

Rapport de stage de Master 2 Gestion Intégrée des Zoonoses et des
Maladies Animales Tropicales (GIZMAT)

Analyse descriptive de la circulation des virus influenza aviaire hautement pathogènes dans l'avifaune sauvage reçue en centre de soins de la faune sauvage

Présentée par Godard Caroline le 23 juin 2025



© Pixabay

Stage réalisé sous la direction de Lorette Hivert, Doctorante, et réalisé au sein du
laboratoire Interactions Hôtes-Agents Pathogènes (UMR 1225 INRAE-ENVt, France), dans
l'équipe Interactions hôtes-virus et vaccinologie (Viral) de janvier à juillet 2025.

Résumé :

Face à la persistance de l'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) en France, cette étude évalue la pertinence d'intégrer les centres de soins (CDS) pour la faune sauvage en complément du dispositif national de surveillance SAGIR. Cinq CDS répartis sur le territoire français ont collecté 2 575 échantillons sur 1 314 oiseaux vivants admis entre juin 2024 et février 2025. L'analyse par RT-qPCR a permis de détecter 21 cas positifs au virus de sous type H5, soit une prévalence globale de 1,6 %. Des prévalences élevées ont été observées chez la Mouette rieuse (37,6 %) et le Goéland argenté (18,9 %), témoignant d'une circulation virale potentiellement sublétales voire asymptomatique, difficilement accessible par les systèmes centrés sur la mortalité comme SAGIR, qui permet également une détection importante de virus H5 au sein de ces espèces. Selon les fenêtres spatio-temporelles considérées, les CDS ont permis une détection plus précoce que SAGIR entre 13 % à 50 % des cas, mettant en évidence leur rôle complémentaire. En outre, ils ont permis la surveillance d'espèces peu ciblées jusqu'alors tels que tels que les rapaces nocturnes, dont les effectifs dans SAGIR sont limités, ce qui a permis d'enrichir le spectre taxonomique couvert. Cette approche, axée sur des oiseaux vivants, renforce les capacités de détection précoce et l'identification de foyers peu visibles. L'intégration structurée des CDS dans les dispositifs de surveillance offrirait une opportunité stratégique pour améliorer la réactivité et la couverture géographique et taxonomique de la veille épidémiologique de l'IA en France.

Mots-clés : influenza aviaire, surveillance, faune sauvage, SAGIR, centre de soins, détection précoce

Abstract :

In response to the continued circulation of highly pathogenic avian influenza (HPAI) in France, this study assesses the relevance of integrating wildlife rehabilitation centers (WHC) as a complement to the national SAGIR surveillance network. Five CDS across the country collected 2,575 samples from 1,314 live wild birds admitted between June 2024 and February 2025. RT-qPCR analysis identified 21 H5-positive cases, corresponding to an overall prevalence of 1.6%. High prevalence rates were observed in black-headed gulls (37.6%) and herring gulls (18.9%), indicating potentially pre-lethal or subclinical viral circulation that is difficult to capture through mortality-based surveillance systems such as SAGIR—though SAGIR also contributes significantly to H5 virus detection in these species. Depending on the spatio-temporal window considered, WHC enabled earlier detection than SAGIR in 13% to 50% of cases, highlighting their complementary role. Moreover, WHC facilitated the monitoring of species previously underrepresented in surveillance efforts, such as nocturnal raptors—whose numbers are limited in SAGIR—and columbids, which are intentionally excluded from current monitoring. This helped broaden the taxonomic spectrum of surveillance. This approach, focused on live and sometimes asymptomatic birds, strengthens early detection capacities and improves the identification of otherwise undetected outbreak clusters. The structured integration of WHC into national surveillance frameworks offers a strategic opportunity to enhance the responsiveness, coverage, and accuracy of HPAI epidemiological monitoring in France.

Keywords: avian influenza, surveillance, wildlife, SAGIR, wildlife rehabilitation center, early detection

Sommaire

Abréviations	5
I. Introduction	6
I.1. L'influenza aviaire	6
I.1.a) Description virale	6
I.1. b) Mécanisme de transmission.....	6
I.1. c) Symptômes.....	7
I.2. Historique de l'influenza aviaire en faune sauvage	8
I.2.a) en Europe	8
I.2.b) en France	8
I.3. Gestion de l'influenza aviaire en France	9
I.3.a) La surveillance de l'IAHP dans la faune sauvage	9
I.3.b) Les centres de soins de faune sauvage.....	10
I.4 Objectif et plan d'étude	11
II. Matériel et méthode.....	12
II.1 Description des centres de soins partenaires	12
II.2 Description des animaux inclus et modalités de prélèvement	12
II.2.a) Critères d'inclusions et d'exclusions	12
II.2.b) Méthode d'échantillonnage et de transport.....	13
II.2.c) Période de collecte	14
II.3 Traitement des échantillons en laboratoire	15
II.3.a) Reconditionnement	15
II.3.b) Extraction ARN.....	15
II.3.c) RT-qPCR	15
II.4 Descriptions des données fournies par le réseau SAGIR.....	16
II.5 Analyses statistiques	17
II.5.a) Nettoyage et traitement des données	17
II.5.b) Prévalence seuil et prévalence vraie	17
II.5.c) Comparaison du taux de positivité	18
II.5.d) Etude de précocité SAGIR / CDS	18
II.6 Cartographie	19
II.6.a) Données utilisées	19
II.6.b) Zone d'influence des centres de soins.....	19
III. Résultats	20
III.1 Echantillonnage	20
III.2 Résultats RT-qPCR	22
III.2.a) Individus H5 positifs	22
III.2.b) Calcul de prévalence seuil et prévalence vraie.....	24

III.3 Comparaison des surveillances effectuées par le réseau SAGIR et les CDS	25
III.3.a) Zones de détection.....	25
III.3.b) Précocité de détection.....	26
III.3.c) Taux de positivité et effort de collecte fourni	27
IV Discussion	27
IV.1 Biais de sélection dans l'échantillonnage	27
IV.2 Description d'une circulation non létale des VIA.....	28
IV.3 Amélioration des effectifs d'espèces surveillées par SAGIR	29
IV.4 Nouvelles espèces à intégrer dans la surveillance	31
IV.5 Précocité de détection et couverture géographique	32
IV.6 Conclusion	33
Bibliographie.....	35
Annexes.....	39

Abréviations :

ARN : Acide RiboNucléique

CDS : Centre De Soins

CSFL : Centre de Sauvegarde de la Faune Lorraine

CVFSE : Centre Vétérinaire de la Faune Sauvage et des Ecosystèmes

EC : Écouvillon Cloacal

EOP : Écouvillon Oro-Pharyngé

ENVA : École Nationale Vétérinaire d'Alfort

ENVT : École Nationale Vétérinaire de Toulouse

FDC : Fédération Départementale des Chasseurs

HA : Hémagglutinine

IA : Influenza Aviaire

IAFP : Influenza Aviaire Faiblement Pathogène

IAHP : Influenza Aviaire Hautement Pathogène

LPOIG : Ligue pour la Protection des Oiseaux Ile-Grande

NA : Neuraminidase

OFB : Office Français de la Biodiversité

PBS : Tampon phosphate salin (Phosphate-Buffered Saline)

RT-qPCR : Reverse Transcription quantitative Polymerase Chain Reaction

VIA : Virus de l'Influenza Aviaire

ZP : Zone de Protection

ZRD : Zone à Risque de Diffusion

ZRP : Zone à Risque Particulier

ZS : Zone de Surveillance

I. Introduction

I.1. L'influenza aviaire

L'influenza aviaire (IA) est une infection virale qui affecte de nombreuses espèces animales et présente des enjeux majeurs pour la santé animale, la santé humaine et l'économie mondiale. Elle représente une menace persistante pour les filières avicoles en raison des pertes économiques liées aux épizooties récurrentes, aux restrictions commerciales et aux mesures de lutte drastiques, telles que l'abattage massif des volailles infectées (Simancas-Racines et al., 2023). Sur le plan sanitaire, bien que la transmission zoonotique demeure rare, certaines souches virales comme H5N1, suscitent des préoccupations en raison de leur potentiel pandémique (Lycett et al., 2019) (Yamaji et al., 2020). L'IA a également un impact écologique significatif, entraînant une forte mortalité chez des espèces d'oiseaux sauvages, protégées ou en voie de disparition (Animal and Plant Health Inspection Service, 2023; Gamarra-Toledo et al., 2023).

I.1.a) Description virale

L'agent responsable de l'influenza aviaire est un virus à ARN (Acides RiboNucléiques) appartenant à la famille des Orthomyxoviridae (Swayne and Suarez, 2000). Cette famille comprend des virus à ARN monocaténaire segmenté de polarité négative, conformément à la classification établie par le Comité International de Taxonomie des Virus en 2023. Ces agents infectieux se divisent en quatre types (A, B, C, D), selon leurs caractéristiques structurales et antigéniques. Les agents de l'IA appartiennent au type A, seul type à l'origine de pandémie, montrant un tropisme étendu à de nombreux types cellulaires et à de nombreuses espèces cibles permissives à ce virus (Lina, 2014; Lycett et al., 2019).

Les virus de type A sont divisés en sous-types en fonction de la nature antigénique de leurs glycoprotéines de surface : l'hémagglutinine (HA) et la neuraminidase (NA). Les altérations des sites antigéniques HA et NA des virus de l'influenza aviaire (VIA) sont fréquentes et constituent le mécanisme de survie et d'adaptation du virus à l'hôte. Les mutations acquises peuvent faciliter l'entrée dans un nouvel hôte et l'infection chez celui-ci. Leur indice de pathogénicité est un deuxième critère permettant la classification des VIA, distinguant les souches faiblement pathogènes (IAFP) des souches hautement pathogènes (IAHP). Jusqu'à présent, les formes hautement pathogènes n'ont été identifiées que parmi les virus de sous-types H5 et H7 (Alexander, 2000). Dotés d'une grande variabilité génétique, les VIA peuvent infecter un large spectre d'hôtes. Selon l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO), en 2023, des virus IAHP ont été isolés chez 502 espèces d'oiseaux sauvages et 60 espèces de mammifères, dont l'Homme et certains mammifères sauvages et domestiques.

I.1. b) Mécanisme de transmission

Les virus de l'IA ciblent principalement les cellules intestinales, et secondairement respiratoires, entraînant leur excrétion par les fientes et les sécrétions respiratoires (Webster et al., 1992). Certaines souches HP peuvent infecter d'autres types cellulaires et organes, causant des infections systémiques. La transmission horizontale par voie féco-orale est la principale voie de transmission du virus entre oiseaux (Webster et al., 1992). Outre la transmission directe, la contamination environnementale, notamment des sources d'eau et de nourriture, permet une transmission indirecte du virus. De plus, des

recherches récentes ont démontré que les plumes, via leur épithélium, pourraient jouer un rôle dans la multiplication du virus et ainsi constituer une source de matériel infectieux dans l'environnement (Gaide et al., 2023).

I.1. c) Symptômes

L'IAHP chez les oiseaux présente une expression clinique variable en fonction de l'espèce affectée et de la souche virale en cause. Certaines espèces d'oiseaux aquatiques, notamment les Anatidés, peuvent être porteuses asymptomatiques, contribuant ainsi à la dispersion du virus sur de longues distances. En revanche, chez les espèces plus sensibles, l'IAHP entraîne des troubles neurologiques (tremblements, torticolis, paralysie), respiratoires (dyspnée, toux, éternuements) et digestifs (diarrhée), ainsi que des lésions vasculaires, telles que des œdèmes et des hémorragies affectant les muqueuses et les organes internes pouvant entraîner le décès. Les volailles domestiques, notamment les poules, dindes et canards, sont particulièrement vulnérables à l'IAHP. Ainsi, l'infection entraîne généralement une mortalité rapide et élevée, pouvant atteindre près de 100% du cheptel (Pantin-Jackwood and Swayne, 2009).

Chez l'humain, les symptômes varient en gravité, allant de manifestations légères à des complications graves. Les signes les plus fréquents incluent fièvre élevée, toux, douleurs musculaires, maux de tête et fatigue intense. Dans certains cas, des symptômes gastro-intestinaux (diarrhée, nausées) ou neurologiques (encéphalopathie, convulsions) peuvent apparaître (ASPC, 2023). Les formes graves peuvent évoluer rapidement vers une insuffisance respiratoire aiguë ou une défaillance multi-organique, avec un taux de mortalité élevé pouvant aller jusqu'à 54% dans les cas d'infection par des souches comme H5N1 ou H7N9 (ASPC, 2023; OMS, 2023).

Ces souches hautement pathogènes, peuvent entraîner des mortalités massives chez les oiseaux sauvages, pouvant atteindre plus de 20%, y compris chez des espèces menacées telles que le condor de Californie (*Gymnogyps californianus*) et le pélican péruvien (*Pelecanus thagus*). En France, d'importants épisodes de mortalité massives liés à l'IAHP ont été dans des colonies de nidification de fous de Bassan (*Morus bassanus*) située dans la réserve naturelle des Sept-Îles (Côtes d'Armor, Bretagne) en 2022, avec une perte de poussins estimée à 80 % et une mortalité très élevée des oiseaux adultes (Lane et al., 2024a; LPO de l'île Grande, 2022). Ces épidémies perturbent la dynamique des populations et les écosystèmes entiers (Animal and Plant Health Inspection Service, 2023; Gamarra-Toledo et al., 2023) mais augmentent également le risque de transmission inter espèces, ce qui amplifie les défis de préservation de la biodiversité (Ramey et al., 2022).

De plus, les oiseaux sauvages, en particulier les migrateurs, peuvent jouer plusieurs rôles dans l'épidémiologie du virus : sentinelles, réservoirs, voire propagateurs. En tant qu'hôtes de maintenance du virus, ces oiseaux sauvages peuvent héberger presque tous les sous-types de virus (H1 à H15 et N1 à N9). L'IA représente donc une menace environnementale majeure en raison de ses répercussions sur l'avifaune sauvage, sans négliger ses impacts sur les filières avicoles et les risques sanitaires humains qu'elle entraîne.

I.2. Historique de l'influenza aviaire en faune sauvage

I.2.a) en Europe

Historiquement, depuis sa première identification dans les années 1870 en Italie, les virus IAHP affectaient principalement les volailles domestiques, à quelques exceptions près, comme l'épizootie de 1961 chez des sternes en Afrique du Sud (*Sterna hirundo*) (Becker, 1966). Avant les années 1990, les foyers d'IAHP étaient principalement sporadiques. Au fil du temps, le virus a évolué par mutations et réassortiments, donnant place à des lignées virales plus diversifiées (de Vries et al., 2015), notamment au sous type hautement pathogène H5N1 (Xu et al., 1999). Début 2006, des foyers de H5N1 ont été détectés dans plusieurs pays européens. Entre 2016 et 2019, différents sous-types (H5N8, H5N6) ont circulé en Europe, provoquant plusieurs épizooties affectant tant les élevages que l'avifaune sauvage.

Les épizooties de 2020-2023 ont marqué un tournant avec l'émergence du clade 2.3.4.4b du virus H5N1 (COVARIS, 2023), causant des mortalités massives, y compris chez des espèces jusque-là épargnées comme les oiseaux coloniaux marins notamment chez les mouettes rieuses et plusieurs espèces de goélands (ESA, 2024). La saison 2020-2021 a vu une hausse record de 51 % des cas en faune sauvage par rapport à 2016-2017 (ESA, 2021). Entre 2022 et 2025, la circulation du H5N1 a persisté en Europe, dans plus de 35 pays, dont la France, l'Allemagne et le Royaume-Uni en tête de signalements (ESA, 2025a, 2025b).

I.2.b) en France

En France, l'influenza aviaire a pris une ampleur sans précédent au cours des dernières années. Les vagues épidémiques successives ont entraîné l'abattage de millions de volailles, impactant durement la filière avicole. Initialement saisonnière, la circulation du virus s'est désormais installée tout au long de l'année (Scoizec et al., 2024). Cette persistance a favorisé une transmission continue, notamment parmi les populations d'oiseaux sauvages, résidents et migrateurs. Parmi les espèces les plus touchées, on retrouve les Anatidés (oies, cygnes, canards) et les Laridés (mouettes, goélands), qui jouent un rôle clé dans la diffusion du virus (Scoizec et al., 2024). Cette dynamique a entraîné des épisodes de mortalité importante particulièrement marqués chez des espèces vulnérables comme les fous de Bassan (*Morus bassanus*) et certains goélands (Lane et al., 2024b).

La situation nationale demeure préoccupante en cette fin d'année 2024 et début 2025. Depuis le début de la saison en France (23 août 2024) jusqu'au 18 mai 2025, 36 cas sauvages ont été signalés (ESA, 2025b). Les oiseaux touchés sont principalement des mouettes rieuses (*Chroicocephalus ridibundus*), des cygnes tuberculés (*Cygnus olor*), des goélands argentés (*Larus argentatus*), et des grues cendrées (*Grus grus*). Ces foyers ont été identifiés dans plusieurs départements, principalement en Bretagne et dans le Morbihan. En réponse à la situation sanitaire préoccupante dans l'avifaune sauvage des pays voisins, l'ensemble du territoire métropolitain a été placé en niveau de risque « élevé » dès le 9 novembre 2024 (arrêté du 31 octobre 2024) (ESA, 2025a), avant d'être progressivement abaissé à modéré le 24 mars 2025 puis négligeable le 30 avril 2025 en l'absence de foyers domestiques depuis janvier (Figure 1).

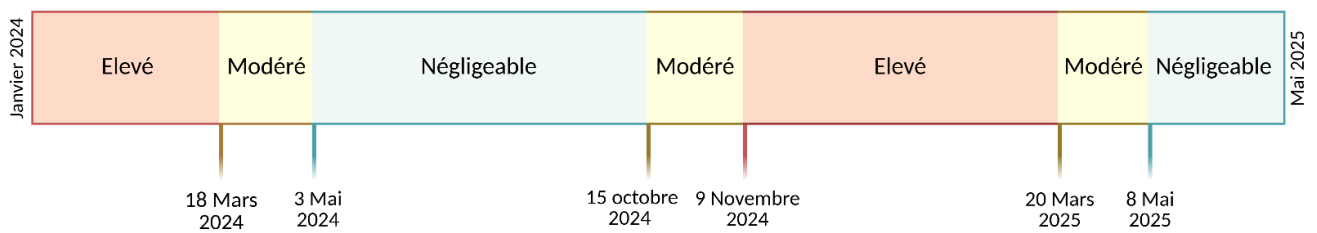


Figure 1 : Frise chronologique faisant état du niveau de risque pour l'influenza aviaire en France métropolitaine sur la période de janvier 2024 à mai 2025.

