

Les carnets sanitaires informatisés : nouvelles perspectives de valorisation de données enregistrées par les éleveurs

BOURRIGAN X. (1), BLEROT G. (1), BOUISSEL C. (2), DREMAUX R. (3), DUPRES M. (4), EVARD JJ. (5), GOURAUD X. (6), LEGAY M. (7), MAURIN L. (8), SCHMITT B. (9), GAUTIER JM. (1), ROUSSEL P. (1) et MATTALIA S. (1).

(1) Institut de l'Élevage, 75012 Paris

(2) Groupement de Défense Sanitaire de Haute-Saône, 70000 Vesoul

(3) Association Régionale de Service aux Organisations d'Élevage, 59501 Douai

(4) Chambre d'Agriculture de Saône et Loire, 71010 Macon

(5) Groupement de Défense Sanitaire du Lot, 46004 Cahors

(6) Société Nationale des Groupements Techniques Vétérinaires, 75011 Paris

(7) Chambre Régionale d'Agriculture de Normandie, 14053 Caen

(8) Groupement de Défense Sanitaire Bretagne, 22440 Ploufragan

(9) Groupement de Défense Sanitaire de Moselle, 57045 Metz

RESUME

Une étude a été conduite sur 7 carnets sanitaires informatisés, pour mesurer la cohérence des motifs de traitement enregistrés, en vue de nouvelles valorisations en génétique ou en appui technique. 18 303 éleveurs de bovins ont utilisé ces carnets entre 2007 et 2012. Les listes de motifs de traitement sont très hétérogènes, avec plus ou moins de détails d'un carnet à l'autre. Pour les regrouper, 4 niveaux de classification sont proposés, en séparant (ou non) les traitements préventifs et curatifs et en s'appuyant sur les recommandations internationales. Les élevages enregistrant régulièrement des événements et pour des pathologies diversifiées ont été sélectionnés et considérés comme "avec enregistrement exhaustif". Ils représentent 15,6 % de l'ensemble des élevages répertoriés et à eux seuls 56,3 % des motifs de traitement enregistrés. Les résultats de prévalences annuelles et mensuelles calculées sur 16 familles de motifs et pour 9 catégories d'animaux sont compatibles avec des valeurs rapportées antérieurement. Par ailleurs, la part de chaque motif de traitement parmi ceux enregistrés sur la descendance de taureaux a été calculée et comparée entre carnets. Elle est relativement homogène, ce qui est assez encourageant quant à la cohérence des enregistrements entre carnets. L'harmonisation des enregistrements est donc possible. Une valorisation mutualisée des enregistrements permettrait de les exploiter d'un point de vue génétique, mais aussi d'élaborer des références exploitables en appui technique pour la gestion préventive de certaines maladies.

Health recording systems: possible new valorizations of events recorded by breeders

BOURRIGAN X. (1), BLEROT G. (1), BOUISSEL C. (2), DREMAUX R. (3), DUPRES M. (4), EVARD JJ. (5), GOURAUD X. (6), LEGAY M. (7), MAURIN L. (8), SCHMITT B. (9), GAUTIER JM. (1), ROUSSEL P. (1) and MATTALIA S. (1).

(1) Institut de l'Élevage, 75012 Paris

SUMMARY

A study was performed on seven computerized health recording systems aimed at analyzing the consistency of events recorded by farmers, in order to use them for genetic evaluations or for new management herd tools. From 2007 to 2012, these software were used by 18 303 cattle farmers. The diseases are more or less detailed according to the tools. Four levels of classification were proposed, separating (or not) curative and preventive treatments and according to international recommendations. The herd recording events regularly and with information on diversified diseases were selected, as representatives of herds recording information exhaustively. Herds (15.6 %) met the requirements on "exhaustivity" criteria; they represented 56.3 % of the events recorded in these tools. The results of annual and monthly prevalence, calculated on 16 types of diseases and on nine categories of animals were compatible with those previously reported in the literature. For AI bulls with daughters present in at least two tools, the proportion of each disease among those recorded for their progeny was compared between the tools. Ratios were quite homogeneous, which is a good sign concerning the consistency of the records among tools. These results show that harmonization of health records is possible. The health events could be used to develop new genetic evaluations on health traits or new references used in management tools.

