

# SAGIR infos

Lettre d'information du réseau SAGIR

## Dans ce numéro

Editorial	p.1
Premiers retours sur l'expérimentation relative à l'efficacité de détection de cadavre de sanglier	p.3
Pentastomidae : une première identification chez des oiseaux en 2022...	p.5
Exposition de l'avifaune aquatique à <i>Clostridium botulinum</i> en France	p.6
Étude de l'efficacité et de la tolérance de la vaccination des chiens de chasse contre la maladie d'Aujeszky	p.7
Investigations épidémiologiques suite à une suspicion de problème de reproduction chez le sanglier dans la Marne	p.8
Etude exploratoire sur le portage de <i>Salmonella</i> et <i>Campylobacter</i> en faune sauvage	p.11
Etude sur la complémentarité et le recoupement des données SAGIR et réseau « ongulés sauvages »	p.14
Revue de presse	p.15
Revue de presse du réseau	p.17
Faits marquants	p.20
Vie du réseau	p.21
Organigramme SAGIR	p.23

### CONTACT

sagir@ofb.gouv.fr

<https://professionnels.ofb.fr/fr/node/1201>

## EDITORIAL

# 2022

aura été l'année des virus, avec en plus de l'épidémie humaine de Monkeypox Virus (ou variole du singe) et la continuité de la COVID-19 une année particulièrement active pour l'influenza aviaire hautement pathogène qui n'a pas pris de trêve estivale et a atteint un nouveau panel d'espèces en causant des mortalités groupées, ainsi que la peste porcine africaine qui a continué sa progression en Europe.

Côté administratif, en plus de la réorganisation des services de l'OFB et l'inclusion de l'ex Unité Sanitaire de la Faune (USF) au sein du service SantéAgri de la direction de la recherche et de l'appui scientifique (DRAS), l'année 2022 a été l'année du changement pour l'équipe du réseau SAGIR, qui a vu le départ de Jean-Yves Chollet qui était jusque-là chef de l'USF. Merci à lui pour les 10 années qu'il a consacrées au réseau et à la santé de la faune. Ariane Payne a quant à elle quitté le poste d'administratrice du réseau pour des missions de recherche et de coordination scientifique au sein de l'équipe.

Suite à ces changements et aux divers mouvements RH annoncés dans la lettre précédente, deux nouveaux membres ont été recrutés au sein de l'équipe : Loïc Palumbo en charge de la surveillance renforcée IAHP et de la co-animation du réseau, et Maude Marcoccio qui reprend les fonctions de conseillère technique police sanitaire occupées jusque-là par Anne Van de Wiele. Sans oublier, les trois renforts qui ont appuyé l'équipe avec des contrats courts : Emma Meloni (depuis le 8 janvier 2022 et jusqu'au 31/03/23), Mélisande Desabres (du 10/10/22 au 31/01/23) et Myriam Vrecourt (du 07/11/22 au 30/06/2023). Cf « Organigramme SAGIR »

Des changements également du côté de la FNC, avec le départ de Pauline Chaigneau fin janvier 2023 qui sera remplacée début février par Anne De Galard.

Suite à la signature de la convention entre l'OFB la Société Nationale des Groupements Techniques Vétérinaires (SNGTV) fin 2021, le réseau de vétérinaires praticiens membres des GTV est opérationnel depuis le deuxième semestre 2022.

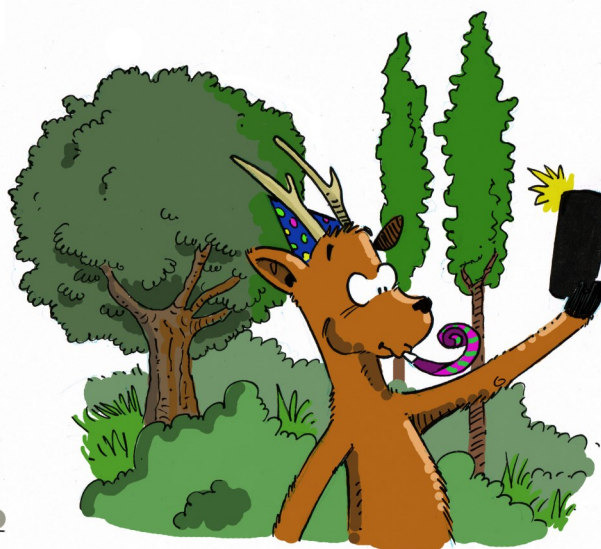
Côté formation, le webinaire sur les espèces à enjeux a connu un franc succès lors des deux journées du 5 mai (28 participants des laboratoires) et du 17 juin (une quarantaine de participants des services départementaux et régionaux de l'OFB), tout comme les autres formations conduites par le réseau cette année. Cf « *vie du réseau* »

Enfin au cours de l'année, Epifaune a continué d'évoluer avec toujours la volonté d'améliorer son ergonomie. D'abord avec les versions 2.2 et 2.3 en 2022 puis avec la version 3.0 installée le 24 janvier 2023 !

A l'image de 2022, l'année 2023 s'annonce riche pour le réseau !

**Loïc Palumbo**  
Co-animateur du réseau SAGIR,  
OFB service SantéAgri

## ENVOI DES RAPPORTS AVANT EPIFAUNE



## ENVOI DES RAPPORTS AVEC EPIFAUNE EN 2023 !

## Premiers retours sur l'expérimentation relative à l'efficacité de détection de cadavre de sanglier

### Contexte

Lors de la déclaration d'un foyer de PPA en Belgique proche de la frontière française en 2018, des recherches actives de cadavre ont été mises en place pour compléter le dispositif de surveillance événementielle SAGIR.

Plusieurs modalités de prospection ont été mises en œuvre (patrouilles de personnes seules, ratissages en ligne, chiens de détection, etc...). Elles n'ont pas le même coût (humain et financier) et ne requièrent pas toutes la même technicité (par exemple nécessité de dresser des chiens spécifiquement à la détection de cadavre de sanglier).

Les retours d'expérience de la crise de 2018 ont permis de mettre en lumière des difficultés lors des prospections liées au paysage qui semblent favoriser ou desservir la détection de cadavres.

Evaluer l'efficacité relative de ces modalités de prospection en fonction du paysage est un préalable nécessaire pour pouvoir optimiser l'effort de prospection en cas de crise sanitaire, l'unité sanitaire de la faune (aujourd'hui service SantéAgri) a lancé en 2019 une expérimentation en condition réaliste pour comparer l'efficacité de trois modalités de prospection en fonction de la densité de cadavre et du paysage.

### Plan d'expérience

Les trois modalités de prospection qui ont été testées sont : 1/ la prospection par des équipes canines (un observateur, un maître-chien et un chien dressé à la détection de cadavre),

2/ la prospection en ligne avec 10m d'espacement entre les observateurs,

3/ la prospection en ligne avec 20m d'espacement entre les observateurs.

L'expérimentation avait pour but de se placer au plus proche des conditions rencontrées lors de la crise de 2018. Pour cela, la Meuse a été choisie comme terrain d'étude car c'est l'un des trois départements où des prospections ont été mises en place lors de la crise PPA. Il y avait donc plus de probabilité d'être dans des conditions bio-géographiques proches de la réalité.

Un travail préliminaire a été effectué pour caractériser les conditions bio-géographiques de la zone blanche à partir du logiciel CHLOE utilisant des cartes qualitatives (exemple : occupation du sol) ou quantitatives. Ensuite, des experts ont caractérisé la pénétrabilité et la visibilité des différents paysages.

En croisant ces deux approches, des cartes caractérisant la pénétrabilité et la visibilité ont été établies puis sommées pour obtenir une carte de l'ouverture du paysage sur la zone blanche.

A partir de cette carte, trois classes d'ouverture sont définies : valeur 1 = ouverture faible, valeur 2 = ouverture moyenne et valeur 3 = ouverture élevée.

Pour sélectionner les parcelles d'études, l'ouverture du paysage a été modélisée de la même façon sur l'ensemble du département de la Meuse. Un algorithme a ensuite sélectionné des grappes de parcelles présentant les trois classes d'ouverture de la zone blanche dans un faible périmètre (pour des questions de logistique).

Pour faire varier la densité de cadavres, nous avons choisi de faire varier la superficie de prospection. Faire varier le nombre de cadavres à superficie constante aurait nécessité de prendre en compte les interactions entre cadavres en cas de cadavres multiples. Deux densités ont donc été retenues.

La position des cadavres et la ligne de démarrage des observateurs (Est, Ouest, Nord ou Sud) ont été tirées aléatoirement pour chaque parcelle.

Ainsi trois modalités de prospection ont été testées selon trois classes d'ouverture du paysage et deux densités de cadavres, le tout répété quatre fois.

Pour chaque parcelle, les données suivantes ont été collectées : détection du cadavre (O/N) et le temps nécessaire à la détection.



© Q. Fournet

**Figure 1: Prospection de parcelle en ligne avec 20m d'espacement entre observateurs**

### Mise en place de l'expérimentation

L'expérimentation sur le terrain a été organisée plusieurs fois puis annulée à cause du contexte sanitaire mais nous avons finalement réussi à la mettre en place en avril 2022.

Cette expérimentation a mobilisé une quarantaine de personnes et nous avons dû nous adapter aux contraintes du terrain et notamment aux conditions météorologiques que nous avons rencontrées (des températures froides avec beaucoup de vent et de pluie).



© N. Toulet



© N. Toulet



© N. Toulet

**Figure 2: Illustration des types de milieux rencontrés dans les parcelles. De haut en bas : parcelle agricole—ouverte, parcelle partiellement boisée — semi-fermée, parcelle boisée - fermée**

### Remerciements

Nous tenons à remercier Léa Bonin, Hugues Boussard (INRAE), Florian Drouard (OFB) et Thibault Petit (OFB) pour leur implication lors de l'élaboration de l'expérimentation.

Nous remercions également les communes et les propriétaires terriens qui nous ont permis de mener l'expérimentation sur leurs terrains.

Pour finir nous remercions les personnes et organismes qui ont participé à la mise en place de l'expérimentation sur le terrain : les services départementaux, régionaux et nationaux de l'OFB, les brigades mobiles d'intervention de l'OFB, la fédération départementale des chasseurs de la Meuse, l'Office national des forêts, Lieutenants de Louveterie de la Meuse et VetAgro Sup. ■

**Nicolas Toulet (OFB), Anouck Decors (OFB), Philippe Aubry (OFB), Stéphanie Desvaux (OFB).**

**Les données recueillies n'ont pas encore été analysées mais vous serez informés quand cela sera fait** (rendez-vous dans la lettre SAGIR 192)

## Pentastomidae : une première identification chez des oiseaux en 2022... Quoique...

A l'occasion d'autopsies réalisées chez un Goéland argenté (*Larus argentatus*) juvénile et un guillemot de troil (*Uria aalge*) dans le Pas-de-Calais en 2022 nous avons isolé des « vers blanchâtres » non segmentés dans la cavité générale au niveau des sacs aériens et du péricarde (Fig. 1).

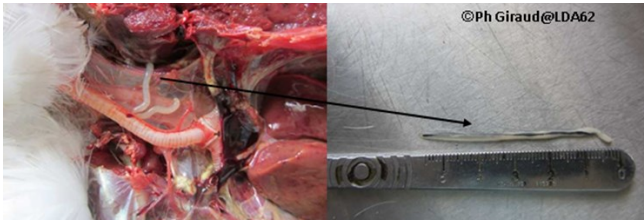


Figure 1 : Observation macroscopique des parasites à l'autopsie

### Description microscopique des observations

A l'observation macroscopique, ces éléments vermiformes évoquaient tout naturellement des nématodes y compris par la présence d'œufs (300µm) à faible grossissement sur un exemplaire entre lame et lamelle (Fig. 2)

En y regardant de plus près, on aperçoit latéralement la présence de formations rigides, qui sont bien visibles après dépôt d'une goutte de lactophéno. Il s'agit de crochets observés chez des arthropodes pentastomidés, proches phylogénétiquement des crustacés (Fig. 2).