Face à cette situation qui reste délicate, la France a renforcé ses mesures de biosécurité, avec des périodes prolongées de confinement des volailles sur les zones à risque de diffusion (ZRD) durant les périodes de niveau de risque élevé et modéré, ainsi que des campagnes de vaccination ciblées pour les élevages détenant plus de 250 canards (Barbarie, mulard et Pékin) (Remongin, 2024). Toutefois, la résurgence régulière du virus souligne la difficulté à contenir sa propagation, d'autant plus que l'infection atteint désormais de nouveaux hôtes, comme aux Etats-Unis, où des cas d'IAHP H5N1 ont été détectés chez des bovins laitiers depuis le début de l'année 2024 (Webby and Uyeki, 2024).

Ces évolutions traduisent une rupture avec les schémas épidémiologiques précédents, où le virus suivait principalement les migrations automnales des oiseaux aquatiques. Désormais, la circulation intense du H5N1 au sein des populations résidentes, combinée aux introductions répétées par les migrateurs, complexifie les stratégies de surveillance et de prévention, tout en augmentant le risque de transmission vers les élevages avicoles (Scoizec et al., 2024). La gestion de l'influenza aviaire ainsi que sa surveillance en France s'inscrivent donc dans un défi sanitaire global, nécessitant une approche coordonnée entre les acteurs de la santé animale, de la conservation de la faune sauvage et de la filière avicole.

I.3. Gestion de l'influenza aviaire en France

I.3.a) La surveillance de l'IAHP dans la faune sauvage

Dans ce contexte, la surveillance sanitaire de la faune sauvage joue un rôle clé dans l'anticipation et la gestion de l'influenza aviaire en France. Un suivi rigoureux permet d'identifier précocement les foyers d'infection et d'évaluer l'évolution de la propagation de la maladie au sein des différentes populations d'oiseaux. Ce dispositif repose notamment sur le réseau SAGIR, qui assure la surveillance de la faune sauvage terrestre et permet une détection précoce des agents pathogènes majeurs, dont les virus IAHP. En effet, le réseau SAGIR (Office Français de la Biodiversité - Fédérations de chasse nationale et départementales-ADILVA) permet la détection et le diagnostic des événements anormaux de mortalité ou de morbidité touchant les mammifères, oiseaux, amphibiens et reptiles (Decors, 2022).

Le réseau SAGIR fonctionne grâce à la collaboration d'un large éventail d'acteurs de terrain et de spécialistes en santé animale, en biosécurité, et de laboratoires spécialisés. Lorsqu'un cadavre d'animal

sauvage est découvert, il est signalé aux partenaires du réseau, comme l'Office Français de la Biodiversité (OFB) ou la fédération départementale des chasseurs (FDC). Les référents techniques départementaux (OFB et FDC), formés à l'évaluation sanitaire et aux protocoles de prélèvement, décident de la pertinence d'une collecte selon les critères établis. Si le prélèvement est justifié, ils assurent sa récupération dans le respect des règles d'hygiène, puis son transfert vers les laboratoires vétérinaires départementaux pour des analyses plus approfondies (Decors, 2022).

Ce dispositif repose sur une surveillance continue, généraliste et événementielle, parfois renforcée pour certaines espèces protégées (loup, lynx, ours) et certaines maladies réglementées (IAHP, pestes porcines, virus West-Nile). Ce renforcement permet d'optimiser la détection des agents pathogènes d'importance en intensifiant les collectes ou en systématisant les analyses sur les spécimens recueillis (Decors, 2022). Le programme renforcé SAGIR IAHP permet d'identifier les dynamiques de circulation du virus en collectant et en analysant des spécimens d'oiseaux trouvés morts, afin de confirmer la présence du virus et d'orienter les actions de gestion sanitaire. Les espèces concernées par les prélèvements qui ont été systématiques réalisés par le réseau SAGIR sont référencées en **Annexe 1**.

Bien que le réseau SAGIR constitue un outil fondamental pour la surveillance de l'IAHP, il présente certaines limites, notamment en lien avec son mode de fonctionnement basé sur des découvertes fortuites d'animaux morts : ce qui peut induire un biais de collecte lié à la détectabilité des cadavres. Ainsi, des espèces qui pourraient représenter un intérêt significatif dans la circulation de l'IAHP, sans pour autant être affectées sévèrement cliniquement, pourraient ne pas être pris en compte dans le système de surveillance médié par SAGIR. Dans ce contexte, il apparaît pertinent d'explorer d'autres sources de données complémentaires en s'appuyant sur de nouveaux acteurs afin d'améliorer la détection et la compréhension de la circulation de ces virus.

I.3.b) Les centres de soins de faune sauvage

Les centres de soins (CDS) de faune sauvage ont pour mission la prise en charge (accueil et soin) d'animaux sauvages blessés ou en détresse dans un objectif de ré-insertion dans le milieu naturel. En France, il existe une centaine de CDS de faune sauvage, répartis sur l'ensemble du territoire (IGEDD, 2023) accueillant plus de 100 000 animaux par an, dont 70 % appartiennent à des espèces protégées (principalement oiseaux et mammifères terrestres et marins mais aussi reptiles et amphibiens) (IGEDD, 2023). Situés majoritairement en zone rurale (68 %) on distingue les CDS généralistes (traitant plusieurs taxons, comme les oiseaux et mammifères) et les CDS spécialisés (dédiés à un seul groupe d'espèces, oiseaux, reptiles...) (Galichet Emmanuelle, 2021).

Le fonctionnement des CDS repose sur une organisation structurée impliquant plusieurs acteurs complémentaires. Lorsqu'un animal blessé ou en situation de détresse est trouvé et amené dans un CDS par le grand public, il est pris en charge par les soigneurs et bénévoles, qui assurent ses soins quotidiens, son alimentation et son suivi, garantissant ainsi son bien-être tout au long de sa prise en charge. Les vétérinaires, apportent leur expertise médicale pour diagnostiquer, traiter et orienter les soins spécialisés (Galichet Emmanuelle, 2021).

Le nombre d'animaux pris en charge par les CDS est en constante augmentation (+44 % entre 2017 et 2019) (Galichet Emmanuelle, 2021). De ce fait, ils offrent une opportunité précieuse pour enrichir le dispositif actuel de surveillance en intégrant des informations ainsi que des prélèvements issus d'animaux trouvés vivants, potentiellement sous représentés par les méthodes de surveillance existantes.

I.4 Objectif et plan d'étude

À ce jour, certains CDS participent activement à la collecte de données et d'échantillons biologiques qu'ils mettent à disposition des équipes de recherche ou de surveillance (Gourlay et al., 2014). Néanmoins, il n'existe pas encore de dispositif structuré de surveillance sanitaire aligné sur les objectifs du réseau SAGIR ou adapté aux enjeux propres des CDS, prenant en compte leur mode de fonctionnement et leurs contraintes. Pourtant, la mise en place d'un tel dispositif pourrait enrichir les systèmes de surveillance actuels, notamment pour certaines maladies impactant la santé publique, la santé des animaux domestiques et celles de la faune sauvage, comme l'IAHP.

Dans ce contexte, il apparaît pertinent d'examiner si les CDS de la faune sauvage pourraient constituer un levier complémentaire pour contribuer à la détection précoce de nouveaux foyers d'IAHP. En effet, les modalités actuelles de surveillance, notamment celles mises en œuvre par le réseau SAGIR, reposent principalement sur la collecte et l'analyse de cadavres d'oiseaux sauvages. Or, cette approche présente certaines limites, en particulier lorsqu'il s'agit d'espèces dont les individus infectés ne succombent pas systématiquement au virus ou dont la faible taille rend les cadavres difficiles à repérer. De plus, certaines zones, notamment urbaines, restent sous-représentées dans les dispositifs de surveillance existants (Gourlay et al., 2014). En élargissant la veille sanitaire à des oiseaux vivants recueillis en CDS, il devient envisageable d'identifier plus précocement la présence du virus dans des populations qui échappent habituellement au dispositif de détection. L'analyse comparative des premiers cas positifs détectés au sein d'un territoire donné, en fonction de leur signalement par les CDS ou par le réseau SAGIR, permettra ainsi d'évaluer la valeur ajoutée de cette approche pour une surveillance plus réactive.

Par ailleurs, l'exploitation des données issues des CDS pourrait également contribuer à affiner le ciblage des espèces suivies dans le cadre de la surveillance IAHP. Historiquement, les efforts se sont concentrés sur les espèces d'intérêt cynégétique ou présentant une forte mortalité en cas d'infection, ce qui peut avoir conduit à sous-estimer le rôle d'autres taxons dans la circulation virale. Certaines espèces, bien que peu affectées sur le plan clinique, pourraient néanmoins jouer un rôle dans la dynamique épidémiologique du virus (Reinartz et al., 2024). Il convient donc de s'interroger sur la pertinence d'inclure dans la surveillance des groupes jusqu'alors peu considérés, mais qui se révèlent fréquemment admis en CDS. À ce titre, les Corvidés, récemment intégrés aux espèces surveillées par SAGIR, constituent un exemple illustratif (DGAL, 2024). D'autres taxons, comme certains passereaux ou Columbides (Reinartz et al., 2024), mériteraient également d'être examinés afin de déterminer leur éventuelle implication dans la diffusion du virus. En identifiant ces nouvelles espèces potentiellement

réservoirs ou vectrices, il serait possible d'adapter les critères de surveillance aux spécificités des oiseaux recueillis en CDS, renforçant ainsi l'efficacité du dispositif global de détection de l'IAHP.

II. Matériel et méthode

II.1 Description des centres de soins partenaires

Dans le cadre de ce projet, cinq CDS pour la faune sauvage ont été sollicités pour participer à la collecte d'échantillons. Leur sélection s'est reposée principalement sur des critères géographiques et épidémiologiques spécifiques liées à la circulation de l'IAHP.

Le CDS de l'École Nationale Vétérinaire de Toulouse (ENVT) est à proximité d'une zone à forte densité d'élevage avicoles, ce qui en fait un territoire clé pour l'étude des interactions potentielles entre les compartiments sauvages et domestiques. Le Centre Vétérinaire de la Faune Sauvage et des Ecosystèmes (CVFSE) et le Centre de Sauvegarde de la Ligue de Protection des Oiseaux d'Île Grande (LPOIG) sont implantés sur le littoral atlantique. Ils ont été retenus en raison de la survenue récurrente d'épisodes d'IAHP chez les oiseaux marins dans cette zone, notamment lors de l'épizootie de 2024, documentée par le réseau de surveillance SAGIR (ANSES, 2024). La façade atlantique constitue en effet un axe migratoire majeur, où la densité et la diversité des populations d'oiseaux sauvages favorisent la circulation virale (DRAAF Bretagne, 2024). Le centre hospitalier universitaire vétérinaire de l'École Nationale Vétérinaire d'Alfort (ENVA) présente des enjeux épidémiologiques spécifiques, étant implanté dans une zone à forte densité urbaine qui est caractérisée par la présence importante d'espèces anthropophiles, opportunistes et ubiquistes, favorisant les interactions étroites entre la faune et l'Homme.

Enfin, le Centre de Sauvegarde de la Faune Lorraine (CSFL), situé dans le Grand Est, a été intégré à l'étude en raison d'antécédents de circulation du virus IAHP dans la région (ANSES, 2024), notamment au cours de l'hiver 2022–2023 (ESA, 2023). Par ailleurs, bien que le virus Usutu ne soit pas inclus dans l'objet d'étude de ce mémoire de Master, sa circulation décrite dans la région depuis 2015 (OFB, 2024) a constitué un facteur supplémentaire justifiant l'intérêt porté à ce CDS. En effet, cette étude s'inscrit dans un projet de thèse universitaire traitant de la circulation de plusieurs virus au sein des populations en CDS, notamment sur West Nile et Usutu. Bien que la répartition géographique des CDS sélectionnés ne couvre pas de manière uniforme l'ensemble du territoire métropolitain, elle permet toutefois de représenter les principaux types de milieux à risque identifiés pour cette étude.

II.2 Description des animaux inclus et modalités de prélèvement

II.2.a) Critères d'inclusions et d'exclusions

L'ensemble des oiseaux admis dans les CDS partenaires a été systématiquement évalué en vue de leur inclusion dans l'étude. Le prélèvement a été réalisé à l'admission, soit le jour même (J0), soit au plus tard dans les 24 heures suivant l'entrée de l'individu au CDS (J+1). Plusieurs critères d'exclusion ont été appliqués afin de garantir à la fois la qualité des échantillons et le respect du bien-être animal (**Figure 2**). Les juvéniles non volants n'ont pas été prélevé en raison de leur rôle limité dans la circulation

des virus, étant principalement en contact avec leurs parents et n'interagissant que marginalement avec d'autres individus de la population sauvage. De même, les individus appartenant à des espèces de très faible gabarit (inférieur au gabarit d'un merle noir), pour lesquels l'insertion sécurisée d'un écouvillon n'était pas possible, ont été exclus du prélèvement. Cependant, en cas d'euthanasie ou de décès dans les 24 heures suivant l'admission, un prélèvement post-mortem pouvait être effectué. Si le clinicien examinant l'oiseau à l'admission jugeait que son état était incompatible avec l'acte de prélèvement (sensibilité au stress importante, pathologie particulière, etc...), celui-ci pouvait éventuellement être différé de 24h maximum, ou être effectué *post-mortem* (si l'oiseau venait à mourir ou être euthanasié dans les 24h suivant l'admission).

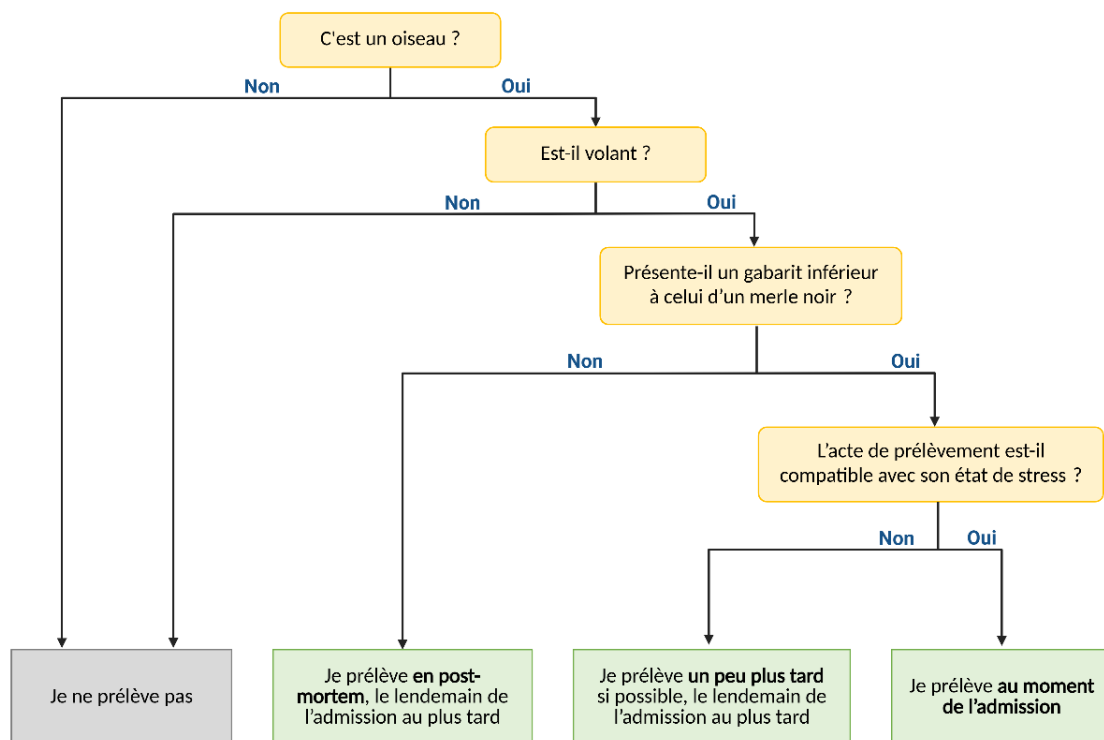


Figure 2 : Arbre décisionnel décrivant les critères d'exclusion de l'étude concernant le prélèvement d'oiseau en centre de soin.

II.2.b) Méthode d'échantillonnage et de transport

Lorsque les critères d'inclusion étaient remplis, deux types d'échantillons biologiques étaient prélevés pour chaque individu : un écouvillon oro-pharyngé (EOP) et un écouvillon cloacal (EC). Le matériel utilisé pour ces prélèvements a été fourni par l'ENVT et était composé d'écouvillons secs stériles à tige plastique et bout coton. La réalisation du prélèvement cloacal consistait à insérer l'extrémité en coton de l'écouvillon dans le cloaque de l'animal puis à frotter la muqueuse afin de recueillir assez de matériel biologique pour l'analyse (**Figure 3A**). De manière analogue, le prélèvement oro-pharyngé était réalisé en écouvillonnant l'ensemble de la cavité buccale, en incluant les choanes et la glotte.

Après réalisation du prélèvement, chaque écouvillon a été inséré dans un tube Eppendorf 1,5mL (**Figure 3B**). Un écouvillon et un tube distinct a été utilisés pour chaque type de prélèvement. Chaque tube devait immédiatement être annoté avec l'identifiant unique de l'animal, la nature du prélèvement

réalisé, ainsi que la date du prélèvement (**Figure 3B**). Parallèlement, plusieurs informations complémentaires devaient être consignées pour chaque individu, notamment l'espèce, le code postal du lieu de découverte de l'animal, la présence éventuelle de signes de troubles nerveux centraux, et la note d'état corporel (**Annexe 2**).



Figure 3 : Photographies des éléments de collecte d'échantillon avec **(A)** un écouvillon propre emballé recto verso et **(B)** un écouvillon conservé dans un Eppendorf annoté après prélèvement, envoyé par un centre de soin partenaire.

Une fois prélevés, les échantillons devaient être conservés à une température de -20°C au sein des CDS, pour une durée maximale de trois semaines. Le transport des prélèvements à -20°C a été organisé toutes les trois semaines par l'équipe de recherche, afin d'acheminer les échantillons vers le laboratoire de type P2 de l'UMR IHAP, situé à l'ENVT. À leur arrivée au laboratoire, les échantillons ont été transférés à une température de -70°C , assurant leur conservation optimale pendant plusieurs semaines voire plusieurs mois, en attente de leur analyse virologique ultérieure (ANSES, 2015). Ils pourront ensuite être maintenus à cette température afin d'alimenter d'autres projets de recherche ultérieurs.