INTRODUCTION

En France, les éleveurs sont tenus de remplir un carnet sanitaire consignait tous les traitements administrés à leurs animaux (arrêté du 5 juin 2000). De plus, ils sont vivement encouragés à y enregistrer également les motifs de traitement, c'est à dire la maladie, la pathologie ou l'observation. Celui-ci peut se présenter sous plusieurs formes : papier, logiciels informatiques autonomes, applications Web,... Les logiciels peuvent être proposés par des collectifs d'organismes d'élevage (Entreprises de Conseil en Elevage ou ECEL, Etablissements Départementaux de l'Élevage ou EDE, Groupements de Défense Sanitaire ou

GDS,...), par la Société Nationale des Groupements Techniques Vétérinaires (SNGTV) ou encore par des éditeurs indépendants.

Par ailleurs, l'essor de la génomique ouvre de nouvelles perspectives pour la sélection et la conduite du troupeau. En effet, la constitution d'une population de référence de quelques dizaines de milliers d'animaux génotypés et phénotypés permet la mise au point d'équations de prédiction de la valeur génétique d'un animal à partir de son génotypage. Celles-ci sont ensuite utilisables pour tout animal génotypé, quel que soit son âge. La réduction de l'intervalle de génération ainsi généré permet d'accélérer le progrès génétique. , mais surtout, la sélection des animaux

sur de nouveaux caractères - en particulier relatifs à la santé des animaux - devient possible. Dans ce contexte, le phénotypage de nouveaux caractères devient stratégique (Boichard *et al.*, 2015). Plusieurs pays se sont saisis de cette opportunité pour développer des systèmes de collecte des événements sanitaires enregistrés soit par des vétérinaires (Frandsen, 2013), soit par les éleveurs (Egger-Danner *et al.*, 2012, Koeck *et al.*, 2015). Ceux-ci sont à la fois valorisés à des fins génétiques et de conseil à des fins préventives, ce qui permet d'encourager la collecte des informations.

C'est pourquoi France Génétique Elevage (FGE) a décidé en 2011 de conduire une étude exploratoire sur les valorisations possibles des motifs de traitement (*) enregistrés par les éleveurs dans les carnets sanitaires informatisés. 8 outils ont fait l'objet de ce travail (Agrael, Bovilic, Estélevage, Selso, SYNel Douai, SYNel Manche Atlantique, SYNest, Vetélevage). Cet article dresse un bilan des principaux enseignements tirés de cette étude ainsi que des perspectives ouvertes par ce travail.

(*) Dans la suite de l'article, le terme motif de traitement est remplacé par motif.

1. MATERIEL ET METHODES

L'étude de chaque carnet a été réalisée en 2 étapes :

- une première étape qualitative à travers un questionnaire, autour de la connaissance du fonctionnement des modules et des modèles de données ;
- une seconde étape, sur la mesure du volume, la nature et la qualité des données enregistrées par les éleveurs.

1.1. ENQUETE SUR LES MODALITES D'ENREGISTREMENT DES DONNEES SANITAIRES

Pour répondre à la première partie de l'étude, les Maîtrises d'Ouvrage (MOA) des 8 carnets sanitaires ont renseigné un questionnaire portant sur le niveau d'utilisation de l'outil (nombre d'éleveurs équipés, historique...), les modalités d'enregistrement des données (règles de gestion, modalités d'enregistrement, données obligatoires, listes de référence,...), les valorisations proposées et les éventuelles actions menées sur le terrain pour encourager les éleveurs à enregistrer les problèmes de santé.

