Apolloni et al. 2019).



## Transhumance

Au Sénégal, on peut distinguer deux types de transhumance : la transhumance à longue ou à courte distance.

La transhumance à longue distance est caractérisée par des longs déplacements, souvent internationaux, qui durent 6 à 9 mois sur une année. Pendant la saison sèche, les troupeaux sont déplacés vers les pays du Sud à la recherche de meilleurs pâturages et parcourent le chemin inverse pendant la saison des pluies. En Afrique de l'Ouest, il est possible d'identifier trois axes de transhumance à longue distance. Le Sénégal se situe sur l'axe occidental, incluant les mouvements entre les pays de la côte atlantique et notamment les déplacements de bovins depuis la Mauritanie jusqu'à la Guinée en passant par le Sénégal et le Mali (**Figure 1.2**).

A côté de la transhumance à longue distance, nous pouvons considérer une transhumance à courte distance. Elle se caractérise par des mouvements majoritairement nationaux et vise à valoriser les résidus de culture, à permettre l'accès à des pâturages encore verts et à ne pas ruiner les cultures (Apolloni et al. 2019).

Au Sénégal, le Ferlo, une région de 70 000 km<sup>2</sup> située dans le Nord-Est du pays, est considéré comme le cœur de l'élevage extensif pastoral et comme un carrefour de plusieurs couloirs de transhumance à longue et courte distance ; les conditions climatiques de la zone (surtout au Nord) sont défavorables à l'agriculture, mais les éleveurs ont réussi à s'y adapter, et même à en tirer profit, à travers la mobilité pastorale sur des vastes étendues (**Figure 1.1**). La région est caractérisée par une population locale constituée par les Peuls, les Wolofs, les Maures et les Sérères, mais elle accueille, périodiquement, des transhumants du bassin arachidier du Sénégal, de la Vallée du Sénégal et des pays voisins, notamment de la Mauritanie et du Mali. En effet, la politique hydraulique du début des années 50 a non seulement conduit à la réorganisation de la mobilité des éleveurs locaux, mais a également attiré des éleveurs allochtones, posant le Ferlo au centre de nombreux mouvements liés à la fois à l'élevage et au commerce (Sy 2010; Belkhiria et al. 2019; Jahel et al. 2020).

## Mobilité commerciale

Le commerce des produits d'origine animale est une des activités économiques majeures en Afrique de l'Ouest. A cause de l'absence d'abattoirs et de moyens de stockage réfrigéré, la filière commerciale est dominée par la vente de bétail sur pied, une des deux premières activités commerciales pour les pays de la zone. La majorité des consommateurs de viande rouge se trouve normalement dans les villes sur la côte. En revanche les régions sahéliennes arides et semi-arides offrent suffisamment d'espace pour élever les ruminants qui sont vendus dans les marchés urbains temporaires. Les producteurs et les consommateurs peuvent donc se trouver à plusieurs kilomètres de distance.

La filière commerciale est constituée de trois types de marché :

- Les *Lumo* ou marchés hebdomadaires, des lieux de première collecte où les éleveurs vendent leurs animaux aux *dioulas* (commerçants mobiles), afin de pouvoir acheter des produits qui ne sont pas disponibles dans leur zone, comme les céréales, le riz, les graines. Les animaux arrivent aux marchés en marchant, ce qui leur permet de profiter des ressources naturelles qu'ils trouvent sur la route, et sont vendus vivants.
- Les marchés de regroupement et de redistribution, où les *dioulas* rencontrent les revendeurs de viande. Ces marchés sont localisés dans des zones ayant un bon accès routier et parfois des entrepôts. Ils sont toujours actifs, avec un pic d'activité un jour spécifique par la semaine. Les animaux sont vendus et envoyés, la plupart du temps à l'aide de camions, aux marchés urbains.
- Les marchés urbains, marchés permanents où les transactions se produisent tous les jours pour satisfaire les provisions des habitants des villes. Ils s'approvisionnent chez les marchés de collecte mais dans certains cas également par des produits importés qui arrivent des ports à proximité. Le volume d'animaux échangé au sein du marché varie pendant l'année et selon les pays.

Au Sénégal, les circuits marchands convergent vers la région de Dakar, principal marché de consommation du pays, en s'arrêtant cependant sur des marchés de moindre importance tels que Saint-Louis, Touba, Thiès et Kaolack. Avant de rejoindre les marchés urbains, la grande majorité des animaux est regroupée à Dahra, « la capitale de l'élevage », point de collecte du bétail arrivant du Nord du Sénégal, de la Mauritanie et du Mali. Au sud-est du pays, un autre marché joue un rôle majeur dans le commerce du bétail : Tambacounda, point de convergence des animaux provenant de l'Est du Sénégal, ainsi que de la Mauritanie et du Mali (Cesaro et al. 2010; Apolloni et al. 2019) (**Figure 1.2**).

## Tabaski : influence de la religion sur la mobilité des animaux

La Tabaski (Aïd el-Kabir), une importante fête musulmane caractérisée par le sacrifice de béliers, est célébrée avec une ampleur particulière au Sénégal, où plus du 90% de la population est musulmane. En période de Tabaski, certains marchés grossissent, comme Birkelane, ou encore Pikine, qui devient le principal point de débarquement et de vente des moutons de la région dakaroise. La date de la fête est définie selon le calendrier lunaire et par conséquent, elle change chaque année au regard du calendrier grégorien (i.e. elle avance de 11 jours) (Cesaro et al. 2010; Apolloni et al. 2018).

Pendant les mois qui précèdent la Tabaski, la mobilité de petits ruminants vers les villes et les marchés de consommation augmente remarquablement. En effet, la fête influence fortement la structure de la mobilité du bétail : les animaux pour l'exportation sont réacheminés vers les marchés nationaux, de nouveaux axes de

déplacement sont créés, un important volume d'animaux est importé des pays limitrophes (notamment Mauritanie et Mali), les déplacements sont plus rapides grâce à l'augmentation de la part d'animaux mobilisés par camion.

Cependant, la rapidité des mouvements et le grand volume d'animaux mobilisés accroissent le risque sanitaire d'épidémie, qui pourrait se diffuser sur des plus longues distances dans un temps plus court. De plus, dans les dernières années, la Tabaski s'est produite pendant la saison des pluies, quand la quantité potentielle de moustiques vecteurs est plus élevée, ce qui, combiné au pic de mobilité animale et à la rapidité des mouvements, augmente le risque de déclenchement d'une épidémie de RVF (Apolloni et al. 2018; Valerio 2020).

Il existe également des fêtes religieuses qui influent sur la mobilité et le commerce de bovins, notamment de bovins, comme le Maouloud, l'anniversaire de la naissance du Prophète, et le Grand Magal de Touba, le festival annuel religieux de la confrérie mouride du Sénégal.

## Risques sanitaires liés à la mobilité animale

La mobilité animale est reconnue comme une des trois causes de changement dans la dynamique spatiale des maladies animales, avec le changement climatique et la concentration du marché.

Comme mentionné précédemment, en déplaçant leurs animaux, les éleveurs peuvent les exposer à des nouveaux pathogènes à l'arrivée dans une zone infectée, ou introduire la maladie dans une zone indemne, s'ils sont malades. Le risque de maladie se pose donc aussi bien pour le pays d'origine que pour celui d'accueil (Apolloni et al. 2019).

Le risque d'introduction d'une maladie épizootique est étroitement lié à l'augmentation de la fréquence des mouvements animaux transfrontaliers, à l'inadéquation des contrôles frontaliers qui facilite les mouvements illégaux, au manque d'harmonisation entre les systèmes de surveillance sanitaire des pays concernés, ainsi qu'à leurs statuts épidémiologiques. Dans ce cadre, le Certificat International de Transhumance pourrait aider à prédire le déclenchement d'une épidémie, en permettant de connaître la composition du troupeau, son statut vaccinal et l'itinéraire prévu. Malheureusement, les difficultés dans l'obtention du CIT associées aux contraintes rencontrées sur les routes commerciales poussent les éleveurs à privilégier des moyens illégaux (Bouslikhane 2015; Apolloni et al. 2019).

La mobilité animale augmente également le risque de propagation d'une maladie au sein d'un pays, puisqu'elle entraîne la formation de regroupements d'animaux, par exemple au sein des marchés ou des zones de pâturages, où des troupeaux provenant de zones différentes se retrouvent en contact étroit, augmentant le risque de transmission. A ce propos, afin de contrôler les mouvements légaux et les cartographier au niveau national, la DSV Sénégal a introduit un système de certificat LPS (Laissez-Passer Sanitaire), contenant les informations sur le troupeau et le trajet pour chaque déplacement.

## Exemples de maladies transfrontalières

Plusieurs pathogènes circulent en Afrique de l'Ouest et, au Sénégal, pour certains d'entre eux, un système de surveillance a été mis en place par la DSV. Bien que les outils développés au sein de notre travail ne ciblent pas une maladie spécifique, notre approche peut être appliquée à des maladies à transmission directe. Nous nous focaliserons donc sur la fièvre aphteuse et la peste des petits ruminants.

### **Fièvre aphteuse**

La fièvre aphteuse est une maladie virale du bétail hautement contagieuse ayant un impact économique négatif sur la production et le commerce des animaux et des produits d'origine animale.

Le virus de la FMD est un *Aphthovirus* de la famille *Picornaviridae* et sept souches (A, O, C, SAT1, SAT2, SAT3, and Asia1) sont endémiques dans différents pays du monde.

La maladie affecte les mammifères biongulés (bovins, porcins, ovins, caprins) et la transmission peut être soit directe soit indirecte. Le virus est présent dans toutes les excréments et les sécrétions des animaux infectés (en grande quantité dans l'aérosol), et il résiste également longtemps dans l'environnement, faisant de ce dernier une source de contamination.

La FMD se caractérise par l'apparition d'aphtes et d'érosions sur la langue, les muqueuses buccales et nasales, les mamelles et entre les ongles. Elle entraîne également une dégradation de l'état de l'animal, avec perte de poids, retard de croissance et chute de la production laitière, qui peuvent persister après la guérison. La sévérité des signes cliniques dépend de la souche virale, de la dose d'exposition, de l'âge, l'espèce et l'immunité de l'hôte. On remarque notamment une mortalité plus élevée chez les jeunes. Par ailleurs, les bovins sont plus impactés que les petits ruminants, qui développent souvent de leur côté une forme subclinique mais qui peuvent infecter les autres animaux. De plus, les animaux guéris constituent un réservoir de cette maladie en devenant porteurs sains du virus (OIE).

La fièvre aphteuse est considérée comme endémique dans toute l'Afrique de l'Ouest, avec quatre souches circulantes : O, A, SAT1 et SAT2. Entre janvier et décembre 2018, plus de 137 foyers ont été signalés dans onze pays de la région, y compris au Sénégal, qui a reporté ses premiers cas de FMD chez les petits ruminants et les porcins. Selon plusieurs études, en Afrique sahélienne, les systèmes d'élevage de bétail traditionnels, comme le système nomade et transhumant, et les mouvements d'animaux illégaux sont potentiellement la

principale source de diffusion du virus. La FMD est donc considérée comme une des maladies affectant le plus les éleveurs transhumants pendant la mobilité, ce qui fait d'elle une maladie transfrontalière majeure à contrôler (Diallo et al. 2019; GF-TADs 2019).

Afin de réduire l'impact de la maladie à l'échelle globale, la FAO et l'OIE ont développé la Stratégie Globale pour le Contrôle de la FMD. Le but de cette stratégie est de diminuer à la fois la charge globale de la maladie et le risque d'introduction du virus dans les zones indemnes. Pour ce faire, elle combine deux outils : le « Progressive Control Pathway for Foot-and-Mouth Disease » (PCP-FMD), créé par la FAO et l'EuFMD dans le but d'aider les pays endémiques à contrôler les risques de la FMD, et le « OIE Performance of Veterinary Services Pathway » (PVS), visant à mettre les services sanitaires nationaux en conformité avec les standards qualitatifs de l'OIE (FAO).

Au Sénégal, la surveillance épidémiologique de la FMD est essentiellement passive et les informations sont transmises par les chefs des postes vétérinaires à la DSV à travers des formulaires d'enquête physiques et numériques. En outre, des cartes de risque sont réalisées depuis 2017, bien qu'une surveillance basée sur le risque ne soit envisagée qu'en 2022. A cause du coût du vaccin et de l'existence de plusieurs sérotypes, la vaccination n'est pas obligatoire pour le moment, mais les éleveurs peuvent faire vacciner leurs animaux via des vétérinaires privés (Direction des Services Vétérinaires 2019).

### **Peste des petits ruminants**

La peste des petits ruminants est une maladie animale hautement contagieuse affectant les petits ruminants, domestiques et sauvages, causée par un *Morbillivirus* de la famille *Paramixoviridae*. Il s'agit d'une maladie avec un impact économique important non seulement en Afrique, mais également en Moyen-Orient et en Asie, où les petits ruminants garantissent les moyens de subsistance (FAO).

Quand le virus est introduit dans une zone indemne, le taux de morbidité peut atteindre le 90%, avec une mortalité très élevée, qui peut atteindre jusqu'à 70%.

Dans les climats chauds, la PPR se transmet majoritairement par contact direct entre animaux susceptibles et animaux infectés. En étant des lieux où des animaux d'origines différentes restent en contact pendant longtemps, les marchés et les pâturages communs sont considérés comme des zones à haut risque de contamination (Diallo et al. 2019).

Les symptômes typiques de la maladie sont une fièvre élevée et de la dépression, associées à des écoulements oculaires et nasaux. Les animaux infectés sont souvent anorexiques, à cause des lésions érosives qui se forment sur la muqueuse buccale, et présentent des bronchopneumonies sévères et des diarrhées, qui entraînent la mort (OIE).

Depuis sa découverte, la PPR s'est progressivement répandue à travers l'Afrique, le Moyen et le Proche-Orient et l'Asie, en devenant la plus importante maladie infectieuse des petits ruminants. En Afrique subsaharienne, cette maladie présente un caractère saisonnier, en augmentant son incidence à des moments particuliers de l'année, comme lors de la période de la Tabaski : l'augmentation massive du commerce de moutons entraîne une augmentation de la diffusion des pathogènes par contact direct entre les animaux (Diallo et al. 2019).

Au vu du rôle essentiel des petits ruminants dans la subsistance des populations dans différentes zones du monde, l'OIE et la FAO ont développé ensemble la Stratégie pour le contrôle et l'éradication de la PPR sous l'égide du GF-TADs. La stratégie envisage trois éléments : une approche technique par étapes pour contrôler et éradiquer la maladie, le renforcement des Services Vétérinaires et le contrôle d'autres maladies prioritaires affectant les petits ruminants (FAO).

Depuis 2018, le Sénégal a démarré le Plan National Stratégique d'éradication de la PPR (PNS-PPR), associant une surveillance sérologique annuelle à la surveillance passive déjà existante. Les mesures de contrôle et de lutte contre la PPR envisagent des contrôles administratifs des documents liés au troupeau au niveau des postes frontaliers, ainsi qu'une campagne de vaccination annuelle sur l'ensemble du territoire sénégalais. En 2018, près d'un million d'animaux supplémentaires ont été vaccinés par rapport au 2017 (3 120 084 contre 2 190 583), bien que cela n'ait pas permis d'atteindre l'objectif de vaccination de 50%. Neuf régions sur quatorze ont enregistré une couverture vaccinale supérieure à la moyenne du pays (26,31%), mais seulement quatre d'entre elles ont atteint l'objectif (Direction des Services Vétérinaires 2019).

## La surveillance dans le contexte des systèmes complexes

Un système complexe, ainsi appelé parce qu'il est impossible de prédire le comportement global à partir des éléments individuels, est souvent décrit à travers un approche réseau, dans lequel les nœuds représentent des unités interactives (individus, animaux, villes, ...) et les liens indiquent l'existence d'une interaction entre deux nœuds (Barabási 2015).

Au fil des années, l'approche réseau a été de plus en plus utilisée dans l'étude de la diffusion de maladies, aussi bien dans un contexte de contrôle que de surveillance. Lors de la conception d'un système de surveillance, on cherche à identifier les nœuds les plus susceptibles de fournir des indications pertinentes et précises de l'activité épidémique (nœuds sentinelles). La rapidité de l'action ciblée lors de la phase initiale de l'épidémie est fondamentale pour minimiser la charge de morbidité (Herrera et al. 2016).

Cette question est similaire à celle du contrôle des maladies à travers la vaccination ciblée d'un groupe de nœuds spécifique, défini comme la proportion de nœuds à vacciner pour garantir que les foyers locaux ne se transforment pas en épidémies. Dans ce cas, les nœuds bien connectés sont les plus susceptibles d'être infectés et de transmettre la maladie. Ce sont donc ces nœuds qu'il faut localiser et vacciner en priorité. Cependant, des études récentes ont montré que les meilleurs candidats pour la vaccination ciblée ne sont pas forcément les mêmes pour le placement des sentinelles (Holme 2017; Colman et al. 2019).

De plus, la dynamique temporelle peut affecter la vitesse et l'extension d'une épidémie, et par conséquent la probabilité pour un nœud d'être touché. Pour identifier les potentiels nœuds sentinelles, il est donc important de considérer leur vulnérabilité, mais également le temps nécessaire à leur infection. Ces mesures ne sont pas facilement estimables à partir des indicateurs de centralité, puisqu'elles dépendent des variations dans le temps de la structure du réseau, mais également des caractéristiques de la maladie. La stratégie à choisir dépend donc principalement de la connaissance de la structure du réseau et de la maladie à prévenir (Bai et al. 2017; Holme 2017).

### Objectifs du travail

La mobilité animale joue un rôle important dans la diffusion des pathogènes au Sénégal et certaines localités, plus centrales dans les circuits marchands, ont un risque plus élevé d'être touchées par une maladie. De plus, la variation de la structure du réseau pendant l'année (présence/absence de mouvements entre localités) peut affecter la dynamique de diffusion des pathogènes. Ces effets ne peuvent être démontrés en se limitant à l'analyse d'un réseau agrégé, c'est à dire à l'analyse du réseau décrit à un temps donné ou agrégé sur une certaine période. Il convient donc de faire une analyse temporelle, c'est à dire, de prendre en compte les changements de structure du réseau au cours d'une période donnée.

Le but de cette étude est, donc, de comprendre comment la structure du réseau de la mobilité animale et ses variations dans les temps (réseau temporel) peuvent influencer la diffusion et la vitesse de propagation d'une maladie au Sénégal. Dans ce contexte, nous avons analysé la structure du réseau de la mobilité animale afin de développer des outils pour identifier, au cours de l'année, les nœuds pouvant faire partie du chemin de propagation d'une maladie.

