

Abstract

Avian influenza (AI) is an infectious and highly contagious disease of poultry and free-living birds. The epidemiological and economic consequences associated with outbreaks depend on the strain of the virus causing the infection. Due to the highly diverse pathogenicity of influenza viruses, they are divided into two groups: highly pathogenic viruses (HPAI) causing acute systemic disease with its mortality reaching 100% in Galliformes and low pathogenic viruses (LPAI), usually causing asymptomatic or a mild form of the disease with gastrointestinal and respiratory manifestations.

HPAI and in some cases LPAI of subtypes H5 and H7 are subject to mandatory eradication and may pose a serious risk to poultry industry, therefore the risk of virus introduction and persistence on the farm should be minimised.

Potential routes of introducing the virus into Poland include seasonal migrations of wild birds as well as legal and illegal trade in live poultry and poultry products. Cases of the virus incursion into Poland via import and migration of wild birds were confirmed in the past, however, no attempt has been made to carry out a quantitative assessment of the risk of virus introduction.

The aim of this dissertation was: i) to determine the areas where, due to the coincidences of various risk factors, outbreaks of highly pathogenic avian influenza in farmed poultry may occur in higher frequency and ii) to estimate the probability of the introduction of the low pathogenic avian influenza virus of subtype H5 and H7 into Poland through intracommunity trade in poultry. The areas with an increased risk of HPAI outbreaks in farmed poultry were determined using various methods. The first spatial model was developed before a large-scale HPAI epidemic in Poland took place, using the multi-criterion decision analysis approach. On the basis of the information available in the literature and the opinions of Polish experts in the field of poultry diseases, potential risk factors were identified and their relative impact on the occurrence of HPAI outbreaks was determined. Then, based on experts' assessments, the weights of individual factors were estimated.

The result is presented using a risk map developed using Geographic Information System (GIS) tools. The predictive accuracy of the model was evaluated using ROC curve through the comparison of the location of HPAI affected and non-affected farms with the high-risk areas. With the increase in the incidence of outbreaks, risk maps were also developed using both statistical methods and machine learning such as logistic regression, decision trees and the random forest. To this end, the set of 6 risk factors comprising: density of different farmed species of poultry (chickens, turkeys, ducks and geese) and proximity to areas inhabited by wild birds (water bodies and sites of a high concentration of wild birds) was considered. The entire data set was split into training set (70% observations) and testing set (30% observations). The spatial models were developed on the basis of training data i.e. the values of each of the above risk factors in a location of both affected and randomly chosen non-affected commercial farms, using R software. Predictive accuracy of the models was evaluated using testing dataset through

comparison of the actual status of each farm (affected/non-affected during the epidemic) with their predicted status.

The probability of introducing LPAIV was estimated quantitatively using a probabilistic model. Probability values were calculated separately for each exporting country of poultry and species. The spatial unit of analysis was the basic administrative district ("powiat"). One of the most important assumptions of the model was the possibility of importing infected animals which had developed a clinical or subclinical form of the disease. In the first case, the introduction of the virus could have occurred during the silent phase of the epidemic, i.e. in the period between the occurrence of an outbreak in the country and confirmation of infection along with notifying this fact to the Veterinary Inspection. In the second case, due to the possibility of asymptomatic and long-term persistence of the virus on the farm, the period in which it could be introduced was significantly extended, depending on the value of the base reproduction coefficient, which determines the dynamics of the infection progress in the flock.

On the basis of the spatial model carried out using the multi-criterion decision analysis approach, it was found that the risk factors associated with the occurrence of HPAI outbreaks in poultry are the density of individual species of farm poultry, in particular waterfowl (the value assigned by the Polish experts in poultry diseases was equal to 0.248) and turkeys (0.162), the proximity of places where wild birds may gather, i.e. rivers and water bodies (0.240), population (0.099) and the distribution of road networks (0.106). The predictive accuracy of the model suggest a high level of compliance (AUC=0.78 [95% CI, 0.70-0.85]). Based on the results of the subsequent spatial models, the impact of the density of ducks, geese and turkeys on the occurrence of disease outbreaks was also confirmed, namely according to the logistic regression model, the presence of waterfowl and turkeys increases the risk of HPAI occurrence, whereas based on the results of classification tree model, the areas with both geese density greater than or equal to 42 per square km and turkeys density greater than or equal to 95 are at the highest risk. Comparing the accuracies of the models, the random forest outperforms the other two models in terms of predictive power, in which case 80% sensitivity with 78% specificity was attained.

Common risk areas include certain areas of the central, eastern and western parts of the country, and in particular, areas located within the territory of Greater Poland and Łódź Provinces. Comparing locations of outbreaks with high-risk areas designated on the basis of the conducted spatial analysis, a high concordance between the results obtained and the location of avian influenza outbreaks in poultry recorded during subsequent epidemics was recorded.

