

Marché public de services à finalité de recherches passé par procédure négociée sans publication préalable,
ci-après dénommé "CONVENTION DE RECHERCHES"

Cahier spécial des charges n° 03.02.03 - 22 - 5043

**Stratégies d'échantillonnage à partir de territoires sentinelles
et études ciblées pour la détection d'agents pathogènes émergents
en faune sauvage en Wallonie**

Convention de recherches
Rapport d'activités annuel
- 2024 -

SPW – DEMNA

M. Herman
V. De Waele
F. Dupont
A. Licoppe
A. Terneus

SPW – ULIÈGE

L. Duran
S. Engelskirchen
J. Paternostre
A. Van Goethem

A. Mertens
A. Linden



TABLE DES MATIÈRES

État des lieux	2
1. Circulation du virus de la maladie d'Aujeszky - Suidés sauvages	7
2. Détection de salmonelles et séquençage de souches de corynébactéries - Hérisson d'Europe	11
3. Cadre de l'AHL et détection d'agents pathogènes émergents ou présents en Wallonie	16
3.1 Mycobactéries	16
3.2 Virus de la Fièvre catarrhale ovine (BTV-3)	20
3.3 Virus de la maladie hémorragique épizootique	24
3.4 <i>Flaviviridae</i>	26
3.5 Virus de la Peste porcine africaine	29
3.6 <i>Echinococcus multilocularis</i>	31
3.7 Influenza aviaire	35
4. Collaborations et analyses mises en œuvre dans les CREAVES	37
5. Rapports de terrain & missions ponctuelles	37
6. Annexes	38
6.1 WildTub Wallonia 2024	39
6.2 Résultats des analyses réalisées dans les CREAVES	42
6.3 Résultats des analyses réalisées sur animaux trouvés morts ou achevés	51
6.4 Rapports d'autopsie	65

État des lieux

En 2024, l'équipe du Service Faune sauvage (FMV, ULiège) a réalisé des autopsies et analyses sur 2.799 animaux sauvages.

Les animaux ont été prélevés :

- pendant la saison de chasse (animaux présumés sains abattus en action de chasse)
- toute l'année, soit sur le terrain (cas particuliers des sangliers trouvés morts), soit en salle d'autopsie de la FMV (animaux trouvés morts ; abattus pour raison sanitaire ou piégés ; décédés dans les CREAVES). Quelques animaux d'élevage ou de captivité sont également inclus. Les différentes catégories sont présentées dans le tableau ci-dessous.

Tableau 1 : Distribution des espèces animales analysées en 2024.

		Cerf élaphe	Chevreuil	Sanglier	Lièvre	Renard	Blaireau	Raton laveur	Chauve -souris	Oiseaux	Hérisson	Castor	Ragondin	R. musqué	Autres*	
Surveillance événementielle	Surveillance ciblée	257	236	554	-	-	-	251	-	292	-	-	5	22	6	1.623
	Trouvés morts	14	28	34	3	5	18	4	12	34	1	12	-	-	5	170
	Achèvements sanitaires	12	17	9	1	8	-	-	-	2	-	3	-	-	1	53
	Animaux d'élevage et de captivité	-	-	-	-	-	-	-	-	3	-	-	-	-	12	15
	Animaux de CREAVES	-	3	-	20	29	6	2	108	658	89	3	-	1	19	938
		283	284	597	24	42	24	257	120	989	90	18	5	23	43	2.799

(*) "Autres" :

Surveillance ciblée : 1 daim, 5 mouflons.

Trouvés morts : 1 chat sauvage, 2 loups gris, 2 mouflons

Achèvements sanitaires : 1 mouflon

Animaux d'élevage/ captivité : 3 bisons d'Amérique, 2 bouquetins des Alpes, 1 daim, 1 pécari, 1 lièvre de Patagonie, 1 serval, 1 loup gris, 1 capucin et 1 wallaby de Benneth

Animaux de CREAVES : 8 écureuils roux, 5 fouines, 5 lapins de garenne, 1 putois

Résumé des résultats des analyses réalisées dans le cadre de la détection précoce de pathogènes potentiellement émergents (*) et de la veille sanitaire (°)

Virus de la maladie hémorragique épizootique (MHE)* : les 473 sérums de ruminants sauvages testés pour détecter la présence d'anticorps anti-EHDV étaient négatifs. Il est difficile d'anticiper la propagation de la MHE mais pour traquer une éventuelle émergence, l'étude sérologique sera maintenue en automne 2025. En surveillance passive, aucun cervidé sauvage autopsié en 2024 n'a présenté de lésions suggestives justifiant une recherche directe du EHDV. Et aucun évènement de mortalité anormal n'a été notifié dans ces populations en Wallonie.

Virus de la fièvre catarrhale ovine (BTV-3)° : Parmi les échantillons de cerfs élaphe prélevés à la chasse, 119 des 232 rates étaient viro-positives (51,3 %) tandis qu'un seul échantillon de chevreuil était viro-positif sur les 215 analysés (0,47 %). Toujours en surveillance active, l'enquête sérologique a révélé que 83,7 % des cerfs et 5,8 % des chevreuils étaient séro-positifs. Ainsi en Wallonie, les populations de cerfs élaphe ont été, comme les ovins et bovins, largement infectées par le BTV-3 en 2024. Mais sur base des observations réalisées sur les chasses, aucune lésion BTV-3 compatible n'a été mise en évidence sur ces animaux infectés. De plus, aucun évènement de mortalité n'a été détecté au sein de cette espèce en 2024.

Flavivirus: 672 oiseaux ont été autopsiés et analysés en 2024. Des qPCR ciblées ont été réalisées et aucun échantillon n'a été détecté positif pour le WNV*. Par contre, 92 oiseaux ont été testés viro-positifs pour Usutu°, soit une prévalence globale de 13,69 %. Le merle noir (*Turdus merula*) représente l'espèce la plus fortement impactée par ce virus. Etant donné la circulation du WNV dans les pays voisins, les études seront maintenues en 2025 et une collaboration est établie avec Sciensano pour que des oiseaux soient analysés dans des centres de revalidation en Wallonie et en Flandre.

Peste porcine africaine* : le niveau de vigilance PPA reste élevé en Wallonie. La procédure spécifique reste d'application et tout sanglier trouvé mort (à plus de 20 m d'une route) doit être analysé. En 2024, 44 sangliers ont été prélevés sur le terrain et analysés au LNR, ils étaient tous viro-négatifs.

Mycobacterium tuberculosis complex* : en saison de chasse, 1.047 carcasses ont été inspectées par l'équipe en 2024. Parmi celles-ci, 14 présentaient des lésions suspectes. Les résultats des qPCR MTC (*Mycobacterium tuberculosis complex*) se sont tous avérés négatifs à l'exception d'un échantillon prélevé sur un sanglier (positif *M. microti*). En surveillance passive, 30 cervidés (sur base de lésions suggestives) et 24 blaireaux (analyse systématique) ont été analysés. Tous les résultats des qPCR MTC étaient négatifs. Pour rappel, les sangliers trouvés morts ne peuvent pas être transférés à la FMV. Donc aucune qPCR MTC n'est réalisée sur ces carcasses, seules les analyses liées à la Peste Porcine africaine sont réalisées par le LNR. En conclusion, les analyses réalisées en 2024 n'ont pas permis de détecter la présence de *Mycobacterium bovis* chez des espèces sauvages (cerfs, chevreuils, sangliers et blaireaux). Cette surveillance sera maintenue en 2025.

***Mycobacterium avium paratuberculosis*°** : parmi les 30 cervidés analysés (sur base de lésions suggestives), 11 résultats étaient qPCR *Map* positifs. Concernant les autres espèces analysées, un sanglier a été détecté positif.

***Mycobacterium avium avium*°** : cette mycobactérie a été isolée sur 1 faucon crécerelle.

Virus de la maladie d'Aujeszky° : les prélèvements ont été réalisés sur sangliers abattus pendant la saison de chasse 2024 et 507 échantillons sanguins ont été testés (recherche d'anticorps dirigés contre ADV). La séroprévalence apparente globale était de 39,25 % (IC 95% : 35,00 – 43,50).

***Echinococcus multilocularis*°** : En 2024, 42 renards ont été autopsiés. 39 d'entre eux ont été analysés et 10 individus (25,64 %) étaient porteurs du parasite. Les dépouilles sont transmises au Service Faune sauvage sur base volontaire ou via les CREAVES. Comme en 2023, l'échantillonnage 2024 n'est pas représentatif de la population vulpine en Wallonie.

Influenza aviaire HP° : dans le cadre de la collaboration avec Sciensano (analyses sur oiseaux chassés), aucun cas positif d'influenza aviaire HP n'a été mis en évidence par le LNR en 2024.

Les résultats concernant les animaux morts dans les CREAVES sont présentés en annexe (6.2) ainsi que ceux relatifs aux animaux trouvés morts ou abattus pour raison sanitaire (6.3). En 2024, près de 80 rapports d'autopsie ont été transmis aux chasseurs ou aux cantonnements, certains d'entre eux sont également insérés en annexe (6.4).

Tableau 2 : Distribution des analyses moléculaires réalisées sur les mammifères en 2024.

	Artiodactyla							Carnivora							Chiroptera					Diprotodontia	Lagomorpha		Primates	Rodentia					Nb de cas positifs / Nb de cas analysés																																					
	Bison	Capra	Capreolus	Cervus	Dama	Ovis	Sus	Canis	Felis	Leptailurus	Martes	Meles	Procyon	Putorius	Vulpes	Eptesicus	Myotis	Nyctalus	Pipistrellus	Plecotus	Macropus	Lepus	Oryctolagus	Cebus	Castor	Dolichotis	Myocastor	Ondatra		Sciurus																																				
Adenovirus spp.	-	-	-	-	-	-	-	0/1	-	-	-	-	-	-	8/32	-	-	-	-	-	-	-	-	0/1	-	-	-	-	-	8/34																																				
Baylisascaris procyonis	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	*																																				
Bluetongue virus 3	0/3	1/1	1/260	125/257	1/1	4/6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	132/528																																				
Bruceella spp.	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3/36																																				
CDV (maladie de Carré)	-	-	-	-	-	-	-	0/1	0/1	-	0/1	-	-	-	3/32	-	-	-	-	-	-	-	-	0/1	-	-	-	-	-	3/36																																				
Corynebacterium ulcerans	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	18/293																																				
Echinococcus multilocularis	-	-	-	-	-	-	-	0/2	-	-	-	-	0/239	-	10/39	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1/1	7/12	-	18/293																																				
EBHS	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0/39																																				
Francisella tularensis	-	0/1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0/20	0/3	-	0/15	-	-	-	-	0/39																																				
Giardia spp.	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0/253	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0/15	-	0/5	2/23	-	2/296																																				
Herpesvirus spp.	-	0/1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0/1																																				
Influenza A	-	-	0/1	0/1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0/5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0/7																																				
Leptospira spp.	-	-	-	-	-	-	-	0/1	-	-	-	-	16/256	-	2/2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3/15	-	0/5	1/23	-	22/302																																			
Lyssavirus spp.	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0/6	0/9	0/8	0/5	0/87	0/8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0/123																																				
M. avium avium	-	0/2	0/21	0/12	0/1	0/1	0/9	-	-	-	-	0/23	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0/1	-	-	-	-	-	0/70																																				
M. avium silvaticum	-	0/2	0/21	0/12	0/1	0/1	0/9	-	-	-	-	0/23	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0/1	-	-	-	-	-	0/70																																				
M. avium hominissuis	-	0/2	0/21	0/12	0/1	0/1	0/9	-	-	-	-	0/23	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0/1	-	-	-	-	-	0/70																																				
M. avium paratuberculosis	-	0/2	3/21	8/12	0/1	0/1	1/9	-	-	-	-	0/23	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0/1	-	-	-	-	-	12/70																																				
M. tuberculosis complex	-	0/2	0/21	0/12	0/1	0/1	1/9	-	-	-	-	0/23	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0/1	-	-	-	-	-	1/70																																				
Pasteurella multocida	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-																																					
Poxvirus	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2/2	-	-	-	-	-	-	2/2																																				
RHDV-1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-																																					
RHDV-2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-																																					
Salmonella spp.	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-																																					
Toxoplasma gondii	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5/105	-	-	-	-	-	-	-	-	0/1	-	-	-	4/15	-	1/5	9/23	-	19/149																																			
Yersinia pseudotuberculosis	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1/2	-	-	-	-	-	-	-	1/2																																				
																																Nb d'analyses réalisées par espèce animale					3	13	366	318	6	11	45	5	1	0	1	115	853	0	116	9	8	5	87	8	1	22	5	7	60	0	16	81	0	220/2162
																																Nb d'animaux analysés					3	2	261	258	2	7	9	3	1	0	1	23	257	0	41	9	8	5	87	8	1	20	4	1	16	0	5	23	0	1055

* les résultats des analyses Baylisascaris 2024 seront regroupés et présentés avec ceux de 2025

Tableau 3a : Distribution des analyses moléculaires réalisées sur les oiseaux en 2024.