1.2. ANALYSE DU VOLUME ET DE LA PERTINENCE DES DONNES RELATIVES AUX MOTIFS

Compte tenu du caractère sensible du dossier (données de santé animale en lien avec les traitements administrés), 6 MOA de carnets sanitaires ont demandé à FGE l'anonymisation des numéros d'élevage et des numéros d'animaux. Avant de transmettre les informations à l'Institut de l'Elevage, les ARSOE (Associations Régionales de Services aux Organismes d'Elevage) ont donc renuméroté les animaux et les élevages, et associé ces informations à celles du Système d'Information Génétique (SIG) pour caractériser les bovins et les troupeaux (date de naissance, race, adhésion au Contrôle de Performances Lait – CPL – ou Viande – CPV). Seul le numéro du père, s'il était de monte publique, n'était pas renuméroté. Les résultats n'ont donc pu être analysés qu'intra carnet, sauf pour la partie relative à la descendance des taureaux. L'outil Vetélevage n'a pas pu être étudié ici car les données du SIG ne pouvaient pas être intégrées.

Certains motifs non liés à des maladies (constat de gestation, écornage,...) ont été supprimés. Les années sélectionnées (2007 à 2012) correspondaient à la période au cours de laquelle 7 outils étaient déployés et fonctionnels.

Pour comparer les carnets entre eux, les motifs ont dû être regroupés. 4 typologies ont été étudiées : 1 – distinction des traitements curatifs et préventifs, 2 – typologie définie par l'International Committee for Animal Recording (ICAR, 2012), fondée sur 8 grandes familles de pathologies mais sans

distinction des interventions curatives et préventives, 3 – et 4 : regroupements plus ou moins fins (20 et 35 familles respectivement dans les niveaux 3 et 4), avec distinction des traitements curatifs et préventifs. Le regroupement des motifs a été effectué avec l'appui d'un groupe d'experts santé nationaux. Dans la suite, l'étude quantitative s'est concentrée sur les 16 familles de motifs de type curatifs du 3^{ème} niveau de regroupement (voir tableau 1 pour les grandes familles de motifs de traitement d'animaux laitiers). Plusieurs pathologies sont représentées au sein d'une même famille, comme l'acidose, l'acétonémie et la fièvre de lait pour les maladies métaboliques, ou l'anoestrus, l'infertilité et l'absence de chaleur pour les troubles de la reproduction.

9 catégories d'animaux à la date du motif ont été définies : vaches laitières (VL), génisses laitières (GL), veaux laitiers de moins de 2 mois (VEL), mâles laitiers, vaches allaitantes, génisses viande, veaux viande de moins de 2 mois, mâles viande de moins de 9 mois et mâles viande. Pour l'analyse des motifs par descendance de taureaux, la classe VL a été elle-même scindée en 3 sous classes (Primipares, Jeunes Multipares 2^{ème} lactation, Multipares âgées 3^{ème} lactation et +).

Les élevages avec "enregistrement exhaustif" ont été sélectionnés. N'ayant aucun moyen de vérifier sur le terrain l'exhaustivité des enregistrements, plusieurs seuils ont été testés afin d'éliminer les élevages dont les enregistrements apparaissaient peu réguliers (utilisation du carnet sur une courte période) ou peu diversifiés (saisie d'un nombre réduit de motifs). Au final, le critère suivant a été retenu : présence chaque année (de 2009 à 2012) d'au moins 3 occurrences appartenant à des familles de motifs différentes.

La prévalence moyenne annuelle et mensuelle d'apparition des différentes familles de motifs a ensuite été calculée. Pour un troupeau *i*, sur la période *j*, la famille *k*, les animaux à risques ont été sélectionnés (VL avec vêlage, GL ou VEL présents selon la catégorie étudiée). Leur effectif N_{totijk} a été calculé en tenant compte pour chaque animal de sa durée de présence sur la période (ex : nombre de jours de présence divisé par 30 pour les calculs mensuels). Le nombre d'animaux N_{ocijk} ayant au moins 1 occurrence de la famille *k* sur la période *j* a été calculé. La prévalence P_{ijk} se calcule alors par la formule suivante :

$$P_{ijk} = N_{ocijk} / N_{totijk}$$

La moyenne des différentes prévalences a ensuite été calculée sur l'ensemble des troupeaux pour chaque période.

