



HAL
open science

Hiérarchisation des enjeux sanitaires des amphibiens dans les espaces protégés en Franc

Margaux Bougeard

► **To cite this version:**

Margaux Bougeard. Hiérarchisation des enjeux sanitaires des amphibiens dans les espaces protégés en Franc. Médecine vétérinaire et santé animale. 2021. dumas-04104468

HAL Id: dumas-04104468

<https://dumas.ccsd.cnrs.fr/dumas-04104468v1>

Submitted on 24 May 2023

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

HIERARCHISATION DES ENJEUX SANITAIRES DES AMPHIBIENS DANS LES ESPACES PROTEGES EN FRANCE

THESE D'EXERCICE

pour obtenir le titre de
DOCTEUR VETERINAIRE

DIPLOME D'ETAT

*présentée et soutenue publiquement
devant l'Université Paul-Sabatier de Toulouse*

par

BOUGEARD Margaux, Marie-Louise, Andrée

Directeur de thèse : M. Guillaume LE LOC'H

JURY

PRESIDENT :
M. Christophe PASQUIER

Professeur à l'Université Paul Sabatier de TOULOUSE

ASSESEURS :
M. Guillaume LE LOC'H
M. Stéphane BERTAGNOLI

Maître de Conférences à l'Ecole Nationale Vétérinaire de TOULOUSE
Professeur à l'Ecole Nationale Vétérinaire de TOULOUSE

**Ministère de l'Agriculture et de l'Alimentation
ÉCOLE NATIONALE VÉTÉRINAIRE DE TOULOUSE**

Liste des directeurs/assesseurs de thèse de doctorat vétérinaire

Directeur : Professeur Pierre SANS

PROFESSEURS CLASSE EXCEPTIONNELLE

- M. **BERTAGNOLI Stéphane**, *Pathologie infectieuse*
- M. **BOUSQUET-MELOU Alain**, *Pharmacologie, thérapeutique*
- M. **BRUGERE Hubert**, *Hygiène et industrie des aliments d'origine animale*
- Mme **CHASTANT-MAILLARD Sylvie**, *Pathologie de la reproduction*
- M. **CONCORDET Didier**, *Mathématiques, statistiques, modélisation*
- M. **DELVERDIER Maxence**, *Anatomie pathologique*
- M. **ENJALBERT Francis**, *Alimentation*
- Mme **GAYRARD-TROY Véronique**, *Physiologie de la reproduction, endocrinologie*
- Mme **HAGEN-PICARD Nicole**, *Pathologie de la reproduction*
- M. **MEYER Gilles**, *Pathologie des ruminants*
- M. **SCHELCHER François**, *Pathologie médicale du bétail et des animaux de basse-cour*
- Mme **TRUMEL Catherine**, *Biologie médicale animale et comparée*

PROFESSEURS 1^{ère} CLASSE

- M. **BAILLY Jean-Denis**, *Hygiène et industrie des aliments*
- Mme **BOURGES-ABELLA Nathalie**, *Histologie, anatomie pathologique*
- Mme **CADIERGUES Marie-Christine**, *Dermatologie vétérinaire*
- M. **DUCOS Alain**, *Zootecnie*
- M. **FOUCRAS Gilles**, *Pathologie des ruminants*
- M. **GUERIN Jean-Luc**, *Aviculture et pathologie aviaire*
- M. **JACQUIET Philippe**, *Parasitologie et maladies parasitaires*
- Mme **LACROUX Caroline**, *Anatomie pathologique, animaux d'élevage*
- Mme **LETRON-RAYMOND Isabelle**, *Anatomie pathologique*
- M. **LEFEBVRE Hervé**, *Physiologie et thérapeutique*
- M. **MAILLARD Renaud**, *Pathologie des ruminants*

PROFESSEURS 2^{ème} CLASSE

- Mme **BOULLIER Séverine**, *Immunologie générale et médicale*
- M. **CORBIERE Fabien**, *Pathologie des ruminants*
- Mme **DIQUELOU Armelle**, *Pathologie médicale des équidés et des carnivores*
- M. **GUERRE Philippe**, *Pharmacie et toxicologie*
- Mme **MEYNADIER Annabelle**, *Alimentation animale*
- M. **MOGICATO Giovanni**, *Anatomie, imagerie médicale*
- Mme **PAUL Mathilde**, *Epidémiologie, gestion de la santé des élevages avicoles*
- M. **RABOISSON Didier**, *Médecine de population et économie de la santé animale*
- M. **VOLMER Romain**, *Microbiologie et infectiologie*

MAITRES DE CONFERENCES HORS CLASSE

- M. **BERGONIER Dominique**, *Pathologie de la reproduction*
- Mme **BIBBAL Delphine**, *Hygiène et industrie des denrées alimentaires d'origine animale*
- Mme **CAMUS Christelle**, *Biologie cellulaire et moléculaire*
- M. **JAEG Jean-Philippe**, *Pharmacie et toxicologie*
- M. **LYAZRHI Faouzi**, *Statistiques biologiques et mathématiques*
- M. **MATHON Didier**, *Pathologie chirurgicale*
- Mme **PALIERNE Sophie**, *Chirurgie des animaux de compagnie*
- Mme **PRIYMENKO Nathalie**, *Alimentation*

MAITRES DE CONFERENCES CLASSE NORMALE

- M. **ASIMUS Erik**, *Pathologie chirurgicale*
- Mme **BRET Lydie**, *Physique et chimie biologiques et médicales*
- Mme **BOUHSIRA Emilie**, *Parasitologie, maladies parasitaires*
- M. **CARTIAUX Benjamin**, *Anatomie, imagerie médicale*
- M. **CONCHOU Fabrice**, *Imagerie médicale*
- Mme **DANIELS Hélène**, *Immunologie, bactériologie, pathologie infectieuse*
- Mme **DAVID Laure**, *Hygiène et industrie des aliments*
- M. **DIDIMO IMAZAKI Pedro**, *Hygiène et industrie des aliments*
- M. **DOUET Jean-Yves**, *Ophthalmologie vétérinaire et comparée*
- Mme **FERRAN Aude**, *Physiologie*
- Mme **GRANAT Fanny**, *Biologie médicale animale*
- Mme **JOURDAN Géraldine**, *Anesthésie, analgésie*
- M. **JOUSSERAND Nicolas**, *Médecine interne des animaux de compagnie*
- Mme **LALLEMAND Elodie**, *Chirurgie des équidés*
- Mme **LAVOUE Rachel**, *Médecine Interne*
- M. **LE LOC'H Guillaume**, *Médecine zoologique et santé de la faune sauvage*
- M. **LIENARD Emmanuel**, *Parasitologie et maladies parasitaires*
- Mme **MEYNAUD-COLLARD Patricia**, *Pathologie chirurgicale*
- Mme **MILA Hanna**, *Elevage des carnivores domestiques*
- M. **NOUVEL Laurent**, *Pathologie de la reproduction*
- M. **VERGNE Timothée**, *Santé publique vétérinaire, maladies animales réglementées*
- Mme **WARET-SZKUTA Agnès**, *Production et pathologie porcine*
- Mme **PALIERNE Sophie**, *Pathologie chirurgicale*
- M. **GAIDE Nicolas**, *Anatomie Pathologique*

INGENIEURS DE RECHERCHE

- M. **AUMANN Marcel**, *Urgences, soins intensifs*
- M. **AUVRAY Frédéric**, *Santé digestive, pathogénie et commensalisme des entérobactéries*
- M. **CASSARD Hervé**, *Pathologie des ruminants*
- M. **CROVILLE Guillaume**, *Virologie et génomique cliniques*
- Mme **DEBREUQUE Maud**, *Médecine interne des animaux de compagnie*
- Mme **DIDIER Caroline**, *Anesthésie, analgésie*
- Mme **DUPOUY GUIRAUTE Véronique**, *Innovations thérapeutiques et résistances*
- Mme **GAILLARD Elodie**, *Urgences, soins intensifs*
- Mme **GEFFRE Anne**, *Biologie médicale animale et comparée*
- Mme **RISEZ Christelle**, *Parasitologie et maladies parasitaires*
- Mme **JEUNESSE Elisabeth**, *Bonnes pratiques de laboratoire*
- Mme **PRESSANTI Charline**, *Dermatologie vétérinaire*
- M. **RAMON PORTUGAL Félipe**, *Innovations thérapeutiques et résistances*
- M. **REYNOLDS Brice**, *Médecine interne des animaux de compagnie*
- Mme **ROUCH BUCK Pétra**, *Médecine préventive*
- M. **DELPONT Mattias**, *Clinique Aviaire*
- Mme **POUJADE Agnès**, *Anatomie pathologique Vétérinaire*
- Mme **LAYSSOL-LAMOUR Catherine**, *Imagerie Médicale*
- Mme **SAADA Chloé**, *Gestion intégrée de la santé des ruminants*

Remerciements

A Monsieur le Professeur Christophe PASQUIER, Professeur des Universités, *Praticien hospitalier et ancien Doyen de la faculté des sciences pharmaceutiques*, merci d'avoir accepté de présider ce jury de thèse. Hommages respectueux.

A Monsieur le Docteur Guillaume LE LOC'H, Maître de conférences de l'École Nationale Vétérinaire de Toulouse, *Médecine zoologique et santé de la faune sauvage*, merci d'avoir accepté de diriger et d'encadrer cette thèse. Merci pour sa disponibilité, sa bienveillance, son encadrement et son soutien essentiel à toutes les étapes du projet.

A Monsieur le Professeur Stéphane BERTAGNOLI, Professeur de l'École Nationale Vétérinaire de Toulouse, *Pathologie infectieuse*, merci d'avoir accepté d'être assesseur de ce jury de thèse. Sincères remerciements.

A Monsieur le Docteur Sylvain LARRAT, *Maitrise en Santé de la faune sauvage et Diplômé de l'American College of Zoological Medicine*, merci pour l'encadrement, les outils fournis et les corrections apportées, permettant la réalisation de ce projet.

A Monsieur le Docteur Loïc PALUMBO et à Monsieur le Docteur Hugo SENTENAC, *Maitrise en Santé de la faune sauvage et doctorant en écologie*, merci d'avoir accepté de mettre vos connaissances au service de ce travail, pour votre implication et votre aide précieuse au cours de ce projet.