	Accipitriformes				Anseriformes			Apodiformes	Charadriiformes					Ciconiiformes	Columbiformes		Coraciiformes	Falconiformes	Galliformes		Gruiformes		
	Accipiter	Buteo	Milvus	Pernis	Anas	Anser	Cygnus	Apus	Burhinus	Chroicocephalus	Ichthyophaga	Larus	Scolopax	Ciconia	Columba	Streptopelia	Alcedo	Falco	Lyrurus	Phasianus	Fulica	Gallinula	Rallus
Flavivirus spp.	0/7	1/22	0/6	0/2	0/5	0/1	-	2/15	0/1	0/2	0/1	0/4	0/2	0/8	2/27	0/18	0/4	3/49	0/1	0/5	1/4	0/2	0/1
Francisella tularensis	0/1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Influenza A	-	0/2	-	-	0/1	-	-	-	0/1	-	0/1	-	-	0/2	0/2	-	-	0/2	-	1/3	-	-	-
M. avium avium	0/1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1/1	-	-	-	-	-
M. avium silvaticum	0/1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1/1	-	-	-	-	-
M. avium hominissuis	0/1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0/1	-	-	-	-	-
Poxvirus	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0/1	-	-	-	-	-	-	-	-
Suttonella ornithocola	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Trichomonas spp.	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Usutu	0/7	1/22	0/6	0/2	0/5	0/1	-	2/15	0/1	0/2	0/1	0/4	0/2	0/8	2/27	0/18	0/4	3/49	0/1	0/5	1/4	0/2	0/1
West Nile	0/7	0/22	0/6	0/2	0/5	0/1	-	0/15	0/1	0/2	0/1	0/4	0/2	0/8	0/27	0/18	0/4	0/49	0/1	0/5	0/4	0/2	0/1
Yersinia pseudotuberculosis	0/1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Nb d'analyses réalisées par espèce animale	26	68	18	6	16	3	0	45	4	6	4	12	6	26	84	54	12	152	3	18	12	6	3
Nb d'animaux analysés	7	22	6	2	5	1	0	15	1	2	1	4	2	8	27	18	4	49	1	5	4	2	1

Tableau 3b : Distribution des analyses moléculaires réalisées sur les oiseaux en 2024 (suite).

	Passeriformes																														Pélicaniformes		Piciformes		Podicipediformes	Strigiformes					Suliformes	Nb de cas positifs / Nb de cas analysés			
	Agathalos	Carduelis	Chloris	Coloeus	Corvus	Curruca	Cyanistes	Delichon	Erithacus	Fringilla	Garrulus	Hirundo	Linaria	Lophophanes	Motacilla	Parus	Passer	Phoenicurus	Phylloscopus	Pica	Poecile	Prunella	Pyrrhula	Regulus	Serinus	Spinus	Sturnus	Sylvia	Troglodytes	Turdus	Ardea	Dendrocopos	Dendrocyptes	Picus	Tachybaptus	Asio	Athene	Bubo	Strix	Tyto	Phalacrocorax				
Flavivirus spp.	0/1	2/6	0/3	1/21	1/39	0/1	4/12	1/9	0/10	0/5	5/11	1/6	0/6	0/1	1/2	0/14	4/23	0/2	0/3	0/23	0/1	0/9	1/4	1/5	0/1	0/1	2/22	2/4	2/10	47/117	1/19	3/22	0/1	2/15	0/1	0/8	1/6	0/10	0/7	1/22	0/1	92/671			
Francisella tularensis	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0/1		
Influenza A	-	0/1	-	0/1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0/1	0/1	-	0/1	0/1	-	-	-	-	-	-	0/3	0/1	0/1	-	0/3	-	-	-	-	-	0/1	-	1/29			
M. avium avium	-	-	-	0/1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0/1	0/1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1/5		
M. avium silvaticum	-	-	-	0/1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0/1	0/1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1/5		
M. avium hominissuis	-	-	-	0/1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0/1	0/1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0/5		
Poxvirus	-	-	-	0/2	-	-	-	-	-	-	-	0/1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0/2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0/6	
Suttonella ornithocola	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Trichomonas spp.	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Usutu	0/1	2/6	0/3	1/21	1/39	0/1	4/12	1/9	0/10	0/5	5/11	1/6	0/6	0/1	1/2	0/14	4/23	0/2	0/3	0/23	0/1	0/9	1/4	1/5	0/1	0/1	2/22	2/4	2/10	47/117	1/19	3/22	0/1	2/15	0/1	0/8	1/6	0/10	0/7	1/22	0/1	92/671			
West Nile	0/1	0/6	0/3	0/21	0/39	0/1	0/12	0/9	0/10	0/5	0/11	0/6	0/6	0/1	0/2	0/14	0/23	0/2	0/3	0/23	0/1	0/9	0/4	0/5	0/1	0/1	0/22	0/4	0/10	0/117	0/19	0/22	0/1	0/15	0/1	0/8	0/6	0/10	0/7	0/22	0/1	0/671			
Yersinia pseudotuberculosis	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0/1
Nb d'analyses réalisées par espèce animale	3	19	9	69	117	3	36	27	30	15	33	19	18	3	6	42	69	6	10	70	3	28	13	15	3	3	66	12	30	359	61	67	3	48	3	24	18	30	21	67	3	187/2065	Nb total de cas positifs / Nb total d'analyses réalisées		
Nb d'animaux analysés	1	6	3	21	39	1	12	9	10	5	11	7	6	1	2	14	23	2	3	23	1	9	4	5	1	1	22	4	10	117	19	22	1	15	1	8	6	10	7	22	1	672	Nb total d'animaux analysés		

Total mammifères et oiseaux:

1727 animaux analysés
4227 analyses réalisées
407 cas positifs détectés

1. Circulation du virus de la maladie d'Aujeszky chez les suidés sauvages

Etant donné l'impact économique important de la maladie d'Aujeszky pour le secteur porcin, les mesures d'éradication et la vaccination systématique en élevage ont fait en sorte que la plupart des pays de l'UE sont indemnes. La Belgique est officiellement indemne depuis 2011 et la vaccination des porcs est interdite. Aucun cas n'a été détecté dans les élevages porcins depuis cette date (source AFSCA).

Le virus (Aujeszky Disease Virus, ADV) circule néanmoins au sein des populations de sangliers en Wallonie et le risque de transmission du réservoir sauvage au porc domestique (population naïve non vaccinée) est non nul. En effet, si les contacts directs sangliers/porcs restent des événements rares, le virus peut aussi être transmis des sangliers aux porcs via des aérosols, par l'intermédiaire de personnes, de rongeurs et/ou du matériel contaminé (bottes, vêtements). Par conséquent, les mesures de biosécurité dans les élevages de porcs plein air doivent être drastiques. En France, des foyers d'Aujeszky ont été détectés dans des élevages de porcs plein air avec une source sauvage avérée. En Wallonie, le monitoring Aujeszky en faune sauvage a été interrompu en 2018 au moment de la crise de la peste porcine africaine. Depuis 2023, le Service Faune sauvage a relancé des analyses. Ce monitoring des sangliers est important afin de suivre la circulation du virus dans l'espace et dans le temps. Si un foyer porcin devait émerger, il serait intéressant d'isoler des souches virales afin de les tracer au niveau moléculaire.

Méthode

Le programme de surveillance a couvert 4 des 5 provinces de Wallonie et les prises de sang ont été réalisées par le Service Faune sauvage pendant la saison de chasse, d'octobre à décembre 2024. Sur 554 animaux échantillonnés, 507 échantillons sanguins ont été testés (recherche d'anticorps dirigés contre ADV).

Les animaux ont été classés par catégorie d'âge sur base du phénotype et de la dentition : marcassins : 0 à 6 mois, juvéniles : 6 à 12 mois, subadultes : 12 à 24 mois et adultes : >24 mois

Les critères de quantité et de qualité des sérums (pourcentage d'hémolyse) ont été notés. Un test ELISA (ELISA Ac de compétition – IDEXX PRV/ADV gB Ab – 99-09732) ciblant la glycoprotéine B du virus a été utilisé et les échantillons ont été analysés en duplicat. Les valeurs intrinsèques du kit ont été fournies par le fabricant (Se 100% et Sp 99,5%). Un sérum contrôle positif a systématiquement été inclus dans chaque plaque ELISA.

Résultats des analyses 2024

Les analyses statistiques (notamment effets année, province, estimation des densités, sexe et âge) seront réalisées sur l'ensemble des données (2015_2016_2017 et 2023_2024)

Aujeszky 2024 –Distribution des sangliers séropositifs par âge/sexe/localisation(nbre séropositifs / nbre analysés).

Critères		n positifs/ N analysés (%)	IC 95%
◇Age	Adultes	143/213 (67,14)	60,83-73,44
	Subadultes	38/110 (34,55)	25,66-43,43
	Juveniles	14/160 (8,75)	4,37-13,13
	Marcassins	1/18 (5,56)	0,00-16,14
	nd	3/6 (50,00)	na
□Sexe	Mâle	78/237 (32,91)	26,93-38,89
	Femelle	118/257 (45,91)	39,82-52,01
	nd	3/13 (23,08)	0,17-45,98
ΔLocalisation	Province de Hainaut	7/12 (58,33)	30,44-86,23
	Province de Liège	19/62 (30,65)	19,17-42,12
	Province de Luxembourg	145/348 (41,67)	36,49-46,85
	Province de Namur	28/85 (32,94)	22,95-42,93
TOTAL		199/507 (39,25)	35,00-43,50

*IC : Intervalle de confiance

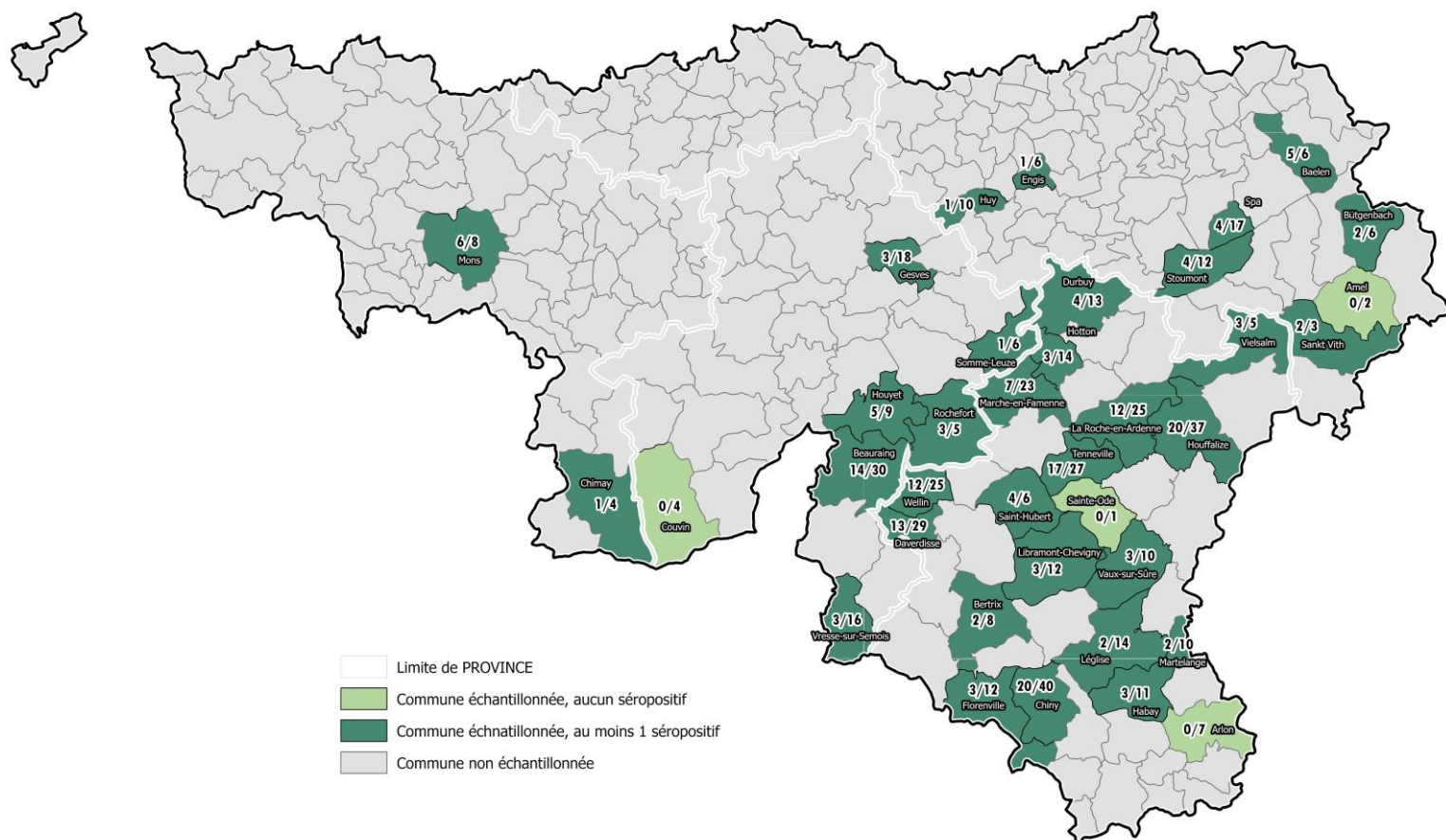
*nd : non déterminé

*na : non applicable

◇Adultes, >2 ans; subadultes, 12-24 mois; juveniles, 6-12 mois; marcassins <6 mois.

La séroprévalence apparente globale était de **30.91%** (IC 95% : 27.55 – 34.26) en 2015, **32.28%** (IC 95% : 28.86 – 35.70) en 2016 et **30.65%** (IC 95% : 26.87 – 34.43) en 2017. Les analyses Aujeszky ont été stoppées pendant les périodes de gestion de crise PPA. Elles ont repris en 2023 (**26,96 %** (IC 95% : 22,27 – 31,64) et en 2024 (**39,25 %** (IC 95% : 35,00 – 43, 50). Comme indiqué plus haut, les analyses statistiques seront réalisées sur l'ensemble des données (2015_2016_2017 et 2023_2024).

Figure 1.1 : Aujeszy 2024 – Résultats bruts - Distribution des sangliers séropositifs par commune (nbre séropositifs / nbre analysés).



Les porcs et sangliers sont les hôtes naturels du virus de la maladie d'Aujeszy. Celle-ci n'est pas transmissible à l'homme (sauf cas exceptionnels) mais certains hôtes accidentels, comme les carnivores et les ruminants, peuvent être infectés. Chez ces hôtes accidentels, le virus provoque une encéphalite mortelle.