Enfin, pour mesurer la cohérence des enregistrements entre carnets, les mâles d'IA "connecteurs" de race prim'holstein et ayant au moins 500 descendantes de type VL avec motifs ont été sélectionnés. Ces taureaux devaient avoir des descendantes dans au moins 2 carnets. Seules les généalogies des bovins ayant au moins 1 motif étaient disponibles dans les fichiers anonymisés. La prévalence des pathologies dans la descendance des taureaux était donc impossible à établir. Elle a été remplacée par le calcul de la proportion de chaque pathologie au sein des motifs enregistrés dans la descendance des différents taureaux. Pour un carnet *i*, une famille de motifs *j*, un taureau connecteur *k* ($ndesc$ = nombre de descendantes), cette proportion a été calculée de la manière suivante :

$$p_{ijk} = ndesc_{ijk} / \sum_{j=1}^{16} ndesc_{ijk}$$

Des analyses de concordance ont été effectuées en comparant les proportions de motifs obtenus dans un carnet donné avec celles calculées sur l'ensemble des 6 autres carnets. Si les enregistrements issus des différents carnets sont cohérents, les proportions attendues sont du même ordre de grandeur dans l'ensemble des carnets. Pour une pathologie donnée, il ne s'agit que d'un indicateur partiel de cohérence. En effet, les proportions obtenues pour un carnet peuvent être différentes d'un autre, soit parce que les enregistrements des motifs liés à la famille étudiée sont

moins présents dans un des deux carnets, soit parce que d'autres motifs sont moins répertoriés.

2. RESULTATS

2.1. ETUDE QUALITATIVE

Hormis le logiciel de la SNGTV, les modules sanitaires étudiés ont été développés au sein d'une offre globale d'outils de gestion du troupeau (identification, résultats du contrôle de performances, etc...) accessibles via des portails éleveurs. Les MOA des modules sanitaires sont constituées soit d'un seul organisme (GDS, SNGTV), soit de collectifs (ECEL, EDE, GDS,...). Ces modules ont été déployés entre 1998 et 2007 (Institut de l'Élevage, 2014). On observe une très forte progression des abonnements aux portails éleveurs, qui sont passés, entre 2009 et 2011 de 62 200 à 74 600. La même progression (+ 20 %) est observée au niveau des abonnements au module sanitaire avec un total de 37 300 abonnés en 2011.

Les modalités et règles de gestion présentent des points communs entre tous les outils. En particulier la saisie d'un motif sans enregistrement de traitement est toujours possible. La date et le nom du motif sont toujours obligatoires et tous les logiciels disposent d'une liste de référence des motifs (ajout libre de motifs impossible). En revanche, 3 outils ont instauré une règle de gestion qui interdit la saisie d'un traitement sans l'enregistrement préalable du motif, alors que les 5 autres l'autorisent. L'hétérogénéité la plus remarquable concerne la liste des motifs, qui varie de 50 à 516 choix possibles. Au total, les 8 carnets rassemblent 898 motifs différents.

La valorisation des données est effectuée intra-troupeau à travers des historiques et des bilans sanitaires. La comparaison avec un groupe d'élevages de référence n'est proposée que par un seul logiciel. Certains outils proposent des passerelles avec des logiciels des ECEL, qui peuvent eux aussi disposer de leurs propres valorisations. La création de passerelles entre 3 outils et celui de la SNGTV contribue à renforcer la saisie des événements sanitaires.

Selon les MOA, les principaux freins à l'extension de l'utilisation des modules sanitaires sont par ordre d'importance : la contrainte réglementaire, la disponibilité pour la saisie, le manque d'ergonomie et de valorisation des enregistrements, le coût et la couverture réseau. Ce constat a conduit 7 outils à apporter des améliorations au cours des 5 dernières années, en particulier sur l'ergonomie et la valorisation des données enregistrées.

