

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 - 21 - 4069

**Etudes ciblées sur rongeurs et chiroptères en tant que réservoirs potentiels
d'agents pathogènes zoonotiques et détection de maladies émergentes en
faune sauvage en Wallonie**

**Convention de recherches
Rapport d'activités annuel
- 2022 -**

SPW – DEMNA

*M. Herman
V. De Waele
A. Licoppe
A. Terneus*

SPW – ULIÈGE

*L. Duran
G. Gilliaux
C. Lesenfans
J. Paternostre
A. Van Goethem

A. Mertens
A. Linden*

VISA 2021/19918



TABLE DES MATIÈRES

1. État des lieux	2
2. Études ciblées sur Rongeurs & Chiroptères	3
3. Peste porcine africaine	11
4. Maladies émergentes et veille sanitaire.....	13
4.1 Mycobactéries.....	13
4.2 <i>Echinococcus multilocularis</i>	17
4.3 Influenza aviaire	22
4.4 SARS-CoV-2	24
5. Collaborations et analyses mises en œuvre dans les CREAVES	26
6. Études & missions ponctuelles	26
7. Publications & conférences	27
8. Annexes	31
8.1 WildTub Wallonia 2022.....	32
8.2 Résultats des analyses réalisées dans les CREAVES	38
8.3 Résultats des analyses réalisées sur animaux trouvés morts ou achevés.....	56
8.4 Rapports d'autopsie	78

1. État des lieux

En 2022, l'équipe du Service Faune sauvage (FMV, ULiège) a réalisé des autopsies et analyses sur **1778 animaux sauvages** : 246 sangliers et 1532 autres espèces sauvages en Wallonie (Tableau 1). Les missions ont concerné le suivi PPA et l'étude des émergences en faune sauvage ainsi que la veille sanitaire. En ce qui concerne les sangliers en étude ciblée (total 222) : 104 ont été inclus dans le suivi PPA et 118 dans l'étude WildTub 2022.

Tableau 1 :
Distribution des espèces animales analysées en 2022.

		Cerf élaphe	Chevreuril	Sanglier	Lièvre	Renard	Blaireau	Raton laveur	Fouine	Oiseaux	Hérisson	Castor	Ragondin	R. musqué	Autres*	
Surveillance événementielle	Surveillance ciblée	129	117	222	-	49	-	-	-	300	-	-	217	196	29	1259
	Trouvés morts	6	19	21	6	36	31	5	1	36	2	9	-	-	3	175
	Achèvements sanitaires	12	10	3	-	22	3	63	-	5	-	-	-	-	-	118
	Animaux d'élevage et en captivité	1	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	5	7
	Animaux de CREAVES	-	1	-	4	28	8	2	8	99	42	1	-	-	26	219
		148	147	246	10	135	42	70	9	441	44	10	217	196	63	1778

(*) "Autres":

Surveillance ciblée : 29 Rats surmulots.

Trouvés morts : 1 écureuil roux, 1 martre, 1 chiroptère.

Animaux d'élevage/ captivité : 1 daim, 1 loup, 1 saimiri, 1 wallaby, 1 boa.

Animaux de CREAVES : 11 chiroptères, 8 écureuils roux, 4 hermines, 2 lapins, 1 belette.

L'étude sur les rongeurs (ragondins, rats musqués et surmulots) a montré que ces espèces excrétaient des leptospires (via les urines) et des *Giardia* (via les matières fécales) et pouvaient ainsi souiller l'eau/le milieu environnant, source de contamination pour les humains. Ces rongeurs jouent également un rôle épidémiologique dans le cycle des parasites *Echinococcus multilocularis* et *Toxoplasma gondii*.

L'étude sur les chiropères est préliminaire et ne concerne que des chauves-souris récoltées dans les CREAVES-pilote. Cette première année a permis d'optimiser les techniques de conservation des échantillons avant analyses et de solliciter d'autres centres pour systématiser la récolte d'échantillons.

Dans le cadre du suivi PPA, 128 sangliers ont été autopsiés et prélevés en 2022, dont 108 dans les anciennes zones PPA et 20 dans le reste de la Wallonie. Les résultats des analyses virologiques étaient négatifs. Les 62 échantillons sanguins prélevés en 2022 dans les anciennes zones PPA étaient également séronégatifs.

La mission WildTub (dans zones d'Aywaille et de Spa) a été maintenue en 2022. Au total, 226 carcasses de cerfs, chevreuils et sangliers ont été inspectées sur des territoires de chasse. En autopsie, 49 cervidés et 42 blaireaux ont été contrôlés. Les analyses 2022 n'ont pas permis de détecter de *Mycobacterium bovis* au sein de ces espèces.

Les autres résultats sont détaillés dans les chapitres suivants.

2. Etudes ciblées sur Rongeurs & Chiroptères

2.1. Rongeurs

2.1.1. Contexte

Au fil des siècles, de nombreuses espèces animales et végétales ont été introduites par l'homme, volontairement ou accidentellement, en dehors de leurs zones de distribution naturelle. Ce phénomène s'est accentué au cours des dernières décennies suite, notamment, à la mondialisation croissante de l'économie et à l'explosion du tourisme. Parmi ces espèces, certaines définies comme « espèces exotiques envahissantes » ou « espèces invasives » menacent la biodiversité et déséquilibrent les écosystèmes.

La Belgique n'échappe pas à cette réalité. La base de données Harmonia+ reprend une liste, non exhaustive, de plus de 100 espèces invasives en Belgique dont certaines sont reprises sur la liste noire (D'hondt *et al.*, 2015).

Le **ragondin** (*Myocastor coypus*) fait partie de ces espèces invasives (liste noire). Observé en Belgique pour la première fois en 1975, il est aujourd'hui répandu et en particulier dans la région Sambre-Meuse et en Lorraine belge (<http://biodiversité.wallonie.be>). Son impact est majeur sur les écosystèmes mais il est aussi suspecté d'être un réservoir pour certains agents pathogènes transmissibles à l'homme. Outre le ragondin, l'étude s'est également intéressée à 2 autres espèces de rongeurs sauvages présents en Wallonie : le **rat musqué** (*Ondatra zibethicus*) et le **rat surmulot** (*Rattus norvegicus*). Ces 3 espèces vivent notamment sur les berges et le long de cours d'eau exploités par l'homme et fréquentent les potagers et terrains de cultures pour se nourrir de légumes.

Plusieurs études ont été réalisées dans les pays voisins confrontés également à des populations croissantes de ragondins, rats musqués et surmulots. Les résultats ont mis en évidence 5 pathogènes majeurs présents chez ces rongeurs et potentiellement transmissibles à l'homme :

Leptospira spp. : présents dans les biotopes humides, ces spirochètes ont un impact zoonotique avéré. Plusieurs espèces de rongeurs sont porteurs asymptomatiques de leptospires au niveau rénal. Les bactéries sont excrétées via les urines et contaminent les points d'eau comme les zones de baignade par exemple. Des études réalisées en France, en Allemagne et en Hollande ont mis en évidence des séroprévalences élevées (de 30 à 60 %) chez des rongeurs tels que le ragondin, le rat musqué, le rat surmulot (Aviat *et al.*, 2008 ; Michel *et al.*, 2001 ; Hurd *et al.*, 2017 ; Maas *et al.*, 2018). Par ailleurs, des analyses PCR montrent que le portage rénal de ce pathogène est de 11 à 12 % chez le ragondin (Vein *et al.*, 2013 ; Ayral *et al.*, 2020), de 33 % chez le rat musqué (Ayral *et al.*, 2020) et enfin de 33 à 57 % chez le rat surmulot (Maas *et al.*, 2018).

Toxoplasma gondii : ce protozoaire est un parasite zoonotique capable d'infecter de nombreuses espèces de mammifères (Schlüter *et al.*, 2014). La contamination humaine est possible par ingestion d'eau ou d'aliments (crudités) souillés par des oocystes (infectants après sporulation) qui sont excrétés dans les matières fécales des chats (hôtes définitifs du parasite) ou par consommation de viande crue ou insuffisamment cuite ou d'autres sous-produits d'origine

animale contenant des stades parasitaires infectieux de *T. gondii* (kystes tissulaires). C'est en portant à la bouche les mains souillées par des produits contaminés (terre, légumes, viande, selles de félidés, produits de parturition...) que la contamination est la plus fréquente, raison pour laquelle il est important de diffuser des règles d'hygiène dans les milieux professionnels à risque. Chez une personne en bonne santé, les symptômes de la toxoplasmose seront pseudo-grippaux mais de graves complications sont décrites chez la femme lorsqu'elle est contaminée enceinte (transmission foetale) et chez les personnes dont le système immunitaire est affaibli.

A l'interface avec la faune sauvage, une étude italienne a mis en évidence un taux de portage de *T. gondii* de 30% chez des ragondins (Zanzani et al., 2016). Et une étude réalisée en Hollande vient de démontrer la présence de ce parasite (prévalence de 5%) chez le rat musqué (Krijger et al., 2020).

Giardia duodenalis : est également un protozoaire, il comporte plusieurs génotypes dont certains peuvent parasiter l'être humain et être aussi retrouvés chez différents animaux sauvages ou domestiques. La chronicité de l'infestation chez les animaux porteurs peut entraîner des durées d'excrétion longues.

Dans la majorité des cas, la giardiose humaine est due à des parasites d'origine humaine (Xiao et Fayer 2008). Le tableau est digestif (selles pâteuses parfois diarrhéiques) s'accompagnant de douleurs abdominales chez l'adulte. La durée des symptômes est de 8 jours (guérison fréquente sans traitement en pays développé) jusqu'à 2 à 18 mois. Le portage de kystes intestinaux peut cependant persister plusieurs semaines (entretien du cycle).

Le cycle de *G. duodenalis* comporte 2 stades dont un stade kyste immobile ovoïde très résistant dans le milieu extérieur. Les kystes sont libérés de façon discontinue dans les matières fécales, ils sont directement infectants et responsables de la transmission du parasite.

La dissémination des kystes se fait par l'eau souillée par des matières fécales d'origine humaine ou animale qui sont à l'origine de transmission interhumaine indirecte. Des contaminations de cours d'eau à partir d'animaux sauvages (castors nord-américains, ragondins) ont été décrites. En conclusion, le principal véhicule de la contamination est l'eau (eau de boisson, eau ingérée accidentellement lors d'une baignade ou eau utilisée pour l'irrigation par aspersion des cultures de fruits et légumes).