En saison de chasse, les chiens risquent d'être infectés lors de contacts avec des sangliers susceptibles d'excréter le virus via, notamment, la salive, les sécrétions nasales et génitales. Chaque année, des cas mortels sont rapportés chez des chiens de chasse en Belgique et en France notamment. Il faut donc être particulièrement prudent avec les chiens mordants. Le chien peut également s'infecter en ingérant des abats de sangliers. Chez le chien, l'incubation dure 2 à 6 jours. Parmi les symptômes les plus fréquents (salivation, apathie, anorexie, tachypnée), on peut noter un prurit intense ; le chien infecté peut se gratter jusqu'à s'automutiler. D'autres signes moins fréquents sont décrits tels que rigidité de la nuque, vomissements, spasmes musculaires et agressivité. La mort survient dans 100 % des cas dans les 24 à 48 heures après l'apparition des premiers signes cliniques.

Maladie d'Aujeszky - Recommandations aux propriétaires de chiens de chasse

- limiter autant que possible les contacts entre les chiens et un sanglier blessé ;
- **ne jamais distribuer d'abats de sanglier aux chiens ;**
- la vaccination est recommandée mais la protection n'est pas de 100 %

Vaccination* : il faut consulter votre vétérinaire qui administrera uniquement un vaccin **inactivé**. Le vaccin Auskipra BK (vaccin inactivé adjuvé) peut être utilisé chez le chien. Les vaccins vivants atténués sont formellement interdits chez le chien car ils sont capables d'induire la maladie.

Auskipra BK - Protocole d'administration :

- 1 ml par voie sous-cutanée
- Primovaccination : deux injections à 3 semaines d'intervalle. La deuxième injection doit être réalisée au moins un mois avant la saison de chasse
- Rappel : tous les 6 mois

Il est important de souligner que ce vaccin n'est pas efficace à 100 % chez le chien. Par conséquent les mesures préventives restent indispensables : il ne faut jamais donner d'abats de sangliers même aux chiens vaccinés. Par ailleurs, en terme d'inocuité, ce vaccin peut provoquer des réactions secondaires et des réactions locales au site d'injection surtout chez des chiens de moins de 12 Kg.

2. Détection de salmonelles et séquençage de souches de corynébactéries chez le Hérisson d'Europe

Contexte

Outre les analyses sur gibier, le service Faune sauvage réalise également des analyses sur des animaux sauvages accueillis dans des centres de revalidation pour animaux sauvages. Au sein des mammifères, le Hérisson d'Europe (*Erinaceus europaeus*) est l'espèce la plus fréquemment admise dans ces centres. Les individus recueillis nécessitent souvent des soins prolongés, ce qui implique une exposition importante du personnel à des agents potentiellement zoonotiques. Parmi ceux-ci, les salmonelles, les leptospires et les corynébactéries sont des pathogènes régulièrement détectés chez les hérissons.

- Chez l'humain, la salmonellose (d'origine animale) provoque principalement des gastro-entérites, se traduisant par de la fièvre, de la diarrhée et des douleurs abdominales, qui se résolvent généralement en une semaine sans traitement spécifique. Toutefois, suite à une bactériémie, les salmonelles peuvent aussi entraîner des complications sévères, notamment des infections disséminées dans d'autres organes. Les personnes âgées, les jeunes enfants et les individus immunodéprimés sont particulièrement à risque. Le hérisson peut être porteur asymptomatique de salmonelles. Il peut néanmoins développer une salmonellose clinique, pathologie susceptible de compromettre la réussite de la réhabilitation et, par conséquent, la conservation de l'espèce. Cette problématique est d'autant plus préoccupante que le hérisson d'Europe est désormais classé « proche de la menace » par l'Union internationale pour la conservation de la nature (UICN).
- *Corynebacterium ulcerans*, l'une des bactéries responsables de la diphtérie chez l'homme, est depuis 2020 fréquemment détectée dans des plaies cutanées chez des hérissons en Belgique. L'ampleur du phénomène est telle que l'on parle désormais de « diphtérie du hérisson », bien que le rôle exact de cet agent dans l'apparition ou l'aggravation des lésions cutanées ne soit pas encore clairement établi.
- Enfin, les bactéries du genre *Leptospira* sont responsables de pathologies rénales graves chez l'homme. La transmission se fait surtout lors de baignades dans des eaux souillées par de l'urine de rongeurs mais le contact avec l'urine d'animaux porteurs est aussi une voie de transmission. Aux côtés des rongeurs, les hérissons sont identifiés comme l'une des principales espèces réservoirs de leptospires.

Ces éléments soulèvent des enjeux en matière de santé publique, principalement en ce qui concerne l'exposition des découvreurs et du personnel des centres CREAVES, mais aussi en matière de santé animale, compte tenu de l'impact de certains de ces agents sur le succès de la réhabilitation des hérissons.

La surveillance, initiée en 2020, a pour objectifs de détecter et de caractériser ces agents zoonotiques, afin de fournir des recommandations visant à protéger le personnel exposé et à améliorer la prise en charge des hérissons recueillis.

Pour répondre à ces enjeux, l'application de méthodes bactériologiques classiques (isolement, sérotypage et antibiogramme) est essentielle. Celles-ci doivent être complétées par des approches moléculaires :

- La mise au point de cibles PCR utilisables en routine pour permettre d'augmenter la sensibilité de détection
- Le séquençage génomique complet fournira notamment des informations sur les relations phylogénétiques, les facteurs de virulence et les résistances aux antibiotiques

Ci-dessous sont brièvement présentés les méthodes et les premiers résultats de l'étude menée en 2023-2024, visant à décrire les lésions et les causes probables de mortalité chez les hérissons d'Europe reçus en CREAVES. Au cours de cette étude, une recherche ciblée a été menée afin de mettre en évidence la présence de corynébactéries du complexe diphtérique, de salmonelles et de leptospires.

Méthode

Entre le printemps 2023 et le printemps 2024, les cadavres de 820 hérissons d'Europe (*Erinaceus europaeus*) décédés dans l'un des 11 centres CREAVES participant ont été collectés et autopsiés à la FMV. Des informations concernant le lieu et la date de découverte, la date de transfert en CREAVES, la date de mort ainsi qu'un bref descriptif de la cause de détresse et des soins apportés ont été recueillies pour la majorité des cas. Lors de l'autopsie, le sexe a été déterminé et l'âge estimé sur la base de la morphologie, de la dentition et de la date de mort. Trois classes d'âge ont ainsi été définies : nouveau-né, juvénile (période avant la première saison d'hibernation) et adulte.

Concernant la recherche de *Salmonella* sp., le foie, le contenu de l'intestin grêle ainsi que les lésions macroscopiques éventuelles ont systématiquement été mis en culture sur des milieux d'enrichissement spécifiques pour les salmonelles. Les isolats bactériens ont été identifiés sur base de leur morphologie coloniale, par méthode biochimique et par spectrométrie de masse. Enfin, le sérotypage et les tests de sensibilité aux antibiotiques ont été réalisés au laboratoire ARSIA asbl. Dans les cas où une souche de *Salmonella* sp. a été isolée à partir d'une ou de plusieurs lésion(s) caractéristiques et en l'absence de toute autre cause évidente de décès, un diagnostic de salmonellose a été posé.

En ce qui concerne *Corynebacterium ulcerans*, les lésions cutanées, les abcès sous-cutanés ainsi que les lésions macroscopiques éventuelles ont été systématiquement écouvillonnées, puis mis en culture sur gélose au sang et sur un milieu spécifique pour les corynébactéries.

Enfin, des prélèvements de poumon, foie, rate, contenu intestinal, reins, contenu vésical ainsi que de toutes les lésions macroscopiques ont été systématiquement collectés et conservés dans des tubes Eppendorf de 2 mL à -20 °C, en vue d'analyses moléculaires ultérieures, notamment pour la recherche de *Leptospira* spp. par PCR.

2.1. *Salmonella* sp.

Bactériologie

Le foie et le contenu de l'intestin grêle, ainsi que tout tissu présentant des lésions, ont été systématiquement prélevés. Les échantillons ont été directementensemencés dans un

bouillon d'eau peptone tamponnée (rapport V/V 1:10) et incubés en conditions aérobies à 37 °C pendant 16 à 20 h, puis un transfert au rapport 1:100 a été réalisé dans un bouillon sélectif Rappaport-Vassilidis, incubé à 42 °C pendant 24 h. Un ensemencement subséquent de 10 µL a été effectué sur une gélose Xylose-Lysine Désoxycholate (XLD) ainsi que sur une gélose Brilliant Green Phenol Red Lactose Sucrose (BPLS), incubées en aérobiose à 37 °C pendant 24 à 48 h.

Par ailleurs, tout tissu présentant des lésions a été examiné pour la présence de bactéries pathogènes aérobies par ensemencement sur gélose Columbia supplémentée de 5 % de sang de mouton et sur gélose MacConkey, incubées en conditions aérobies à 37 °C pendant 24 à 120 h.

Les isolats bactériens ont été identifiés sur la base de la morphologie des colonies. L'identification des salmonelles a été réalisée par tests d'agglutination sur lame à l'aide d'antisérums Salmonella Omni-O (groupes A à 60) (Bio-Rad Laboratories) et par spectrométrie de masse (MALDI-TOF MS ; Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization – Time Of Flight Mass Spectrometry).

Les isolats de *Salmonella* sp ont été conservés dans un bouillon Cœur-Cerveille (BHI ; Brain Heart Infusion) additionné de glycérol 80 % (rapport V/V 1:1) à –20 °C. Le sérotypage et les antibiogrammes ont ensuite été réalisés au laboratoire ARSIA asbl (Ciney, Belgique).

Résultats 2023-2024

Les analyses bactériologiques ont jusqu'à présent permis la détection de 277 salmonelles provenant de 180 des 820 hérissons (22%) (l'identification de souches suspectes est toujours en cours), avec une détection chez 65 des 548 adultes (11.9%), 108 des 243 juvéniles (44.4%) et 7 des 29 nouveau-nés (24.1%). Un sérotypage et un antibiogramme ont été réalisés sur les souches isolées de 123 hérissons. Dans tous les cas, il s'agissait du sérotype Enteritidis. Aucune résistance aux antibiotiques testés n'a été mise en évidence.

Tableau 2.1 : Antibiogrammes des 123 souches de *Salmonella* sp. isolées de hérissons

	<i>Salmonella</i> sp. <i>S. Enteritidis</i> (n=123)
Bêta-lactamine : céphalexine	Sensibles
Phénicolés: Florphénicol	Sensibles
Sulfamide: Triméthoprim-Sulfamide	Sensibles
Aminoside: Gentamicine	Sensibles
Aminoside: Kanamycine	Sensibles
Bêta lactamine: Amoxicilline	Sensibles
Bêta lactamine: Amoxicilline-Clavulanate	Sensibles
Cycline: Tétracycline	Sensibles
Polymyxine: Colistine	Sensibles
Bêta lactamine: Cefquinome	Sensibles
Bêta lactamine: Ceftiofur	Sensibles
Fluoroquinolone: Enrofloxacin	Sensibles
Fluoroquinolone: Marbofloxacin	Sensibles

Développement de tests moléculaires

Des souches de salmonelles ont été sélectionnées et feront prochainement l'objet d'un séquençage complet au centre de recherche biomédicale interdisciplinaire de l'ULiège (GIGA). L'objectif est de déterminer la présence éventuelle de gènes de résistance aux antibiotiques et de gènes de virulence. Une comparaison phylogénétique sera ensuite réalisée entre les souches de hérissons ainsi qu'avec les banques de données humaines et animales.

Afin d'augmenter la sensibilité de détection, une qPCR ciblant le gène *stn* codant pour l'entérotoxine est utilisable en complément des cultures bactériologiques. Les amorces et sondes (Integrated DNA Technologies) utilisées sont présentées ci-dessous.

Primer	Séquence (5' → 3')
stn-Fwd	5'-GCC ATG CTG TTC GAT GAT-3'
stn-Rev	5'-GTT ACC GAT AGC GGG AAA GG-3'
stn-P	5'-TTT TGC ACC ACM GCC AGC CC-3'

2.2. Corynébactéries du complexe diphtérique

Bactériologie

Les lésions cutanées et les abcès sous-cutanés ont été systématiquement écouvillonnés. De même, tout tissu présentant des lésions a été prélevé. Les échantillons ont été directement ensemencés sur gélose Columbia supplémentée de 5 % de sang de mouton ainsi que sur un milieu sélectif pour corynébactéries du complexe diphtérique (milieu de Hoyle). Les milieux ont été incubés en condition aérobie à 37°C durant 24 à 120 heures.

Les isolats bactériens ont été identifiés sur la base de la morphologie des colonies. L'identification des corynébactéries a été réalisée par spectrométrie de masse (MALDI-TOF MS ; Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization – Time Of Flight Mass Spectrometry).

Les isolats de corynébactéries du complexe diphtérique ont été mis en culture dans un bouillon Cœur-Cerveau (BHI ; Brain Heart Infusion) et conservé à -20°C après ajout de glycérol 80 % (rapport V/V 1:1).

Résultats 2023-2024

Concernant l'étude 2023-2024, les analyses bactériologiques ont jusqu'à présent permis la détection de 199 *Corynebacterium ulcerans* provenant de 143 hérissons (l'identification de souches suspectes est toujours en cours).

Développement de tests moléculaires

À partir des souches isolées lors de l'étude 2020-2021, 28 *Corynebacterium ulcerans* ont été séquencées (WGS ; Whole Genome Sequencing) dans le cadre d'une collaboration avec l'UZ Brussels. Les premiers résultats indiquent une grande diversité, comme cela a également été observé dans les études allemandes et flamandes.

2.3. Leptospires

Développement de tests moléculaires

Une qPCR ciblant le gène *Lepto 23S rRNA* est actuellement utilisée comme méthode de détection de première ligne. Ce gène constitue une cible de référence permettant la détection de toutes les espèces connues de *Leptospira*, y compris les souches saprophytes et non pathogènes.