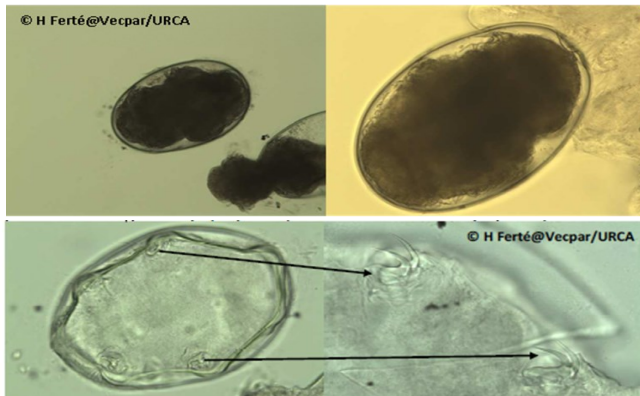


Figure 2 : Observation microscopique des parasites entre lame et lamelle. Bas : ajout de lactophéno mettant en évidence des crochets similaires à ceux des pentastomidés

### Description d'un troisième cas

Fin 2022, un deuxième cas vient d'être suspecté chez une Sterne caspienne (*Hydroprogne caspia*) dans le Doubs d'après la localisation (cavité générale) et l'aspect macroscopique (Fig. 3). L'observation des œufs après éclaircissement confirme la présence d'un embryon pourvu de crochets.

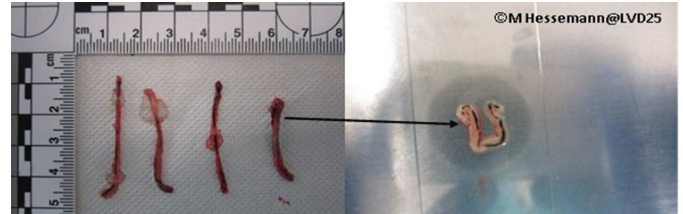


Figure 3 : Observation macroscopique des parasites (autopsie de Sterne)

### Rétrospective sur des cas 2018

Retour en 2018 : Les « laboratoires des Pyrénées et des Landes » (Lagor), suite à l'autopsie d'un cadavre d'un Goéland leucophaé (*Larus michahellis*) juvénile, nous ont transmis des éléments vermiformes retrouvés dans la cavité générale évoquant là aussi des nématodes que nous avons conservés dans du lactophéno, sans réaliser un examen approfondi et sans être à même de poser une identification.

Un réexamen du matériel conservé nous permet maintenant de dire qu'il s'agit aussi de Pentastomidés ! La preuve par l'exemple de l'utilité de la conservation du matériel en collection. Une identification spécifique plus précise sur des caractères morphologiques et moléculaires va être envisagée sur l'ensemble des échantillons qui ont été conservés. Le dimorphisme sexuel est très accusé (de l'ordre de 1 à 10 en faveur des femelles). Aussi le matériel habituellement isolé correspond à des femelles (immatures ou à maturité). ■

**Hubert Ferté (Vecpar/URCA), Philippe Giraud (LVD62), Marc Hessemann (LVD25)**

### Complément d'information : les pentastomidés

Les pentastomidés sont des parasites dont les plus connus en médecine humaine et vétérinaire sont les linguatules (*Linguatula serrata* et *L. rhinaria*). Toutefois l'essentiel des espèces a été décrit chez des serpents qui constituent les hôtes définitifs. Au sein des Pentastomidés, les parasites rencontrés chez les oiseaux à une exception près (mention de pentastomidés chez un vautour moine) appartiennent au genre *Reighardia* et sont inféodés aux oiseaux marins du genre *Larus*, du genre *Sterna*, chez des guillemots (*Uria aalge*) et des Stercorariidés comme le Skua antarctique (*Catharacta maccormicki*). L'espèce la plus commune reconnue est *Reighardia sterna* présente dans la cavité générale (y compris sac aérien) à l'état adulte. Contrairement aux autres Pentastomidés dont le cycle comprend un hôte intermédiaire (ex: Linguatules), les représentants du genre *Reighardia* ont un cycle direct et l'infestation se fait par l'intermédiaire des œufs lors du nourrissage des oisillons ou des juvéniles voire à partir de rejets stomacaux ingurgités par un nouvel oiseau. Après éclosion, les embryons pourvus de crochets vont migrer à travers la paroi intestinale, gagner la cavité générale et donner des adultes dont les femelles fécondées gagneront les sacs aériens. Les œufs pourront ainsi remonter les voies aériennes supérieures et être à disposition dans la sphère oropharyngée (auto-infestation pas totalement écartée ainsi que la contamination par les fientes). D'après la littérature leur présence est associée à des cas de mortalité chez les jeunes, mortalité non documentée chez les adultes.

## Exposition de l'avifaune aquatique à *Clostridium botulinum* en France

### Contexte

Le botulisme chez les oiseaux sauvages est une maladie largement distribuée et potentiellement létale, qui touche principalement les oiseaux d'eau et de rivage et qui soulève d'importants problèmes de conservation. Les neurotoxines botuliques, principalement produites par *Clostridium botulinum*, peuvent provoquer la maladie chez un large panel d'espèces.

### Objectifs de l'étude

Cette étude s'inscrit dans le cadre d'un projet porté par l'Anses et l'OFB visant à améliorer notre compréhension de l'épidémiologie du botulisme dans l'avifaune sauvage (avec une approche OneHealth), qui est encore mal connue. En effet, la prévalence et la dynamique de *C. botulinum* dans le tube digestif ou d'autres tissus des oiseaux sont encore inconnues, qu'il s'agisse d'un portage intermittent lié à une contamination environnementale ou d'un élément du microbiote aviaire normal.

### Matériel et méthodes

Nous nous sommes spécifiquement intéressés à la présence de porteurs sains chez les oiseaux sauvages, et à leur rôle dans l'épidémiologie de la maladie. Pour répondre à cette question, nous avons estimé la prévalence de *C. botulinum* chez des oiseaux sauvages (deux espèces d'Anatidés, le canard colvert *Anas platyrhynchos* et la sarcelle d'hiver *Anas crecca*) grâce à des échantillons provenant d'individus bagués et écouvillonnés (écouvillons cloacaux) (Fig. 1 et 2) ainsi que d'organes d'individus chassés (caecum, foie, muscle du bréchet, gésier, contenu intestinal). Les prélèvements ont été réalisés pendant et en dehors d'épisodes de botulisme.

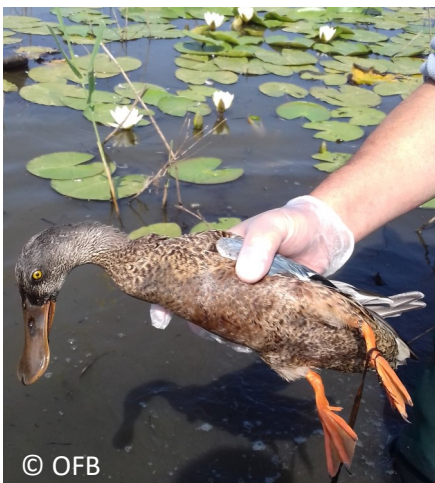


Figure 1 : Exemple d'un canard souchet présentant un signe clinique typique du botulisme : paralysie l'empêchant de nager ou de s'envoler.



Figure 2 : écouvillonnage cloacal d'un canard en vue de la recherche de *C. botulinum*

### Résultats

Nos résultats n'ont pas mis en évidence de portage sain en dehors des épisodes de botulisme, ce qui pose la question de la biodisponibilité de la bactérie et de sa toxine dans l'environnement, ce dernier agissant comme source de contamination. ■

**Emma Meloni (OFB), Caroline Le Marechal (ANSES), Florian Millot (OFB), Ariane Payne (OFB), Clément Calenge (OFB), Matthieu Guillemain (OFB), Anouk Decors (OFB)**

### Pour en savoir plus :

#### [Exposure of waterfowl to Clostridium botulinum in France](#)

Emma Meloni, Caroline Le Marechal, Florian Millot, Ariane Payne, Clément Calenge, Christelle Mazuet, Marianne Chemaly, Sandra Rouxel, Typhaine Poezevara, Amandine Avouac, Betty Plaquin, Matthieu Guillemain, Céline Richomme and Anouk Decors.

Frontiers in Conservation Science (Front. Conserv. Sci.) - Global Biodiversity Threats— Vol. 4—2023—[doi: 10.3389/fcsc.2023.1011555](https://doi.org/10.3389/fcsc.2023.1011555)

## Étude de l'efficacité et de la tolérance de la vaccination des chiens de chasse contre la maladie d'Aujeszky

### La maladie d'Aujeszky, entre faune sauvage et chiens

Le virus responsable de la maladie d'Aujeszky est un virus de la famille des herpesvirus, porté par les Suidés (porcs et sangliers) chez lesquels il n'est pas létal, en revanche il cause la mort des carnivores domestiques (chiens, chats) qui sont des culs-de-sac épidémiologiques (c'est-à-dire qu'ils ne peuvent pas transmettre la maladie à leur tour). Bien qu'éradiqué chez les porcs domestiques depuis 2008, le virus continue de circuler dans certaines populations de sangliers sauvages, à partir desquels on observe des infections ponctuelles des chiens de chasse en contact avec ces sangliers. Malheureusement l'issue est systématiquement fatale pour ces chiens.

### Un vaccin pour les porcs

Un vaccin a été développé par des laboratoires pharmaceutiques pour protéger les porcs d'élevage dans des pays n'ayant pas réussi à aller jusqu'à l'éradication sur leur territoire. Ce vaccin, destiné aux porcs, a régulièrement été utilisé chez les chiens bien qu'aucune étude n'ait pu en déterminer l'efficacité et les effets indésirables sur cette espèce ...

### Contexte de l'étude

Entre 2020 et 2021, les chasseurs de l'Aube ont eu à déplorer plusieurs chiens morts de la maladie d'Aujeszky dans trois de leurs massifs forestiers. En réponse à ces observations, une volonté locale de vacciner un nombre important de chiens est apparue.

La FDC10 a consécutivement proposé une étude de l'efficacité du vaccin chez les chiens. Le pilotage du projet a été assuré par la FNC en lien avec l'Agence Nationale du Médicament Vétérinaire (ANMV), le Laboratoire National de Référence pour la maladie d'Aujeszky (ANSES), Oniris, l'Ecole Vétérinaire de Maisons-Alfort et le Laboratoire Départemental d'Analyses Vétérinaires de l'Aube.

### Mise en place de l'étude vaccinale sur les chiens de chasse

En peu de temps, un protocole a pu être établi, des fiches rédigées pour l'ensemble des acteurs (chasseurs volontaires, vétérinaires volontaires et LVD), une demande de validation par le comité d'Éthique d'Oniris déposée, et une étudiante en thèse d'exercice vétérinaire recrutée pour accompagner la FDC dans la mise en œuvre de cette étude. Cette première thèse vétérinaire s'est terminée en fin d'année 2022 et a permis d'enrichir les connaissances sur les bénéfices et les risques de l'utilisation de ce vaccin chez les chiens de chasse.

Pour cela les travaux se sont basés sur une étude expérimentale de cette vaccination chez le chien, un suivi des effets indésirables et des suivis sérologiques chez ces chiens (tests ELISA et séroneutralisation), en plus d'une estimation de la prévalence de la maladie chez les sangliers dans les massifs suivis.

### Premiers résultats de l'étude conduite en 2021-2022

L'étude a été menée dans deux massifs forestiers du département de l'Aube. 157 chiens vaccinés ont été suivis par 60 propriétaires volontaires. 320 sangliers tués à la chasse ont fait l'objet de prélèvements sanguins au niveau du sinus cérébelleux.

