

SAGIR infos

Lettre d'information du réseau SAGIR

Dans ce numéro

Editorial	p.1
Investigations pathologiques des cas d'influenza aviaire hautement pathogène dans l'avifaune sauvage.	p. 3
Etude de vaccination des blaireaux contre la tuberculose bovine : projet TBVAC	p. 4
Avitombusviridae : une nouvelle sous famille virale chez les oiseaux ?	p. 5
Revue de Presse	p. 6
Revue de presse du réseau	p. 8
Faits marquants	p. 10
Jeu de l'été : à vos stylos !	p. 11
Vie du réseau	p. 12

EDITORIAL

Avancée de la peste porcine africaine (PPA) en Italie, circulation continue de l'influenza aviaire (IA) dans la faune sauvage en France, surveillance renforcée en Corse de la maladie hémorragique des cervidés (EHD), surveillance élargie de la brucellose dans les deux Savoie... le premier semestre 2023 aura mis à l'honneur la surveillance renforcée du réseau SAGIR.

La surveillance sanitaire des amphibiens au sein du réseau a également connu ses débuts avec de nombreuses remontées de terrain, et une mise au point de protocoles et fiches techniques par l'équipe d'animation du réseau avec le renfort de Camille Sandor (OFB) et l'appui d'un groupe de travail sur le diagnostic.

Côté gestion des données, vous les attendiez, ils sont là : les premiers EDI Epifaune (*voir p. 13*)!

Cette année, trois stagiaires vétérinaires contribuent à l'analyse des données du réseau. Au premier semestre (*cf revue de presse du réseau*) : Louison Blin a étudié les données relatives à l'influenza aviaire dans l'avifaune sauvage de 2016 à 2023 et Aurélien Duflon a fait une étude rétrospective des intoxications aux anticoagulants chez le Lynx et facteurs de risque associés. Depuis août, Blanche Bourgeois mène une étude sur les données relatives à la tularémie chez le lièvre en France.

La vie du réseau sur ce premier semestre aura été marquée par la tenue de cinq réunions régionales dont deux en présentiel, ainsi que plusieurs formations à destination des membres et partenaires du réseau (*voir p.12*).

Loïc Palumbo

Co-animateur du réseau SAGIR, OFB service SantéAgri

CONTACT

sagir@ofb.gouv.fr

<https://professionnels.ofb.fr/reseau-sagir>



Investigations pathologiques des cas d'influenza aviaire hautement pathogène dans l'avifaune sauvage

Contexte et première étude en 2021-22

En 2021, l'émergence de plusieurs cas d'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) dans le Nord-Est de la France et notamment sur le lac de Madine (Moselle) a été l'occasion pour l'équipe VIRAL de l'UMR 1225 IHAP de l'École Nationale Vétérinaire de Toulouse et grâce à la contribution forte du LVAD54 et de l'OFB de démarrer une étude s'intéressant à la caractérisation lésionnelle et au tropisme tissulaire des virus IAHP dans différentes espèces d'oiseaux de la faune sauvage. Neuf individus de sept espèces ont ainsi été analysés, montrant des schémas et intensités lésionnels variables suivant les espèces (*figure 1*).

Un élargissement de l'étude en 2022-2023

Suite à ces résultats préliminaires, l'ENVT, avec la participation de l'OFB via le réseau SAGIR, a décidé d'élargir cette étude en lançant fin 2022 un protocole de collecte auprès des Laboratoires Vétérinaires Départementaux de prélèvements biologiques issus de cadavres d'oiseaux sauvages suspectés (ou confirmés) morts d'influenza aviaire hautement pathogène.

Ces données sont en effet plus que jamais nécessaires pour la compréhension du rôle épidémiologique de différentes espèces dans la dynamique d'infection des VIAHP. Les questions de recherche portent notamment sur la contribution respective des oiseaux migrateurs et des espèces commensales, ces dernières pouvant jouer le rôle possible de relais épidémiologiques vers ou depuis les élevages de volailles (cette dernière hypothèse semblant moins probable au vue des résultats préliminaires)

Première phase du protocole

Ce protocole a permis de collecter, entre janvier et mars 2023, 85 individus de 17 espèces différentes en provenance de 10 laboratoires, dont une grande majorité de mouettes rieuses (n=56) chez lesquelles la circulation virale était épizootique à cette période. Parmi ces 85 individus, 62 ont été confirmés infectés par un VIAHP H5 par qRT-PCR.

En plus d'un criblage par qPCR, les différents échantillons issus de ces animaux ont été analysés histologiquement et par immunohistochimie afin de décrire les lésions microscopiques liées à l'infection par les VIAHP et de visualiser la distribution des protéines virales dans les tissus.

Vers la détermination d'un patron tissulaire de l'infection

Ces résultats seront ensuite combinés afin de produire un patron tissulaire de l'infection par les VIAHP chez la Mouette rieuse, puis chez les autres espèces (fréquence d'infection par organe, lésions observées et charge virale détectée). Sur le terrain, cela permettra d'adapter la démarche diagnostique en favorisant la collecte des échantillons les plus pertinents.

Le protocole de collecte est actuellement en pause pour permettre le traitement des échantillons collectés. Néanmoins, à la vue de la mortalité massive observée chez différentes espèces d'oiseaux marins depuis le printemps, il est prévu d'intégrer ultérieurement d'autres échantillons, notamment d'oiseaux marins du pourtour méditerranéen. ■

Remerciements aux nombreux laboratoires partenaires.

Figure 1 : Résultat de l'étude 2021-2022 en Moselle sur la présence et le tropisme de virus IAHP dans l'avifaune sauvage