II.2.c) Période de collecte

La période de collecte des échantillons s'étend du 9 juin 2024 au 28 février 2025. Cette dernière date a été fixée afin de permettre la finalisation de la collecte et la réalisation des analyses statistiques dans le délai imparti par le cadre de ce stage. Il est important de souligner que tous les CDS partenaires n'ont pas débuté les prélèvements de manière simultanée. L'ENVT qui sera notifié sous l'indice « Toulouse » dans la suite du rapport, est à l'origine du projet, et a été la première à initier les prélèvements dès le 9 juin 2024. Le CVFSE, qui sera désigné par « Nantes », a rejoint l'étude le 26 juin 2024. Le CSFL, noté « Lorraine », a débuté les prélèvements le 1er août 2024. La LPOIG, référencé sous « Île Grande », a commencé la collecte des échantillons le 29 août 2024. Enfin, l'ENVA, notée « Paris », a initié ses

prélèvements plus tardivement, le 17 janvier 2025. Cette dynamique d'intégration progressive a été prise en compte dans l'organisation de la collecte et sera considérée dans l'interprétation des résultats.

II.3 Traitement des échantillons en laboratoire

II.3.a) Reconditionnement

Après collecte, les échantillons ont été préparés pour l'extraction de l'ARN viral la veille de l'extraction. Dans un premier temps, 500 µL de solution tampon phosphate salin (PBS) ont été ajoutés dans chaque tube Eppendorf contenant un écouvillon de prélèvement. Les échantillons ainsi reconditionnés étaient ensuite stockés à +4°C pendant la nuit afin de permettre une meilleure diffusion des particules virales dans le milieu de suspension. Le lendemain, chaque tube a été agité pendant cinq minutes afin d'homogénéiser la solution avant l'étape d'extraction.

II.3.b) Extraction ARN

L'ARN viral a été extrait à partir de 120 µL de solution d'écouvillonnage à l'aide du kit commercial d'extraction rapide ID Gene™ Mag Fast, employant une technique d'extraction à base de billes magnétiques et d'une plate-forme automatisée IDEAL™ 96, selon les instructions du fabricant (Innovative Diagnostics, Grabel, France). Cette méthode permettait d'obtenir des extraits d'ARN, essentiels pour la détection sensible des virus cibles. Un contrôle négatif d'extraction a été effectué en utilisant 120 µL de PBS dans un puits témoin. Ce témoin permet de vérifier l'absence de contamination au cours de l'extraction. L'absence de signal pour les gènes endogènes lors de la RT-qPCR valide la fiabilité de cette étape.

II.3.c) RT-qPCR

La quantification de l'ARN viral correspondant aux sous-types H5 et H7 du virus de l'influenza aviaire a été réalisée par RT-qPCR dans des plaques à 96 puits à l'aide du système LightCycler® 96 (Roche, Mannheim, Allemagne). Il convient de noter que cette quantification ne permet pas de distinguer les virus hautement pathogènes des virus faiblement pathogènes. Les mélanges ont été préparés selon les instructions du fabricant du kit ID Gene™ Influenza H5/H7 Triplex version export (Innovative Diagnostics, France), avec 5 µL d'ARN précédemment extrait et un volume de 8 µL de solution fournie dans le kit contenant un mélange d'amorce et de sonde (AMR-FLUH5H7-EXP). Le témoin de contrôle positif a été préparé en utilisant 5 µL du mélange PAC-FLUH5H7-EXP fourni par le kit commercial, tandis que le contrôle négatif comprenait 5 µL d'eau distillée, chacun complété par 8 µL de la solution d'amorces et de sondes. Ces contrôles permettent de vérifier l'absence de contamination croisée et d'attester du bon déroulement des réactions de RT-qPCR.

Les conditions de préparation et de thermocyclage suivent également les recommandations du fabricant à savoir une première préincubation de 10 minutes à 45°C, suivi d'une deuxième préincubation de 10 minutes à 95°C, puis de 40 cycles d'amplification de 15 secondes à 94°C, 30 secondes à 54°C et 10

secondes à 60°C. Les résultats de qPCR ont été visualisés à travers l'utilisation du logiciel Ligthcycler® 96 (version 1.1.0.1320).

II.4 Description des données fournies par le réseau SAGIR

Dans le cadre de cette étude, des données issues du réseau SAGIR ont été utilisées afin de permettre une comparaison avec les données de détection collectées dans les CDS. Ces données, obtenues par l'intermédiaire d'un animateur de la surveillance renforcée de l'influenza aviaire de l'OFB, concernaient l'ensemble des prélèvements réalisés en 2024 sur la faune sauvage, selon les protocoles en vigueur à cette période. De plus, une partie de données sur l'année 2025 ont pu être obtenue, mais seulement pour les prélèvements positifs et non pour tous les prélèvements réalisés. Des informations limitées sur l'année 2025 ont également été recueillies, et se rapportent uniquement aux cas positifs détectés, sans inclure les informations des prélèvements négatifs.

Le réseau SAGIR cible spécifiquement certaines familles ou groupes d'espèces aviaires reconnus comme particulièrement sensibles ou vecteurs potentiels de l'influenza aviaire. Ces groupes incluent les Anatidés, Laridés, Rallidés, Ardéidés, Ciconiidés, Gruidés, Corvidés, Limicoles et Rapaces, ainsi que d'autres familles aviaires en cas d'épizootie spécifique. Trois situations de surveillance distinctes peuvent être mises en place selon l'évaluation du niveau de risque épidémiologique.

Lorsque le niveau de risque est jugé négligeable, seule une surveillance de base est appliquée. Dans ce cadre, la collecte et l'analyse d'échantillons ne sont déclenchées qu'à partir de la découverte d'au moins trois cadavres retrouvés dans une même commune ou dans un rayon de 1 km et dans un délai de sept jours (DGAL, 2024).

En situation de risque modéré, deux stratégies de surveillance sont combinées. La surveillance de base continue de s'appliquer à l'ensemble du territoire métropolitain hors des Zones à Risque Particulier (¹ZRP), Zones à Risque de Diffusion (²ZRD) et zones réglementées autour des foyers domestiques : Zones de Protection (³ZP) et Zones de Surveillance (⁴ZS), selon les mêmes critères qu'en risque négligeable. À cela s'ajoute une surveillance renforcée, qui impose dans les ZRP, ZRD, ZP et ZS, une collecte systématique dès la découverte du premier cadavre afin de maximiser les chances de détection précoce du virus (DGAL, 2024).

Lorsque le niveau de risque est élevé, seule la surveillance renforcée est maintenue, imposant la collecte immédiate du premier cadavre retrouvé dans tout le territoire métropolitain, sans distinction de zone géographique (DGAL, 2024). Dans tous les cas, quel que soit le niveau de risque et le type de surveillance appliqué, le nombre d'oiseaux collectés est limité à un maximum de cinq individus par espèce parmi les cadavres les plus frais retrouvés.

Par ailleurs, par souci d'optimisation des ressources et afin d'éviter la redondance des analyses, lorsqu'un cas d'IA est confirmé dans la faune sauvage, aucune nouvelle analyse n'est effectuée pendant une durée de quinze jours sur des individus de la même espèce retrouvés dans la zone déclarée

¹ ZRP : Zone à Risque Particulier – zones humides fréquentées par l'avifaune migratrice, à risque élevé d'introduction du virus.

² ZRD : Zone à Risque de Diffusion – zones à forte densité d'élevages avicoles.

³ ZP : Zone de Protection – zone réglementée de 3 km autour d'un foyer d'IAHP confirmé.

⁴ ZS : Zone de Surveillance – zone réglementée entre 3 et 10 km autour du foyer d'IAHP.

infectée. Cette décision s'inscrit dans une logique de surveillance spatio-temporelle de la maladie, l'objectif n'étant pas de quantifier précisément le nombre d'animaux infectés, mais d'en suivre la dynamique de propagation. Cette zone infectée est soit définie par arrêté préfectoral, conformément à l'article 42 de l'arrêté ministériel du 25 septembre 2023, soit, à défaut, correspond à une même commune un rayon de 5 km autour du dernier cas confirmé, ou à un espace écologique cohérent (DGAL, 2024).

Les données fournies comprenaient pour chaque individu ou groupe d'individus un identifiant unique, le foyer de mortalité auquel ils étaient rattachés, l'espèce concernée, le numéro de commune de découverte, le type de prélèvement réalisé (écouvillon cloacal et/ou oropharyngé), ainsi que les résultats de la détection du gène M, qui cible la matrice virale commune à tous les virus IA. En cas de positivité du gène M, des analyses complémentaires étaient conduites pour identifier la présence spécifique des sous-types H5 et H7 susceptible de correspondre à de l'IAHP. Lorsque ces sous-types étaient détectés, un géotypage était parfois réalisé afin de préciser le sous-type exact du virus. Enfin, chaque jeu de données était accompagné d'informations sur le laboratoire d'analyse ayant procédé aux tests ainsi que sur la date d'analyse.

II.5 Analyses statistiques

II.5.a) Nettoyage et traitement des données

Le traitement et le nettoyage des données ont été réalisés à l'aide du logiciel R Studio, version 4.3.2. Pour les données issues des CDS, les prélèvements pour lesquels des informations essentielles étaient manquantes, notamment la date de prélèvement ou l'espèce de l'individu concerné, ont été exclus du jeu d'analyse.

Un nettoyage similaire a été appliqué aux données issues du réseau SAGIR. Dans le cas des foyers de mortalité groupée, plusieurs individus d'une même espèce pouvaient avoir été testés simultanément au sein d'un même événement. Afin d'éviter une surestimation liée aux redondances intra-foyer, un seul individu par foyer a été conservé. Lorsqu'un ou plusieurs individus avaient été détectés positifs, celui dont le test était positif a été privilégié. En l'absence de cas positifs, un individu a été retenu de façon aléatoire parmi ceux prélevés dans le foyer.

L'ensemble des diagrammes en barres, permettant de visualiser clairement la distribution des espèces et la répartition temporelle des prélèvements selon les CDS, a été réalisé à l'aide de la fonction ggplot() du package ggplot2 (version 3.4.4 ; Hadley Wickham), sous le logiciel R Studio.

II.5.b) Prévalence seuil et prévalence vraie

Selon les résultats des analyses RT-qPCR réalisées pour chaque espèce ou groupe d'espèces, deux types d'estimations de la prévalence ont été réalisées au sein des populations présentes dans les CDS.

D'une part, lorsqu'au moins un individu a été testé positif pour un VIA H5 ou H7, une prévalence vraie a été estimée en tenant compte des performances du test RT-qPCR, avec une sensibilité estimée à 90

% et une spécificité à 99 %. Cette estimation était accompagnée d'un intervalle de confiance à 95 %, reflétant l'incertitude liée à la taille de l'échantillon. Les prévalences vraies ont été calculées à l'aide de l'outil EpiTools, dans la rubrique « Estimation of true prevalence ». Les paramètres saisis comprenaient la taille de l'échantillon testé, le nombre de cas positifs détectés, la sensibilité et la spécificité du test RT-qPCR, avec un niveau de confiance fixé à 95 %. En raison de la taille restreinte des échantillons, l'intervalle de confiance a été calculé selon la méthode de Blaker.

D'autre part, lorsqu'aucun individu n'a été détecté positif, seule une prévalence seuil (ou prévalence limite) a pu être estimée. Les prévalences seuils ont été calculées à l'aide de l'outil EpiTools, via la section « Surveys to demonstrate freedom from disease, one-stage sampling ». Cet outil permet d'estimer la plus faible prévalence de H5 ou H7 détectable avec un niveau de confiance de 95 %, en l'absence de cas positifs. Autrement dit, si la prévalence réelle dans cette population était égale ou supérieure à cette valeur, il serait très probable ($\geq 95\%$) d'observer au moins un résultat positif dans l'étude. Le modèle prend en compte la taille de l'échantillon analysé, la sensibilité du test RT-qPCR (90 %), ainsi que le nombre total d'individus de l'espèce concernés admis en CDS durant la période d'étude.

II.5.c) Comparaison du taux de positivité

Le test exact de Fisher a été choisi pour comparer, espèce par espèce, les taux de positivité entre les deux dispositifs de surveillance, du fait de la faible taille des échantillons observés. Seules les espèces présentant au moins un cas positif dans l'un des dispositifs ont été sélectionnées pour l'analyse. Ce test évalue l'hypothèse nulle (H_0) d'égalité des proportions de positifs entre les différents dispositifs. Un seuil de significativité de $p < 0,05$ a été adopté. Si la valeur statistique associée au test excède la valeur seuil de significativité, cela signifie que les données disponibles sont vraisemblablement incompatibles avec l'hypothèse nulle du test.

II.5.d) Etude de précocité SAGIR / CDS

Le **Tableau 4A** a été construit à partir des 21 cas positifs détectés en CDS. Pour chaque cas en CDS, la présence de détections antérieures par SAGIR a été examinée selon différentes fenêtres spatio-temporelles. Les distances entre le cas CDS et les cas SAGIR (de 5 à 100 km) et les délais avant détection du cas CDS (de 0 à 50 jours) ont été combinés pour estimer le nombre de cas pour lesquels SAGIR avait identifié au moins un foyer en amont. Il permet de mettre en évidence le nombre de fois où SAGIR a réussi à détecter une circulation de VIA avant le CDS pour une fenêtre spatio-temporelle donnée, ou si, au contraire, SAGIR n'a pas détecté un foyer repéré par les CDS.

Le **Tableau 4B** a été construit à partir des cas SAGIR pour identifier les situations où les CDS ont réussi à détecter la circulation de VIA avant le réseau SAGIR, ou si, au contraire, les CDS ont pu passer à côté d'un foyer détecté par SAGIR. En raison de la forte densité et de la dispersion géographique des cas SAGIR, ainsi que du fait que les CDS considérés ne couvrent pas l'ensemble du territoire national, seuls les cas SAGIR situés à l'intérieur des zones d'influence des CDS ont été retenus pour l'analyse. Ces zones ont été définies comme les plus petits polygones convexes englobant 90 % des points de

provenance des animaux pris en charge par chaque CDS (**voir II.6.b**). Ce critère de sélection vise à limiter la comparaison aux zones où une détection par les CDS aurait été, en théorie, possible.

II.6 Cartographie

II.6.a) Données utilisées

Les représentations cartographiques ont été réalisées à l'aide du logiciel QGIS (version 3.34.12-Prizren), dans le but de visualiser la répartition géographique des prélèvements effectués par les CDS ainsi que celle des foyers d'IA détectés au cours de la période allant de juin 2024 à février 2025. Afin d'assurer la cohérence des traitements spatiaux et l'homogénéité des représentations, toutes les couches utilisées ont été reprojetées dans le système de coordonnées Lambert 93 (EPSG:2154).

Les données mobilisées pour ces analyses comprenaient les limites administratives aux échelles régionale, départementale et communale, la localisation des CDS partenaires, les lieux de découverte des cadavres d'oiseaux testés positifs fournis par le réseau SAGIR, ainsi que les communes de provenance des oiseaux pris en charge dans les CDS et ayant fait l'objet d'un prélèvement suivi d'un test RT-qPCR.

En l'absence de coordonnées GPS précises pour l'ensemble des prélèvements, la localisation a été réalisée à l'échelle communale. Ainsi, les coordonnées géographiques du centre de la commune dans laquelle l'oiseau a été trouvé ont été utilisées comme référence pour les points de prélèvement (DatGouv, 2016). De même, pour les cas SAGIR, les points correspondent à la localisation communale du cadavre collecté.

II.6.b) Zone d'influence des centres de soins

Les zones d'influence de chaque CDS ont été définies à partir des shapefiles des positions des CDS et la provenance des individus testés qui leur étaient associés. Pour chaque individu, la distance au CDS correspondant a été calculée via un champ géométrique dans la table attributaire. Les 90 % des individus les plus proches ont ensuite été sélectionnés, et un polygone d'enveloppe convexe (*convex hull*) a été générée à partir de cette sélection pour délimiter la zone d'influence de chaque CDS. Les différents polygones ont été rassemblés dans une couche shapefile unique, puis les cas SAGIR positifs (juin 2024 – février 2025) situés dans ces zones ont été identifiés par une requête spatiale (*Select by location*).

III. Résultats

III.1 Echantillonnage

Au total, 2 575 prélèvements ont été réalisés sur 1 314 individus, certains ayant fait l'objet de plusieurs types de prélèvements (écouvillons oropharyngé et cloacal).

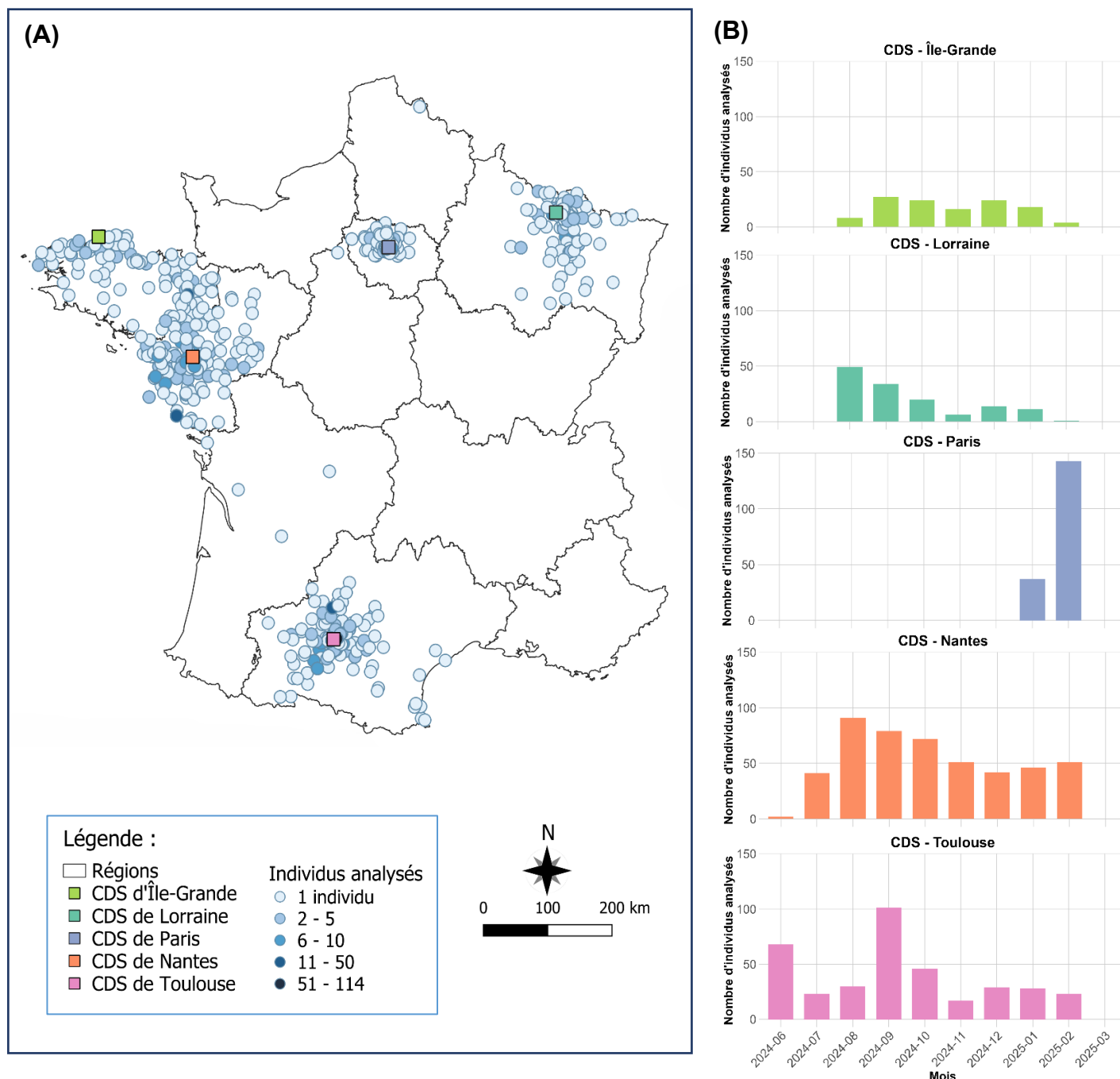


Figure 3 : Distributions spatiales et temporelles des individus prélevés par les centres de soins (CDS)

(A) Carte représentant la répartition géographique des individus testés pour l'influenza aviaire par les CDS partenaires en France entre le 9 juin 2024 et le 28 février 2025. **(B)** Diagramme en barres de l'évolution mensuelle du nombre d'oiseaux analysés pour chaque CDS sur la période d'étude.