Perspectives

En complément, les gènes *lipL32*, *ompL1* et *lipL41* sont des cibles décrites pour la détection des leptospires pathogènes, avec une bonne sensibilité. Toutefois, ces cibles ne permettent ni l'identification des souches à pathogénicité intermédiaire ou incertaine, ni la discrimination précise des espèces par séquençage.

À ce jour, il n'existe pas de consensus quant à la méthode moléculaire à utiliser pour déterminer simultanément l'espèce, le sérotype et le sérovar de leptospires.

Différentes approches existent néanmoins :

L'analyse de housekeeping genes (*secY*, *lfb1*, 16S rRNA, etc.) permet une identification fiable au niveau de l'espèce et une caractérisation phylogénétique, mais ne renseigne pas sur le sérovar qui est déterminé par les antigènes LPS-O (lipopolysaccharides-O).

En revanche, l'analyse du cluster *rfb*, qui code les enzymes impliquées dans la biosynthèse du LPS, représente une approche prometteuse pour la caractérisation moléculaire des sérovares. Les signatures génétiques de ce locus pourraient à terme constituer une méthode de référence pour le typage des leptospires, en remplacement progressif des techniques sérologiques traditionnelles (Giraud-Gatineau *et al.*, 2025).

3. Cadre de l’AHL et détection d’agents pathogènes émergents et présents en Wallonie

Selon la définition du Code terrestre de l’OMSA, une maladie émergente désigne « une nouvelle apparition, chez un animal, d’une maladie, d’une infection ou d’une infestation ayant des répercussions significatives sur la santé animale ou humaine et résultant (a) de la modification d’un agent pathogène connu ou de sa propagation à une nouvelle aire géographique ou à une nouvelle espèce, ou (b) d’un agent pathogène non identifié antérieurement ou d’une maladie diagnostiquée pour la première fois ». Ainsi, on parle d’émergence pour une maladie véritablement nouvelle mais aussi d’émergence lorsqu’une maladie déjà connue ailleurs surgit dans une zone auparavant indemne (maladie exotique).

L’objectif est de détecter ces émergences le plus rapidement possible en faune sauvage et de mettre en œuvre des mesures de lutte s’il a été déterminé que cette émergence pouvait avoir un impact sur la faune sauvage, les animaux domestiques et/ou la santé humaine.

Pour remplir cet objectif, le Service Faune sauvage utilise deux méthodes : des analyses ciblées, sur gibier présumé sain, abattu en période de chasse et des analyses sur animaux trouvés morts ou achevés pour raisons de santé. Ces deux méthodes et les analyses moléculaires qui en découlent permettent de mettre en évidence d’éventuels nouveaux pathogènes (volet « maladies émergentes ») mais également des agents déjà présents en faune sauvage (volet « veille sanitaire »). Les résultats sont présentés ci-dessous par agent pathogène.

3.1. Mycobactéries

3.1.1. *Mycobacterium avium paratuberculosis*

Contexte

La paratuberculose est une maladie chronique, causée par *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* (*Map*), qui concerne essentiellement les ruminants et qui est responsable de pertes économiques importantes en spéculation bovine. Cette maladie est aussi connue chez les cervidés sauvages ou élevés en captivité. Des bovins peuvent, de manière indirecte, infecter des cervidés et inversement. Néanmoins, chez les bovins, les veaux s’infectent dès les premiers mois de vie (fenêtre de réceptivité maximale avant 8 semaines et infection possible jusqu’à 6 mois, les adultes étant beaucoup plus résistants à l’infection). Donc le premier facteur de risque pour un jeune veau, c’est le contact avec sa mère infectée (ingestion de colostrum/lait) et d’autres bovins. La faune sauvage ne doit pas être considérée comme le premier facteur de risque. Chez les cervidés, l’évolution est plus rapide que ce qui est décrit chez les bovins. Brièvement, la paratuberculose concerne aussi bien les jeunes cerfs que les adultes. Des individus juvéniles (moins d’un an) et subadultes (moins de deux ans) sont susceptibles de développer une paratuberculose clinique et d’en mourir avant l’âge adulte. En conditions naturelles, les cervidés sauvages atteints de paratuberculose peuvent être retrouvés morts dans un état de cachexie extrême et souvent polyparasités. Les lésions macroscopiques les plus fréquemment observées consistent en une adénomégalie mésentérique avec, parfois, des foyers de nécrose de liquéfaction ou de caséification. Les lésions d’entérite chronique peuvent être discrètes avec un épaississement de la sous-

muqueuse parfois à peine perceptible sur un court segment de l'intestin grêle. Le tableau lésionnel est très variable même chez des animaux détectés *a posteriori* positifs en culture (Mackintosh et Griffin, 2010).

La voie féco-orale (contamination de l'alimentation par les matières fécales - mécanisme horizontal de transmission d'un animal à un autre) et la voie pseudo-verticale (mamelles des mères souillées par les matières fécales - transmission au petit lors de la tétée) sont des voies majeures de transmission de la bactérie. Cependant, des études ont démontré que la voie intra-utérine est plus fréquente chez les cervidés que chez les petits ruminants. La symptomatologie est d'ailleurs plus précoce chez les faons (avec une évolution rapide et des mortalités dès les premiers mois de vie) que chez les veaux (rarement avant 12 mois d'âge, la maladie est plus chronique chez les bovins et se déclare généralement entre 2 et 7 ans) (Thompson *et al.*, 2007).

Outils de diagnostic

L'extraction de l'ADN total des différentes matrices considérées (matières fécales et/ou tissus) est réalisée à l'aide du kit Nucleospin® DNA stool ou TANBead Optipure Viral (TANBead). L'ADN extrait est ensuite soumis à une PCR en temps réel, réalisée sous TaqMan, en duplex pour la présence des loci IS900 et F57, cibles utilisées pour l'identification de *Mycobacterium avium* spp. *paratuberculosis* (Irenge *et al.*, 2009). De plus, une qPCR β -Actine spécifique est réalisée en parallèle afin de contrôler la qualité de l'ADN extrait ainsi que de la qualité du signal obtenu pour *MAP*. Les amorces et sondes (Integrated DNA Technologies) utilisées sont décrites ci-dessous.

Primer	Séquence (5' → 3')
IS900-Fwd	5'-TGC TGA TCG CCT TGC TCA-3'
IS900-Rev	5'-GGG CCT GAT CGG CGA TGA T-3'
IS900-P	5'-CCG GGC AGC GGC TGC TTT ATA TTC-3'
F57-Fwd	5'-TTC ATC GAT ACC CAA ACT CAG AGA-3'
F57-Rev	5'-GTT CGC CGC TTG AAT GGT-3'
F57-P	5'-TGC CAG CCG CCC ACT CGT G-3'

Le mix PCR (20 μ l) comprend 1X qPCRBIO Probe Mix Hi-ROX (Nippon Genetics), les amorces (0,375 μ M), sondes (0,25 μ M) et $\leq$ 100 ng d'ADN génomique extrait. Les conditions d'amplification sont en trois étapes : une première dénaturation de 3 minutes à 95°C suivie de 40 cycles composés d'un passage de 5 secondes à 95°C et d'une étape de 20 secondes à 60°C. Les analyses sont réalisées sur QuantStudio 1 (Applied Biosystems).

Analyses *Map* réalisées en 2024

En 2024, 32 cervidés ont été analysés. Les analyses étaient réalisées si des lésions suggestives étaient détectées soit sur cervidés trouvés morts ou abattus pour raisons sanitaires soit sur cervidés présumés sains abattus à la chasse. Parmi les 32 cervidés analysés, 11 étaient qPCR *Map* positifs (8 cerfs élaphe et 3 chevreuils). Pour information, un sanglier abattu à la chasse et présentant un abcès pulmonaire a été détecté qPCR *Map* positif (dans le cadre du contrôle WildTub).

Tableau 3.1.1 : Cas positifs de *Mycobacterium avium subsp. paratuberculosis* mis en évidence au cours de l'année 2024 par qPCR (n = 11).

Référence	Genre	Lieu de tir/découverte (Commune – CP)	Date de tir/découverte
Animaux trouvés morts			
W24-011	Cervus	Samrée (La Roche – 6982)	28/01/24
W24-033	Cervus	Montleban (Gouvvy – 6674)	11/02/24
W24-053	Cervus	Saint-Médard (Herbeumont – 6887)	24/02/24
W24-1016	Capreolus	Manderfeld (Bullange – 4760)	14/09/24
W24-1036	Capreolus	Houffalize (6661)	17/11/24
Achèvements sanitaires			
W24-1038	Cervus	Grand Bru (Durbuy – 6941)	23/11/24
W24-1111	Cervus	Sohier (Wellin – 6920)	17/12/24
W24-1112	Cervus	Odeigne (Manhay – 6960)	19/12/24
W24-1300	Capreolus	Nothomb (Attert – 6717)	04/09/24
Animaux prélevés sur les chasses			
C24-039	Cervus	Anlier (Léglise – 6860)	01/11/24
C24-182	Cervus	Bois-Saint-Jean (La Roche – 6982)	10/12/24

3.1.2. *Mycobacterium avium* spp. *avium* et *Mycobacterium avium* spp. *hominissuis*

Contexte

La tuberculose aviaire (*Mycobacterium avium* spp. *avium*, *Maa*) est une zoonose affectant à la fois les oiseaux, les mammifères et, de manière opportuniste, les humains immunodéprimés. Les voies d'entrée sont digestives et respiratoires. Les manifestations cliniques incluent l'émaciation, la diarrhée, ainsi que la formation de granulomes caséux, avec des calcifications possibles dans le foie, la rate, les intestins, et la moelle osseuse. Cette bactérie intracellulaire peut persister dans l'organisme très longtemps, rendant l'éradication difficile en raison du portage chronique et de l'excrétion continue.

Chez les cervidés, l'infection par *Maa* provoque des lésions purulentes ou granulomateuses dans les ganglions lymphatiques rétropharyngés et mésentériques. Ces lésions sont similaires, d'un point de vue macroscopique et histologique, à celles causées par *Mycobacterium bovis*. Une autre mycobactérie, *Mycobacterium avium* spp. *hominissuis* (*Mah*) est un pathogène ubiquitaire et opportuniste, principalement observé chez des humains immunodéprimés ou présentant des maladies pulmonaires préexistantes.

Outils de diagnostic

L'ADN extrait des échantillons est soumis à une PCR en temps réel (TaqMan) pour détecter les loci IS901 et IS1245, ce qui permet de différencier *Mycobacterium avium* spp. *avium* (IS901+ et IS1245+) de *Mycobacterium avium* spp. *hominissuis* (IS901- et IS1245+) (Slana et al. 2010). Un contrôle interne endogène ciblant la β -actine est intégré dans la qPCR.

Primer	Séquence (5'→ 3')
IS901-Fwd	5'-GTG ATC AAG CAC CTT CGG AA-3'
IS901-Rev	5'-GCT GCG AGT AGC TTG ATG AG-3'
IS901-P	5'-AAC AAC ATC GAC ACG ATC GCC GAC AA-3'
IS1245-Fwd	5'-CCG GAT CTG CAA AGA CCT C-3'
IS1245-Rev	5'-CGA CAC CAC CCG ATG ATT C-3'
IS1245-P	5'-CCG TTG GGT TAT CAG CGC TTT C-3'

Le mix PCR (20 µl) comprend 1X qPCRBIO Probe Mix Hi-ROX (Nippon Genetics), des amorces (0,375 µM), sondes (0,25 µM) et ≤ 100 ng d'ADN génomique extrait. Les conditions d'amplification sont en trois étapes : une première étape de dénaturation de 3 minutes à 95°C suivie de 40 cycles composés d'un passage de 5 secondes à 95°C et d'une étape de 20 secondes à 60°C. Les analyses sont réalisées sur QuantStudio 1 (Applied Biosystems).

Analyses *Maa/Mah* réalisées en 2024

Au total, 63 animaux ont été analysés par qPCR en 2024. Parmi ces analyses, 1 résultat était positif pour *Maa* et concernait un faucon crécerelle.

Tableau 3.1.2 : Cas positifs *Mycobacterium avium subsp. avium* mis en évidence au cours de l'année 2024 par qPCR (n = 1).

Référence	Genre	Lieu de tir/découverte (Commune – CP)	Date de tir/découverte
Animaux de CREAVES			
W24-671	Falco	La Roche-en-Ardenne (6980)	13/07/24

3.1.3. *Mycobacterium bovis* et autres mycobactéries du complexe *Mycobacterium tuberculosis*

Sur base du niveau de surveillance mis en place en Wallonie, la tuberculose bovine n'a, jusqu'à présent, pas été détectée en faune sauvage non captive. La situation sanitaire (en Belgique et dans les pays voisins) impose de classer *M. bovis* et autres MTC dans la liste prioritaire des pathogènes potentiellement émergents à rechercher. Il s'agit d'une maladie à déclaration obligatoire en Belgique et classée 'D + E' (ruminants sauvages et suidés) et 'E' (blaireaux) dans l'AHL. Pour les cervidés et suidés prélevés en période de chasse ou trouvés morts, toute lésion suggestive est soumise à une analyse moléculaire. Pour les blaireaux (notamment les accidentés sur les routes), les analyses moléculaires sont systématiquement réalisées. Tout résultat positif avec la qPCR de première ligne est automatiquement transmis au LNR (Sciensano).

Les analyses réalisées en 2024 dans le cadre du suivi WildTub sont détaillées en annexe 1.