Table des matières

| | |
|--|------------|
| Sigles et acronymes | 11 |
| Résumé | 12 |
| Abstract | 12 |
| Introduction | 13 |
| I. Les enjeux sanitaires des amphibiens | 17 |
| A. Situation actuelle de cette classe de vertébrés | 17 |
| B. Les agents pathogènes des amphibiens | 27 |
| 1. Les champignons | 30 |
| 2. Les virus | 43 |
| 3. Les bactéries | 50 |
| 4. Les parasites | 59 |
| II. Établissement d'une base de données et hiérarchisation des enjeux sanitaires des amphibiens dans les espaces protégés en France | 67 |
| A. La surveillance sanitaire dans les Parcs Nationaux en France : état actuel et enjeux | 67 |
| 1. Surveillance sanitaire dans les Parcs Nationaux : état des lieux..... | 67 |
| 2. Les enjeux de la surveillance sanitaire dans les PN : obstacles rencontrés et outils disponibles | 76 |
| B. Matériel et méthodes | 85 |
| 1. Recensement des informations existantes sur les caractéristiques des agents pathogènes des amphibiens | 87 |
| 2. Organisation des données selon un tableau de critères | 89 |
| C. Résultats | 91 |
| D. Discussion | 103 |
| 1. Analyse des données recensées | 103 |
| 2. Avantages et limites de la hiérarchisation des enjeux sanitaires..... | 109 |
| Conclusion | 115 |
| Agrément de thèse signé | 117 |
| Bibliographie | 118 |
| Annexes | 134 |

Table des figures

| | |
|---|----|
| Figure 1 : Carte du monde de la diversité globale des espèces d'amphibiens par pays..... | 17 |
| Figure 2 : Carte du monde du pourcentage d'amphibiens classés dans le top trois des catégories de menace (En danger critique, en voie de disparition et en danger d'extinction) dans chaque pays. | 18 |
| Figure 3 : Tableau et diagramme circulaire résumant le classement des espèces d'amphibiens dans les catégories de la Liste rouge dans le monde..... | 20 |
| Figure 4 : Diagramme circulaire de la répartition des 35 espèces d'amphibiens évaluées en fonction des différentes catégories de la Liste rouge. | 25 |
| Figure 5 : Arbre phylogénétique simplifié et classification du genre <i>Batrachochytrium</i> , indiquant la position taxonomique de <i>Batrachochytrium dendrobatidis</i> et <i>Batrachochytrium salamandrivorans</i> dans le Royaume des champignons. | 31 |
| Figure 6 : Cycle de vie des espèces <i>Batrachochytrium</i> en milieu de culture. | 32 |
| Figure 7 : Morphologie des espèces <i>Batrachochytrium</i> en milieu de culture. | 33 |
| Figure 8 : Distribution spatiale du nombre d'espèces d'amphibiens infectées par <i>Bd</i> dans chaque pays..... | 35 |
| Figure 9 : Modèles temporels des infections à <i>Bd</i> | 37 |
| Figure 10 : Signes cliniques et pathologie associés lors l'infection due à <i>Bd</i> | 38 |
| Figure 11 : Signes cliniques et pathologie associés lors l'infection par <i>Bsal</i> | 42 |
| Figure 12 : Signes cliniques et pathologie associés lors l'infection par des ranavirus chez des amphibiens. | 46 |
| Figure 13 : Signes cliniques et pathologie associés lors de l'infection par <i>Bufo</i> <i>herpesvirus</i> 1 chez le crapaud commun (<i>Bufo bufo</i>). | 49 |
| Figure 14 : Arbre phylogénétique des espèces du genre <i>Brucella</i> originelles (incluant les six espèces classiques) et des espèces de <i>Brucella</i> atypiques. | 52 |
| Figure 15 : Signes cliniques et pathologie associés lors de l'infection par des mycobactéries chez une femelle adulte <i>Xénope</i> tropicale (<i>Xenopus tropicalis</i>)..... | 58 |
| Figure 16 : Arbre phylogénétique du groupe NAG01 de <i>Perkinsea</i> fondé sur les séquences ADN. | 61 |
| Figure 17 : Distribution géographique des événements de mortalité, associés à des Infections Sévères à <i>Perkinsea</i> (ISP) et des détections de l'agent <i>Perkinsea</i> appartenant au Novel Alveolate Group 01 (NAG01) par PCR chez des têtards capturés lors de ces événements de mortalité. | 63 |
| Figure 18 : Signes cliniques et pathologie associés aux infections sévères à <i>Perkinsea</i> chez les têtards de Grenouille taureau (<i>Rana catesbeiana</i>) Américaine. . | 64 |

| | |
|---|----|
| Figure 19 : Forte mortalité chez une population de jeunes alytes accoucheurs (Alytes obstetricans)..... | 68 |
| Figure 20 : Mortalité anormale due à un ranavirus chez des têtards de Grenouille rousse (Rana temporaria) dans le PN du Mercantour..... | 69 |
| Figure 21 : Réseau des PN de France métropolitaine et d’Outre-mer..... | 71 |
| Figure 22 : Organisation générale autour de la stratégie sanitaire au sein d’un PN en 2019..... | 73 |
| Figure 23 : Organisation de la stratégie sanitaire des PN de France métropolitaine en 2019..... | 81 |
| Figure 24 : Échantillonnage par écouvillon réalisé sur des grenouilles rousses (Rana temporaria) afin de déterminer la répartition géographique d’un champignon potentiellement pathogène en Vanoise..... | 84 |

Table des tableaux

| | |
|--|----|
| Tableau 1 : Situation démographique des 40 espèces d'amphibiens de France métropolitaine, autochtones ou introduites. | 22 |
| Tableau 2 : Liste de l'ensemble des agents pathogènes décrits comme étant susceptibles d'affecter les amphibiens..... | 28 |

Table des annexes

| | |
|--|-----|
| Annexe 1 : Modèle vierge du tableau des critères utilisé pour cette étude | 134 |
| Annexe 2 : Tableau des critères complété de l'agent pathogène Batrachochytrium dendrobatidis..... | 138 |
| Annexe 3 : Tableau des critères complété de l'agent pathogène Batrachochytrium salamandrivorans..... | 144 |
| Annexe 4 : Tableau des critères complété des agents pathogènes du genre Ranavirus, CMTV et FV3..... | 150 |
| Annexe 5 : Tableau des critères complété des agents pathogènes du genre Alloherpesvirus..... | 156 |
| Annexe 6 : Tableau des critères complété des agents pathogènes du genre Brucella | 162 |
| Annexe 7 : Tableau des critères complété des agents pathogènes du genre Mycobacterium..... | 168 |

Sigles et acronymes

Bd : *Batrachochytrium dendrobatidis*

BfHV1 : Bufonid herpesvirus 1

Bsal : *Batrachochytrium salamandrivorans*

CMTV : *Common midwife toad virus* ou virus de l'Alyte accoucheur

FV3 : *Frog Virus 3*

LSA : Loi Santé Animale

NAG01 : *Novel Alveolate Group 01*

OFB : Office Français de la Biodiversité

OMSA : Organisation Mondiale de la Santé Animale

PN : Parcs Nationaux

Pôle EVAAS : pôle d'Expertise Vétérinaire et Agronomique Animaux Sauvages

RaHV1 : *Ranid Herpesvirus 1*

RaHV2 : *Ranid Herpesvirus 2*

RaHV3 : *Ranid Herpesvirus 3*

UICN : Union Internationale pour la Conservation de la Nature

Résumé

Les amphibiens subissent un déclin majeur et rapide de leurs populations à travers le monde. Des agents pathogènes sont l'une des causes principales de ce déclin et les maladies infectieuses émergentes sont des enjeux sanitaires majeurs pour les amphibiens en France. Le système de surveillance sanitaire déjà en place dans les Parcs Nationaux en France n'est plus capable de répondre correctement à ces nouveaux enjeux. Pour permettre la conservation des amphibiens, un projet d'amélioration de la surveillance sanitaire a ainsi été mis en place. Nous avons participé à ce projet en renseignant une base de données sur les agents pathogènes affectant les amphibiens et en fournissant une liste de critères permettant de hiérarchiser les maladies dont ils sont responsables. Cette liste permet d'optimiser l'utilisation des connaissances disponibles et d'orienter les ressources vers les dangers prioritaires pour la conservation des amphibiens. Cette étude met aussi en évidence les limites de ce projet et les points d'amélioration possibles.

Mots clés : *Amphibiens, Déclin, Enjeux sanitaires, Agents pathogènes, Maladies, Base de données, Hiérarchisation, Système de surveillance, Parc National, Conservation*

Abstract

Amphibian's populations are going through a huge and fast decline worldwide. Pathogens are one of the main causes of this decline, and emerging infectious diseases are major health issues for amphibians in France. The health monitoring system already in place in French National Parks is no longer able to meet properly these new challenges. To ensure the conservation of amphibian's diversity, a project aiming at improving this health monitoring system has been set up. We participated in this project by filling in a database of pathogens affecting amphibians and by providing a list of criteria in order to prioritize the diseases they cause. This list will allow to optimize the use of the available knowledge and to direct resources towards the priority conservation hazards of amphibians. This study also highlights the limits of this project and the possibilities for improvement.

Keywords : *Amphibians, Decline, Health issues, Pathogens, Diseases, Database, Prioritization, Health monitoring system, National Park, Conservation*

Introduction

Les Amphibiens forment une classe de vertébrés tétrapodes qui comprend plus de 7000 espèces actuellement reconnues et regroupées en 3 ordres : Gymnophiona (environ 204 espèces), Anura (environ 6509 espèces) et Caudata (environ 675 espèces) (Stuart 2008; Catenazzi 2015). Les deux derniers ordres, Anura et Caudata, sont plus étroitement liés entre eux qu'avec l'ordre des Gymnophiones. Cet ordre est moins étudié que les deux autres avec un statut taxonomique de nombreuses espèces souvent incertain. De plus, étant donné que les espèces le représentant ne sont pas présentes en France métropolitaine ou en Europe, et pour faciliter la suite du rapport, le terme « amphibiens » sera utilisé pour faire référence uniquement aux deux autres ordres des Caudates (ou « urodèles ») et des Anoures (Stuart 2008).

La reconnaissance des espèces d'amphibiens a considérablement augmenté récemment avec une élévation de presque 50% du nombre d'espèces référencées depuis 1985. La découverte de nouvelles espèces est le reflet d'un développement de la recherche dans des régions initialement peu étudiées et avec des techniques plus performantes, en grande partie dû à un intérêt croissant pour cette classe de vertébrés ces deux dernières décennies. Cependant, cette amélioration rapide des connaissances vis-à-vis de ces espèces et de leur diversité survient en même temps qu'un déclin massif et global de leurs populations (Stuart 2008).

En effet, la biodiversité décline dans le monde entier et les amphibiens en sont un des principaux représentants puisqu'il s'agit désormais de la classe de vertébrés la plus menacée d'extinction, et ce bien qu'ils aient survécu aux quatre précédentes grandes extinctions (Collins, Storer 2003 ; Van Rooij et al. 2015). La perte de diversité de cette classe atteint des taux sans précédents dans son histoire récente avec 50% des espèces d'amphibiens menacées et un taux d'extinction actuel 173 à 2351 fois plus rapide que le taux moyen d'extinction historiquement établi. La proportion d'espèces d'amphibiens menacées voire même à risque d'extinction est aussi beaucoup plus élevée que pour n'importe quel autre taxon (Catenazzi 2015 ; Wake, Vredenburg 2008 ; Van Rooij et al. 2015). De plus, ces événements de mortalité massive semblent se produire de manière simultanée à de grandes distances et même dans des zones protégées. Aussi, le principal moyen d'assurer la survie des espèces, qu'est la protection des habitats, n'est pas suffisant dans le cas des amphibiens (Collins, Storer 2003).

Plusieurs hypothèses ont été avancées pour expliquer ce déclin global massif, la dernière ciblant les maladies infectieuses émergentes. En effet, les connaissances et la compréhension des mécanismes derrière cette hypothèse ont d'abord été négligées et donc peu étudiées. Cependant, cette tendance s'estompe compte tenu de la reconnaissance grandissante de l'influence des maladies infectieuses sur la biodiversité dans le monde depuis au moins le milieu du siècle dernier. Une maladie infectieuse émergente est une « nouvelle maladie récemment reconnue et apparue dans une population ou bien une maladie dont l'incidence, la virulence ou la répartition géographique augmentent rapidement » (Collins, Storfer 2003).