Pour ce faire :

1. Nous avons décrit la structure du réseau de mobilité et ses variations pendant l'année
2. Nous avons identifié les localités sénégalaises potentiellement touchées par une maladie, à la fois dans le réseau agrégé et temporel
3. Nous avons comparé les résultats temporels avec ceux émanant d'une représentation statique pour montrer la différence entre les deux et souligner l'importance de la prise en compte de la temporalité dans les prochaines études

En précisant les caractéristiques de la maladie, les méthodes développées pourraient être utilisé pour informer les systèmes de surveillance des maladies animales à transmission directe, telles que la PPR et la FMD et pour aider à identifier des potentiels nœuds « sentinelles ».

# Partie 2 : Matériels et Méthodes

## Matériels :

Dans cette étude, nous avons utilisés les données de la mobilité animale au Sénégal relatives à l'année 2014, avec l'ajout a posteriori des données concernant les déplacements entre le Sénégal et la Mauritanie utilisées par Apolloni et al. (2018) (Apolloni et al. 2018).

Au Sénégal, un système de certificat basé sur les Laissez-Passer Sanitaire LPS a été mis en place pour tracer la mobilité animale et pour cartographier les axes de mouvement plus importants de la région. Les LPS sont remis par le poste Vétérinaire de la DSV à chaque déplacement du troupeau et nous renseignent sur l'origine (village, département, région, pays), la destination (village, département, région, pays), la date, le nombre d'animaux, l'espèce et le moyen de transport.

Nous avons considéré les déplacements des bovins et des petits ruminants séparément, mais également pris ensemble afin de créer un réseau global. Les données ont été agrégées sur l'échelle spatiale d'un département (42/45 départements sénégalais concernés par les mouvements commerciaux) et sur l'échelle temporelle d'un mois ou d'une semaine. Notamment, pour la description générale des données nous les avons compilées par mois, alors que nous avons utilisé les semaines dans l'analyse de réseaux temporels, la semaine étant une unité plus réaliste pour l'étude de la diffusion d'une maladie.

## Méthodes :

Le but de cette étude est de fournir des résultats sur le risque lié à l'introduction et la diffusion d'une hypothétique maladie à transmission directe pouvant affecter les petits ruminants, comme la PPR, ou tous les ruminants, comme la FMD, au Sénégal. Les résultats obtenus pourront servir de base pour des analyses spatiales du risque, afin d'optimiser les dispositifs de surveillance et de contrôle.

Pour ce faire, nous avons utilisé un approche réseau. Un réseau est une manière de représenter un système complexe, en termes de nœuds ou sommets<sup>2</sup>, et de liens ou arêtes ; les nœuds représentent les unités interactives, alors que les liens représentent l'existence d'un type d'interaction entre les nœuds (Barabási 2015).

Dans notre cas, ces méthodes permettent aux utilisateurs de décrire les mouvements du bétail comme un réseau spatial dans lequel les nœuds représentent des villages, des marchés, des troupeaux, alors que les liens sont définis comme les mouvements d'au moins un animal d'un nœud à l'autre (Muwonge et al. 2021). En épidémiologie vétérinaire, les méthodes basées sur les réseaux sont largement exploitées pour comprendre le rôle de la mobilité animale dans la diffusion des maladies et dans les stratégies de contrôle. L'analyse de réseaux, en effet, permet la caractérisation des nœuds dans un point de vue structurel, en permettant de connaître, par exemple, quels nœuds ont un rôle clé dans la cohésion du réseau ou lesquels risquent d'être infectés dans le contexte d'une épidémie (Dubé et al. 2009; Motta et al. 2017).

Bien que l'analyse de réseaux soit largement utilisée dans les pays européens (Hardstaff et al. 2015; Lentz et al. 2016; Schirdewahn et al. 2017, 2021; Brzoska et al. 2020), grâce à l'existence de grands jeux de données de traçabilité de la mobilité animale, cette méthode a été relativement peu utilisée en Afrique à cause du manque de ces données (Muwonge et al. 2021).

Récemment, des articles utilisant l'analyse de réseaux ont été publiés, concernant la région de l'Afrique de l'Ouest, comme Apolloni et al. (2018, Mauritanie), Jahel et al. (2020, Afrique Sahélienne) et Valerio et al. (2020, Afrique de l'Ouest) (Apolloni et al. 2018; Jahel et al. 2020; Valerio et al. 2020).

Dans le cadre de l'étude, nous avons d'abord décrit la base de données utilisée et ensuite réalisé l'analyse de réseaux.

### Analyse descriptive

Initialement, une analyse descriptive des données a été réalisée, dans le but de caractériser les départements intéressés et d'étudier leurs variations dans le temps en termes de mouvements commerciaux et de volume d'animaux déplacés.

### Analyse de cluster

Afin d'analyser plus en détail le comportement des différents départements, une analyse de clusters présents dans le réseau a été faite. Les nœuds (les départements) ont été classés en groupes (cluster) de telle manière

---

<sup>2</sup> Les termes sommet et arête sont utilisés en mathématique et physique pour décrire les graphiques, c'est-à-dire les représentations mathématiques des réseaux. Bien qu'il soit plus correct de faire une distinction, les deux terminologies {réseau, nœuds, liens} et {graphique, sommets, arêtes} sont souvent considérées comme synonymes.

à maximiser la similarité entre les objets du même groupe, autrement à la minimiser entre groupes différents. Plus spécifiquement, ils ont été classés selon leur activité, définie comme le nombre effectif d'animaux échangés chaque mois ; le nombre est positif si le flux d'animaux entrants est supérieur à celui sortant, dans le cas contraire le nombre est négatif.

Afin d'identifier le nombre de cluster optimal, plusieurs méthodes, comme la méthode Elbow et le dendrogramme, ont été utilisées et toutes ont montré trois clusters comme la meilleure division possible. Nous avons donc réalisé la division en cluster à l'aide de la fonction HCPC (Hierarchical Clustering on Principle Components) du package *FactoMineR* (Lê et al. 2008). En général, les stratégies de *clustering* les plus courantes se divisent entre hiérarchique, utilisée pour identifier les groupes avec observations similaires au sein d'un jeu de données, et non hiérarchique, utilisée pour diviser le jeu de données en plusieurs groupes. L'approche HCPC utilise successivement trois méthodes standards employées dans les analyses multivariées : les méthodes des composantes principales (comme l'Analyse en Composantes Principales ACP), permettant de définir les composantes principales, le *clustering* hiérarchique, qui définit le nombre de clusters optimal en fonction des composantes principales, et finalement le *clustering* non hiérarchique (notamment l'algorithme des k-moyennes), qui associe un cluster à chaque nœud (Husson et al. 2010).

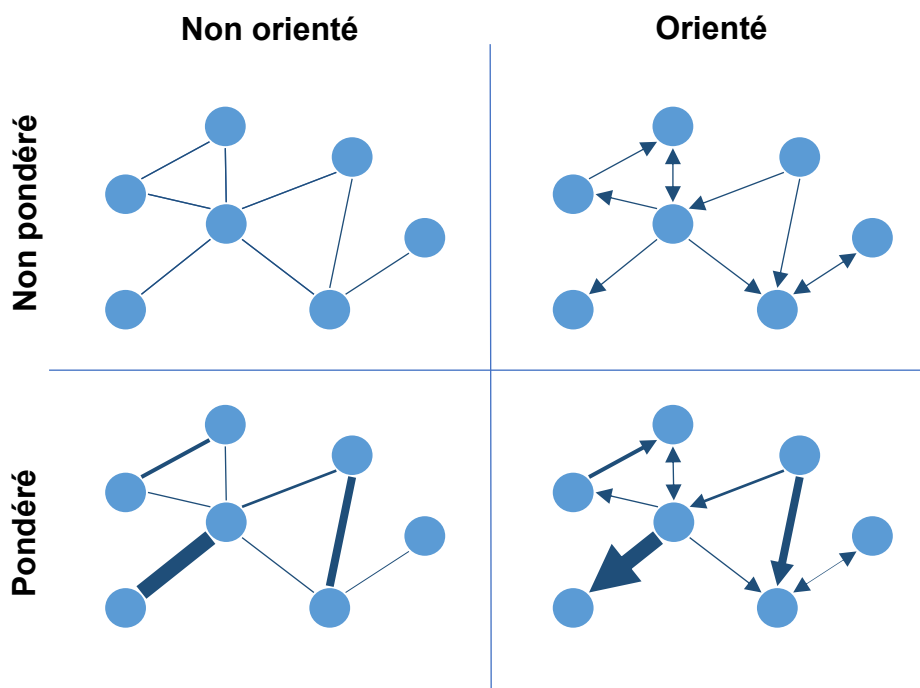
## Analyse de réseaux agrégés

### Description de réseaux

Chaque réseau est caractérisé par le nombre total de nœuds  $N$  et le nombre total de liens existants  $L$  (Barabási 2015).

Selon les caractéristiques de ses liens, un réseau peut être définie comme orienté ou non, pondéré ou pas. Dans un réseau non orienté, la présence d'un lien entre deux nœuds signifie leur connexion dans les deux directions, au contraire la présence d'un lien dans un réseau orienté n'implique pas forcément la présence d'un lien dans le sens inverse (Menczer et al. 2020). D'un point de vue épidémiologique, cette différence entraîne des conséquences importantes sur la diffusion des maladies. Une maladie qui dans un réseau non orienté pourrait se propager à tous les nœuds, dans le même réseau orienté pourrait s'arrêter avant d'atteindre tous les nœuds.

De plus, certains types de réseaux peuvent être caractérisés par des poids associés à leurs propres liens et sont appelés réseaux pondérés (Menczer et al. 2020). Dans les réseaux de la mobilité du bétail, par exemple, le volume d'animaux déplacés peut être considéré comme le poids associé au lien commercial entre l'origine et la destination. Cela aussi peut influencer la diffusion des maladies parce que plus le poids donc le volume du troupeau est important, plus la probabilité qu'il y ait des animaux malades est élevée (**Figure 2.1**).



**Figure 2.1 : Représentations graphiques de réseaux non orienté, orienté, non pondéré, pondéré.** Les cercles représentent les nœuds. Les paires de nœuds adjacents sont connectés par une ligne (lien) ou par une flèche (lien orienté). Les flèches indiquent la direction des liens. L'épaisseur d'un lien représente son poids dans les réseaux pondérés.



Deux concepts importants dans la description de réseaux sont le concept de chemin et celui de distance. Au sein d'un réseau, le chemin est défini comme la séquence de liens traversés pour connecter deux nœuds, alors que la distance identifie le nombre de liens du chemin. Lorsqu'il existe plusieurs chemins connectant les nœuds, la distance est calculée sur le chemin le plus court (Menczer et al. 2020).

Dans notre étude, les informations de mobilité sont représentées par trois réseaux (bovins, petits ruminants, bovins et petits ruminants ensemble) orientés et pondérés, où les nœuds correspondent aux départements d'origine et de destination et un lien direct existe entre deux nœuds si au moins un animal est déplacé d'un département à l'autre.

Afin de décrire les propriétés d'un réseau, il existe des mesures globales (au niveau du réseau entier) et des mesures de centralité (au niveau de nœuds).

## Mesures de centralité

Les mesures de centralité sont utilisées pour quantifier l'importance des nœuds et des liens dans un réseau et ont plusieurs applications dans l'identification et la caractérisation du risque sanitaire (Chaters et al. 2019).

Parmi elles, les plus communes sont le *degree*, la *betweenness* et la *closeness*.

- *Degree* (centralité de degré) : le *degree*  $k_i$  d'un nœud  $i$  est défini comme le nombre de liens le connectant aux autres nœuds. Lorsqu'un réseau est orienté, nous appelons *in-degree* (degré entrant) les liens qui arrivent à  $i$  et *out-degree* (degré sortant) les liens qui partent de  $i$ . La distribution des degrés  $p_k$ , c'est-à-dire la probabilité qu'un nœud pris aléatoirement ait *degree*  $k$ , est à la base de nombreux phénomènes liés aux réseaux, de la résilience à la diffusion de virus. En effet, selon  $p_k$  un réseau est décrit comme réseau aléatoire ( $p_k$  suit la distribution de Poisson) ou réseau invariant d'échelle ( $p_k$  suit la loi de puissance). Ce dernier est un type de réseau très commun dans le monde réel et est caractérisé par la présence de *hubs*, nœuds avec  $k$  beaucoup plus élevé par rapport à la majorité des autres nœuds, ce qui est intéressant d'un point de vue épidémiologique du fait que les maladies se propagent plus rapidement dans ce type de réseau (Dubé et al. 2009; Barabási 2015) (**Tableau 1**).
- *Betweenness* (centralité intermédiaire) : cette mesure est définie comme le nombre de fois où un nœud agit comme point de passage le long du plus court chemin entre deux autres nœuds. En considérant  $\sigma_{hj}$  comme le nombre total de chemins les plus courts entre les nœuds  $h$  et  $j$  et  $\sigma_{hj}(i)$  comme le nombre de ces chemins passant par le nœud  $i$ , la *betweenness*  $b$  de  $i$  est calculé comme suit :  $b_i = \sum_{h \neq j \neq i} \frac{\sigma_{hj}(i)}{\sigma_{hj}}$  où la somme est faite pour chaque paire de nœuds  $h$  et  $j$ , différents de  $i$  et entre eux. Dans un réseau de mobilité animale, plus le nombre est élevé, plus de mouvements passeront par le nœud et son intermédierité sera élevée. Dans un contexte épidémiologique, les nœuds les plus centraux doivent être pris en considération dans les systèmes de surveillance, à cause de leur risque plus élevé d'être infectés par une maladie et de la transmettre (Dubé et al. 2009; Menczer et al. 2020) (**Tableau 1**).
- *Closeness* (centralité de proximité) : représentée par l'inverse de la somme de distances entre un nœud et les autres, il s'agit d'une mesure qui nous décrit à quel point un nœud est proche aux autres nœuds du réseau. Pour un nœud  $i$ , la *closeness*  $g_i$  est définie comme suit :  $g_i = 1 / \sum_{j \neq i} l_{ij}$  où  $l_{ij}$  est la distance de  $i$  à  $j$  et la somme est faite pour tous les nœuds du réseau, sauf  $i$  même. Plus le chemin est court, plus la distance sera petite, plus la proximité d'un nœud sera élevée (Holme 2018; Menczer et al. 2020). Lorsqu'un réseau est orienté, comme pour le *degree*, il existe la *in-closeness* (proximité entrante) et la *out-closeness* (proximité sortante). Dans un contexte épidémique, la *in-closeness* d'un nœud nous donne des informations sur la vitesse à laquelle il sera infecté, alors que la *out-closeness* nous dit la vitesse à laquelle il propagera la maladie (**Tableau 1**).

Dans l'analyse de nos trois réseaux, nous avons utilisé plusieurs mesures de centralité, pour finalement nous concentrer sur cinq, à cause de leur importance épidémiologique : *in-degree*, *out-degree*, *betweenness*, *in-closeness*, *out-closeness*.

## Mesures globales

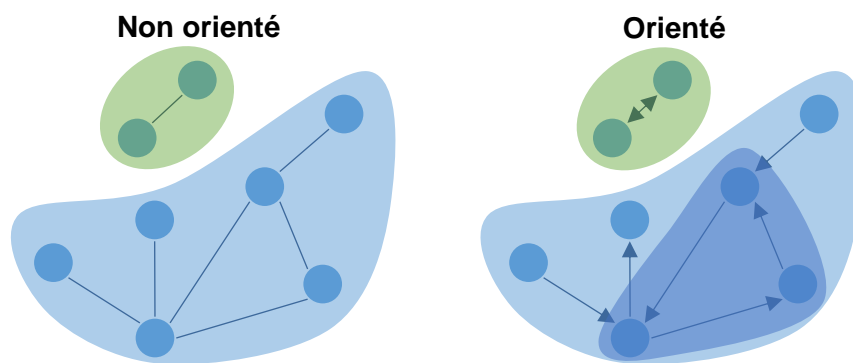
L'analyse du réseau dans sa totalité permet d'obtenir des informations sur sa structure globale, qui a un rôle clé dans un contexte épidémiologique, influant fortement sur la transmission et la diffusion d'une maladie.

Les mesures globales utilisées dans cette étude sont :

- La densité  $d$ , définie comme le rapport entre les liens existants  $L$  et le nombre maximal de liens possibles  $L_{max}$  et calculé comme suit :  $d = L / L_{max} = L / (N(N - 1))$  où  $N$  est le nombre total de nœuds.

La densité d'un réseau non orienté est double par rapport à celle du même réseau orienté, puisque dans le premier cas les liens sont bidirectionnels et donc  $L_{max}$  est la moitié par rapport à celui du réseau orienté (Menczer et al. 2020). Lors d'une épidémie, il est important de connaître la densité du réseau dans lequel la maladie circule, parce que plus elle est élevée, plus la propagation de la maladie sera importante (**Tableau 1**).

- Le diamètre  $l_{max}$ , défini comme la distance maximale existant au sein du réseau, et la longueur moyenne des chemins  $\langle l \rangle$ , définie comme la distance moyenne entre chaque paire de nœuds. Les deux mesures sont calculées comme suit :  $l_{max} = \max_{ij} l_{ij}$  et  $\langle l \rangle = \frac{\sum_{ij} l_{ij}}{N(N-1)}$  où  $i$  et  $j$  identifient toutes les paires de nœuds du réseau (Menczer et al. 2020). Le diamètre et la distance moyenne donnent une idée de la vitesse de transmission au sein du réseau (**Tableau 1**).
- La connectivité est une mesure très importante dans l'analyse de réseaux, parce que la manière dont un réseau est connecté influence fortement l'interprétation des analyses. Un réseau est connecté quand il existe au moins un chemin, pas forcément direct, liant chaque nœud à tous les autres. La composante connexe la plus grande au sein du réseau est dit « géante » et, lorsqu'il est connecté, elle correspond au réseau entier. Dans le cas d'un réseau orienté, les composantes sont distinguées en faiblement connexes et fortement connexes : les premières sont les composantes connexes du même réseau non orienté, alors que les deuxièmes sont des sous-groupes de nœuds dans lesquels il existe au moins un chemin orienté liant chaque paire de nœuds (Menczer et al. 2020) (**Figure 2.2**) (**Tableau 1**).



**Figure 2.2 : Représentation des composantes connexes.** Les couleurs indiquent les différentes composantes. Le réseau non orienté présente deux composantes, dont celle géante est composée par les nœuds du groupe bleu. Le réseau orienté présente deux composantes faiblement connexes, dont celle géante est composée par les nœuds du groupe bleu ; les nœuds du groupe bleu foncé représentent la composante fortement connexe.