Les principaux effets indésirables recensés chez les chiens vaccinés ont été une inflammation avec gonflement et chaleur au site d'injection (22%), un changement de comportement avec prostration (22%), et une variation de l'appétit des chiens (13%). Ces signes se sont résolus spontanément en l'espace de quelques jours dans l'ensemble des cas.

Les résultats des analyses sérologiques sont en cours de traitement et il est encore trop tôt pour conclure quant à l'efficacité de ce vaccin chez le chien. Une seconde année d'étude vient d'être entamée (saison de chasse 2022-2023), qui fera l'objet d'une seconde thèse vétérinaire, afin de consolider le jeu de données et apporter un éclairage sur l'utilité ou non de vacciner ses chiens contre cette maladie, selon les mécanismes immunitaires en jeu, et la balance bénéfique/risque étant à déterminer. ■

**Pauline Chaigneau (FNC), Eva Faure (FNC)**

## Investigations épidémiologiques suite à une suspicion de problème de reproduction chez le sanglier dans la Marne

### Contexte

La fédération départementale des chasseurs de la Marne qui participe à l'observatoire « reproduction du sanglier et fructification forestière » a signalé des anomalies observées sur les tractus génitaux des laies chassées au cours de la saison de chasse 2019-2020 sur les territoires de chasse d'Enghien et d'Épernay. Ces anomalies résidaient en une proportion anormalement élevée de corps blancs (12% sur ces territoires contre 2% en moyenne sur les autres territoires de la Marne).

Le corps blanc résulte de la dégénérescence du corps jaune, lui-même issu du follicule ayant produit l'ovule. La formation d'un corps blanc signifie que la femelle est cyclique, mais non gravide (Fig. 1). D'un point de vue physiologique, plusieurs causes peuvent expliquer ce phénomène : malformation génitale qui empêche l'ovule de migrer vers l'utérus, environnement utérin peu propice à l'implantation de l'embryon ou migration des gamètes mâles, absence de saillie (par exemple pour des raisons de problème d'aplomb ou d'infertilité des mâles, ou si le ratio femelles sur mâles est trop élevé), mortalité embryonnaire précoce, nombre d'embryon insuffisant pour envoyer le signal embryonnaire qui maintient le corps jaune, etc.

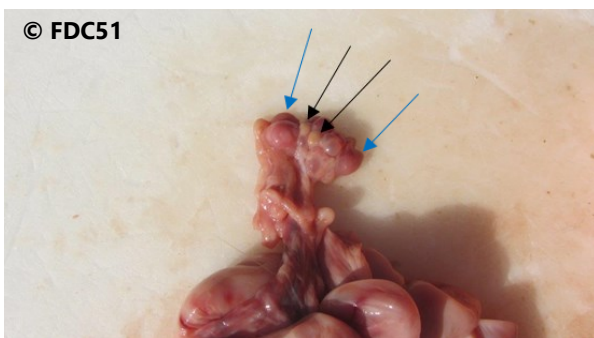


Figure 1: ovaire de laie avec présence de corps blancs (flèches noires) et de corps jaunes (flèches bleues)

### Recherche d'agents infectieux pouvant affecter la reproduction

L'identification de la cause de cette anomalie est délicate car elle est probablement multifactorielle et requerrait de nombreuses investigations. En accord avec la FDC 51, il a été décidé d'investiguer le problème observé sous l'angle infectieux et de réaliser des analyses exploratoires en recherchant l'exposition à des agents pathogènes pouvant occasionner des troubles de la reproduction chez les suidés. Il ne s'agit donc pas d'une démarche diagnostique mais plutôt épidémiologique.

La liste de ces agents a été établie en collaboration avec le laboratoire Laboce, spécialisé dans les pathologies porcines. Elle comportait les agents suivants : virus de la maladie d'Aujeszky, *Brucella* spp, virus du genre *Teschovirus* porcine (voir complément d'information en fin d'article), virus du syndrome dysgénésique et respiratoire porcine (SDRP), *Circovirus* porcine (PCV2), *Toxoplasma* spp et *Leptospira* spp.

Une sérothèque de 85 sérums a été constituée au cours de la saison de chasse 2020-2021 sur le territoire Épernay-Enghien, en ciblant les jeunes (juvéniles et subadultes) pour mettre en évidence une circulation récente des différents agents infectieux.

### Résultats

Les résultats des séroprévalences pour les différents agents infectieux testés sont présentés dans le tableau 1. On constate une séroprévalence élevée pour le PCV2, les *Teschovirus*, le virus de la maladie d'Aujeszky et dans une moindre mesure, *Brucella* spp, tandis que le virus du SDRP, *Toxoplasma* spp et *Leptospira* spp. n'ont pas été détectés.

En dehors du *Teschovirus*, des anticorps vis-à-vis des autres agents infectieux recherchés dans cette étude sont fréquemment rapportés dans les populations de sangliers en France et ailleurs en Europe (Meng et al. 2009, Ruiz-Fons et al., 2007, Payne et al., 2011).

Agent pathogène	Totale	Enghien	Epernay
Virus maladie d'Aujeszky	27,7 [18,4-38,6]	30,8 [17,0-47,6]	25,0 [13,2-40,3]
<i>Teschovirus</i>	44,0 [32,5-55,9]	42,4 [25,5-60,8]	45,2 [29,8-61,3]
<i>Brucella</i> spp	10,6 [4,9-19,1]	9,7 [2,7-23,1]	11,4 [3,8-24,5]
PCV2	67,0 [56,0-76,9]	48,8 [32,9-64,9]	84,1 [69,9-93,3]
SDRP	0 [0-4,2]	0 [0-8,6]	0 [0-8,0]
<i>Toxoplasma</i> spp	0 [0-4,2]	0 [0-8,6]	0 [0-8,0]
<i>Leptospira</i> spp	0 [0-4,2]	0 [0-8,6]	0 [0-8,0]

Tableau 1 : séroprévalence des différents agents pathogènes testés en pourcentage avec intervalle de confiance à 95% sur les 2 territoires et sur Enghien et Épernay séparément.



L'association entre les séroprévalences des différents agents, les territoires (Enghien et Epernay) et le sexe a été testée par un test du  $\chi^2$  d'une part (analyse univariée) et par une analyse des composantes multiples d'autre part (analyse multivariée).

Les résultats montrent une association entre la séropositivité au virus PCV2 et le territoire avec plus d'individus séropositifs sur Epernay et davantage de séronégatifs sur Enghien ( $p=0.001$  pour le test de  $\chi^2$ ).

En outre, les deux analyses montrent que les individus séropositifs au PCV2 sont plus souvent également positifs au virus de la maladie d'Aujeszky ( $p=0.03$  pour le test de  $\chi^2$ ), surtout dans le territoire d'Epernay.

Enfin, l'analyse des composantes multiples suggère également que quelque soit le territoire, les femelles sont davantage séropositives aux *Teschovirus* que les mâles (mais cette association n'est pas retrouvée en analyse univariée) (Fig. 2).

La population de sangliers d'Epernay apparaît donc plus exposée au PCV2 que la population du territoire d'Enghien et les femelles, plus exposées au *Teschovirus* que les mâles.

### Conclusions

Ces résultats ne permettent pas d'imputer le problème de reproduction observé à l'exposition aux agents pathogènes détectés ici. En effet, la présence d'anticorps ne signifie pas forcément une expression clinique affectant la reproduction.

Cette étude a néanmoins mis en exergue une circulation active (étant donné que l'échantillon testé était principalement constitué de jeunes et de subadultes) d'un certain nombre d'agents pathogènes pouvant interférer avec la reproduction. Une étude conduite en Espagne (Ruiz-Fons et al., 2006), recherchant d'éventuelles associations entre l'exposition aux virus de la maladie d'Aujeszky, du PCV2 et de *Brucella* spp et différents paramètres de reproduction chez la laie (taux d'ovulation, taille de la portée et résorption embryonnaire, ce dernier paramètre pouvant également être responsable de l'apparition de corps blancs) n'avait pas non plus

trouvé de corrélation entre l'exposition à ces agents et les problèmes de reproduction identifiés. Dans cette étude, une association entre le PCV2 et le virus de la maladie d'Aujeszky avait également été mise en évidence (Ruiz-Fons et al., 2006).

Les résultats de notre étude suggèrent une circulation active du virus PCV2. En fonction de la charge virale, ce virus peut être associé à différents troubles, dont la maladie d'amaigrissement du porcelet. En Espagne encore, une étude a mis en évidence une corrélation positive entre l'abondance relative des sangliers et un niveau moyen à élevé d'anticorps contre le PCV2 chez le sanglier. Le génome viral a été trouvé dans les tissus de plusieurs sangliers dont un marcassin présentant un tableau clinique de maladie d'amaigrissement du porcelet (Vicente et al., 2003).

Afin d'approfondir les impacts lésionnels, cliniques et pathologiques de la circulation du PCV2 mise en évidence ici, la recherche du virus PCV2 par des analyses ultérieures pourrait être intéressante.

L'évolution de la composition des tableaux de chasse des territoires d'Enghien et d'Epernay n'a pas montré de baisse notable du nombre de jeunes depuis les 10 dernières années, ce qui, sous réserve que les plans de chasse soient restés globalement constants, n'attesterait pas de trouble important de la reproduction sur cette période. Continuer à suivre cette évolution permettrait de détecter si le succès reproducteur a en effet baissé suite à ces anomalies observées sur la proportion de corps blancs.

Cette étude souligne la pertinence de la synergie entre réseaux épidémiologique et écologique, ces derniers pouvant permettre d'émettre des signaux contribuant à la veille épidémiologique dans les populations sauvages. ■

**Ariane Payne (OFB), Freddy Talarico (FDC51), Sylvia Turci (Laboce), Mouna Abed-Zahar (Laboce), Ana Belen Cepeda Hontecillas (Laboce), Elvis Lebon (Laboce), Eveline Nivois (OFB), Eric Baubet (OFB) et Anouk Decors (OFB)**

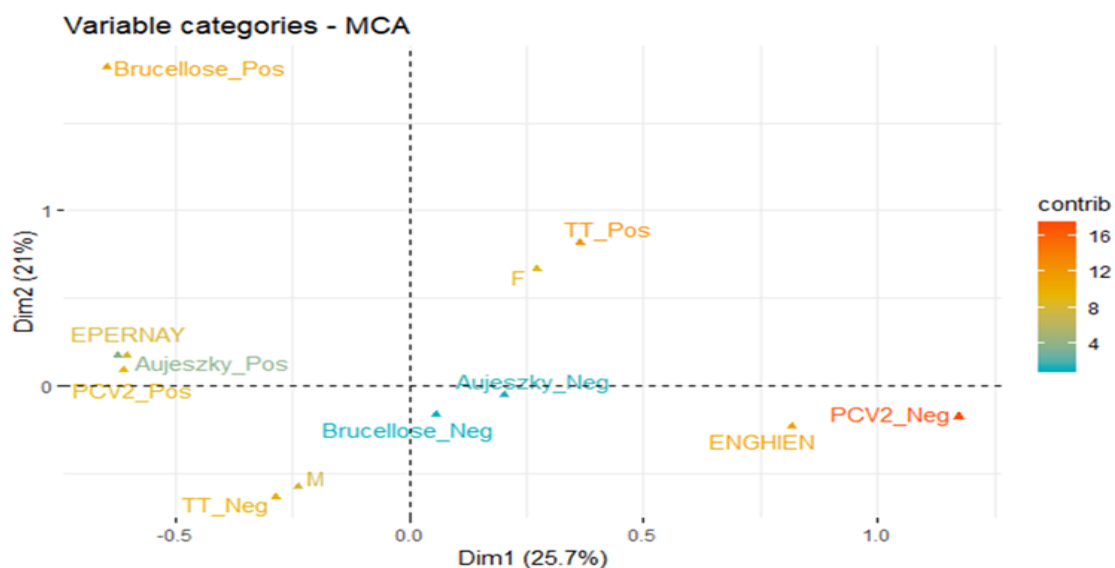


Figure 2 : résultat de l'analyse des composantes principales, représentant les différentes variables sur les 2 premiers axes (F : femelle, M : mâle ; TT\_Pos / TT\_Neg : séropositif / séronégatif au Teschovirus, les autres agents pathogènes sont explicites).