La participation des CDS a été hétérogène, en lien avec leur capacité d'accueil et leur date d'intégration au protocole. Cette dernière s'est faite de façon échelonnée, en fonction de la disponibilité du CDS pour s'approprier le protocole, parfois en période de forte activité. Le CDS de Nantes se distingue par la contribution la plus importante (37,3 % des individus analysés), grâce à une participation soutenue dès fin juin 2024, avec des volumes mensuels de prélèvements constamment supérieurs à 50 individus. Le CDS de Toulouse représente la deuxième contribution la plus élevée avec 28,5 % des analyses, et ce malgré une activité de collecte globalement plus modérée. Le CDS de Paris, bien qu'intégrant le protocole tardivement (janvier 2025), a rapidement généré un volume important d'individus analysés (14,1 %), notamment en raison de pics de prélèvements mensuels dépassant les 125 oiseaux. Les CDS de Lorraine et de l'Île-Grande, aux capacités d'accueil plus restreintes, ont contribué respectivement à hauteur de 10,6 % et 9,4 % des individus analysés.

La distribution spatiale de la provenance des oiseaux analysés, présentée dans la **Figure 3A**, révèle une concentration autour des CDS partenaires, laissant apparaître des zones géographiques sous-représentées en raison du nombre restreint de CDS participant sur la durée de l'étude. La dynamique mensuelle d'individus analysés pour chaque CDS a été représentée dans la **Figure 3B** afin de refléter la participation progressive des CDS au protocole de collecte et les variations saisonnières d'activité de prélèvement.

L'échantillon analysé regroupe 104 espèces différentes, dont 58 également analysées par le réseau SAGIR sur la même période (**Annexe 1**). Les Columbides constituent le groupe le plus représenté de l'échantillon, totalisant 33,2 % des individus analysés (soit 423 oiseaux), avec une nette prédominance du Pigeon ramier (*Columba palumbus*), qui à lui seul représente 15,3 % de l'échantillon global (**Figure 4**). Ils sont suivis par les rapaces diurnes, principalement la Buse variable (*Buteo buteo*), le Faucon crécerelle (*Falco tinnunculus*) et l'Epervier d'Europe (*Accipiter nisus*), qui comptent pour 16,2 % de l'échantillon. Les rapaces nocturnes, tels que l'Effraie des clochers (*Tyto alba*), la Chouette hulotte (*Strix aluco*) et la Chevêche d'Athéna (*Athene noctua*), constituent 10,1 % de l'échantillon.

(B)



(A)

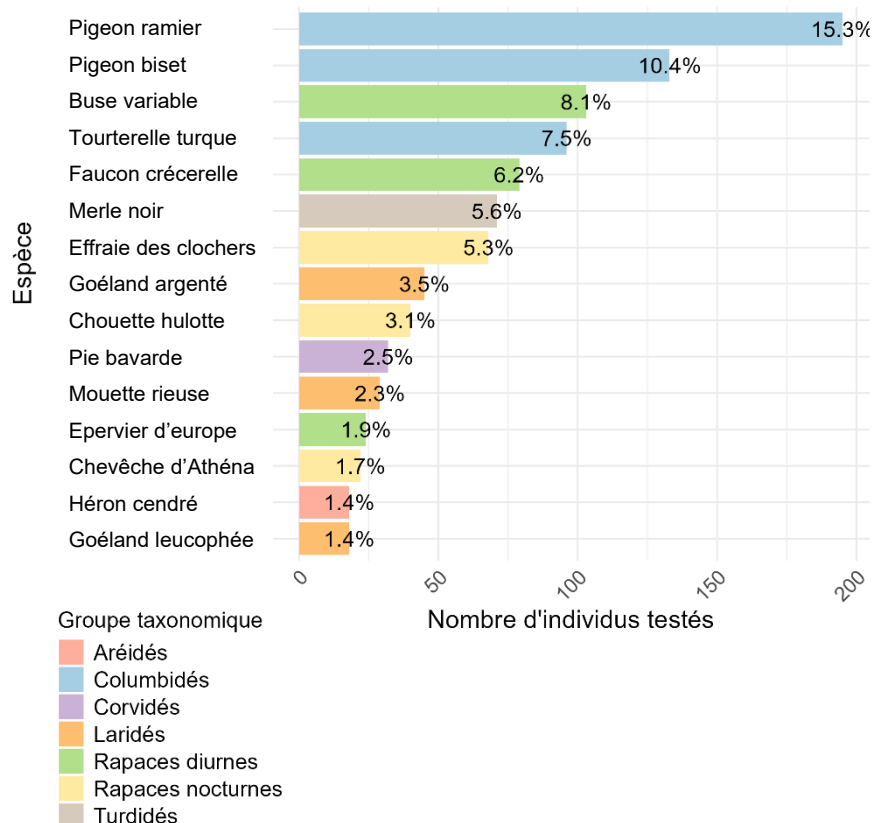


Figure 4 : (A) Diagramme en barres des espèces analysées en RT-qPCR, par ordre décroissant de participation. (B) Photographies des espèces les plus représentées respectivement de gauche à droite et de bas en haut.

III.2 Résultats RT-qPCR

III.2.a) Individus H5 positifs

L'analyse RT-qPCR a pu être conduite sur 1 275 individus, soit environ 97 % de l'échantillon. Les 3 % d'échantillons restants n'ont pu être analysés de manière fiable en raison de contraintes techniques de laboratoire, notamment d'inhibitions de l'amplification provoquées par la présence de cristaux d'urate dans les matrices cloacales.

Parmi les 1 275 individus analysés par RT-qPCR, 21 ont été testés positifs au VIA de sous-type H5 (**Tableau 1**), soit une proportion de 1,6 % des individus testés. Aucun échantillon ne s'est révélé positif pour le sous-type H7, ce qui suggère l'absence de circulation détectable de ce variant sur la période étudiée et dans les zones couvertes. Les cas positifs étaient répartis sur quatre CDS : Paris, Nantes, Île-Grande et Toulouse et aucun cas n'a été détecté dans le CDS de Lorraine. De plus, le CDS de Paris concentre à lui seul près de 43 % des cas détectés, avec une série de cas groupés entre fin janvier et début février 2025. La majorité des cas positifs ont été identifiés chez les Laridés, en particulier chez la Mouette rieuse (*Chroicocephalus ridibundus*), avec neuf individus testés positifs, et le Goéland argenté (*Larus argentatus*), avec huit cas confirmés. Ces deux espèces figurent parmi les plus représentées dans notre échantillon (**Figure 2**). Des cas isolés ont également été recensés chez d'autres espèces : le Cormoran huppé (*Phalacrocorax aristotelis*), le Pigeon ramier, le Milan royal (*Milvus milvus*) et l'Effraie des clochers ont chacun présenté un cas positif (**Tableau 1**).

Les valeurs de Ct (cycle seuil) varient de 17,9 à 34,4, traduisant une hétérogénéité dans les charges virales (**Tableau 1**). Des Ct bas (< 25), associés à une forte charge virale, sont observés chez plusieurs Laridés à Nantes et Paris. Des Ct hauts (> 30) sont observés chez les espèces plus marginales, comme le Pigeon ramier.

Tableau 1 : Caractéristiques des cas positifs pour le sous type H5 du virus de l'influenza aviaire détectés dans les centres de soins (CDS) partenaires en France. EOP = Ecouvillon oropharyngé, EC = Ecouvillon cloacal

CDS	Espèce	Date de collecte	Code postal du lieu de collecte	Matrice		Cycle seuil (Ct)	
				EOP	EC	EOP	EC
Nantes	Goéland argenté	02/08/24	85330	pos	pos	20,9	19,8
Île-Grande	Goéland argenté	06/09/24	22300	pos	pos	19,52	32,98
Île-Grande	Goéland argenté	07/09/24	22660	pos	neg	27,7	NA
Île-Grande	Cormoran huppé	15/09/24	29217	pos	neg	31,26	NA
Nantes	Goéland argenté	19/09/24	44420	pos	neg	32,61	NA
Toulouse	Effraie des clochers	23/09/24	31430	pos		33,82	
Nantes	Goéland argenté	28/10/24	49270	pos	pos	17,88	28,3
Nantes	Goéland argenté	30/10/24	44730	pos	pos	26,41	27,34
Toulouse	Pigeon ramier	11/11/24	31600	neg	pos	NA	33,39
Île-Grande	Goéland argenté	21/11/24	22410	pos	neg	34,43	NA
Toulouse	Milan royal	07/12/24	31250	neg	pos	33,88	NA
Nantes	Goéland argenté	06/01/25	85000	pos	pos	18,49	26,77
Paris	Mouette rieuse	20/01/25	92230	pos	pos	26,59	27,1
Paris	Mouette rieuse	21/01/25	92270	pos	pos	22,01	33,53
Île-Grande	Mouette rieuse	24/01/25	22400		pos		32,95
Paris	Mouette rieuse	27/01/25	95110	pos	pos	24,18	27,18
Paris	Mouette rieuse	27/01/25	75013	pos	pos	28,71	28,25
Paris	Mouette rieuse	30/01/25	94320	pos	pos	24,81	18,97
Paris	Mouette rieuse	03/02/25	95880	pos	pos	26,77	30,07
Paris	Mouette rieuse	10/02/25	75015	pos	pos	25,88	32,6
Paris	Mouette rieuse	11/02/25	75015	pos	pos	25,64	27,98

III.2.b) Calcul de prévalence seuil et prévalence vraie

Pour le calcul de la prévalence vraie, seules les espèces ayant eu au moins 1 individus testé positifs ont été inclus dans le **Tableau 3**.

Tableau 3 : Valeurs de prévalence vraie du virus de l'influenza aviaire de sous type H5 au sein des populations d'oiseaux admises en centres de soins (CDS) selon les espèces ou groupes d'espèces, pour celles présentant des cas positifs entre le 9 juin 2024 et le 28 février 2025.

Groupe d'espèces	Espèces	Prévalence vraie	IC à 95%	Individus positifs /individus testés	Individus reçus en CDS
Laridés	Mouette rieuse	37,6%	[21,3% ; 58,0%]	10/29	35
	Goéland argenté	18,9%	[9,3% ; 34,1%]	8/45	68
Rapaces diurnes	Milan royal	21,4%	[0,0% ; 69,0%]	1/5	7
Rapaces nocturnes	Effraie des clochers	0,5%	[0,0% ; 7,7%]	1/68	129
Columbidés	Pigeon ramier	0,0 %	[0,0% ; 2,1 %].	1/195	375
Phalacrocoracidés	Cormoran huppé	NA	NA	1/1	2

Pour le calcul de la prévalence seuil, seules certaines espèces ou groupes d'espèces ont été inclus dans le **Tableau 4**. Cette sélection s'est appuyée en premier lieu sur leur représentativité au sein de l'échantillon analysé : seules les espèces ayant fait l'objet d'un nombre suffisant de tests et figurant parmi les quinze plus fréquemment admises en CDS ont été retenues (**Figure 4**). À ce critère quantitatif s'ajoutait la prise en compte d'espèces présentant un intérêt particulier en matière de surveillance épidémiologique, soit en raison de leur sensibilité connue au virus, comme le Cygne tuberculé, soit en tant qu'espèces fortement représentées dans les protocoles de surveillance du réseau SAGIR, à l'image du Canard colvert. Ce double critère visait à garantir la pertinence sanitaire des estimations tout en assurant une fiabilité statistique minimale fondée sur les effectifs disponibles.

Tableau 4 : Valeurs de prévalence seuil du virus de l'influenza aviaire de sous type H5 au sein des populations d'oiseaux en centres de soins (CDS) selon les espèces ou groupes d'espèces sélectionnées et ne présentant aucun cas positif pour H5 entre le 9 juin 2024 et le 28 février 2025.

Groupe d'espèces	Espèces	Seuil de prévalence	Individus testés/individus reçus en CDS
Anatidés	Cygne tuberculé	18,7%	13/24
	Canard colvert	62,8%	5/40
Corvidés	Corneille noire, Corbeau freux, Choucas des tours, Pie bavarde	4,9%	56/149
Rapaces nocturnes	Chouette hulotte et Chevêche d'Athéna	4,4%	64/166

Rapaces diurnes	Faucon crécerelle et Epervier d'Europe	2,5%	103/228
	Buse variable	2,2%	103/165
Columbidés	Pigeon biset et Tourterelle turque	1,1%	237/561

III.3 Comparaison des surveillances effectuées par le réseau SAGIR et les CDS

III.3.a) Zones de détection

La **Figure 5** présente la répartition géographique des cas positifs d'influenza aviaire de sous-type H5 détectés entre juin 2024 et février 2025 par les CDS partenaires et par le réseau SAGIR. Les cas ont été représentés sous forme de points localisés à l'échelle communale. Des foyers ont été enregistrés par les deux dispositifs dans plusieurs régions, notamment sur la façade atlantique et en Île-de-France.

D'autres zones ne présentent des cas que pour l'un des deux systèmes de détection. La carte permet ainsi d'avoir une vue d'ensemble des zones de circulation virale détectée à travers ces deux sources de surveillance.

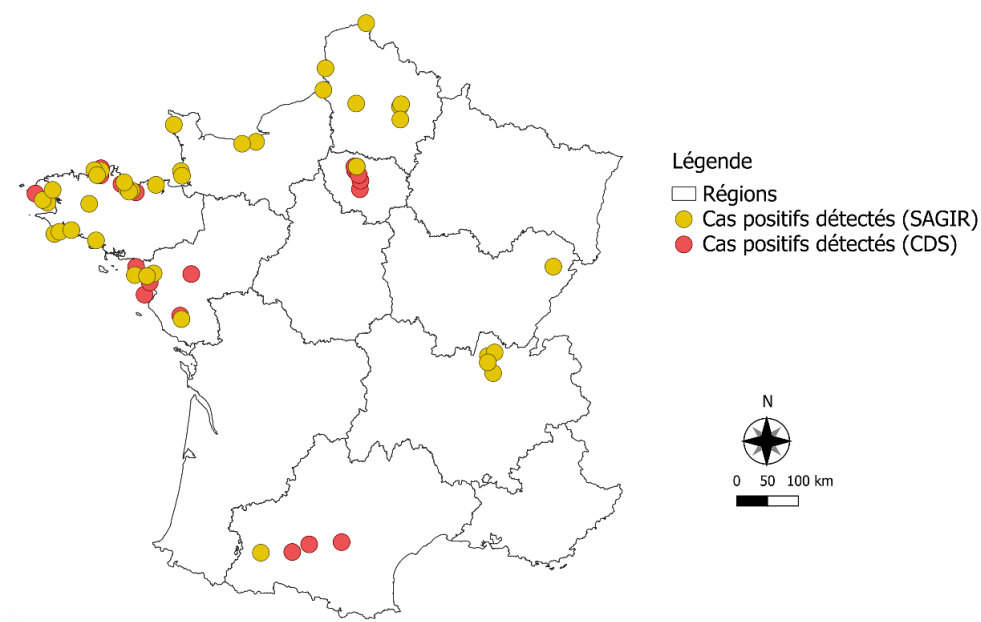


Figure 5 : Carte de la répartition géographique des cas positifs d'influenza aviaire de sous type H5 détectés par le réseau SAGIR ou par les centres de soins (CDS) participants entre juin 2024 et février 2025.

Des cas ont été détectés par les CDS dans plusieurs régions, dont l'Île-de-France, la Bretagne, les Pays de la Loire et l'Occitanie. Ces régions correspondent aux zones où sont situés les CDS participant à l'étude, à l'exception du CDS de Lorraine situé dans le Grand Est où aucun cas d'IA n'a été détecté par le CDS. Le réseau SAGIR a également identifié des foyers dans ces régions, mais aussi dans les Hauts-de-France, la Bourgogne-Franche-Comté, l'Auvergne-Rhône-Alpes et la Normandie. En revanche, aucune détection n'a été rapportée dans des régions comme la Nouvelle-Aquitaine, la Provence-Alpes-Côte d'Azur, le Grand Est ou le Centre-Val de Loire. Une carte représentant la répartition de la totalité

des prélèvements (c'est-à-dire incluant ceux négatifs pour les VIA H5) des deux dispositifs sur la période de juin 2024 à décembre 2024 est disponible en **annexe 3**, ces données pour SAGIR n'étant disponible que pour l'année 2024.

III.3.b) Précocité de détection

L'objectif souhaité à travers la présentation des Tableaux 5A et 5B était d'évaluer la capacité de chaque système à détecter précocement la circulation virale l'un vis-à-vis de l'autre, et d'apprécier ainsi leur complémentarité éventuelle.

Pour l'étude de précocité basé sur les cas en CDS (**Tableau 5A**), avec des grandes fenêtres spatio-temporelles comprises entre 45 et 50 jours et entre 75 et 100 km, le réseau SAGIR a permis une détection plus précoce dans 16 cas sur 21, soit près de 76 % des cas CDS. Cette tendance diminue logiquement avec la réduction des fenêtres spatio-temporelles. Ainsi, dans un rayon de 30 km et un délai de 30 jours, SAGIR n'a permis de détecter plus précocement des cas que 10 fois sur 21 (48 %). Et dans des fenêtres plus modérées (par exemple de 15 jours et 20 km), cette proportion tombe à environ un tiers des cas (**visible en jaune-orange sur le Tableau 5A**).