	Mesure	Définition	Interprétation épidémiologique
Mesures de centralité	<b>In/Out-degree</b>	Nombre de liens entrant/sortant	La mobilité entrante est un facteur potentiel d'exposition à une maladie. La mobilité sortante est un facteur potentiel de propagation d'une maladie.
	<b>Betweenness</b>	Pour un nœud, le nombre de fois où il agit comme point de passage le long du plus court chemin entre deux autres nœuds	La <i>betweenness</i> permet d'identifier des carrefours commerciaux, où la probabilité qu'un animal passe est plus élevée.
	<b>In/Out-closeness</b>	Pour un nœud, l'inverse de la somme de distances entre un nœud et les autres	La <i>closeness</i> permet d'identifier les nœuds touchés précocement par une maladie ( <i>in-closeness</i> ) et les nœuds pouvant propager rapidement une maladie ( <i>out-closeness</i> ).
Mesures globales	<b>Densité</b>	Rapport entre les liens existants et le nombre maximal de liens possibles	Une densité élevée augmente l'ampleur de la propagation d'une maladie.
	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Diamètre</b></li> <li>• <b>Longueur moyenne des chemins</b></li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Distance maximale existant au sein du réseau</li> <li>• Distance moyenne entre chaque paire de nœuds</li> </ul>	Diamètre et distance moyenne sont utiles pour évaluer le temps et la vitesse de propagation d'une maladie.
	<b>Connectivité</b>	Un réseau est connecté quand il existe au moins un chemin, pas forcément direct, liant chaque nœud à tous les autres	La connectivité influence l'ampleur de la diffusion d'une maladie : au sein d'un réseau connecté (et non orienté) une maladie peut atteindre tous les nœuds.

**Tableau 1 : Interprétation épidémiologique des mesures de centralité et des mesures globales.**

## Concept de communauté

Dans l'analyse de réseaux, une communauté (ou cluster) est définie comme un sous-réseau au sein du réseau, caractérisé par une forte cohésion (beaucoup de liens internes) et une séparation élevée (peu de liens avec autres communautés). Connaître la structure des communautés d'un réseau nous permet de classer les nœuds selon la position qu'ils occupent dans le cluster. Les nœuds entièrement intégrés dans la communauté représentent le noyau du groupe, puisqu'ils ne sont liés qu'aux nœuds de la communauté. Au contraire, les nœuds qui se trouvent « à la frontière » de la communauté sont liés à des nœuds internes ainsi qu'à des nœuds externes au cluster (Menczer et al. 2020). Ces derniers peuvent jouer un rôle très important dans la diffusion des maladies, notamment les maladies transfrontalières : si infectés, ils peuvent diffuser la maladie non seulement au sein de leur communauté (ou de leur pays), mais également dans les autres (ou dans les autres pays), en augmentant la vitesse de propagation (Valerio et al. 2020).

Il existe plusieurs approches pour la détection de communautés, classifiées selon la stratégie utilisée pour identifier les clusters. Dans cette étude, nous avons utilisé le *fast greedy algorithm*, un algorithme maximisant la modularité, qui rejoint itérativement des paires de communautés si le choix augmente la modularité de la partition. Au début, il considère chaque nœud comme une communauté et il procède en analysant la modularité de chaque paire de communauté, pour choisir celles avec la modularité la plus élevée et les unir. Il répète ce passage jusqu'à ce que tous les nœuds fassent partie d'une seule communauté et finalement il choisit la partition avec la modularité maximale (Barabási 2015).

## Concept de robustesse

Dans un contexte de réseau, la robustesse se réfère à la capacité du système de conserver ses fonctions de base même lorsqu'un ou plusieurs nœuds ou liens manquent.

L'analyse de la robustesse se base sur la quantification de l'impact de la suppression progressive de nœuds et leurs liens sur le système concerné. Les nœuds peuvent être supprimés de façon aléatoire ou à travers des attaques ciblées, comme la suppression des nœuds bien classés pour une ou plusieurs mesures de centralité. Les réseaux invariants d'échelle, dont les réseaux de la mobilité animale font partie, montrent une résilience remarquable à la suppression aléatoire, cependant ils sont très vulnérables aux attaques ciblées : l'élimination des nœuds plus connectés (i.e. avec un *degree* plus élevé) comporte la désagrégation du réseau.

L'analyse de la robustesse d'un réseau est un outil important dans un contexte de contrôle et de contention d'une maladie, du fait qu'elle permet d'identifier les nœuds à vacciner ou à mettre en isolement pour éviter l'ultérieure propagation de la maladie circulante (Barabási 2015).

Au sein de cette étude, une analyse de la robustesse a été réalisée pour chaque réseau de la mobilité du bétail, en utilisant différentes mesures de centralité comme facteur de suppression des nœuds afin de comparer leurs effets sur les réseaux. Par exemple, une des mesures testées a été le *in-degree* : nous avons supprimé les nœuds selon leur valeur de *in-degree*, éliminant d'abord les nœuds avec *in-degree* plus élevé et continuant en ordre décroissant.

## La vulnérabilité dans un réseau agrégé

Un des objectifs de l'étude est l'identification des nœuds sentinelles, c'est-à-dire les nœuds touchés précocement par une maladie. La probabilité d'un nœud d'être infecté, appelée vulnérabilité, dépend de trois facteurs : la structure du réseau, la distribution des flux d'animaux et les caractéristiques de la maladie.

Dans cette étude, nous nous sommes focalisés sur l'impact de la structure des réseaux sur la diffusion de la maladie. Pour ce faire, nous avons choisi un modèle de transmission SI (Susceptible-Infecté) dans le scénario le plus défavorable, avec un taux de transmission de 1 : dans ce cas, lorsqu'un nœud est infecté, les nœuds avoisinants sont également infectés. De cette manière, seulement les nœuds pouvant potentiellement être touchés par la maladie sont identifiés ; en d'autres termes, si un nœud n'est pas touché dans ce cas, il ne sera jamais touché même en rajoutant d'autres facteurs, comme par exemple la caractérisation de la maladie.

Afin d'estimer la vulnérabilité, nous avons simulé la présence d'une source de maladie (nœud de type I) et identifié les nœuds potentiellement touchés. A chaque étape de la simulation, les voisins de la source deviennent automatiquement infectés et peuvent eux même infecter d'autres nœuds.

Selon la structure du réseau (notamment s'il est connecté ou pas), la direction des liens et la position des nœuds, chaque nœud peut être touché ou pas par la maladie et les temps d'infection peuvent être différents. En général, un nœud est infecté par la maladie s'il fait partie de la même composante que la source et s'il existe, compte tenu de la temporalité, un chemin orienté connectant les deux nœuds.

Pour chaque nœud, la vulnérabilité a été calculée avec l'équation suivant :

$$Vulnérabilité_i = \frac{\sum \text{fois pour lesquelles } i \text{ est touché}}{\sum \text{sources d'infection}}$$

An sein de l'étude, nous avons voulu analyser comment une maladie provenant de la Mauritanie, pays exportant une grande quantité d'animaux au Sénégal surtout pendant la Tabaski, pourrait se diffuser au Sénégal, à travers les réseaux de la mobilité du bétail (bovins et petits ruminants) et de la mobilité de petits ruminants, sur une période d'un an (année 2014). A partir des départements de la Mauritanie, à chaque intervalle de temps les sources (départements mauritaniens infectés) transmettent la maladie à travers leurs

liens sortant aux départements voisins susceptibles, qui deviennent infectés et peuvent perpétuer la propagation de la maladie. La vitesse à laquelle un département est infecté est estimée à partir du temps d'infection, c'est-à-dire le temps qui s'est écoulé entre le déclenchement de la maladie et le moment dans lequel le département est touché pour la première fois.

En considérant initialement les réseaux comme agrégés, donc sans prendre en compte la temporalité, nous avons observé, indépendamment de la source, combien de départements ont été touchés et les temps d'infection, identifiés dans ce cas par le nombre de liens du chemin connectant les nœuds à la source.

Cependant, les mouvements du bétail changent quotidiennement, saisonnellement et d'une année à l'autre. L'analyse de réseaux classique, ne prenant pas en compte la temporalité et les changements qu'elle entraîne dans la structure de réseaux, tend à surestimer le nombre de chemins pertinents pour la diffusion de la maladie (Koher et al. 2016; Chaters et al. 2019). En effet, la majorité des analyses et des modèles assument que les réseaux soient agrégés, quand une grande partie des réseaux dans le monde réel sont dynamiques, caractérisés par l'ajout de nouveaux nœuds, l'élimination d'autres et les liens qui changent (Kim and Anderson 2012).

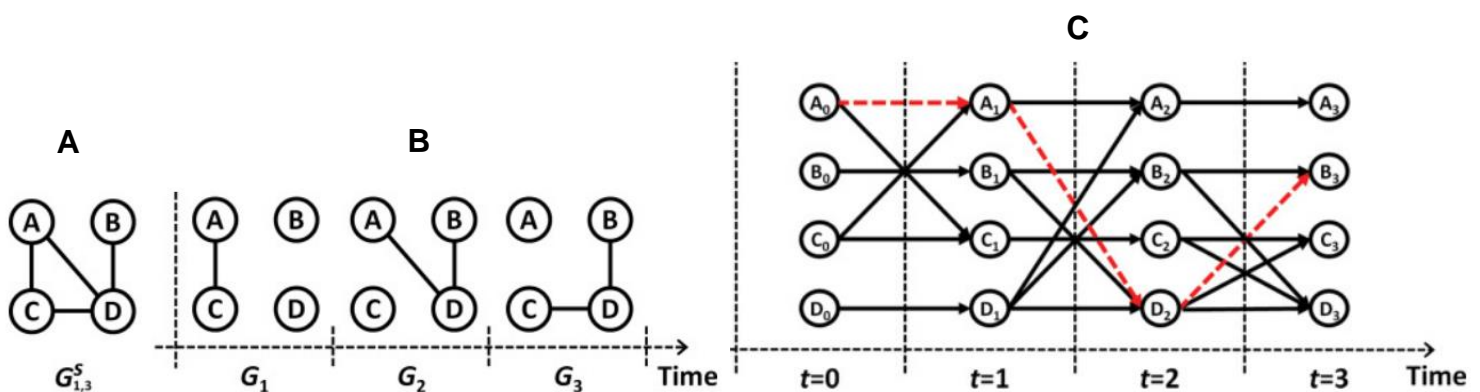
## Analyse de réseaux temporels

Un réseau temporel est conventionnellement représenté comme une séquence de graphes ordonnés temporellement, avec chaque graphe correspondant à une image du réseau pendant une fenêtre temporelle particulière. Le graphe  $G_{0,T} = (V, E_{0,T})$ , où  $V$  est le nombre de nœuds,  $E$  est le nombre de liens présents dans la fenêtre temporelle et  $T$  est le temps final, capture la structure du réseau temporel pendant l'intervalle  $[0, T]$  (Kim and Anderson 2012; Williams and Musolesi 2016) (**Figure 2.3**).

Dans un cadre épidémiologique, un concept important à souligner est l'influence de la temporalité sur la connexion entre deux nœuds : un chemin caractérisé par le plus petit nombre de liens peut ne pas être le plus rapide à cause de la temporalité de ses liens. La diffusion d'une maladie peut être prédite correctement seulement si la chronologie des contacts est précisément représentée, spécialement quand la dynamique de l'infection se développe dans un échelle temporelle similaire à celle de l'évolution du réseau (Williams and Musolesi 2016; Schirdewahn et al. 2021). En outre, lors d'une épidémie, l'importance d'un nœud dépend des caractéristiques de la maladie circulante, mais également des propriétés dynamiques du réseau, ce qui rend plus difficile l'identification des principes généraux pour un contrôle ciblé (Chaters et al. 2019).

Afin d'étudier les réseaux de la mobilité du bétail en prenant en considération la temporalité, nous avons utilisé la méthode présentée dans l'article de Kim et Anderson du 2012, dans laquelle ils modèlent un réseau temporel comme un digraphe ordonné temporellement, c'est-à-dire un graphe orienté caractérisé par les liens présents dans chaque image temporelle associés à des « *self-edges* », des liens directs entre chaque nœud et son successeur dans le temps (**Figure 2.3**). De cette manière le réseau temporel se transforme en un réseau agrégé, plus large mais plus facile à analyser, puisque certains concepts et mesures des réseaux agrégés peuvent être utilisés pour le décrire, notamment le *degree*, la *betweenness* et la *closeness*.

Cependant, il est nécessaire de normaliser ces mesures, pour tenir compte de la temporalité et pour supprimer des calculs les « *self-edges* ». Dans le cas du *degree*, par exemple, les auteurs ont défini d'abord le *degree* temporel  $D_{a,b}(v)$  pour un nœud  $v \in V$  dans un intervalle de temps  $[a, b]$  comme le nombre total et normalisé des liens entrants et sortants de  $v$  dans l'intervalle de temps  $[a, b]$ , sans tenir compte des « *self-edges* » de  $v_t$  à  $v_t$  pour  $t \in \{a + 1, \dots, b\}$ . Puisque le réseau temporel est considéré comme agrégé, cette somme est égale à  $\sum_{t=a}^b 2D_t(v)$ , où  $D_t(v)$  est le *degree* de  $v$  en  $G_t$  et pour la normaliser ils le divisent par  $2(|V| - 1)m$ , où  $m = b - a$ . De cette façon, le *degree* temporel et normalisé d'un nœud est équivalent à la valeur moyenne des *degree* du nœud calculés pour chaque image temporelle. Les calculs de normalisation ont également été faits pour la *betweenness* et la *closeness*.



**Figure 2.3** : Représentation d'un réseau agrégé (A), d'une série d'images temporelles (B) et d'un digraphe ordonné temporellement (C), comme décrit dans l'article de Kim et Anderson du 2012. Le chemin en rouge correspond au chemin le plus court temporellement connectant A et B dans l'intervalle de temps  $[0, 3]$  (Kim and Anderson 2012).

## Atteignabilité et vulnérabilité dans les réseaux temporels

Dans le cadre de l'étude sur la diffusion d'une maladie provenant de la Mauritanie, nous nous sommes concentrés sur l'atteignabilité et la vulnérabilité dans les réseaux temporels, afin d'identifier les possibles nœuds sentinelles sénégalais.

Dans un réseau agrégé et non orienté, l'atteignabilité d'un nœud  $i$  est définie à la fois comme la série de nœuds que  $i$  peut rejoindre et comme celle de nœuds pouvant rejoindre  $i$ ; si par contre le réseau est orienté, le lien de  $i$  à  $j$  n'implique pas forcément celui de  $j$  à  $i$ .

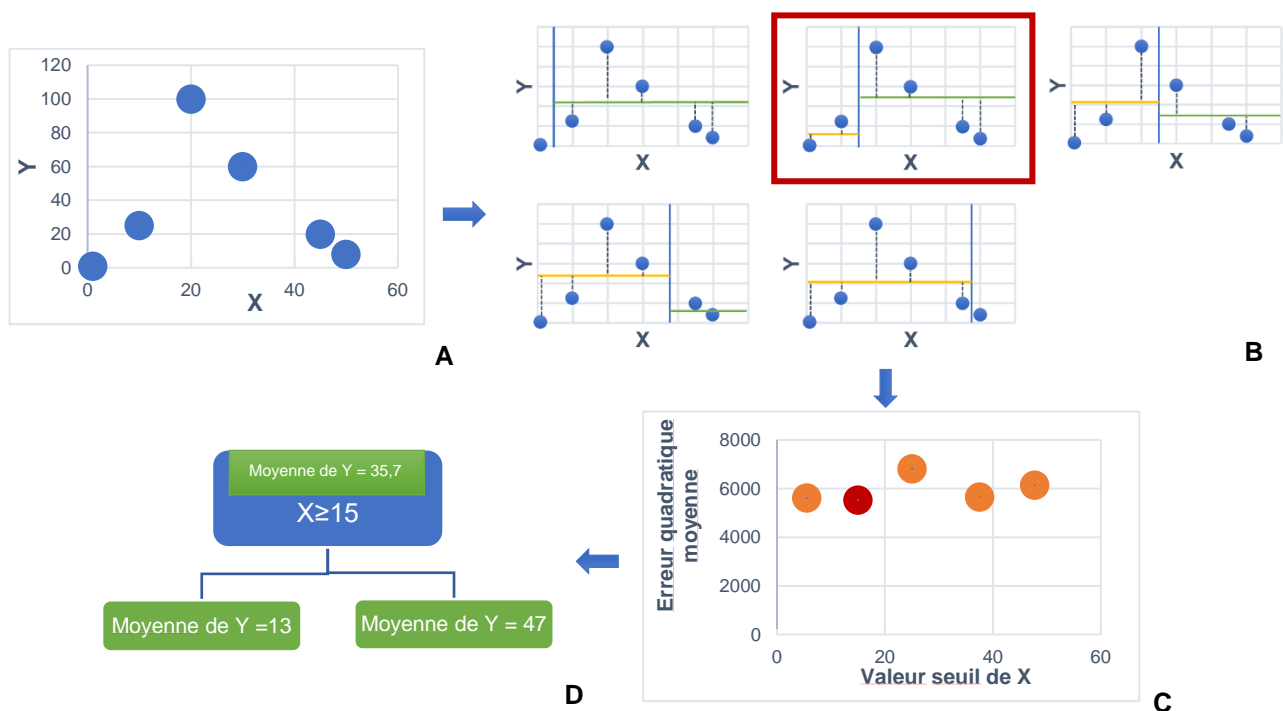
Dans le cas d'un réseau temporel, le nombre de liens  $L$  varie dans le temps, puisqu'un lien peut exister dans une fenêtre temporelle mais pas dans la suivante, ce qui comporte une interruption du chemin entre les nœuds. Dans un cadre épidémiologique, il est nécessaire de considérer la temporalité afin d'identifier les nœuds sentinelles, qui pourraient être liés à la source dans un réseau agrégé et pas liés dans celui temporel.

Afin d'analyser l'atteignabilité dans le cadre de l'étude, notre modèle nous a permis d'identifier les nœuds touchés par une maladie, c'est-à-dire les nœuds pour lesquels il existe un chemin temporellement orienté les liant à la source, ainsi que le temps de transmission et la quantité de liens du chemin, pour chaque source et pour chaque intervalle de temps. Donc, nous avons pu définir, pour toutes les différentes fenêtres temporelles et indépendamment de la source, la quantité de fois pour lesquelles chaque nœud du Sénégal a été touché par une maladie; en la divisant par le nombre des sources actives dans le même intervalle de temps, nous obtenons la vulnérabilité. Différemment de celle statique, cette fois la vulnérabilité est définie pour chaque fenêtre temporelle, donc elle change pendant l'année.

A la fin, les résultats des réseaux agrégés et temporels ont été comparés à travers des graphiques et des cartes.