### Références bibliographiques

Boros Á, Nemes C, Pankovics P, Kapusinszky B, Delwart E, Reuter G. Porcine teschovirus in wild boars in Hungary. *Arch Virol*. 2012 Aug;157(8):1573-8. doi: 10.1007/s00705-012-1327-6. Epub 2012 May 9. PMID: 22569887; PMCID: PMC3506014.

Meng XJ, Lindsay DS, Sriranganathan N. Wild boars as sources for infectious diseases in livestock and humans. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci*. 2009 Sep 27;364(1530):2697-707. doi: 10.1098/rstb.2009.0086. PMID: 19687039; PMCID: PMC2865094.

Payne A., Rossi S., Lacour S.A., et al. 2011 Bilan sanitaire du sanglier vis-à-vis de la trichinellose, de la maladie d'Aujeszki, de la brucellose, de l'hépatite E et des virus influenza porcins en France. *Bulletin épidémiologique Santé animale et Alimentation* 44 : 2-8.

Ruiz-Fons, F. Segales J., Gortazar C. A review of viral diseases of the European wild boar: Effects of population dynamics and reservoir rôle, *The Veterinary Journal* (2007), doi:10.1016/j.tvjl.2007.02.017

Ruiz-Fons, F., Vicente, J., Vidal, D., Hoffle, U., Villanueva, D., Gauss, C., Segales, J., Almeria, S., Montoro, V., Gortazar, C., 2006. Seroprevalance of six reproductive pathogens in European wild boar (*Sus scrofa*) from Spain: The effect on wild boar female reproductive performance. *Theriogenology* 65, 731-743

Vicente, J., Segales, J., Hoffle, U., Balasch, M., Planaduran, J.C., Domingo, M., Gortazar, C., 2004. Epidemiological study on porcine circovirus type 2 (PCV2) infection in the European wild boar (*Sus scrofa*). *Veterinary Research* 35, 243-253.

Zimmerman JJ, Karriker LA, Ramirez A. et al., 2019. *Disease of Swine*, 11th edition, Wiley-Blackwell Edition. 1136p.

### Complément d'information : Les *Teschovirus*

Les *Teschovirus* sont un genre de virus appartenant à la famille des *Picornaviridae* qui incluent plusieurs sérotypes dont la pathogénicité est variable. Les *Teschovirus* sont responsables de la maladie de Teschen. Les souches virulentes peuvent entraîner chez le porc une polioencéphalomyélite (inflammation du cerveau d'origine infectieuse), des troubles de la reproduction, de la diarrhée, des pneumonies, des péri-cardites (affection de l'enveloppe cardiaque) et myocardites (affection du muscle cardiaque).

Une seule étude réalisée en Hongrie rapporte la présence de *Teschovirus* (sérotipe 13, PTV-13) chez le sanglier, isolé à partir de prélèvements fécaux, mais aucun signe clinique n'avait été observé chez les sangliers porteurs (Boros et al., 2012).

La transmission du virus se fait par voie oro-fécale. Le virus étant relativement résistant dans l'environnement, une transmission indirecte par des substrats contaminés est également possible. Aucune transmission à l'homme n'a été démontrée (Zimmerman et al., 2019).

En France, la maladie de Teschen fait partie des maladies réglementées d'intérêt national alors qu'elle n'est pas listée dans la nouvelle loi de santé animale au niveau européen (arrêté du 3 mai 2022 listant les maladies réglementées d'intérêt national en application de l'article L.221-1 du code rural et de la pêche maritime).

Chez le sanglier, en France, la maladie de Teschen n'avait jamais été rapportée. Elle a également été recherchée dans le département de la Drôme, suite à l'observation de troubles nerveux dans la population de sangliers. La séroprévalence s'est élevée à 35,7% [24,6-48,0%] pour la saison de chasse 2019-20. Le typage de la souche circulant dans la Drôme est actuellement en cours. Il permettra de mieux caractériser la virulence du virus détecté dans ces populations de sangliers et de les comparer à celles trouvées chez le porc.

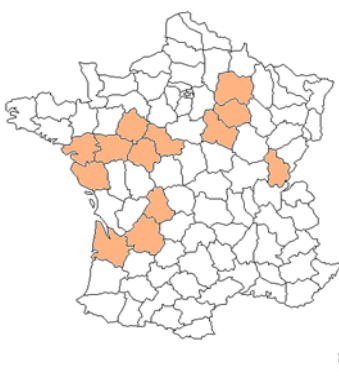
## Etude exploratoire sur le portage de *Salmonella* et *Campylobacter* en faune sauvage

### Contexte

*Campylobacter* et *Salmonella* sont responsables des deux principales zoonoses bactériennes en Europe avec plus de 127000 et 60000 cas reportés respectivement dans l'Union Européenne en 2021<sup>[1]</sup>. Ces bactéries colonisent une large variété d'animaux, dont la plupart des animaux de rente tels que les volailles, les bovins ou encore les porcs. Le portage de *Salmonella* et *Campylobacter* par ces animaux est majoritairement asymptomatique. Les principales sources et voies de contamination de l'homme par ces bactéries sont la consommation ou la manipulation d'aliments contaminés crus ou insuffisamment cuits ou le contact direct avec les animaux. D'autres facteurs de risque en lien avec l'environnement tels que la consommation de viande de gibier ou encore les baignades en piscines domestiques extérieures ont été identifiés pour la contamination de l'homme par *Campylobacter*<sup>[2]</sup>. Jouer dans un bac à sable a été identifié comme un facteur de risque pour la transmission de *Salmonella* et notamment du sérotype *Typhimurium* à l'homme<sup>[3,4]</sup>. L'environnement et la faune sauvage pourraient ainsi jouer un rôle dans la transmission de ces bactéries à l'homme. Cependant, beaucoup d'études et de projets de recherche s'intéressent à l'épidémiologie de *Salmonella* et *Campylobacter* chez les animaux de rente et très peu se sont intéressés à la faune sauvage. Par conséquent, l'objectif de cette étude exploratoire est d'obtenir des premières données sur le portage par la faune sauvage de *Salmonella* et *Campylobacter* en France pour alimenter de futures études évaluant leur potentielle implication dans les campylobactérioses et salmonelloses humaines.

### Matériel, méthodes et résultats de l'enquête

Afin d'estimer le portage de *Salmonella* et *Campylobacter* par la faune sauvage en France, une enquête terrain a été menée par l'Anses en collaboration avec l'OFB et l'ADILVA qui ont mobilisé, sur la base du volontariat, un réseau de cinq laboratoires partenaires du réseau SAGIR. L'objectif de cette enquête était de réaliser de manière systématique les recherches bactériologiques pour *Salmonella* spp. et *Campylobacter* spp. sur les échantillons de faune sauvage.

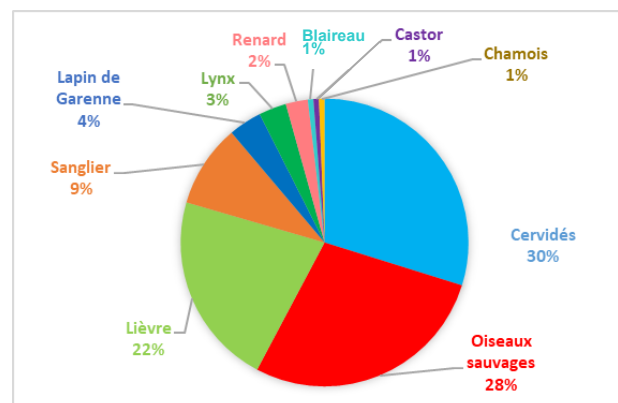


**Figure 1 : Répartition géographique des échantillons récoltés et analysés lors de l'enquête de portage de *Campylobacter* et *Salmonella* en faune sauvage**

L'enquête a été réalisée entre le 1er juin 2020 et le 31 mars 2021. Un total de 162 échantillons provenant de 13 départements français (Fig. 1) a été récolté et analysé. Tous les échantillons étaient issus de cadavres d'animaux sauvages frais (non congelés) envoyés pour autopsie aux laboratoires partenaires dans le cadre du réseau SAGIR.

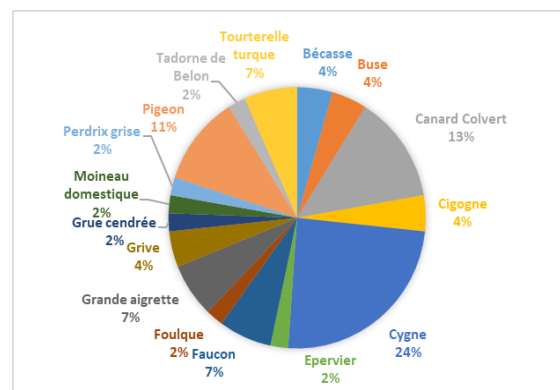
### Résultats

Parmi les 162 échantillons analysés, 13,6 % étaient des contenus intestinaux, 80,2 % des contenus caecaux et 6,2 % des contenus intestinaux et caecaux mélangés. Les échantillons provenaient principalement de cervidés (29,6 %) (regroupant une biche, 7 cerfs, 1 faon et 39 chevreuils), d'oiseaux sauvages (27,8 %) et de lièvres (21,6 %), suivis par les sangliers, lapins de Garenne, lynx ou encore renards. Pour d'autres espèces animales (castor, blaireau et chamois), un seul individu a été analysé (Fig. 2).



**Figure 2 : Espèces animales échantillonnées dans l'enquête de portage de *Campylobacter* et *Salmonella* en faune sauvage**

Les oiseaux sauvages regroupaient 16 espèces d'oiseaux différentes (Fig 3). Les cygnes constituaient la majorité des cadavres d'oiseaux sauvages analysés (24 %), suivis des canards colvert (13 %) et des pigeons (11 %).



**Figure 2 : Espèces d'oiseaux sauvages échantillonnées dans l'enquête de portage de *Campylobacter* et *Salmonella***

Chaque laboratoire participant à l'enquête a utilisé le protocole mis en œuvre habituellement dans son laboratoire pour rechercher *Campylobacter* spp. et *Salmonella* spp. dans ces échantillons isolés de la faune sauvage. Pour la détection de *Salmonella*, les méthodes normées NF U 47-100, NF U 47-101, NF U 47-102 ou la méthode validée BIO-12-16-09-05 (VIDAS Easy Salmonella) ont été utilisées. Pour la détection de *Campylobacter*, la méthode validée Campyfood (BIO 12/30-05/10) a été majoritairement utilisée, ainsi qu'une méthode adaptée de la norme NF EN ISO 10272.

*Campylobacter* a été détecté dans 33 échantillons, principalement chez des oiseaux sauvages (12/45), des sangliers (8/15) et des cervidés (9/48). Deux lièvres étaient également positifs à *Campylobacter* ainsi qu'un renard et un lynx, soit un portage global de 20,6 % (Fig. 4). L'espèce animale dans laquelle le portage de *Campylobacter* était le plus élevé est le sanglier avec 53 % des animaux porteurs de *Campylobacter*. Chez les oiseaux sauvages, 4 cygnes étaient porteurs de *Campylobacter* sur 7 analysés, ainsi que 2 bécasses (2/2), une buse (1/2), un pigeon (1/4), une perdrix (1/1), un épervier (1/1) et une foulque (1/1).