ORGANES	BIODISTRIBUTION VIRALE ANTIGENIQUE (0) (1)									Score moyen des sujets positifs	Fréquence des sujets confirmés	PRINCIPAUX TYPES CELLULAIRES POSITIFS (MAJEUR EN GRAS) (2)
	Cygne 1	Cygne 2	Cygne 3	Oie cendrée	Bernache du canada	Autour des palombes	Grue cendrée	Grèbe huppé	Grande aigrette			
Encéphale	2	2	2	3	3	3	2	3	2	2,4	9/9	Neurones, Ependymocytes, Cellules gliales
Pancréas	3	2	3	3	0	3	1	2	3	1,5	8/9	Cellules acineuses pancréatiques
Cœur	1	2	2	0	0	3	3	2	2	2,2	7/9	Cardiomyocytes, épicaarde, cellules musculaires lisses vasculaires (3)
Foie	2	3	3	1	0	0	0	2	3	2,3	6/9	Hépatocytes, cholangiocytes
Conjonctive	2	abs	3	abs	abs	abs	abs	abs	abs	1,9	2/2	Cellules épithéliales de revêtement
Poumon	2	3	3	0	1	1	0	2	2	1,7	7/9	Lit capillaire alvéolaire, (parabronches)
Plumes	2	2	2	0	abs	abs	abs	1	abs	1,8	4/5	Epithélium et mésenchyme (plume en croissance). Papille dermique (plumes matures) (4)
Rate	1	2	2	abs	0	0	0	1	3	1,8	5/8	Cellules musculaires lisses (vasculaires, capsulaires), cellules endothéliales, (leucocytes)
Intestin	2	2	2	0	0	1	0	1	3	1,8	6/9	Cellules musculaires lisses (villosité, musculieuse), Plexus myentériques (5)
Rein	1	2	2	0	0	1	1	1	3	1,6	7/9	Néphrocytes tubulaires
Glande de Harder	2	abs	1	abs	0	abs	abs	abs	abs	1,5	2/3	Epithélium glandulaire et canalaire
Trachée	1	2	0	0	0	1	0	0	0	1,3	3/9	Cellules endothéliales, cellules musculaires lisses vasculaires, épithélium respiratoire (6)
Oesophage	1	abs	abs	abs	abs	abs	abs	abs	abs	1,0	1/1	cellules épithéliales des glandes œsophagiennes
Œil	abs	0	0	0	0	0	0	0	0	0,0	0/8	-

(0) Score semi-quantitatif selon Landman. Virology (2021). Brièvement : 0 absence de détection; 1 détection oligofocale; 2 multifocale non coalescente; 3 coalescence /généralisé.
 (1) Cygne tuberculé exclu en l'absence de confirmation PCR de VIAHP, de lésions évocatrices, de détection virale antigénique. (2) A ces principaux types cellulaires, s'ajoutent les cellules endothéliales dont la détection virale antigénique est positive chez le Cygne 2, Cygne 3, et dans une moindre mesure la grande aigrette. (3) Chez le cygne 2, les foyers de myocardite virale se colocalisent avec le foyer de vascularite vermineuse (probable interaction). (4) La détection virale antigénique cutanée est conditionnée par la présence (rare) de plumes immatures au sein des échantillons de peau. (5) La détection virale antigénique intestinale est rarement épithéliale. Elle implique davantage les autres compartiments (chorion, sous-muqueuse, musculieuse, séreuse/adventice, plexus nerveux). (6) La détection virale antigénique trachéale est rarement épithéliale.

Julien Hirschinger (ENVT), Nicolas Gaide (ENVT),, Manuela Crispo (ENVT), Malorie Dirat (ENVT), Loïc Palumbo (OFB), Sabine Pelzer (LDA54), Guillaume Le Loc'h (ENVT).

Etude de faisabilité de la vaccination des blaireaux comme mesure complémentaire à la lutte contre la tuberculose bovine : le projet TBVAC

L'équipe en charge du sanitaire à l'OFB ne travaille pas que sur les aspects de surveillance. Pour preuve, le démarrage en 2023 d'un projet pour tester la faisabilité de la vaccination des blaireaux comme mesure complémentaire à la lutte contre la tuberculose bovine (TB). Ce projet, piloté par l'OFB, est réalisé en partenariat avec l'Anses, le laboratoire départemental d'analyse de Dordogne et le Grege, bureau d'étude spécialisé basé en Gironde. Il est financé à hauteur de 80% environ par le Ministère en charge de l'agriculture puisque la TB est avant tout un problème d'élevage.

Objectifs de l'étude

L'objectif général du projet est l'étude d'une méthode complémentaire à l'abattage des blaireaux pour diminuer leur taux d'infection par la tuberculose bovine dans les zones avec de l'infection dans les populations d'animaux domestiques et sauvages. Cette approche était préconisée dans l'avis de 2019 de l'Anses, l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail.

Principe et méthodes

La méthode « Tester - Vacciner - Eliminer » est déployée et consiste à utiliser sur les blaireaux capturés un outil de diagnostic rapide permettant d'identifier les blaireaux non infectés pour les vacciner (figure 1), les marquer et les relâcher, et de mettre à mort les blaireaux détectés infectés dans le cadre de l'arrêté préfectoral de lutte contre la TB.

Le projet est prévu pour un minimum de quatre années. Les individus recapturés d'une année sur l'autre recevront un seul rappel de vaccination en année 2, 3 ou 4 selon l'année de primo-capture et l'année de première recapture. Des études précédentes ont pu démontrer une corrélation entre le nombre de doses et la protection à l'infection, justifiant que les animaux recapturés d'une année sur l'autre reçoivent un rappel de vaccin.

Un animal primo-capturé est soumis à différentes manipulations : évaluation du poids de l'animal, anesthésie, prélèvement de sang sur animal anesthésié, injection intramusculaire (vaccin BCG), pose d'un transpondeur en sous-cutané et marquage visuel par tonte.

La capture des animaux est organisée à l'aide de collets à arrêtoir, spécialement adaptés pour la capture de blaireaux, et de cages-pièges. Les animaux recapturés lors d'une même année, sont immédiatement relâchés.

L'objectif est d'atteindre un taux de vaccination correspondant à 60% de la population.

Première phase et perspectives

Une première zone d'étude d'environ 100 km² a été identifiée en Dordogne dans la zone infectée de tuberculose bovine (TB) parmi les sous-zones où les taux d'infection chez les bovins et les blaireaux sont les plus élevés. Dans cette zone, la vaccination sera testée d'avril à juillet (après la période de sevrage des jeunes) au moins durant les premières saisons de terrain. En fonction de la densité de blaireaux finalement observée dans cette zone et des taux de capture obtenus durant la première saison de capture, la zone pourra être élargie et la période de piégeage adaptée.

TBVAC repose sur une équipe projet spécifiquement dédiée au déploiement du piégeage et aux manipulations des animaux capturés. Ce modèle, cohérent dans une phase pilote, ne peut cependant pas être déployé à grande échelle. Ainsi, durant le projet, différents types d'organisation s'appuyant sur les acteurs locaux seront envisagés et pour certains testés, afin de pouvoir organiser des déploiements sur d'autres zones une fois les protocoles et l'estimation des coûts affinés. ■

Stéphanie Desvaux (OFB) et Ariane Payne (OFB).

Remerciements aux différents partenaires du projet dont le GREGE.