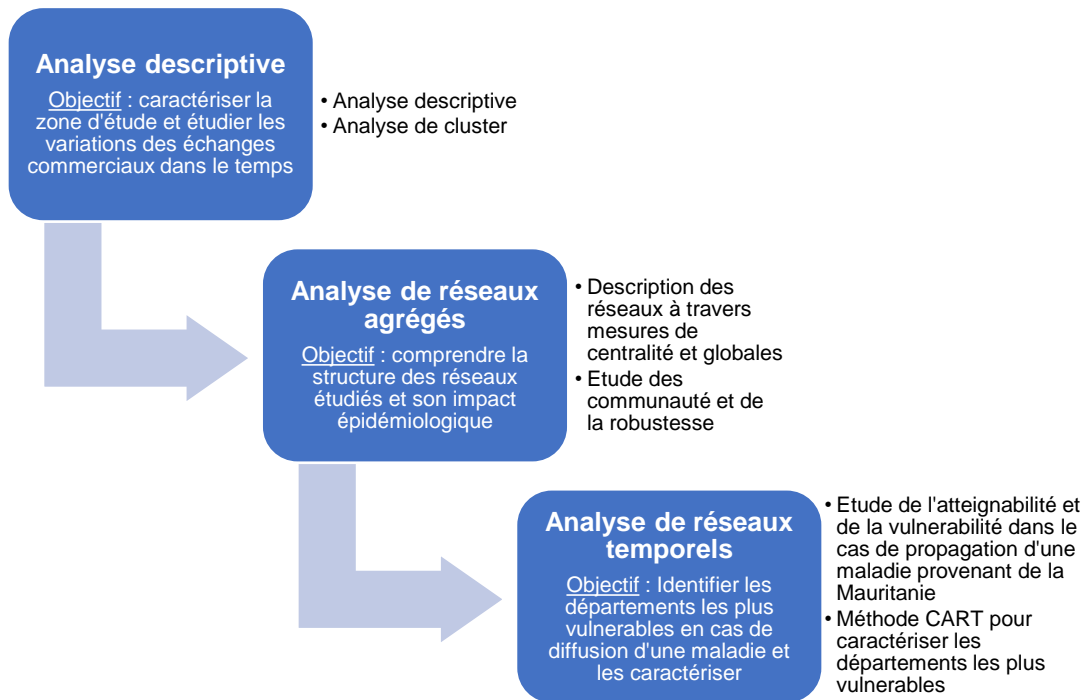
## Vulnérabilité et méthode CART

Pour chaque réseau temporel, un arbre de régression a été réalisé à travers la méthode CART (Classification And Regression Trees), afin d'identifier les caractéristiques des nœuds affectant leur vulnérabilité. Cette méthode itérative, à la fois explicatif et prédictif, prévoit la partition des données le long des axes de prédiction en sous-ensembles caractérisés par des valeurs homogènes de la variable dépendante ( $Y$ ). A la première itération, les données sont réparties en deux sous-groupes en fonction de la valeur seuil de la variable indépendante ( $X$ ) minimisant l'erreur quadratique moyenne de  $Y$ . Une fois que la première division est faite, chacun des deux sous-groupes est divisé encore suivant la même approche et le processus continue itérativement jusqu'au moment dans lequel des partitions ultérieures ne minimiseraient pas l'erreur quadratique moyenne. Dans le cas de plusieurs variables prédictives, la variable avec l'erreur quadratique moyenne la plus petite est choisie pour faire la partition. Dans la représentation graphique, le nœud racine (nœud d'accès à l'arbre) et les nœuds internes (nœuds ayant des descendants) représentent la variable prédictive associée à son point de division, les feuilles sont les sous-ensembles finaux (Krzywinski and Altman 2017) (**Figure 2.4**).



**Figure 2.4 : Arbres de régression et méthode CART.** Dans le sens horaire, à partir de la distribution de  $Y$  en fonction de  $X$  (A), la méthode répartie les données en deux groupes et, à l'intérieur de chaque groupe, la moyenne est estimée (ligne verte et ligne orange) (B). La partition minimisant l'erreur quadratique moyenne est choisie (C) et la valeur seuil de  $X$  est utilisé pour construire l'arbre (D).

Toutes les analyses descriptives, les analyses de réseaux agrégés et temporels ont été faites avec le logiciel R, *packages* : pour les graphique *ggplot2* (Wickham 2016), pour les cartes *ggplot2* et *tmap* (Tennekes 2018), pour l'analyse de cluster *FactoMineR* (Lê et al. 2008) et *factoextra* (Kassambara and Mundt 2020), pour les analyses de réseaux agrégés et temporels *sna* (Butts 2020), *tsna* (Bender-deMoll et al. 2021), *ndtv* (Bender-deMoll and Morris 2019), *TNC* (Hanke 2017), pour CART *rpart* (Therneau et al. 2019).



**Figure 2.5** : Schéma récapitulatif du processus d'analyse réalisé au sein de cette étude.

# Partie 3 : Résultats et Discussion

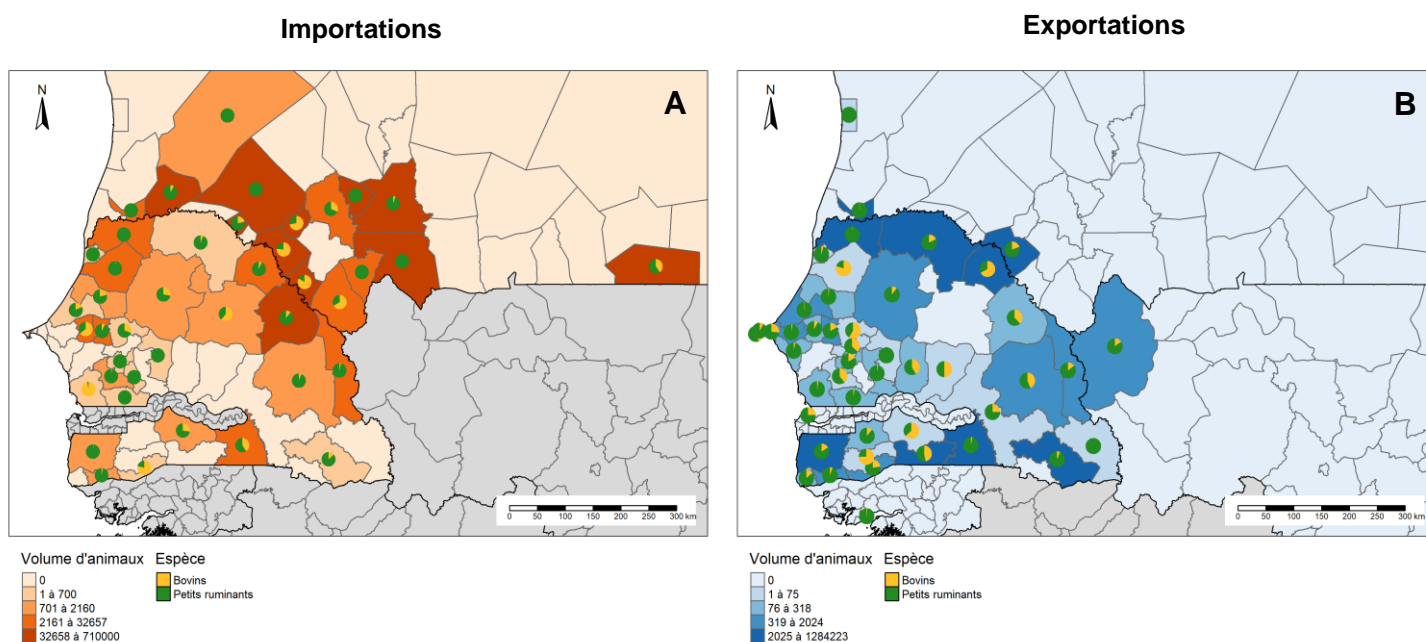
## Analyse descriptive

La base de données contient les informations des mouvements commerciaux de Janvier à Décembre 2014. Dans la totalité de la région considérée, il y a 2131 mouvements commerciaux, ils concernent 238 villages, 102 arrondissements, 62 départements et 24 régions. Parmi ceux-ci, 216 villages, 82 arrondissements (sur 123 totaux), 42 départements (sur 45 totaux) et 14 régions (sur 14 totaux) sont sénégalais.

La quasi-totalité des mouvements commerciaux concerne le Sénégal qui constitue aussi bien l'origine (91.3%) que la destination (91.8%) de ces mouvements. Il est suivi par la Mauritanie avec 8.7% de mouvements originaires de ce pays et 2.3% de mouvements à destination de ce dernier. Enfin les mouvements commerciaux à destination de la Gambie, la Guinée-Bissau et le Mali sont respectivement de 3.1%, 2.3% et 0.5%.

Le nombre total d'animaux déplacés est de 2 256 561, dont 1 427 319 petits ruminants (63.3%) et 829 242 (36.7%) bovins.

Comme montré dans la **Figure 3.1**, les départements de la Mauritanie révèlent un comportement « exportateur », qui est à l'origine du commerce d'une grande quantité d'animaux, dont la destination principale est le Sénégal. En effet, le Sénégal présente plusieurs départements situés à la frontière mauritanienne ayant un comportement « importateur », comme Dagana, Podor et Matam, mais également Bignona, Kolda, Vélingara et Kédougou dans le sud du pays. Ces résultats sont cohérents avec les circuits marchands et les axes de transhumance du pays. En parallèle, dans les données issues de l'article Apolloni et al. (2018) (Apolloni et al. 2018) beaucoup d'éleveurs déclarent seulement leur point d'entrée au Sénégal et ne précisent pas la destination finale dans les certificats de déplacement.

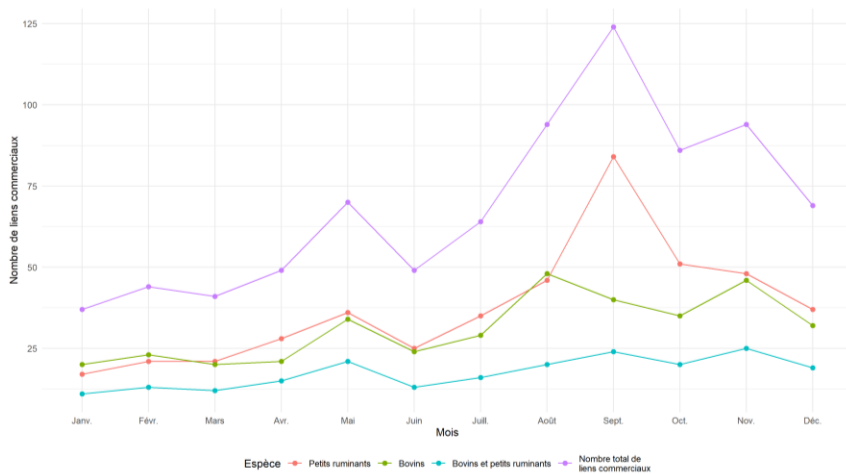


**Figure 3.1 : Distribution du volume d'animaux dans les différents départements**, selon que ces derniers soient origine (A) ou destination (B) des mouvements commerciaux. Les camemberts montrent le pourcentage de bovins (jaune) et de petits ruminants (vert) dans le total des animaux de chaque département. Pour le volume d'animaux, les quartiles ont été utilisés pour la division en catégories de couleur.

D'un point de vue temporel, les mouvements commerciaux sont moins fréquents pendant les premiers mois de l'année et concernent majoritairement les bovins, en revanche ils augmentent considérablement en Août, Septembre, Octobre et Novembre avec un pic en Septembre (**Figure 3.2**) ; de même, la quantité d'animaux déplacés, notamment des petits ruminants, augmente de façon importante les mois de Septembre et d'Octobre (**Figure 3.3**). En 2014 la Tabaski, une importante fête musulmane caractérisée par le sacrifice de bœufs, a eu lieu début Octobre (4-8 Octobre), ce qui peut expliquer l'augmentation à la fois des échanges commerciaux et du volume d'animaux commercialisés à cette période.

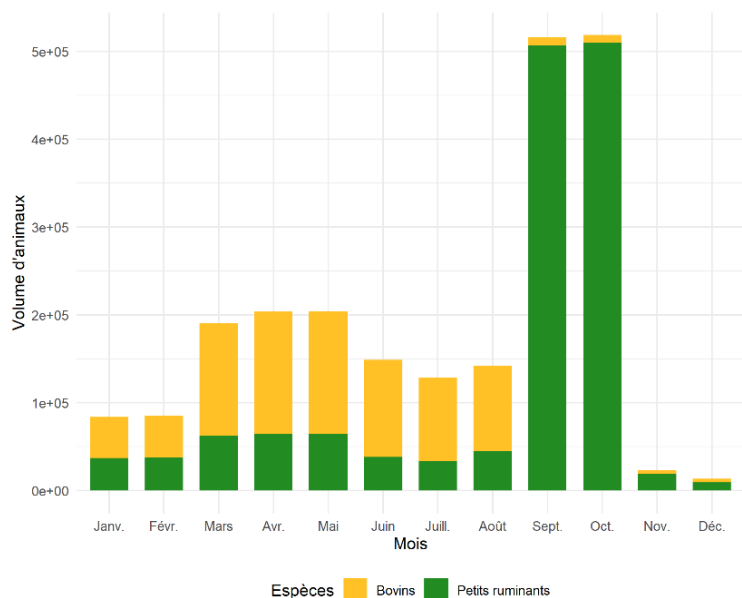
Les liens commerciaux, c'est-à-dire les combinaisons origine-destination, sont de 188 pour le commerce des petits ruminants et de 144 pour celui des bovins, avec 101 liens en commun entre les deux espèces ; cependant, aussi bien les liens commerciaux par espèce que les liens en commun varient pendant l'année, comme montré dans la **Figure 3.2**. Une augmentation généralisée des liens à partir du mois de Mai est

rapportée pour les deux espèces, avec deux pics pour les bovins en Août et en Novembre et un pic très élevé pour les petits ruminants en Septembre, ce qui confirme l'influence de la Tabaski sur les commerces. En effet, entre Aout et Septembre se forment 38 nouveaux liens commerciaux dans le commerce de petits ruminants et le volume d'animaux déplacés passent de 44 807 en Aout à 506 909 en Septembre.



**Figure 3.2 : Nombre de liens commerciaux par mois.**

Les couleurs représentent les espèces : rouge pour les petits ruminants, vert pour les bovins et turquoise pour les liens en commun entre bovins et petits ruminants. La ligne violette représente le nombre total de liens commerciaux.



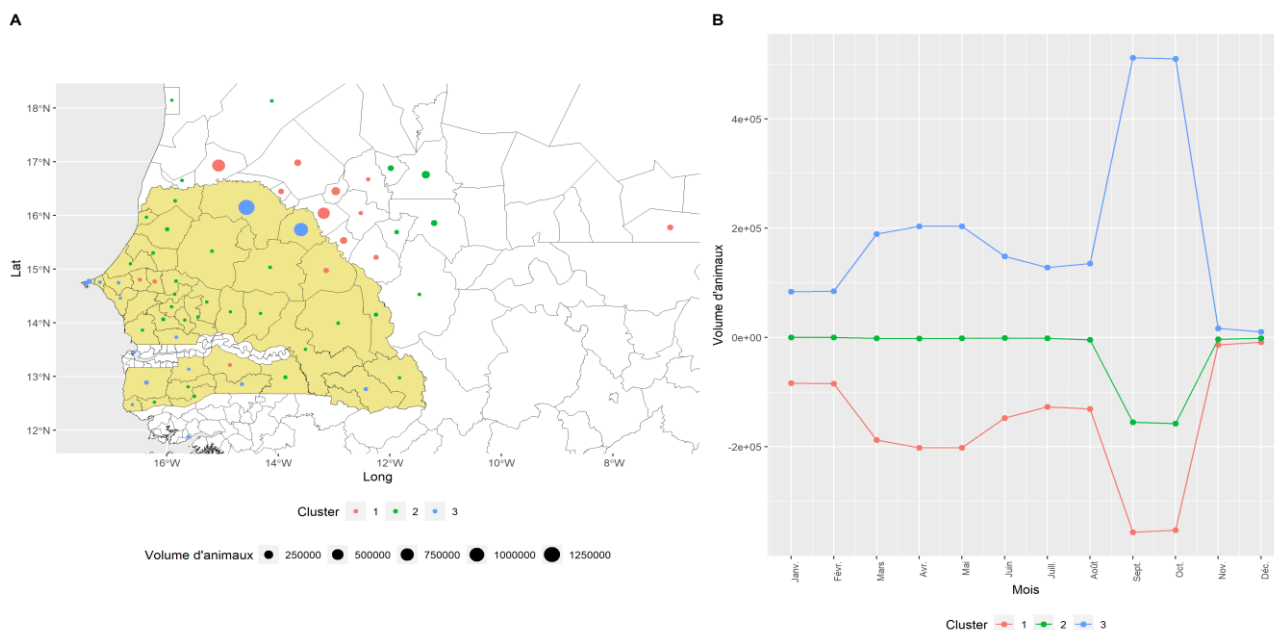
**Figure 3.3 : Distribution mensuelle des animaux commercialisés.**

La couleur jaune représente les bovins et la verte les petits ruminants.



## Analyse cluster

Comme montré dans la **Figure 3.4**, les départements sont classés en trois clusters : ceux fortement exportateurs (cluster 1, en rouge), ceux faiblement exportateurs (cluster 2, en vert) et ceux fortement importateurs (volume effectif négatif) (cluster 3, en bleu). Le cluster 3 est caractérisé par des départements comme Podor et Matam, qui sont la destination d'une grande quantité d'animaux et pour lesquels le nombre d'animaux entrants est supérieur au nombre d'animaux sortants toute l'année. Au contraire, les départements du cluster 1, comme R'Kiz et Kaedi, sont des grands exportateurs et leur activité est toujours négative. Le dernier cluster comprend la plupart des départements sénégalais, notamment les départements centraux, et est caractérisé par une activité générale quasi nulle (équivalence entre animaux entrants et sortants), sauf avant et pendant la période de la Tabaski. Ces résultats étayent les réflexions faites en se basant sur la **Figure 3.1**: les départements sénégalais et mauritaniens à la frontière échangent une quantité importante d'animaux, particulièrement lors de la Tabaski, période pendant laquelle il y a également une augmentation de l'activité de tous les autres départements. De plus, le cluster 2 exprime l'aptitude de plusieurs départements à changer de type d'activité durant l'année en étant à la fois exportateurs et importateurs.



**Figure 3.4 : Division des départements en clusters selon leur activité, sur toute l'année (A) et mois par mois (B).** Les trois clusters sont : cluster 1 « fortement exportateur » (en rouge), cluster 2 « faiblement exportateur » (en vert), cluster 3 « fortement importateur » (en bleu). Dans la carte A, la taille des points est proportionnelle à l'activité moyenne du département.

## Analyse de réseaux agrégés

### Description des réseaux

Pour rappel, un réseau est une représentation d'un système constituée par des éléments appelés nœuds et des connexions entre ces éléments appelées liens. Dans ce cas, les départements sont les nœuds et les liens commerciaux sont les liens connectant les nœuds.

Nous avons donc analysé les trois réseaux de la mobilité du bétail : le réseau des bovins, celui des petits ruminants et le global, c'est-à-dire celui regroupant les bovins et les petits ruminants. Les trois réseaux sont des réseaux orientés et pondérés, dont les liens sont caractérisés par une direction spécifique et ont un poids associé qui est le volume d'animaux. Dans le **Tableau 2** sont rapportés les nombres de nœuds (la taille du réseau), de liens et le volume d'animaux pour chaque réseau ; les colonnes marquées d'un astérisque sont privées de *loops* (liens connectant un nœud à lui-même), et constituent la base pour l'analyse de réseaux agrégés.