2.2. ANALYSE DES MOTIFS DE TRAITEMENT

Au total, 10 384 788 motifs issus de 25 736 élevages bovins ont été transmis par les 7 outils. Sur la période 2007-2012, le fichier comprend 6 938 477 motifs, 18 303 élevages, 1 613 353 bovins avec au moins 1 motif dont 76,4 % de type laitier. En 2012, les élevages et les animaux de l'étude représentent respectivement 5,8 % des élevages bovins et 2,8 % des effectifs de bovins présents en France (Institut de l'Élevage, 2012) ; les motifs de type curatifs représentent 59,2 % des données.

La sélection d'élevages avec "enregistrement exhaustif" a permis de caractériser 2 528 élevages (15,6 % du total des élevages présents dans le fichier sur la période 2009-2012) qui représentent 56,3 % du total des motifs enregistrés. En moyenne, 80,5 % des animaux avec au moins un motif sont de type laitier, l'effectif moyen de vaches laitières par troupeau est de 65,1 VL. Dans ces troupeaux, les éleveurs notifient 282 motifs en moyenne par an (contre 129 pour l'ensemble des élevages) sur 8,8 familles différentes. En 2012 les principales familles de motifs de type curatifs concernent les mammites (22,2 %), les troubles digestifs (15,9 %), les atteintes du tractus respiratoire (13,5 %), les maladies infectieuses générales (7,0 %), les maladies post-partum (5,5 %), les troubles locomoteurs (4,6 %).

Les résultats de prévalence annuelle sont très stables d'une année à l'autre. Ils sont présentés pour 3 catégories d'animaux laitiers en 2012 dans le tableau 1.

Pour les autres catégories de bovins (mâles laitiers et bovins viande), les taux de prévalence annuelle les plus élevés concernent les troubles digestifs (5,1 % pour les Vaches Allaitantes en 2012) et les maladies du tractus respiratoire (8,4 % pour les Génisses Viande).

Tableau 1 : Résultats de prévalence annuelle 2012 (en %)

| Catégories d'anx. et effectif | VL | GL | VEL |
|-------------------------------|---------|---------|--------|
| Familles de motifs | 143 278 | 119 228 | 21 428 |
| Mammites | 29,1 | | |
| Troubles digestifs | 9,1 | 8,0 | 39,4 |
| Maladies du post partum | 9,1 | | |
| Troubles locomoteurs | 7,1 | 0,6 | 1,0 |
| Maladies infectieuses généra. | 4,3 | 4,5 | 2,2 |
| Maladies tractus respiratoire | 5,4 | 8,6 | 23,7 |
| Troubles de la reproduction | 4,5 | 1,2 | |
| Maladies métaboliques | 3,6 | 0,3 | 0,4 |
| Maladies de peau | 2,7 | 1,7 | 1,1 |
| Autres maladies néonatales | | | 4,8 |

De la même manière les profils de prévalence mensuelle sont assez stables d'une année à l'autre. La figure 1 présente, pour 2012, les motifs parmi les plus fréquents chez les VL. L'évolution semble assez logique en fonction des variations liées à la conduite des élevages.