Ce sont les maladies émergentes causées par des champignons, virus, parasites ou bactéries, qui affectent les populations d'amphibiens à travers le monde et provoquent des épizooties caractérisées notamment par une mortalité massive dans ces populations (Catenazzi 2015a). Les agents pathogènes suspectés en priorité sont les champignons Chytrides, *Batrachochytrium dendrobatidis* et *Batrachochytrium salamandrivorans*, et les iridovirus notamment du genre *Ranavirus* (Collins, Storfer 2003 ; Martel et al. 2013). L'impact de ces agents pathogènes sur le déclin des amphibiens étant jugé significatif, l'Organisation Mondiale de la Santé Animale (OMSA) les a inscrits sur sa liste des maladies des amphibiens à déclaration obligatoire comme maladies notifiables

De plus, la propagation de ces agents pathogènes étant en partie facilitée par le commerce des amphibiens, la France n'est pas épargnée par leur déclin. De fortes mortalités dues à la chytridiomycose parmi les populations locales ont été observées dans les espaces protégés en France, ce qui a motivé la mise en place d'une surveillance sanitaire des amphibiens, notamment dans les Parcs Nationaux (PN) (Parcs nationaux 2017). En effet, le réseau des PN joue le rôle de « sentinelle sanitaire avancée » en participant fortement à la surveillance sanitaire de la faune sauvage en France métropolitaine qui est devenue un enjeu pour les trois santés que sont la santé des animaux sauvages, la santé des animaux domestiques et de rente et la santé publique, avec le risque d'émergence de zoonoses (Hadibi et al. 2019 ; Parcs nationaux 2017). Or, cette surveillance sanitaire rencontre de nombreux obstacles et la volonté de surveiller et de suivre toutes les maladies des amphibiens n'est pas réalisable en tenant compte des ressources humaine, matérielle et financière limitées

des PN et des exigences de surveillance rencontrées sur le terrain (Hadibi et al. 2019 ; Parcs nationaux 2017).

L'objectif ultime des PN est de rendre la surveillance sanitaire des maladies des amphibiens plus efficace, pérenne et adaptée à leurs nouveaux enjeux sanitaires, en s'appuyant sur toutes les connaissances disponibles. En effet, un suivi performant de la santé de la faune sauvage est essentiel pour assurer une meilleure gestion des risques sanitaires concernant les trois santés et une meilleure conservation de la biodiversité. Ainsi, la problématique est de mettre en place un dispositif de surveillance et de suivi sanitaire des amphibiens plus performant malgré les ressources limitées, grâce à une meilleure connaissance du contexte épidémiologique de la faune sauvage et une priorisation des dangers à surveiller. Pour cela, l'état des connaissances a besoin d'être amélioré en mettant en place un socle commun de données à tous les PN et en hiérarchisant par la suite les enjeux sanitaires des amphibiens.

Le projet dans lequel s'inscrit cette étude apporte une première réponse à cette problématique, sa finalité étant de mettre en œuvre un réseau sanitaire sentinelle commun à l'ensemble des PN de France avec une utilisation optimisée des connaissances disponibles sur les amphibiens et des ressources orientées vers les enjeux les plus pertinents.

L'objectif de cette étude est d'utiliser la méthode fournie par le projet global pour réaliser une liste de maladies hiérarchisées des amphibiens selon l'intérêt pour la santé humaine, animale ou la conservation de la biodiversité et qui puisse être applicable à tous les PN.

Dans un premier temps, nous renseignons une base de données commune aux PN concernant les connaissances disponibles sur les caractéristiques des maladies connues ou supposées circulant chez les amphibiens de France métropolitaine. Pour peupler cette base de données, nous recensons toutes les informations disponibles sur les agents pathogènes pouvant affecter les amphibiens.

Dans un second temps, grâce aux données concernant les caractéristiques de chaque agent analysé et à la méthode fournie, nous organisons ces connaissances afin d'établir plusieurs listes de maladies hiérarchisées selon l'enjeu de santé humaine, animale ou de conservation de la faune sauvage considéré. Cette démarche permet

d'identifier les connaissances disponibles et leur niveau de certitude mais aussi les lacunes, constituant ainsi des arguments pour justifier des recherches futures.

Cette étude contribue également à évaluer la méthode utilisée, à mettre en lumière les avantages de la hiérarchisation des enjeux sanitaires, tout en pointant du doigt ses limites, et à proposer des points possibles d'amélioration.

I. Les enjeux sanitaires des amphibiens

A. Situation actuelle de cette classe de vertébrés

Les amphibiens ont commencé à décliner rapidement au cours de la deuxième moitié du vingtième siècle. La date précise du début de ce déclin est encore discutée, elle remonte plus ou moins loin dans le temps selon les recherches. Cependant, toutes les études réalisées depuis la reconnaissance de ce phénomène confirment que les populations d'amphibiens déclinent et que le taux de populations en déclin augmente dans certaines régions du monde ces deux dernières décennies (Collins, Storer 2003). Les figures suivantes mettent en évidence la richesse de ce groupe de vertébrés et sa répartition quasi globale ainsi que l'intensité de la perte de sa diversité à travers le monde (fig. 1 et fig. 2).

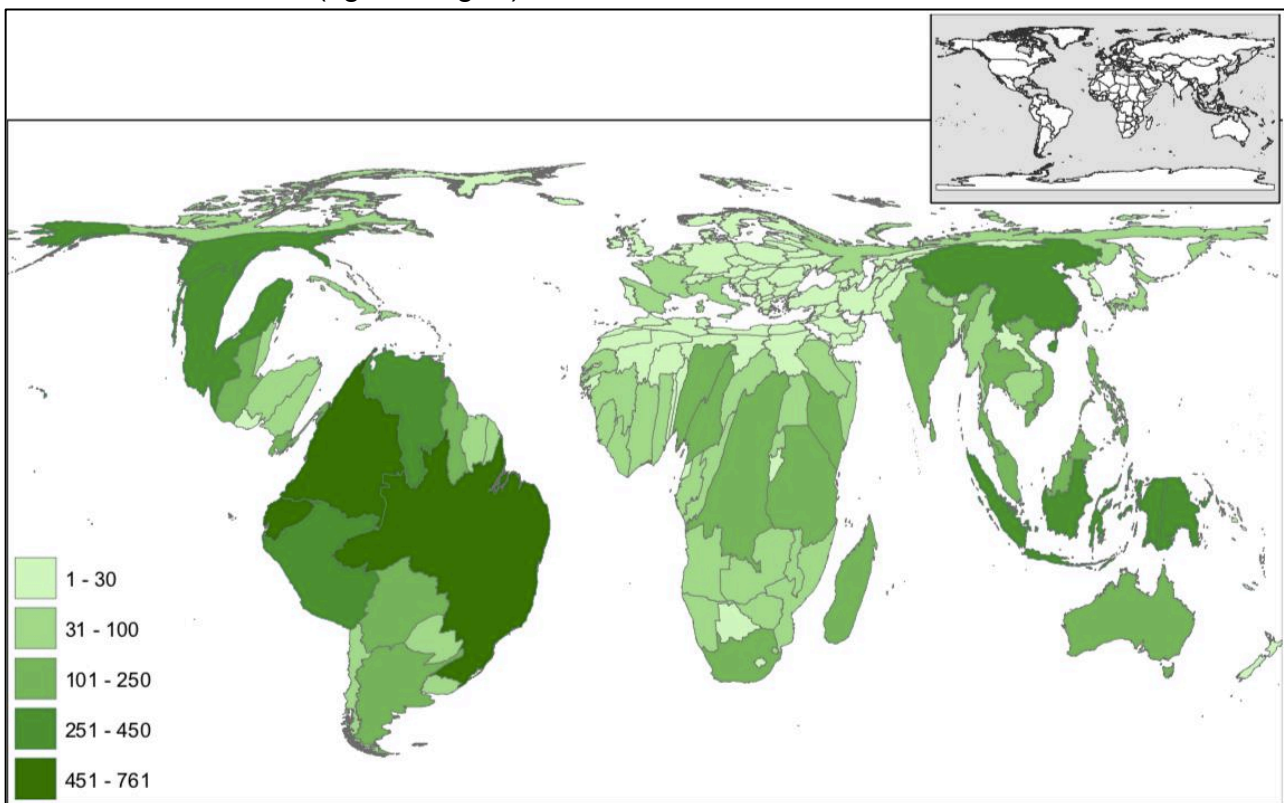


Figure 1 : Carte du monde de la diversité globale des espèces d'amphibiens par pays. Les tailles de chaque pays sont déformées proportionnellement au nombre total d'espèces d'amphibiens présentes dans chaque pays. Préparé par M. Koo.

Le Brésil (789 espèces) et la Colombie (642) ont le plus grand nombre d'espèces. La Chine (335) a le plus grand nombre d'espèces dans l'Ancien Monde. La République Démocratique du Congo (215) a le plus grand nombre d'espèces sur le continent Africain, mais 239 espèces sont rapportées à Madagascar. L'Australie comprend 225 espèces et la Papouasie Nouvelle Guinée en compte 289. En Amérique du Nord, le Mexique possède le plus grand nombre d'espèces (357). Il y a 291 espèces aux États-Unis.

(D'après Wake, Vredenburg, 2008 – p. 4/9)