Pour en savoir plus rendez-vous dans les prochaines lettres du réseau SAGIR



Figure 1 :
capture au piège et prise de sang sur Blaireau, dans le cadre du projet TBVAC



Avitombusviridae : une nouvelle sous famille virale chez les oiseaux ?

Contexte

Dans le cadre de la surveillance de l'avifaune sauvage par le réseau SAGIR, lors d'un épisode de mortalité chez les merles noirs (*Turdus merula*) dans le département des Deux-Sèvres en 2018, une recherche systématique de séquences virales par des approches de métagénomique RNAseq a été réalisée en 2019 sur des échantillons négatifs pour les virus Usutu et West Nile.

Dans un échantillon de foie, trois séquences virales originales ont été identifiées. Ces séquences présentent une même organisation génomique entre elles et une similitude avec des virus de la famille des *Tombusviridae*; les similitudes en acide aminés n'excèdent cependant pas 70%.

Les *Tombusviridae* : des virus de plantes ?

La famille des *Tombusviridae* représente des virus décrits comme étant spécifiques de plantes (monocotylédone ou dicotylédone). Cependant, de nombreuses séquences *Tombusviridae-like* ont été retrouvées dans des données issues d'approches métagénomiques sur divers prélèvements animaux (vertébrés et invertébrés), ce qui suggère que la spécificité d'hôtes décrite pour les *Tombusviridae* puisse s'étendre au règne animal.

Une nouvelle sous-famille virale chez les oiseaux ?

A la date du 30/09/2022, 34 jeux de données ont été analysés, et 97 séquences similaires à au moins l'une de nos séquences ont été identifiées, provenant d'une grande variété d'hôtes. Les deux tiers des séquences (62) ont été isolées à partir d'échantillons cloacaux d'oiseaux.

L'analyse phylogénétique des séquences obtenues montre un clade, regroupant la plupart (50/97) des séquences d'origine aviaire, distinct du clade des *Tombusviridae* d'origine végétale dans lequel on retrouve cependant quelques séquences (12/97) issues de cloaques d'oiseaux et possiblement d'origine alimentaire.

Résultats

Ces résultats préliminaires suggèrent d'élargir le spectre des hôtes connus (plantes) et suspectés (invertébrés) de la famille des *Tombusviridae* aux vertébrés et particulièrement aux oiseaux. Ces résultats devront être consolidés afin, entre autres, d'identifier des séquences d'origine alimentaire probable (plante, invertébrés) et celles qui seraient spécifiques de la classe *Aves*. ■

Fanny Beguier (ANSES), P. Lucas (ANSES), H. Quenault (ANSES), A. Felten (ANSES), A. Leroux (ANSES), Anouk Decors (OFB), Gaëlle Gonzalez (ANSES), Yannick Blanchard (ANSES).

Ces travaux ont fait l'objet d'une présentation orale aux 25^e journées francophones de virologie en avril 2023, et au meeting VIBIOM en Espagne en mai 2023.

Pour en savoir plus sur les *Tombusviridae* : https://ictv.global/report_9th/RNApos/Tombusviridae



Merle noir (*Turdus merula*)

Revue de presse

L'écureuil gris (*Sciurus carolinensis*) une menace sanitaire exotique confirmée pour l'écureuil roux (*S. vulgaris*)

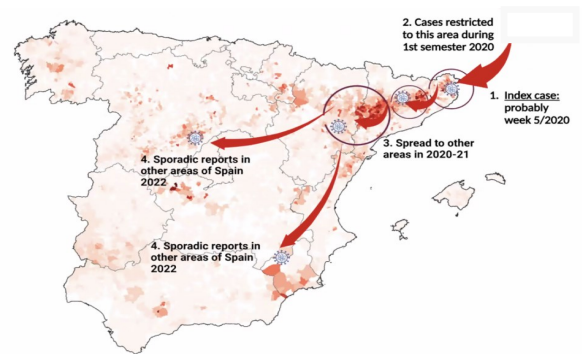
D. J. Everest, C. Green, A. Dastjerdi, H. Davies, R. Cripps, C. McKinney, G. Podgornik, M. Stinson, S. O'Hare, B. Sapsford, A. Mill, Z. Van der Waal, N. Robinson, S. Trotter, C. M. Shuttleworth, *Opportunistic viral surveillance confirms the ongoing disease threat grey squirrels pose to sympatric red squirrel populations in the UK* *VetRecord*, 192 (10), 2023 ([lien : https://bvajournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/vetr.2834](https://bvajournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/vetr.2834))

Dans le cadre du programme "Red Squirrels United", 11 034 écureuils gris (*Sciurus carolinensis*) ont été abattus au Royaume-Uni entre 2016 et 2020, parmi eux 1506, répartis sur certaines zones géographiques, ont fait l'objet d'une autopsie et 1405 ont été analysés (par qPCR) pour la recherche d'Adenovirus (43% de positifs sur tissus et 11% sur poils) et de virus Squirrelpox (10% de positifs sur poils et tissus). L'écureuil gris est un porteur asymptomatique de ces virus, et constitue un réservoir pour l'infection des écureuils roux (*Sciurus vulgaris*) qui y sont très sensibles. Cette étude met donc en évidence la menace sanitaire que représente l'écureuil gris pour l'écureuil roux au Royaume-Uni, et met également en évidence que la recherche de Squirrelpox sur poil est une alternative efficace au prélèvement de tissus (de même pour les adenovirus dans une moindre mesure) ■

Sanglier et virus : première détection de Seneca virus au Royaume-Uni et progression de Rosalia en Espagne.