	Noeuds	Noeuds*	Liens	Liens*	Poids	Poids*
Bovins	53	53	144	136	829242	829156
Petits ruminants	61	61	188	181	1427319	1426776
Bovins et petits ruminants	62	62	231	221	2256561	2255932

**Tableau 2 : Composants des trois réseaux : nœuds, liens et poids.** Le poids correspond au volume d'animaux commercialisés au sein du réseau. Les colonnes marquées d'une astérisque sont caractérisées par des valeurs privées de *loops*.

## Mesures globales

Les mesures globales nous ont permis d'avoir un cadre général de chaque réseau, mais également de comparer les trois réseaux entre eux. Le **Tableau 3** contient les valeurs de la densité, du diamètre et la distance moyenne pour les trois réseaux, ainsi que les composantes fortement connexes.

Concernant la connectivité, les trois réseaux sont connectés et présentent des composantes fortement connexes : le réseau des bovins présente deux composantes fortement connexes, une de 8 nœuds et l'autre de 2, le réseau des petits ruminants en présente une de 23 nœuds et le réseau global en présente une de 26 nœuds (**Figure 3.5**).

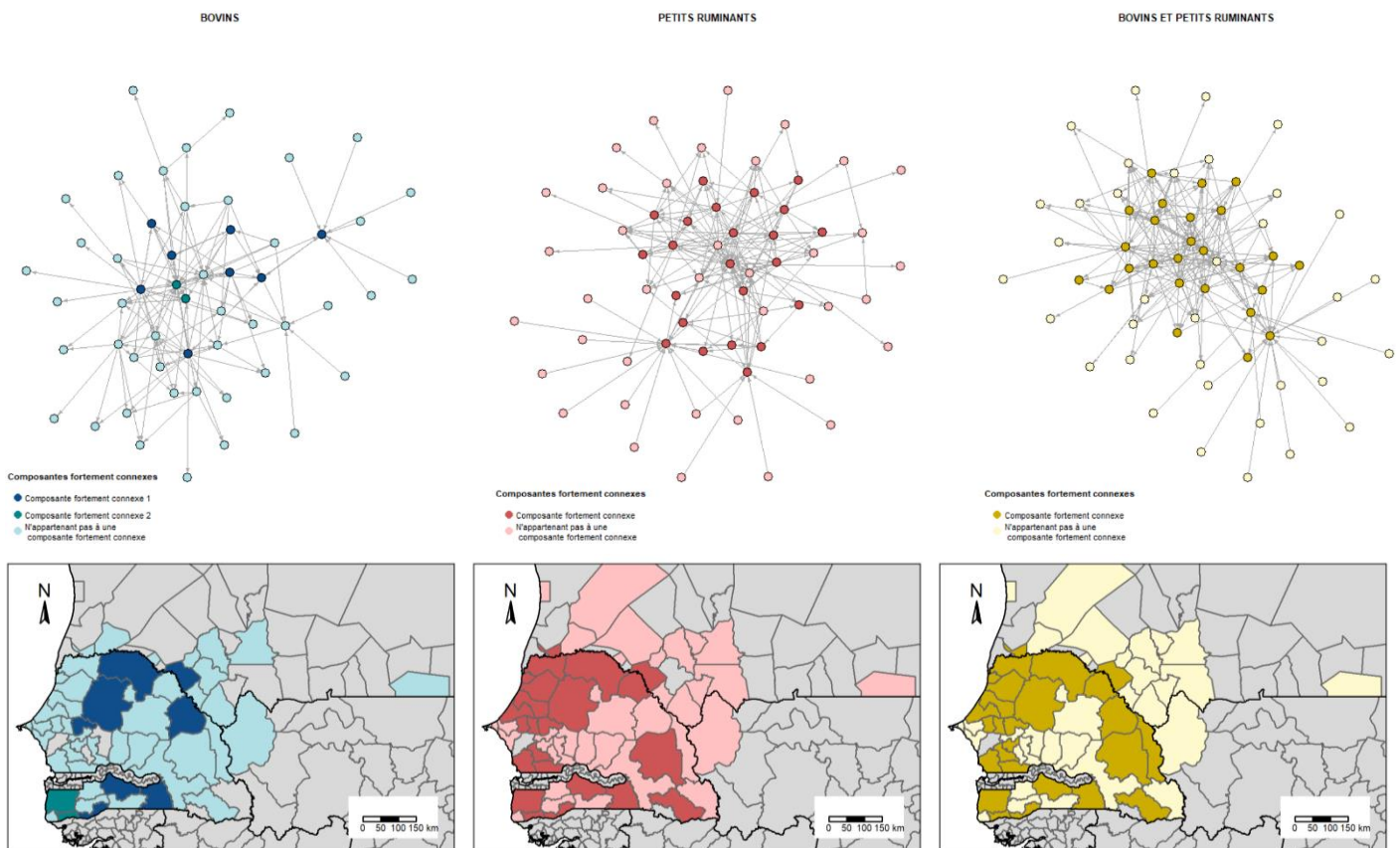
Au sein d'une composante fortement connexe, tous les nœuds sont liés entre eux, à travers des liens directs ou indirects ; d'un point de vue épidémiologique, l'infection d'un nœud de la composante peut comporter l'infection de tous les autres. La connaissance des composantes nous permet d'avoir une idée de la taille minimale et maximale d'une infection.

Concernant la densité, le réseau global est légèrement plus dense par rapport aux deux autres, du fait qu'il y ait seulement un nœud de différence entre le réseau des bovins et celui des petits ruminants, mais les liens de différence sont de 40. Pour le diamètre et la distance moyenne, le réseau des bovins est cohérent avec le réseau global, par contre le réseau des petits ruminants présente des valeurs plus élevées.

Dans un cadre épidémique, une densité plus élevée entraîne une quantité majeure de liens et donc une plus large diffusion de la maladie. Une distance moyenne plus élevée entraîne une diffusion plus lente.

	Densité	Réseau connecté ?	Composantes fortement connexes	Diamètre	Distance moyenne
Bovins	0.04934688	Oui	2	6	3.086741
Petits ruminants	0.04945355	Oui	1	12	4.913095
Bovins et petits ruminants	0.05843469	Oui	1	7	3.162035

**Tableau 3 : Mesures globales des trois réseaux.**



**Figure 3.5 : Composantes fortement connexes dans les trois réseaux**, caractérisées par une couleur plus foncée par rapport aux nœuds qui n'en font pas partie. Le réseau des bovins est à gauche, celui des petits ruminants au centre et celui globale à droite.

Dans le but d'identifier des nœuds potentiellement sentinelles pour des maladies à contact direct comme la PPR (affectant les petits ruminants) et la FMD (affectant les bovins et les petits ruminants), nous avons poursuivi les analyses en nous concentrant sur le réseau des petits ruminants et sur le réseau global, en les considérant comme non pondérés.

## Mesures de centralité

Nous avons analysé différentes mesures de centralité, pour finalement nous concentrer sur les *in-degree*, *out-degree*, *betweenness*, *in-closeness*, *out-closeness* (**Figure 3.6**). Une analyse de leurs distributions dans les deux réseaux a été réalisée.

Les distributions des *in-degree* et *out-degree* dans les deux réseaux sont caractérisées par un grand nombre de départements avec peu de liens entrants ou sortants et quelques rares nœuds avec des mesures élevées. En effet, ces distributions suivent la loi de puissance (confirmée par le p-value du fit : toutes les p-values étaient  $< 0.05$ ), ce qui peut avoir un effet très important dans un cadre de circulation d'une maladie, puisqu'elle se propage plus rapidement dans ce type de réseaux.

De même pour la *betweenness*, les deux réseaux ont une distribution similaire, avec beaucoup de nœuds caractérisés par une faible valeur, quelques nœuds caractérisés par une valeur moyenne et de rares nœuds caractérisés par une valeur élevée.

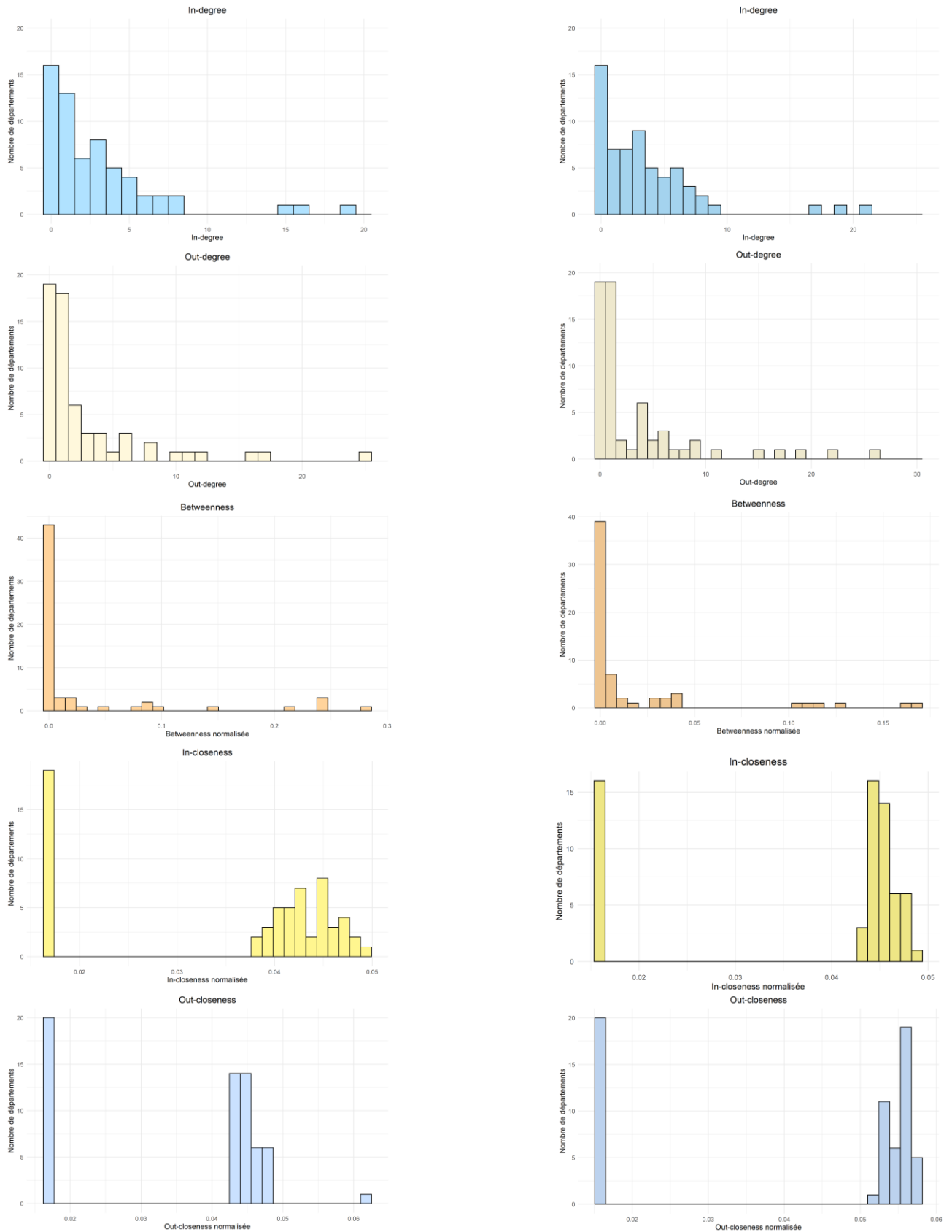
Pour les *in-closeness* et *out-closeness*, les résultats des deux réseaux montrent quelques différences. Concernant la première mesure, les nœuds se divisent fondamentalement en deux groupes dans les deux réseaux : le premier caractérisé par des nœuds ayant une valeur 0 d'*in-closeness*, le deuxième constitué de nœuds ayant des valeurs plus élevées. Dans le réseau global, les nœuds avec une valeur d'*in-closeness* plus élevée sont beaucoup plus nombreux par rapport au réseau des petits ruminants, à part quasi égales de nœuds (61/62).

Pour ce qui est de l'*out-closeness*, dans le réseau global il y a deux groupes, de la même manière que pour l'*in-closeness*, alors que dans le réseau des petits ruminants les groupes sont au nombre de trois : les nœuds avec une *out-closeness* de 0, ceux avec des valeurs plus élevées et un seul nœud avec une *out-closeness* très élevée.

Dans le but d'identifier les nœuds possiblement sentinelles ainsi que les possibles *spreaders* d'une maladie, nous avons créé des graphiques montrant la distribution des nœuds, d'une part selon l'*in-closeness* et la *betweenness* (**A** et **B**), d'autre part selon l'*out-closeness* et la *betweenness* (**C** et **D**) (**Figure 3.7**). La taille de chaque nœud dépend respectivement de son *in-degree* ou de son *out-degree*. La normalisation de la *betweenness* et de la *closeness* nous permet la division du graphique en quatre portions, marquées par des couleurs différentes. Selon leurs *closeness* et *betweenness*, les nœuds sont placés dans une des portions du graphique. Ils sont également classés dans une catégorie en fonction de leur rôle dans la diffusion des maladies, notamment pour les :

- Graphiques **A** et **B**
  - Couleur bleue, en haut à gauche : nœuds *early warners*, nœuds caractérisés par une *in-closeness* élevée ; ils sont donc touchés précocement lors d'une épidémie et leur prise en considération est importante dans un cadre de surveillance.
  - Couleur violette, en haut à droite : nœuds sentinelles, caractérisés par un *betweenness* et une *in-closeness* élevées, ce sont donc des nœuds avec une haute probabilité d'être touchés précocement par la maladie. Ceux-ci sont les nœuds à cibler dans un cadre de surveillance.
  - Couleur orange, en bas à droite : nœuds vulnérables, ayant une *betweenness* élevée. Ils seront donc touchés par la maladie, mais tardivement. Entre les trois, ceux-ci sont les moins importants en terme de surveillance.
- Graphiques **C** et **D**
  - Couleur rouge, en haut à gauche : nœuds *boosters*, ayant une *out-closeness* élevée et qui ont un potentiel de diffusion de la maladie très rapide, lorsqu'ils sont touchés. Ce sont des nœuds à prendre en considération dans le cadre d'un protocole de contrôle.
  - Couleur orange, en haut à droite : nœuds *spreaders*, caractérisés par une *betweenness* et une *out-closeness* élevées, ce sont des nœuds qui vont être touchés par la maladie à cause de leur centralité dans le réseau et ont également la possibilité de la propager très rapidement. Ce sont les nœuds à cibler afin d'avoir un contrôle efficace.
  - Couleur jaune, en bas à droite : nœuds *bridges*, ils vont être touchés par la maladie puisqu'ils ont une *betweenness* élevée, mais ne la propagent pas rapidement.

En outre, les nœuds sentinelles et les *early warners* ayant un *in-degree* élevé ont une probabilité encore plus élevée d'être infectés. Au contraire les nœuds *spreaders* et *boosters* caractérisés par un *out-degree* élevé ont encore une probabilité plus élevée de propager rapidement la maladie.

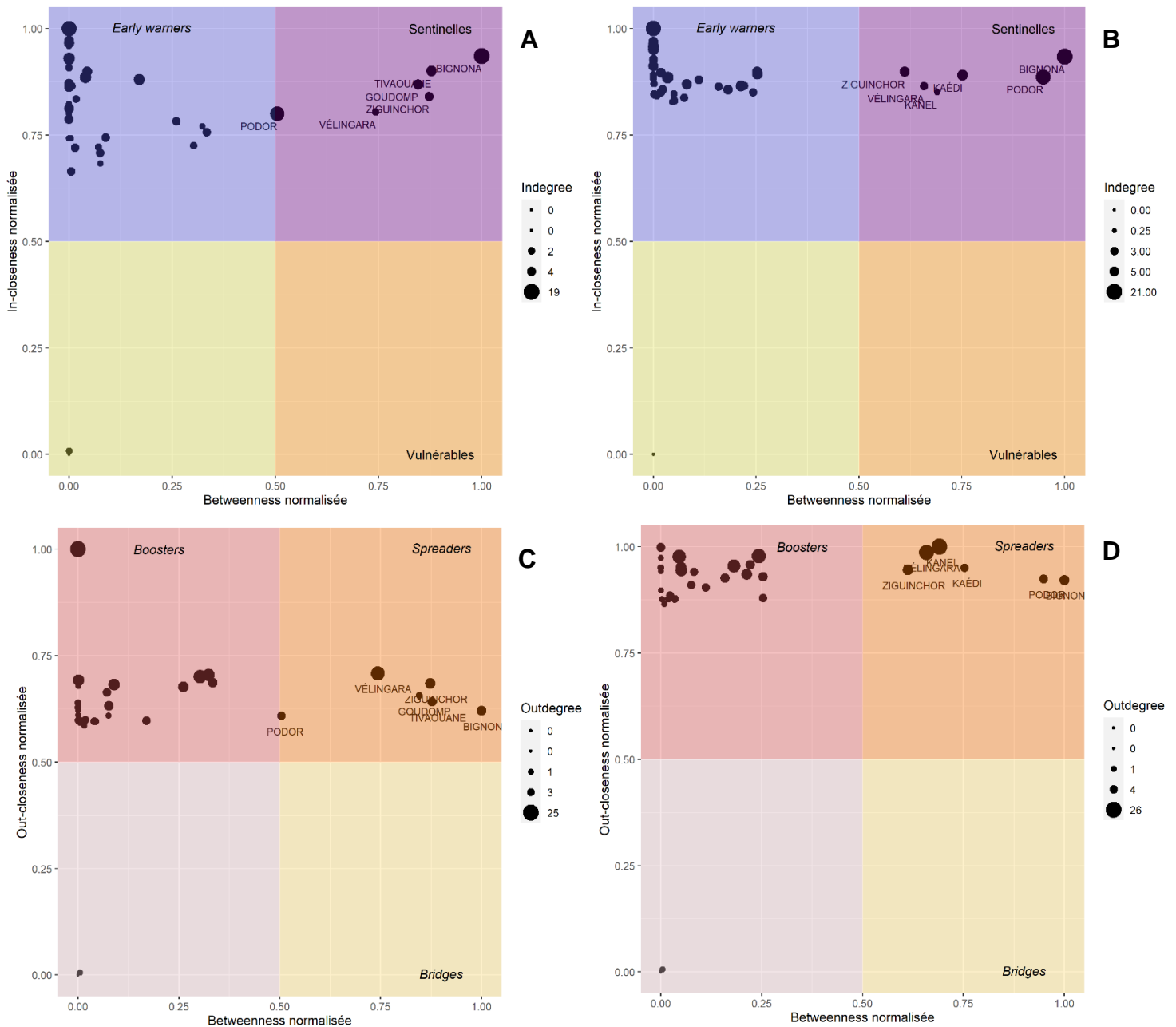


**Figure 3.6 : Distribution des mesures de centralité** dans le réseau des petits ruminants (gauche) et dans le réseau global (droite). Les mesures, de haut en bas sont l'*in-degree*, l'*out-degree*, la *betweenness* normalisée, l'*in-closeness* normalisée, l'*out-closeness* normalisée. En outre, l'*in-closeness* et l'*out-closeness* sont calculées sur les réseaux non pondérés.