3.2. Virus de la Fièvre catarrhale ovine (BTV-3)

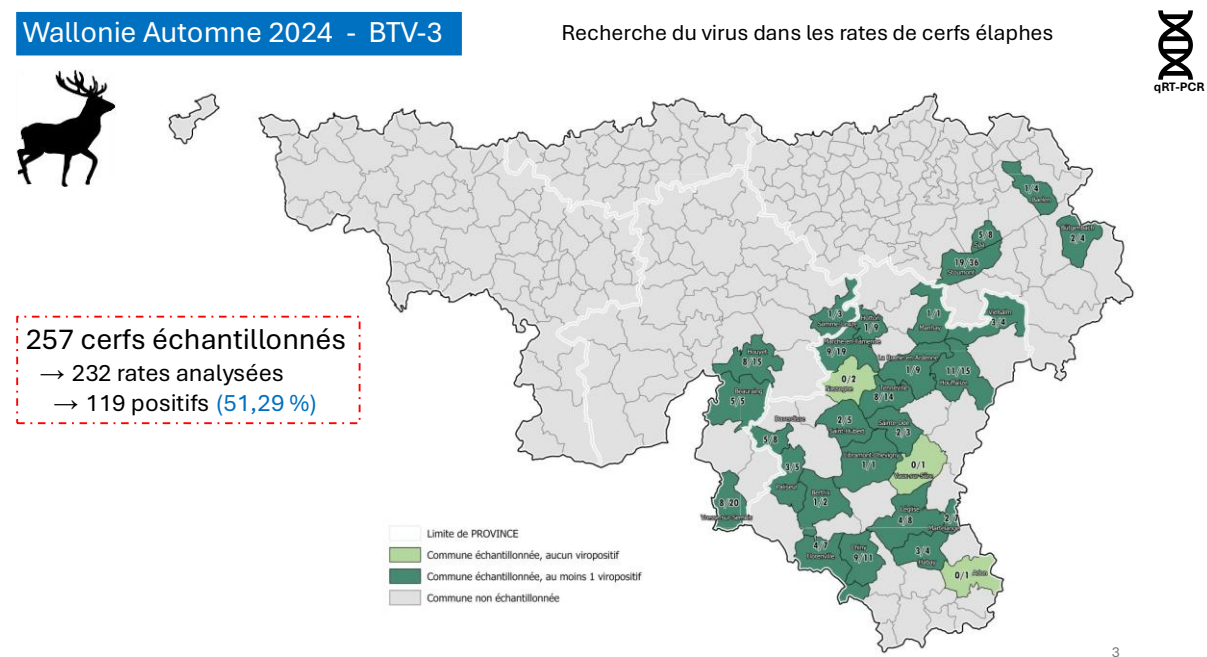
La Fièvre catarrhale ovine (FCO ou maladie de la langue bleue ou Bluetongue) est une maladie virale, à transmission vectorielle (via des moucheron du genre *Culicoides*), non contagieuse et qui touche les ruminants domestiques et sauvages. Ce virus n'est pas transmissible à l'homme et n'a pas d'incidence sur la qualité des denrées alimentaires (lait, viande) issues d'animaux infectés. Le virus responsable est un Orbivirus de la famille des Sedoreoviridae. Jusqu'à présent, plus de 30 sérotypes différents ont été identifiés et il n'y a pas de protection croisée. Le pouvoir pathogène varie considérablement d'un sérotype à l'autre. Le sérotype 3 (Blue Tongue Virus sérotype 3, BTV-3) qui circule actuellement dans nos contrées (première détection aux Pays-Bas en automne 2023) est particulièrement virulent pour les ruminants domestiques. En 2024, les pertes, directes et indirectes, ont été sévères dans les élevages ovins et bovins. C'est la raison pour laquelle la vaccination des ruminants domestiques est obligatoire en 2025 : les bovins devront être vaccinés contre le BTV-3, le BTV-8 et l'EHDV (virus de la maladie hémorragique épizootique) et les ovins contre le BTV-3 et le BTV-8.

Concernant les ruminants sauvages, peu de données sont disponibles concernant l'impact de ce virus sur les populations. Le Service Faune sauvage a mené une étude sur la circulation du BTV-3 au sein des populations sauvages. Les prélèvements ont été réalisés en automne 2024 et les analyses réalisées en janvier 2025. L'objectif du projet était (1) d'étudier la circulation de ce sérotype au sein des populations de ruminants en Wallonie et (2) de vérifier si des événements de mortalité pouvaient être mis en relation avec la présence de ce sérotype.

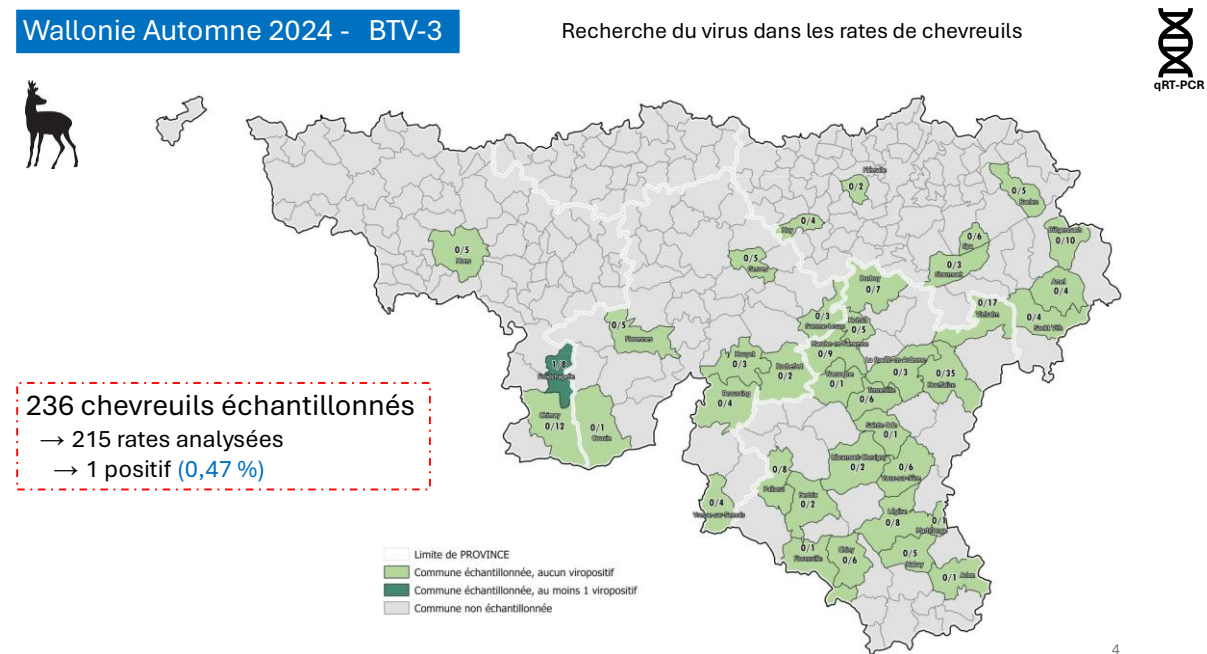
En surveillance active (analyses sur animaux présumés sains en période de chasse), l'équipe a collecté 447 rates (232 de cerfs élaphe et 215 de chevreuils) en automne 2024. Une RT-qPCR a été réalisée en duplicat pour une détection qualitative de l'ARN du BTV-3.

Parmi les échantillons de cerfs élaphe, 119 des 232 rates étaient viro-positives (51,3 %) tandis qu'un seul échantillon de chevreuil était viro-positif sur les 215 analysés (0,47 %).

Les résultats concernant les cerfs et chevreuils sont présentés ci-dessous par commune.



3



4

En analysant les résultats en fonction de l'âge, du sexe et de la localisation, on peut observer que les cerfs élaphe ont été infectés quel que soit leur âge, leur sexe et leur province d'origine.

Ces résultats sont détaillés dans les 2 tableaux ci-après :



Cerf élaphe

Facteurs	n positifs/ N analysés (%)	IC 95%
Age		
Adultes	61/116 (52,59)	43,50-61,67
Subadultes	10/25 (40)	20,80-59,20
Juveniles	48/90 (53,33)	43,03-63,64
nd	0/1 (0,00)	na
Sexe		
Mâle	53/101 (52,48)	42,74-62,21
Femelle	66/130 (50,77)	42,18-59,36
nd	0/1 (0,00)	na
Localisation		
Province de Liège	27/53 (50,94)	37,48-64,40
Province de Luxembourg	70/136 (51,47)	43,07-59,87
Province de Namur	22/43 (51,16)	36,22-66,10
Temporalité		
Octobre	16/33 (48,48)	31,43-65,54
Novembre	63/107 (58,88)	49,56-68,20
Décembre	40/92 (43,48)	33,35-53,61
TOTAL	119/232 (51,29)	44,86-57,72

*IC : Intervalle de confiance

*nd : non déterminé

*na : non applicable

Adultes : >2 ans; subadultes : 1-2 ans; juveniles : <1 an.

-257 cerfs échantillonnés
-232 rates analysées
-119 positifs

Chevreuil

Facteurs	n positifs/ N analysés (%)	IC 95%
Age		
Adultes	0/159 (0,00)	na
Subadultes	0/37 (0,00)	na
Juveniles	1/19 (5,26)	0,00-15,3
Sexe		
Mâle	1/103 (0,97)	0,00-2,86
Femelle	0/111 (0,00)	na
nd	0/1 (0,00)	na
Localisation		
Province de Hainaut	1/23 (4,35)	0,00-12,68
Province de Liège	0/38 (0,00)	na
Province de Luxembourg	0/127 (0,00)	na
Province de Namur	0/27 (0,00)	na
Temporalité		
Octobre	0/22 (0,00)	na
Novembre	1/93 (1,08)	0,00-3,17
Décembre	0/100 (0,00)	na
TOTAL	1/215 (0,47)	0,00-1,37

*IC : Intervalle de confiance

*nd : non déterminé

*na : non applicable

Adultes : >1 an; subadultes : 6-12 mois; juveniles : <6 mois.

-236 chevreuls échantillonnés
-215 rates analysées
-1 positif

Toujours en surveillance active, l'enquête sérologique a révélé que 83,7 % des cerfs et 5,8 % des chevreuls étaient séro-positifs. La présence d'anticorps indique que l'animal a été infecté par le virus même si, au moment du prélèvement, il n'est plus nécessairement porteur du virus (viro-positif).

En surveillance passive (analyses sur animaux trouvés morts ou prélevés pour raisons sanitaires), 25 cerfs élaphe ont été soumis à une recherche BTV-3 en 2024. Parmi ceux-ci, 6 ont été détectés viro-positifs. Les causes de la mort étaient, soit traumatiques, soit infectieuses ou parasitaires mais aucun élément n'a permis de mettre en évidence une relation de cause à effet entre les lésions observées et la présence du virus. De plus, 45 chevreuls ont été reçus en autopsie en 2024, aucun d'entre eux n'était viro-positif.

Ainsi en Wallonie, les populations de cerfs élaphe ont été, comme les ovins et bovins, piquées par des culicoïdes et largement infectées par le BTV-3 en 2024. Mais sur base des observations réalisées sur les chasses, aucune lésion BTV-3 compatible n'a été mise en évidence sur ces animaux infectés. De plus, aucun événement de mortalité n'a été détecté au sein de cette espèce en 2024. Les résultats sur les chevreuls sont intéressants puisqu'un seul chevreuil (sur 215 individus) était viro-positif alors qu'ils ont été prélevés sur les mêmes territoires que les cerfs élaphe. De même, si plus de 80 % des cerfs présentent des anticorps, seuls 5,8 % des chevreuls en possèdent, ils ont donc été beaucoup moins piqués et infectés que les cerfs élaphe. Une hypothèse serait que le mode de vie des cerfs, en harde, les expose plus aux nuées de culicoïdes que les chevreuls. Des différences similaires (cerf versus chevreuil) avaient été mis en évidence en 2006-2007 lorsque la Belgique avait été touchée par un autre sérotype (BTV-8).

Pour évaluer un effet sur les performances de reproduction des cerfs, depuis la mi-novembre 2024 c'est-à-dire la période à partir de laquelle les embryons sont facilement détectables, les équipes du DEMNA et de l'ULiège ont réalisé des examens d'utérus sur 34 biches et 7 bichettes provenant de 8 territoires différents ; à ces données s'ajoutent 3 biches et 1 bichette qui ont été examinées par les chasseurs de 4 territoires supplémentaires principalement en janvier

2025. Sur ces 45 individus examinés, des taux de gestation de 92% (34/37) et de 88% (7/8) ont été obtenus pour les biches et bichettes respectivement. Des études antérieures ont montré que le taux de fertilité des biches adultes est assez stable d'une année à l'autre, de 95 à 99 %, tandis que celui des bichettes varie en fonction des biotopes. Sur base des résultats actuels, les performances de reproduction de l'espèce Cerf ne semblent pas être impactées par l'épizootie de BTV-3.

Nous remercions les chasseurs pour leur collaboration dans la collecte des données.

En automne 2025, l'équipe contrôlera systématiquement (visuellement à partir de mi-novembre) l'état de gestation des biches et bichettes prélevées sur les territoires de chasse.

3.3. Virus de la maladie hémorragique épizootique

La MHE est une maladie à transmission vectorielle, non zoonotique, qui concerne les ruminants domestiques et sauvages. Aux Etats-Unis, le Cerf de Virginie (*Odocoileus virginianus*) est l'espèce la plus gravement touchée, la forme suraiguë présentant un taux de létalité élevé. La MHE circule dans des élevages bovins au Maghreb, depuis 2006. De nombreux foyers bovins puis des cas de MHE sur cerfs élaphe captifs et quelques cas sauvages (cerf élaphe et chevreuil) ont été détectés pour la première fois en Europe en 2022 en Italie puis en Espagne. Il a été démontré que l'origine du virus détecté en Europe était nord-africaine (sérotypage 8). En septembre 2023, des foyers bovins ont été détectés en France (Pyrénées-Atlantiques et Hautes-Pyrénées). Tout en étant une maladie saisonnière influencée par la biologie du vecteur, la rapidité de dispersion du virus est impressionnante. Sur une période de 10 mois, le virus s'est répandu du sud au nord de l'Espagne (soit plus 800 km depuis le premier foyer détecté en Andalousie en novembre 2022). En juin 2024, le signalement le plus septentrional se trouvait dans le département du Morbihan, en Bretagne, à quelques 600 km de la Belgique (source AFSCA). La MHE est une maladie à déclaration obligatoire en Belgique et elle est catégorisée 'D+E' pour les ruminants sauvages dans l'AHL, ce qui implique une stratégie de surveillance. Il s'agit d'une menace émergente qui impacte déjà les élevages de bovins en France mais très peu de données sont disponibles en ce qui concerne la situation chez les cervidés captifs ou sauvages. Un vaccin contre la MHE a obtenu une autorisation temporaire d'utilisation (ATU) en France en août 2024 et un programme de vaccination a été lancé dans les élevages bovins pour ralentir la progression de la maladie.