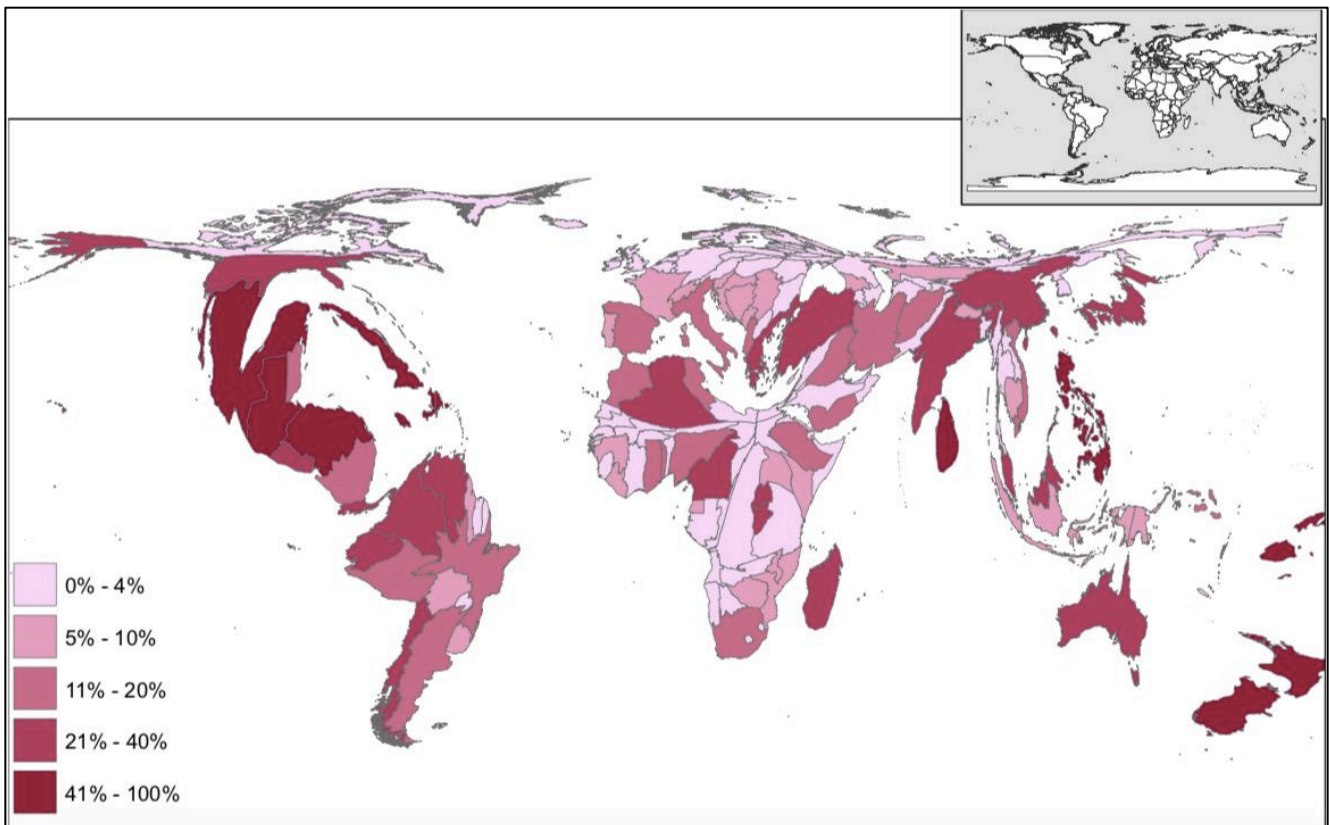


Figure 2 : Carte du monde du pourcentage d'amphibiens classés dans le top trois des catégories de menace (*En danger critique, en voie de disparition et en danger d'extinction*) dans chaque pays.

Les tailles de chaque pays sont déformées proportionnellement au nombre total d'espèces d'amphibiens présentes dans chaque pays. Préparé par M. Koo.

(D'après Wake, Vredenburg, 2008 – p. 5/9)

Au début des années 1990, un doute important persistait encore entre l'existence d'un déclin général des amphibiens ou de simples fluctuations locales de densités de populations (Collins, Storfer 2003). En effet, le début du déclin a été initialement perçu à la fin des années 1980, en même temps que des espèces provenant de zones tropicales protégées en Australie disparaissaient (Wake, Vredenburg 2008). À ce moment-là, les herpétologistes commençaient à décrire de plus en plus de déclin et d'extinctions parmi les populations d'amphibiens sur d'anciens sites de recherche. Au premier Congrès Mondial de l'Herpétologie en 1989, plusieurs déclinés repérés par les scientifiques dans différentes parties du monde ont été évoqués, conduisant au début de la préoccupation sur la possibilité d'un déclin global des amphibiens sur Terre. Les années suivantes, d'autres événements similaires ont été rapportés aux États-Unis et en Australie mais pas en Afrique ou en Asie où le manque d'informations ne permettait pas de conclure quant à un changement dans les populations d'amphibiens. Ainsi, il était difficile initialement de

savoir s'il s'agissait de simples changements annuels de taille de populations, tout à fait habituels et liés à des changements climatiques ponctuels ou de la prédation, ou d'un déclin global pouvant mener à l'extinction. Ce n'est finalement qu'au troisième Congrès Mondial de l'Herpétologie en 1997 et parce que les rapports de baisse des populations d'amphibiens persistaient, qu'un appel à la recherche a été lancé pour répondre à la question de la présence ou non d'une menace croissante d'extinction des amphibiens. L'année suivante, un consensus a été établi sur l'existence d'un phénomène mondial de diminution et d'extinction des populations d'amphibiens (Collins, Storfer 2003).

Ainsi, entre 1980 et 2006, d'après la Liste rouge de l'Union Internationale pour la Conservation de la Nature (UICN) qui détermine le statut des différentes espèces d'un groupe et son évolution dans le temps, le risque d'extinction des amphibiens a augmenté. Par ailleurs, beaucoup d'espèces, qui n'étaient pas considérées au départ comme en déclin, ont eu leur population qui a diminué et pourraient donc plus tard devenir menacées d'extinction si les menaces qui pèsent sur elles ne sont pas atténuées ou éliminées (Stuart 2008).

En 2008, un tiers des 5881 espèces d'amphibiens décrites dans le monde était menacé d'extinction. Les catégories « en danger critique d'extinction » et « en voie de disparition » contenaient 21% des espèces d'amphibiens. Dans la catégorie « en danger critique d'extinction », 130 des 455 espèces étaient possiblement éteintes, cela signifie qu'elles n'avaient pas été observées depuis une longue période de temps mais que l'espoir qu'elles subsistent dans leur habitat naturel persistait. Au total, 34 espèces ont été listées en tant qu'officiellement éteintes. Ces chiffres sont très probablement sous-estimés à ce moment-là puisque 23% des espèces d'amphibiens étaient alors classées dans la catégorie « Données insuffisantes » et leur statut de conservation demeurait donc inconnu. En ce qui concerne la tendance d'évolution des statuts en 2008, plus de 42% des espèces d'amphibiens avaient leur population qui diminuait, 27% restaient stables et environ 1% pouvaient avoir une population qui augmentait et étaient considérées, pour la majorité, comme des espèces exotiques envahissantes représentant une menace pour les autres. Le reste des espèces est trop peu connu pour suivre leur tendance (Stuart 2008). La figure 3 résume les données de la Liste rouge des espèces d'amphibiens (Stuart 2008). La majorité des informations disponibles sur le déclin et l'extinction des espèces d'amphibiens concerne l'ordre des

Anoures, le plus étudié car il représente le plus grand nombre d'espèces, qui sont plus largement distribuées que dans les autres ordres (Wake, Vredenburg 2008).

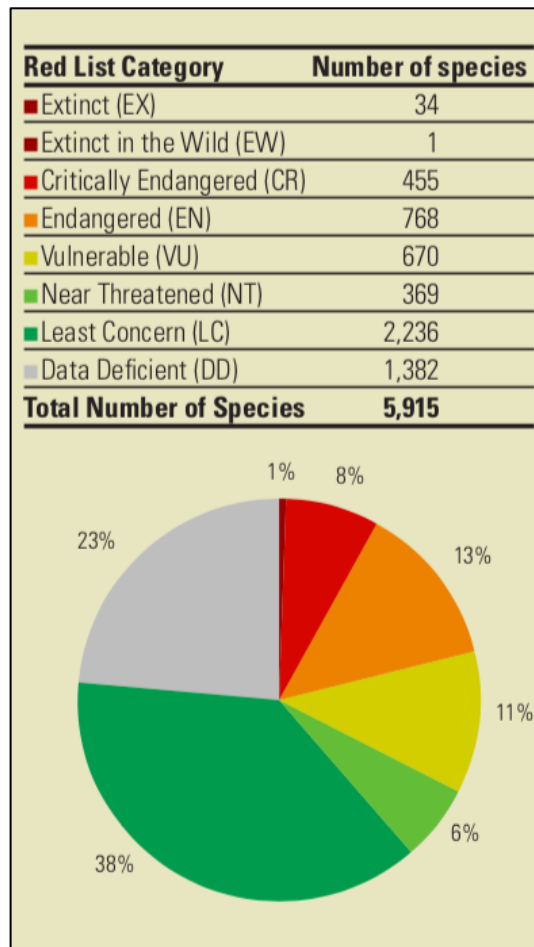


Figure 3 : Tableau et diagramme circulaire résumant le classement des espèces d'amphibiens dans les catégories de la Liste rouge dans le monde.

Le pourcentage d'espèces dans chaque catégorie est donné dans le diagramme circulaire.

(D'après Stuart, 2008 – p. 50/151)

Lors de la mise à jour de la Liste rouge de l'UICN des espèces menacées en 2015, au moins 41% des espèces d'amphibiens connues dans le monde sont à risque d'extinction (Van Rooij et al. 2015). Bien que la fréquence des événements de mortalité massive des amphibiens ait augmenté ces quatre dernières décennies, leur intensité, elle, a diminué, probablement parce que la taille des populations a diminué en parallèle ou parce que ces déclins sont de plus en plus observés dans les régions tropicales où les populations sont plus petites et plus restreintes géographiquement, la décomposition des cadavres étant plus rapide et la détection des animaux décédés plus difficile (Catenazzi 2015a).

En France, 40 espèces d'amphibiens ont été recensées dans le cadre de la Liste rouge nationale. Parmi elles, 5 espèces non natives introduites en France après l'année 1500 n'ont pas été évaluées et sont donc dans la catégorie « Non applicable ». Les 35 autres espèces ont été soumises à l'évaluation selon un ensemble de critères de la Liste rouge par le Comité français de l'UICN, l'Unité Mixte de Service PatriNat (Patrimoine Naturel) et le Muséum national d'Histoire naturelle avec l'implication de la Société herpétologique de France et l'aide d'un groupe de spécialistes (UICN France, MNHN & SHF (2015). La Liste rouge des espèces menacées en France - Chapitre Reptiles et Amphibiens de France métropolitaine). En 2015 en France, les résultats actualisés de la Liste rouge des espèces menacées ont révélé que 8 espèces d'amphibiens sur 35 sont menacées ce qui correspond à 1 espèce d'amphibiens sur 5 qui risque de disparaître en France métropolitaine. Pour environ 70% des amphibiens, la tendance d'évolution des populations est au déclin. Ces résultats n'ont pas changé depuis l'ancienne actualisation de 2008. Cependant, certaines espèces, dont la répartition et l'état des populations sont mieux connus qu'avant, ont changé de catégorie après cette réévaluation de leur statut de conservation. En 2015, 12 espèces d'amphibiens se retrouvent dans la catégorie « Quasi menacée » alors que la moitié d'entre elles était dans la catégorie « Préoccupation mineure » en 2008 et ce nombre pourrait continuer à augmenter sérieusement dans les prochaines années si rien n'est mis en œuvre pour l'empêcher. Cet état des lieux met ainsi en évidence une aggravation préoccupante de la situation.

Pour chaque espèce d'amphibien autochtone de France métropolitaine ou introduite après 1500 et établie en France métropolitaine, le tableau suivant (tab. 1) indique la tendance d'évolution de sa population, son endémicité ou non et son statut dans la Liste rouge de l'UICN en France et dans le monde en 2015. La figure suivante (fig. 4) résume ensuite la répartition des espèces d'amphibiens en France dans les différentes catégories de la Liste rouge.

Tableau 1 : Situation démographique des 40 espèces d'amphibiens de France métropolitaine, autochtones ou introduites.

Les légendes sont indiquées dans le tableau ci-dessous.

Un taxon est considéré comme subendémique lorsqu'au moins la moitié de son aire de répartition se situe en France. **Quasi menacée** : espèce proche du seuil des espèces menacées ou qui pourrait être menacée si des mesures de conservation spécifiques n'étaient pas prises. **Préoccupation mineure** : espèce pour laquelle le risque de disparition de France métropolitaine est faible. **Non évaluée** : espèce encore non confrontée aux critères de la Liste rouge. **Non applicable** : espèce non soumise à l'évaluation car (a) introduite dans la période récente ou (b) présente en France métropolitaine de manière occasionnelle ou marginale.