Echinococcus multilocularis : Vu la forte prévalence de ce parasite chez le renard sur notre territoire (selon nos dernières études près de 50 %), les 3 espèces de rongeurs seront screenées en tant qu'hôtes intermédiaires. Une étude antérieure a déjà confirmé des cas d'infections par *E. multilocularis* chez le rat musqué en Belgique avec une prévalence de 22.1 % (Mathy et al., 2009). Plusieurs sources citent également des infestations chez le ragondin en captivité (Umhang et al., 2013a ; Umhang et al., 2013b; Worbes et al., 1989). Enfin, en Pologne, le parasite a été mis en évidence chez le surmulot (Studzińska et al., 2019).

Hantavirus spp. : les rongeurs sont les principaux réservoirs d'hantavirus. L'homme s'infecte principalement par voie respiratoire (en inhalant des particules virales aérosolisées au départ d'excrétions des rongeurs telles que les urines, les matières fécales ou la salive) ou par contact lors d'une morsure par un rongeur infecté. En Europe, la forme la plus fréquente est une fièvre hémorragique avec un syndrome rénal. Le tableau est le plus souvent bénin mais des complications rénales graves peuvent justifier une hospitalisation. En Belgique, le principal réservoir d'hantavirus est le campagnol roussâtre (*Clethrionomys glareolus*). Les hantavirus

comprennent différentes espèces circulant dans toute l'Europe et présentant des taux de mortalité chez l'homme allant de 0,4 à près de 50 % suivant l'espèce considérée (Peters et al., 1999). Une enquête sérologique réalisée au Royaume-Uni a mis en évidence une séroprévalence de 8 % chez des agriculteurs exposés à des contacts fréquents avec des rongeurs (Jameson et al., 2014). En Hollande, 1,2 % des piégeurs de ragondins et rats musqués présentaient des anticorps contre les hantavirus (Friesema et al., 2018). Enfin, depuis 2000, la présence de SEOV chez les rats bruns sauvages a été démontrée en Belgique, en France, en Hollande et au Royaume-Uni (Heyman et al., 2004 ; Heyman et al., 2009 ; Dupinay et al., 2014 ; Verner-Carlsson et al., 2015). Cet agent n'a pas pu être inclus dans l'étude 2022.

2.1.2. Objectif

Vu la proximité de ces rongeurs avec l'homme et les agents zoonotiques qu'ils sont susceptibles de véhiculer et d'excréter dans l'eau, l'objectif de cette étude est de déterminer si ces animaux sont porteurs d'agents zoonotiques et si, le cas échéant, des recommandations particulières en termes d'hygiène et de biosécurité doivent être adressées aux agents (piégeurs et agents forestiers) du SPW.

2.1.3. Méthode

Les animaux ont été prélevés par les piégeurs du SPW qui les ont acheminés frais vers les congélateurs de collecte du Service Faune sauvage. Cette étude a été réalisée conjointement à un suivi génétique des populations de ragondins (Service de Génétique, F. Farnir, ULiège). Une collaboration avec le SPW (CiEi - E. Branquart) a permis de récolter les espèces concernées. Un piégeur, Adrien Congiu, a intensément participé à cette première année d'étude, nous tenons à le remercier chaleureusement.

Les autopsies et les prélèvements ont systématiquement été réalisés dans la salle d'autopsie de la FMV. Les organes ont été sélectionnés en fonction du tropisme respectif de chaque pathogène : rein (*Leptospira spp.*), système nerveux central (*Toxoplasma gondii*), contenu intestinal (*Giardia duodenalis*) et foie (*Echinococcus multilocularis*). Les échantillons ont été conservés à -20°C pour analyses ultérieures. Après extraction d'ADN, les qPCR dédiées ont été réalisées (protocoles complets disponibles au Service Faune sauvage).

2.1.4. Résultats des analyses 2022

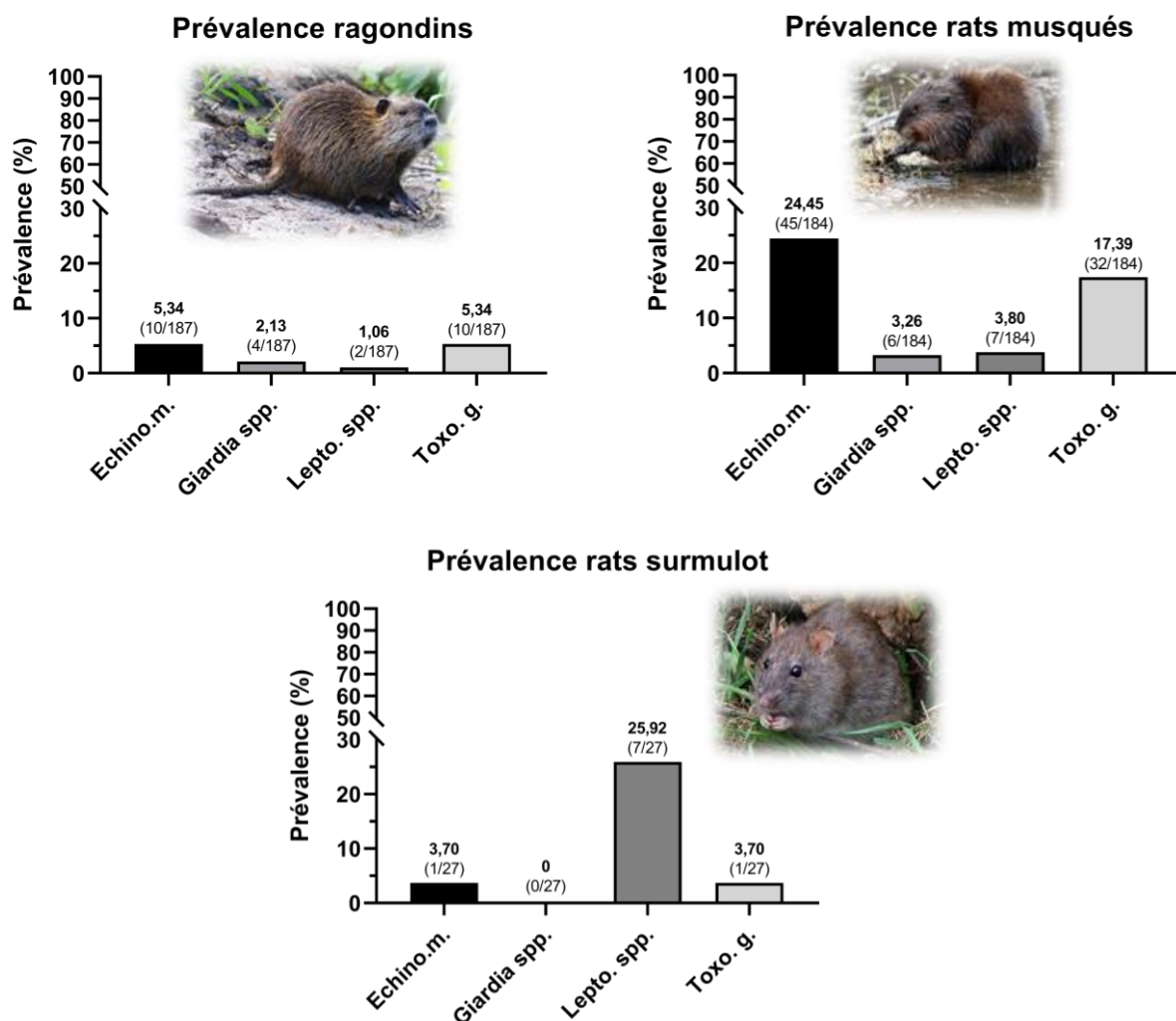
Au total, 398 animaux (187 ragondins, 184 rats musqués et 27 rats surmulots) ont été autopsiés et 1592 analyses moléculaires ont été réalisées pour les 4 agents pathogènes ciblés. La grande majorité des animaux provenaient des bassins de la Meuse et de la Sambre.

Tableau 2 : Nombre de rongeurs analysés en 2022 (et nombre de positifs) pour *Echinococcus multilocularis*.

Commune (CP)	Ragondins analysés (n positifs)	Rats musqués analysés (n positifs)	Rats surmulots analysés (n positifs)
Beaumont (6500)	2	17 (4)	-
Cerfontaine (5630)	-	6 (1)	3
Chimay (6460)	-	26 (6)	2
Couvin (5660)	107 (6)	27 (3)	3
Doische (5680)	-	1	-

Erquelinnes (6560)	-	15 (4)	-
Florennes (5620)	-	4 (2)	1
Froidchapelle (6440)	1	10 (2)	-
Ham-s-Heure-Nalinnnes (6120)	2	2 (1)	1
Houyet (5560)	6	1	-
Merbes-le-Château (6567)	-	2 (2)	1
Momignies (6590)	7	-	3
Mons (7000)	-	6 (2)	-
Philippeville (5600)	28 (3)	12 (3)	2
Quévy (7040)	-	10 (2)	1
Raeren (4730)	2	-	-
Thuin (6530)	11	24 (10)	2
Viroinval (5670)	14	9	1
Walcourt (5650)	7 (1)	12 (3)	7 (1)
Total	187 (10)	184 (45)	27 (1)

Figure 1 : Prévalence des 4 agents pathogènes pour chaque espèce de rongeur.



En considérant les 4 pathogènes détectés, ces premiers résultats montrent des différences de prévalence entre les 3 espèces de rongeurs. Les rats musqués sont plus souvent porteurs (24,5 %) de larves d'*Echinococcus multilocularis* au niveau du foie que les ragondins (5,3%). Ce parasite, lorsqu'il est sous sa forme kystique dans le foie de son hôte intermédiaire (ici le rat musqué ou le ragondin), ne représente pas un risque direct pour l'homme. Cependant, si les carcasses sont laissées le long des berges, l'animal mort, et par conséquent le parasite, peuvent être ingérés par un carnivore (notamment le renard) ce qui permet de boucler le cycle parasitaire. Par la suite, l'homme se contamine en ingérant accidentellement des œufs du parasite excrétés dans les matières fécales du renard. D'un point de vue pratique, il est important de ne pas laisser des carcasses de rongeurs le long des berges afin d'éviter d'entretenir le cycle du parasite « rongeur/renard ».