Objectifs

Etant donné la progression rapide de la maladie dans les élevages bovins en France notamment, l'objectif est de détecter le plus précocement possible, par des approches directe et indirecte, le virus de la MHE (EHDV) au sein des populations de cervidés sauvages en Wallonie.

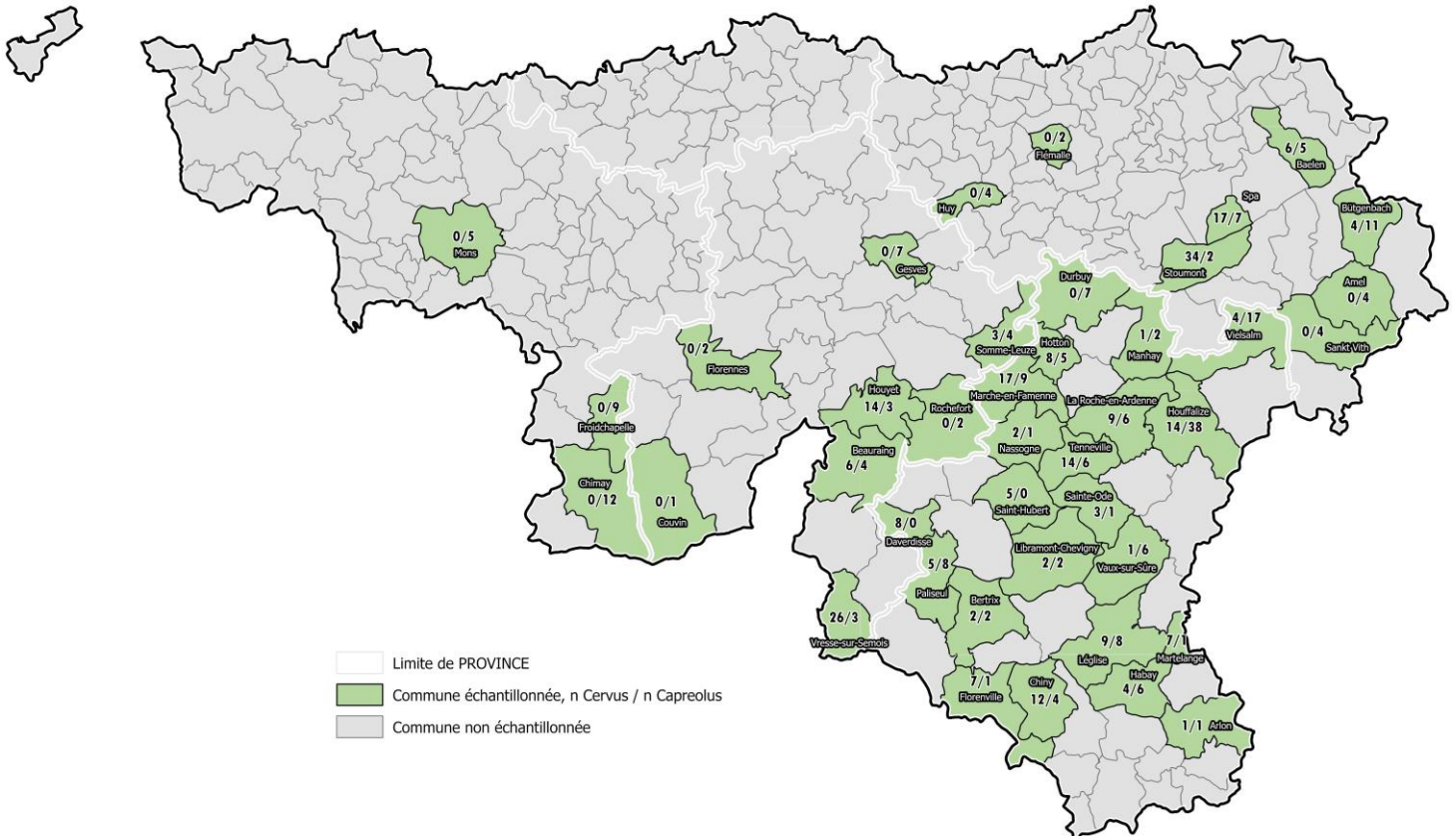
Méthode

Lors de la saison de chasse 2024, 473 échantillons sanguins ont été prélevés sur des animaux présumés sains (245 cerfs, 222 chevreuils, 1 daim et 5 mouflons) et sur différents territoires de chasse. Après centrifugation les sérums ont été testés pour détecter la présence d'anticorps anti-EHDV. Les critères de quantité et de qualité des sérums (pourcentage d'hémolyse) ont été notés. Un ELISA de compétition pour la détection des anticorps dirigés contre la protéine VP7 du EHDV (Innovative Diagnostics, référence EHDVC-5P) a été réalisé en duplicat. Les valeurs intrinsèques du kit ont été fournies par le fabricant (Se 99,8% et Sp 100%). Un sérum contrôle positif a systématiquement été inclus sur chaque plaque ELISA.

Résultats des analyses 2024

En 2024, tous les sérums testés pour détecter la présence d'anticorps anti-EHDV se sont révélés négatifs. Il est difficile d'anticiper la propagation de la MHE mais pour traquer une éventuelle émergence, l'étude sérologique sera maintenue en automne 2025. En surveillance passive, aucun cervidé sauvage autopsié en 2024 n'a présenté de lésions suggestives justifiant une recherche directe du EHDV. Et aucun évènement de mortalité anormal n'a été notifié dans ces populations en Wallonie.

Figure 3.3 : Répartition géographique des ruminants sauvages prélevés en Wallonie et testés pour détecter la présence d'anticorps anti EHDV en 2024.



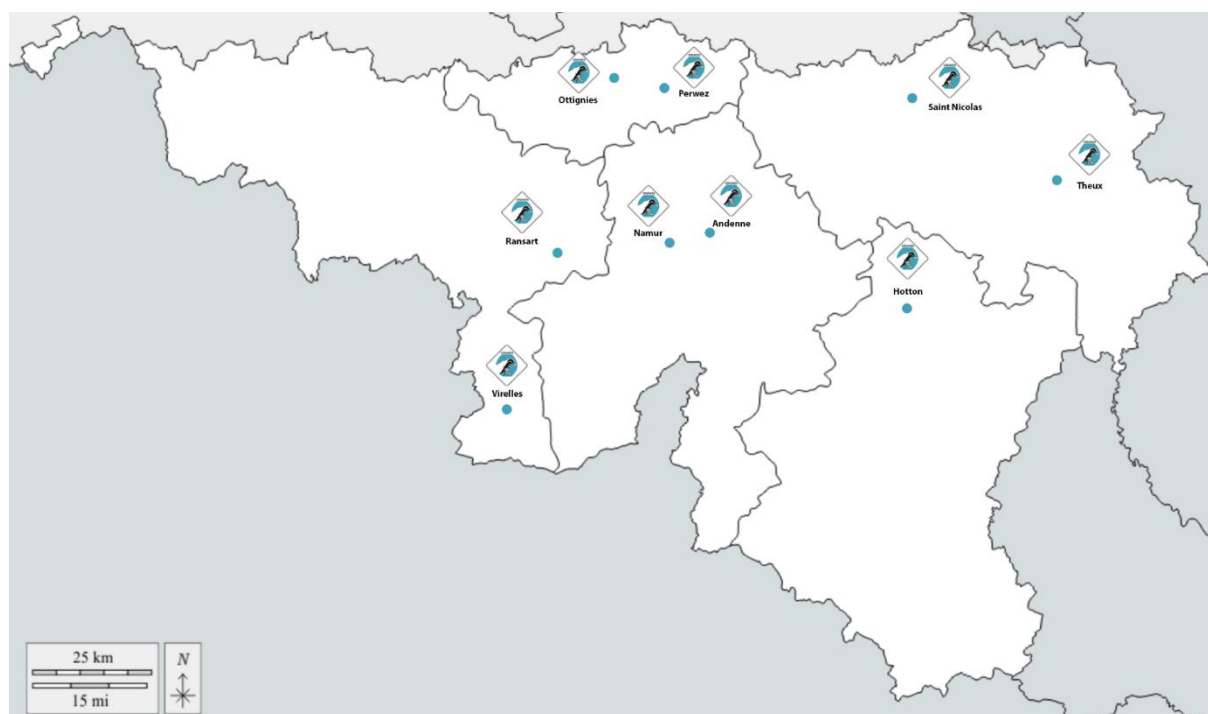
3.4. *Flaviviridae*

Les virus *Usutu* (USUV) et *West Nile* (WNV), appartenant au genre *Orthoflavivirus*, sont des arbovirus émergents en Europe. Ces virus font partie de la famille des *Flaviviridae*, qui comprend plusieurs agents à haute importance zoonotique, tels que le virus responsable de la dengue et le virus Zika.

Ces deux virus sont transmis principalement par des moustiques du genre *Culex*, en particulier *Culex pipiens*, largement répandu en Europe. Ces moustiques agissent comme vecteurs biologiques, acquérant le virus en se nourrissant sur des oiseaux infectés, puis le transmettant à d'autres hôtes lors de piqûres ultérieures. Les oiseaux jouent un rôle central en tant que réservoirs amplificateurs dans le cycle de transmission, tandis que l'être humain et les autres mammifères, tels que les chevaux, sont considérés comme des hôtes accidentels.

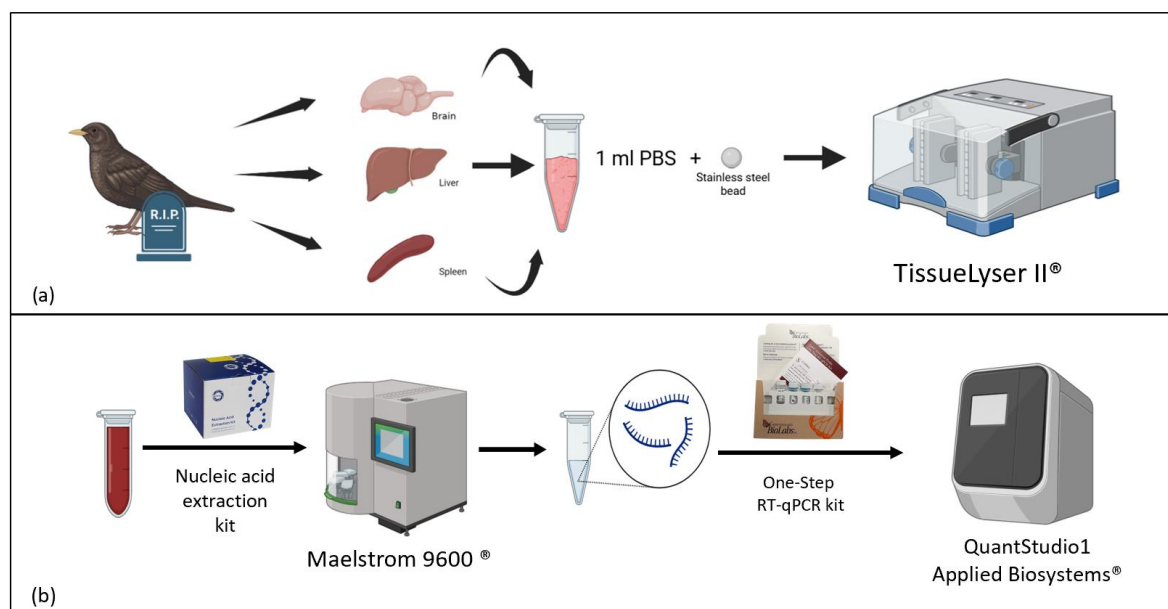
Un programme de surveillance passive de l'avifaune a été mis en place en Wallonie depuis 2023 afin de monitorer la circulation de ces virus. Depuis le début de l'étude, 1 274 carcasses d'oiseaux, en provenance de 9 centres de revalidation, ont été examinées. Pour l'année 2024, 672 oiseaux ont été autopsiés, dont 645 spécimens provenant majoritairement des CREAVES, et 27 collectés par les agents du DNF.

Figure 3.4.1 : Localisation des CREAVES collaborant avec le projet de surveillance de flavivirus dans l'avifaune en Wallonie.



La quasi-totalité des oiseaux a été conservée à -20 °C avant de faire l'objet d'une autopsie systématique. Après une description macroscopique des lésions visibles, un prélèvement est réalisé sous forme de pool de tissus (système nerveux central, foie et rate). Ces échantillons sont ensuite analysés par RT-qPCR afin de détecter la présence du virus USUV ou du WNV. La figure ci-après illustre le protocole d'analyse moléculaire utilisé.

Figure 3.4.2 : Protocole de diagnostic moléculaire.



- (a) Collecte des organes cibles (système nerveux central, foie et rate), suivie d'une homogénéisation des tissus à l'aide du robot TissueLyser II® afin de libérer les acides nucléiques.
- (b) Extraction des acides nucléiques à l'aide de l'automate Maelstrom 9600 Automated DNA/RNA Purification Platform®, en utilisant le kit TANBead® dédié à l'extraction d'ADN/ARN, suivie d'une analyse par RT-qPCR pour la détection des génomes viraux.

Résultats des analyses 2024

Parmi les 672 oiseaux autopsiés et analysés, 92 oiseaux ont été testés viro-positifs pour Usutu, soit une prévalence globale de 13,69 %. Un test de Chi carré a mis en évidence que les jeunes individus étaient significativement plus infectés que les adultes. L'espèce la plus touchée reste le merle noir (*Turdus merula*), avec 43,92 % des merles viro-positifs parmi les spécimens analysés.