(D'après UICN France, MNHN & SHF (2015). *La Liste rouge des espèces menacées en France - Chapitre Reptiles et Amphibiens de France métropolitaine*)

| | | | | |
|--------------------------------------|--|-----------------|-----------------------|------------|
| Tendance d'évolution des populations | + | En augmentation | | |
| | = | Stable | | |
| | - | En diminution | | |
| | ? | Inconnue | | |
| Endémicité | E | Endémique | | |
| | S | Subendémique | | |
| | | Autre | | |
| | | Introduite | | |
| Catégories UICN pour la Liste rouge | Espèces menacées de disparition en France métropolitaine | EN | | En danger |
| | | VU | | Vulnérable |
| | Autres catégories | NT | Quasi menacée | |
| | | LC | Préoccupation mineure | |
| | | NE | Non évaluée | |
| | NA | Non applicable | | |

| Espèces autochtones de France métropolitaine | | Endémique /Subendémique | Tendance d'évolution | Statut en France (liste rouge) | Statut mondial (liste rouge) |
|--|---------------------------|-------------------------|----------------------|--------------------------------|------------------------------|
| ANURA | ANOURES | | | | |
| ALYTIDAE | ALYTIDÉS | | | | |
| <i>Alytes</i> | Alyte | | | | |
| <i>Alytes obstetricans</i> | L'Alyte accoucheur | | - | LC | LC |
| <i>Discoglossus</i> | Discoglosse | | | | |
| <i>Discoglossus montalentii</i> | Le Discoglosse corse | E | ? | NT | NT |
| <i>Discoglossus sardus</i> | Le Discoglosse sarde | | = | LC | LC |
| BOMBINATORIDAE | BOMBINATORIDÉS | | | | |
| <i>Bombina</i> | Sonneur | | | | |
| <i>Bombina variegata</i> | Le Sonneur à ventre jaune | | - | VU | LC |
| PELOBATIDAE | PÉLOBATIDÉS | | | | |
| <i>Pelobates</i> | Pélobate | | | | |
| <i>Pelobates cultripipes</i> | Le Pélobate cultripède | | - | VU | NT |
| <i>Pelobates fuscus</i> | Le Pélobate brun | | - | EN | LC |
| PELODYTIDAE | PÉLODYTIDÉS | | | | |
| <i>Pelodytes</i> | Pélogyte | | | | |
| <i>Pelodytes punctatus</i> | Le Pélogyte ponctué | | - | LC | LC |
| BUFONIDAE | BUFONIDÉS | | | | |
| <i>Bufo</i> | Crapaud | | | | |
| <i>Bufo bufo</i> | Le Crapaud commun | | = | LC | LC |
| <i>Bufotes</i> | Bufote | | | | |
| <i>Bufotes viridis</i> | Le Crapaud vert | | - | NT | LC |
| <i>Epidalea</i> | Epidalée | | | | |
| <i>Epidalea calamita</i> | Le Crapaud calamite | | - | LC | LC |
| HYLIDAE | HYLIDÉS | | | | |
| <i>Hyla</i> | Rainette | | | | |
| <i>Hyla arborea</i> | La Rainette verte | | - | NT | LC |
| <i>Hyla meridionalis</i> | La Rainette méridionale | | - | LC | LC |
| <i>Hyla molleri</i> | La Rainette ibérique | | - | VU | NE |
| <i>Hyla sarda</i> | La Rainette sarde | | = | LC | LC |

| Espèces autochtones de France métropolitaine | | Endémique /Subendémique | Tendance d'évolution | Statut en France (liste rouge) | Statut mondial (liste rouge) |
|--|----------------------------|-------------------------|----------------------|--------------------------------|------------------------------|
| RANIDAE | RANIDÉS | | | | |
| <i>Pelophylax</i> | <i>Pélophylax</i> | | | | |
| <i>Pelophylax lessonae</i> | La Grenouille de Lessona | | - | NT | LC |
| <i>Pelophylax kl. esculentus</i> | La Grenouille verte | | - | NT | LC |
| <i>Pelophylax ridibundus</i> | La Grenouille rieuse | | ? | LC | LC |
| <i>Pelophylax perezi</i> | La Grenouille de Pérez | | - | NT | LC |
| <i>Pelophylax kl. grafi</i> | La Grenouille de Graf | S | - | NT | NE |
| Rana | Grenouille | | | | |
| <i>Rana arvalis</i> | La Grenouille des champs | | - | EN | LC |
| <i>Rana dalmatina</i> | La Grenouille agile | | = | LC | LC |
| <i>Rana pyrenaica</i> | La Grenouille des Pyrénées | | - | EN | EN |
| <i>Rana temporaria</i> | La Grenouille rousse | | - | LC | LC |
| URODELA | URODÈLES | | | | |
| SALAMANDRIDAE | SALAMANDRIDÉS | | | | |
| <i>Calotriton</i> | <i>Calotriton</i> | | | | |
| <i>Calotriton asper</i> | Le Calotriton des Pyrénées | S | - | VU | NT |
| <i>Euproctus</i> | <i>Euprocte</i> | | | | |
| <i>Euproctus montanus</i> | L'Euprocte de Corse | E | = | LC | LC |
| <i>Ichthyosaura</i> | <i>Ichthyosaure</i> | | | | |
| <i>Ichthyosaura alpestris</i> | Le Triton alpestre | | - | LC | LC |
| <i>Lissotriton</i> | <i>Lissotriton</i> | | | | |
| <i>Lissotriton helveticus</i> | Le Triton palmé | | - | LC | LC |
| <i>Lissotriton vulgaris</i> | Le Triton ponctué | | - | NT | LC |
| <i>Salamandra</i> | <i>Salamandre</i> | | | | |
| <i>Salamandra atra</i> | La Salamandre noire | | = | VU | LC |
| <i>Salamandra corsica</i> | La Salamandre de Corse | E | - | NT | LC |
| <i>Salamandra lanzai</i> | La Salamandre de Lanza | | = | NT | VU |
| <i>Salamandra salamandra</i> | La Salamandre tachetée | | - | LC | LC |

| Espèces autochtones de France métropolitaine | | Endémique /Subendémique | Tendance d'évolution | Statut en France (liste rouge) | Statut mondial (liste rouge) |
|---|----------------------------|-------------------------|----------------------|--------------------------------|------------------------------|
| <i>Triturus</i> | Triton | | | | |
| <i>Triturus cristatus</i> | Le Triton crêté | | - | NT | LC |
| <i>Triturus marmoratus</i> | Le Triton marbré | S | - | NT | LC |
| PLETHODONTIDAE | PLÉTHODONTIDÉS | | | | |
| <i>Speleomantes</i> | Spéléomante | | | | |
| <i>Speleomantes strinatii</i> | Le Spélépès de Strinati | S | = | LC | NT |
| ESPECES NON SOUMISES A L'EVALUATION (introduites dans la période récente) | | | | | |
| Espèces introduites (après 1500) établies de France métropolitaine | | Endémique | Tendance population | Statut en France (liste rouge) | Statut mondial (liste rouge) |
| URODELA | URODÈLES | | | | |
| SALAMANDRIDAE | SALAMANDRIDÉS | | | | |
| <i>Triturus</i> | Triton | | | | |
| <i>Triturus carnifex</i> | Le Triton bourreau | | NE | NA | LC |
| ANURA | ANOURES | | | | |
| PIPIDAE | PIPIDÉS | | | | |
| <i>Xenopus</i> | Xénope | | | | |
| <i>Xenopus laevis</i> | Le Xénope lisse | | NE | NA | LC |
| ALYTIDAE | ALYTIÉS | | | | |
| <i>Discoglossus</i> | Discoglosse | | | | |
| <i>Discoglossus pictus</i> | Le Discoglosse peint | | NE | NA | LC |
| BOMBINATORIDAE | BOMBINATORIDÉS | | | | |
| <i>Bombina</i> | Sonneur | | | | |
| <i>Bombina bombina</i> | Le Sonneur à ventre de feu | | NE | NA | LC |
| RANIDAE | RANIDÉS | | | | |
| <i>Lithobates</i> | Lithobate | | | | |
| <i>Lithobates catesbeianus</i> | La Grenouille taureau | | NE | NA | LC |

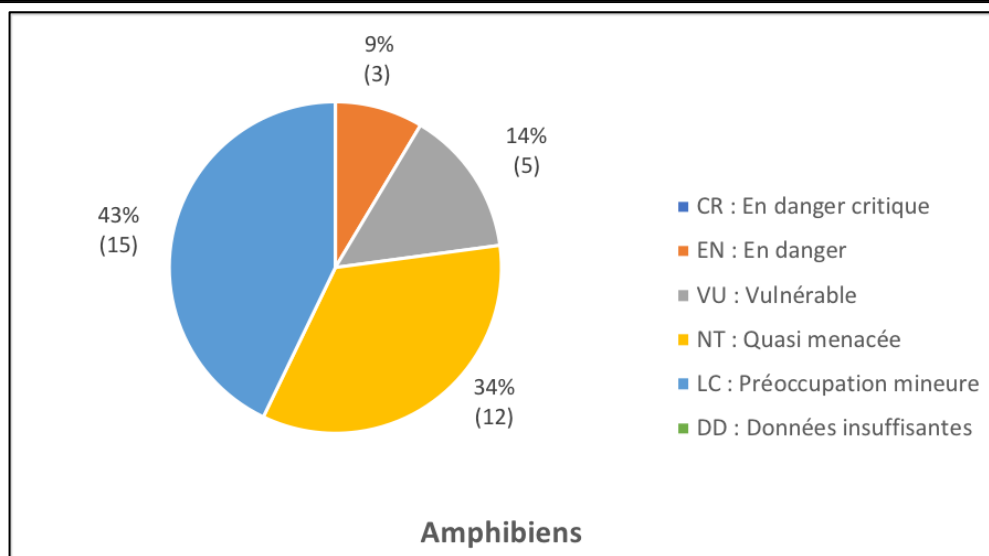


Figure 4 : Diagramme circulaire de la répartition des 35 espèces d'amphibiens évaluées en fonction des différentes catégories de la Liste rouge.

Le nombre d'espèces est indiqué entre parenthèses.

(D'après UICN France, MNHN & SHF (2015). La Liste rouge des espèces menacées en France - Chapitre Reptiles et Amphibiens de France métropolitaine)

Ainsi, établir les différents statuts et la distribution de la diversité mondiale des amphibiens a permis de mieux explorer et comprendre les causes de leur déclin rapide (Stuart 2008). D'ailleurs, jusqu'à récemment, aucune explication plausible de ce phénomène de déclin ne pouvait être fournie alors qu'il était crucial d'en comprendre la ou les causes pour le confirmer et ralentir ce phénomène. L'altération de l'habitat par l'Homme, la surexploitation pour le commerce et l'introduction d'espèces exotiques invasives, connues pour leur impact sur les populations sauvages natives, ainsi que le réchauffement climatique et la pollution avec l'utilisation croissante de pesticides et autres produits chimiques, sont des hypothèses qui ont été avancées pour expliquer l'origine de ce phénomène (Collins, Storfer 2003). Mais, même si les amphibiens sont sévèrement affectés par la pollution, la modification et la destruction de leur habitat, cette perte de diversité restait tout de même difficile à expliquer, d'autant plus qu'il manquait des données pour lier tous ces facteurs potentiels à la perte de populations et d'espèces (Collins, Storfer 2003 ; Wake, Vredenburg 2008).