Toxoplasma gondii est également plus souvent détecté chez les rats musqués que chez les ragondins qui sont tous les deux des hôtes intermédiaires, le parasite étant retrouvé sous forme de kystes dans certains organes. Ce n'est pas le cas en Belgique mais dans les pays dans lesquels le ragondin est consommé, il est conseillé de bien cuire la viande avant de la consommer ou de la donner aux animaux domestiques.

Une deuxième année d'échantillonnage permettra d'affiner les tendances. Mais de manière générale on peut dire que les rongeurs excrètent des leptospires (via les urines) et des *Giardia* (via les matières fécales) et peuvent ainsi souiller l'eau/le milieu environnant, source de contamination pour les humains. Les rongeurs jouent également un rôle épidémiologique dans le cycle des parasites *Echinococcus multilocularis* et *Toxoplasma gondii*.

2.1.5. Recommandations pour les piégeurs et les agents forestiers

Le fait de travailler dans un environnement aqueux et au contact de rongeurs porteurs d'agents pathogènes transmissibles à l'homme impose des règles de prudence. Même si les risques sont modérés, ils sont réels et justifient les mesures de précaution suivantes : ne jamais manipuler les rongeurs sans gants et remplacer régulièrement ces gants (abimés/troués), prévoir des sacs hermétiques pour le transfert des carcasses et des bacs de transport dédiés, ne pas manger/boire lors des activités de piégeage, nettoyer et désinfecter gants, bottes et équipement tous les soirs. Il faut également désinfecter et protéger les plaies au niveau des mains et des avant-bras par des pansements étanches, éviter tout contact yeux/nez/bouche avec les mains ou gants souillés et se laver soigneusement les mains et les avant-bras (eau + savon) après avoir manipulé ces animaux ou le matériel de piégeage. Comme indiqué, il est aussi conseillé de ne pas laisser les carcasses piégées sur les berges afin de ne pas entretenir le cycle de certains parasites (*Echinococcus multilocularis* et *Toxoplasma gondii*).

2.2. Chiroptères

2.2.1. Contexte

L'ordre des chiroptères représente plus de 20 % des espèces de mammifères avec plus de 1400 espèces réparties dans 21 familles. Leur répartition est mondiale et des découvertes majeures ces 2 dernières décennies ont démontré leur rôle central dans le contexte 'One Health'. En effet, certaines espèces de chauves-souris constituent des hôtes réservoirs privilégiés pour différents virus transmissibles à l'homme tels que le virus Hendra (Halpin et al., 2000), le virus Nipah (Yob

et al., 2001), le SARS-Coronavirus (CoV) (Li et al., 2005) et le virus Marburg (Towner et al., 2009). Les chiroptères sont également reconnus comme hôtes réservoirs pour le virus Ebola (Leroy et al., 2005), le MERS-CoV (Memish et al., 2013) et le SARS-CoV-2 (Zhou et al., 2020).

La banque de données mondiales DBatVir comprend actuellement les séquences de plus de 13 mille virus isolés de chauves-souris (consultation le 01/10/2021). Le plus grand nombre de séquences virales concerne l'Asie (5922), puis l'Afrique (2922), l'Amérique du Nord (1899), l'Europe (1390), l'Amérique du Sud (1144) et enfin l'Océanie (216). Un large éventail de virus est toujours positivement corrélé avec une abondance qualitative et quantitative d'espèces hôtes, c'est une des raisons pour lesquelles un grand nombre de séquences virales sont détectées dans les régions tropicales hébergeant de nombreuses espèces de chiroptères (Cisneros et al., 2014; Johnson et al., 2020). Il faut également souligner que les chauves-souris européennes sont des espèces protégées et toute investigation nécessite des dérogations de la part des autorités compétentes. Ces 2 facteurs pourraient expliquer la plus faible détection de virus en Europe. Sur les 1390 virus recensés sur des chauves-souris européennes, la majorité appartient aux familles *Rhabdoviridae* et *Coronaviridae* mais de nouveaux virus ont été découverts récemment. Ces études sont en plein essor même si de nombreux 'gaps subsistent. En effet, pour la plupart des virus isolés de chauves-souris, il existe peu de données concernant la saisonnalité et les voies d'excrétion virale, la prévalence du virus dans la population hôte, ainsi que l'abondance de ces hôtes. Une étude récente a recensé tous les virus potentiellement zoonotiques détectés chez des chauves-souris européennes mais aucune donnée ne concerne la Belgique (Kohl et al., 2021).

2.2.2. Objectif

L'objectif à moyen terme est de détecter la présence de virus potentiellement à risque pour la santé humaine/animale et qui sont hébergés au sein des populations de chauves-souris en Wallonie. Sur base de 2 études de priorisation réalisées à l'échelle européenne (Kohl et al., 2021, EFSA Journal 2023 ;21,3), une approche 'avec *a priori*' est proposée avec des qPCR spécifiques pour cibler les lyssavirus, coronavirus et flavivirus. Des échantillons supplémentaires conservés à -80°C sont également prévus pour des études envisagées en partenariat avec d'autres laboratoires.

L'étude préliminaire 2022 répondait à un objectif court terme qui était d'évaluer (i) les opportunités pour réaliser des prélèvements sur chauves-souris en Wallonie (ii) la faisabilité des techniques de collecte et de conservation des échantillons sur le terrain ; (iii) les ressources humaines pour une étude d'envergure et (iv) les contraintes financières liées aux prélèvements terrain et analyses de laboratoire.

2.2.3. Méthode

Procédures d'échantillonnage (2 approches en parallèle) :

- Prélèvements *ante-mortem* : écouvillons oro-pharyngés et matières fécales lors de séances autorisées de capture sur les sites de swarming ou capture en ferme (en collaboration avec Plecotus et GeCoLab ULiege)

- Prélèvements *post-mortem* : autopsies et échantillonnages ciblés (SNC, poumon, cœur, intestin grêle, foie, rate) sur des chiroptères provenant des centres de soin pour espèces sauvages (CREAVES) et autopsiés à la FMV.

Protocoles qRT-PCR (soit émanant d'études publiées soit conçus in-house)

-Marston et al. *Pan-lyssavirus Real Time RT-PCR for Rabies Diagnosis. J Vis Exp. 2019 Jul 10;(149).*

-Elizalde et al., *A Duplex Quantitative Real-Time Reverse Transcription-PCR for Simultaneous Detection and Differentiation of Flaviviruses of the Japanese Encephalitis and Ntaya Serocomplexes in Birds. Front Vet Sci. 2020*

2.2.4. Résultats 2022

En 2022, les autopsies et analyses ont porté sur 21 chauves-souris (20 récupérées dans les CREAVES et 1 du cantonnement de Thuin - voir tableaux ci-dessous). Parmi les espèces prélevées, il s'agit en majorité de pipistrelles communes (*Pipistrellus pipistrellus*) (n=14), d'oreillards gris (*Plecotus austriacus*) (n=3), d'un oreillard roux (*Plecotus auritus*), d'une sérotine commune (*Eptesicus serotinus*), d'une noctule commune (*Nyctalus noctula*) et d'un grand murin (*Myotis myotis*). Malgré ce faible échantillonnage, 6 des 24 espèces de chiroptères identifiés en Wallonie sont représentées.

Les échantillons ont été testés par qRT-PCR ciblant les genres lyssavirus et flavivirus. Tous les résultats des qRT-PCR pan-lyssavirus étaient négatifs et, par conséquent, aucun échantillon n'a été transmis au LNR (Sciensano) pour confirmation. Il est important de souligner que la cause principale de mortalité de ces chauves-souris était d'origine traumatique et qu'aucun cas suspect (tableau nerveux ou comportement anormal) n'a été rapporté. Pour trois pipistrelles (W22-647, W22-743 et W22-746) les qRT-PCR flavivirus étaient positives. Ces échantillons ont été conservés et seront séquencés. Une seule analyse SARS-CoV-2 a été réalisée sur l'échantillon W22-657 (résultat négatif) et les analyses 'pan-Coronavirus' seront finalisées en 2023.

AUTOPSIES CHIROPTERES 2021 (analyses réalisées en 2022)

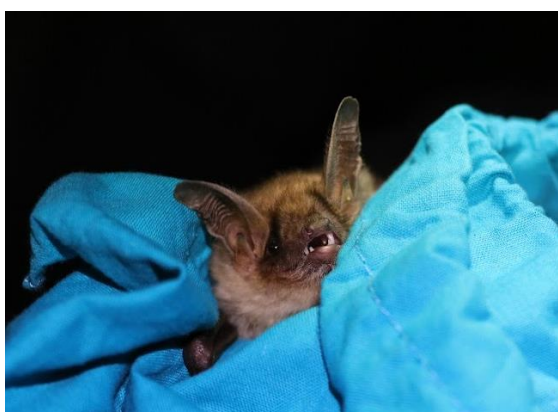
	Référence	Date autopsie	Animal	Commune	CP	Province	Centre de collecte (congélateur)	Cause de la mort ou de l'euthanasie
1	W21-580	23-09-22	Oreillard gris	Hotton	6990	Luxembourg	CREAVES Hotton	Traumatique
2	W21-581	23-09-22	Oreillard gris	Rhode-Saint-Genèse	1640	Bruxelles capitale	LRBPO	Traumatique
3	W21-582	23-09-22	Pipistrelle commune	Saint Gilles	1060	Bruxelles capitale	LRBPO	Traumatique
4	W21-583	03-11-22	Pipistrelle commune	Etterbeek	1040	Bruxelles capitale	LRBPO	Traumatique
5	W21-584	03-11-22	Pipistrelle commune	Kraainem	1950	Bruxelles capitale	LRBPO	Traumatique
6	W21-585	03-11-22	Pipistrelle commune	Sombrefe	5140	Namur	LRBPO	Traumatique
7	W21-586	03-11-22	Oreillard gris	Hotton	6990	Luxembourg	CREAVES Hotton	Traumatique
8	W21-587	03-11-22	Pipistrelle commune	Seneffe	7180	Hainaut	LRBPO	Traumatique
9	W21-588	03-11-22	Pipistrelle commune	Schaerbeek	1030	Bruxelles capitale	LRBPO	Traumatique