Le **Tableau 5B** a été construit à partir des cas SAGIR présents au sein des zones d'influence des CDS afin d'identifier les situations où les CDS ont pu réussir à détecter la circulation de VIA avant le réseau SAGIR. Sur les 30 cas SAGIR retenus selon ce critère, l'analyse montre que les CDS ont permis une détection antérieure dans un maximum de 50 % des cas, pour les fenêtres spatio-temporelles les plus larges (**Tableau 5B**). Certains cas positifs SAGIR situés à proximité et en amont n'ont été précédés d'aucun signal détecté par les CDS. Dans des conditions plus strictes (par exemple, 10 jours et 20 km), seuls 1 à 4 cas SAGIR sont précédés d'un signal émis par un CDS, soit 19% des cas SAGIR

Tableau 5: (A) Pour les 21 cas positifs en centres de soins (CDS) de juin 2024 à février 2025, représentation du nombre de fois où le réseau SAGIR a détecté un cas d'influenza aviaire avant un CDS, selon différentes fenêtres spatio-temporelles (en jours et en kilomètres) **(B)** Pour les 30 cas SAGIR positifs situés dans les zones d'influence des CDS, représentation du nombre de fois où un CDS a détecté un cas d'influenza aviaire avant le réseau SAGIR), selon différentes fenêtres spatio-temporelles (en jours et en kilomètres). Une proportion faible traduit une détection plus précoce par le système étudié.

(A)

	Distance Temps	5	10	15	20	25	30	35	40	45	50	55	60	65	70	75	80	85	90	95	100
		5	10	15	20	25	30	35	40	45	50	55	60	65	70	75	80	85	90	95	100
Centré sur les cas CDS	2	0/21	1/21	3/21	3/21	3/21	3/21	3/21	3/21	3/21	3/21	3/21	3/21	3/21	3/21	3/21	3/21	3/21	3/21	3/21	3/21
	5	0/21	1/21	3/21	3/21	4/21	4/21	4/21	4/21	4/21	4/21	4/21	4/21	4/21	4/21	4/21	5/21	5/21	5/21	5/21	5/21
	10	1/21	3/21	5/21	5/21	7/21	7/21	7/21	8/21	8/21	8/21	8/21	8/21	8/21	8/21	8/21	9/21	9/21	9/21	9/21	9/21
	15	2/21	5/21	7/21	7/21	9/21	9/21	9/21	10/21	10/21	10/21	10/21	10/21	10/21	10/21	10/21	11/21	11/21	11/21	11/21	12/21
	20	2/21	5/21	7/21	7/21	9/21	9/21	9/21	10/21	10/21	10/21	10/21	10/21	10/21	10/21	11/21	12/21	12/21	12/21	12/21	13/21
	25	2/21	5/21	7/21	7/21	10/21	10/21	10/21	11/21	11/21	11/21	11/21	11/21	11/21	11/21	11/21	12/21	12/21	12/21	12/21	13/21
	30	2/21	5/21	7/21	7/21	10/21	10/21	10/21	11/21	11/21	11/21	11/21	11/21	11/21	11/21	11/21	12/21	12/21	12/21	12/21	13/21
	35	2/21	5/21	7/21	7/21	10/21	10/21	10/21	11/21	11/21	11/21	11/21	12/21	13/21	13/21	13/21	14/21	14/21	14/21	14/21	14/21
	40	2/21	5/21	7/21	7/21	10/21	10/21	10/21	11/21	11/21	11/21	12/21	13/21	13/21	13/21	14/21	14/21	14/21	14/21	14/21	14/21
	45	2/21	5/21	9/21	9/21	11/21	11/21	11/21	12/21	12/21	12/21	13/21	14/21	14/21	14/21	15/21	16/21	16/21	16/21	16/21	16/21
	50	2/21	5/21	11/21	11/21	13/21	13/21	13/21	14/21	14/21	14/21	14/21	14/21	14/21	14/21	15/21	16/21	16/21	16/21	16/21	16/21

(B)

Centré sur les cas SAGIR	2	1/30	1/30	1/30	1/30	1/30	1/30	1/30	1/30	1/30	1/30	1/30	1/30	1/30	1/30	1/30	1/30	1/30	1/30	1/30	1/30
	5	2/30	2/30	2/30	2/30	2/30	2/30	2/30	3/30	3/30	3/30	3/30	3/30	3/30	3/30	3/30	3/30	3/30	3/30	3/30	3/30
	10	4/30	4/30	6/30	6/30	6/30	6/30	6/30	7/30	8/30	8/30	8/30	8/30	8/30	8/30	8/30	8/30	8/30	8/30	8/30	8/30
	15	4/30	4/30	7/30	7/30	7/30	7/30	7/30	8/30	9/30	9/30	9/30	9/30	9/30	9/30	9/30	9/30	9/30	9/30	9/30	9/30
	20	4/30	4/30	7/30	7/30	7/30	7/30	7/30	9/30	10/30	10/30	10/30	10/30	10/30	10/30	10/30	10/30	10/30	10/30	10/30	10/30
	25	5/30	5/30	7/30	7/30	7/30	7/30	7/30	9/30	10/30	10/30	10/30	10/30	10/30	10/30	10/30	10/30	10/30	11/30	11/30	11/30
	30	5/30	5/30	7/30	7/30	7/30	7/30	7/30	9/30	10/30	10/30	10/30	10/30	10/30	10/30	10/30	10/30	10/30	11/30	11/30	11/30
	35	5/30	5/30	7/30	7/30	7/30	7/30	7/30	9/30	10/30	11/30	11/30	11/30	11/30	11/30	11/30	11/30	11/30	11/30	11/30	11/30
	40	5/30	5/30	7/30	7/30	7/30	7/30	7/30	9/30	10/30	11/30	11/30	11/30	11/30	11/30	11/30	11/30	11/30	11/30	11/30	11/30
	45	5/30	5/30	7/30	7/30	7/30	7/30	11/30	13/30	14/30	15/30	15/30	15/30	15/30	15/30	15/30	15/30	15/30	15/30	15/30	15/30
	50	5/30	5/30	7/30	7/30	7/30	7/30	11/30	13/30	14/30	15/30	15/30	15/30	15/30	15/30	15/30	15/30	15/30	15/30	15/30	15/30

III.3.c) Taux de positivité et effort de collecte fourni

L'analyse comparative des taux de positivité entre les dispositifs SAGIR et CDS n'a pu être réalisée que sur une espèce, mettant en évidence une différence statistiquement significative uniquement pour l'espèce Goéland argenté ($p = 0,02$), avec un odds ratio de 0,31 indiquant un taux de positivité plus élevé dans le réseau SAGIR par rapport au dispositif CDS (**Tableau 5**). Pour les autres espèces, les faibles effectifs (<10 individus) ainsi que l'absence de cas positifs dans l'un des dispositifs ont conduit à des estimations instables d'odds ratio (valeur infinie) rendant leur interprétation non concluante.

Tableau 6 : Comparaison du taux de positivité par espèce entre les centres de soins (CDS) et le réseau SAGIR entre juin 2024 et décembre 2024.

<i>Espèce</i>	<i>Taux de positivité SAGIR</i>	<i>Taux de positivité CDS</i>	<i>p-value (Fisher)</i>	<i>Odds ratio</i>
<i>Goéland argenté</i>	20/46 (43,5%)	7/37 (19,0%)	0,02	0.31

IV Discussion

IV.1 Biais de sélection dans l'échantillonnage

L'interprétation des résultats de cette étude doit être envisagée à la lumière de plusieurs biais de sélection affectant les échantillons collectés. En premier lieu, les critères d'exclusion appliqués lors des prélèvements ont conduit à une sous-représentation de certaines catégories d'individus : les juvéniles, les oiseaux sensibles au stress n'ont pas été inclus (par exemple, les petits pessereaux), et les oiseaux dont le bien-être pouvait être significativement compromis par le prélèvement, à la discrétion du clinicien (par exemple en cas de difficultés respiratoires).

Par ailleurs, au-delà des 10 espèces les plus fréquemment admises en centre, les effectifs par espèce chutent rapidement, avec moins de 50 individus testés, traduisant un déséquilibre important entre espèces dominantes et espèces peu représentées. À cela s'ajoute un biais d'origine anthropique, lié aux modalités de détection et de transport des oiseaux vers les CDS. Les espèces perçues comme familières ou inoffensives sont davantage recueillies par le public, alors que des espèces de grande taille, comme les Cormorans, ou considérées comme moins attractives peuvent être négligées. De plus, la majorité des individus admis en CDS étant malades ou blessés, l'échantillon ne saurait être considéré comme représentatif des populations d'oiseaux sauvages dans leur ensemble. Un autre facteur de biais réside dans la proximité géographique entre les habitats d'origine des oiseaux et les CDS, ces derniers couvrant des territoires aux répartitions inégales et aux caractéristiques écologiques diverses.

Il convient également de souligner que le réseau SAGIR est soumis à des biais analogues : la collecte repose sur des découvertes fortuites de cadavres, influencées par leur taille, leur état de conservation, ou leur accessibilité, ce qui favorise la détection d'événements à forte létalité et peut induire une surreprésentation de certaines causes de mortalité.

Les analyses RT-qPCR ont permis de détecter des virus du sous-type H5 exclusivement, en cohérence avec les données SAGIR. Toutefois, l'incapacité à distinguer les souches hautement pathogènes des

faiblement pathogènes constitue une limite dans l'interprétation des résultats. Des tentatives de séquençage ont été menées, mais les faibles charges virales (Ct élevés) ont rendu les résultats majoritairement non concluants. Ces tentatives seront poursuivies à la suite de ce projet de Master. Une meilleure caractérisation génomique serait en effet particulièrement informative dans le cas d'espèces ou la circulation de VIA à jusqu'alors peu été décrite (Pigeon ramier, Milan royal, Effraie des clochers).

IV.2 Description d'une circulation non létale des VIA

Sur 45 goélands argentés testés en CDS, 8 se sont révélés positifs, soit une prévalence globale de 18,9 % [IC95 % : 9,3–34,1 %], localisés dans les CDS de Nantes et d'Île-de-Grande où les prévalences chez les goélands argentés atteignent respectivement 15,9 % et 32,6 %. Dans les autres CDS, aucun cas positif n'a été détecté, ce qui peut être lié à un nombre d'individus testés insuffisant. Parallèlement, le réseau SAGIR a permis la détection de 20 cas positifs sur 46 individus testés entre juin et décembre 2024, principalement en Bretagne, Normandie et Pays de la Loire. Une comparaison des taux de positivité pour cette espèce entre les deux dispositifs de surveillance a été réalisée (**Tableau 6**). Les résultats révèlent une différence statistiquement significative ($p = 0,02$), avec un odds ratio de 0,31, indiquant un taux de positivité significativement plus élevé dans le réseau SAGIR par rapport aux CDS. Ainsi le réseau SAGIR semble offrir une capacité de détection plus efficace avec un volume de prélèvements moindre. Cette disparité peut en partie s'expliquer par la nature des échantillons, l'IA étant associée à une mortalité élevée chez les Laridés (EFSA et al., 2023), il est attendu que les taux de détection soient plus importants lorsque les analyses portent sur des individus morts.

Il en va de même pour les mouettes rieuses, où les CDS ont permis de détecter 10 cas positifs sur 29 individus testées, soit une prévalence vraie estimée à 37,6 % [IC95 % : 22,3–56,3 %]. La majorité des cas provenaient de l'ENVA (9/11), le dixième provenant de la LPOIG (1/5), suggérant une circulation virale intense en Île-de-France durant les deux premiers mois de 2025. Le réseau SAGIR a également identifié 16 cas positifs à IAHP de sous type H5N1 sur cette espèce dans la même région et période. Aucune comparaison de taux de positivité entre SAGIR et les CDS n'a pu être réalisée en raison de l'absence de données exhaustives sur les effectifs testés par SAGIR sur 2025, et du fait de l'absence de détection en CDS en 2024.

Néanmoins, ces résultats soulignent un enjeu scientifique important. De nombreuses études suggèrent la possibilité d'une circulation des VIA au sein de populations de Laridés vivants, témoignant ainsi d'infections non létales (EFSA et al., 2023; Taylor et al., 2023; Venkatesh et al., 2018). Dans cette perspective, les CDS pourraient constituer un outil précieux pour évaluer l'ampleur de cette circulation chez les Laridés. En effet, les données confirment une forte circulation virale au sein des populations de Laridés admises dans certains CDS. Lorsque le nombre d'individus analysés est suffisant, ces structures se révèlent capables de détecter efficacement une circulation virale active au sein de populations vivantes. À l'inverse, une collecte trop limitée réduit fortement leur capacité de détection. Ces observations soulignent l'importance de cibler les efforts de surveillance sur les espèces à fort potentiel épidémiologique, ainsi que sur les structures accueillant des effectifs suffisants, afin d'optimiser

les dispositifs de détection et de permettre un suivi plus précis de la circulation de VIA pour des cas non létaux.

IV.3 Amélioration des effectifs d'espèces surveillées par SAGIR

Au sein des Corvidés (Pies bavardes, Corneilles noires, Choucas des tours), aucun des 56 individus analysés n'a été déclaré positif pour les sous types H5 et H7, conduisant à une prévalence seuil de 4,9 %. En 2024, seuls 10 corvidés ont été testés dans le cadre du réseau SAGIR, contre 42 individus analysés par les CDS, qui ont ainsi permis un échantillonnage plus représentatif d'un groupe faiblement intégré dans la surveillance nationale. Sur l'ensemble de la période 2024-2025, les CDS ont reçus 149 corvidés, constituant une opportunité significative pour affiner la détection et le suivi de la circulation du virus de l'IA au sein de ce groupe. Ces éléments mettent en évidence l'intérêt stratégique d'intégrer davantage les CDS dans la surveillance épidémiologique des Corvidés, en complémentarité avec les dispositifs en place.

Les mêmes constatations ont été observées dans le cas de certains rapaces nocturnes (Chouette hulotte et Chevêche d'Athéna) ou aucun cas positif n'a été détectés sur 166 individus testés, soit une prévalence seuil de 4,4%. A titre comparatif, sur l'année 2024, seul trois chouettes hulottes, et une chevêche avaient été testées par SAGIR, sans détection de cas positifs.

De plus, dans le cadre de la surveillance d'une autre espèce de rapace nocturne : l'Effraie des clochers, 1 seul individu parmi les 68 testés en CDS s'est révélé positif pour le VIA H5, sans pouvoir déterminer s'il s'agissait d'un virus HP ou FP. La prévalence vraie estimée à 0,5 % [IC95 % : 0,0 ; 7,7 %] suggère une circulation virale faible au sein de l'espèce, indiquant un rôle vraisemblablement marginal dans la dynamique de circulation du virus. À titre de comparaison, le réseau SAGIR n'a testé que 19 individus de ce groupe au cours de l'année 2024, sans qu'aucun cas positif n'ait été détecté. À cette période, notamment fin septembre 2024, lors de la détection de l'effraie des clochers, la France était classée en niveau de risque « négligeable » vis-à-vis de l'IA (DGAL, 2024). Dans ce contexte, le protocole du réseau SAGIR ne prévoyait une analyse qu'à partir du troisième cadavre de la même espèce retrouvé dans une même commune, ou dans un rayon de 1 km, et dans un délai de sept jours (DGAL, 2024). Ces conditions ont pu limiter les probabilités de détection d'une éventuelle circulation virale chez cette espèce par le réseau SAGIR, en particulier si le taux de létalité associé était faible.

Bien que les effectifs testés issus des CDS soient très limités pour le Milan royal ($n = 5$), un individu a été détecté positif à un VIA H5, correspondant à une prévalence vraie estimée à 21,4 % [IC95 % : 4,6–62,7 %]. En comparaison, aucun cas n'a été identifié via le réseau SAGIR sur la même période, mais un seul individu y a été analysé. Si la taille réduite de l'échantillon en CDS limite la portée statistique du résultat comme en témoigne l'intervalle de confiance étendu, la détection demeure notable compte tenu du statut de conservation du Milan royal et de son comportement nécrophage, lequel constitue un facteur de risque reconnu d'exposition aux carcasses infectées (van den Brand et al., 2015). Dans cette perspective, les CDS présentant un accès plus important à des individus pouvant être prélevé, le

renforcement de la surveillance en CDS apparaît justifié afin de déterminer si cette détection isolée constitue un événement ponctuel ou le reflet d'une circulation virale plus étendue au sein de l'espèce.

Dans la cadre de la surveillance SAGIR, seuls 10 faucons crécerelles, 9 buses variables et 7 éperviers d'Europe ont été analysés. En comparaison, les CDS ont permis un échantillonnage beaucoup plus important avec des effectifs respectifs de 68, 71 et 20 individus sur l'année 2024. Aucun cas n'a été détecté chez ces trois espèces. Les prévalences seuils (2,2–2,5 %) suggèrent une circulation virale très limitée, confirmant leur rôle secondaire dans l'épidémiologie de l'influenza aviaire. Des cas d'IAHP de sous type H5N1 ont notamment été déclarés chez la Buse variable suite à des épidémies au sein de populations d'oiseaux aquatiques, ou les rapaces diurnes se sont révélés être des hôtes accidentelles (EFSA et al., 2020; van den Brand et al., 2015). La distinction des espèces a été maintenue en raison de différences écologiques, notamment alimentaires (van den Brand et al., 2015). Ainsi, les rapaces diurnes n'ont pas été identifiés comme une priorité dans le dispositif de surveillance mis en œuvre par les CDS, mais ont permis une nette augmentation (par un facteur six) du nombre d'individus testés en complémentarité avec SAGIR.

S'agissant du Cormoran huppé, le seul individu analysé s'est également révélé porteur d'un VIA H5. Toutefois, la très faible fréquence d'admission dans les CDS (seulement deux individus sur l'ensemble de la période étudiée) limite considérablement les possibilités d'interprétation. Identifier des CDS accueillant plus régulièrement cette espèce pourrait améliorer la représentativité des données et permettre une évaluation plus précise de son rôle potentiel dans la dynamique de circulation de l'influenza aviaire. A noter que de nombreux cas d'IA concernant d'autres espèces de Cormoran ont déjà été référencés dans de précédents articles.(AFSSA, 2008; Chen et al., 2005; Molini et al., 2023)

Ces éléments illustrent l'intérêt des CDS, qui permettent un accès facilité et en plus grand nombre à des espèces rarement représentées dans le dispositif SAGIR et confirme l'intérêt de les intégrer davantage dans la surveillance des VIA, en complémentarité avec les dispositifs en place.

À l'inverse, bien que le Canard colvert et le Cygne tuberculé soient largement suivis au sein du réseau SAGIR avec respectivement 21 et 114 individus testés, leur représentation dans les CDS reste limitée, avec seulement 5 canards colverts et 13 cygnes analysés, tous négatifs. Les effectifs analysés relativement faibles au regard du nombre d'animaux admis (5/46 colverts admis et 13/24 cygnes) ont entraînés des prévalences seuils élevées (62,8 % et 18,7 %), indiquant qu'une circulation virale modérée serait difficilement détectable dans ces conditions. Ces éléments restreignent la portée interprétative des données issues des CDS pour ces deux espèces et interrogent sur la pertinence de leur inclusion dans un dispositif de surveillance complémentaire à SAGIR médié par les CDS.