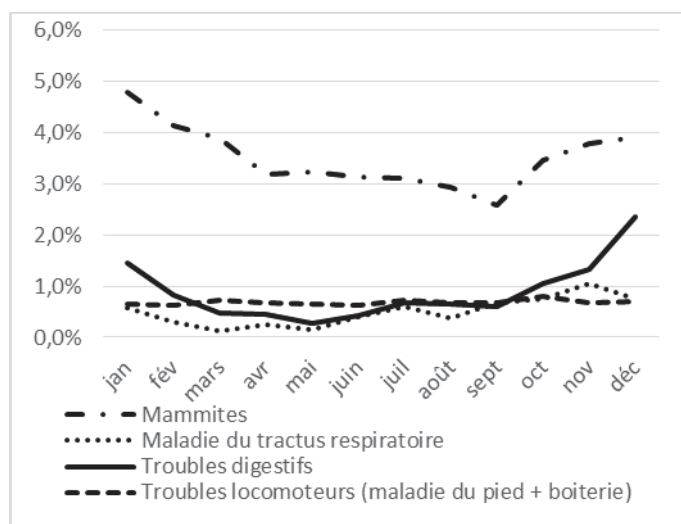


Figure 1 : Evolution prévalence mensuelle (en %) - Année 2012 - Vaches Laitières

45 taureaux "connecteurs" ont été identifiés. Lorsque l'on compare la proportion des mammites parmi les motifs enregistrés pour la descendance de ces taureaux dans un carnet donné à celle des autres carnets, on constate une bonne cohérence des résultats (illustration sur un carnet en figure 2, $R^2 = 75\%$).

Pour les autres motifs (ex : troubles locomoteurs pour un carnet, figure 3) la cohérence est moins bonne ($R^2 = 41\%$), mais reste acceptable, compte tenu notamment de la faible héritabilité du caractère et de l'hétérogénéité des conditions d'élevage dans les zones couvertes par les différents carnets.

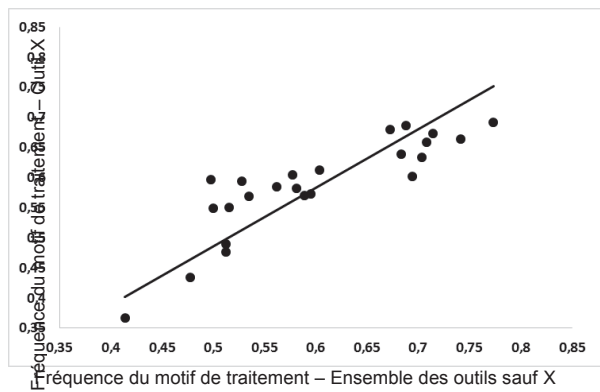


Figure 2 : Proportion des mammites parmi les motifs enregistrés sur les descendantes des taureaux connecteurs : comparaison des résultats d'un carnet avec ceux des 6 autres (classe VL = Multipares âgées)

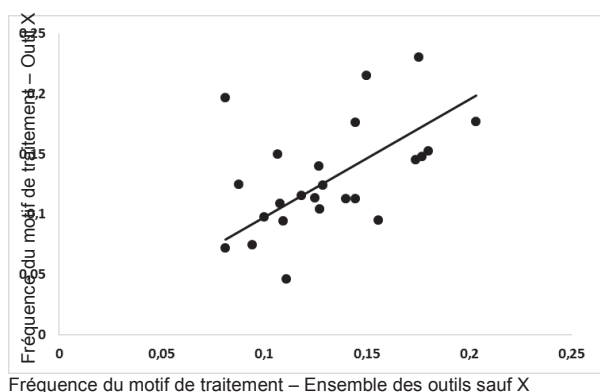


Figure 3 : Proportion des troubles locomoteurs (maladies du pied + boiteries) parmi les motifs enregistrés sur les descendantes des taureaux connecteurs : comparaison des résultats d'un carnet avec ceux des 6 autres (classe VL = Multipares âgées)

3. DISCUSSION

La très grande hétérogénéité des motifs de traitement, tels que définis par les différents carnets, a rendu l'étude complexe. Elle interdit toute possibilité de rassembler facilement les informations pour une valorisation collective de quelque nature que ce soit. Pour autant nous avons démontré qu'un regroupement est possible.

La pertinence des prévalences calculées est difficile à apprécier. Il n'existe que très peu de références en France pour ce type de résultats. Une étude de Fourichon (2001), conduite en Pays de la Loire sur 200 VL de races prim'holstein ou normande, indique 44,1 % pour les mammites cliniques, 17,3 % de maladies post partum, 10,9 % de troubles locomoteurs, 9,7 % de maladies métaboliques, 5,1 % de troubles digestifs et 2,6 % pour les troubles respiratoires. Dans notre étude, les milieux et les races ne sont pas forcément les mêmes ; la conduite des troupeaux a pu évoluer, de même que le niveau génétique des animaux. De plus, l'étude de Fourichon ne porte que sur les prévalences annuelles et une vache peut avoir plusieurs cas possibles par an pour un motif donné, ce qui n'est pas le cas dans notre approche. Cela dit, les résultats restent globalement du même ordre de grandeur (avec cependant plus de maladies post partum selon Fourichon).