Concernant le réseau global (graphiques **B** et **D**), les nœuds sentinelles et les nœuds *spreaders* trouvés sont les mêmes : Bignona, Kanel, Kaédi, Podor, Vélingara, Ziguinchor, mais il y a des différences par rapport au *degree* ; en effet, Podor et Bignona sont caractérisés par un *in-degree* très élevé, alors que Vélingara et Kanel ont un *out-degree* plus important. Parallèlement, il y a beaucoup de nœuds classifiés comme *early warners* et *boosters*.

Le réseau des petits ruminants (graphiques **A** et **C**) montre des résultats similaires, ayant lui aussi les mêmes nœuds sentinelles et *spreaders* : Bignona, Goudomp, Podor, Tivaouane, Vélingara, Ziguinchor. Cependant, Bignona et Podor ont un *in-degree* plus important, alors que Vélingara est le nœud avec un grand *out-degree*. Comme le réseau global, celui-ci présente également plusieurs nœuds *early warners* et *boosters*.

En conclusion, cette analyse sur les réseaux agrégés identifie une grande quantité de nœuds comme nœuds à cibler, autant dans la surveillance (*early warners* et sentinelles) que dans le contrôle (*boosters* et *spreaders*) des maladies. Cependant, l'analyse ne tient pas compte de la temporalité, facteur affectant fortement la structure du réseau ; la présence de certains liens et l'absence de certains autres à un moment donné influence, entre autres, la *betweenness* et la *closeness*, qui sont donc différentes des mesures calculées dans un réseau agrégé.

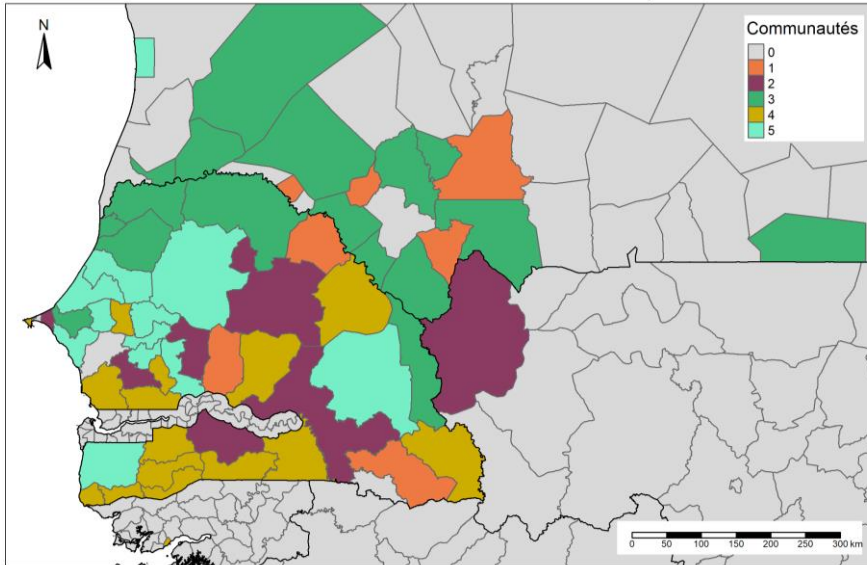


**Figure 3.7: Distribution des nœuds selon la closeness (in-closeness A et B, out-closeness C et D) et la betweenness dans le réseau des petits ruminants (gauche) et dans le réseau global (droite).** La taille des points varie selon l'*in-degree* (première ligne) ou l'*out-degree* (deuxième ligne), la division en catégorie de taille est selon les quartiles. Le fond des graphiques est coloré pour mettre en évidence les différentes catégories de nœuds. Les plus intéressantes sont donc les sentinelles et les *spreaders*.

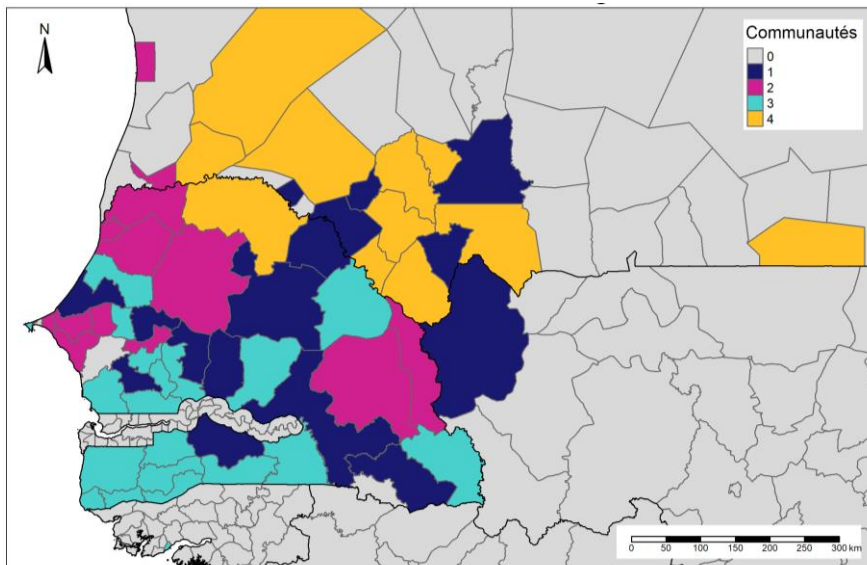
## Communautés

Nous avons également étudié la division en communauté dans les deux réseaux agrégés. Une communauté est un sous-groupe de nœuds ayant beaucoup de liens à l'intérieur et peu de liens les connectant aux autres communautés. C'est un concept très intéressant d'un point de vue épidémiologique mais aussi dans l'étude de la diffusion de maladies. En effet, si une maladie touche un nœud de la communauté, tous les éléments sont infectés dans un temps restreint. En outre, l'analyse des communautés nous permet de visualiser d'éventuelles connexions géographiques et patterns spatiaux au sein du réseau.

La division a été réalisée à l'aide du *fast greedy algorithm*, dont les concepts de bases ont été abordés dans la partie Matériels et Méthodes.



**Figure 3.8** : Division en communautés du réseau des petits ruminants (en haut, 5 communautés) et du réseau global (en bas, 4 communautés).



Les deux réseaux ne montrent pas la même division en communautés (**Figure 3.8**), qui sont au nombre de 5 pour les petits ruminants contre 4 pour le réseau global, probablement à cause de la présence de liens commerciaux avec des bovins dans le réseau global. Cependant, dans les deux cas il y a au moins deux communautés internationales constituées par des nœuds (des départements) à la fois du Sénégal et de la Mauritanie : cela pourrait générer des risques sanitaires surtout par rapport aux maladies transfrontalières. Si, par exemple, une maladie se propageait de la Mauritanie, plusieurs départements du Sénégal seraient touchés et, à cause des mouvements commerciaux et de transhumance, elle pourrait ensuite se diffuser à travers tout le pays. De plus, selon nos résultats, la majorité des départements de la Mauritanie sont fortement exportateurs, ce qui pourrait aggraver le risque sanitaire d'introduction d'un pathogène.

En outre, nous avons constaté, pour le réseau global, une corrélation entre les clusters (**Figure 3.4**) et les communautés (**Figure 3.8**) ; en effet, certains départements appartenant à un même cluster font également partie d'une même communauté.

## Robustesse

Dans le contexte des stratégies de contrôle d'une maladie, un outil important de l'analyse de réseaux est l'analyse de la robustesse. La robustesse est définie comme la capacité d'un système, et donc aussi d'un réseau à maintenir sa fonctionnalité de base lorsqu'un nœud et ses liens sont supprimés. Ces concepts de base peuvent alors être appliqués dans un contexte de contrôle sanitaire, pour simuler l'effet de pratiques de contrôle de maladies comme la vaccination et la quarantaine. De plus, pour analyser la robustesse, les nœuds sont supprimés de manière ciblée, afin de maximiser l'efficacité. Cependant, bien qu'il s'agisse d'une mesure solide, il est souvent nécessaire de considérer d'autres facteurs dans la mise en place de mesures de contrôle, comme par exemple des facteurs économiques.

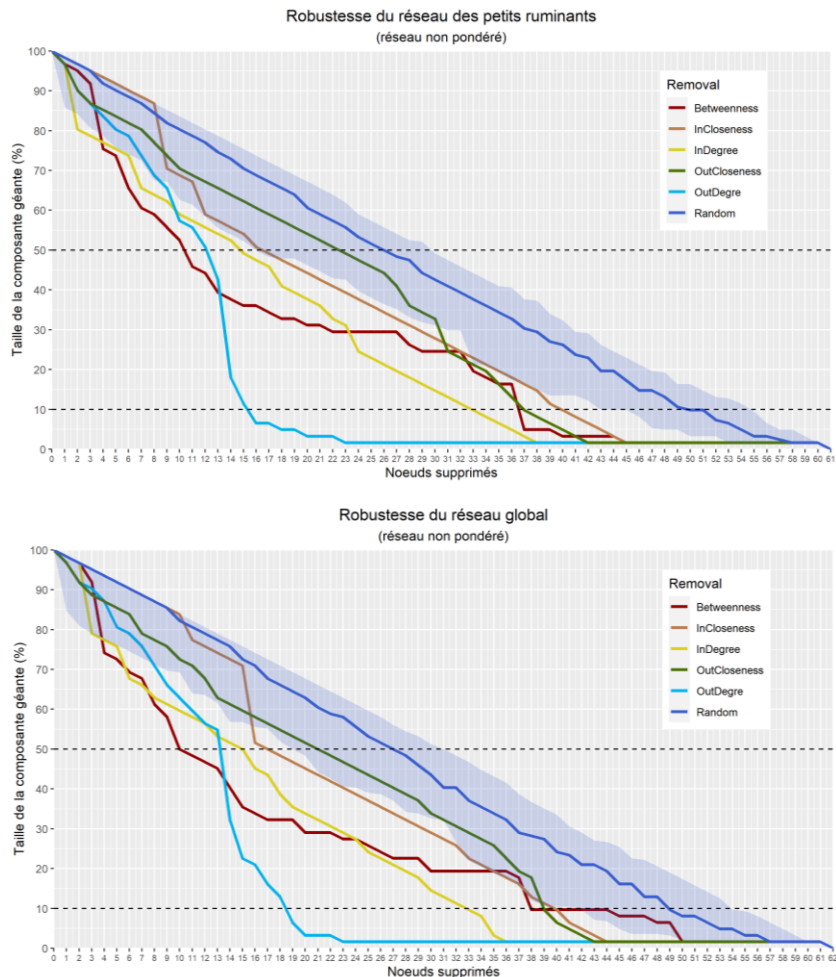
Puisqu'un pathogène peut se propager à travers le réseau de la mobilité animale, en ciblant les nœuds qui fragilisent le plus le réseau, par exemple avec des campagnes de vaccination ou l'isolement des animaux sortants, la diffusion de la maladie pourrait être arrêtée.

Afin d'analyser la robustesse de nos deux réseaux, nous avons utilisé plusieurs mesures de centralité pour cibler les nœuds à supprimer et trouver la mesure qui provoque la diminution de la taille de la composante géante du réseau sous un seuil de 10%. Ainsi, les différents types de suppression ciblée ont été comparés avec le cas de la suppression aléatoire. Les mesures utilisées sont : l'*in-degree*, l'*out-degree*, la *betweenness*, l'*in-closeness* et l'*out-closeness*. Dans les deux réseaux, l'*out-degree* s'est révélé être la mesure de centralité la plus efficace, avec une diminution jusqu'à 10% de la composante géante à 15/16 nœuds pour le réseau des petits ruminants et à 18/19 pour le réseau global (**Figure 3.9**). Le **Tableau 4** montre les nœuds dont l'élimination impacte le plus la structure des réseaux selon l'*out degree*: les premiers six nœuds sont les mêmes à la fois pour le réseau des petits ruminants et pour le global, et la majorité des nœuds suivants sont partagés entre les deux réseaux.

**Figure 3.9** (à droite) : Analyse de la robustesse du réseau des petits ruminants (en haut) et du réseau global (en bas). La ligne bleue représente l'analyse de la robustesse à travers la suppression aléatoire des nœuds. Les deux lignes pointillées représentent 50% de la taille de la composante géante (en haut) et 10% de la taille de la composante géante (en bas).

**Tableau 4** (en bas) : Départements à cibler selon l'*out-degree* dans le réseau des petits ruminants (à gauche) et dans le réseau global (à droite).

Réseau des petits ruminants		Réseau global	
Départements		Départements	
1	KANEL	1	KANEL
2	VÉLINGARA	2	VÉLINGARA
3	LINGUÈRE	3	LINGUÈRE
4	MÉDINA YORO FOULA	4	MÉDINA YORO FOULA
5	DIORBEL	5	DIORBEL
6	BAKEL	6	BAKEL
7	GOUDIRY	7	BAMBEY
8	ZIGUINCHOR	8	GOUDIRY
9	BAMBEY	9	ZIGUINCHOR
10	BIGNONA	10	BIGNONA
11	LOUGA	11	LOUGA
12	TIVAOUANE	12	MBACKÉ
13	KÉBÉMER	13	TIVAOUANE
14	MATAM	14	PODOR
15	PODOR	15	RANÉROU FERLO
		16	FOUNDIOUGNE
		17	GOUDOMP
		18	KAÉDI



## Comparaison des mesures de centralité agrégées et temporelles

L'analyse de réseaux agrégés est très utile dans la description globale du réseau et permet également d'avoir une vue générale de ses propriétés. Cependant elle ne prend pas en compte la temporalité et ne peut fournir des résultats réalistes dans un cadre d'étude de diffusion d'une maladie (Kim and Anderson 2012; Koher et al. 2016; Williams and Musolesi 2016; Apolloni et al. 2018).

Afin de démontrer l'importance de la temporalité et la nécessité de la prendre en considération dans les études comme celle-ci, nous avons comparé les résultats de *degree*, *betweenness* et *closeness* calculés à partir d'un réseau agrégé, d'une série temporelle en faisant la moyenne de ces valeurs et d'un réseau ordonné temporellement, comme décrit par Kim et Anderson dans l'article de 2012 (Kim and Anderson 2012).

Les tableaux ci-dessous (**Tableau 5**) montrent les résultats de quatre départements pris comme exemple : les valeurs des trois mesures de centralité sont très différentes dans les catégories agrégée, moyenne et temporelle, sans pour autant montrer une tendance constante. Seul le *degree* agrégé semble être systématiquement plus grand par rapport aux autres, ce qui n'est pas surprenant en considérant le fait que les liens préexistants dans les réseaux agrégés, sont soumis à la temporalité.

Réseau des petits ruminants					Réseau global				
Départements	Type de mesure de centralité	<i>Degree</i>	<i>Betweenness</i>	<i>Closeness</i>	Départements	Type de mesure de centralité	<i>Degree</i>	<i>Betweenness</i>	<i>Closeness</i>
Bignona	Temporelle	<b>0,014</b>	<b>0,024</b>	<b>0,122</b>	Bignona	Temporelle	<b>0,015</b>	<b>0,054</b>	<b>0,158</b>
	Agrégée	0,417	0,281	0,044		Agrégée	0,459	0,168	0,055
	Moyenne	0,152	0,005	0,030		Moyenne	0,162	0,005	0,030
Matam	Temporelle	<b>0,014</b>	<b>0,004</b>	<b>0,107</b>	Matam	Temporelle	<b>0,015</b>	<b>0,007</b>	<b>0,117</b>
	Agrégée	0,183	0,048	0,043		Agrégée	0,180	0,043	0,053
	Moyenne	0,114	0,002	0,033		Moyenne	0,098	0,002	0,027
Podor	Temporelle	<b>0,008</b>	<b>0,009</b>	<b>0,151</b>	Podor	Temporelle	<b>0,009</b>	<b>0,021</b>	<b>0,180</b>
	Agrégée	0,317	0,142	0,044		Agrégée	0,361	0,159	0,055
	Moyenne	0,193	0,001	0,036		Moyenne	0,194	0,010	0,032
Saint-Louis	Temporelle	<b>0,002</b>	<b>0,000</b>	<b>0,013</b>	Saint-Louis	Temporelle	<b>0,001</b>	<b>0,000</b>	<b>0,019</b>
	Agrégée	0,067	0,021	0,044		Agrégée	0,082	0,003	0,053
	Moyenne	0,011	0,000	0,011		Moyenne	0,014	0,000	0,010

**Tableau 5** : Comparaison des mesures de centralité calculé à partir d'un réseau agrégé, d'une série d'images temporelles et d'un réseau ordonné temporellement.

## Analyse de réseaux temporels : cas de propagation d'une maladie provenant de la Mauritanie

Afin d'étudier la façon dont la structure des deux réseaux en analyse peut influencer la diffusion d'une maladie au Sénégal, nous avons modélisé la propagation d'une maladie ayant pour origine les départements de la Mauritanie.

Le modèle de transmission est un modèle SI (Susceptible-Infecté) : un nœud/département malade peut en infecter un autre avec une probabilité de 1 et il reste infecté pendant toute la durée de la période, pouvant donc propager la maladie durant toute cette période.

Le modèle créé prévoit l'analyse des réseaux à travers la fonction *tPath* (*temporal path*, package *tsna*) (Bender-deMoll et al. 2021), qui permet d'analyser pour chaque source et pour chaque semaine d'action (présence dans le réseau de liens provenant de la source) les chemins possibles et donc les nœuds potentiellement touchés. Le **Tableau 6** constitue un extrait de la base de données obtenue ; le modèle a été testé d'abord sur les deux réseaux agrégés et ensuite sur les mêmes réseaux avec l'ajout de la temporalité.

**Tableau 6** : Exemple de la base de données obtenue avec la fonction *tPath*.

	Source.id	Source	Week	Which_node	When	How_many_links
1	1	ALEG	1	4	48	4
2	1	ALEG	1	6	36	3
3	1	ALEG	1	8	33	2
4	1	ALEG	1	10	43	4

- *Source.id* : identifiant de la source,
- *Source* : nom de la source,
- *Week* : semaine de déclenchement de la maladie,
- *Which\_node* : identifiant du département touché,
- *When* : temps d'infection, c'est-à-dire les semaines nécessaires pour la transmission de la maladie (différence entre la semaine dans laquelle le département est infecté et celle de déclenchement de la maladie),
- *How\_many\_links* : liens formant le chemin connectant la source au département considéré.