Based on the developed probabilistic model, it was found that the introduction of LPAIV is a realistic scenario. The average annual probability of this event is 0.088 with values of the percentile score 2.5 and 97.5 amounting to 0.057 and 0.128, respectively, which suggests that under the prevailing epidemiological conditions, the introduction of the virus could occur on average once every 11 years. Analysing the impact of the imports of individual species, it can be concluded that the highest probability of introducing the LPAI virus was associated with the import of ducks (0.041). In turn, the countries determining a high probability value were

Germany (0.051), the Czech Republic (0.019) and Denmark (0.013). The introduction of the virus into a farm may occur as a result of shipping subclinically infected poultry into it. The introduction of the virus via clinically infected animals exhibits low probability. The spatial distribution of the probability values was highly diverse, among the districts with the highest probability of introducing the virus were: Tarnogóra, Gorzów, Świebodzin, Wolsztyn and Ostrów.

Streszczenie

Grypa ptaków (Avian influenza, AI) jest zakaźną i wysoce zaraźliwą chorobą drobiu i ptaków wolno żyjących. Konsekwencje epidemiologiczne i ekonomiczne związane z występowaniem ognisk choroby uzależnione są od szczepu wirusa wywołującego zakażenie. Ze względu na bardzo zróżnicowaną patogenność wirusów grypy dzieli się je na dwie grupy: wirusy wysoce patogenne (HPAI) wywołujące ostrą chorobę ogólnoustrojową ze śmiertelnością dochodzącą do 100% u ptaków grzebiących oraz wirusy nisko patogenne (LPAI) wywołujące zazwyczaj łagodną postać choroby z objawami ze strony układu oddechowego i pokarmowego.

HPAI, a w niektórych przypadkach również LPAI podtypu H5 i H7, podlega obowiązkowi zwalczania i może stanowić poważne zagrożenie dla przemysłu drobiarskiego, dlatego też należy zminimalizować ryzyko wprowadzenia i utrzymywania się wirusa na poziomie gospodarstwa, regionu i kraju.

Potencjalnymi drogami wprowadzenia wirusa do Polski są sezonowe migracje i lokalne przemieszczenia dzikich ptaków, legalny i nielegalny handel żywym drobiem oraz produktami drobiarskimi. Przypadki wprowadzenia wirusa do Polski za pośrednictwem importu oraz migracji dzikich ptaków były w przeszłości potwierdzone, jednakże do tej pory nie podjęto próby przeprowadzenia ilościowej oceny ryzyka wprowadzenia wirusa.

Celem niniejszej pracy było: i) wyznaczenie obszarów na których ze względu na koincydencje różnych czynników ryzyka może dochodzić do występowania ognisk wysoce zjadliwej grypy ptaków u drobiu fermowego oraz ii) oszacowanie prawdopodobieństwa wprowadzenia wirusa nisko zjadliwej grypy ptaków podtypu H5 i H7 do Polski za pośrednictwem wewnątrzunijnego handlu drobiem. Obszary podwyższonego ryzyka występowania ognisk HPAI u drobiu fermowego wyznaczono przy użyciu różnych metod. Pierwszy model przestrzenny opracowano przed wystąpieniem epidemii HPAI w Polsce, przy użyciu wielokryterialnej metody wspomagania decyzji. Na podstawie informacji dostępnych w literaturze oraz opinii polskich ekspertów w dziedzinie chorób drobiu zidentyfikowano potencjalne czynniki ryzyka oraz określono ich względny wpływ na występowanie ognisk HPAI. Następnie, w oparciu o oceny ekspertów, oszacowano wagi poszczególnych czynników.

Wynik przedstawiono za pomocą mapy ryzyka, wykonanej przy użyciu narzędzi Systemu Informacji Geograficznej (GIS). Jakość predykcji modelu została oceniona za pomocą krzywej ROC na podstawie porównania lokalizacji ferm w których potwierdzono, jak również nie potwierdzono obecności wirusa, z obszarami wysokiego ryzyka. Wraz ze wzrostem liczby ognisk choroby, mapy ryzyka opracowano również przy użyciu metod statystycznych oraz algorytmów uczenia maszynowego, takich jak regresja logistyczna, drzewa decyzyjne i las losowy. W tym celu wytypowano 6 czynników ryzyka tj.: zagęszczenie różnych gatunków drobiu fermowego (kury, indyki, kaczki i gęsi) oraz bliskość obszarów gromadzenia się dzikiego ptactwa (zbiorniki wodne, siedliska dzikich ptaków). Zestaw danych podzielono na grupę uczącą (70% obserwacji) oraz grupę testową (30% obserwacji). Model przestrzenny

został opracowany przy użyciu programu R, na podstawie danych ze zbioru uczącego tj. wartości każdego z powyższych czynników ryzyka we wszystkich fermach, w których potwierdzono obecność wirusa oraz losowo wybranych fermach w których nie potwierdzono obecności wirusa. Jakość predykcyjną opracowanych modeli oceniono przy użyciu zbioru testowego poprzez porównanie rzeczywistego i przewidywanego statusu każdej z ferm (dodatnia/ujemna).