L'espèce des isolats de *Campylobacter* récoltés à partir des contenus intestinaux et/ou caecaux d'animaux sauvages a été identifiée par Maldi-TOF. *Campylobacter lanienae* est la principale espèce de *Campylobacter* isolée à partir de sangliers (7/8 ; 87,5 %). Cette espèce a également été identifiée chez un cervidé, et l'espèce *Campylobacter hyointestinalis* chez deux cervidés. Au sein des oiseaux sauvages, l'espèce principalement isolée était *Campylobacter jejuni* (5/12 ; 41,7 %), suivie de *Campylobacter coli* (4/12 ; 33,3 %), tandis qu'un oiseau présentait un portage simultané de *C. jejuni* et *C. coli*. *C. jejuni* a été identifié à partir d'un lièvre et d'un lynx positifs à *Campylobacter*, tandis que *Campylobacter fetus* a été isolé à partir d'un renard. Parmi l'ensemble des isolats de *Campylobacter* récoltés durant cette enquête, près d'un tiers (29/98 ; 29,6 %) n'a pas repoussé après cryoconservation. Pour deux animaux, un lièvre et un cervidé, l'identification de l'espèce des isolats récoltés n'a pas été possible. Ainsi parmi les 33 animaux positifs à *Campylobacter*, 8 portaient du *C. lanienae* (24 %), 7 du *C. jejuni* (21 %), 4 du *C. coli* (12 %), 2 du *C. hyointestinalis*, 1 du *C. fetus* et 1 co-portait *C. jejuni* et *C. coli*.

*Salmonella* a été détectée dans 8 échantillons, avec un portage global de 4,9 %. Près de 6,7 % des oiseaux sauvages étaient porteurs de *Salmonella* (3/45), dont 2 cigognes (2/2) et 1 faucon (1/2). Chez les cervidés, près de 6,3 % des animaux étaient porteurs (3/48) ainsi que 6,7 % des sangliers (1/15) et 2,9 % des lièvres (1/35) (Fig. 4).

Le sérotype des isolats de *Salmonella* issus des contenus intestinaux et/ou caecaux des animaux sauvages a été déterminé par des tests d'agglutination suivant le schéma de Kauffmann-White, selon la norme FD CEN ISO/TR 6579-3. *Salmonella* Enteritidis a été identifiée chez deux cigognes et un chevreuil. *Salmonella* Napoli et *Salmonella* Stourbridge ont été isolées chez deux chevreuils, tandis que les sérotypes Typhimurium et Ajiobo ont été identifiés chez un lièvre et un sanglier respectivement. Enfin un faucon était porteur de *Salmonella arizonae* (O48:z4:z23).

### Discussion

Cette étude exploratoire évalue pour la première fois en France le portage de *Campylobacter* et de *Salmonella* par les animaux issus de la faune sauvage. Ainsi, ces premières données ont permis d'estimer un portage par les animaux sauvages échantillonnés de *Campylobacter* de 20,6 % et de *Salmonella* de 4,9 %. Le sanglier est l'espèce animale ayant le portage de *Campylobacter* le plus élevé (53 %), avec *C. lanienae* l'espèce de *Campylobacter* principalement isolée, en accord avec deux études espagnoles<sup>[5,6]</sup> et une italienne<sup>[7]</sup>. De la même façon chez les oiseaux sauvages, *C. jejuni* et *C. coli*, qui sont les principales espèces responsables des cas humains en France (rapport activité du Centre National de Référence des Campylobacters et des Hélicobacters, année exercice 2020 <https://www.cnrch.fr/wp-content/uploads/2021/08/Rapport-CNRCH-2021.pdf>), sont les principales espèces isolées, ce qui a également été mis en évidence dans plusieurs études<sup>[8-10]</sup>. D'après nos résultats et comme précédemment rapporté, le sanglier semble participer au réservoir de *Salmonella*<sup>[5]</sup>, tout comme les cervidés, ou les oiseaux sauvages<sup>[11]</sup>.

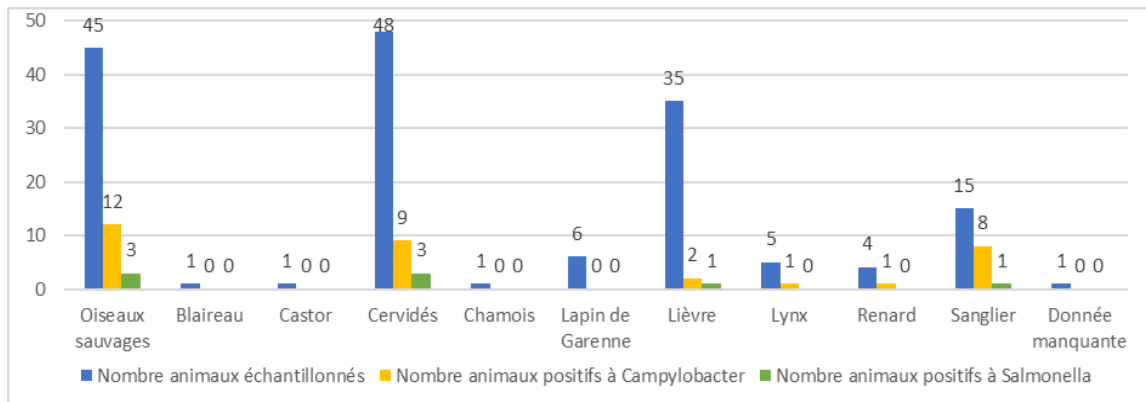


Figure 4 : Détection de *Campylobacter* et *Salmonella* dans les échantillons issus de la faune sauvage

Parmi ces derniers, deux cigognes ont permis l'isolement de *Salmonella* Enteritidis, le sérotype le plus fréquemment impliqué dans les salmonelloses humaines en France depuis 2016 (rapport activité Centre National de Référence des *Escherichia coli*, *Shigella* et *Salmonella*, année exercice 2020, <https://www.pasteur.fr/file/43720/download>), tandis qu'un lièvre portait *Salmonella* Typhimurium, le troisième sérovar le plus impliqué dans les cas humains en France en 2020.

La détection d'isolats appartenant aux espèces de *Campylobacter* ou sérotypes de *Salmonella* les plus impliqués dans les cas humains soutient l'hypothèse d'un rôle potentiel de la faune sauvage, comme réservoir ou vecteur, dans la transmission de ces bactéries à l'homme ou aux productions animales entrant dans la chaîne alimentaire. La caractérisation génétique de ces isolats permettrait d'évaluer leur diversité génétique, et la comparaison des profils obtenus avec ceux d'isolats circulant chez les animaux de rente et issus de cas humains permettrait de valider ou non cette hypothèse. Ces données pourraient être utilisées dans des études d'attribution des sources visant à estimer l'implication relative des différents réservoirs animaux et environnementaux de *Salmonella* et *Campylobacter*, dans les cas humains de salmonellose et campylobactériose. ■

**Thépault Amandine (ANSES), Bonifait Laetitia (ANSES), Baugé Louise (ANSES), Quesne Ségolène (ANSES), Payne Ariane (OFB), Decors Anouk (OFB), Gibout Olivier (LVD10, ADILVA), Chenoufi Norchen (LVD67, ADILVA), Nicollet Philippe (LVD85, ADILVA), Guyard Muriel (ANSES), Rivoal Katell (ANSES), Denis Martine (ANSES), Kerouanton Annaëlle (ANSES), Marianne Chemaly (ANSES)**

*Cette étude a été financée par le projet DiSCoVeR de l'EJP One Health. Nous tenons à remercier l'ensemble des laboratoires participants à cette enquête pour leur implication et les analyses effectuées.*

## Références bibliographiques

1. EFSA, ECDC: **The European Union One Health 2021 Zoonoses Report**. *EFSA Journal* 2022, **20**(12).
2. Mughini Gras L, Smid JH, Wagenaar JA, de Boer AG, Havelaar AH, Friesema IH, French NP, Busani L, van Pelt W: **Risk factors for campylobacteriosis of chicken, ruminant, and environmental origin: a combined case-control and source attribution analysis**. *PLoS One* 2012, **7**(8):e42599.
3. Mughini-Gras L, Enserink R, Friesema I, Heck M, van Duynhoven Y, van Pelt W: **Risk factors for human salmonellosis originating from pigs, cattle, broiler chickens and egg laying hens: a combined case-control and source attribution analysis**. *PLoS One* 2014, **9**(2):e87933.
4. Doorduyn Y, Van Den Brandhof WE, Van Duynhoven YT, Wannet WJ, Van Pelt W: **Risk factors for Salmonella Enteritidis and Typhimurium (DT104 and non-DT104) infections in The Netherlands: predominant roles for raw eggs in Enteritidis and sandboxes in Typhimurium infections**. *Epidemiol Infect* 2006, **134**(3):617-626.
5. Castillo-Contreras R, Marin M, Lopez-Olvera JR, Ayats T, Fernandez Aguilar X, Lavin S, Mentaberre G, Cerda-Cuellar M: **Zoonotic Campylobacter spp. and Salmonella spp. carried by wild boars in a metropolitan area: occurrence, antimicrobial susceptibility and public health relevance**. *Sci Total Environ* 2022, **822**:153444.
6. Carbonero A, Paniagua J, Torralbo A, Arenas-Montes A, Borge C, Garcia-Bocanegra I: **Campylobacter infection in wild artiodactyl species from southern Spain: occurrence, risk factors and antimicrobial susceptibility**. *Comp Immunol Microbiol Infect Dis* 2014, **37**(2):115-121.
7. Kerkhof PJ, Peruzzy MF, Murru N, Houf K: **Wild boars as reservoir for Campylobacter and Arcobacter**. *Vet Microbiol* 2022, **270**:109462.
8. Wysok B, Soltysiuk M, Stenzel T: **Wildlife Waterfowl as a Source of Pathogenic Campylobacter Strains**. *Pathogens* 2022, **11**(2).
9. Ahmed NA, Gulhan T: **Campylobacter in Wild Birds: Is It an Animal and Public Health Concern?** *Front Microbiol* 2021, **12**:812591.
10. Mencia-Gutierrez A, Martin-Maldonado B, Pastor-Tiburón N, Moraleta V, Gonzalez F, Garcia-Pena FJ, Perez-Cobo I, Revuelta L, Marin M: **Prevalence and antimicrobial resistance of Campylobacter from wild birds of prey in Spain**. *Comp Immunol Microbiol Infect Dis* 2021, **79**:101712.
11. Uelze L, Bloch A, Borowiak M, Grobbel M, Deneke C, Fischer M, Malorny B, Pietsch M, Simon S, Szabo I et al: **What WGS Reveals about Salmonella enterica subsp. enterica in Wildlife in Germany**. *Microorganisms* 2021, **9**(9).

## Etude sur la complémentarité et le recouplement des données SAGIR et réseau « ongulés sauvages »

### Les réseau « ongulés sauvages »

Le réseau « Ongulés sauvages » (OS) a été créé en 1985 et repose sur un partenariat entre l'Office français de la biodiversité (OFB), la fédération nationale des chasseurs (FNC) et l'ensemble des fédérations départementales des chasseurs (FDC). Ce réseau a pour principal objectif de suivre les évolutions spatiales et démographiques des 14 espèces d'ongulés sauvages présentes en France métropolitaine.

### Mortalité anormale et observation de l'état sanitaire des populations de Cerf élaphe

En 2018, le réseau SAGIR a détecté des signaux anormaux de mortalité chez le Cerf élaphe, dans plusieurs départements. Afin de compléter les signalements obtenus via le réseau SAGIR et avoir une image plus complète de la situation, une enquête a été réalisée par le réseau OS.

Des questions sur la situation sanitaire pour chaque entité de populations au cours des 5 dernières années ont été rajoutées à l'enquête de mise à jour des zones de présence du Cerf élaphe en France réalisée par le réseau OS en 2021. Les questions posées portaient uniquement sur une liste de signes cliniques précis (Absence de poil modérée ou sévère chez au moins 5 individus, maigreur importante chez au moins 5 individus, titubation ou perte d'équilibre chez au moins 1 individus ou au moins 1 individus qui tourne en rond).