AUTOPSIES CHIROPTERES 2022 :

	Référence	Date autopsie	Animal	Commune	CP	Province	Centre de collecte (congélateur)	Cause de la mort ou de l'euthanasie
1	W22-532	06-07-22	Oreillard roux	Theux	4910	Liège	CREAVES Theux	Traumatique
2	W22-647	02-08-22	Sérotine	Manhay	6960	Luxembourg	CREAVES Theux	Traumatique
3	W22-657	05-08-22	Pipistrelle commune	Sy	4190	Ferrières	CREAVES Theux	Traumatique
4	W22-742	23-09-22	Noctule commune	Visé	4600	Liège	CREAVES Theux	Traumatique
5	W22-743	23-09-22	Pipistrelle commune	Huy	4500	Liège	CREAVES Andenne	Traumatique
6	W22-746	20-10-22	Pipistrelle commune	Sivry-Rance	6470	Thuin	Thuin	Indéterminé
7	W22-749	20-10-22	Pipistrelle commune	Vielsalm	6690	Vielsalm	CREAVES Theux	Traumatique
8	W22-763	03-11-22	Pipistrelle commune	Trooz	4870	Liège	CREAVES Theux	Métabolique
9	W22-764	03-11-22	Pipistrelle commune	Plombières	4852	Eupen	CREAVES Theux	Métabolique
10	W22-765	03-11-22	Pipistrelle commune	Theux	4910	Liège	CREAVES Theux	Traumatique
11	W22-766	03-11-22	Grand Murin	Aywaille	4920	Liège	CREAVES Theux	Parasitaire
12	W22-813	15-11-22	Pipistrelle commune	Chaufontaine	4050	Liège	CREAVES Theux	Traumatique

En conclusion, l'échantillonnage 2022 est faible et ne concerne que les chauves-souris récoltées dans les CREAVES impliqués dans le projet-pilote. Cette première année a permis d'optimiser les techniques de conservation des échantillons avant les analyses. Néanmoins, ce travail préliminaire a mis en évidence les difficultés de créer un réseau de collecte et les biais d'échantillonnage. Par conséquent, outre la mise au point des outils moléculaires, les étapes de terrain doivent être améliorées. Il est nécessaire d'étendre la collaboration au-delà des CREAVES du projet-pilote et de systématiser les prélèvements.

En ce qui concerne les prélèvements sur chauves-souris vivantes, les premiers échantillons ont été collectés en 2023. Ils ont été réalisés lors de séances de captures avec les membres de l'asbl Plecotus et la collaboration avec l'équipe GeCoLab va permettre d'en récolter d'avantage.



3. 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'Organisation mondiale de la santé animale (OMSA) le 21/12/2020.

En 2022, le centre de Virton est resté fonctionnel et les analyses sur sangliers ont été maintenues en Wallonie. Du 01 janvier au 31 décembre 2022, 128 sangliers ont été autopsiés et prélevés, dont 108 dans les anciennes zones PPA et 20 dans le reste de la Wallonie. Les échantillons ont été envoyés au laboratoire national de référence (Sciensano) pour les analyses virologiques. Le tableau ci-dessous détaille les résultats 2022 des analyses virologiques PPA en fonction du contexte de mort des sangliers (trouvés morts ou détruits) dans les anciennes zones PPA. Pour le reste de la Wallonie, les analyses ont été maintenues sur des sangliers trouvés morts et pour lesquels l'origine de la mort était inconnue. En 2022, tous les sangliers analysés en Wallonie étaient vironégatifs.

3.1. Résultats des analyses virologiques 2022

A partir d'octobre 2021, les autorités régionales ont modifié l'intitulé des zones : l'ancienne zone infectée est devenue zone de surveillance et les anciennes zones en périphérie sont devenues zones d'observation.

Tableau 3 :
Analyses virologiques PPA réalisées en 2022 dans les anciennes Zones I et II.

	ASF +	ASF -	Not applicable / Not valid	Total
Culled		101		101
Found dead		1		1
Night shot		-		-
Road casualty		5		5
Sanitary shot		1		1
Trapped		-		-
Total		108		108

Échantillons traités en 2022 dans les anciennes zones PPA, n = **108**

- ⇒ Détruits, accidentés ou abattu pour raisons sanitaires : 107
- ⇒ Trouvé mort : 1 carcasse entière retrouvée en avril 2022
 - ⇒ **1** « carcasse entière » (catégories 1 à 3)
 - ⇒ **0** « ossements » (catégories 4 et 5)
 - ⇒ « envoyé et analysé » : -
 - ⇒ « envoyé et non analysé » : -
 - ⇒ « non envoyé » : -

3.2. Résultats des analyses sérologiques 2022

L'équipe du Service Faune sauvage a maintenu l'enquête sérologique PPA initiée dans la convention AGRI-PPA. La détection d'anticorps anti PPA signe des animaux qui ont été en contact avec le virus, c'est-à-dire des animaux qui auraient été exposés à une dose trop faible que pour engendrer des signes cliniques mais suffisante pour déclencher une réponse immune, ou qui feraient partie du faible pourcentage d'animaux survivants à la maladie.

Pour rappel, avant de lancer l'enquête, une étude préalable a été réalisée afin de valider la méthodologie. Il a fallu vérifier que (1) l'inactivation des échantillons sanguins n'altérait pas le dosage des Ac, (2) l'altération des sérums liée à l'autolyse *post mortem* ne modifiait pas l'analyse des Ac et (3) des jus d'organes (rates et reins) pouvaient être utilisés pour détecter des Ac en lieu et place des sérums si ces derniers n'étaient pas prélevés sur les carcasses.

Au cours de la période 2019-2022, 1804 échantillons ont été prélevés dans les anciennes zones ZI et ZOR. Aucun échantillon provenant de la ZOR ne contenait d'anticorps anti-PPA ce qui suggère qu'aucun des sangliers testés n'avait été infecté par le virus de la PPA. Ces analyses sérologiques en périphérie des zones infectées, réalisées en parallèle aux analyses moléculaires, augmentent la sensibilité de la surveillance dans les zones non infectées.

Tous les échantillons testés anticorps positifs provenaient de la zone infectée et la cinétique humorale montre une décroissance nette de 2019 à 2022 avec 34 échantillons positifs (en 2019) puis 5 et 1 (en 2020 et 2021) et enfin aucun échantillon positif détecté sur les 62 prélevés en 2022.

Tableau 4 : Prélèvements réalisés en ZI et ZOR pour l'enquête sérologique de 2019 à 2022.

	Séro + (ZI)	Séro -	Douteux	Total ZI + ZOR
2019	34 (18 s ; 16 r)	837 (381 s ; 455 r ; 1 re)	2 (1 s ; 1 r)	873
2020	5 (1 s ; 4 r)	644 (55 s ; 589 r)	1 (1 r)	650
2021	1 (1 r)	218 (20 s ; 195 r ; 3 re)		219
2022		62 (44 s ; 18 r)		62
Total	40 (19 s ; 21 r)	1761 (500 s ; 1257 r ; 4 re)	3 (1 s ; 2 r)	1804

s : sang / r : rate / re : rein.

4. Maladies émergentes et veille sanitaire

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 peut avoir un impact sur la faune sauvage, les animaux domestiques et/ou la santé humaine.

Pour remplir cet objectif, l'équipe ULiège 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.

4.1. Mycobactéries

4.1.1. *Mycobacterium avium paratuberculosis*

4.1.1.1. 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 sub-adultes (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 oro-fécale (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 de la maladie est d'ailleurs plus précoce chez les faons (avec une évolution très aiguë de la maladie 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).

4.1.1.2. Outils de diagnostic

L'extraction de l'ADN total des différentes matrices considérées (tissus et/ou matières fécales) est réalisée à l'aide du kit Nucleospin® DNA stool ou Nucleospin® tissue (Macherey-Nagel). 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 communément 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 par qPCR MAP. Les amorces et sondes (Integrated DNA Technologies) utilisées pour cette expérience 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).

4.1.1.3. Analyses *Map* réalisées en 2022

Au total, 74 analyses *Map* ont été réalisées en 2022 sur base de lésions suggestives à l'autopsie. Parmi ces analyses, 11 résultats étaient positifs et concernaient des cervidés (11 cas positifs sur 30 cervidés analysés). Concernant les autres espèces analysées, il n'y a aucun cas positif. Le tableau suivant montre l'intérêt des tirs sanitaires qui permettent d'éliminer des animaux susceptibles de contaminer les congénères.

Tableau 5 : Cas positifs de *Mycobacterium avium subsp. paratuberculosis* mis en évidence au cours de l'année 2022 par qPCR (n = 11).

Référence	Genre	Lieu de tir/découverte (Commune – CP)	Date de tir/découverte
Animaux trouvés morts			
W22-005	Cervus	Fellenne (Beauraing – 5570)	25-01-22
W22-006	Capreolus	Maraifagne (Theux – 4910)	25-01-22
W22-326	Capreolus	Orval (Florenville – 6820)	18-04-22
W22-364	Capreolus	Lomré (Gouvy – 6674)	27-04-22
Achèvements sanitaires			
W22-103	Cervus	Our (Paliseul - 6852)	08-03-22
W22-292	Cervus	Chevron (Stoumont - 4987)	10-04-22
W22-526	Capreolus	Sivry (Etalle - 6740)	27-06-22
W22-648	Cervus	Möderscheid (Amblève - 4770)	02-08-22
W22-674	Cervus	Libin (Libin - 6890)	28-04-22
W22-818	Cervus	Lomré (Gouvy - 6674)	01-11-22
W22-822	Cervus	Theux (Theux - 4910)	20-11-22

4.1.2. *Mycobacterium avium* spp. *avium* et *Mycobacterium avium* spp. *hominissuis*

4.1.2.1. Contexte

La tuberculose aviaire est une zoonose affectant les oiseaux, les mammifères et - sous une forme opportuniste - les humains immunodéprimés. La maladie est causée par la bactérie *Mycobacterium avium* spp. *avium* (*Maa*). Les voies d'infections classiques de *Maa* sont le tube digestif et les voies respiratoires. Les manifestations cliniques comprennent : émaciation et diarrhée, ainsi que la formation de granulomes caséux avec des calcifications possibles dans le foie, la rate, l'intestin et la moelle osseuse. Une fois l'hôte infecté, *Maa* peut persister durablement et est difficile à éradiquer en raison de l'état de portage chronique et de l'excrétion continue de *Maa* par les individus infectés. Chez le cerf, l'infection à *Maa* provoque des lésions purulentes, caséuses ou granulomateuses qui sont principalement présentes dans les ganglions lymphatiques rétro-pharyngés et les ganglions lymphatiques drainant le tractus intestinal (mésentérique et iléo-caecal), ce qui correspond à la voie féco-orale de l'infection. Les lésions granulomateuses sont macroscopiquement et histologiquement identiques aux lésions causées par *Mycobacterium bovis*. Cette maladie peut avoir un impact économique important dans les élevages aviaires.