Éléments présentés par le Pr E. Mateu et synthétisés dans l'article : *Espagne : le voyage de Rosalia, Le Vivant à grande vitesse*, 209, 2023 ([lien](#))

Depuis le premier cas décrit en 2020, le virus SDRP-1 de pathogénicité élevée, ou « Rosalia » s'est étendu au centre et au sud de l'Espagne en 2022 (*cf carte ci-contre*). Ce virus est actuellement retrouvé essentiellement en élevage de porcs domestiques avec, dans la zone infectée une prévalence proche de 70% (élevage de reproducteurs, nurseries et engraisseurs). Lors de la première vague en 2020 l'expression comprenait des avortements, des porcelets en mauvais état à la naissance et de la mortalité de truies gestantes. Les vagues suivantes (2020-2021) le tableau épidémiologique était similaire, avec en plus de la mortalité en nurserie (et une morbidité variable chez les adultes). La vaccination d'urgence entreprise en Espagne s'est révélée peu efficace d'après le Pr Enric Mateu de l'Université de Barcelone. La transmission aérienne du virus semble importante et chez les individus survivants un retour à un état normal ne survient qu'après plusieurs mois. La sensibilité du sanglier à ce virus est peu décrite, mais la vigilance semble de mise en cas d'observation d'avortements ou de mortalité juvénile. ■



Les trois vagues qui ont accompagné la dispersion de la souche Rosalia au sein de la production

Animal & Plant health Agency, SRUC., *First detection of Seneca Valley virus in pigs in England. Great Britain pig quarterly report: disease surveillance and emerging threats*, 26, pp. 10-15 Quarter 3, 2022 ([lien](#))

Le virus de la Vallée du Seneca (*Picornaviridae*) est à l'origine d'une maladie vésiculaire des suidés et a été détecté en Angleterre dans cinq élevages de porcs domestiques entre juin et septembre 2022. Le diagnostic a été confirmé par RT-PCR à partir d'échantillons de vésicule. Les signes observés étaient des boiteries associées à des lésions vésiculaires (disparaissant rapidement), surtout chez les truies post gestation. La présence du virus de façon asymptomatique a aussi été observée chez les jeunes. Contrairement à la situation aux Etats-Unis, il n'y a pas eu de mortalité épidémique de nouveau-nés. La contamination peut survenir par contact direct ou de façon indirecte.

Le séquençage du virus britannique a permis de déterminer qu'il s'agit d'un clade distinct de celui du virus américain, bien que les deux possèdent une origine commune. Aucun cas de transmission à l'Homme n'est connu avec ce virus. Le principal problème avec la circulation de ce virus, est la similarité clinique avec la fièvre aphteuse, la stomatite vésiculeuse et la maladie vésiculaire des porcs (toutes trois notifiables à l'OIE et réglementée). ■

Les Jingmenvirus : des virus zoonotiques transmis par les tiques

C. L. Ebert et al., *Detection and Characterization of Alongshan Virus in Ticks and Tick Saliva from Lower Saxony, Germany with Serological Evidence for Viral Transmission to Game and Domestic Animals*. *Microorganisms*, 11(3), 2023 ([lien](#))

Le virus Alongshan est un virus à ARN de la famille des Jingmen-virus, récemment décrits, et ayant un potentiel zoonotique. Cette étude met en évidence la transmission de ce virus par les tiques du genre *Ixodes* aux cervidés sauvages et aux animaux domestiques. Une séroprévalence assez élevée est également rapportée dans la population de cervidés de Saxe (Allemagne). ■

Chauve-souris et Filovirus Lloviu

T. Görföl, G. Endre Tóth, S. András Boldogh, F. Jakab, G. Kemenesi, *Lloviu virus I Europe is an emerging disease of concern*, *EcoHealth*, 19, pp. 5-7, 2022 ([lien](#)) - Synthétisé dans l'article : *Hongrie : Lloviu, le filovirus des chauve-souris devenant "preoccupant"*, *Le Vivant à grande vitesse*, 198, 2022 : " Les épisodes de mortalité massive de chiroptères sont rares surtout en Europe, mais des virologistes hongrois viennent rappeler que le Filovirus Lloviu est le responsable présumé d'épisodes de mortalité chez le minioptère de Schreiber (*Miniopterus schreibersii*) signalées en Espagne, au Portugal, en France, puis en 2013 et 2016 en Hongrie. Les auteurs signalent aussi avoir mis en évidence le virus chez un cadavre obtenu en 2019 dans l'une des colonies hongroises précédemment affectées, et chez des sujets vivants de cette colonie, 'indiquant une circulation virale'. (...) Ils rappellent aussi, qu'en 2021, l'isolement viral a été réussi sur cellules de chauve-souris, ce qui a permis d'observer le potentiel zoonotique, via l'infection de lignées cellulaires humaines.(...)" ■

Rapaces nocturnes et parasites

B. Martin-Maldonado, A. Mencia-Gutierrez, C. Andreu-Vazquez, R. Fernandez, N. Pastor-Tiburón, A. Alvarado, A. Carrero, A. Fernandez-Novo, F. Esperon, F. Gonzalez, *A Four-Year Survey of Hemoparasites from Nocturnal Raptors (Strigiformes) Confirms a Relation between Leucocytozoon and Low Hematocrit and Body Condition Scores of Parasitized birds*, *Veterinary sciences*, 10(1), 2023 ([lien](#))

Dans de nombreux cas, oiseaux et hémoparasites ont co-évolué conduisant à un parasitisme asymptomatique, surtout chez les passereaux et oiseaux migrateurs (largement étudiés). Toutefois les rapaces nocturnes, de part leur distribution et leur comportement semblent présenter de plus fortes expositions parasitaires. Cette étude espagnole sur quatre ans (2018-2021), a permis de mettre en évidence chez 134 rapaces nocturnes (à leur admission en centre de soin) une prévalence d'hémoparasitisme de 35%, *Leucocytozoon sp* étant le plus fréquent (32.1%). Ce parasitisme sanguin est significativement associé à une anémie, un faible état corporel et une leucocytose. ■

Burcella suis biovar 2 : de la faune sauvage au chiens

G. Girault, V. Djokic, F. Petot-Bottin, L. Perrot, T. Bourgoïn, S. Hoffman, V. Acacia Ferreira, C. Ponsart, L. Freddi *Molecular Investigations of Two First Brucella suis Biovar2 Infections Cases in French Dogs*, *pathogens*, 12(6), 2023 ([lien](#))

Brucella suis biovar 2 est une bactérie zoonotique de la famille des Brucella bien connue dans la faune sauvage (sanglier, lagomorphes, ...) , mais jusqu'à alors elle n'avait jamais été détectée chez des chiens en France (contrairement à *B. canis* qui circule chez le chien). Le premier cas, de 2020, concerne un border collie adulte, avec une excrétion urinaire importante. Le second cas concerne un berger allemand ayant présenté une orchite (i.e., inflammation testiculaire) avec des bactéries isolés post stérilisation. Des analyses génétiques des bactéries ont mis en évidence une forte proximité avec les bactéries circulant dans le compartiment sauvage. La contamination a pu se faire lors de promenades forestières avec contact direct avec des lièvres ou sangliers, ou par contact avec des excréments infectants. ■