### Comparaison des signalements entre les réseaux

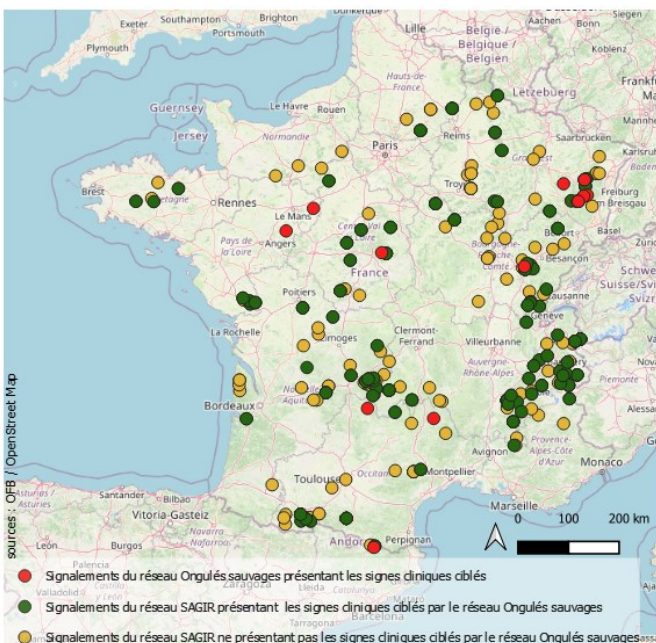


Figure 1: Distribution spatiale des signalements de morbidité et mortalité de cerfs obtenus par les réseaux SAGIR et OS.

Lorsqu'on regarde la répartition spatiale de l'ensemble des signalements de morbidité, on remarque que globalement les signalements du réseau OS se superposent à ceux du réseau SAGIR. Certains signalements apportent néanmoins une information spatiale supplémentaire (Pays de la Loire et Occitanie) (fig. 1).

Les signalements du réseau OS sont ceux remontés lors de l'enquête portant sur la période 2016-2021. Les signalements du réseau SAGIR sont les cerfs enregistrés pour la base de données Epifaune (il se peut que certains évènements concernant des cerfs n'aient pas été saisis dans la base) pour la période 2014-Nov2022.

Si l'on regarde plus finement au niveau des syndromes qui sont signalés par les deux réseaux, on se rend compte qu'il se recouvent très largement (tableau 1).

Départements	Syndromes signalés au réseau Ongulés sauvages	Syndromes signalés au réseau SAGIR
18	Tourne en rond	Marche en cercle large
39	Pelade	Maigreur
48	Maigreur	
66	Pelade	Peau cartonnée Animal maigre
72	Déséquilibre	
88	Maigreur Déséquilibre Tourne en rond	Maigreur Tourne sur lui-même Troubles cutanés Animal qui chute

Tableau 1 : comparaison des syndromes signalés par les deux réseaux (SAGIR et OS), par département.

Cette comparaison semble donc souligner que très peu de signalements échappent au réseau SAGIR puisque seuls une dizaine de cas ont été enregistrés par le réseau OS. Cela peut s'expliquer par le fait que les observateurs des réseaux SAGIR et OS sont probablement en grande partie les mêmes.

Le réseau SAGIR s'intéresse principalement aux processus suraigus qui aboutissent à la mort. Une hypothèse pour expliquer pourquoi certains signalements ont échappé à ce réseau est qu'ils ont pu concerner des processus non létaux. Une autre hypothèse est qu'il peut s'agir d'évènements isolés qui, à l'échelle départementale (échelle structurelle pour le réseau SAGIR), n'ont pas paru anormaux.

Afin d'investiguer les processus qui n'aboutissent pas à la mort, le réseau SAGIR travaille de plus en plus sur la base de photos et vidéos qui sont ensuite analysés par des experts. Il ne faut donc pas hésiter, à nous envoyer de telles photos ou vidéos à l'adresse [sagir@ofb.gouv.fr](mailto:sagir@ofb.gouv.fr).

**Nicolas Toulet (OFB), Aurélie Barbotin (OFB), Anouk Decors (OFB)**

## Revue de presse

### Parasites : Un filaire chez le lièvre et une review sur les mouches vectrices

F. A. Abade dos Santos, M. D. Duarte, C. L. Carvalho, M. Monteiro, P. Carvalho, P. Mendonça, P. C. L. G. Valente, H. Sheikhnejad, H. Waap, J. Gomes, *Genetic and morphological identification of filarial worm from Iberian hare in Portugal*, *Scientific reports*, 12, 2022 ([lien](#))

Le Lièvre ibérique (*Lepus granatensis*) est la seule espèce de lièvre présente au Portugal. Bien que plusieurs vers parasites aient été décrits chez l'espèce, le présent article constitue la première description de filaire chez le lièvre ibérique. Les vers retrouvés en 2019 chez deux lièvres adultes sont proches de *Micipsella numidica* mais appartiennent à une nouvelle espèce (*Micipsella iberica* n. sp.). La distribution de ces vers dans la circulation sanguine et leur physiologie en font une menace théorique pour les populations de lièvres, et des études épidémiocliniques complémentaires sont nécessaires. ■

J. H. Yin, P. J. Kelly, C. Wang, *Flies as Vectors and Potential Sentinels for Bacterial Pathogens and Antimicrobial Resistance: A Review*, *Veterinary science*, 9 (6) ([lien](#))

De par leur biologie et leur large distribution dans les milieux anthropisés, les mouches sont d'excellentes candidates pour la vectorisation de bactéries pathogènes et avec elles le maintien des gènes de résistance aux antibiotiques. La review fait une synthèse des connaissances sur le sujet : transmission horizontale de gènes bactériens dans le tube digestif des mouches, reproduction bactérienne et transfert vertical de gène dans le vecteur, etc. Mais les auteurs mettent également en avant le possible rôle de sentinelle des mouches vectrices pour la surveillance des résistances aux antibiotiques. ■

### Parvovirus type 2 : du chien aux porcins ... en passant par la faune sauvage ?

G. Temeeyasen, T. A. Sharafeldin, C-M. Lin, B. M. Hause, *Spillover of Canine Parvovirus Type 2 to Pigs, South Dakota, USA, 2020*, *Emerging infectious diseases*, 28 (2), 2022 ([lien](#))

Apparu chez le chien en 1978 suite à un spillover du virus de la panleucopénie féline par l'intermédiaire d'espèces sauvages, le parvovirus canin de type 2 est connu pour passer régulièrement les barrières d'espèce et est largement répandu chez les espèces de carnivores sauvages. En octobre 2020 il a cependant été isolé chez des cochons pour la première fois. La découverte du virus chez un cochon domestique dans le Dakota du Sud a été fortuite. Une analyse rétrospective de tissus archivés a ensuite permis de mettre en évidence une prévalence du virus de 10% chez les cochons, et des études prospectives complémentaires ont mis en évidence une prévalence encore supérieure chez les suidés domestiques dans le Dakota. Les analyses génétiques des souches porcines ont mis en évidence une forte similarité avec des souches circulantes dans le compartiment sauvage, suggérant une origine sylvatique de la souche porcine. ■

### Un nouvel Orthoreovirus chez les canards

Renáta Varga-Kugler, Szilvia Marton, Ákos Thuma, Katalin Szentpáli-Gavallér, Ádám Bálint, Krisztián Bányai, *Candidate 'Avian orthoreovirus B': An emerging waterfowl pathogen in Europe and Asia?* *Transboundary and emerging diseases*, 69 (5) 1-7, 2022 ([lien](#))

En 2019 en Hongrie un virus a été isolé à partir d'un groupe reproducteur de canards de Pékin, suite à un épisode de baisse importante de ponte. Lors de l'analyse histologique, des lésions de l'oviducte et des poumons ont été mises en évidence. Les analyses de métagénomique ont permis de caractériser l'agent comme étant un *Orthoreovirus* (Reo/HUN/DuckDV/2019 with). Ce virus présentant des similarités génomiques faibles à modérées avec les *orthoreovirus* des galliformes et ansériformes, mais également avec le groupe des *orthoreovirus* néoaviaires. En revanche la souche isolée présentait une forte similarité génomique avec les souches allemandes et chinoises isolées récemment, faisant de ces trois virus un groupe monophylétique de virus atypique affectant les oiseaux d'eau et avec une origine commune. Le fait que ce nouveau virus *Avian orthoreovirus B* soit isolé sur des canards moribonds en Chine et en Europe est une source de préoccupation importante vis-à-vis des oiseaux d'eau. ■

### Bagaza virus au Portugal

J. Queirós, S. C. Barros, A. Sánchez-Cano, A. M. Henriques, T. Fagulha, F. Abade dos Santos, M. D. Duarte, C. Fontoura-Gonçalves, D. Gonçalves, M. Rodrigues, T. Cardona Cabrera, Isabel G. Fernández de Mera, C. Gortazar, U. Höfle, and P. C. Alves, *Bagaza Virus in Wild Birds, Portugal, 2021, Emerging infectious diseases (CDC), Research Letter*, 28 (7), 2022 ([lien](#))

Initialement identifié en 1966 en Afrique chez des moustiques, le virus Bagaza a été retrouvé associé à des mortalités de vertébrés pour la première fois en 2010 en Espagne, chez des perdrix rouges (*Alectoris rufa*) et des faisans de Colchide (*Phasianus colchicus*). Il a ensuite été retrouvé en Afrique du Sud en 2016, mais n'avait pas été détecté en Europe en dehors de l'Espagne. En 2021, il a été retrouvé au Portugal, chez un Bruant proyer (*Emberiza calandra*) et plusieurs perdrix rouges. Les souches espagnoles de 2010 et les souches portugaises de 2021 présentent de fortes similarités de séquence.

Le virus Bagaza appartient au genre des *Flavivirus* (comme les virus USUTU et WN), transmis par des moustiques. Il cause des troubles neurologiques chez les oiseaux sensibles (perdrix et faisans surtout). Il est associé à une mortalité de 30% environ.

Au Portugal en 2021, une prévalence de 13.3% a également été mise en évidence sur 30 perdrix rouges vivantes. ■

### Les couleuvres à collier (Natrix natrix) réservoirs de parasites

A. Belcik, M. Rozycki, W. Korpsya-Dzirba, G. Marucci, Z. Fafinski, P. Fafinska, J. Karamon, M. Kochanowski, T. Cencek, E. Bilska-Zajac, *Grass Snakes (Natrix natrix) as a Reservoir of Alaria alata and Other Parasites, Pathogens* 2022, 11(2), 156 ([lien](#))

50/51 des couleuvres à collier capturées dans cette étude se sont révélées infectées par des parasites (diagnostic moléculaire). *Alaria alata* a été retrouvé chez 30 individus, quatre autres espèces de trématodes ont été retrouvées et certaines espèces parasitaires n'ont pas pu être identifiées. *Crenosoma vulpis* et autres nématodes ont également été identifiés. Cette étude suggère que les couleuvres à collier sont d'excellents vecteurs d'*Alaria alata* et une potentielle source de contamination pour les mammifères (notamment sangliers et renards). Augmentant ainsi le risque de contamination humaine par la consommation de viande de gibier crue ou insuffisamment cuite.

*Alaria alata* est un trématode avec un cycle complexe incluant des hôtes définitifs que sont les mammifères carnivores, des hôtes intermédiaires aquatiques (escargot d'eau et têtards) et des hôtes paraténiques (e.g. suidés, rongeurs, reptiles). Chez l'Homme l'alariose peut se traduire par un syndrome anaphylactique.