Une étude approfondie de cinq ans a été réalisée dans la réserve Monteverde Cloud Forest au Costa Rica avec une surveillance quotidienne d'un large spectre d'espèces d'amphibiens. Elle a permis de révéler une perte de 40% des espèces présentes dans la réserve, un lieu hautement protégé et donc épargné de la destruction des habitats. Ainsi, la principale raison de la disparition d'autres espèces dans le monde, l'activité humaine, a pu être exclue des causes principales de cette perte (Stuart 2008).

Une autre cause du déclin des amphibiens a donc fini par être mise en avant : les maladies infectieuses (Wake, Vredenburg 2008 ; Van Rooij et al. 2015).

B. Les agents pathogènes des amphibiens

Les amphibiens subissent un déclin de leurs populations sans précédent dans le monde entier. Les causes de cette perte de diversité sont encore peu comprises mais les maladies infectieuses émergentes semblent faire partie des acteurs principaux (Origgi et al. 2021). En effet, les maladies infectieuses émergentes joueraient un rôle majeur dans la sixième extinction de masse sur Terre. Certains agents pathogènes comme les chytrides et les ranavirus sont très bien décrits chez les amphibiens car responsables d'une mortalité massive mais d'autres agents, dont le rôle est encore inconnu car jugé non significatif, ont besoin d'être étudiés plus en détails pour mieux appréhender leur impact (Origgi et al. 2018).

En effet, il existe de nombreux agents pathogènes pouvant être associés à des lésions ou de la mortalité chez les amphibiens. Ils sont présentés dans le tableau ci-après (tab. 2). La majorité d'entre eux n'est pas assez fréquemment observée et rapportée pour être bien étudiée et donc décrite de manière exhaustive dans la littérature scientifique. Or, il est nécessaire d'avoir suffisamment de données à disposition pour répondre aux objectifs de cette étude. C'est pourquoi, les agents pathogènes les plus fréquemment rencontrés, et donc les plus décrits, seront étudiés dans ce rapport.

Six agents pathogènes, parmi des champignons, des virus et des bactéries, ont ainsi été sélectionnés et sont présentés dans la suite de cette étude. La liste de ces six agents pathogènes est la suivante :

- Les chytrides *Batrachochytrium dendrobatidis* et *Batrachochytrium salamandrivorans*
- Les ranavirus CMTV (*Common midwife toad virus* ou virus de l'Alyte accoucheur) et FV3 (*Frog virus 3*)
- Les *Alloherpesvirus* (*Ranid Herpesvirus 1* ou RaHV-1, *Ranid Herpesvirus 2* ou RaHV-2, *Ranid Herpesvirus 3* et Bufonid herpesvirus 1)
- Les bactéries du genre *Brucella* et du genre *Mycobacterium*

La maladie émergente provoquée par des protozoaires *Perkinsea-like* est également présentée dans cette première partie car elle a un impact significatif sur les Anoures, aux États-Unis essentiellement. Néanmoins, elle n'est pas analysée par la

suite car on ne dispose pas de suffisamment de données la concernant pour pouvoir la comparer aux autres maladies.

Tableau 2 : Liste de l'ensemble des agents pathogènes décrits comme étant susceptibles d'affecter les amphibiens

Les agents marqués en rouge sont ceux les plus décrits, soit ceux présentant le plus grand nombre de données et qui sont analysés dans cette étude. Les agents marqués en gras sont ceux les plus décrits après les six agents précités. Les agents marqués en gris sont ceux les moins décrits, qui ont été cités au moins une fois dans une source mais qui disposent du nombre de données le plus faible dans la littérature scientifique.

| AGENTS PATHOGENES DES AMPHIBIENS |
|--|
| BACTERIENS |
| Mycobacterium spp. (Tuberculeuse, ulcérate, atypique) : <i>M. marinum</i>, <i>M. ulcerans</i>, <i>M. liflandii</i>, <i>M. ranae</i>, <i>M. xenopi</i>, <i>M. chelonae</i> + Mycobactérie atypique |
| Brucella spp. |
| Chlamydie : <i>Chlamydia psittaci</i>, <i>C. pneumoniae</i>, <i>C. suis</i>, <i>C. abortus</i> |
| Salmonella spp. |
| Pseudomonas spp. |
| Flavobacterium spp. |
| Proteus spp. |
| <i>Aeromonas hydrophila</i> |
| VIRAUX |
| Ranavirus : Frog Virus 3-like ranavirus (FV3) |
| Ranavirus : virus de l'Alyte accoucheur (Common Midwife Toad Virus-like ou CMTV) |
| Ranavirus : <i>Ambystoma tigrinum virus</i> (ATV) |
| Ranavirus : Bohle (sous-espèce iridovirus-like) |
| Ranavirus : Axolotl ranavirus (sous-espèce ATV) |
| Alloherpesvirus : Ranid Herpesvirus 3, Bufonid herpesvirus 1, Ranid Herpesvirus 1 ou RaHV-1, Ranid Herpesvirus 2 ou RaHV-2 |
| Iridovirus : virus érythrocytaire (Frog erythrocytic virus) |
| Rétrovirus : Alpharetrovirus sp. |
| Rétrovirus : Gammaretrovirus sp. |
| Rétrovirus : Betaretrovirus sp. |
| Adénovirus : Atadenoviridae, frog adenovirus 1 |
| FONGIQUES |
| Chytridiomycosis : <i>Batrachochytrium dendrobatidis</i> |
| Chytridiomycosis : <i>Batrachochytrium salamandrivorans</i> |
| Chromoblastomycose : <i>Exophiala</i> ? |
| Mucormycose ? |
| Basidiobolus ranarum ? |

| |
|--|
| PARASITAIRES |
| Ectoparasites : sangsues (<i>Placobdella cryptobranchii</i>), acariens, copepodes, mouche des crapauds (<i>Lucilia bufonivora</i>) = larve |
| METAZOAIRES Nématodes/Trématodes/Cestodes |
| Nématodes Rhabditiformes : <i>Rhabdias</i> spp. , <i>Strongyloides</i> spp. |
| Nématodes : <i>Pseudocapillaroides xenopi</i> |
| Strongles |
| Trématode : <i>Ribeiroia ondatrae</i> |
| AUTRES METAZOAIRES |
| Myxozoanose : <i>Myxidium</i> sp., <i>Cystodiscus axonis</i>, <i>Chloromyxum</i> sp. |
| Acanthocephales |
| Vers Oligochaetes : Annelida Naididae |
| Larves de pentastomides |
| Oxyures |
| PROTOZOAIRES |
| Perkinsea infection (Novel Alveolate Group 01) |
| Amoebiase : <i>Entamoeba ranarum</i> |
| <i>Trypanosoma cryptobranchi</i> |
| Cryptosporidiose |
| Coccidies |
| Balantidium-like (parasite intestinal) |
| Protozoaires alvéolés |
| AUTRES |
| Saprolegniose : <i>Saprolegnia ferax</i> |
| Mesomycetozoaire : <i>Amyphibiocystidium</i>, <i>Amphibiotheca</i>, <i>Ichthyophonus</i> - Dermocystides : <i>Amphibiocystidium</i>, <i>Dermocystidium</i>, <i>Dermosporidium</i>, <i>Dermotheca</i>, <i>Sphaerothecum</i>, <i>Valentines</i> |
| Microsporidies |

Pour les six premiers agents pathogènes décrits dans la suite de cette partie, les éléments épidémiologiques les caractérisant (modalités de contamination, réservoirs, vecteurs, persistance dans l'environnement, ...) ne seront pas précisés car ils sont rappelés plus loin dans la partie sur les résultats.

1. Les champignons

Présentation générale de la chytridiomycose : impact sur les amphibiens, caractéristiques principales et taxonomie de ses agents étiologiques

De nombreuses maladies infectieuses sont impliquées dans le déclin mondial des amphibiens. Parmi elles, la chytridiomycose, maladie fongique causée par les champignons chytrides sporozoaires, hétérotrophes (kératinophiles ou chitinophiles), ubiquistes et cosmopolites, en est l'une des principales et est responsable de plus de 40% de l'extinction des espèces d'amphibiens en Amérique Centrale et de nombreuses pertes en Europe, en Australie et en Amérique du Nord (Van Rooij et al. 2015 ; Martel et al. 2013 ; Martel et al. 2014). Cette maladie est à l'origine de graves déclin et de l'extinction de plus de 200 espèces d'amphibiens, des 3 ordres différents (*Anura*, *Caudata* et *Gymnophiona*), dans le monde et représente donc la plus grande menace pour leur diversité par rapport à n'importe quelle autre maladie (Martel et al. 2013 ; Martel et al. 2014). Néanmoins, encore beaucoup de lacunes dans les connaissances concernant la chytridiomycose subsistent, notamment la réelle étendue spatiale et temporelle des espèces en déclin à cause de cette maladie, et son évolution (Scheele et al. 2019).

Les chytrides, membres du royaume des champignons produisant des zoospores, regroupent de nombreux genres et espèces et sont connus pour être des organismes aquatiques vivants de manière libre ou commensale dans les sols mais aussi des parasites de végétaux, de protozoaires et d'invertébrés, retrouvés principalement dans les milieux humides et aquatiques (Longcore, Pessier, Nichols 1999 ; Fisher, Garner, Walker 2009). Jusqu'à la découverte des 2 principaux agents pathogènes des amphibiens parmi les chytrides, *Batrachochytrium dendrobatidis*, découvert en 1998, et *Batrachochytrium salamandrivorans*, découvert en 2013 (Scheele et al. 2019), aucun membre des chytrides n'avait été observé dans les tissus de vertébrés vivants (Longcore, Pessier, Nichols 1999). Ils sont les agents étiologiques de la maladie fongique des amphibiens, appelée chytridiomycose, et ont la particularité d'être les seuls chytrides connus à pouvoir infecter des vertébrés (Fisher, Garner, Walker 2009) (Martel et al. 2013).

Batrachochytrium dendrobatidis (Bd) et *Batrachochytrium salamandrivorans* (Bsal) sont des champignons appartenant à la division *Chytridiomycota* de la classe *Chytridiomycètes* dans l'ordre des *Rhizophydiales* et classés dans la famille

Chytridiaceae (Longcore, Pessier, Nichols 1999). Un arbre phylogénétique simplifié, récent et semblant faire consensus, est présenté dans la figure 5.

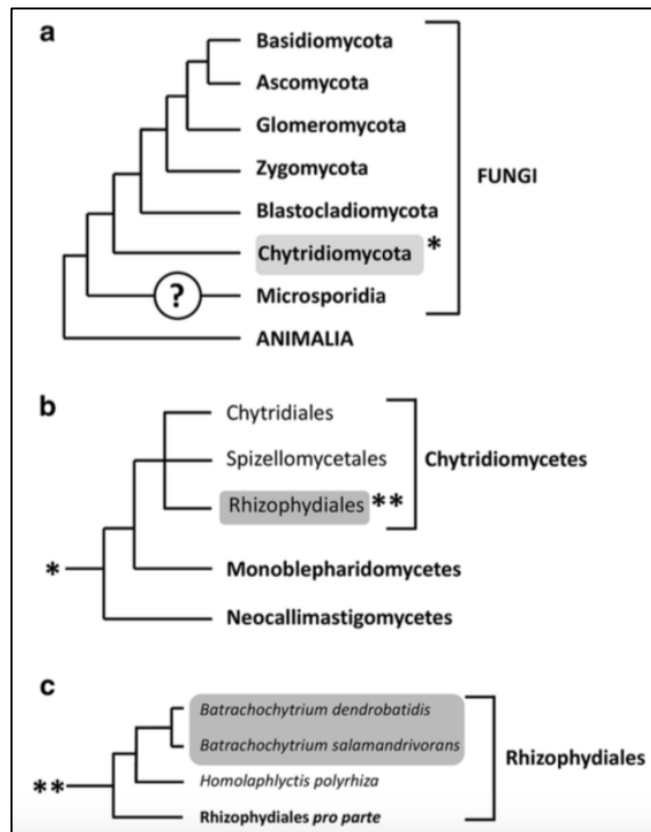


Figure 5 : Arbre phylogénétique simplifié et classification du genre *Batrachochytrium*, indiquant la position taxonomique de *Batrachochytrium dendrobatidis* et *Batrachochytrium salamandrivorans* dans le Royaume des champignons.