Castor et bactéries : Corynebacterium ulcerans

R. Sting, C. Pölzelbauer, T. Eisenberg, R. Bonke, B. Blazey, M. Peters, K. Riße, A. Sing, A. Berger, A. Dangel, J. Rau. *Corynebacterium ulcerans infections in Eurasian Beavers (Castor fiber)*, *pathogens*, 12 (8), 2023 ([lien](#))

Suite à la détection de trois cadavres de castors en Allemagne en 2015, 2021 et 2022, *Corynebacterium ulcerans* (une bactérie zoonotique) a été isolée, par culture bactérienne à l'issue de l'autopsie, à partir d'abcès chez deux des individus et des poumons de l'individu trouvé en 2015. La présence de Corynebactérie chez ces trois castors cachectiques ne permet pas d'expliquer la cause de la mort (d'origine inconnue pour l'individu de 2015 et liée à une pneumonie granulomateuse abcédés due au champignon *Emmonsia crescens* pour les deux autres) mais encourage à une prudence vis-à-vis de ce risque zoonotique lors de la manipulation de cadavres de castors. Les bactéries isolées étaient très proches génétiquement les unes des autres et présentent une proximité avec des souches isolées chez des chiens. ■

Pandémies : S. Escalón, Pandémies : l'éternel retour, CNRS : le journal, Mis à jour le 18.07.2023

« Les conditions restent propices à l'émergence de nouveaux pathogènes capables de causer des pandémies. La dégradation environnementale et l'accélération des mouvements de personnes et de marchandises s'ajoutent à l'extraordinaire capacité d'adaptation des bactéries, virus et champignons. »

A lire ici : <https://lejournel.cnrs.fr/articles/pandemies-leternel-retour> ■

Revue de presse du réseau

Influenza aviaire en faune sauvage en France

L. Palumbo, A. Decors, A. Van De Wiele, E. Niqueux, A. Schmitz, F-X. Briand, B. Grasland, Bilan de l'IAHP, en 2022, dans le compartiment sauvage en France, VSI plateforme ESA, 2023 ([lien](#))

L'année 2022 aura été une année sans précédent vis-à-vis de l'épizootie d'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) dans les populations sauvages. Cette situation est liée à des changements épidémiologiques apparus dès le premier semestre, avec trois éléments majeurs :

- De nombreux cas d'infection ont été détectés, regroupés en plusieurs clusters spatio-temporels associés à des épisodes de mortalité d'un niveau exceptionnellement élevé.
- La circulation virale s'est maintenue au printemps et à l'été malgré la montée des températures, avec une circulation active et massive en continu sur toute l'année, sans que de nouvelles introductions en Europe de virus d'IAHP aient été mises en évidence au cours des migrations post-nuptiales (août-novembre 2022).
- Le spectre observé d'espèces fortement touchées était différent de ce qui a été connu jusqu'alors et incluait des espèces à enjeu de conservation.

Enfin, 2022 aura été marquée par une importante augmentation des cas de maladie et de mortalité liés à l'IAHP chez des mammifères dans le monde (pinnipèdes, mustélidés, renards, ours, ...) dont un chat domestique vivant à proximité d'un élevage avicole infecté en France en décembre 2022. ■

L. Blin, L. Palumbo, A. Decors, C. Guinat, G. Le Loc'h, C. Callenge, Description spatio-temporelle et spécifique des mortalités liées à l'influenza aviaire hautement pathogène chez l'avifaune sauvage en France entre 2016 et février 2023. Rapport de Master 2, Univ. Paris-Saclay, 2023

L'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) est une maladie virale caractérisée par d'importants enjeux de conservation. En effet, depuis plusieurs années, des mortalités récurrentes parfois massives d'oiseaux sont observées en France et dans le monde. Les espèces caractérisées par une longue espérance de vie et une faible fécondité, comme des oiseaux marins, des rapaces ou des oiseaux d'eau, sont mal adaptés à la circulation de maladies très contagieuses et sont donc particulièrement touchées. Comprendre comment le virus circule chez les oiseaux est une nécessité absolue pour adopter des mesures de gestion et de surveillance adaptée, pour mieux les protéger de cette maladie. En France, depuis 2016, plusieurs épisodes d'IAHP ont été identifiés sans que l'on connaisse précisément la dynamique spatio-temporelle de cette maladie lors de ces épisodes.

Par l'analyse exploratoire de données collectées par le réseau de surveillance sanitaire SAGIR, nous avons identifié ce qui semble être des clusters (i.e., regroupements d'événements sur une courte période et une petite surface), de trois grands types, l'un étant observés lors d'épizooties concernant des espèces coloniales et leurs sympatriques et prédateurs considérés comme des hôtes accidentels. Et les deux autres types se produisent en saison hivernale et hors de toute épizootie. Le premier concerne des clusters que l'on retrouve au même endroit d'un épisode à l'autre (étangs de la Dombes, Nord-Est de la France) et constitués par des oiseaux d'eau et leurs prédateurs. Nous faisons l'hypothèse que ce premier type de cluster est formé par le mouvement d'oiseaux sauvages (notamment de migrateurs) introduisant le virus dans des zones adaptées à sa survie et donc où il se maintient. Le deuxième type de cluster concerne des zones touchées lors d'un seul épisode et est constitué essentiellement d'espèces synanthropes (i.e. proches des activités humaines) dont la littérature suggère qu'elles ne propagent pas/peu le virus. Ces derniers clusters surviennent dans des zones où la pression infectieuse en élevage de volailles est importante. ■

*O. Duriez, Y. Sassi, C. Le Gall-Ladevèze, L. Giraud, R. Straughan, L. Dauverné, A. Terras, T. Bouludier, R. Choque, A. Van De Wiele, J. Hirschinger, J.L. Guérin, G. Le Loc'h, Highly pathogenic avian influenza affects vultures' movements and breeding output. *Current Biology*, 2023 ([lien](#))*

L'article revient sur l'épisode d'influenza aviaire qui a atteint les vautours fauves en France en 2022, et pour lequel les investigations ont fait l'objet d'une collaboration de l'OFB et du réseau SAGIR avec le CEFE (Centre d'Ecologie Fonctionnelle et évolutive, CNRS, Montpellier), l'école vétérinaire de Toulouse et la LPO. En effet, certains des oiseaux impactés faisaient l'objet d'un suivi par le CEFE et étaient donc équipés de balises à cette fin. Les analyses individuelles se sont appuyées sur la LPO et le réseau SAGIR avec l'appui de l'ENVY pour les investigations et les analyses de typage.

