

## Modélisation générique du devenir dans la viande d'un contaminant chimique

### CONTEXTE ET OBJECTIFS

Dans le but d'évaluer le risque de contamination des produits animaux par des polluants organiques persistants, plusieurs modèles mathématiques ont déjà été développés.

Cependant, la plupart sont paramétrés spécifiquement pour un polluant et une espèce animale précise, ce qui rend difficile leur utilisation professionnelle en situation concrète, par exemple lors d'un cas de contamination.

Le projet Braviporc a permis de développer un modèle générique et permettant **d'estimer la contamination des tissus animaux par les contaminants chimiques** de type lipophile.

La molécule choisie pour ce travail, l'HBCD, est **un retardateur de flamme ajouté dans certains polystyrènes utilisés comme isolants, y compris dans les bâtiments d'élevage**.

Ce composé, qui est **un perturbateur endocrinien**, est retrouvé dans plusieurs **produits alimentaires d'origine animale**.

### RÉSULTATS

Le modèle a été élaboré à l'aide du logiciel VENSIM®, de façon générique pour pouvoir étudier les flux de HBCD chez le porc en croissance.

C'est un modèle pharmacocinétique basé sur la physiologie (PBPK), c'est-à-dire associant 2 sous-modèles : un sous-modèle physiologique décrivant **la croissance et le dépôt des lipides de l'animal**, et un sous-modèle de type ADME : absorption - distribution - métabolisme - excrétion représentant les flux du contaminant.

Le modèle est dynamique (pas de temps journalier), mécaniste (représentation

des phénomènes liés à la croissance de l'animal) et déterministe (pas de prise en compte de la variabilité dans les paramètres ou les sorties du modèle).

Pour le porc, 6 compartiments principaux sont représentés (poids total et poids de lipides) : **plasma**, **foie**, **2 muscles (longe et jambon)** ayant des teneurs différentes en lipides, **un tissu adipeux de réserve (gras dorsal)** et un compartiment représentant le reste de l'animal.

### PERSPECTIVES

Cette étude est l'une des toutes premières chez le porc où un modèle PBPK permet de **simuler l'exposition à un polluant organique persistant**.

La modélisation générique intègre de la même manière chez des espèces en croissance les données physico-chimiques, in vitro et in vivo, **pour la prédiction de la rétention d'un contaminant**.

Ce modèle pourra être utilisé pour évaluer le risque de contamination par HBCD de différents tissus et, à terme, pour d'autres molécules lipophiles et apolaires (**PCB, dioxines**).

Suite à cette étude, des scénarios pourront être construits afin d'étudier les niveaux de contamination des produits animaux en fonction de différentes hypothèses techniques (**mode d'élevage, performances zootechniques...**) et d'exposition des animaux (niveau d'exposition, période et durée d'exposition...).

Cette approche permettra de **mieux comprendre et de hiérarchiser les facteurs de risque** associés à l'HBCD et à d'autres contaminants.



#### Partenariats :

INRA-URA, INRA-AFPA, Uni Lorraine, ANSES Fougères, Itavi.

#### Financeurs :

CASDAR Projet n° 1256 'Braviporc' 2013-2016

#### Contact :

eric.royer@ifip.asso.fr

### Valorisation

#### Interventions

- Posters : 67<sup>th</sup> Meeting EAAP 2016, 12<sup>èmes</sup> Journées Rech Avicole 2017.
- Présentations : 6<sup>èmes</sup> rencontres RMT Quasaprove 2016, 49<sup>èmes</sup> Journées Rech. Porcine 2017.

#### Publications

- Mémoires de fin d'études : Andrea García de Salazar, Master 2 INP-ENSAT, sept 2015 ; Nicolas Thène, Ir. IP LaSalle Beauvais, nov 2016.

Représentation schématique des compartiments et des flux d'HBCD considérés dans le Modèle PBPK