Pareillement, *M avium* spp. *hominissuis* (*Mah*) est un pathogène ubiquitaire, faiblement virulent, opportuniste pour les animaux et les humains. A l'instar de *Maa*, *Mah* peut provoquer une infection systémique grave chez des patients immunodéprimés, tels que ceux infectés par le VIH. En outre, cet agent pathogène opportuniste peut provoquer une lymphadénite cervicale chez les enfants atteints de fibrose kystique et des infections pulmonaires chez les patients présentant une maladie pulmonaire sous-jacente. Chez les animaux, *Mah* est une cause de lymphadénite au niveau des ganglions céphaliques et des ganglions lymphatiques mésentériques et peut également entraîner une infection

systémique des organes parenchymateux. *Mah* a également été retrouvé chez des cerfs d'Autriche au niveau des ganglions lymphatiques (Glawischnig *et al.*, 2006).

4.1.2.2. Outils de diagnostic

L'ADN extrait est soumis à une PCR en temps réel sous TaqMan, réalisée en duplex pour la détection des loci IS901 et IS1245, permettant la discrimination entre *Mycobacterium avium* spp. *avium* (IS901+ et IS1245+) et *Mycobacterium avium* spp. *hominis* (IS901- et IS1245+) (Slana *et al.*, 2010). Le niveau de β -Actine est également mesuré comme contrôle interne. Les amorces et sondes (Integrated DNA Technologies) utilisées pour cette expérience sont décrites ci-dessous.

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 μ l) comprend 1X qPCRBIO Probe Mix Hi-ROX (Nippon Genetics), des 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).

4.1.2.3. Analyses *Maa/Mah* réalisées en 2022

Au total, 74 animaux (cervidés, blaireaux, oiseaux et hérissons) ont été analysés par qPCR en 2022. Parmi ces derniers, aucun cas positif n'a été mis en évidence.

4.1.3. *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 (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 2022 dans le cadre du suivi WildTub sont détaillées en annexe (point 8.1).

4.2. *Echinococcus multilocularis*

4.2.1. Contexte

En Europe, le renard et d'autres carnivores peuvent être porteurs asymptomatiques d'un parasite (*Echinococcus multilocularis*) dans l'intestin et excréter des œufs via leurs matières fécales. Pour le détail de la pathologie parasitaire, voir rapport 2020.

Dans un contexte 'One Health', le Service Faune sauvage travaille en collaboration avec les équipes du CHU (EchinoLiège.be). Les objectifs sont de déterminer la prévalence d'*E. multilocularis* chez des renards provenant de différentes régions de Wallonie et de comparer les résultats entre zones péri-urbaines et agricoles.

Pour atteindre ces objectifs, des prélèvements devront être réalisés pendant plusieurs années pour obtenir un échantillonnage représentatif de la population vulpine en Wallonie.

Cette étude d'envergure permettra 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 sera également préconisée dans les zones à risque. 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). Ces techniques de vermifugation des carnivores sauvages restent toutefois onéreuses, difficiles à mettre en oeuvre et nécessitent d'être répétées à intervalles réguliers.

4.2.2. Outils de diagnostic

La technique de détection est une PCR en temps réel dirigée contre la grande sous-unité d'ARN ribosomal d'*Echinococcus multilocularis* (Knapp *et al.*, 2014). 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 et des matières fécales de renards (un protocole similaire a été testé sur une cinquantaine de renards à partir d'écouvillons réalisés par frottis, mais ces derniers ne conduisent pas à des résultats concluants). L'ADN extrait est ensuite soumis à une PCR en temps réel, réalisée sous TaqMan, en duplex pour la présence de la grande sous-unité d'ARN ribosomal d'*Echinococcus multilocularis* et le niveau de β -Actine.

Les amorces et sondes (Integrated DNA Technologies) utilisées pour cette expérience 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 μ l) comprend 1X qPCRBIO Probe Mix Hi-ROX (Nippon Genetics), des amorces (0,375 μ M), des 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).

4.2.3. Analyses réalisées en 2022

Au total, 550 analyses ont été réalisées en 2022 et elles ont concerné 187 ragondins, 184 rats musqués et 27 rats surmulots (voir pt 2.1. Rongeurs) ainsi que 117 renards, 34 ratons laveurs et 1 loup gris d'Amérique (provenant d'un parc). Ce dernier était positif pour *Echinococcus multilocularis*. Certaines analyses n'ont pas pu être finalisées (n = 75).

4.2.3.1. Renards

Au total, 117 renards ont été autopsiés en 2022. Sur l'ensemble des renards testés par qPCR, 28,2 % (33/117) étaient porteurs du parasite.

Les renards étant transmis au service Faune sauvage sur base volontaire (par des agents forestiers ou des chasseurs) ou via les centres de revalidation (CREAVES), l'échantillonnage n'est pas représentatif de la population vulpine en Wallonie.

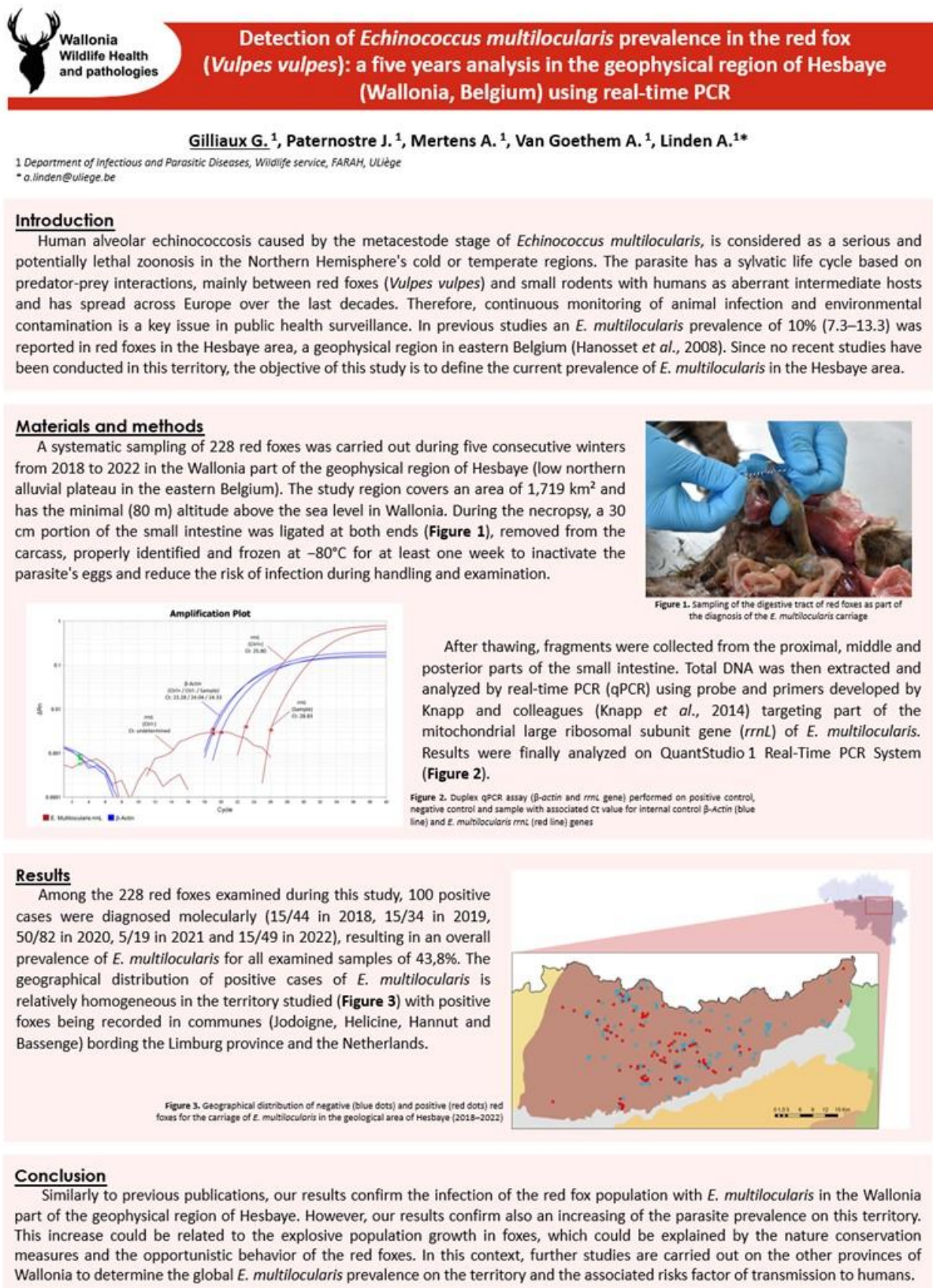
Tableau 6 : Renards analysés pour *Echinococcus multilocularis* en 2022.