Les données de suivi de ces oiseaux ont permis de constater pour la première fois, de façon objective et étayée, que des oiseaux adultes survivaient à l'infection par des virus IA hautement pathogènes, malgré une période clinique se traduisant par une inactivité. Chez les poussins en revanche, une mortalité très importante a été constatée avec une forte chute du nombre de juvéniles à l'envol comparativement aux années précédentes (NB: une telle mortalité n'a pas été réobservée en 2023).

Le suivi phylogénique des souches virales a permis de montrer que toutes les populations françaises de vautours fauves ont été atteintes par la même souche dans un laps de temps très court (origine plus que probable : Espagne), et qu'il n'y a pas eu de cas secondaires identifiés en France, notamment en élevages avicoles. ■

Lynx et anticoagulants

*A. Duflon, L. Palumbo, A. Payne, A. Decors, O. Cardoso, Study of exposure to anticoagulant rodenticides in Eurasian lynx (*Lynx lynx*) in France using the SAGIR wildlife health monitoring network, Rapport de Master 2, École normale supérieur de Lyon, 2023*

Le Lynx eurasiens (*Lynx lynx*) est le troisième plus grand carnivore terrestre en France, où il est présent depuis sa réintroduction en 1970 depuis la Suisse. Cette espèce fait l'objet de programmes de conservation et d'un plan national d'action, et est étroitement surveillé en France afin de mieux comprendre les pressions s'exerçant sur l'espèce. L'exposition de l'espèce aux rodenticides anticoagulants se fait par la collecte de cadavre par le réseau SAGIR. Cette étude est la première à apporter des données sur l'exposition à ces molécules chez le Lynx eurasiens, et se focalise sur la compréhension des mécanismes d'exposition et des facteurs de risque associés. Cette étude a permis de mettre en évidence que 26,7% des 86 lynx collectés et analysés entre 2018 et 2022 présentent des résidus d'anticoagulants dans leur foie. Les facteurs de risque significativement identifiés sont l'âge et la proportion de zone urbaine dans l'aire de vie de l'individu. De plus les animaux en faible état corporel présentent des concentrations hépatiques plus élevées en rodenticides. Bien que ces résultats doivent être complétés et vérifiés par des études complémentaires, ils suggèrent un impact possible des rodenticides anti-coagulants sur la santé des Lynx, en lien avec des facteurs de risque environnementaux et anthropiques. ■

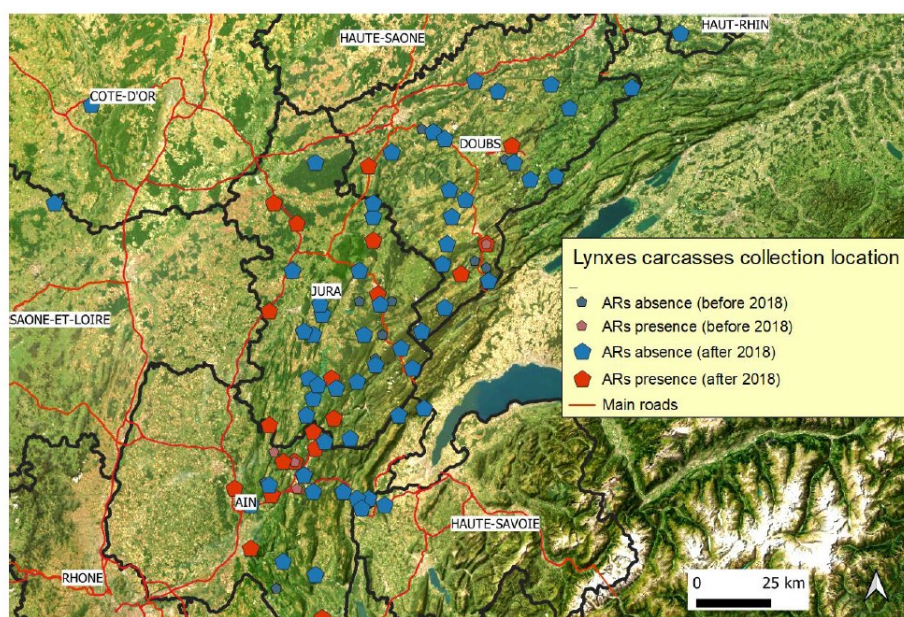


Figure 1- Spatial distribution of lynx liver samples collected from carcasses by the SAGIR network in France between 2014 and 2022. The names and boundaries of the French departments are shown as well as the main roads. Polygons represent for lynx carcasses collection point. The satellite view is provided by OpenStreetMap©. Map realised with QGIS software.

Faune sauvage et tumeurs

M. Vrecourt, C. Calenge, A. Payne, R. Le Net, G. Le Loc'h, A. Decors, Surveiller les tumeurs des chevreuils et des lièvres : un outil pour détecter des zones à forte pression chimique ?. Bulletin Épidémiologique, santé animale et alimentation, Vol 98, 2023 (lien)

Le développement de tumeurs (d'origine non infectieuses) chez des espèces sauvages sensibles peut résulter de pressions chimiques sur l'environnement. Elles peuvent ainsi servir d'alerte pour la santé animale et humaine au travers d'espèces sentinelles. Cette étude s'est intéressée au lièvre d'Europe (*Lepus europaeus*) et au chevreuil européen (*Capreolus capreolus*) à partir des données du réseau SAGIR. Les cas positifs ont été définis comme tout cas suspect ou confirmé de tumeur d'origine non infectieuse. Via l'établissement d'une carte de risque des agrégats spatiaux (aucun cluster temporel) ont été identifiés. ■