Une analyse plus détaillée du rapport entre individus admis et prélevés au sein des CDS met en lumière une couverture de prélèvement partielle pour certaines espèces, notamment chez les canards colverts (5/46) (**Annexe 4**). Cette observation soulève la nécessité de mieux comprendre les raisons de cette limite, qu'elle soit liée aux critères d'exclusion de l'étude (jeunes individus, état de stress non compatible

avec les prélèvements), ou à des contraintes organisationnelles, telles que la charge de travail des équipes, ne permettant pas de prélever tous les individus éligibles.

À l'issue de ces investigations, un échange avec les CDS permettrait d'évaluer la charge de travail, notamment en termes de volume horaire, que ce projet a représentée pour eux. Cette évaluation contribuerait à identifier les facteurs ayant pu limiter l'ampleur des prélèvements réalisés. Le cas échéant, cela permettrait d'adapter les protocoles de collecte ou de cibler en priorité certaines espèces, dans une logique d'optimisation de la surveillance tout en tenant compte des capacités opérationnelles des structures impliquées.

A la suite de ces investigations si une partie des oiseaux non prélevé aurait pu l'être car ils rentraient dans les critères d'inclusion, il serait intéressant de se renseigner auprès des CDS afin d'évaluer la charge de travail en volume horaire que cela représente pour eux. Cela permettrait, le cas échéant, d'adapter les protocoles de collecte ou de cibler en priorité certaines espèces, dans une logique d'optimisation de la surveillance tout en tenant compte des capacités opérationnelles des structures impliquées.

En effet, disposer de cohortes plus importantes par espèce est essentiel pour obtenir des résultats robustes. En l'absence d'effectifs suffisants, il a parfois été nécessaire de regrouper les espèces par groupes taxonomiques pour réaliser des analyses de prévalence, ce qui limite la précision des conclusions.

IV.4 Nouvelles espèces à intégrer dans la surveillance

L'un des objectifs de notre étude était d'identifier de nouvelles populations d'oiseaux susceptibles d'être intégrées à la surveillance de l'influenza aviaire, notamment les passereaux (hors Corvidés). Ces espèces, bien que difficilement détectables via le réseau SAGIR en raison de leur petite taille et de leur faible taux de mortalité signalée, sont régulièrement admises dans les CDS (836 individus en 2024) (**Annexe 1**). Elles représentent ainsi une opportunité de diversification du dispositif de surveillance.

Cependant, le protocole de prélèvement mis en œuvre (écouvillons oropharyngé et cloacal) n'était pas adapté aux oiseaux de petit gabarit, comme les passereaux, pour des raisons liées au bien-être animal : stress accru lors de la manipulation et inadéquation de la taille des écouvillons. Cela a limité leur intégration dans l'échantillonnage.

Afin de remédier à cette limitation, il serait pertinent d'envisager des méthodes alternatives de prélèvement, compatibles avec les contraintes physiologiques de ces espèces. Parmi les pistes à explorer, la collecte non invasive de fientes pourrait offrir un compromis acceptable (Ahrens et al., 2023; Ogrzewalska et al., 2022). Par ailleurs, pour les juvéniles, la récupération de plumes de sang au niveau de la zone pectoro-sternal pourrait permettre une analyse par broyat de plumes, méthode ayant déjà fait l'objet d'études dans des contextes d'oiseaux d'élevage (Nuradji et al., 2017, 2015; Yamamoto et al., 2008). Le développement de ces approches alternatives permettrait d'élargir le champ de la

surveillance tout en respectant les impératifs de bien-être animal, et d'intégrer des groupes jusqu'ici peu représentés mais potentiellement pertinents sur le plan épidémiologique.

Cette étude a également permis de réaliser une analyse de la dynamique de circulation des VIA chez les Columbides, un groupe non intégré au programme SAGIR. Chez le Pigeon ramier, un individu positif a été identifié sur un total de 195 testés, pour une faible prévalence vraie de 0,0 % [IC95 % : 0,0–2,1 %]. En ce qui concerne le Pigeon biset domestique et la Tourterelle turque, aucun des 237 individus analysés ne s'est avérés porteur du virus, ce qui correspondait à une prévalence seuil de 1,1 %. Ces résultats sont en accord avec les données disponibles dans la littérature, qui indiquent une faible présence de VIA au sein des populations de Columbides, avec des prévalences généralement inférieures à 1 % (Abolnik, 2014; Ringenberg et al., 2024). Ces données suggèrent un rôle marginal de ce groupe d'espèces dans la circulation du virus influenza aviaire. La surveillance menée via les CDS s'est révélée précieuse pour confirmer cette faible circulation. Dans ce contexte, la poursuite de la surveillance des Columbides ne constitue pas une priorité, sauf en cas d'évolution du contexte épidémiologique.

IV.5 Précocité de détection et couverture géographique

La carte de superposition des cas positifs SAGIR et CDS a permis de visualiser la répartition spatiale des cas détectés et d'identifier les zones les plus touchées par l'influenza aviaire H5 durant la période étudiée, notamment sur le nord de la façade Atlantique. Elle reflète la couverture spatiale de la surveillance des deux dispositifs (CDS et réseau SAGIR), tout en révélant des écarts potentiels dans la détection selon les régions. En effet, on remarque que le réseau SAGIR a permis d'identifier des foyers au sein de régions où aucun cas CDS n'a été détecté, notamment dans les Hauts-de-France, la Bourgogne-Franche-Comté, l'Auvergne-Rhône-Alpes et la Normandie. Cette disparité s'explique par la couverture spatiale encore partielle des CDS, liée au nombre restreint de structures actuellement impliquées dans le dispositif. Ces limites doivent être considérées dans le cadre de cette étude, conçue comme une preuve de concept. L'hétérogénéité spatiale du dispositif pourrait être partiellement atténuée à l'avenir grâce à l'intégration de nouveaux centres partenaires. Ainsi, plusieurs CDS ont déjà récemment rejoint le protocole de collecte, notamment en Nouvelle-Aquitaine (LPO NA) et en région PACA (LPO PACA).

Sur les zones où la présence de CDS partenaires rendait possible la mise en place du protocole de surveillance, on remarque globalement que les CDS ont permis la détection de cas dans les mêmes régions que SAGIR parfois même sur des espèces similaires à des écarts de temps faible, comme en Ile de France sur des cas fréquents de mouettes rieuses H5 positives.

De plus, l'analyse comparative de la précocité de détection entre les deux dispositifs montre que, dans 76 % des cas étudiés (dans une fenêtre spatio-temporelle large de 100 km et 50 jours précédant un cas identifié via les CDS) le réseau SAGIR détecte les cas d'IA de manière plus précoce (16/21, **Tableau 5A**). Ce constat s'explique en partie par les caractéristiques propres à chaque dispositif : SAGIR repose sur une veille passive à large couverture, orientée vers les mortalités animales, tandis que les CDS dépendent de l'admission d'animaux vivants, ce qui peut être plus ponctuel et aléatoire.

Cependant, dans 24 % (5/21, **Tableau 5A**) des situations, dans une fenêtre spatio-temporelle large (inférieur à 100km, dans les 50 jours précédents) les CDS ont permis de détecter des cas d'IA sans qu'aucun signal n'ait été identifié au préalable par SAGIR. Ce résultat soulève plusieurs hypothèses : soit le réseau SAGIR a détecté les cas après les CDS, donc après la période analysée (notre approche actuelle se limitant à l'examen d'une fenêtre temporelle antérieure à la détection en CDS), soit certains foyers sont passés inaperçus, possiblement en lien avec une létalité faible dans certaines populations infectées. Par ailleurs, dans cette même fenêtre spatio-temporelle, les CDS détectent les cas plus précocement que SAGIR dans 50 % (15/30) des cas localisés dans leur zone d'influence, ce qui souligne leur intérêt dans une stratégie de surveillance complémentaire (**Tableau 5B**).

Enfin, l'analyse des détections sur des périmètres restreints confirme la complémentarité des deux systèmes. Sur les 30 cas recensés par le réseau SAGIR, 4 ont été détectés plus précocement par les CDS, dans un périmètre de 10 kilomètres et au cours des 15 jours précédents (**Tableau 5B**), soit 13 % des cas. Cela indique que, dans une proportion non négligeable, les CDS permettent une détection locale plus précoce que le réseau SAGIR. À l'inverse, parmi les 21 cas identifiés par les CDS dans les mêmes conditions spatio-temporelles, 5 ont été signalés plus précocement par le réseau SAGIR, représentant 24 % des cas (**Tableau 5A**). Ces résultats mettent en évidence la complémentarité des deux systèmes : chacun peut, selon les contextes, contribuer à une détection anticipée. Ils soulignent ainsi la valeur ajoutée d'une approche intégrée combinant les CDS et le réseau SAGIR pour renforcer la réactivité de la surveillance à l'échelle locale.

IV.6 Conclusion

Les résultats de cette étude soulignent l'intérêt de considérer les CDS pour la faune sauvage comme un maillon complémentaire des dispositifs de surveillance de l'IA. Contrairement aux systèmes centrés sur la détection post-mortem, ces structures recueillent des oiseaux encore vivants, parfois porteurs du virus sans symptômes sévères comme les Laridés, permettant ainsi une observation plus fine de formes subcliniques, encore peu visibles dans les systèmes de surveillance classiques.

De plus, l'analyse des données a permis de mettre en lumière la capacité de ces structures à détecter la circulation de l'IA chez certaines espèces peu voire pas représentées au sein du dispositif SAGIR (Corvidés, Columbides, Milan royal). En particulier, les CDS apparaissent pertinents pour la surveillance des Laridés (Mouette rieuse, Goéland argenté), des rapaces nécrophages comme le Milan royal, ainsi que des Corvidés, groupes pour lesquels les effectifs collectés sont significativement plus élevés que dans le réseau SAGIR. Ces espèces, en raison de leur écologie ou de leur accessibilité via les CDS, présentent un intérêt épidémiologique réel pour la détection précoce d'une circulation virale active.

L'analyse de la précocité de détection montre que, dans la majorité des situations, les premiers cas d'IA ont été détectés via le réseau SAGIR, confirmant sa capacité à repérer précocement les événements de mortalité inhabituelle chez la faune sauvage. Néanmoins, les CDS semblent avoir permis, dans un nombre non négligeable de cas (50%), de détecter des cas d'IA plus précocement que le réseau SAGIR au sein de leur zone d'influence dans des fenêtres spatio-temporelle larges. Cela suggère que les CDS

peuvent jouer un rôle complémentaire important, notamment dans des contextes où les mortalités massives sont moins visibles (espèces discrètes, zones moins surveillées ou mortalité diffuse). De plus, les deux dispositifs permettent, chacun, de détecter des cas de manière précoce à une échelle spatio-temporelle plus fine, parfois pour des événements que le second système ne permet pas de repérer aussi rapidement. Leur utilisation conjointe constitue ainsi un levier essentiel pour renforcer la surveillance précoce de la circulation d'IA.

Ainsi, les données mettent en évidence l'intérêt de mobiliser conjointement différents dispositifs de surveillance pour optimiser la réactivité locale face à l'émergence de VIA. La complémentarité entre les réseaux permettrait d'améliorer la capacité à repérer rapidement les foyers actifs, en s'appuyant sur des signaux précoces souvent détectés dans des périmètres restreints. Cette approche intégrée renforce la pertinence d'une coordination territoriale afin de capter au plus tôt les dynamiques de circulation virale.

Ainsi, le recours aux CDS offre une approche complémentaire intéressante dans le cadre de la surveillance de l'IA au sein de l'avifaune sauvage, à condition d'optimiser les efforts de collecte sur les espèces les plus pertinentes, et de lever les freins logistiques (effectifs testés, critères d'exclusion et charge de travail). L'élargissement du réseau de structures partenaires, ainsi que l'adaptation des protocoles aux espèces sensibles (comme les passereaux), pourraient constituer des leviers prometteurs pour affiner la veille sanitaire en France.

Bibliographie :

- Abolnik, C., 2014. A current review of avian influenza in pigeons and doves (Columbidae). *Vet Microbiol* 170, 181–196. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2014.02.042>
- AFSSA, 2008. Rapport sur l'influenza aviaire hautement pathogène à virus H5N1 d'origine asiatique.
- Ahrens, A.K., Selinka, H.-C., Wylezich, C., Wonnemann, H., Sindt, O., Hellmer, H.H., Pfaff, F., Höper, D., Mettenleiter, T.C., Beer, M., Harder, T.C., 2023. Investigating Environmental Matrices for Use in Avian Influenza Virus Surveillance—Surface Water, Sediments, and Avian Fecal Samples. *Microbiology Spectrum* 11, e02664-22. <https://doi.org/10.1128/spectrum.02664-22>
- Alexander, D.J., 2000. A review of avian influenza in different bird species. *Veterinary Microbiology* 74, 3–13. [https://doi.org/10.1016/S0378-1135\(00\)00160-7](https://doi.org/10.1016/S0378-1135(00)00160-7)
- Animal and Plant Health Inspection Service, 2023. USDA Takes Action to Help Protect Endangered California Condors From Highly Pathogenic Avian Influenza | Animal and Plant Health Inspection Service [WWW Document]. URL <https://www.aphis.usda.gov/news/agency-announcements/usda-takes-action-help-protect-endangered-california-condors-highly>
- ANSES, 2024. Avis relatif à la réévaluation des mesures de gestion IAHP au regard de la stratégie de vaccination actuelle [WWW Document]. Anses - Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail. URL <https://www.anses.fr/fr/content/avis-2024-SA-0083> (accessed 4.28.25).
- ANSES, 2015. Recommandations aux demandeurs d'essais pour l'envoi d'échantillons au LNR influenza aviaire/maladie de Newcastle [WWW Document]. Anses - Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail. URL <https://www.anses.fr/fr/content/recommandations-aux-demandeurs-dessais-pour-lenvoi-d%C3%A9chantillons-au-lnr-influenza> (accessed 6.16.25).
- ASPC, 2023. Grippe aviaire A (H5N1) : Pour les professionnels de la santé [WWW Document]. URL <https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/maladies/grippe-aviaire-h5n1/professionnels-sante.html> (accessed 4.2.25).
- Becker, W.B., 1966. The isolation and classification of Tern virus: influenza A-Tern South Africa--1961. *J Hyg (Lond)* 64, 309–320. <https://doi.org/10.1017/s0022172400040596>
- Chen, H., Smith, G.J.D., Zhang, S.Y., Qin, K., Wang, J., Li, K.S., Webster, R.G., Peiris, J.S.M., Guan, Y., 2005. H5N1 virus outbreak in migratory waterfowl. *Nature* 436, 191–192. <https://doi.org/10.1038/nature03974>
- COVARIS, C. de V. et d'Anticipation des R.S., 2023. Avis du 8 juin 2023 [WWW Document]. enseignementsup-recherche.gouv.fr. URL <https://www.enseignementsup-recherche.gouv.fr/fr/avis-du-comite-de-veille-et-d-anticipation-des-risques-sanitaires-covars-91163> (accessed 5.14.25).
- DatGouv, 2016. Listes des communes géolocalisées par régions, départements, circonscriptions [WWW Document]. URL <https://www.data.gouv.fr/fr/datasets/listes-des-communes-geolocalisees-par-regions-departements-circonscriptions-nd/> (accessed 6.16.25).
- de Vries, E., Guo, H., Dai, M., Rottier, P.J.M., van Kuppeveld, F.J.M., de Haan, C.A.M., 2015. Rapid Emergence of Highly Pathogenic Avian Influenza Subtypes from a Subtype H5N1 Hemagglutinin Variant. *Emerg Infect Dis* 21, 842–846. <https://doi.org/10.3201/eid2105.141927>
- Decors, A., 2022. Le réseau SAGIR, la surveillance au carrefour des enjeux | Bulletin épidémiologique [WWW Document]. URL <https://mag.anses.fr/fr/node/2001> (accessed 5.14.25).
- DGAL, 2024. DGAL-462 [WWW Document]. URL <https://info.agriculture.gouv.fr/boagri/instruction-2024-462> (accessed 5.23.25).
- DRAAF Bretagne, D., 2024. Création d'un périmètre de surveillance active contre l'influenza aviaire sur la zone Atlantique-Manche [WWW Document]. DRAAF Bretagne | Direction régionale de l'alimentation, de l'agriculture et de la forêt de Bretagne. URL <https://draaf.bretagne.agriculture.gouv.fr/creation-d-un-perimetre-de-surveillance-active-contre-l-influenza-aviaire-sur-a3502.html> (accessed 6.16.25).
- EFSA, E.F.S., European Centre for Disease Prevention Control and European Union Reference Laboratory for Avian Influenza, Adlhoch, C., Fusaro, A., Gonzales, J.L., Kuiken, T., Marangon, S., Niqueux, É., Staubach, C., Smietanka, K., Terregino, C., Van der Stede, Y., Aznar, I., Baldinelli, F., 2020. Avian influenza overview – update on 19 November 2020, EU/EEA and the UK. *EFSA Journal* 18, e06341. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2020.6341>
- EFSA, European Centre for Disease Prevention and Control, European Union Reference Laboratory for Avian Influenza, Adlhoch, C., Fusaro, A., Gonzales, J.L., Kuiken, T., Marangon, S., Mirinaviciute, G., Niqueux, É., Stahl, K., Staubach, C., Terregino, C., Broglia, A., Baldinelli, F.,