Commune (CP)	Renards trouvés morts (n positifs)	Renards détruits ou achevés (n positifs)	Renards provenant de CREAVES (n positifs)
Arlon (6700)	-	1	-
Aubange (6790)	-	1	-
Awans (4340)	1	-	-
Baelen (4837)	1	-	-
Bastogne (6600)	1 (1)	-	-
Braine-l'Alleud (1420)	-	-	1
Braives (4260)	-	6 (1)	-
Bullange (4760)	1	1 (1)	-
Burdinne (4210)	-	2 (1)	-
Burg-Reuland (4790)	-	3 (2)	-
Charleroi (6000)	-	-	1
Chaufontaine (4050)	1	1	-
Ciney (5590)	-	1	-
Clavier (4560)	1	-	-
Courcelles (6180)	-	-	1 (1)
Court-Saint-Etienne (1490)	-	-	1
Dison (4820)	-	-	1
Donceel (4357)	-	1	-
Eghezée (5310)	-	1 (1)	-
Faimes (4317)	-	1	-
Fernelmont (5380)	-	5 (3)	-
Fexhe-le-Haut-Clocher (4347)	-	2	-
Fléron (4620)	1	-	-
Geer (4250)	-	1	-
Gesves (5340)	1	-	-

Gouvy (6670)	2 (2)	-	-
Hannut (4280)	-	1	-
Hélécine (1357)	-	2	-
Herbeumont (6887)	-	-	1
Herstal (4040)	1	-	2
Houffalize (6660)	1 (1)	-	-
Ittre (1460)	-	-	1
Jalhay (4845)	1	-	-
Jodoigne (1370)	-	10 (2)	-
La Roche-en-Ardenne (6980)	-	1 (1)	-
Liège (4000)	2	1	-
Malmedy (4960)	-	-	1
Meix-devant-Virton (6769)	1	-	-
Namur (5000)	-	2 (1)	-
Oreye (4360)	-	1	-
Orp-Jauche (1350)	-	3 (2)	-
Pepinster (4860)	-	1	-
Ramillies (1367)	-	9 (4)	-
Rendeux (6987)	2	2 (1)	-
Rixensart (1330)	-	-	1
Rochefort (5580)	1 (1)	-	-
Rouvroy (6767)	1	-	-
Saint-Hubert (6870)	1	-	-
Saint-Vith (4780)	2 (1)	-	-
Soumagne (4630)	1 (1)	-	-
Spa (4900)	-	-	1
Sprimont (4140)	1	-	-
Tenneville (6970)	1 (1)	1 (1)	-
Theux (4910)	1	-	1
Thuin (6530)	-	1	-
Verviers (4800)	-	-	1 (1)
Vielsalm (6690)	1	-	-
Villers-le-Bouillet (4530)	-	1	-
Virton (6760)	1	-	-
Waimes (4950)	-	1 (1)	-
Wanze (4520)	-	-	1
Wasseiges (4219)	-	1	-
Waterloo (1410)	-	-	2
Woluwe-Saint-Pierre (1150)	-	-	1
n.c.	-	-	4 (1)
	30 (8)	65 (22)	22 (3)

Une partie des résultats Echinococcus/renards a été présentée lors du congrès de la Belgian Wildlife Disease Society à Utrecht en octobre 2022. Le poster est présenté page suivante.

Figure 2 : Poster de présentation des résultats Echinococcus/renards.



4.2.3.2. Ratons laveurs

En 2022, 34 ratons laveurs ont été testés. Seul un individu était porteur d'œufs d'*Echinococcus multilocularis*.

Pour information, *Baylisascaris procyonis* ne faisant pas l'objet d'un chapitre individualisé dans ce rapport, les résultats sont résumés ici : sur les 70 ratons laveurs de 2022, 51 ont été analysés, ils étaient tous négatifs. Le reste de la cohorte sera analysé prochainement.

Tableau 7 : Ratons laveurs analysés pour *Echinococcus multilocularis* en 2022.

Commune (CP)	R-laveurs trouvés morts (n positifs)	R-laveurs détruits ou achevés (n positifs)	R-laveurs provenant de CREAVES (n positifs)
Chaufontaine (4050)	-	1	-
Etalle (6740)	-	1	-
Florenville (6820)	1	-	-
Genappe (1470)	-	-	1
Habay-la-Neuve (6720)	-	2	-
Hotton (6990)	-	-	1
Jalhay (4845)	-	2	-
Messancy (6780)	-	2	-
Namur (5000)	-	8	-
Nassogne (6950)	-	3 (1)	-
Ouffet (4590)	-	1	-
Saint-Hubert (6870)	-	1	-
Sprimont (4140)	-	1	-
Tenneville (6970)	-	8	-
Vielsalm (6690)	-	1	-
	1	31 (1)	2

4.3. 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. 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 CREAVES (voir Annexe 6.3). Tout évènement suspect 'AI' est transféré au LNR (contact : Dr B. Lambrecht).

Le tableau récapitulatif des prélèvements (n = 300) effectués en 2022 par le Service Faune sauvage est présenté page suivante. Tous les prélèvements étaient négatifs pour les **HPAI H5 et H7**.

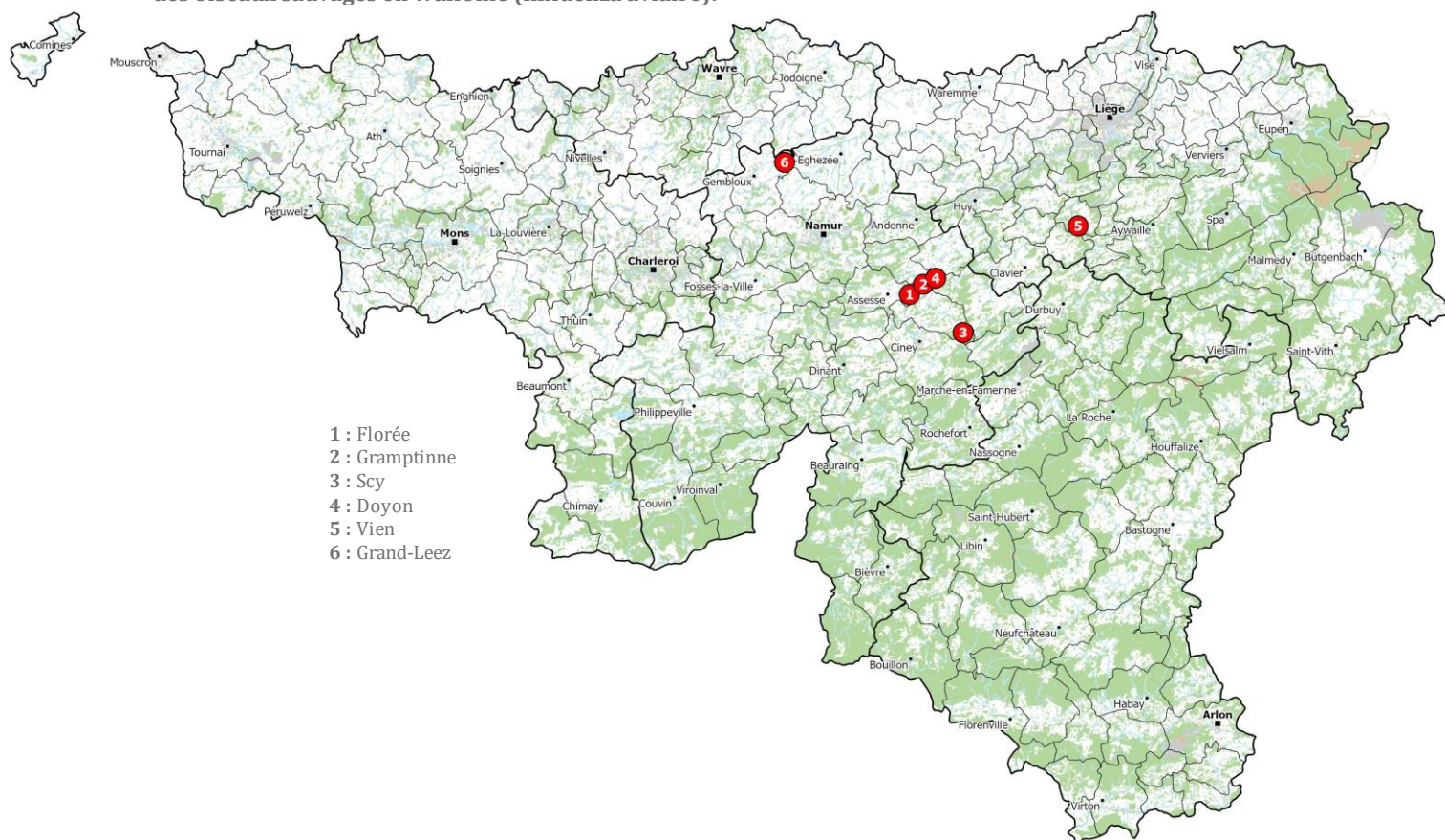
Tableau 8 :
Prélèvements cloacaux effectués sur oiseaux d'eau abattus en période de chasse sur 6 territoires / n = 300.

Date	Territoire (Commune – CP)	Coordonnées GPS du territoire	Canard colvert	Autres	Total	Nombre de pool positif - LPAI		
						H5	H7	Non H5 Non H7
28/08/22	Florée (Assesse – 5334)	N 50° 22' 38.77" E 04° 04' 07.74"	30	0	30	0	0	0
23/09/22	Gramptinne (Gesves – 5364)	N 50° 22' 50" E 05° 06' 32"	29	0	29	0	0	0
06/10/22	Scy (Hamois – 5361)	N 50° 18' 23.9" E 05° 12' 38.0"	30	0	30	0	0	0
07/10/22	Doyon (Havelange – 5370)	N 50° 23' 46" E 05° 08' 31"	30	0	30	0	0	0
30/10/22	Vien (Anthisnes – 4160)	N 50° 28' 32.84 E 05° 29' 45.02	31	0	31	0	0	0
15/11/22	Doyon (Havelange – 5370)	N 50° 23' 46" E 05° 08' 31"	50	0	50	0	0	0
27/11/22	Grand-Leez (Perwez – 5031)	N 50° 34' 55" E 04° 45' 55"	30	6	36	0	0	3
09/11/23	Grand-Leez (Perwez – 5031)	N 50° 34' 55" E 04° 45' 55"	55	9	64	0	0	3
			285	15	300			

Autres :

5 Bernaches du Canada, 5 Sarcelles d'hiver, 4 Ouettes d'Égypte, 1 Grand Cormoran.

Figure 3 :
Répartition des territoires sur lesquels des prélèvements ont été réalisés dans le cadre du monitoring actif des oiseaux sauvages en Wallonie (Influenza aviaire).



4.4. SARS-CoV-2 au sein d'espèces sauvages susceptibles

Le projet SARS-CoV-2 en collaboration avec le DEMNA, les différents CREAVES et le Service Faune sauvage de la FMV a été maintenu en 2022.