Prawdopodobieństwo wprowadzenia LPAIV oszacowano w sposób ilościowy przy użyciu modelu probabilistycznego. Wartości prawdopodobieństw obliczono oddzielnie dla każdego kraju eksportującego drób oraz gatunku. Przestrzenną jednostką analizy był powiat. Jednym z najistotniejszych założeń modelu była możliwość wwiezienia zakażonych zwierząt u których rozwinęła się kliniczna lub podkliniczna postać choroby. W pierwszym przypadku do wprowadzenia wirusa mogłoby dochodzić w czasie trwania cichej fazy epidemii tj. w okresie pomiędzy wystąpieniem ogniska w kraju, a potwierdzeniem zakażenia i zgłoszeniem tego faktu Inspekcji Weterynaryjnej. W drugim przypadku, ze względu na możliwość bezobjawowego i długotrwałego utrzymywania się wirusa w gospodarstwie, okres w którym mogłoby dojść do jego introdukcji był znacznie wydłużony, uzależniony od wartości bazowego współczynnika reprodukcji, determinującego dynamikę przebiegu infekcji w stadzie.

Na podstawie modelu przestrzennego opracowanego przy użyciu wielokryterialnej metody wspomaganie decyzji stwierdzono, że czynnikami ryzyka których obecność wiąże się z występowaniem ognisk HPAI u drobiu są: zagęszczenie poszczególnych gatunków drobiu fermowego, w szczególności drobiu wodnego (wartość przypisana przez polskich ekspertów wynosiła 0,248) i indyków (0,162), bliskość miejsc w których gromadzić się może dzikie ptactwo wolno żyjące tj. rzeki i zbiorniki wodne (0,240), gęstość zaludnienia (0,099) oraz rozkład sieci dróg (0,106). Potwierdzono wysoką jakość predykcji modelu (AUC=0,78 [95% CI: 0,70-0,85]). W oparciu o wyniki kolejnych modeli przestrzennych również potwierdzono znaczący wpływ zagęszczenia kaczek, gęsi i indyków na danym obszarze na występowanie ognisk choroby, mianowicie na podstawie modelu regresji logistycznej stwierdzono, że utrzymywanie drobiu wodnego i indyków na danym obszarze zwiększa ryzyko występowania ognisk HPAI, natomiast w oparciu o model drzew decyzyjnych można stwierdzić, że do obszarów podwyższonego ryzyka wystąpienia HPAI należy zaliczyć te na których zagęszczenie gęsi jest równe bądź przekracza 42, a zagęszczenie indyków jest większe lub równe 95 sztuk/km². Porównując jakość opracowanych modeli, najlepszą zdolność predykcyjną tj. 80% czułość i 78% specyficzność otrzymano dla modelu lasu losowego.

Wspólne obszary ryzyka obejmują niektóre rejony centralnej, wschodniej i zachodniej części kraju, a w szczególności obszary znajdujące się na terytorium województwa wielkopolskiego i łódzkiego. Porównując miejsca występowania ognisk choroby z wyznaczonymi na podstawie przeprowadzonej analizy przestrzennej obszarami wysokiego ryzyka, odnotowano dużą zgodność uzyskanych wyników z lokalizacją ognisk grypy ptaków u drobiu odnotowanych podczas kolejnych epidemii.

Na podstawie opracowanego modelu probabilistycznego stwierdzono, że wprowadzenie wirusa LPAI za pośrednictwem handlu wewnątrzunijnego jest realnym scenariuszem. Średnie roczne prawdopodobieństwo jest równe 0,088 z wartościami 2,5 oraz 97,5 percentyla wynoszącymi odpowiednio 0,057 i 0,128, co sugeruje, że w panujących warunkach epidemiologicznych, do introdukcji wirusa mogłoby dochodzić średnio raz na 11 lat. Analizując wpływ importu poszczególnych gatunków można stwierdzić, że najwyższe prawdopodobieństwo wprowadzenia wirusa LPAI związane było z importem kaczek (0,041). Z kolei krajami determinującymi wysoką wartość prawdopodobieństwa były Niemcy (0,051), Czechy (0,019) i Dania (0,013). Do introdukcji wirusa do gospodarstwa dochodzić może na skutek wprowadzenia podklinicznie zakażonego drobiu. Introdukcja wirusa za pośrednictwem klinicznie zakażonych zwierząt jest mało prawdopodobna. Przestrzenny rozkład wartości prawdopodobieństwa był bardzo zróżnicowany, wśród powiatów o najwyższym prawdopodobieństwie wprowadzenia wirusa znajdowały się: tarnogórski, gorzowski, świebodziński, wolsztyński i ostrowski.