Les longueurs des branches ne sont pas proportionnelles aux distances génétiques.

- a)** Phylum *Chytridiomycota*
- b)** Ordre des *Rhizophydiales*
- c)** Position incertaine des Microsporidies
(D'après Van Rooij et al, 2015 – p. 2/22)

Cycle de vie des chytrides

Leur cycle est composé de deux étapes, une sexuée et l'autre asexuée (fig. 6).

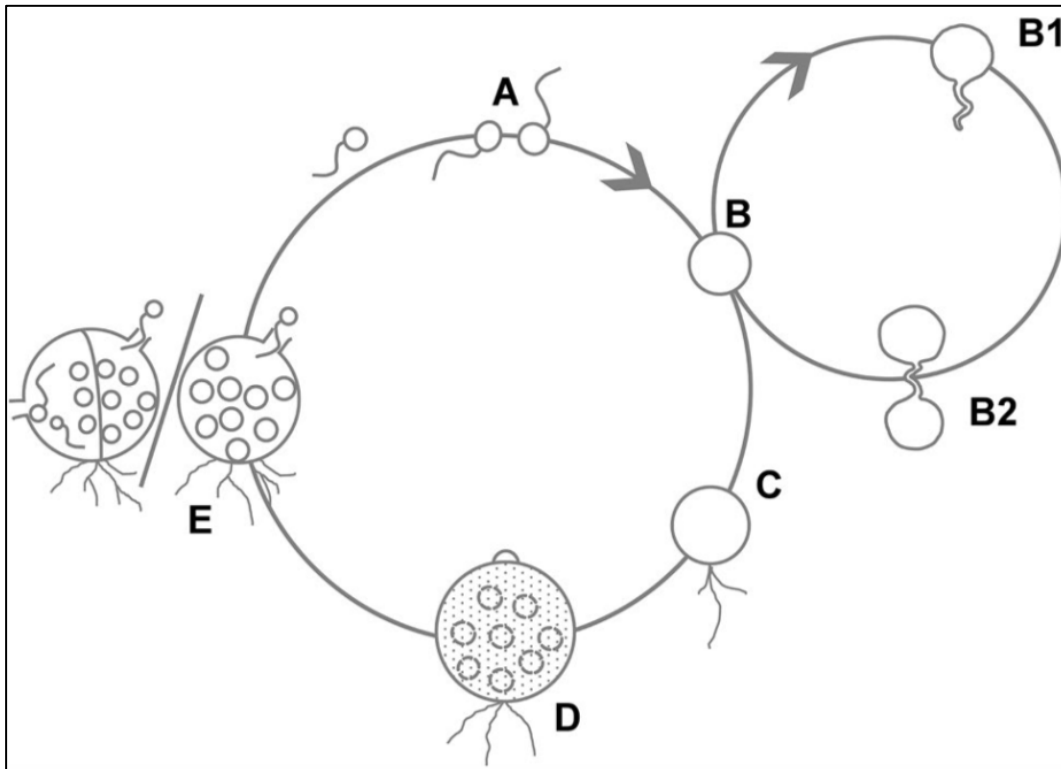


Figure 6 : Cycle de vie des espèces *Batrachochytrium* en milieu de culture.

En culture, Bd réalise son cycle de l'étape A à E tandis que Bsal a un cycle additionnel avec les étapes B1 et B2.

(A) Zoospores mobiles flagellées ; (B) Zoospore enkystée ; (B1) Germe avec les tubes germinatifs ; (B2) Transfert des contenus cellulaires dans un thalle nouvellement formé ; (C) Zoospore enkysté avec des rhizoïdes ; (D) Sporange immature ; (E) Zoosporange mature monocentrique avec tube de décharge (à droite), thalle colonial contenant plusieurs sporanges, chacune avec leur propre tube de décharge (à gauche).

(D'après Van Rooij et al, 2015 – p. 3/22)

La première étape est constituée de zoosporanges dans laquelle un thalle reproducteur produit des zoospores, et la deuxième est caractérisée, contrairement aux autres champignons, par une phase mobile infectante avec des zoospores flagellées et asexuées (fig. 7).

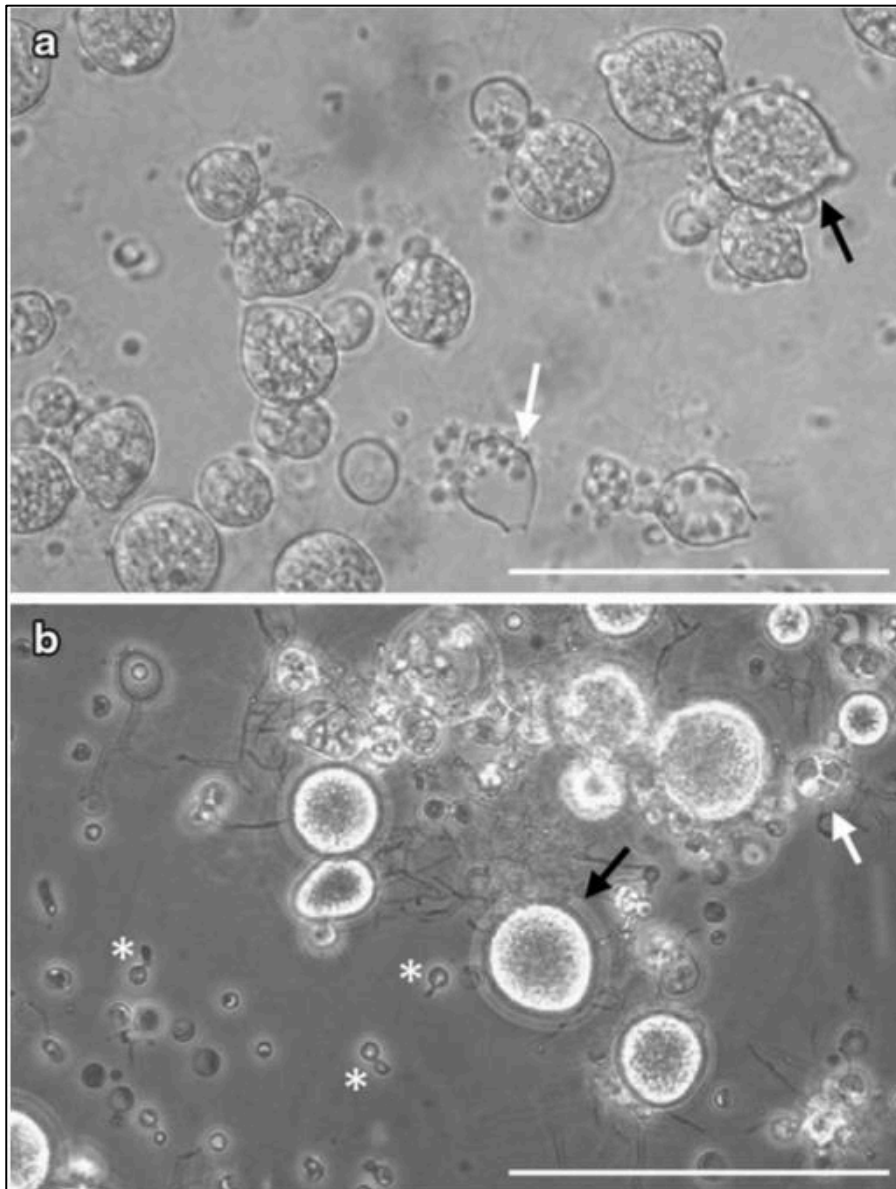


Figure 7 : Morphologie des espèces *Batrachochytrium* en milieu de culture.

Barre d'échelle égale à 100 µm.

- a)** Culture de *Bd* sur milieu tryptone/gélatine-hydrolysate/lactose (TGH)-broth. La flèche noire indique des zoosporanges matures abondants, contenant des zoospores, et la flèche blanche indique des sporanges vides, déchargés.
- b)** Culture de *Bsal* sur milieu TGH-broth, caractérisé par des thalles monocentriques prédominants montrés par la flèche noire, quelques thalles coloniaux montrés par la flèche blanche et des zoospores enkystées avec des tubes germinatifs montrés par l'astérisque.

(D'après *Van Rooij et al, 2015 – p. 3/22*)

Les zoospores présentent une affinité chimio-tactile pour les cellules kératinisées et s'enkystent dans les cellules superficielles de l'épiderme de la peau

des jeunes métamorphosés, des amphibiens adultes et des pièces buccales des têtards, lors de l'infection (Van Rooij et al. 2015).

Origine des chytrides et historique de Bd

Pour commencer, l'origine des deux agents serait le plus probablement l'Asie (Scheele et al. 2019). Les premiers déclinés des amphibiens ont été remarqués et rapportés par la communauté scientifique dans les années 1990 (Van Rooij et al. 2015). Suite à ces observations, des recherches ont été réalisées et des rapports anciens ainsi que l'analyse de spécimens de musées ont permis de retracer l'infection il y a plus d'un siècle, aux États-Unis en 1888, au Brésil en 1894 et depuis les années 1930 en Afrique, mais aussi de déterminer que le pic des déclinés associés à la chytridiomycose se situe en réalité dans les années 1980, quasiment 20 ans avant l'identification de l'agent pathogène (Castro Monzon, Rödel, Jeschke 2020 ; Van Rooij et al. 2015).

L'histoire de la première identification de *Batrachochytrium dendrobatidis* commence dans les années 1990, lorsqu'une mortalité de masse et des déclinés « énigmatiques » sont survenus chez des populations d'amphibiens sauvages d'Amérique Centrale et d'Australie (Van Rooij et al. 2015 ; Densmore, Green 2007 ; Fisher, Garner, Walker 2009). De plus, entre 1996 et 1998, plusieurs individus de différentes espèces d'amphibiens furent retrouvés morts avec des lésions cutanées au Parc National Zoologique à Washington, D.C. Dans l'étude de Pessier et al. (1999), la technique de microscopie électronique fut utilisée sur l'épiderme affecté et révéla la présence dans la peau d'organismes intracellulaires, constitués de zoosporanges contenant des zoospores, caractéristique retrouvée chez les membres des Chytridiomycètes. Des organismes similaires avaient déjà été retrouvés sur la peau d'une grenouille du même parc en 1988 mais ils n'avaient pas été reconnus comme des membres des Chytridiomycètes. Des chytrides histologiquement similaires avaient aussi déjà été observés sur la peau de grenouilles mortes dans plusieurs zoos ou instituts de recherche aux États-Unis dans l'étude de Nichols et al. (1998) mais aussi dans des populations sauvages en Amérique Centrale et en Australie. Berger et al. (1998) formulèrent alors l'hypothèse que ces organismes étaient l'une des causes les plus probables du déclin des amphibiens sauvages observés dans ces pays, même si à l'époque, il n'était pas encore certain que ces organismes retrouvés dans des régions éloignées du monde appartiennent à une seule et même espèce de chytride. Ce n'est

qu'en 1999 que cet agent pathogène fut nommé *Batrachochytrium dendrobatidis* par Longcore, Pessier et Nichols (Longcore, Pessier, Nichols 1999).