Les raisons qui nous ont incités à démarrer cette étude sont rappelées ci-dessous

Extrait du rapport 2021 - Depuis le début de la pandémie de COVID-19, de nombreuses études se sont intéressées à la sensibilité vis-à-vis du SARS-CoV-2 de diverses espèces animales domestiques mais également sauvages. Des infections (expérimentales et naturelles) ont été constatées chez des canidés, chiroptères, félidés, mustélidés, primates non-humain, scandentien, pholidote, chlamyphoridés, hippopotamidés, procyonidés, viverridés, mephitidés, rongeurs, lagomorphes et ruminants. Or, l'établissement de cet agent pathogène humain dans une population animale pourrait mener à l'établissement d'un réservoir viral, capable d'évoluer indépendamment et constituer une source de réinfection humaine qui compromettrait les efforts réalisés par les services de santé publique. À cet égard, le transfert dans une population animale sauvage est particulièrement à craindre étant donné les difficultés liées à son contrôle et le risque élevé d'apparition de nouvelles souches. C'est dans ce cadre que la FAO, l'OMSA et l'OMS ont publié une déclaration commune pour promouvoir la surveillance de la faune sauvage et encourager l'échantillonnage des animaux sauvages connus pour être potentiellement sensibles au SARS-CoV-2.

En Europe, la surveillance des populations sauvages a permis de détecter des infections par le SARS-CoV-2 sur des mustélidés sauvages en Espagne, plus précisément sur une loutre d'Europe (*Lutra lutra*) présentant un syndrome respiratoire aigu et sur deux visons américains (*Neovison vison*). En France, il a été observé une séroconversion de trois martres des pins (*Martes martes*) et deux blaireaux d'Europe (*Meles meles*). Parallèlement, de nombreuses études de surveillance programmée ciblant rongeurs, carnivores, suidés et ruminants sauvages ont été réalisées à travers l'Europe et ont menées à des résultats négatifs.

Dans le reste du monde, la découverte la plus importante concernant SARS-CoV-2 en faune sauvage reste la mise en évidence d'une exposition du Cerf de Virginie (*Odocoileus virginianus*), ce dernier étant sensible à l'infection et capable de transmettre le virus à ses congénères en milieu naturel. Plus récemment, des détectations de SARS-CoV-2 chez le cerf mulot (*Odocoileus hemionus*) ont été signalées aux États-Unis et au Canada

Ces résultats incitent à maintenir la surveillance de la faune sauvage vis-à-vis du SARS-CoV-2. Selon le dernier rapport de l'ECDC (janvier 2023), cette surveillance de la faune sauvage est recommandée sur les animaux susceptibles trouvés morts (en particulier les carnivores) et les animaux présentant des signes respiratoires. Dans le contexte de la persistance du virus dans la population de cerfs de Virginie, la surveillance des espèces de cervidés européens, en particulier celle du chevreuil et du cerf élaphe, est recommandée. Il en est de même pour les mustélidés et les canidés sauvages (par exemple, le renard qui s'est avéré susceptible dans une étude expérimentale). Notons enfin qu'il serait nécessaire d'examiner le rôle possible des chauves-souris dans le contexte européen, en particulier celles appartenant à la famille des Rhinolophes.

4.4.1. Surveillance passive ou évènementielle - CREAVES

En 2022, 23 animaux ont été prélevés et analysés, 9 via un sampling systématique dans les CREAVES avant relâché (écouvillons oro-pharyngé et rectaux) et 12 via un sampling *post-mortem* (écouvillon oro-pharyngé, matières fécales, duodénum, poumons, rate, moelle osseuse et amygdales). Les analyses qRT-PCR SARS-CoV-2 se sont toutes révélées négatives pour ces échantillons. Voir tableau ci-dessous.

Tableau 9 : CREAVES – Surveillance SARS-CoV-2 2022

N°	Référence	Date d'entrée au centre	Date de prélèvement	Date de résultats	Espèce	Animal	Sexe	Age	Commune de découverte	CREAVES	qPCR SARS-CoV-2 Ec. Oro-pharyngé	qPCR SARS-CoV-2 Ec. Matière fécale	Sérologie SARS-CoV-2	qPCR SARS-CoV-2 éch. Post-mortem	Commentaires
1	CR-027	03-01-22	14-02-22	21-02-22	<i>Pipistrellus sp.</i>	Pipistrelle	nd	Adulte	Esneux	Theux	nég	nég	nr	-	
2	W22-380	08-04-22	03-05-22	17-08-22	<i>Mustela erminea</i>	Hermine	F	Juvenile	Hotton	Hotton	-	-	-	nég	-
3	W22-381	16-04-22	03-05-22	17-08-22	<i>Mustela erminea</i>	Hermine	F	Juvenile	Andenne	Hotton	-	-	-	nég	-
4	W22-382	nd	03-05-22	17-08-22	<i>Mustela erminea</i>	Hermine	F	Juvenile	Andenne	Hotton	-	-	-	nég	-
5	W22-383	nd	03-05-22	17-08-22	<i>Mustela erminea</i>	Hermine	M	Juvenile	Andenne	Hotton	-	-	-	nég	-
6	CR-028	13-05-22	24-05-22	29-05-22	<i>Martes foina</i>	Fouine	F	Juvenile	Genappe	Ottignies	nég	nég	-	-	Relâché autorisé
7	W22-514	22-05-22	17-06-22	17-08-22	<i>Martes foina</i>	Fouine	M	Juvenile	nd	Hotton	-	-	-	nég	-
8	W22-515	11-04-22	17-06-22	17-08-22	<i>Martes foina</i>	Fouine	M	Juvenile	Libramont	Hotton	-	-	-	nég	-
9	W22-516	nd	17-06-22	17-08-22	<i>Martes foina</i>	Fouine	M	Juvenile	Rochefort	Hotton	-	-	-	nég	-
10	CR-029	11-06-22	05-07-22	08-07-22	<i>Martes foina</i>	Fouine	M	Adulte	Ottignies	Ottignies	nég	nég	nr	-	Relâché autorisé
11	W22-537	nd	07-07-22	17-08-22	<i>Vulpes vulpes</i>	Renard	F	Juvenile	Braine-l'Alleud	Bousval	-	-	-	nég	-
12	W22-540	nd	07-07-22	17-08-22	<i>Vulpes vulpes</i>	Renard	M	Juvenile	Waterloo	Bousval	-	-	-	nég	-
13	W22-542	nd	07-07-22	17-08-22	<i>Procyon lotor</i>	Raton laveur	F	Adulte	Genappe	Bousval	-	-	-	nég	-
14	CR-030	12-04-22	15-07-22	20-07-22	<i>Martes foina</i>	Fouine	M	Subadulte	Libramont	Hotton	nég	nég	nr	-	Relâché autorisé
15	CR-031	12-04-22	15-07-22	20-07-22	<i>Martes foina</i>	Fouine	M	Subadulte	Libramont	Hotton	nég	nég	nr	-	Relâché autorisé
16	CR-032	09-05-22	15-07-22	20-07-22	<i>Martes foina</i>	Fouine	M	Subadulte	Virton	Hotton	nég	nég	nr	-	Relâché autorisé
17	CR-033	08-08-22	12-08-22	17-08-22	<i>Mustela putorius</i>	Putois	M	Subadulte	Braive	Andenne	nég	nég	nr	-	Relâché autorisé
18	W22-657	05-08-22	16-08-22	17-08-22	<i>Pipistrellus sp.</i>	Pipistrelle	M	Adulte	Ferrière	Theux	-	-	-	nég	-
19	W22-668	12-08-22	24-08-22	31-08-22	<i>Meles meles</i>	Blaireau européen	F	Adulte	Bièvre	Hotton	-	-	-	nég	-
20	W22-669	15-08-22	24-08-22	31-08-22	<i>Procyon lotor</i>	Raton laveur	F	Adulte	Hotton	Hotton	-	-	-	nég	-
21	CR-034	mai-22	26-09-22	28-09-22	<i>Meles meles</i>	Blaireau européen	F	Adulte	Hotton	Hotton	nég	nég	nr	-	Relâché autorisé
22	CR-035	19-10-22	09-11-22	10-11-22	<i>Martes foina</i>	Fouine	F	Adulte	Floreffe	Namur	nég	nég	nr	-	Relâché autorisé
23	CR-036	12-11-22	14-11-22	21-11-22	<i>Mustela nivalis</i>	Belette	F	Adulte	Hotton	Hotton	-	nég	nr	-	Relâché autorisé

Référence : soit mort après avoir séjourné dans un CREAVES (Réf W22-), soit vivant dans un CREAVES en attente d'être relâché (Réf CR-)
nd : non documenté – nr : non réalisé.

4.4.2. Surveillance passive ou évènementielle – Animaux trouvés morts ou abattus

Des analyses ont également été réalisées dans le cadre de la surveillance évènementielle de carnivores sauvages trouvés morts, achevés ou ayant fait l'objet de tir de destruction. Dans ce cadre, un sampling *post-mortem* (écouvillons oro-pharyngés et rectaux) a été réalisé. Au total, 34 animaux (10 rats laveurs et 24 renards) ont pu être prélevés. Les analyses qRT-PCR SARS-CoV-2 se sont toutes révélées négatives.

Parallèlement, une étude sérologique a également été réalisée sur 42 échantillons de renards : 24 sérums (provenant des individus inclus dans le protocole qPCR) et 18 rates supplémentaires. Les analyses sérologiques se sont toutes révélées négatives pour ces échantillons.

5. Collaborations et analyses mises en œuvre dans les CREAVES

Les nouvelles activités réalisées dans les CREAVES sont détaillées en annexe (point 8.2).

6. Etudes & 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 2022, le Service Faune sauvage a transmis 80 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 (point 8.4).

7. Publications et conférences

Publications

Palencia P., Blome S., Brook RK., Ferroglio E., Yeong-Seok J., Linden A., Montoro V., Penrith M-L., Plhal R., Vicente J., Viltrop A., Gortazar C. (2023).

Tools and opportunities for African swine fever control in wild boar and feral pigs: a review.

European Journal of Wildlife Research (2023), 69:69.