À noter que l'Épervier d'Europe (*Accipiter nisus*) et le Pic vert (*Picus viridis*) ont été identifiés comme viropositifs pour la première fois en Europe. Pour information, le virus Usutu a été détecté pour la première fois en Belgique en 2012.

Cette étude a fait l'objet d'une formation doctorale, qui a été défendue en juin 2025 par Laura Duran, DMV et doctorante dans le service. Le résumé de l'étude est présenté page suivante.

En 2024, aucun cas de WNV n'a été détecté en Belgique. Etant donné la circulation du WNV dans les pays voisins, les études seront maintenues en 2025 et une collaboration est établie avec Sciensano pour que des oiseaux soient analysés dans des centres de revalidation en Wallonie et en Flandre.

Contribution à l'épidémiologie des flavivirus transmis par les moustiques et détectés dans l'avifaune en Wallonie, 2023-2024.

Formation Doctorale présentée par Laura Duran, DMV

Résumé

Les virus Orthoflavivirus usutuense (USUV) et Orthoflavivirus nilense (WNV), du genre Orthoflavivirus, sont des arbovirus émergents en Europe. Aucun cas de WNV n'a encore été détecté en Belgique, mais USUV y circule depuis 2012 chez des oiseaux sauvages.

Un programme de surveillance passive de l'avifaune wallonne a été mis en œuvre de 2023 à 2024 pour monitorer la circulation de ces virus. Au total, 1 274 carcasses d'oiseaux, issus de 9 centres de revalidation, ont été examinés. Divers tissus ont été analysés par RT-qPCR, et les échantillons USUV positifs soumis à un séquençage Sanger.

Aucun cas de WNV n'a été identifié. En revanche, 180 cas d'USUV ont été confirmés avec une prévalence de 14,61 % en 2023 et de 13,69 % en 2024. Le Merle noir (*Turdus merula*) était l'espèce la plus touchée, suivi du Geai des chênes (*Garrulus glandarius*).

L'Epervier d'Europe (*Accipiter nisus*) et le Pic vert (*Picus viridis*), ont été détectés viropositifs pour la première fois en Europe.

La forte prévalence (44 %) observée chez les merles noirs durant la période 2023-2024 indique une résurgence et suggère un schéma cyclique de l'activité du virus USUV, approximativement tous les 4 à 5 ans. L'augmentation des cas chez les juvéniles en 2024 pourrait refléter l'établissement d'une immunité de groupe.

3.5. Virus de la peste porcine africaine

Pour rappel, en automne 2020 la Commission Européenne a approuvé la levée des zones réglementées (le 20/11/2020) et la Belgique a retrouvé son statut indemne de peste porcine africaine (PPA) chez tous les suidés (porcs domestiques, sangliers sauvages et en captivité) selon l’OMSA le 21/12/2020.

Etant donné la situation en Europe, un haut niveau de vigilance PPA est maintenu en Wallonie. La procédure spécifique mise en œuvre par le SPW reste d’application et tout sanglier trouvé mort (à plus de 20 m d’une route) doit être analysé. Aucun sanglier ne peut être acheminé à la FMV. Les prélèvements sont réalisés sur le terrain en respectant de strictes consignes de biosécurité.

En 2024, 44 sangliers trouvés morts ont été prélevés en Wallonie et les échantillons envoyés au LNR pour analyses virologiques PPA. Les 44 échantillons étaient vironégatifs.

Tableau 3.5.1 : Analyses virologiques PPA réalisées en 2024.

	ASF +	ASF -	Not applicable / Not valid	Total
Found dead		35		35
Sanitary shot		9		9
Total		44		44

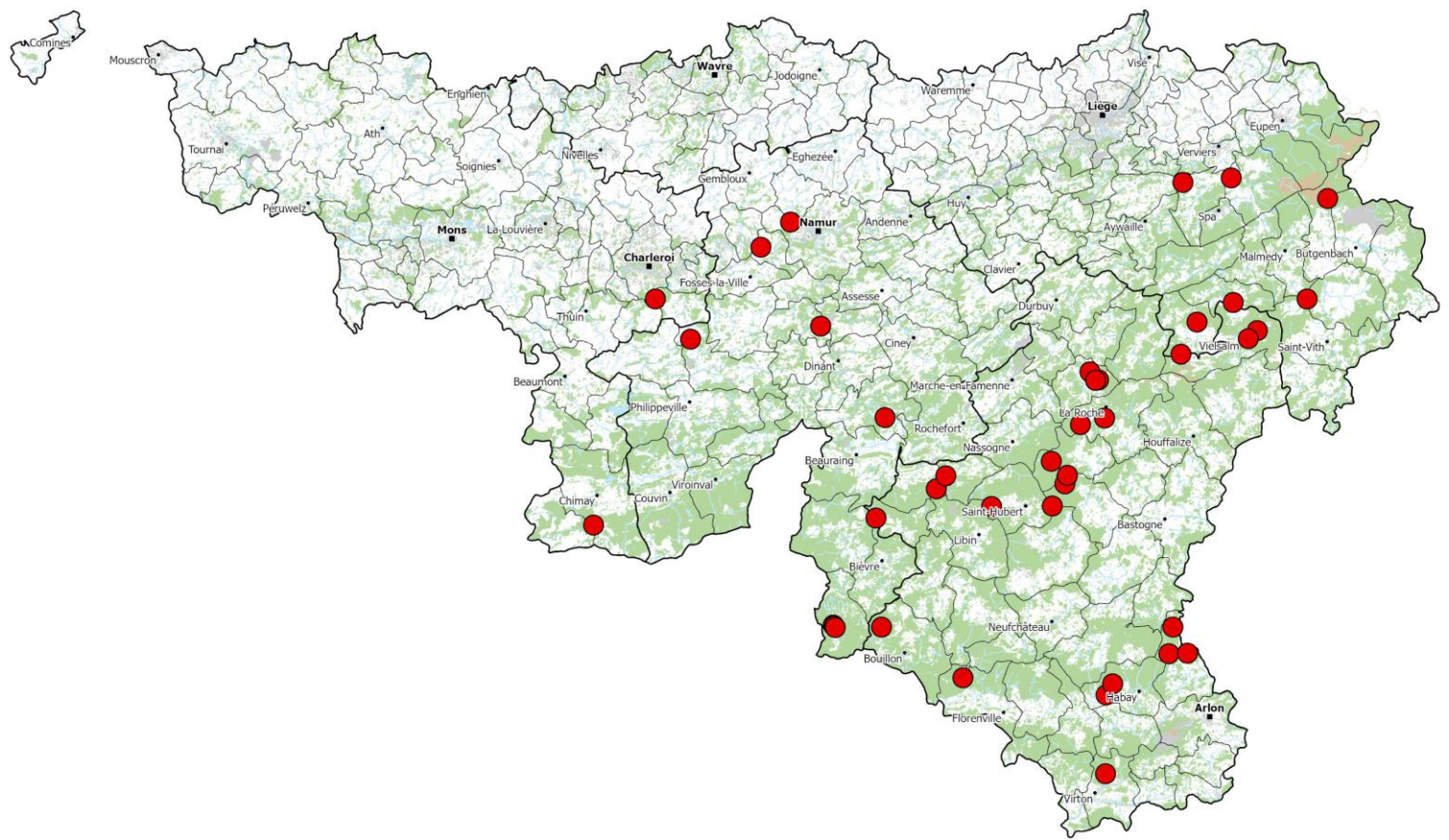
En mars 2024, un pécar à collier (animal de captivité, échappé du zoo de Bouillon) a été acheminé, par erreur, au Service Faune sauvage pour autopsie. Un échantillon de rate a été directement envoyé au LNR. Cet animal était vironégatif.

Quatre sangliers ont été retrouvés morts en décembre 2024 au même endroit à Bagimont (Vresse-s-Semois, 5550). Vu le contexte de découverte, les 4 sangliers, après que le LNR ait démontré que ce n’était pas la PPA, ont été transférés au Service Faune sauvage pour autopsie. Des analyses complémentaires ont ainsi été réalisées et pour 3 d’entre eux *Pasteurella multocida* a été détectée.

Tableau 3.5.2 : Sangliers acheminés à la FMV en 2024 pour lesquels *Pasteurella multocida* a été détectée/ (n = 3).

	Référence	Animal	Date découverte	Lieu découverte (Localité)	Commune (CP)	DNF	Cause de la
W24-1084	Sanglier	09-12-24	Bagimont (Les Quatres-Bornes)	Vresse-sur-Semois (5550)	Bièvre	Infectieuse	
W24-1085	Sanglier	09-12-24	Bagimont (Les Quatres-Bornes)	Vresse-sur-Semois (5550)	Bièvre	Infectieuse	
W24-1086	Sanglier	09-12-24	Bagimont (Les Quatres-Bornes)	Vresse-sur-Semois (5550)	Bièvre	Infectieuse	

Figure 3.5 : Surveillance PPA : répartition des sangliers trouvés morts et analysés en 2024.



3.6. *Echinococcus multilocularis*

Le Service Faune sauvage travaille en collaboration avec les équipes du CHU (EchinoLiège.be) sur l'échinococcose alvéolaire. Les détails sur cette pathologie sont repris dans les rapports précédents. L'objectif *partim* faune sauvage est de déterminer la prévalence d'*E. multilocularis* principalement chez les renards (mais aussi chez d'autres espèces comme le loup gris et le raton laveur) provenant de différentes régions de Wallonie. Des analyses sont donc réalisées sur ces espèces qui sont transmises au Service Faune sauvage.

Ce suivi permet d'informer le public de manière orientée (notamment si certaines zones sont plus à risque que d'autres) et de diffuser des recommandations. La vermifugation ciblée des chiens est préconisée dans les zones à risque et concerne surtout les chiens ruraux susceptibles de chasser les petits rongeurs. Selon des études européennes et japonaises, le déparasitage des hôtes définitifs sauvages ou errants au moyen d'appâts contenant des anthelminthiques a permis d'obtenir des baisses de prévalence d'*Echinococcus multilocularis* chez les renards (Takahashi *et al.*, 2013 ; Hegglin *et al.*, 2003). Néanmoins, ces techniques de vermifugation des carnivores sauvages sont onéreuses, difficiles à mettre en œuvre et nécessitent d'être répétées à intervalles réguliers.

Méthode

Figure 3.6 : Technique de prélèvement lors de l'autopsie d'un renard.



Au laboratoire, les échantillons sont stockés minimum 3 à 7 jours à -80°C afin d'inactiver les œufs du parasite. Le protocole consiste en une extraction de l'ADN total à l'aide du kit Nucleospin® DNA stool (Macherey-Nagel) à partir du contenu de l'intestin grêle. Ensuite, la technique de détection est une PCR en temps réel, réalisée sous TaqMan et dirigée contre le gène qui code pour la grande sous-unité d'ARN ribosomal d'*Echinococcus multilocularis* (Knapp *et al.*, 2014). Un contrôle interne endogène est associé (B-actine).

Les amorces et sondes (Integrated DNA Technologies) utilisées sont les suivantes :

Primer	séquence (5'→3')
Em_rrnL-f	CTG TGA TCT TGG TGT AGT AGT TGA GAT TT
Em_rrnL-r	GGC TTA CGC CGG TCT TAA CTC
Em_rrnL-p	[FAM]-TGG TCT GTT CGA CCT TTT TAG CCT CCA T-[BHQ1]
β-Act-F	CAG CAC AAT GAA GAT CAA GAT CAT C
β-Act-R	CGG ACT CAT CGT ACT CCT GCT T
β-Act-P	6-TAMN/TCG CTG TCC ACC TTC CAG CAG ATG T/3IAbRQSp

Le mix PCR (20 µl) comprend 1X qPCRBIO Probe Mix Hi-ROX (Nippon Genetics), les amorces (0,375 µM), les sondes (0,25 µM) et ≤ 100 ng d'ADN génomique extrait. Les conditions d'amplification sont en trois étapes : une première dénaturation de 3 minutes à 95°C suivie de 40 cycles composés d'un passage de 5 secondes à 95°C et d'une étape de 20 secondes à 60°C. Les analyses sont réalisées sur QuantStudio 1 (Applied Biosystems).

Résultats des analyses 2024

En 2024, 293 analyses *Echinococcus multilocularis* ont été réalisées. Elles ont concerné 1 ragondin, 12 rats musqués, 39 renards roux, 239 rats laveurs et 2 loups gris. Les résultats des qPCR *E. multilocularis* étaient négatifs pour les 2 loups gris.

Renards

Au total, 42 renards ont été autopsiés en 2024 et 39 d'entre eux ont été analysés pour détecter *Echinococcus multilocularis*.