2023. Avian influenza overview December 2022 - March 2023. EFSA J 21, e07917. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2023.7917>
- ESA, 2025a. BHVSI-SA-2025-03-04 [WWW Document]. URL <https://www.plateforme-esa.fr/libraries/pdf.js/web/viewer.html?file=https%3A%2F%2Fwww.plateforme-esa.fr%2Fsites%2Fdefault%2Ffiles%2F2025-03%2F2025-03-04-BHVSISA.pdf#page=1&zoom=auto,-14,842> (accessed 3.6.25).
- ESA, 2025b. BHVSI-SA-2025-05-20 [WWW Document]. URL <https://plateforme-esa.fr/libraries/pdf.js/web/viewer.html?file=https%3A%2F%2Fplateforme-esa.fr%2Fsites%2Fdefault%2Ffiles%2F2025-05%2F2025-05-20-BHVSISA.pdf#page=1&zoom=auto,-14,842> (accessed 5.23.25).
- ESA, 2024. Bilan de la saison 2022-2023 d'influenza aviaire hautement pathogène en Europe [WWW Document]. URL <https://www.plateforme-esa.fr/fr/bilan-de-la-saison-2022-2023-dinfluenza-aviaire-hautement-pathogene-en-europe> (accessed 5.14.25).
- ESA, 2023. Bulletins hebdomadaires de veille sanitaire internationale du 31/01/2023 [WWW Document]. URL <https://www.plateforme-esa.fr/fr/bulletins-hebdomadaires-de-veille-sanitaire-internationale-du-31-01-2023> (accessed 5.15.25).
- ESA, 2021. Influenza aviaire hautement pathogène en Europe : bilan de la saison 2020-2021.
- Gaide, N., Filaire, F., Bertran, K., Crispo, M., Dirat, M., Secula, A., Foret-Lucas, C., Payré, B., Perlas, A., Cantero, G., Majó, N., Soubies, S., Guérin, J.-L., 2023. The feather epithelium contributes to the dissemination and ecology of clade 2.3.4.4b H5 high pathogenicity avian influenza viruses in ducks. *Emerg Microbes Infect* 12, 2272644. <https://doi.org/10.1080/22221751.2023.2272644>
- Galichet Emmanuelle, 2021. Organisation et fonctionnement des établissements qui pratiquent des soins sur les animaux de la faune sauvage. Ecole nationale vétérinaire d'Alfor. <https://hal.science/hal-04382683>
- Gamarra-Toledo, V., Plaza, P.I., Angulo, F., Gutiérrez, R., García-Tello, O., Saravia-Guevara, P., Mejía-Vargas, F., Epiquién-Rivera, M., Quiroz-Jiménez, G., Martínez, P., Huamán-Mendoza, D., Inga-Díaz, G., La Madrid, L.E., Luyo, P., Ventura, S., Lambertucci, S.A., 2023. Highly Pathogenic Avian Influenza (HPAI) strongly impacts wild birds in Peru. *Biological Conservation* 286, 110272. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2023.110272>
- Gourlay, P., Decors, A., Moinet, M., Lambert, O., Lawson, B., Beaudeau, F., Assié, S., 2014. The potential capacity of French wildlife rescue centres for wild bird disease surveillance. *Eur J Wildl Res* 60, 865–873. <https://doi.org/10.1007/s10344-014-0853-9>
- IGEDD, 2023. Amélioration de la situation des centres de soins de la faune sauvage [WWW Document]. IGEDD. URL <https://www.igedd.developpement-durable.gouv.fr/amelioration-de-la-situation-des-centres-de-soins-a3572.html> (accessed 5.15.25).
- Lane, J.V., Jeglinski, J.W.E., Avery-Gomm, S., Ballstaedt, E., Banyard, A.C., Barychka, T., Brown, I.H., Brugger, B., Burt, T.V., Careen, N., Castenschiold, J.H.F., Christensen-Dalsgaard, S., Clifford, S., Collins, S.M., Cunningham, E., Danielsen, J., Daunt, F., D'entremont, K.J.N., Doiron, P., Duffy, S., English, M.D., Falchieri, M., Giacinti, J., Gjerset, B., Granstad, S., Grémillet, D., Guillemette, M., Hallgrímsson, G.T., Hamer, K.C., Hammer, S., Harrison, K., Hart, J.D., Hatsell, C., Humpidge, R., James, J., Jenkinson, A., Jessopp, M., Jones, M.E.B., Lair, S., Lewis, T., Malinowska, A.A., McCluskie, A., McPhail, G., Moe, B., Montevecchi, W.A., Morgan, G., Nichol, C., Nisbet, C., Olsen, B., Provencher, J., Provost, P., Purdie, A., Rail, J.-F., Robertson, G., Seyer, Y., Sheddán, M., Soos, C., Stephens, N., Strøm, H., Svansson, V., Tierney, T.D., Tyler, G., Wade, T., Wanless, S., Ward, C.R.E., Wilhelm, S.I., Wischniewski, S., Wright, L.J., Zonfrillo, B., Matthiopoulos, J., Votier, S.C., 2024a. High pathogenicity avian influenza (H5N1) in Northern Gannets (*Morus bassanus*): Global spread, clinical signs and demographic consequences. *Ibis* 166, 633–650. <https://doi.org/10.1111/ibi.13275>
- Lane, J.V., Jeglinski, J.W.E., Avery-Gomm, S., Ballstaedt, E., Banyard, A.C., Barychka, T., Brown, I.H., Brugger, B., Burt, T.V., Careen, N., Castenschiold, J.H.F., Christensen-Dalsgaard, S., Clifford, S., Collins, S.M., Cunningham, E., Danielsen, J., Daunt, F., D'entremont, K.J.N., Doiron, P., Duffy, S., English, M.D., Falchieri, M., Giacinti, J., Gjerset, B., Granstad, S., Grémillet, D., Guillemette, M., Hallgrímsson, G.T., Hamer, K.C., Hammer, S., Harrison, K., Hart, J.D., Hatsell, C., Humpidge, R., James, J., Jenkinson, A., Jessopp, M., Jones, M.E.B., Lair, S., Lewis, T., Malinowska, A.A., McCluskie, A., McPhail, G., Moe, B., Montevecchi, W.A., Morgan, G., Nichol, C., Nisbet, C., Olsen, B., Provencher, J., Provost, P., Purdie, A., Rail, J.-F., Robertson, G., Seyer, Y., Sheddán, M., Soos, C., Stephens, N., Strøm, H., Svansson, V., Tierney, T.D., Tyler, G., Wade, T., Wanless, S., Ward, C.R.E., Wilhelm, S.I., Wischniewski, S., Wright, L.J., Zonfrillo, B., Matthiopoulos, J., Votier, S.C., 2024b. High pathogenicity avian influenza (H5N1) in Northern

- Gannets (*Morus bassanus*): Global spread, clinical signs and demographic consequences. *Ibis* 166, 633–650. <https://doi.org/10.1111/ibi.13275>
- Lina, B., 2014. Potentiel pandémique des virus influenza aviaires circulant actuellement et ayant des caractéristiques proches du virus de 1918. *Med Sci (Paris)* 30, 851–853. <https://doi.org/10.1051/medsci/20143010011>
- LPO de l'île Grande, 2022. Grippe Aviaire : la colonie des Sept îles décimée [WWW Document]. URL <https://www.lpo.fr/lpo-locales/lpo-bretagne/actu-bretagne/actu-bretagne-2022/grippe-aviaire-la-colonie-des-sept-iles-decimee> (accessed 6.16.25).
- Lycett, S.J., Duchatel, F., Digard, P., 2019. A brief history of bird flu. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci* 374, 20180257. <https://doi.org/10.1098/rstb.2018.0257>
- Molini, U., Yabe, John, Meki, Irene K., Ouled Ahmed Ben Ali, Hatem, Settypalli, Tirumala B. K., Datta, Sneha, Coetzee, Lauren Michelle, Hamunyela, Ellini, Khaïseb, Siegfried, Cattoli, Giovanni, Lamien, Charles E., and Dundon, W.G., 2023. Highly pathogenic avian influenza H5N1 virus outbreak among Cape cormorants (*Phalacrocorax capensis*) in Namibia, 2022. *Emerging Microbes & Infections* 12, 2167610. <https://doi.org/10.1080/22221751.2023.2167610>
- Nuradji, H., Bingham, J., Lowther, S., Wibawa, H., Colling, A., Long, N.T., Meers, J., 2015. A comparative evaluation of feathers, oropharyngeal swabs, and cloacal swabs for the detection of H5N1 highly pathogenic avian influenza virus infection in experimentally infected chickens and ducks. *J Vet Diagn Invest* 27, 704–715. <https://doi.org/10.1177/1040638715611443>
- Nuradji, H., Bingham, J., Payne, Meers, J., 2017. Highly Pathogenic Avian Influenza (H5N1) Virus in Feathers [WWW Document]. URL <https://journals.sagepub.com/doi/10.1177/0300985816666608> (accessed 6.16.25).
- OFB, 2024. Sagir infos - Lettre n° 194 [WWW Document]. Le portail technique de l'OFB. URL <https://professionnels.ofb.fr/fr/doc/sagir-infos-lettre-ndeg-194> (accessed 5.15.25).
- Ogrzewalska, M., Couto Motta, F., Resende, P., Fumian, T., Fonseca da Mendonça, A., L, A.R., M, L.B., M, C., II, A.G., M, M.S., 2022. Influenza A(H11N2) Virus Detection in Fecal Samples from Adélie (*Pygoscelis adeliae*) and Chinstrap (*Pygoscelis antarcticus*) Penguins, Penguin Island, Antarctica. *Microbiology spectrum* 10. <https://doi.org/10.1128/spectrum.01427-22>
- OMS, 2023. Grippe (aviaire et autres grippes zoonotiques) [WWW Document]. URL [https://www.who.int/fr/news-room/fact-sheets/detail/influenza-\(avian-and-other-zoonotic\)](https://www.who.int/fr/news-room/fact-sheets/detail/influenza-(avian-and-other-zoonotic)) (accessed 4.2.25).
- Pantin-Jackwood, M.J., Swayne, D.E., 2009. Pathogenesis and pathobiology of avian influenza virus infection in birds. *Rev Sci Tech* 28, 113–136. <http://dx.doi.org/10.20506/rst.28.1.1869>
- Ramey, A.M., Hill, N.J., DeLiberto, T.J., Gibbs, S.E.J., Camille Hopkins, M., Lang, A.S., Poulson, R.L., Prosser, D.J., Sleeman, J.M., Stallknecht, D.E., Wan, X.-F., 2022. Highly pathogenic avian influenza is an emerging disease threat to wild birds in North America. *The Journal of Wildlife Management* 86, e22171. <https://doi.org/10.1002/jwmg.22171>
- Reinartz, R., Slaterus, R., Foppen, R., Stahl, J., 2024. Update of the target list of wild bird species for passive surveillance of H5 HPAI viruses in the EU. *EFSA Supporting Publications* 21, 8807E. <https://doi.org/10.2903/sp.efsa.2024.EN-8807>
- Remongin, X., 2024. Influenza aviaire hautement pathogène : lancement de la deuxième campagne de vaccination obligatoire des canards [WWW Document]. Ministère de l'Agriculture et de la Souveraineté alimentaire. URL <https://agriculture.gouv.fr/influenza-aviaire-hautement-pathogene-lancement-de-la-deuxieme-campagne-de-vaccination-obligatoire> (accessed 5.23.25).
- Ringenberg, J.M., Weir, K., Humberg, L., Voglewede, C., Oswald, M., Root, J.J., Dilione, K., Casey, E., Milleson, M., Linder, T., Lenocho, J., 2024. Prevalence of Avian Influenza Virus in Atypical Wild Birds Host Groups during an Outbreak of Highly Pathogenic Strain EA/AM H5N1. *Transboundary and Emerging Diseases* 2024, 4009552. <https://doi.org/10.1155/2024/4009552>
- Scoizec, A., Niqueux, E., Schmitz, A., Grasland, B., Palumbo, L., Huneau-Salaün, A., Le Bouquin, S., 2024. New Patterns for Highly Pathogenic Avian Influenza and Adjustment of Prevention, Control and Surveillance Strategies: The Example of France. *Viruses* 16, 101. <https://doi.org/10.3390/v16010101>
- Simancas-Racines, A., Cadena-Ullauri, S., Guevara-Ramírez, P., Zambrano, A.K., Simancas-Racines, D., 2023. Avian Influenza: Strategies to Manage an Outbreak. *Pathogens* 12, 610. <https://doi.org/10.3390/pathogens12040610>
- Swayne, D.E., Suarez, D.L., 2000. Highly pathogenic avian influenza. *Rev Sci Tech* 19, 463–482. <https://doi.org/10.20506/rst.19.2.1230>
- Taylor, L.U., Ronconi, R.A., Spina, H.A., Jones, M.E.B., Ogbunugafor, C.B., Ayala, A.J., 2023. Limited Outbreak of Highly Pathogenic Influenza A(H5N1) in Herring Gull Colony, Canada, 2022 -

- Volume 29, Number 10—October 2023 - Emerging Infectious Diseases journal - CDC.
<https://doi.org/10.3201/eid2910.230536>
- van den Brand, J.M., Krone, O., Wolf, P.U., van de Bildt, M.W.G., van Amerongen, G., Osterhaus, A.D.M.E., Kuiken, T., 2015. Host-specific exposure and fatal neurologic disease in wild raptors from highly pathogenic avian influenza virus H5N1 during the 2006 outbreak in Germany. *Vet Res* 46, 24. <https://doi.org/10.1186/s13567-015-0148-5>
- Venkatesh, D., Poen, M.J., Bestebroer, T.M., Scheuer, R.D., Vuong, O., Chkhaidze, M., Machabishvili, A., Mamuchadze, J., Ninua, L., Fedorova, N.B., Halpin, R.A., Lin, X., Ransier, A., Stockwell, T.B., Wentworth, D.E., Kriti, D., Dutta, J., van Bakel, H., Puranik, A., Slomka, M.J., Essen, S., Brown, I.H., Fouchier, R.A.M., Lewis, N.S., 2018. Avian Influenza Viruses in Wild Birds: Virus Evolution in a Multihost Ecosystem. *J Virol* 92, e00433-18. <https://doi.org/10.1128/JVI.00433-18>
- Webby, R.J., Uyeki, T.M., 2024. An Update on Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Virus, Clade 2.3.4.4b. *The Journal of Infectious Diseases* 230, 533–542. <https://doi.org/10.1093/infdis/jiae379>
- Webster, R.G., Bean, W.J., Gorman, O.T., Chambers, T.M., Kawaoka, Y., 1992. Evolution and ecology of influenza A viruses. *Microbiol Rev* 56, 152–179. <https://doi.org/10.1128/mr.56.1.152-179.1992>
- Xu, X., Subbarao, null, Cox, N.J., Guo, Y., 1999. Genetic characterization of the pathogenic influenza A/Goose/Guangdong/1/96 (H5N1) virus: similarity of its hemagglutinin gene to those of H5N1 viruses from the 1997 outbreaks in Hong Kong. *Virology* 261, 15–19. <https://doi.org/10.1006/viro.1999.9820>
- Yamaji, R., Saad, M.D., Davis, C.T., Swayne, D.E., Wang, D., Wong, F.Y.K., McCauley, J.W., Peiris, J.S.M., Webby, R.J., Fouchier, R.A.M., Kawaoka, Y., Zhang, W., 2020. Pandemic potential of highly pathogenic avian influenza clade 2.3.4.4 A(H5) viruses. *Reviews in Medical Virology* 30, e2099. <https://doi.org/10.1002/rmv.2099>
- Yamamoto, Y., Nakamura, K., Okamatsu, M., Miyazaki, A., Yamada, M., Mase, M., 2008. Detecting Avian Influenza Virus (H5N1) in Domestic Duck Feathers. *Emerg Infect Dis* 14, 1671–1672. <https://doi.org/10.3201/1410.080415>

Annexes :

Annexe 1 : Répartition des effectifs d'individus testés par le réseau SAGIR et par les centres de soins (CDS), ainsi que des individus admis dans ces CDS, sur la période de juin à décembre 2024. Les espèces dont les noms sont en bleu n'ont été recensées que dans les centres de soins, tandis que celles en vert sont testées exclusivement par réseau SAGIR. Les espèces soulignées font partie de l'ordre des Passeriformes (hors Corvidés)

Espèces	Individus reçus en CDS en 2024	Individus testés en provenance des CDS en 2024	Individus testés par SAGIR en 2024
<u>Accenteur mouchet</u>	3	1	0
<u>Aigle botté</u>	1	0	0
<u>Aigle de bonnelli</u>	0	0	1
<u>Aigle royal</u>	0	0	3
<u>Aigrette garzette</u>	2	2	4
<u>Autour des palombes</u>	10	2	1
<u>Avocette élégante</u>	0	0	0
<u>Bécasse des bois</u>	5	3	0
<u>Bécasseau sanderling</u>	0	0	1
<u>Bergeronnette grise</u>	12	1	0
<u>Bergeronnette printanière</u>	1	1	0
<u>Bernache cravant</u>	3	0	5
<u>Bernache du canada</u>	0	0	9
<u>Bihoreau gris</u>	1	1	0
<u>Blongios nain</u>	0	0	1
<u>Bondrée apivore</u>	5	2	0
<u>Busard cendré</u>	0	0	1
<u>Busard des roseaux</u>	3	2	0
<u>Busard saint-martin</u>	0	0	1
<u>Busard saint-martin</u>	5	0	0
<u>Buse variable</u>	111	71	9
<u>Caille des blés</u>	1	1	0
<u>Canard colvert</u>	25	1	21
<u>Canard souchet</u>	0	0	1
<u>Chardonneret élégant</u>	26	2	2
<u>Chevêche d'athéna</u>	89	19	1
<u>Choucas des tours</u>	10	2	5
<u>Chouette hulotte</u>	50	21	3
<u>Cigogne blanche</u>	7	2	11
<u>Cigogne noire</u>	1	1	1
<u>Circaète jean-le-blanc</u>	5	2	1
<u>Corbeau freux</u>	3	3	1
<u>Cormoran huppé</u>	1	1	1
<u>Corneille noire</u>	28	13	3
<u>Coucou gris</u>	1	1	0
<u>Cygne chanteur</u>	0	0	2
<u>Cygne tuberculé</u>	17	9	109

<i>Effraie des clochers</i>	102	54	9
<i>Eider à duvet</i>	0	0	1
<i>Elanion blanc</i>	4	1	0
<i>Engoulevent d'europe</i>	6	3	0
<i>Epervier d'europe</i>	29	20	7
<i>Etourneau sansonnet</i>	33	10	3
<i>Faisan de colchide</i>	10	8	0
<i>Faucon crécerelle</i>	165	68	10
<i>Faucon émerillon</i>	1	0	0
<i>Faucon hobereau</i>	8	1	0
<i>Faucon pèlerin</i>	2	1	1
<i>Fauvette à tête noire</i>	26	2	0
<i>Flamant rose</i>	1	1	3
<i>Fou de bassan</i>	10	7	12
<i>Foulque macroule</i>	2	2	1
<i>Fuligule milouin</i>	0	0	1
<i>Fuligule morillon</i>	0	0	1
<i>Gallinule poule d'eau</i>	5	1	1
<i>Geai des chênes</i>	14	7	1
<i>Gobemouche gris</i>	1	1	0
<i>Gobemouche noir</i>	14	4	0
<i>Goéland argenté</i>	59	37	56
<i>Goéland brun</i>	10	7	4
<i>Goéland cendre</i>	1	1	1
<i>Goéland leucophee</i>	32	18	2
<i>Goéland marin</i>	8	8	5
<i>Grand cormoran</i>	1	1	10
<i>Grande aigrette</i>	4	2	5
<i>Grèbe castagneux</i>	1	0	1
<i>Grèbe huppe</i>	3	2	0
<i>Grimpereau des jardins</i>	2	0	0
<i>Grive mauvis</i>	3	1	0
<i>Grive musicienne</i>	24	8	1
<i>Gros bec casse noyau</i>	2	0	0
<i>Grue cendrée</i>	3	2	8
<i>Guepier d'europe</i>	3	1	0
<i>Guillemot de troïl</i>	10	10	17
<i>Héron cendré</i>	22	16	23
<i>Héron garde boeufs</i>	17	11	4
<i>Héron pourpre</i>	2	0	0
<i>Hibou des marais</i>	1	0	0
<i>Hibou grand duc</i>	6	2	3
<i>Hibou moyen duc</i>	11	5	0
<i>Hibou petit duc</i>	11	0	0
<i>Hirondelle de fenêtre</i>	129	5	0
<i>Hirondelle des rochers</i>	2	0	0
<i>Hirondelle rustique</i>	40	2	0
<i>Huppe fasciée</i>	21	5	0