European Journal of Wildlife Research (2023) 69:69
<https://doi.org/10.1007/s10344-023-01696-w>

REVIEW

Tools and opportunities for African swine fever control in wild boar and feral pigs: a review

Pablo Palencia^{1,2} · Sandra Blome³ · Ryan K. Brook⁴ · Ezio Ferroglio² · Yeong-Seok Jo⁵ · Annick Linden⁶ · Vidal Montoro¹ · Mary-Louise Penrith⁷ · Radim Plhal⁸ · Joaquín Vicente¹ · Arvo Viltrop⁹ · Christian Gortázar¹

Abstract

The native Eurasian wild boar (*Sus scrofa*) is a relevant wildlife host for African swine fever (ASF) virus, contributing to infection maintenance and spread and representing a challenge for disease control. Combining published scientific evidence with expert opinion, we provide an updated global overview of ASF control in wild boar and feral pigs in different epidemiological scenarios. We synthesize current knowledge on key background aspects of wild boar ecology and management and on ASF epidemiology in wild boar and their relative, the feral pig. We propose that establishing a proper surveillance and monitoring scheme is a requisite for disease control in wildlife and that ASF and wild boar should be monitored in an integrated way, considering the changes in the host population as well as the spatial spread and temporal distribution of disease indicators, to make possible a critical assessment of the impact of interventions. The main body of the manuscript reviews the intervention options and ASF control attempts and their outcomes in different epidemiological situations from peacetime to endemicity. Current ASF control in wild boar relies on three essential tools: carcass destruction, wild boar culling, and fencing. The experience gained since the onset of the ongoing ASF pandemic shows that certain combinations of interventions can slow down ASF spread and eventually succeed in ASF eradication in wild boar, at least after point introductions. Several strengths and weaknesses of these strategies are identified.

Licoppe A., De Waele V., Malengreaux C., Paternostre J., Van Goethem A., Desmecht D., Herman M., Linden A. (2023)

Management of a Focal Introduction of ASF Virus in Wild Boar : The Belgian Experience.

Pathogens 2023, 12, 152.



Article

Management of a Focal Introduction of ASF Virus in Wild Boar: The Belgian Experience

Alain Licoppe^{1,*}, Valérie De Waele¹, Céline Malengreaux¹, Julien Paternostre², Amaury Van Goethem², Daniel Desmecht², Marc Herman¹ and Annick Linden²

Abstract: African swine fever (ASF) is a fatal disease of suids that was detected in wild boar in Belgium in September 2018. The measures implemented to stop the spread and eliminate the African swine fever virus consisted of creating restriction zones, organising efficient search and removal of carcasses, constructing wire fences, and depopulating wild boar in the area surrounding the infected zone. The ASF management zone included the infected and the white zones and covered 1106 km² from which 7077 wild boar have been removed. A total of 5338 wild boars have been qPCR-tested and 833 have been detected ASF-positive. The search effort amounted to 60,631 h with a main focus on the infected zone (88%). A total of 277 km of fences have been set up. The main cause of mortality in the infected zone was the virus itself, while hunting, trapping, and night shooting were used together to reduce the wild boar density in the surrounding white zones. After continuous dispersion of the virus until March 2019, the epidemic wave stopped, and the last fresh positive case was discovered in August 2019. Hence, Belgium was declared free of the disease in November 2020.

European Food Safety Authority, Banos JV., Boklund A., Gogin A., Gortazar C., Guberti V., Helyes G., Kantere M., Korytarova D., Linden A., Masiulis M., Miteva A., Neghirla I., Olsevskis E., Ostojic S. Petr S., Staubach C., Thulke H-H., Viltrop A., Wozniakowski G., Broglia A., Cortinas JA., Dhollander S., Mur L., Papanikolaou A., Van der Stede Y., Zancanaro G., Stahl K. (2022).

Epidemiological analyses of African swine fever in the European Union (September 2020 to August 2021).

EFSA Journal 2022; 20(5): e07290.



Scientific Report Open Access

Epidemiological analyses of African swine fever in the European Union

(September 2020 to August 2021)

EFSA (European Food Safety Authority) ✉ Joaquín Vicente Baños, Anette Boklund, Andrey Gogin, Christian Gortázar, Vittorio Guberti, Georgina Helyes, Maria Kantere, Daniela Korytarova, Annick Linden, Marius Masiulis, Aleksandra Miteva, Ioana Neghirla, Edvins Olševskis, Sasa Ostojic, Satran Petr, Christoph Staubach, Hans-Hermann Thulke, Arvo Viltrop, Grzegorz Wozniakowski, Alessandro Broglia, José Abrahantes Cortiñas, Sofie Dhollander, Lina Mur, Alexandra Papanikolaou, Yves Van der Stede, Gabriele Zancanaro, Karl Ståhl ... [See fewer authors](#) ^

Abstract

This report provides a descriptive analysis of the African swine fever (ASF) Genotype II epidemic in the affected Member States in the EU and two neighbouring countries for the period from 1 September 2020 to 31 August 2021. ASF continued to spread in wild boar in the EU, it entered Germany in September 2020, while Belgium became free from ASF in October 2020. No ASF outbreaks in domestic pigs nor cases in wild boar have been reported in Greece since February 2020. In the Baltic States, overall, there has been a declining trend in proportions of polymerase chain reaction (PCR)-positive samples from wild boar carcasses in the last few years. In the other countries, the proportions of PCR-positive wild boar carcasses remained high, indicating continuing spread of the disease. A systematic literature review revealed that the risk factors most frequently significantly associated with ASF in domestic pigs were pig density, low levels of biosecurity and socio-economic factors. For wild boar, most significant risk factors were related to habitat, socio-economic factors and wild boar management. The effectiveness of different control options in the so-named white zones, areas where wild boar densities have been drastically reduced to avoid further spread of ASF after a new introduction, was assessed with a stochastic model. Important findings were that establishing a white zone is much more challenging when the area of ASF incursion is adjacent to an area where limited control measures are in place. Very stringent wild boar population reduction measures in the white zone are key to success. The white zone needs to be far enough away from the affected core area so that the population can be reduced in time before the disease arrives and the timing of this will depend on the wild boar density and the required population reduction target in the white zone. Finally, establishing a proactive white zone along the demarcation line of an affected area requires higher culling efforts, but has a higher chance of success to stop the spread of the disease than establishing reactive white zones after the disease has already entered in the area.

Conférences internationales

LINDEN A. Peste porcine africaine en Belgique.
CIFMIA, Montréal, Québec, Mai 2022, virtual meeting.

LINDEN A. *ASF control in wild boars in Belgium*.
Virtual meeting organized by FAO, Rome, Italie, octobre 2020.

LINDEN A. *Crisis management in case of ASF in wild boar - Belgian example*.
Virtual meeting of the Standing Group of Experts on ASF in Europe - GF-TADs, 15th meeting (SGE ASF15), Selec, Slovaquie, mai 2020.

LINDEN A. *Belgian experience in containing ASF outbreaks in wild boar*.
Virtual meeting of the Standing Group of Experts on ASF for Asia, Tokyo, Japon, avril 2020.

LINDEN A. *ASF-WB in Belgium, one year after the emergence - Control measures and relevant data collection*.
Meeting of ASF- Cost Network, Brescia, Italie, janvier 2020.

LINDEN A. Epidemiological analyses ASF, comparison between different EU countries - working group EFSA
European Food Safety Agency, Parme, Italie, février 2020.

Conférences nationales

VAN GOETHEM A. L'échinococcose alvéolaire ,surveillance des renards roux (*Vulpes vulpes*) en Belgique.
Symposium « Journée mondiale de l'échinococcose alvéolaire », CHU de Liège, Liège, février 2023

VAN GOETHEM A. A case report of a massive botulism type C/D outbreak in avifauna in Belgium.
ANSES 2022 online workshop on Avian Botulism in wildlife. Webinar #4 – How to prevent and mitigate a botulism outbreak in wild birds ?, octobre 2022

GILLIAUX G. Agents pathogènes potentiellement transmissibles à l'homme et mesures de biosécurité sur le terrain - Projet de piégeage ragondins/ rats musqués/ surmulots.
Meeting SPW-piégeurs, Gembloux, décembre 2021

VAN GOETHEM A. Identification of *Corynebacterium ulcerans* isolated from European hedgehogs (*Erinaceus europaeus*) : an antibiotic resistance perspective.
Présentation des résultats au laboratoire national de référence pour les corynébactéries.
Visoconférence de l'Hôpital universitaire de Bruxelles, décembre 2021

VAN GOETHEM A. Identification of *Corynebacterium ulcerans* isolated from European hedgehogs (*Erinaceus europaeus*) in Wallonia and characterization of its zoonotic potential.
Poster présenté au FARAH Day, Faculté de Médecine vétérinaire ULiège, novembre 2021.

VAN GOETHEM A. Identification de *Corynebacterium ulcerans* isolé de hérissons d'Europe (*Erinaceus europaeus*) en wallonie et caractérisation de son potentiel zoonotique.
Défense du mémoire de formation doctorale, Faculté de Médecine vétérinaire ULiège, septembre 2021

VAN GOETHEM A. Potential Zoonosis in European Hedgehogs (*Erinaceus europaeus*).
Yaboumba Student, visioconférence, février 2021.

MERTENS A. Gestion cas clinique pododermatite chez un Milan noir (*Milvus migrans*).
Yaboumba Student, visioconférence, février 2021.

LINDEN A. ASF in Wild Boar, are there effective control strategies ?
Université de Namur - Séminaire "Gestion des crises sanitaires au III^e millénaire ", Namur, octobre 2020.

LINDEN A. Surveillance SARS-CoV-2 dans les CREAVES.
Meeting SPW-CREAVES, Jambes, septembre 2020.

LINDEN A. Situation épidémiologique de la peste porcine africaine au sein des populations de sangliers (*Sus scrofa*) en Belgique et mesures de gestion.
FormaVet, Namur, juin 2020

VAN GOETHEM A. Surveillance SARS-CoV-2 dans les CREAVES.
Meeting en distantiel SPW-CREAVES, juin 2020.

LINDEN A. ASF-WB in Belgium, one year after the emergence - Control measures and relevant data collection.
Congrès YABOUMBA Junior, Liège, mars 2020.

KALPERS S. African Swine Fever.
HFAA Audit DG Santé, Virton, janvier 2020.

LINDEN A. PPA - Sangliers, 16 mois après l'émergence en Wallonie - Considérations épidémiologiques.
Réunion du Conseil cynégétique, Anlier, janvier 2020.

VAN GOETHEM A. ASF-WB management in Belgium.
Meeting pour une délégation allemande, Virton, janvier 2020.