Pour plus d'information sur *Alaria alata* : Lettre SAGIR 182 ■

### Agents zoonotiques : quelques nouveautés

C. F. Frey, W.U. Basso, S. Zürcher-Giovannini, I. Marti, S. Borel, S. Guthruf, D. Gliga, B. Lundström-Stadelmann, F. C. Origi, M.-P. Ryser-Degiorgis, *The golden jackal (Canis aureus): A new host for Echinococcus multilocularis and Trichinella britovi in Switzerland, SAT – ASMV*, 1, 71-78, 2022 ([lien](#))

Le chacal doré (*Canis aureus*) est un carnivore nouvellement présent en Suisse, le plan de surveillance sanitaire de l'espèce a permis d'analyser quatre individus entre 2016-2021, mettant en évidence la présence de divers parasites, dont *Echinococcus multilocularis* et *Trichinella britovi* qui sont des parasites zoonotiques à déclaration obligatoire. ■

S. Hannaoui, I. Zemlyankina, S. C. Chang, M. I. Arifin, V. Béringue, D. McKenzie, H. M. Schatz, S. Gilch, *Transmission of cervid prions to humanized mice demonstrates the zoonotic potential of CWD, Acta Neuropathologica* (2022) 144:767-784, ([lien](#))

Les prions sont des agents bien connus d'atteintes neurodégénératives chez les mammifères, parmi lesquelles la maladie du dépérissement chronique des cervidés (ou Chronic Wasting Disease, 'CWD') qui touche à la fois des espèces sauvages et domestiques avec une prévalence en hausse. Cette étude sur des souris génétiquement modifiées pour servir de modèle humain, a mis en évidence le potentiel zoonotique du prion de la CWD avec une expression clinique atypique sans manifestation neuropathologique, et une réplication dans le cerveau mais aussi dans les fèces. De plus, la signature du prion est inhabituelle, présupposant des difficultés diagnostiques chez l'Homme. Le passage de la barrière d'espèce vers l'Homme semble plus complexe que pour le prion responsable de l'ESB chez les bovins et de la maladie de Creutzfeldt-Jacob, mais si le prion de la CWD devait passer chez l'Homme, la présence de particules infectieuses dans les fèces fait craindre une transmission interhumaine jusque là inexistante pour les maladies à prion humaines. ■



## Revue de presse du réseau

### Le réseau SAGIR, la surveillance au carrefour des enjeux

*A. Decors, S. Desvaux, A. Payne, L. Hivert, O. Cardoso, M. Brulez, D. Gauthier, E. Faure, Le réseau SAGIR, la surveillance au carrefour des enjeux, *bull. epid.*, 2022 ([lien](#))*

Le réseau SAGIR est le principal réseau de surveillance événementielle qui a pour objectifs, depuis plus de 35 ans, de détecter précocement et surveiller les maladies de la faune sauvage sur l'ensemble du territoire français. La surveillance du réseau s'appuie sur une démarche diagnostique et repose sur la détection et la prise en charge de signaux anormaux de mortalité ou morbidité sans présumer de l'étiologie. Le réseau est capable de détecter les maladies relevant de différents enjeux et s'inscrit dans les démarches OneHealth et EcoHealth. Le processus d'échantillonnage du réseau peut être harmonisé, renforcé et basé sur le risque, si un agent pathogène d'intérêt particulier le nécessite. ■

### Maladie de l'Oedème chez les sangliers en France

*A. Perrat, G. Petit, K. Chalvet-Monfray, G-P. Martineau, F. Etienne, S. Turci, M-H. Bayon-Auboyer, V. Grosbois, P. Branchu, H. Brugère, E. Oswald, A. Decors, F. Auvray, Un clone hybride d'Escherichia coli shigatoxinogène et entérotoxinogène responsable de la maladie de l'œdème chez un sanglier sauvage (*Sus crofa*), *bull. epid.*, 2022 ([lien](#))*

La maladie de l'œdème affecte le porc domestique et se caractérise par une entéro-toxémie aigüe souvent fatale, causée par des souches de *Escherichia coli* productrices de shigatoxines ('STEC'). En 2013 les premiers cas en condition naturelle sont détectés en France chez des sangliers. Une forte saisonnalité est ensuite mise en évidence, probablement en lien avec la période des mises-bas, les jeunes au sevrage étant les plus sensibles. Le séquençage des souches retrouvées chez le sanglier a permis de mettre en évidence un pathotype hybride STEC/ ETEC (*E. coli* entérotoxinogène) sérotype 0139:K82:H1. Ce pathotype n'étant pas décrit chez le porc domestique, cette découverte illustre la plasticité des génomes bactériens et le rôle de la faune sauvage comme réservoir ou révélateur de la circulation d'agents infectieux non encore détectés dans le compartiment domestique. ■

*F. Jori, G. Petit, N. Civil, A. Decors, F. Charrier, F. Casabianca, V. Grosbois, A questionnaire survey for the assessment of wild - domestic pig interactions in a context oedema disease outbreaks among wild boars (*Sus scrofa*) in South-Eastern France. *Transvoundary and emerging diseases*, 1-7, 2022. ([lien](#))*

L'essor de l'élevage de porcs en plein air, couplé à l'expansion des populations de sangliers augmente les interactions entre suidés domestiques et sauvages. En Ardèche des cas de mortalité liés à des cas de maladie de l'œdème ont été recensés entre 2013 et 2016. Une enquête avec des entretiens semi-dirigés à destination de 30 éleveurs plein air et 30 chasseurs, a permis d'étudier le lien entre ces mortalités de sangliers et les interactions entre les compartiments sauvages et domestiques. L'enquête a mis en évidence un pourcentage non négligeable de cochons domestiques errants, d'intrusions de sangliers sur des zones d'élevage, et de cochon, de type cochon vietnamien, en divagation libre. Les facteurs de risque identifiés de maladie de l'œdème chez le sanglier sont : une végétation forestière, une forte densité de sangliers, des niveaux de biosécurité inférieurs dans les élevages, et les intrusions de sangliers dans les parcelles en plus de la présence de cochon vietnamien en divagation. ■



### **Mortalités de Loup et de Lynx**

**A. Lena, M. Paul, C. Duchamp, J-M. Vandiel, N. Jean, L. Hivert, M. Delpont, A.Decors, Analyse des causes de mortalité du lynx et du loup en France, Biodiversité des clés pour agir, n°2, p9-13,2022 ([lien](#))**

Le lynx boréal et le loup gris sont revenus en France respectivement dans les années 1970 et en 1992. Deux réseaux œuvrent ensemble pour étudier les causes de mortalité et/ou de maladies potentielles de ces deux espèces protégées : le réseau Loup-Lynx et le réseau SAGIR. La mortalité peut être en effet un indicateur clé pour évaluer la qualité des milieux d'accueil et détecter précocement un problème sanitaire.

Bilan de 30 années de surveillance, de 1990 à 2020 : 175 lynx et 235 loups retrouvés morts sur l'ensemble des aires de répartition. Les collisions routières constituent la principale cause de mortalité détectée. ■

### **Surveillance renforcée chez les oiseaux : West-Nile (WN) et Influenza aviaire (IA)**

**Groupe de suivi WestNile, Bilan de la saison 2021 de fièvre West Nile en Europe, plateforme ESA, 2022, <https://www.plateforme-esa.fr/fr/node/1213>**

Bilan de la saison 2021 de fièvre West Nile en Europe

Tableau 1. Répartition par pays du nombre de cas humains, de cas chez l'avifaune libre ou captive et de foyers chez les équins de fièvre West Nile dans l'Union européenne (hors territoires ultramarins) (source : Commission européenne ADIS, OIE, ECDC consultés le 18/03/2022).

Pays	Date de détection du premier événement	Nombre de foyers équins	Nombre de cas dans l'avifaune libre ou captive	Nombre de cas humains (acquis localement)
Allemagne	16/04/2021	17	16	4
Autriche	21/07/2021	0	0	3
Espagne	09/06/2021	11	7	6
France*	26/09/2021	2	0	0
Grèce	14/07/2021	1	0	57
Hongrie	14/08/2021	3	0	7
Italie	19/06/2021	6	0	55
Portugal	07/09/2021	4	0	0
Roumanie	27/07/2021	0	0	7
Slovénie	18/08/2021	0	1	0
Europe**	16/04/2021	44	24	139

\*France métropolitaine / \*\*UE, la Serbie n'est pas incluse

En France, 44 cadavres pour 30 événements de mortalité dans l'avifaune ont fait l'objet d'une analyse PCR WN. La note reprend ensuite des aspects phylogénétiques, géographiques et épidémiologiques. ■

**Point de situation influenza aviaire FS pour le premier semestre 2022, OFB <https://www.plateforme-esa.fr/fr/bilan-de-liahp-sur-lavifaune-sauvage-en-france-au-30-juin-2022>**

Le premier semestre 2022 a été marqué par un nombre sans précédent de cas d'influenza aviaire (IA) dans les populations d'oiseaux sauvages. Cette situation est liée à des changements épidémiologiques apparus sur le 1er semestre 2022 (et qui se confirment au second semestre), avec trois faits nouveaux majeurs :

- l'apparition de clusters de cas en grand nombre;
- le maintien de la circulation virale malgré la montée des températures (printemps, été), ce qui conduit à la contamination des oiseaux dès l'éclosion et plus généralement très jeunes et donc très sensibles;
- un spectre d'espèces fortement touchées différent de ce qui a été connu jusqu'alors. Par ailleurs cette modification épidémiologique est observée dans de nombreux pays d'Europe, mais également outre-Atlantique.

En France, 815 oiseaux morts ont été collectés et analysés pour la recherche d'IA du 01/01/2022 au 30/06/2022 (+49,5% par rapport au premier semestre 2021), pour un total de 143 cas positifs à l'IA hautement pathogène (H5N1) parmi les oiseaux sauvages. ■

### Etudes des traumatismes physiques sur la faune sauvage en vue de l'aide à l'interprétation médical (ou médico-légal) par les laboratoires

Des synthèses de la bibliographie relative aux traumatismes chez différentes espèces ont été réalisées. Puis l'analyse des données nécropsiques de cadavres collectés par le réseau SAGIR entre 2014 et 2022 et des dossiers médicaux des carnivores domestiques reçus à l'Ecole Nationale Vétérinaire de Toulouse (ENVT) ont été analysés pour mettre en évidence des associations entre lésions, espèces et nature des traumatismes.

Les résultats serviront de pistes dans l'identification des causes de traumatismes lors d'autopsies, et aideront à la distinction entre une destruction illégale et les autres causes de mortalité lors d'enquêtes médico-légales et participeront également à la distinction entre les différentes causes traumatiques, dans un contexte de surveillance épidémiologique :

#### **Pauline Bouilot, Étude rétrospective des lésions associées aux traumatismes physiques chez les carnivores sauvages (loup, lynx, renard) et domestiques (chien et chat) en France thèse d'exercice vétérinaire, ENVT, 2022 Bilan de la saison 2021 de fièvre West Nile en Europe**

Chez les espèces Loup, Lynx, Renard, Chien et Chat.

Données ENVT : 2011 à 2022

« Notre étude rétrospective a permis de mettre en évidence plusieurs associations entre les lésions, les espèces et les causes de traumatismes. Les tirs légaux et illégaux sont la cause de traumatismes la plus représentée chez le Loup gris et seraient associés à des lésions localisées en région thoracique. Les collisions routières sont la cause de traumatismes la plus fréquente chez le Lynx boréal et la deuxième cause de traumatismes la plus représentée chez les carnivores sauvages et domestiques. Ce traumatisme serait associé à des lésions localisées dans différentes régions du corps, principalement au niveau de l'abdomen et des membres pelviens. Dans cette étude, le poids des animaux ne semble pas être un facteur déterminant dans les patterns lésionnels observés. Toutefois, le manque d'effectifs et de données peut être à l'origine de biais. Les différences observées dans la localisation des lésions entre les Canidés et les Félidés, et entre les Canidés sauvages et domestiques, pourraient s'expliquer par des différences de comportement lors de collisions ou de conflits interspécifiques, et leur compréhension nécessiterait des recherches futures. »

#### **Louis Rouaud, Étude rétrospective des lésions associées aux traumatismes physiques chez les oiseaux et les chiroptères sauvages en France, thèse d'exercice vétérinaire, ENVT, 2022**

Chez les oiseaux et les chiroptères.