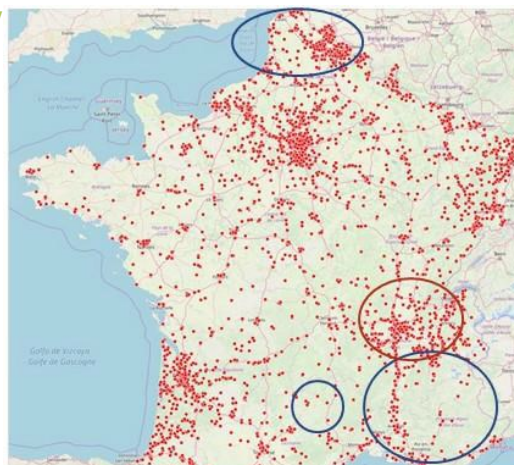


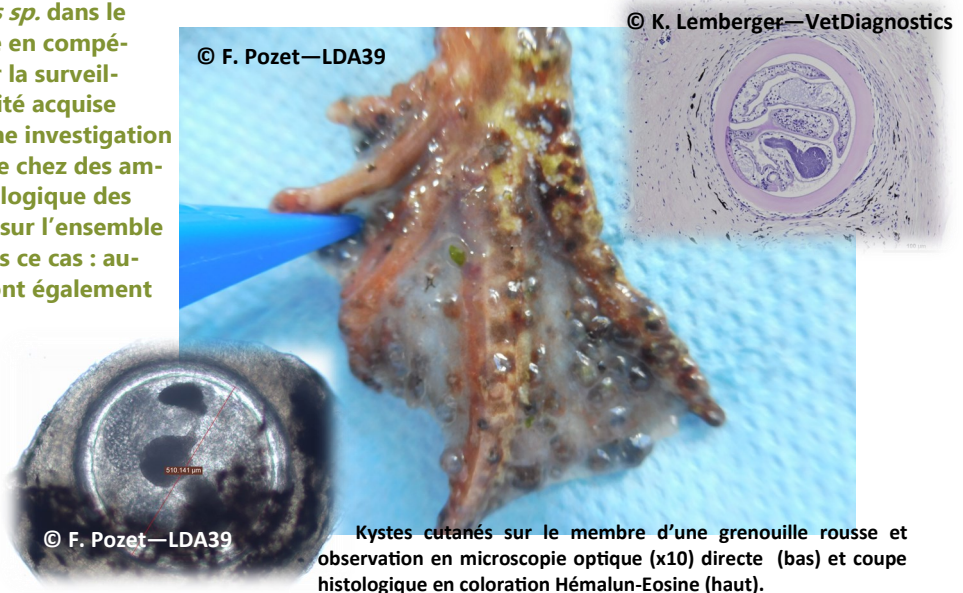
Figure 1 : Distribution spatiale des sites et sols pollués (points rouges - données BASOL France 2020) et superposition des agrégats spatiaux de cas de tumeur d'origine non infectieuses identifiés chez le chevreuil européen (cercle rouge) et le lièvre d'Europe (cercles bleus)

Faits marquants

Période	Territoire	Espèce(s)	Description sommaire du cas
Janvier 2023	90	Grive (<i>Turdus sp.</i>) Merle noir (<i>Turdus merula</i>)	Parasitisme à <i>Morishitium spp.</i> Plusieurs sur animaux chassés. Découverte fortuite à l'éviscération.
Mars 2023 <i>Cf bas de page</i>	25	Grenouille rousse (<i>Rana temporaria</i>)	Identification de lésions cutanées kystiques causées par des Trématodes du genre <i>Euryhalmis</i> . Les amphibiens sont des hôtes intermédiaires, les hôtes définitifs sont des mammifères carnivores.
Avril 2024	38	Crapaud commun (<i>Bufo bufo</i>)	Détection d'herpesvirus BfHV1 lié à des lésions cutanées évocatrices chez des individus retrouvés morts. Observation et collecte réalisée dans le cadre des suivis LPO amphibiens.
Juin 2023	44	Loutre d'Europe (<i>Lutra lutra</i>)	Botulisme : identification de <i>Clostridium botulinum</i> C/D et E chez deux individus. Remerciements à Philippe Gourlay (Oniris) et à la réserve du lac de Grand-Lieu pour l'identification de ce cas.
Printemps—été 2023	67, 68	Hérisson d'Europe (<i>Erinaceus europaeus</i>)	Syndrome cutané chez des hérissons. Signalements centre de sauvegarde
Juillet 2023	54	Martinets (<i>fam. Apodidae</i>)	Plusieurs individus présentant des troubles nerveux marqués signalés par le centre de sauvegarde
Juillet 2023	17	Merle noir (<i>Turdus merula</i>)	Détection de virus USUTU sur une mortalité de merle.
Août 2023	68 et 38	Merle noir (<i>Turdus merula</i>)	Détection de virus USUTU sur des mortalités de merle.
Août 2023	21	Cygne tuberculé (<i>Cygnus olor</i>) + Canard (<i>Anas sp.</i>)	Détection de botulisme type E dans le cadre d'une mortalité groupée multispécifique
Août 2023	07 et 38	Grives et merles (07) et Turdidés (69)	Signalement de mortalités anormales en Ardèche et par le centre de soin du 69. En cours d'investigations.
Été 2023	Bretagne	Fou de Bassan (<i>Morus bassanus</i>)	Identification d'individus avec une coloration noire totale ou partielle des yeux. Témoin probable d'une infection par des virus influenza aviaire (article en lien)
2023	France métropolitaine	Laridés	Mortalités massives et circulation active d'influenza H5N1 HP (génotype FR9) chez les mouettes rieuses (hiver) et dans les colonies de laridés en reproduction (printemps-été)

La détection de trématodes *Euryhalmis sp.* dans le cadre de ce signalement illustre la montée en compétence du réseau SAGIR (depuis 2022) pour la surveillance sanitaire des amphibiens et la capacité acquise et en cours de consolidation à conduire une investigation diagnostique complète et pluridisciplinaire chez des amphibiens pour aboutir à un diagnostic étiologique des lésions observées (kystes cutanés répartis sur l'ensemble du corps—photos). A été mis en place dans ce cas : autopsie, histologie et parasitologie. Mais sont également possibles selon les hypothèses : bactériologie, virologie et recherche de champignons pathogènes,