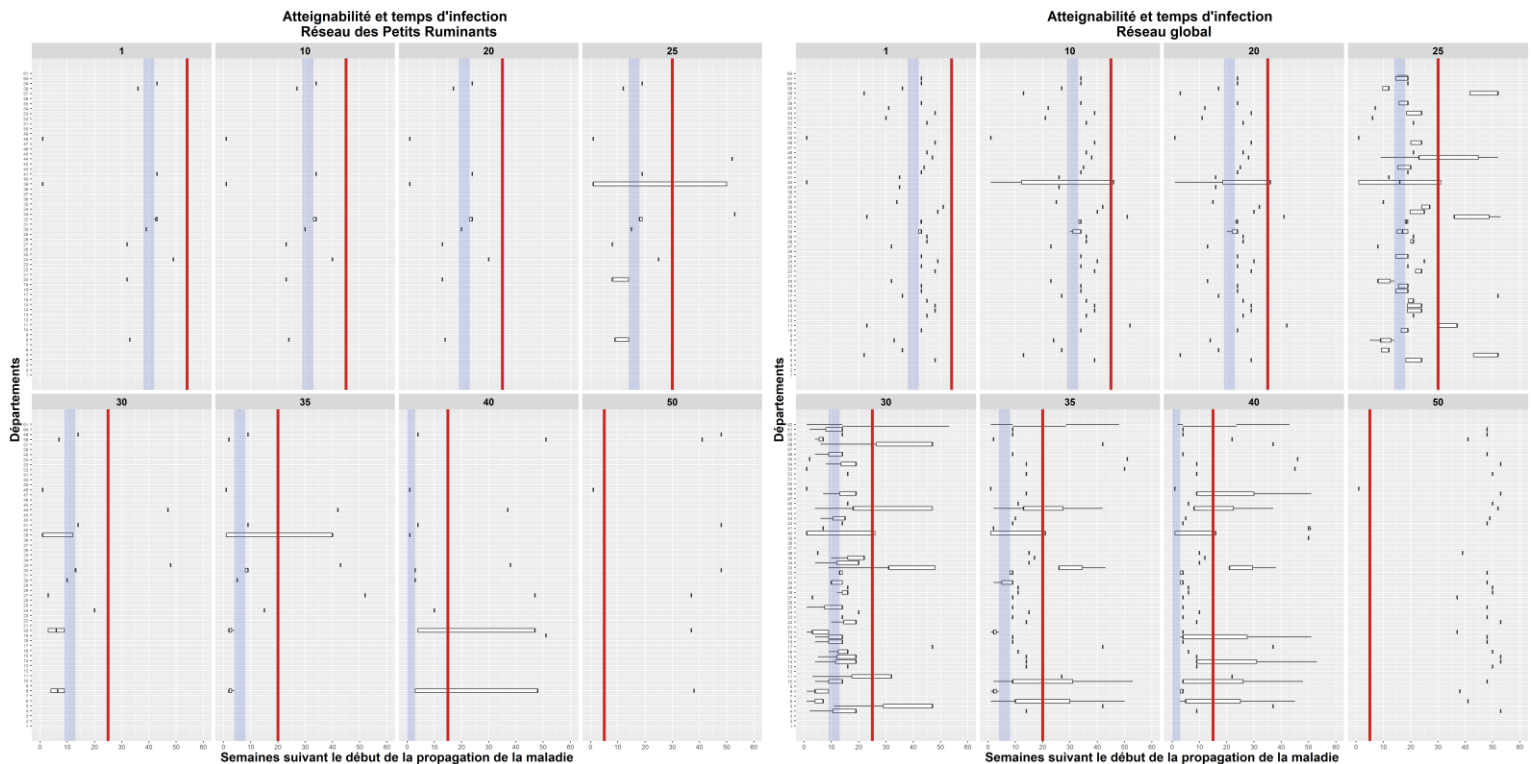
## Atteignabilité et vulnérabilité

L'atteignabilité est une mesure essentielle dans l'identification des nœuds sentinelles, puisqu'elle permet d'identifier à la fois les nœuds touchés par la maladie mais également les nœuds liés aux nœuds touchés. La vulnérabilité a été calculée à partir de l'atteignabilité et indique le nombre de fois pour lesquelles un nœud est touché par la maladie divisé par le nombre de sources actives dans la fenêtre temporelle considérée.

Les deux mesures ont été calculées à la fois pour les réseaux agrégés et temporels, montrant ainsi de grandes différences, aussi bien pour l'atteignabilité que pour la vulnérabilité.

La **Figure 3.10** représente l'atteignabilité et le temps d'infection pour chaque nœud touché par la maladie pour une durée de huit semaines pendant laquelle la maladie peut possiblement se déclencher : chaque semaine de déclenchement est représentée par un diagramme en boîte et les nœuds touchés sont représentés par une ligne verticale (s'ils sont touchés par une ou deux sources) ou par une boîte (s'ils sont touchés par plus de deux sources). Les semaines choisies sont celles précédant la période de Tabaski ainsi que la semaine de la Tabaski (semaine 40).

Le réseau temporel global est caractérisé par une grande quantité de nœuds/départements qui peuvent potentiellement être infectés, contrairement au réseau des petits ruminants, dans lequel il n'y a que 15 nœuds sur 42 qui sont touchés. Les temps d'infection changent selon la semaine de déclenchement de la maladie.



**Figure 3.10 :** Diagramme en boîte représentant l'atteignabilité et le temps d'infection par réseau (petits ruminants à gauche et global à droite) et par semaines de possible déclenchement de la maladie (1, 10, 20, 25, 30, 35, 40, 50). Chaque nœud touché par la maladie est représenté par une ligne verticale (touché par moins de deux sources) ou par une boîte (touché par plus de deux sources). L'axe des abscisses représente le nombre de semaines pendant lesquelles le nœud est touché ; la semaine 0 étant la semaine de déclenchement de la maladie, alors que celui des ordonnées représentent les nœuds du réseau. La bande verticale bleue couvre une période de deux semaines avant et une semaine après la Tabaski. La ligne rouge marque la fin de l'année.

## Comparaison de l'atteignabilité dans les réseaux agrégés et temporels

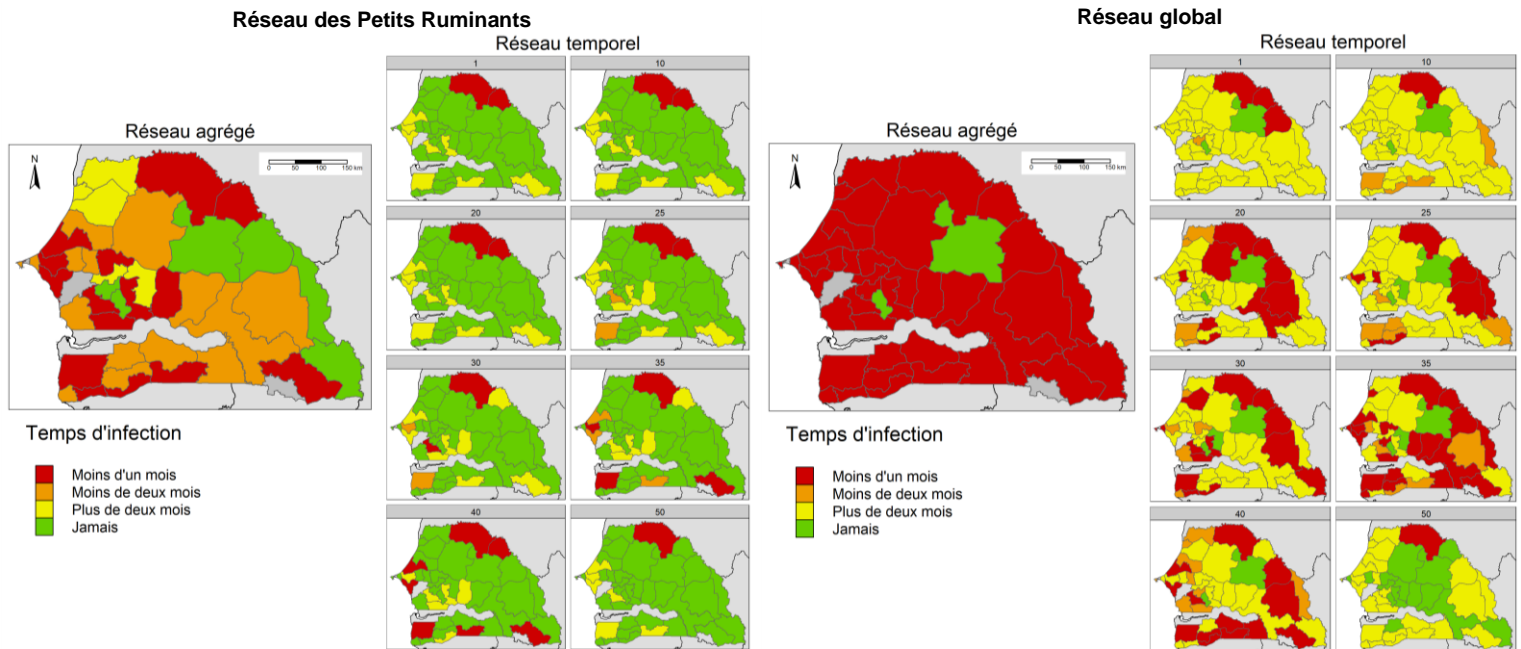
Afin de comparer de manière efficace et compréhensible les deux réseaux (agrégé et temporel), une représentation à travers des cartes géographiques du Sénégal a été réalisée (**Figure 3.11**).

Les départements sont colorés selon le temps d'infection : rouge s'ils sont infectés après moins d'un mois du début de la maladie (moins de 5 semaines), orange s'ils sont touchés après moins de deux mois (entre 5 et 9 semaines), jaune s'ils sont touchés après plus de deux mois (plus de 9 semaines) et vert s'ils ne sont jamais touchés. Pour les réseaux agrégés, nous avons considéré les liens du chemin entre la source et le nœud comme des semaines : rouge pour les chemins de moins de 5 liens, orange pour les chemins entre 5 et 9 liens, jaune pour les chemins de plus de 9 liens et vert pour les nœuds jamais touchés.

Selon nos données, le réseau temporel global serait nettement plus à risque que celui des petits ruminants lors du déclenchement d'une maladie : la quasi-totalité des départements sont touchés et le nombre des départements rouge augmente considérablement avant la Tabaski.

En général, dans les deux cas, les cartes représentant les réseaux agrégés surestiment fortement à la fois la quantité de nœuds potentiellement infectés et la précocité de transmission de la maladie, par rapport à celles des réseaux temporels.

Comme indiqué dans la **Figure 3.7**, les réseaux agrégés surestiment les nœuds potentielles à cibler, et ne réussissent donc pas à fournir des informations utiles pour les systèmes de surveillance. En revanche, les réseaux temporels montrent que la temporalité influence la diffusion de la maladie et ainsi la structure des réseaux. Puisque l'existence des liens est influencée par la temporalité, l'infection peut se propager d'un nœud à l'autre seulement s'il existe un chemin orienté temporellement.



**Figure 3.11 : Cartes géographiques de comparaison de l'atteignabilité et du temps d'infection** (réseau des petits ruminants à gauche et réseau global à droite ; pour chaque réseau de mobilité, réseau agrégé à gauche et réseau temporel à droite). Les couleurs indiquent le temps d'infection de la maladie : rouge pour moins d'un mois, orange pour moins de deux mois, jaune pour plus de deux mois. Pour les réseaux agrégés, la couleur est basée sur les liens du chemin : jusqu'à 5 rouge, entre 5 et 9 orange, plus de 9 jaune. Les nœuds jamais touchés sont colorés en vert.

## Méthode CART

Après avoir défini la précocité d'infection pour chaque département, il est intéressant d'analyser la vulnérabilité. C'est la probabilité d'un nœud d'être infecté indépendamment de la source. Pour ce faire, une méthode CART a été utilisée, afin de définir les caractéristiques des nœuds affectant leur vulnérabilité ; les variables considérées ont été les suivantes : la semaine d'émergence de la maladie, le *degree* temporel, la *betweenness* temporelle, la *closeness* temporelle et les communautés. Le CART a été utilisé pour les deux réseaux temporels, la **Figure 3.12** montre les arbres de régression obtenus. Chaque nœud de l'arbre, coloré en vert dans la **Figure 3.12** est caractérisé par une valeur moyenne de vulnérabilité au sein du groupe : plus la valeur est grande, plus le risque d'infection est élevé pour les nœuds (départements) du groupe. Nous avons considéré les nœuds à risque élevé d'infection comme les nœuds appartenant aux groupes caractérisés par une vulnérabilité moyenne supérieure à 0.8.

Concernant le réseau des petits ruminants, la *betweenness* est la variable de la première division et quand elle est supérieure à 0.018, elle permet à elle seule la formation du groupe caractérisé par la vulnérabilité la plus élevée. En général, il n'y a pas beaucoup de valeurs intermédiaires : sauf un 0.48, les autres sont ou très élevées ou très basses. En outre, ni la temporalité ni les communautés semblent influencer particulièrement la vulnérabilité.

Les nœuds du réseau des petits ruminants considérés à risque élevé sont les suivants :

- Bignona et Tivaouane (appartenant au groupe avec une vulnérabilité moyenne de 0.96)
- Kolda et Mbour (appartenant au groupe avec une vulnérabilité moyenne de 0.92)
- Guédiawaye et Podor (appartenant au groupe avec une vulnérabilité moyenne de 0.88).

Dans la distribution des nœuds selon l'*in-closeness* et la *betweenness* (réseau agrégé, **Figure 3.7**) Bignona et Tivaouane sont rapportés comme des nœuds sentinelles, tel que Podor, alors que Kolda, Mbour et Guédiawaye non.

En outre, Bignona, Tivaouane et Podor se trouvent également parmi les nœuds ayant un *out-degree* élevé (candidats pour une stratégie de contrôle de maladie). Cependant ils sont dans les dernières positions

(**Tableau 4**) et, d'après la **Figure 3.9**, ne contribuent pas énormément à la diminution de la composante géante. Au contraire, ce sont des nœuds très centraux, ce qui augmente leur vulnérabilité.

Concernant le réseau global, la mesure du premier split est la *closeness*, qui avec la *betweenness* et le *degré* amènent à la formation d'un groupe caractérisé par une valeur de la vulnérabilité la plus élevée. A la différence du réseau des petits ruminants, la temporalité joue un rôle important et est la mesure utilisée pour la deuxième division. De plus, il y a beaucoup de valeurs intermédiaires de vulnérabilité ce qui constitue une autre différence avec le réseau des petits ruminants, et la valeur la plus élevée est plus faible par rapport à celle du réseau des petits ruminants.

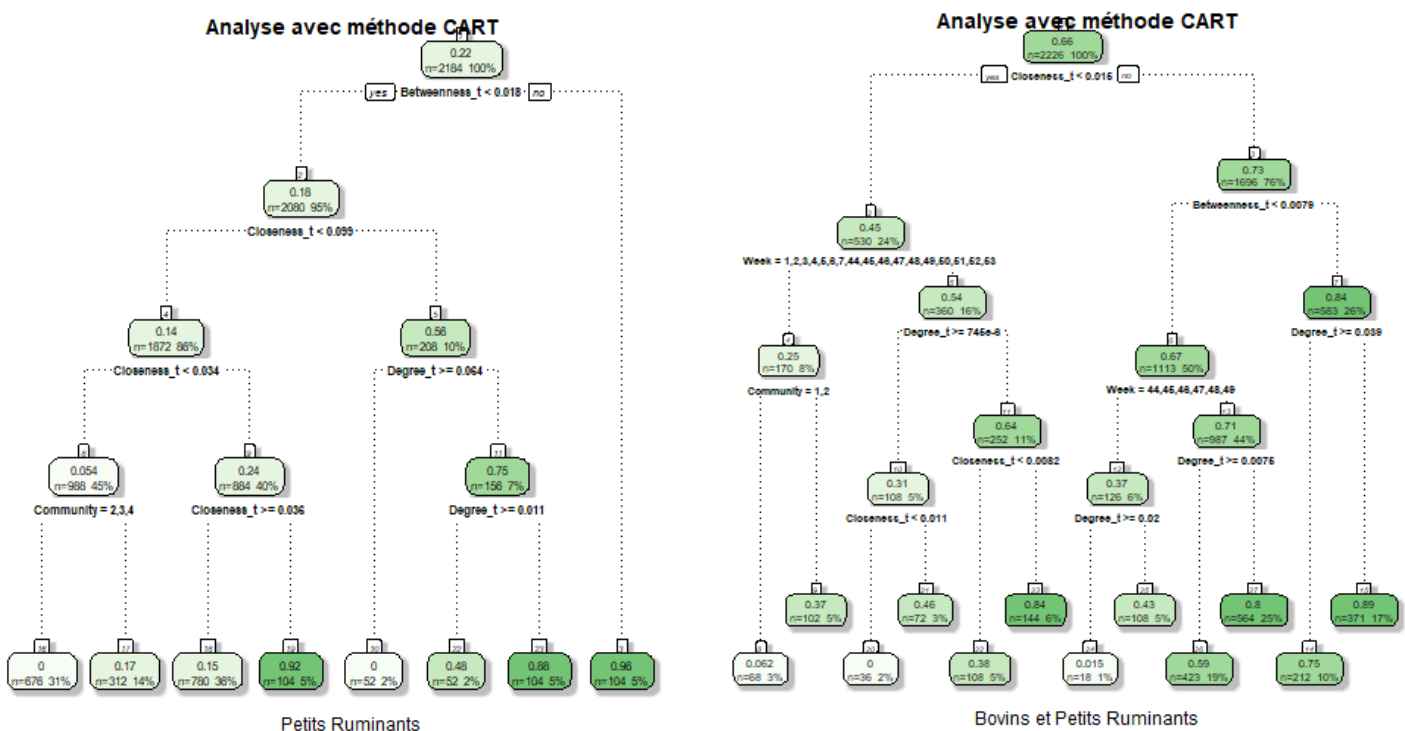
Les nœuds du réseau global considérés à risque élevé sont :

- Bignona, Goudomp, Kédougou, Louga, Podor, Tivaouane, Ziguinchor (appartenant au groupe avec une vulnérabilité moyenne de 0.89)
- Bounkling, Kaffrine, Kounghoul, Sédhiou entre la semaine 8 et la 43 (appartenant au groupe avec une vulnérabilité moyenne de 0.84)
- Dagana, Dakar, Foudiougne, Guédiawaye, Kolda, Koupentoum, Mbour, Nioro du Rip, Oussouye, Rufisque, Saint-Louis, Thiès sauf semaines entre 44 et 49 (appartenant au groupe avec une vulnérabilité moyenne de 0.80)

En comparant ces résultats avec la **Figure 3.7** de l'analyse statique, nous pouvons remarquer que les départements de Bignona, Podor et Ziguinchor sont des nœuds sentinelles.

De plus, les nœuds ayant à la fois un *out-degree* élevé et une vulnérabilité élevée sont Bignona, Louga, Podor, Tivaouane, Ziguinchor, mais, comme pour le réseau des petits ruminants, ils ne figurent pas parmi les nœuds ayant l'*out-degree* le plus élevé (**Tableau 4**).

Les nœuds de la région dakaraise comme Dakar, Rufisque, Thiès et Guédiawaye ne se trouvent pas dans le groupe de nœuds à cibler selon l'analyse de la robustesse (stratégie de contrôle), puisque ce sont des départements caractérisés par la présence de marchés finaux de consommation, donc ils ont plus de liens entrants que sortants. D'autre part, pour cette même raison ils sont souvent la destination finale des commerces, ce qui les rend plus vulnérables que d'autres départements.