Données ENVT : 2016 à 2021

« Notre étude rétrospective a permis de mettre en évidence des rapprochements entre des lésions, des ordres et parfois des causes traumatiques. Une opposition nette réside entre les atteintes de la cavité coelomique, des membres et de la tête chez les oiseaux. Les lésions hémorragiques de la cavité coelomique sont essentiellement internes évocateur de traumatismes contondants.

Les lésions de prédatations sont significativement associées à des plaies cutanées multiples sur l'ensemble du corps et sont décrites chez les Passériformes et les Colombiformes. On les retrouve également chez les Ansériformes, les Galliformes, et les rapaces diurnes. Mais ces derniers sont significativement atteints par des tirs ou des électrisations avec des atteintes appendiculaires osseuses ou tissulaires sans fracture scapulaire. Alors que les rapaces nocturnes présentent préférentiellement des lésions hémorragiques de la tête (collisions routières). Les collisions avec des infrastructures engendreraient plutôt des lésions osseuses du crâne et de la ceinture scapulaire sans atteintes des ailes.

Le manque d'effectifs concernant les chiroptères ne permet qu'une analyse descriptive qui montre la nette prévalence des atteintes des ailes, ce qui est décrit dans plus de 70% de la littérature.

La différence dans les lésions décrites selon la base de données d'origine pourrait s'expliquer par le caractère létal ou non des lésions : les animaux admis en centre de soins sont le plus souvent vivants et notre échantillon ne prend pas en compte les animaux arrivés morts alors que les données Epifaune proviennent d'examen nécropsiques. » ■

## Faits marquants

Période	Territoire(s)	Espèce(s)	Description sommaire du cas
Janvier 2022	04, 05 et 06	Sanglier ( <i>Sus scrofa</i> )	Passage en niveau 2 surveillance PPA.
Mars 2022	25	Grenouille rousse ( <i>Rana temporaria</i> )	Première confirmation de présence <i>ranid herpesvirus 3</i> en France. Le lien entre lésion et présence du virus n'a pas pu être confirmé à l'histologie.
Mai 2022	Cévennes et Pyrénées	Vautour fauve ( <i>Gyps fulvus</i> )	Premier épisode de mortalité sur des vautours fauves en lien avec IAHP.
Juin 2022	67	Sanglier ( <i>Sus scrofa</i> )	Suspicion de maladie de l'oedème, non confirmée pour le moment.
2nd semestre 2022	France : métropole	Fous de Bassan ( <i>Morus bassanus</i> )	Mortalité massive des fous de Bassan en France (dont réserve des 7 îles) en lien avec IAHP.
Septembre 2022	68	Renard roux ( <i>Vulpes vulpes</i> )	Nouveau foyer de maladie de Carré.
Novembre 2022	39	Chevreuril d'Europe ( <i>Capreolus capreolus</i> )	Nouvelle suspicion d'absence de diapause suite à la découverte d'un fœtus chez une biche tuée à la chasse dans le Jura.
Novembre 2022	France : métropole (dont Corse)	Pingouin torda ( <i>Alca torda</i> ) Mouette tridactyle ( <i>Rissa tridactyla</i> )	Mortalité anormale et répartition spatiale de l'espèce inhabituelle, liée à des phénomènes climatiques.
Novembre 2022	971	Pélican sp. ( <i>Pelecanus</i> sp. )	Mortalité anormale de Pélican dans un contexte de mortalité plurispécifique. IAHP exclue, les investigations sont en cours.
décembre 2022	31 & 21	Cerf élaphe ( <i>Cervus elaphus</i> )	Mortalité groupée de Cerf élaphe. L'EHD et le charbon ont été exclus. Suspicion d'intoxication végétale dans le 31. Les investigations sont toujours en cours.
2022	Zone de présence du Lynx	Lynx boréal ( <i>Lynx lynx</i> )	Détection de quelques individus présentant une absence de pavillons auriculaires.

## Vie du réseau

### Formations 2022

La **formation ITD niveau 1** a eu lieu en juin et réuni 20 ITD.

**Deux formations à destination des laboratoires** ont également eu lieu en milieu d'année 2022.

De plus les deux séminaires SAGIR que nous vous annonçons dans la lettre 190 ont bien eu lieu, organisés conjointement avec l'ADILVA et Faunapath :

- le **séminaire « Etude de cas et focus théorique sur les 10 erreurs à ne pas commettre »** à destination des laboratoires en mai, organisé avec l'ADILVA et Faunapath, a réuni 15 vétérinaires et techniciens de laboratoire.
- le **séminaire « médecine légale vétérinaire »** commun aux inspecteurs de l'environnement/vétérinaires & techniciens de laboratoire qui s'est tenu début octobre, regroupant 15 vétérinaires et techniciens de laboratoire, ainsi que 13 inspecteurs de l'environnement.

La **formation zoonose** a eu lieu du 13 au 15 décembre en lien avec Santé Publique France et la CCMSA pour les agents OFB et a réuni 12 participants.

### Formations à venir en 2023

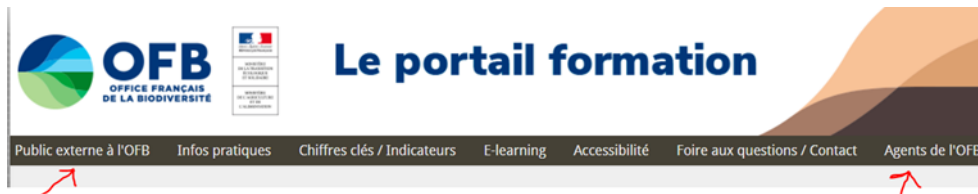
#### **Formations SAGIR à destination des laboratoires**

Les « formations labo » niveaux 1 et 2 auront de nouveau lieu cette année. La formation niveau 1 aura lieu du 30/05 au 01/06, et le niveau 2 aura lieu les 28 et 29 septembre 2023.

#### **Formations ITD**

Les formations niveaux 1 et 2 auront lieu la semaine du 26 au 30 juin au Bouchet (Dry, 45).

Les inscriptions se font sur le [portail de formation](#) OFB.



#### **Formations Outre-mer**

En 2023, des sessions de formation auront lieu en Guadeloupe (1er semestre) et à la Réunion (2nd semestre) pour les membres du réseau concernés

**E-learning** : <https://elearning.ofb.fr/>.

Le module d'E-learning d'Epifaune est toujours disponible.

Un module est en cours de construction portant sur les connaissances à acquérir pour l'octroi des dérogations à la collecte et au transport.

Une formation en e-learning sur la biosécurité est également en cours de finalisation et sera prochainement disponible.

### Les réunions régionales 2023

5 réunions sont prévues (2 en présentiel et 3 en visio) :

**Mardi 07/03, 9h-13h** : Occitanie et Nouvelle-Aquitaine à VISIO

**Judi 09/03, 9h-13h** : Bourgogne Franche-Comté et Grand-Est à VISIO

**Judi 13/04, 10h-16h** : Bretagne, Pays de la Loire, Normandie à Présentiel

**Vendredi 14/04, 9h-13h** : Ile de France, Hauts de France, Centre val de Loire à VISIO

**Judi 11/05, 10h-16h** : Auvergnnes Rhône-Alpes, PACA-Corse à Présentiel

Pour une bonne organisation des réunions, inscription **avant le 15 février** : <https://formulaire.ofb.fr/inscription-reunions-regionales-sagir-1672938563>

### Site internet et ressources du réseau

Comme indiqué dans les précédentes lettres SAGIR les pages dédiées au réseau SAGIR hébergées sur l'ancien site de l'ONCFS ne sont plus accessibles sauf pour les agents de l'OFB, sur l'intranet (<http://www.oncfs.gouv.fr/Reseau-SAGIR-ru105>).

Nous travaillons à la migration des contenus de l'ancien site ONCFS sur le portail technique du site de l'OFB.

En complément, nous vous rappelons qu'en remplacement du site l'ONCFS qui hébergeait les ressources documentaires du réseau, des bibliothèques virtuelles ont été créées (une pour les ITD et une pour les laboratoires) sur Alfresco. Sur ces bibliothèques sont disponibles les archives des lettres SAGIR, mais aussi des documents techniques et les protocoles du réseau, le reste des ressources étant en cours de transfert de l'ancien site vers les bibliothèques virtuelles.

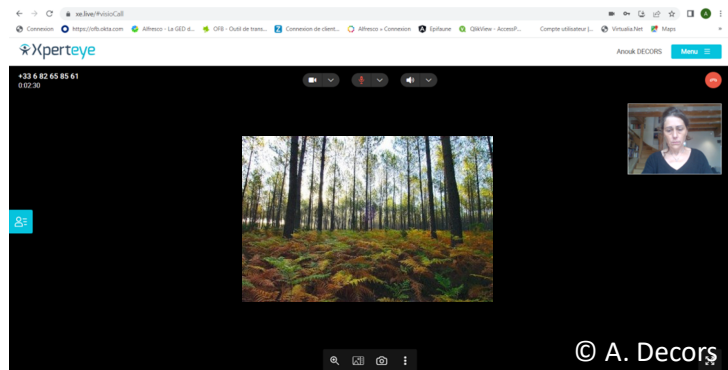
Pour les ITD et LVD qui n'ont pas accès à ces bibliothèques faites-en la demande par mail à [sagir@ofb.gouv.fr](mailto:sagir@ofb.gouv.fr)

### Outils : télédiagnostic

Deux outils d'aide au diagnostic sont mis à disposition par le réseau pour proposer un appui sur des cas complexes ou sensibles.

Le premier outil, à destination des laboratoires (photo de gauche), est une lunette que nous pouvons envoyer sous 24-48h (avec les fiches procédures et une cuve à UV pour la désinfection) afin d'avoir une connexion visuelle directe avec des experts qui pourront guider et orienter la réalisation de l'autopsie et des éventuels prélèvements.

Le deuxième outil (photo de droite), à destination des agents de terrain, permet (à la demande de l'agent) d'envoyer, via l'application XpertEye, un sms contenant un lien pour établir une visio avec l'équipe d'animation du réseau ou des experts pour avoir une visualisation en direct du milieu, de l'animal et de la situation et pouvoir appuyer l'agent à la décision de terrain, ainsi que dans ses investigations de terrain et le relevés d'indices.



### En janvier 2023, poursuite de l'équipement des FDC en matériel de biosécurité SAGIR

Afin de compléter l'équipement en matériel de biosécurité des fédérations, la FNC a passé fin 2022 une commande groupée auprès de plusieurs fournisseurs.

Ainsi, chaque fédération sera dotée (en complément du matériel déjà livré en 2020) de deux boîtes de gants de fouille, deux paires de lunettes de protection ainsi que d'un pulvérisateur et une glacière souple avec deux accumulateurs de froid.

La glacière permettra aux ITD de transporter des prélèvements biologiques ou petits cadavres nécessitant d'être conservés au froid avant leur transfert vers le laboratoire d'analyse.

Le pulvérisateur pourra être utilisé pour nettoyer le matériel et les bottes/chaussures à l'aide d'une solution savonneuse après la collecte d'un cadavre. En cas d'apparition de maladie contagieuse (PPA, Influenza aviaire...) et d'un renforcement nécessaire, des mesures de biosécurité lors d'intervention sur cadavres, ces pulvérisateurs permettront de compléter ce nettoyage par une désinfection à l'aide d'un produit virucide. Des protocoles seront fournis les cas échéant.

Une fiche mémo, qui récapitule l'ensemble du matériel nécessaire dans le cadre des interventions sur le terrain et auprès de qui se procurer ce matériel a également été transmise à l'ensemble des fédérations ([disponible ici](#))

## Organigramme SAGIR

Comme nous vous le présentions dans l'Editorial, l'équipe d'animation du réseau a évolué, voici donc le nouvel organigramme pour vous permettre d'identifier les différents interlocuteurs pour répondre à vos interrogations :



Pour nous contacter : [sagir@ofb.gouv.fr](mailto:sagir@ofb.gouv.fr)