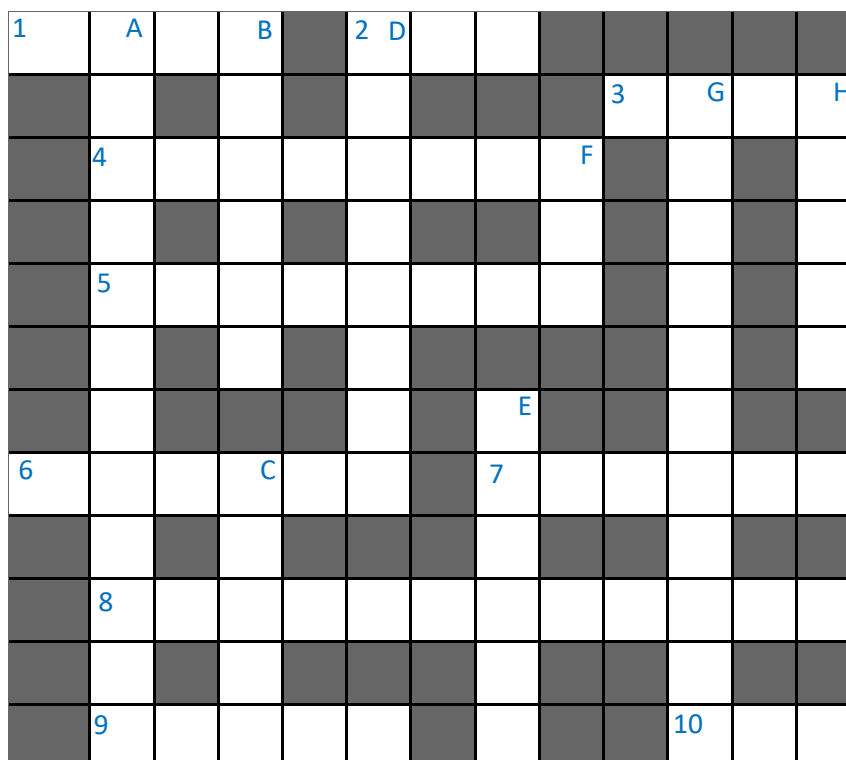
Nous remercions l'équipe OFB du Doubs, F. Pozet et le LDA39 pour l'autopsie, K. Lemberger et VetDiagnostics pour l'analyse histologique des lésions et le muséum d'histoire naturelle de Genève pour l'identification parasitaire.



Jeu de l'été

Vous l'attendiez, il fait son grand retour : le jeu de l'été !

Envoyez nous vos grilles complétées à sagir@ofb.gouv.fr (objet : « jeu de l'été SAGIR ») et la première personne du réseau (ITD et laboratoires) à nous donner la bonne réponse recevra un lot surprise ! Date limite de participation le 15/09/2023.



HORIZONTAL

- 1** : Antiseptique naturel produit par des insectes menacés par l'usage d'insecticides (néonicotinoïdes, ...)
2 : Maladie réglementée des suidés : présence en Italie et surveillance renforcée en France et (*acronyme*)
3 : Sous-famille d'échassiers à long cou et avec un bec recourbé (certaines espèces sont des EEE)
4 : Objectif des mesures d'hygiène et sécurité et des EPI (i.e., gants, masque, ...) (*verbe*)
5 : Base de données du réseau SAGIR
6 : Par définition quand on y est exposé, il y a un risque
7 : Ordre d'amphibiens, dépourvus de queue au stade adulte
8 : Troubles du fonctionnement de l'organisme liés à l'absorption d'une substance étrangère
9 : Localisation d'un jetage observé par exemple en cas de RHDV chez les lagomorphes
10 : Maladie hémorragique des cervidés (*acronyme anglais*)

VERTICAL

- A** : Présence d'une toxine ou d'un polluant dans l'organisme
B : Virus émergent, menace pour les chauve-souris en Europe
C : Lieux de vie des chauve-souris
D : Ensemble des actions à faire avant toute mission ou intervention (*verbe*)
E : Outil à l'étude pour la lutte contre la tuberculose chez le blaireau en France
F : Réseau de surveillance des mammifères marins en France (*acronyme*)
G : Mesures pour éviter le transfert d'un pathogène ou polluant dans l'environnement lors d'une intervention
H : Réseau de surveillance sanitaire de la faune sauvage en France

La solution dans la lettre SAGIR n° 193

Vie du réseau

Les réunions régionales 2023

5 réunions ont eu lieu cette année, deux en présentiel et trois en visio :

Mardi 07/03 : Occitanie et Nouvelle-Aquitaine à VISIO

Jeudi 09/03 : Bourgogne Franche-Comté et Grand-Est à VISIO

Jeudi 13/04 : Bretagne, Pays de la Loire, Normandie

Vendredi 14/04 : Ile de France, Hauts de France, Centre val de Loire à VISIO

Jeudi 11/05 : Auvernes Rhône-Alpes, PACA-Corse



© L. Palumbo

Ces réunions ont regroupé 224 participants (80 en présentiel et 144 en distanciel) : ITD OFB et FDC, ITR OFB, FRC, laboratoires vétérinaires, correspondants SNGTV, DD(ets)PP, DRAAF, DREAL, parcs zoologiques, partenaires scientifiques et techniques.

Formations 2023

Les formations ITD niveau 1 (23 stagiaires dont 9 techniciens de FDC) et **niveau 2** (12 stagiaires OFB) ont eu lieu fin juin.

Pour les formations à destination des laboratoires le niveau 1 (« perfectionnement à l'autopsie de la faune sauvage ») a réuni 20 techniciens et vétérinaires de LVD. Et le niveau 2 (« approfondissement en toxicologie faune sauvage ») aura lieu en septembre.



© L. Palumbo

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

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

Un module est en cours de finalisation 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.

EDI Epifaune : pour la toxicologie et la tularémie au LEAV, c'est opérationnel !

Cela fait maintenant un petit moment qu'on vous parle des EDI (échanges de données informatisés) Epifaune. Pour ceux qui rejoignent le réseau depuis peu, le principe des EDI est de mettre en place un transfert informatisé de résultats d'analyses directement du logiciel des laboratoires d'analyses vers la base de données Epifaune. Cela soulage ainsi les laboratoires de la saisie de ces résultats, accélère leur ajout dans Epifaune et donc les rend consultables par les utilisateurs.

La phase pilote a pris du retard (notamment à cause du contexte sanitaire tendu et de délais de livraison d'un nouveau serveur) mais aujourd'hui elle aboutit à la mise en routine de l'envoi par EDI de toutes les analyses toxicologiques effectuées par le laboratoire Toxlab (sauf contre-ordre comme dans le cas d'affaires de police judiciaire) et des analyses de tularémie effectuées par le laboratoire de l'environnement et de l'alimentation de la Vendée (LEAV).

Nous allons continuer à travailler pour augmenter le spectre des résultats d'analyses envoyés par EDI. Notre prochain objectif est de faire envoyer par EDI les analyses IAHP effectuées par les 11 laboratoires agréés.

Nicolas TOULET, administrateur Epifaune (OFB)

SAGIR en Outre-mer

En 2023, le réseau se relance en Guadeloupe, des réunions partenariales (OFB 971 et 972, FDC, CIRAD, institut pasteur, Parc national, naturalistes DAAF, ARS et DREAL) et une journée de formation ont eu lieu début mai.



© L. Palumbo



© L. Palumbo

En Octobre, une session de formation est prévue à la Réunion cette fois-ci, pour les agents OFB et les partenaires.

Rappel : 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