De plus, même si la sélection des troupeaux exhaustifs ne s'appuie pas sur des observations de terrain et si la définition du critère d'exhaustivité est améliorable, la cohérence des profils mensuels de prévalence entre carnets avec les attendus et la grande diversité des motifs enregistrés par troupeau montrent la pertinence de ce critère pour

sélectionner les élevages informatifs en vue d'une étude génétique ou de l'élaboration de références.

Enfin, même s'il eût été plus pertinent d'étudier les prévalences des pathologies au sein des descendances des taureaux connecteurs, l'assez bonne cohérence des proportions observée est un élément encourageant. Elle démontre que l'on pourrait probablement rapprocher les données des différents carnets pour les consolider au niveau national, en vue de valorisations génétiques mais aussi pour enrichir le conseil en élevage.

CONCLUSION

L'étude montre que les données enregistrées par les éleveurs pourraient être utilisées pour des valorisations dépassant le cadre de chaque logiciel, qu'elles le soient à des fins génétiques ou de conseil. En effet les valorisations actuelles sont effectuées intra carnet et limitées par la quantité insuffisante de données réellement pertinentes au sein de chaque base. L'enrichissement des valorisations permettrait probablement de rentrer dans un cercle vertueux : les éleveurs, voyant rapidement le fruit de leurs efforts, seraient plus motivés pour l'enregistrement des informations sanitaires. Cette étude a mis en évidence deux éléments essentiels à la consolidation et à la valorisation des données : i) une communication claire et commune à tous les acteurs des définitions des termes utilisés est un préalable, comme cela a été constaté dans d'autres projets d'exploitation génétique des informations de santé (Blériot et Thomas, 2013, Egger-Danner et al., 2012) ; ii) le regroupement des motifs enregistrés par plusieurs carnets est possible, en s'appuyant notamment sur les typologies proposées par ICAR.

L'étude a aussi montré à la fois qu'il était possible de travailler sur des données anonymisées (première étude de ce type au niveau des familles génétiques représentées dans FGE), mais aussi que cela présentait des limites et des risques. En effet, une fois l'anonymisation réalisée, l'ajout de nouvelles données est impossible, ce qui rend les travaux peu évolutifs, même au sein de chaque fichier. Cela signifie que l'anonymisation peut aider à initier des études, mais elle ne permettrait pas une consolidation des données à un niveau mutualisé entre carnets, en vue d'élaboration de références ou de valorisations génétiques. Les données de santé étant des données extrêmement sensibles, leur transfert de manière non anonymisée devrait alors s'accompagner d'un accord de l'éleveur, selon les modalités pratiques restent à définir.

Nous remercions les partenaires de l'étude, tout spécialement les correspondants des outils et les membres du comité de suivi.

Blériot G., Thomas G., 2013. CR 001378002, 47p.

Boichard D., Ducrocq V., Fritz S., 2015. J. Anim. Breed. Genet., 1-9.

Egger-Danner C., Fuerst-Waltl B., Obritzhauser W., Fuerst C., Schwarzenbacher H., Grassauer B., Mayer M., Koeck A., 2012. J. Dairy Sci. 95(5) 2765-2777.

Fourichon C., 2001. Thèse de doctorat, 252p.

Franden J., ICAR 2013 Health Data Conference, 30-31 May, 2013.

ICAR., 2012. Guidelines for recording, evaluation and genetic improvement of health traits, 418-424.

Institut de l'Élevage., 2012. Chiffres-Clés bovins BDNI.

Institut de l'Élevage., 2014. CR 0014201010, 24p.

Koeck A., Jamrozik J., Kistemaker G.J., Schenkel F.S., Moore R.K., Lefebvre D.M., Kelton D.F et Miglior F., 2015. Interbull Bulletin 49, 76-79.