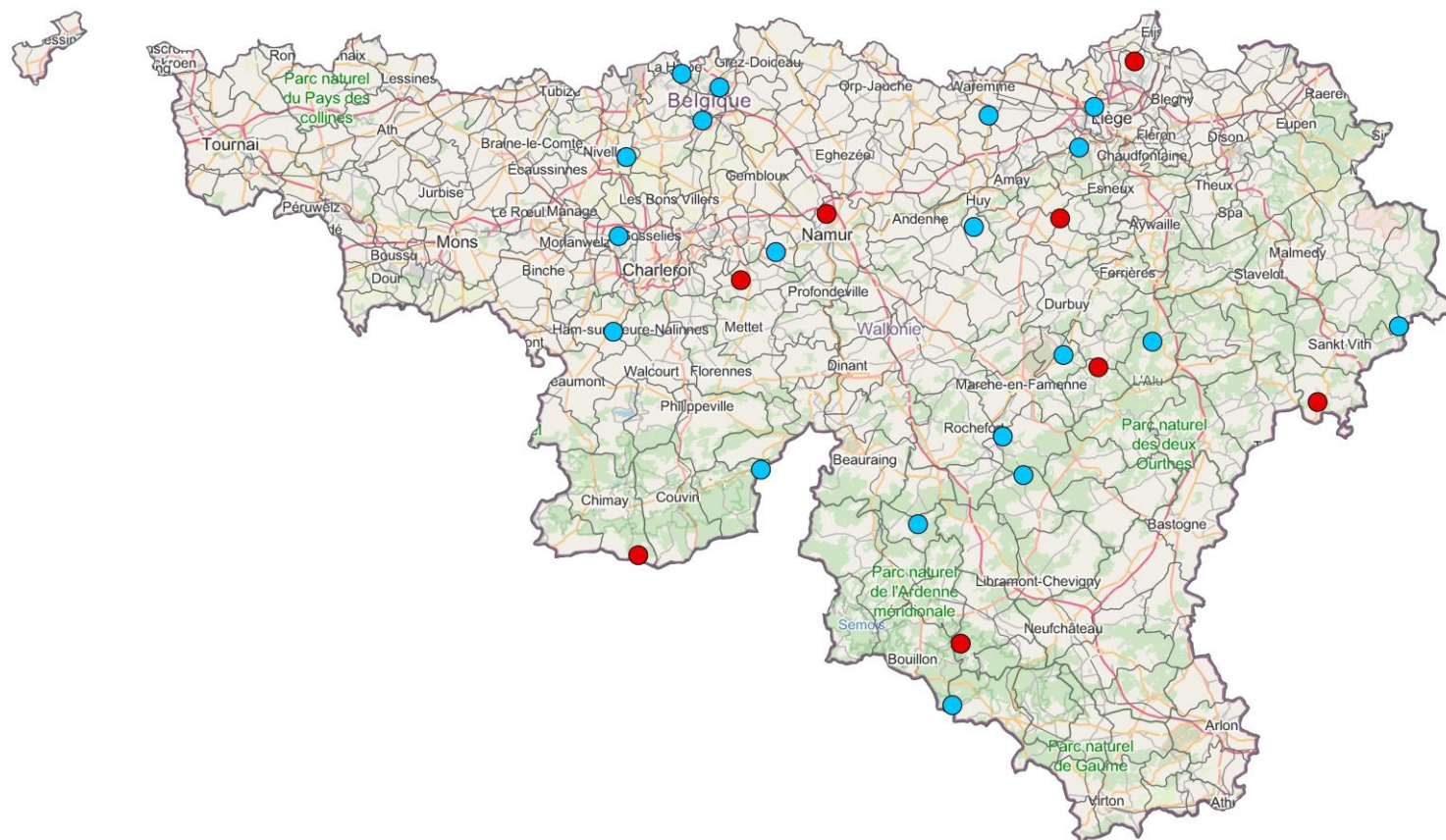
Sur l'ensemble des renards testés par qPCR, 25,64 % (10/39) étaient porteurs du parasite. La répartition des renards analysés en 2024 est détaillée dans le tableau suivant. Les dépouilles sont transmises au Service Faune sauvage sur base volontaire (par des agents forestiers ou des chasseurs) ou via les CREAVES. Le nombre de renards réceptionnés varie très fort d'une année à l'autre et la distribution de l'échantillonnage n'est pas représentative de la distribution des renards en Wallonie.

Tableau 3.6.1. : Distribution des renards analysés pour *Echinococcus multilocularis* en 2024.

Provinces	Communes	Nombre de renards analysés	Nombre de cas positifs
Brabant wallon	Court-Saint-Etienne (1490)	1	0
	Genval (1332)	1	0
	Nivelles (1400)	1	0
	Wavre (1300)	1	0
Hainaut	Chimay (6460)	2	1
	Courcelles (6180)	1	0
	Fleurus (6220)	1	1
	Thuin (6530)	1	0
Liège	Ans (4430)	1	0
	Burg-Reuland (4790)	1	1
	Faimes (4317)	1	0
	Marchin (4570)	1	0
	Oupeye (4680)	1	1

	Saint-Vith (4780)	2	0
	Seraing (4100)	1	0
Luxembourg	Bertrix (6880)	1	1
	Daverdisse (6929)	1	0
	Florenville (6820)	1	0
	Hotton (6990)	1	0
	Manhay (6960)	1	0
	Nassogne (6950)	1	0
	Rendeux (6987)	1	1
	Saint-Hubert (6870)	1	0
Namur	Floreffe (5150)	1	0
	Fosse-la-ville (5070)	1	1
	Namur (5000)	1	1
NC	NC	11	2
TOTAL		39	10
Prévalence		25,64%	

Figure 3.6.1 : Surveillance *Echinococcus multilocularis* : répartition des renards trouvés morts et analysés en 2024.



Ratons laveurs

En 2024, 239 ratons laveurs ont été analysés pour rechercher *Echinococcus multilocularis*. Aucun cas positif n'a été détecté.

Tableau 3.6.2. : Distribution des ratons laveurs analysés pour *Echinococcus multilocularis* en 2024.

Provinces	Communes	Nombre de ratons laveurs analysés	Nombre de cas positifs
Liège	Anthisnes (4160)	1	0
	Aywaille (4920)	3	0
	Blégny (4670)	2	0
	Burdinne (4212)	4	0
	Comblain-au-Pont (4170)	3	0
	Esneux (4130)	5	0
	Eupen (4700)	1	0
	Jalhay (4845)	4	0
	La Calamine (4720)	1	0
	Liège (4031)	1	0
	Malmedy (4960)	7	0
	Neupré (4120)	9	0
	Olné (4877)	1	0
	Ouffet (4590)	3	0
	Pepinster (4860)	1	0
	Raeren (4730)	2	0
	Soumagne (4630)	12	0
	Tinlot (4557)	0	0
	Trooz (4870)	2	0
	Waimes (4950)	2	0
Luxembourg	Bouillon (6830)	13	0
	Chiny (6812)	35	0
	Erezée (6997)	1	0
	Florenville (6823)	5	0
	Nassogne (6950)	3	0
	Saint-Hubert (6870)	1	0
	Tenneville (6970)	107	0
Namur	Ciney (5590)	3	0
	Ohey (5350)	1	0
	Rocheft (5580)	2	0
NC	NC	4	0
TOTAL		239	0
Prévalence		0,00%	

3.7. Influenza aviaire

Dans le cadre de l'Animal Health Law (AHL), le Règlement 2018/1882 entré en application en avril 2021, classe les HPAI en maladie de catégorie A+D+E et les LPAI (influenza aviaire faiblement pathogène) en maladie de catégorie D+E. Ce Règlement fixe les programmes de surveillance et les mesures de lutte. En Belgique, le LNR (Sciensano) est responsable des analyses des échantillons transmis par les régions. Depuis de nombreuses années, le Service Faune sauvage de la FMV collabore dans les démarches de surveillance active (oiseaux sauvages prélevés à la chasse) et autopsie également de nombreux oiseaux dans le cadre de ses activités de recherche dans les CREAES. Tout évènement suspect 'AI' est transféré au LNR (contact : Dr B. Lambrecht).

Le tableau récapitulatif des prélèvements (n = 292) effectués en 2024, dans le cadre du monitoring actif, par le Service Faune sauvage est présenté ci-dessous. Tous les prélèvements étaient négatifs pour les HPAI H5 et H7.

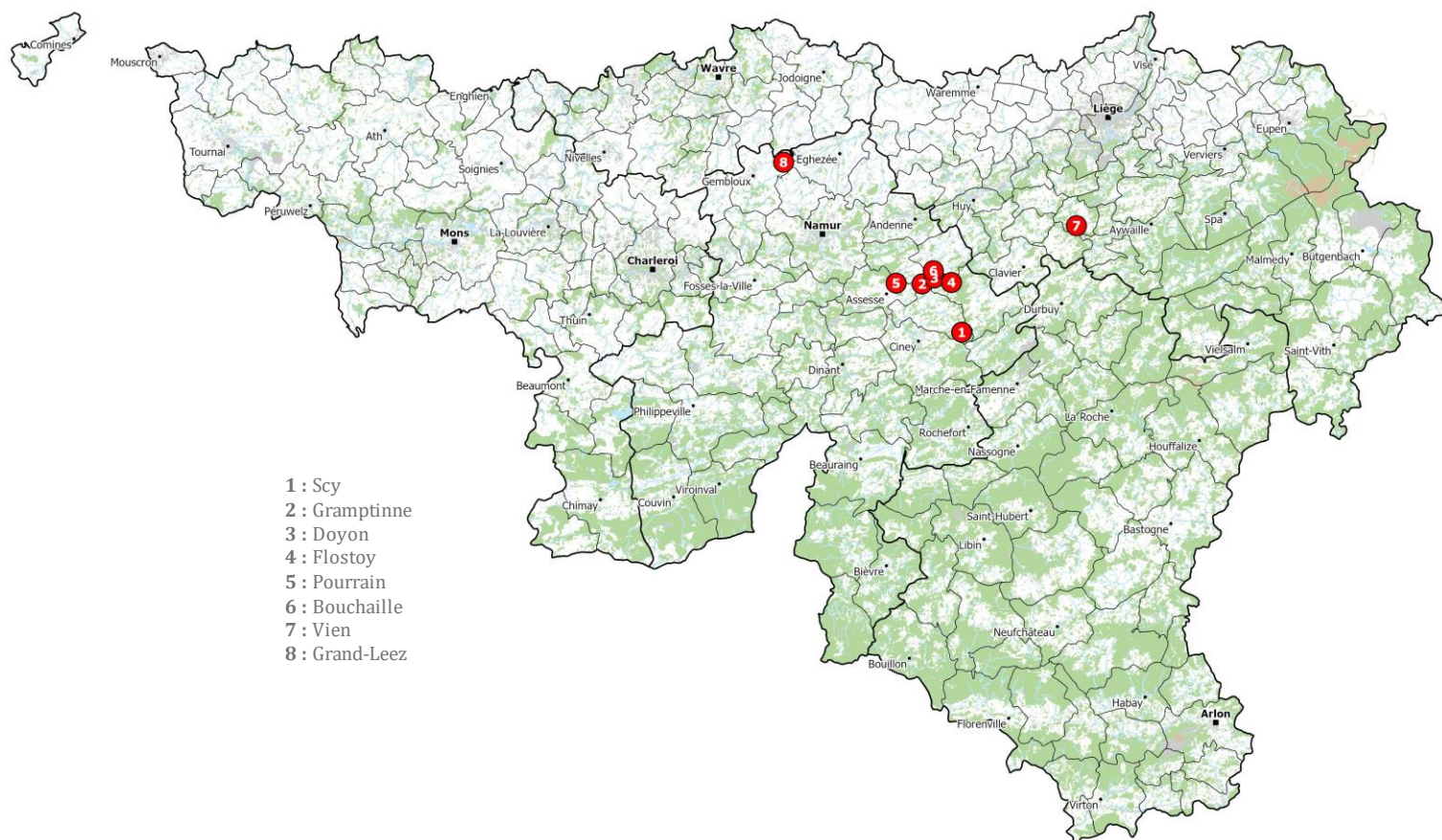
Tableau 3.7. : Prélèvements cloacaux effectués sur oiseaux d'eau abattus en période de chasse sur 8 territoires / n = 292.

Date	Territoire (Commune – CP)	Coordonnées GPS du territoire	Canard colvert	Autres	Total	Nombre de pool positif - HPAI	
						H5	H7
05/09/24	Scy (Hamois – 5361)	N 50° 18' 23.9" E 05° 12' 38.0"	30	0	30	0	0
06/09/24	Gramptinne (Gesves – 5340)	N 50° 22' 50" E 05° 06' 32"	30	0	30	0	0
07/09/24	Doyon (Havelange – 5370)	N 50°23'46" E 05° 08' 31"	30	0	30	0	0
13/09/24	Flostoy (Havelange – 5370)	N 50° 23' 18.74" E 05° 11' 2.87"	30	0	30	0	0
14/09/24	Pourrain (Gesves – 5340)	N 50° 23' 18" E 05° 02' 49"	14	0	14	0	0
15/09/24	Bouchaille (Gesves – 5340)	N 50° 24' 27" E 05° 08' 22"	22	0	22	0	0
27/10/24	Vien (Anthisnes – 4160)	N 50° 28' 32.84 E 05° 29' 45.02	36	0	36	0	0
12/12/24	Grand-Leez (Perwez – 5031)	N 50° 34' 55" E 04° 45'55"	58	2	60	0	0
31/01/25	Grand-Leez (Perwez – 5031)	N 50° 34' 55" E 04° 45'55"	39	1	40	0	0
			289	3	292		

Autres :

3 Bernaches du Canada.

Figure 3.7. : Répartition des territoires sur lesquels des prélèvements ont été réalisés dans le cadre du monitoring actif des oiseaux sauvages en Wallonie (Influenza aviaire).



4. Collaborations et analyses mises en œuvre dans les CREAVES

Les activités réalisées dans les CREAVES sont détaillées en annexe 2.

5. Rapports de terrain & Missions ponctuelles

Dans le cadre de ses missions, le Service Faune sauvage est régulièrement sollicité pour des études ponctuelles sur l'ensemble de la Région wallonne. L'équipe assure ses missions de communication et de conseils auprès des agents de terrain, gestionnaires de territoires de chasse, cantonnements et particuliers. Pour chaque animal trouvé mort et autopsié, un rapport d'autopsie circonstancié est systématiquement rédigé et envoyé aux personnes qui ont transmis l'animal.

En 2024, le Service Faune sauvage a rédigé 78 rapports aux différents collaborateurs qui ont sollicité le Service pour des autopsies.

Ces rapports concernent de nombreuses espèces animales et les examens complémentaires sont entrepris en fonction de l'anamnèse et des lésions observées en autopsie (par exemple examens radiographiques dans les cas de braconnage, outils de biologie moléculaire pour la détection d'agents infectieux précis, histopathologie, immunohistochimie, mises en culture, galeries biochimiques, raclages cutanés, etc.).

Quelques rapports d'autopsie, tels qu'ils ont été transmis aux personnes de contact, sont présentés en annexe 4.