**Figure 3.12 :** Arbres des régressions réalisés avec méthode CART afin de caractériser la vulnérabilité des nœuds (réseau des petits ruminants à gauche, réseau global à droite). Nous nous sommes arrêtés au 5<sup>ème</sup> niveau afin de rendre l'arbre plus compréhensible et réduire le surapprentissage. Chaque groupe est caractérisé par la valeur moyenne de la vulnérabilité au sein du groupe et sa couleur est plus ou moins foncée selon que la valeur soit plus ou moins élevée.

Comparée à l'analyse de réseaux agrégés, celle des réseaux temporels nous a permis d'identifier un nombre raisonnable de départements à cibler dans le cadre d'une stratégie de surveillance. La sélection selon la vulnérabilité a permis la prise en compte simultanée de toutes les variables considérées, et donne un résultat plus solide par rapport à celui de l'analyse de réseaux agrégés. De plus, pour le réseau global, il existe également une division selon la période de l'année qui permet d'améliorer encore plus le système de surveillance.

## Limites de l'étude

Ceci est une étude préliminaire visant à l'identification de nœuds potentiellement touchés par une maladie se diffusant à travers le réseau de la mobilité animale, afin de comprendre l'influence de la structure du réseau sur cette diffusion.

Une première limite de l'étude est l'absence du poids, c'est-à-dire le volume d'animaux, dans l'analyse de réseaux. Au sein d'un réseau pondéré, les liens sont caractérisés par un poids et la structure du réseau n'est pas homogène, ce qui, dans un contexte de diffusion d'une maladie, comporte une probabilité plus élevée de transmission de la maladie pour les liens caractérisés par un plus grand nombre d'animaux.

Une autre limite est l'absence d'une caractérisation précise de la maladie modélisée, qui aurait permis une modélisation plus représentative de la réalité et une identification plus ciblée des nœuds sentinelles. D'autre part, dans ce cas le modèle de transmission aurait dû être plus complexe que celui utilisé dans l'étude, comme par exemple un modèle SIR qui prend en compte la quantité d'animaux déplacés (Kim et al. 2018) ou, encore plus complexe, un modèle de métapopulation, qui permet également l'étude de la structure spatiales des interactions (Colizza and Vespignani 2008).

Enfin, la base de données utilisée dans l'étude apporte de nombreuses informations essentielles permettant de caractériser les mouvements, mais manque néanmoins de précision sur certaines données. Par exemple, dans le cas d'un mouvement transfrontalier, il est fréquent que seule la première étape du voyage soit précisée, entraînant ainsi des biais dans les analyses. En outre, il serait utile de connaître le type de marché vers lequel les éleveurs se dirigent. En effet, il existe des marchés journaliers et des marchés hebdomadaires : prendre en compte cette différence permettrait une meilleure compréhension de la structure du réseau et l'impact sur la diffusion.

## Partie 4 : Conclusion

En Afrique de l'Ouest, la mobilité du bétail est un mécanisme important de transmission des maladies infectieuses, aussi bien au sein d'un pays que d'un pays à l'autre (maladies transfrontalières). A ce jour, les maladies transfrontalières telles que la Fièvre aphteuse et la Peste des petits ruminants sont des maladies répandues au Sénégal et ciblées en vue de leur éradication. L'analyse de réseaux permet d'étudier la structure du réseau, reconnue comme étant un élément influençant profondément la propagation des maladies et leur comportement, en terme de temps de transmission et d'individus infectés (Herrera et al. 2016). Quand les mouvements des animaux sont bien enregistrés, les outils de l'analyse de réseaux peuvent être utilisés afin de mettre en évidence des localités plus vulnérables dans la transmission de la maladie et permettent de guider des stratégies ciblées de contrôle et de surveillance (Chaters et al. 2019).

Dans cette étude, l'analyse de réseaux a été utilisée pour définir l'influence de la structure du réseau de mobilité du bétail sur la diffusion d'une maladie au Sénégal, et d'identifier successivement de possibles nœuds sentinelles à signaler aux services de surveillance sénégalais. L'approche innovante de cette étude a été la prise en compte de la temporalité et la création de réseaux ordonnés temporellement (Kim and Anderson 2012), ce qui nous a permis d'utiliser des mesures de l'analyse de réseaux agrégés pour des réseaux temporels.

Comme cela a été montré dans d'autres études, la période autour de la Tabaski est caractérisée par une augmentation du volume de petits ruminants déplacés ainsi que du nombre de liens commerciaux actifs (Apolloni et al. 2018; Valerio et al. 2020), ce qui la rend problématique d'un point de vue épidémiologique, à cause de la plus grande facilité de propagation de la maladie.

L'analyse des liens commerciaux nous a également permis d'identifier trois clusters selon l'aptitude principale des différents départements : fortement exportateurs, fortement importateurs et faiblement exportateurs. En particulier, ces derniers changent de comportement commercial selon la période de l'année et augmentent leur activité juste avant la Tabaski, ce qui signifie plus de nœuds impliqués dans les commerces et plus de possibilité de transmission d'une maladie.

Nos résultats soulignent l'influence importante de la temporalité sur la structure des réseaux analysés et, par conséquent, sur la diffusion d'une maladie en leur sein. La variation de la présence des liens dans le temps affecte l'atteignabilité (possibilité d'être touché par une maladie) et la vulnérabilité (probabilité d'être touché par une maladie) des nœuds. En effet, la comparaison entre les résultats de l'atteignabilité calculés dans les réseaux agrégés et temporels a mis en évidence une surestimation de l'ampleur de la diffusion de la maladie et de sa précocité par l'analyse de réseaux agrégés, à cause de la présence constante de la totalité des liens. De même dans un contexte d'identification des nœuds sentinelles à cibler pour une stratégie de surveillance, il est nécessaire de prendre en considération la temporalité. Selon nos résultats, l'analyse de réseaux temporels a permis une estimation plus raisonnable du nombre de nœuds à cibler par rapport à celle de l'analyse de réseaux agrégés, et à la fois plus précise, en divisant les nœuds à cibler selon la période de l'année.

En outre, les mesures de centralité qui se sont révélées être les variables influençant le plus la vulnérabilité des nœuds sont la *betweenness* et la *closeness*, qui sont des mesures spécifiques de l'analyse de réseaux fortement dépendantes de la structure. En effet, le *degree* ne représente que le nombre d'interactions entre deux unités (les nombres de mouvements commerciaux entre deux départements), il est donc calculable sans recourir à l'analyse de réseaux. En revanche, le calcul de la *betweenness* et de la *closeness* nécessite l'étude préliminaire de la structure du réseau, soulignant ainsi l'importance de l'analyse de réseaux dans un contexte d'étude de la diffusion de maladies et d'identification de nœuds sentinelles. Par ailleurs, selon nos analyses, les nœuds à cibler dans un contexte de surveillance (nœuds sentinelles, avec une vulnérabilité élevée selon la méthode CART) sont différents de ceux à cibler dans un système de contrôle (selon l'étude de la robustesse, nœuds avec un *out-degree* élevé). Ces résultats étayent l'hypothèse selon laquelle les meilleurs candidats pour la vaccination (mesure de contrôle) ne coïncident pas forcément avec les nœuds choisis comme sentinelles (mesure de surveillance) (Holme 2017).

En conclusion, cette étude a permis d'obtenir des résultats préliminaires sur la dynamique de diffusion d'une maladie au Sénégal dans les réseaux de mobilité des petits ruminants et du bétail en général, en conduisant à l'identification de nœuds potentiellement touchés par une maladie. Ces résultats peuvent servir de point de départ pour des études basées sur le risque : la vulnérabilité calculée sur des réseaux temporels pourrait être considérée comme facteur de risque et être utilisée avec les autres facteurs, afin de fournir une indication du risque d'introduction au cours de l'année. De plus, une caractérisation plus précise de la maladie ainsi que la réalisation des analyses sur des réseaux pondérés permettraient d'obtenir des résultats encore plus ciblés et efficaces, dans le but d'éradiquer des maladies comme la fièvre aphteuse et la peste des petits ruminants.

# Références bibliographiques

- ANSD Situation économique et sociale du Sénégal 2017-2018. 413
- Apolloni A, Corniaux C, Coste C, et al (2019) Livestock Mobility in West Africa and Sahel and Transboundary Animal Diseases. In: *Transboundary Animal Diseases in Sahelian Africa and Connected Regions*. Springer International Publishing, Cham, p 31:52
- Apolloni A, Nicolas G, Coste C, et al (2018) Towards the description of livestock mobility in Sahelian Africa: Some results from a survey in Mauritania. *PLoS One* 13:. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0191565>
- Bai Y, Yang B, Lin L, et al (2017) Optimizing sentinel surveillance in temporal network epidemiology. *Sci Rep* 7:4804. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-03868-6>
- Barabási A-L (2015) *Network Science*. Cambridge University Press
- Belkhiria J, Lo MM, Sow F, et al (2019) Application of exponential random graph models to determine nomadic herders' movements in Senegal. *Transboundary and Emerging Diseases* 66:1642–1652. <https://doi.org/10.1111/tbed.13198>
- Bender-deMoll S, Morris M (2019) *Network Dynamic Temporal Visualizations* [R package ndtv version 0.13.0]. <https://CRAN.R-project.org/package=ndtv>
- Bender-deMoll S, Morris M, Moody J (2021) *Tools for Temporal Social Network Analysis* [R package tsna version 0.3.3]. <https://CRAN.R-project.org/package=tsna>
- Bondarenko M, Kerr D, Sorichetta A, Tatem A (2020) Census/projection-disaggregated gridded population datasets, adjusted to match the corresponding UNPD 2020 estimates, for 51 countries across sub-Saharan Africa using building footprints
- Bouslikhane M (2015) CROSS BORDER MOVEMENTS OF ANIMALS AND ANIMAL PRODUCTS AND THEIR RELEVANCE TO THE EPIDEMIOLOGY OF ANIMAL DISEASES IN AFRICA. 7
- Brzoska L, Fischer M, Lentz HHK (2020) Hierarchical Structures in Livestock Trade Networks—A Stochastic Block Model of the German Cattle Trade Network. *Front Vet Sci* 7:. <https://doi.org/10.3389/fvets.2020.00281>
- Butts CT (2020) *Tools for Social Network Analysis* [R package sna version 2.6]. <https://CRAN.R-project.org/package=sna>
- Cesaro JD, Magrin G, Ninot O (2010) *Atlas de l'élevage au Senegal : commerces et territoires*. PRODIG, Paris
- Chaters G, Johnson P, Cleaveland S, et al (2019) Analysing livestock network data for infectious disease control: an argument for routine data collection in emerging economies. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences* 374:20180264. <https://doi.org/10.1098/rstb.2018.0264>
- Colizza V, Vespignani A (2008) Epidemic modeling in metapopulation systems with heterogeneous coupling pattern: Theory and simulations. *Journal of Theoretical Biology* 251:450–467. <https://doi.org/10.1016/j.jtbi.2007.11.028>
- Colman E, Holme P, Sayama H, Gershenson C (2019) Efficient sentinel surveillance strategies for preventing epidemics on networks. *PLOS Computational Biology* 15:e1007517. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1007517>
- Cormier MC, Gueye C, Seck SM (2000) La construction de l'espace sénégalais depuis l'indépendance, 1960-2000. In: *cartographie.ird.fr*. <http://www.cartographie.ird.fr/SenegalFIG/index.html>. Accessed 29 May 2021
- Diallo A, Bataille A, Lancelot R, Libeau G (2019) Peste des Petits Ruminants. In: *Transboundary Animal Diseases in Sahelian Africa and Connected Regions*. Springer International Publishing, Cham, p 233:266

Direction des Services Vétérinaires (2019) Rapport d'activités 2018

Dubé C, Ribble C, Kelton D, McNab B (2009) A Review of Network Analysis Terminology and its Application to Foot-and-Mouth Disease Modelling and Policy Development. *Transboundary and Emerging Diseases* 56:73–85. <https://doi.org/10.1111/j.1865-1682.2008.01064.x>

FAO The European Commission for the Control of Foot-and-Mouth Disease (EuFMD) | Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture. <http://www.fao.org/eufmd/fr/>

FAO What is PPR? | Peste des petits ruminants | Food and Agriculture Organization of the United Nations. <http://www.fao.org/ppr/background/what-is-ppr/en/>

GF-TADs (2019) 2nd West Africa Foot-and-Mouth Disease Roadmap Meeting

Gilbert M, Nicolas G, Cinardi G, et al (2018) Global distribution data for cattle, buffaloes, horses, sheep, goats, pigs, chickens and ducks in 2010. *Sci Data* 5:180227. <https://doi.org/10.1038/sdata.2018.227>

Hanke M (2017) Temporal Network Centrality (TNC) Measures [R package TNC version 0.1.0]. <https://CRAN.R-project.org/package=TNC>

Hardstaff JL, Häsler B, Rushton JR (2015) Livestock trade networks for guiding animal health surveillance. *BMC Vet Res* 11:82. <https://doi.org/10.1186/s12917-015-0354-4>

Herrera JL, Srinivasan R, Brownstein JS, et al (2016) Disease Surveillance on Complex Social Networks. *PLoS Comput Biol* 12:. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1004928>

Holme P (2017) Three faces of node importance in network epidemiology: Exact results for small graphs. *Phys Rev E* 96:062305. <https://doi.org/10.1103/PhysRevE.96.062305>

Holme P (2018) Objective measures for sentinel surveillance in network epidemiology. *Phys Rev E* 98:022313. <https://doi.org/10.1103/PhysRevE.98.022313>

Husson F, Josse J, Pages J (2010) Principal component methods - hierarchical clustering - partitional clustering: why would we need to choose for visualizing data?

Jahel C, Lenormand M, Seck I, et al (2020) Mapping livestock movements in Sahelian Africa. *Sci Rep* 10:. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-65132-8>

Kamuanga M, Somda J, Sanon Y (2008) Elevage et marché régional au Sahel et en Afrique de l'Ouest: potentialités et défis. OCDE, Paris

Kassambara A, Mundt F (2020) Extract and Visualize the Results of Multivariate Data Analyses [R package factoextra version 1.0.7]. <https://CRAN.R-project.org/package=factoextra>

Kim H, Anderson R (2012) Temporal node centrality in complex networks. *Phys Rev E* 85:026107. <https://doi.org/10.1103/PhysRevE.85.026107>

Kim Y, Dommergues L, M'sa AB, et al (2018) Livestock trade network: potential for disease transmission and implications for risk-based surveillance on the island of Mayotte. *Sci Rep* 8:11550. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-29999-y>

Koher A, Lentz HHK, Hövel P, Sokolov IM (2016) Infections on Temporal Networks—A Matrix-Based Approach. *PLoS ONE* 11:e0151209. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0151209>

Krzywinski M, Altman N (2017) Classification and regression trees. *Nature Methods* 14:757–758. <https://doi.org/10.1038/nmeth.4370>

Lê S, Josse J, Husson F (2008) FactoMineR: A Package for Multivariate Analysis. *J Stat Soft* 25:1–18. <https://doi.org/10.18637/jss.v025.i01>

Lentz HHK, Koher A, Hövel P, et al (2016) Disease Spread through Animal Movements: A Static and Temporal Network Analysis of Pig Trade in Germany. *PLoS One* 11:e0155196. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0155196>

- Menczer F, Fortunato S, Davis CA (2020) *A First Course in Network Science*. Cambridge University Press
- MEPA (2016) Recueil statistiques élevage du Sénégal 2016
- Ministère de l'Intérieur du Sénégal Politique de Gouvernance intérieure | Ministère de l'Intérieur. <https://interieur.sec.gouv.sn/administration-territoriale/politique-de-gouvernance-interieure>
- Missohou A, Nahimana G, Ayssiwede SB, Sembene M (2016) Elevage caprin en Afrique de l'Ouest : une synthèse. *Rev Elev Med Vet Pays Trop* 69:3. <https://doi.org/10.19182/remvt.31167>
- Motta P, Porphyre T, Handel I, et al (2017) Implications of the cattle trade network in Cameroon for regional disease prevention and control. *Sci Rep* 7:. <https://doi.org/10.1038/srep43932>
- Muwonge A, Bessell PR, Porphyre T, et al (2021) Inferring livestock movement networks from archived data to support infectious disease control in developing countries. <https://doi.org/10.1101/2021.03.18.435930>
- OCDE/CSAO (2009) *Regional Atlas on West Africa*. Éditions OCDE, Paris
- OIE Foot and mouth disease. In: OIE - World Organisation for Animal Health. <https://www.oie.int/en/disease/foot-and-mouth-disease/>
- OIE Peste des petits ruminants. In: OIE - World Organisation for Animal Health. <https://www.oie.int/en/disease/peste-des-petits-ruminants/>
- Schirdewahn F, Colizza V, Lentz HHK, et al (2017) Surveillance for Outbreak Detection in Livestock-Trade Networks. In: Masuda N, Holme P (eds) *Temporal Network Epidemiology*. Springer, Singapore, pp 215–240
- Schirdewahn F, Lentz HHK, Colizza V, et al (2021) Early warning of infectious disease outbreaks on cattle-transport networks. *PLoS ONE* 16:e0244999. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0244999>
- Sy O (2010) La transhumance transfrontalière, source de conflits au Ferlo (Sénégal). 14
- Tennekes M (2018) tmap: Thematic Maps in R. *J Stat Soft* 84:. <https://doi.org/10.18637/jss.v084.i06>
- Therneau T, Atkinson B, Ripley B (2019) Recursive Partitioning and Regression Trees [R package rpart version 4.1-15]. <https://CRAN.R-project.org/package=rpart>
- Torres C, van Seters J, Karaki K, Kpadonou R (2017) An exploratory analysis of measures to make trade facilitation work for inclusive regional agro-food value chains in West Africa. 34
- Valerio VC (2020) The structure of livestock trade in West Africa
- Valerio VC, Walther OJ, Eilittä M, et al (2020) Network analysis of regional livestock trade in West Africa. *PLoS One* 15:. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0232681>
- Vall E, Salgado P, Corniaux C, et al (2014) Changements et innovations dans les systèmes d'élevage en Afrique. *INRA Productions Animales*
- Wickham H (2016) *ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis*, 2nd ed. 2016. Springer International Publishing : Imprint: Springer, Cham
- Wieland B, Dione M, Jones BA, et al (2019) Epidemiology and Control of Peste des Petits Ruminants (ECo-PPR) Study Design and Toolbox. 19
- Williams MJ, Musolesi M (2016) Spatio-temporal networks: reachability, centrality and robustness. *R Soc open sci* 3:160196. <https://doi.org/10.1098/rsos.160196>
- World Bank (2014) Senegal economic update: learning from the past for a better future. In: World Bank. <https://documents.worldbank.org/en/publication/documentsreports/documentdetail/432081468295189441/Senegal-economic-update-learning-from-the-past-for-a-better-future>
- World Bank (2020) Sénégal | Data. <https://donnees.banquemondiale.org/pays/senegal>