<u>Hypolais polyglotte</u>	1	0	0
<u>Linotte mélodieuse</u>	1	0	0
<u>Loriot d'europe</u>	5	3	0
Macareux moine	1	1	2
Macreuse noire	1	1	1
Martin pêcheur d'europe	18	2	0
Martinet à ventre blanc	1	0	0
Martinet noir	343	8	0
Martinet pâle	2	0	0
<u>Merle noir</u>	161	51	3
<u>Mésange à longue queue</u>	0	0	0
<u>Mésange bleue</u>	12	1	2
<u>Mésange charbonnière</u>	24	5	1
Milan noir	15	5	0
Milan royal	7	5	6
<u>Moineau domestique</u>	125	5	2
<u>Moineau friquet</u>	1	1	0
<u>Moineau soulcie</u>	1	0	0
Mouette pygmée			1
Mouette rieuse	12	9	14
Océanite tempête	3	1	0
Oie cendrée	0	0	1
Oie rieuse	0	0	1
Perdrix grise	1	0	1
Perdrix rouge	3	2	0
Perruche à collier	6	1	0
Pic épeiche	5	2	0
Pic vert	13	5	0
Pie bavarde	86	24	1
Pigeon biset domestique	88	17	1
Pigeon colombin	4	1	1
Pigeon ramier	347	167	4
Pingouin torda	7	3	4
<u>Pinson des arbres</u>	13	1	0
<u>Pinson du nord</u>	0	0	2
<u>Pouillot à grands sourcils</u>	1	0	0
<u>Pouillot véloce</u>	5	1	0
Puffin cendré	1	1	0
Puffin des anglais	4	1	1
<u>Roitelet à triple bandeau</u>	3	0	0
<u>Roitelet huppé</u>	2	0	0
Rollier d'europe	2	1	0
<u>Rosignol philomèle</u>	1	1	0
<u>Rougegorge familier</u>	32	5	0
<u>Rougequeue noir</u>	20	1	0
Sarcelle d'hiver	0	0	1
<u>Sittelle torchepot</u>	1	0	1
<u>Spatule blanche</u>	1	1	0

<i>Sterne caugek</i>	0	0	1
<i>Sterne pierregarin</i>	0	0	2
<i>Tadorne de belon</i>	0	0	2
<i>Tarier des prés</i>	1	0	0
<i>Tourterelle des bois</i>	4	2	0
<i>Tourterelle rieuse</i>	2	0	0
<i>Tourterelle turque</i>	219	73	8
<i>Troglodyte mignon</i>	4	1	0
<i>Vanneau huppé</i>	2	2	1
<i>Vautour fauve</i>	7	3	2
<i>Verdier d'europe</i>	7	0	3
Total	2899	908	459

Annexe 2 : Exemple de fiche de renseignement relative aux prélèvements, complétée par un centre de soins.

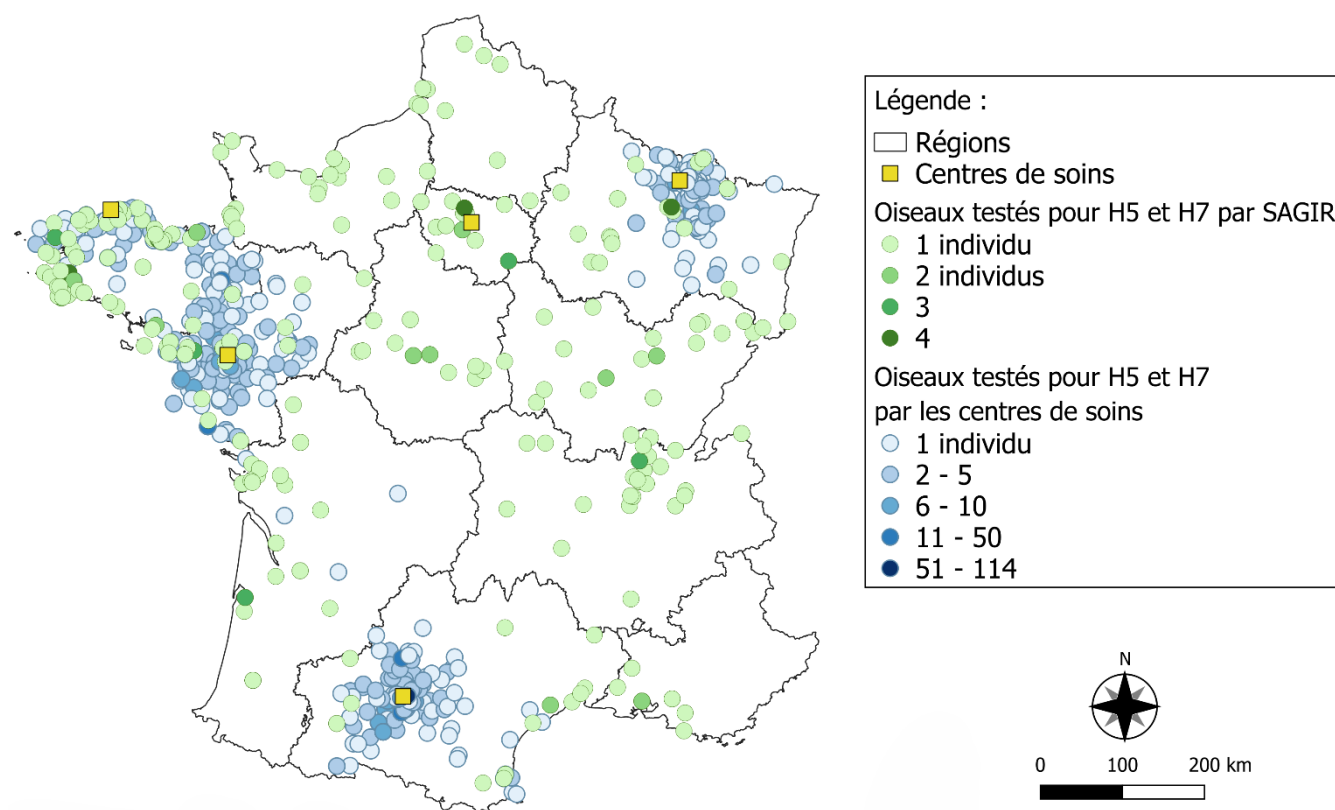
Thèse d'université : « Rôle des centres de soins dans la surveillance sanitaire de la faune sauvage. » L. Hivert

②

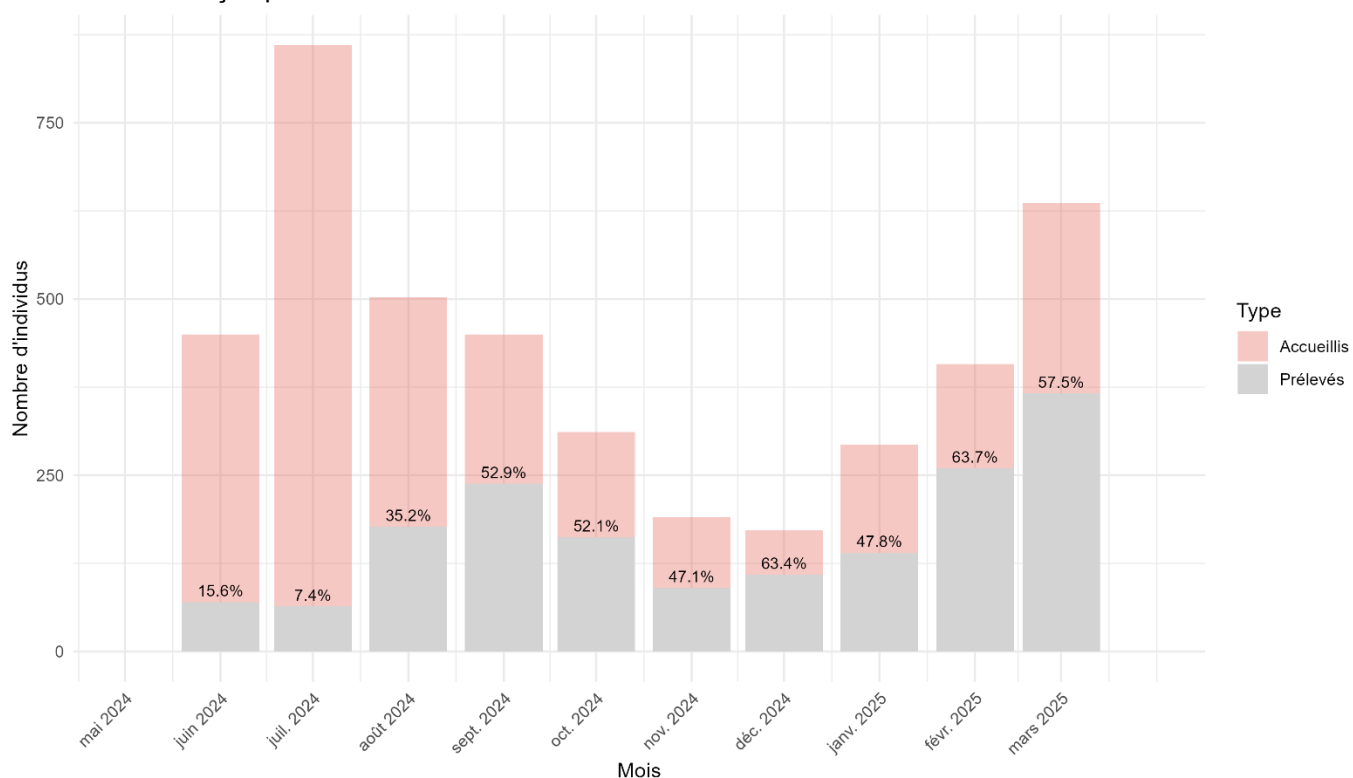
Identifiant	Espèce	Date prélèvement	(EOP / EC)	Troubles nerveux centraux (O/N)	Etat corporel (note sur 5)	Ville découverte (en majuscules)
X	Pigeon commun	16/03/25	EC	N	3/5	
X	Pigeon biset	14/03/28	EC	N	2/5	
X	Pigeon burel	14/03/25	EC/EC	N	2/5	
X	Tourterelle Turque	14/03/2025	EC/EC	N	3/5	
X	Tourterelle Turque	14/03/2025	EC/EC	N	3/5	
X	Pigeon biset	15/03/2025	EC/EC	N	2/5	
X	Faucon creux	15/03/2025	EC/EC	N	2/5	
X	PIGEON BISSET	15/03/2025	EC/EC	⊙	2/5	
X	Pigeon biset	15/03/25	EC/EC	N	3/5	
X	Pigeon biset	15/03/25	EC/EC	N	3/5	
X	Pigeon biset	15/03/25	EC/EC	N	3/5	
X	Pigeon biset	15/03/25	EC/EC	N	4/5	
X	Pigeon biset	15/3/25	EC/EC	N	2/5	
X	Pigeon biset	15/03/25	EC/EC	N	2/5	

14/20 BIS

Annexe 3 : Distribution spatiale des oiseaux prélevés par le réseau SAGIR et par les centres de soins en France pour la détection d'influenza aviaire de sous type H5 et H7 entre juin 2024 et décembre 2024



Annexe 4 : Nombre d'oiseaux prélevés par mois par les centres de soins par rapport au nombre total d'individus reçus par mois.



Annexe 5 : Répartition des effectifs d'individus reçus et testés en centres de soins, sur la période de juin 2024 à février 2025.

<i>Espèces</i>	<i>Individus reçus en centres de soins (2024/2025)</i>	<i>Individus testés via les centres de soins (2024/2025)</i>
<i>Accenteur mouchet</i>	3	1
<i>Aigle botté</i>	1	0
<i>Aigle de bonnelli</i>	0	0
<i>Aigle royal</i>	0	0
<i>Aigrette garzette</i>	2	2
<i>Autour des palombes</i>	12	4
<i>Avocette élégante</i>	1	1
<i>Becasse des bois</i>	8	4
<i>Bécasseau sanderling</i>	0	0
<i>Bergeronnette grise</i>	12	1
<i>Bergeronnette printanière</i>	1	1
<i>Bernache cravant</i>	4	2
<i>Bernache du canada</i>	0	0
<i>Bihoreau gris</i>	1	1
<i>Blongios nain</i>	0	0
<i>Bondrée apivore</i>	5	2
<i>Busard cendré</i>	0	0
<i>Busard des roseaux</i>	3	2
<i>Busard saint-martin</i>	0	0
<i>Busard saint-martin</i>	5	0
<i>Buse variable</i>	165	107
<i>Caille des blés</i>	1	1
<i>Canard colvert</i>	40	6
<i>Canard souchet</i>	0	0
<i>Chardonneret élégant</i>	40	2
<i>Chevêche d'athéna</i>	94	22
<i>Choucas des tours</i>	13	4
<i>Chouette hulotte</i>	72	42
<i>Cigogne blanche</i>	8	3
<i>Cigogne noire</i>	1	1
<i>Circaète jean-le-blanc</i>	5	2
<i>Corbeau freux</i>	3	3
<i>Cormoran huppé</i>	2	1
<i>Corneille noire</i>	34	17
<i>Coucou gris</i>	1	1
<i>Cygne chanteur</i>	0	0
<i>Cygne tuberculé</i>	24	14
<i>Effraie des clochers</i>	129	68
<i>Eider à duvet</i>	0	0
<i>Elanion blanc</i>	6	2
<i>Engoulevent d'europe</i>	6	3
<i>Epervier d'europe</i>	37	25
<i>Etourneau sansonnet</i>	44	12

<i>Faisan de colchide</i>	17	9
<i>Faucon crécerelle</i>	191	82
<i>Faucon émerillon</i>	1	0
<i>Faucon hobereau</i>	8	1
<i>Faucon pèlerin</i>	6	3
<i>Fauvette à tête noire</i>	29	2
<i>Flamant rose</i>	1	1
<i>Fou de bassan</i>	10	7
<i>Foulque macroule</i>	4	3
<i>Fuligule milouin</i>	0	0
<i>Fuligule morillon</i>	0	0
<i>Gallinule poule d'eau</i>	6	1
<i>Geai des chênes</i>	18	8
<i>Gobemouche gris</i>	1	1
<i>Gobemouche noir</i>	14	4
<i>Goéland argenté</i>	68	45
<i>Goéland brun</i>	10	7
<i>Goéland cendre</i>	1	1
<i>Goéland leucophee</i>	34	18
<i>Goéland marin</i>	8	8
<i>Grand cormoran</i>	4	3
<i>Grande aigrette</i>	4	2
<i>Grèbe castagneux</i>	1	0
<i>Grèbe huppe</i>	3	2
<i>Grimpereau des jardins</i>	2	0
<i>Grive mauvis</i>	7	3
<i>Grive musicienne</i>	25	8
<i>Gros bec casse noyau</i>	9	1
<i>Grue cendrée</i>	3	2
<i>Guepier d'europe</i>	3	1
<i>Guillemot de troïl</i>	17	17
<i>Héron cendré</i>	28	19
<i>Héron garde boeufs</i>	18	12
<i>Héron pourpre</i>	2	0
<i>Hibou des marais</i>	2	0
<i>Hibou grand duc</i>	7	2
<i>Hibou moyen duc</i>	23	13
<i>Hibou petit duc</i>	12	0
<i>Hirondelle de fenêtre</i>	130	5
<i>Hirondelle des rochers</i>	2	0
<i>Hirondelle rustique</i>	40	2
<i>Huppe fasciée</i>	21	5
<i>Hypolais polyglotte</i>	1	0
<i>Linotte mélodieuse</i>	1	0
<i>Loriot d'europe</i>	5	3
<i>Macareux moine</i>	1	1
<i>Macreuse noire</i>	1	1
<i>Martin pêcheur d'europe</i>	19	2

<i>Martinet à ventre blanc</i>	1	0
<i>Martinet noir</i>	343	8
<i>Martinet pâle</i>	2	0
<i>Merle noir</i>	211	76
<i>Mésange à longue queue</i>	3	0
<i>Mésange bleue</i>	17	2
<i>Mésange charbonnière</i>	27	5
<i>Milan noir</i>	15	5
<i>Milan royal</i>	7	5
<i>Moineau domestique</i>	127	7
<i>Moineau friquet</i>	1	1
<i>Moineau souldie</i>	1	0
<i>Mouette pygmée</i>	0	0
<i>Mouette rieuse</i>	35	29
<i>Océanite tempête</i>	3	1
<i>Oie cendrée</i>	0	0
<i>Oie rieuse</i>	0	0
<i>Perdrix grise</i>	1	0
<i>Perdrix rouge</i>	3	2
<i>Perruche à collier</i>	10	5
<i>Pic épeiche</i>	7	4
<i>Pic vert</i>	14	6
<i>Pie bavarde</i>	98	32
<i>Pigeon biset domestique</i>	303	136
<i>Pigeon colombin</i>	4	1
<i>Pigeon ramier</i>	375	195
<i>Pingouin torda</i>	9	5
<i>Pinson des arbres</i>	20	1
<i>Pinson du nord</i>	0	0
<i>Pouillot à grands sourcils</i>	1	0
<i>Pouillot véloce</i>	5	1
<i>Puffin cendré</i>	1	1
<i>Puffin des anglais</i>	4	1
<i>Roitelet à triple bandeau</i>	3	0
<i>Roitelet huppé</i>	3	1
<i>Rollier d'europe</i>	2	1
<i>Rossignol philomèle</i>	1	1
<i>Rougegorge familier</i>	41	8
<i>Rougequeue noir</i>	20	1
<i>Sarcelle d'hiver</i>	0	0
<i>Sittelle torchepot</i>	2	0
<i>Spatule blanche</i>	1	1
<i>Sterne caugek</i>	0	0
<i>Sterne pierregarin</i>	0	0
<i>Tadorne de belon</i>	0	0
<i>Tarier des prés</i>	1	0
<i>Tourterelle des bois</i>	4	2
<i>Tourterelle rieuse</i>	2	0

<i>Tourterelle turque</i>	258	101
<i>Troglodyte mignon</i>	5	1
<i>Vanneau huppé</i>	2	2
<i>Vautour fauve</i>	7	3
<i>Verdier d'europe</i>	8	1
Total général	3637	1313