Impact sur les amphibiens et dispersion spatiale de Bd

Le premier chytride pathogène *Batrachochytrium dendrobatidis* est ainsi devenu l'un des agents pathogènes ayant le plus grand impact sur la diversité des vertébrés. Il a été rapidement associé à de nombreux déclin et considéré comme le moteur de l'extinction de plusieurs espèces d'amphibiens (Fisher, Garner, Walker 2009 ; Van Rooij et al. 2015). De plus, il agit en parallèle de l'altération des habitats, du réchauffement climatique et des espèces invasives, accentuant ainsi le déclin des amphibiens (Scheele et al. 2019). En 2020 par exemple, 1062 espèces de 71 familles avaient été décrites comme sensibles à l'infection, et ce dans 86 pays de tous les continents, excepté l'Antarctique (fig. 8). Cette large dispersion à travers le monde aurait été facilitée en grande partie et de manière involontaire par les activités humaines de commerce des espèces d'amphibiens. L'agent pathogène a pu ainsi se retrouver dans de nouveaux lieux, en contact avec de nouvelles espèces naïves et plus sensibles. Il a pu également s'hybrider avec d'autres lignées et devenir plus virulent (Scheele et al. 2019 ; Castro Monzon, Rödel, Jeschke 2020). La figure 8 met en évidence cette large distribution spatiale de Bd à travers le monde.

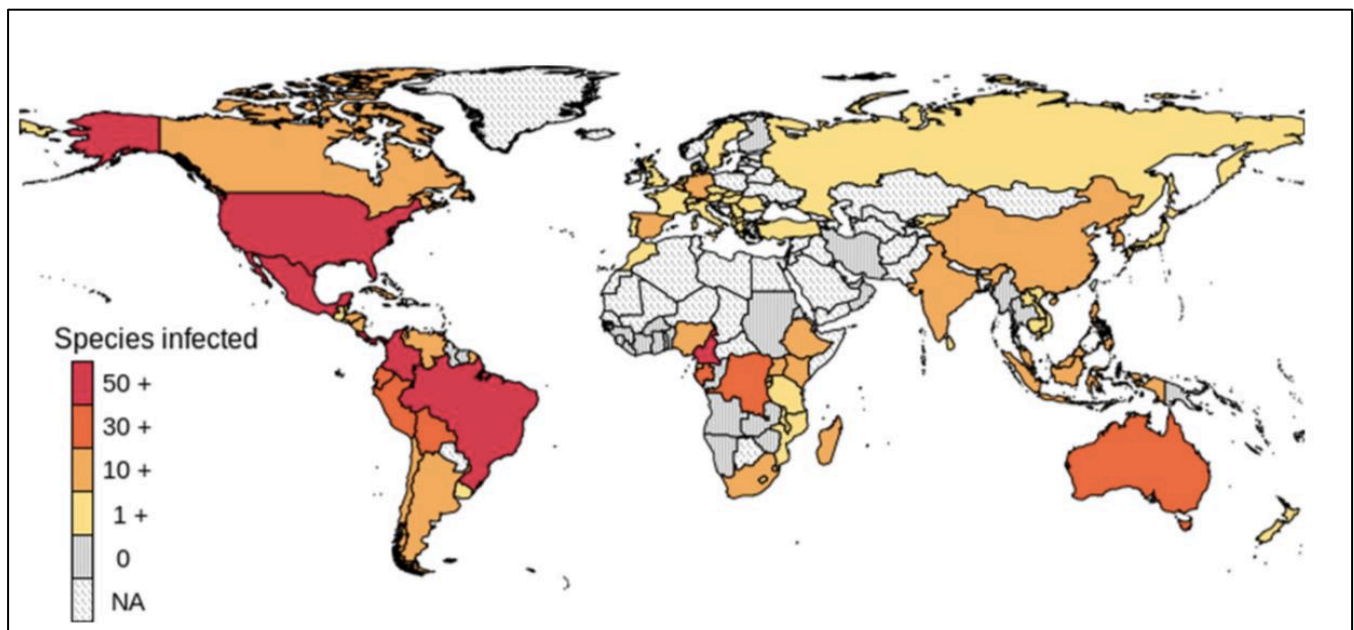


Figure 8 : Distribution spatiale du nombre d'espèces d'amphibiens infectées par Bd dans chaque pays.

(D'après Castro Monzon, Rödel, Jeschke, 2020 – p. 4/10)

Parmi les espèces sensibles à l'infection, au moins 411 sont en déclin à cause de Bd dont 124 ont subi une réduction de plus de 90% de leur population, et 90 sont éteintes ou présumées éteintes dans la nature. Il s'agit de la plus grande perte de biodiversité jamais enregistrée due à un agent pathogène. Parmi les amphibiens, les anoures, qui représentent 89% de toutes les espèces d'amphibiens, ont subi un déclin de 93% de leurs populations. Chaque espèce, selon son mode de vie et les conditions environnementales de son habitat, est affectée différemment par Bd (Scheele et al. 2019). Cependant, il est difficile de connaître de manière précise et de suivre dans la durée quelles espèces et quels lieux sont contaminés car cela demande de nombreuses études et la mise en place d'une base de données fiable et mise à jour constamment. De plus, certaines zones géographiques comme l'Asie ou l'Afrique et certaines espèces ne sont pas bien étudiées par manque de moyens. Cette augmentation du nombre d'espèces et de pays affectés peut donc être due entre autres à une augmentation du nombre d'études dans des lieux inexplorés avant et ces chiffres sont encore susceptibles d'évoluer (Castro Monzon, Rödel, Jeschke 2020) (Scheele et al. 2019).

La figure 9 résume la dispersion de Bd à travers le monde au cours des années et l'élargissement de son spectre d'hôtes en parallèle de la découverte de nouvelles espèces d'amphibiens au fil du temps.

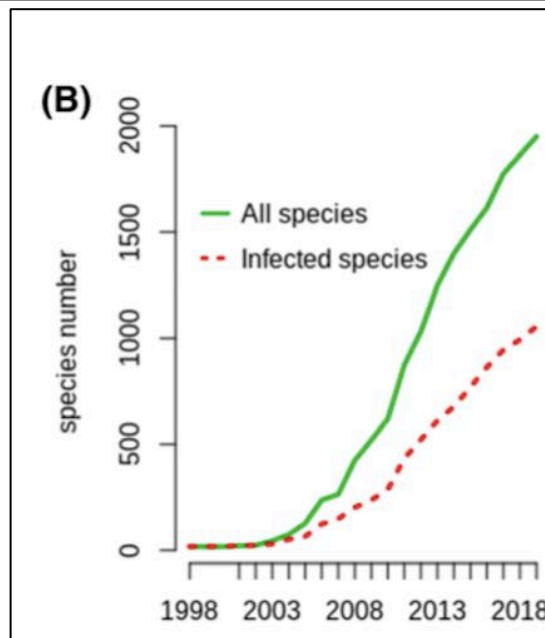
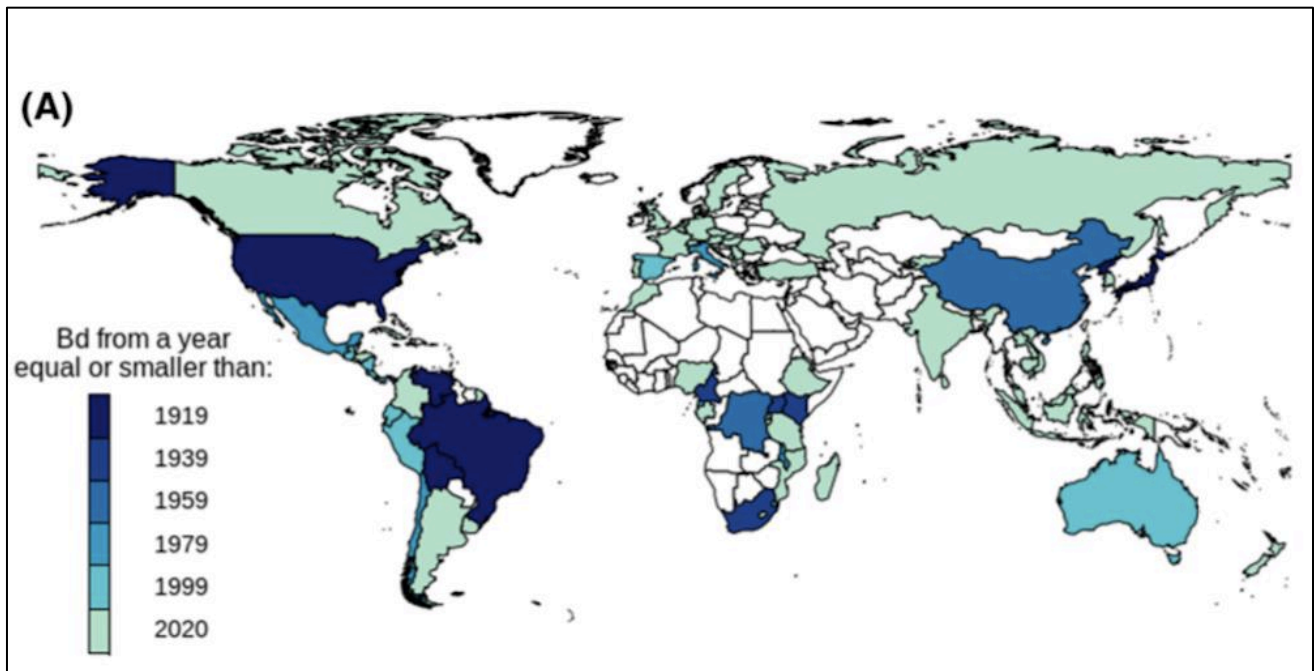


Figure 9 : Modèles temporels des infections à *Bd*.

A) Localisation des infections à *Bd* en fonction du temps

B) Comptage cumulé des espèces d'amphibiens échantillonnées et infectées dans le monde, rapportées dans des papiers publiés depuis 1998. Les données datant d'avant 1999 proviennent de spécimens préservés.

(D'après Castro Monzon, Rödel, Jeschke, 2020 – p. 5/10)

Expression Clinique de *Bd*

Bd provoque des signes cliniques variables chez les amphibiens métamorphosés allant de l'infection asymptomatique à la mort soudaine sans signes

cliniques. Les individus infectés peuvent aussi présenter des lésions cutanées significatives comme de l'érythème, une décoloration ou une hyperplasie de l'épiderme, de l'hyperkératose ou une desquamation excessive (fig. 10). Il est également responsable d'ulcères de la peau chez certaines espèces. Les lésions sont situées principalement sur la partie ventrale de l'abdomen et l'extrémité des membres postérieurs chez les anoures et sur la région pelvienne, les membres et la partie ventrale de la queue chez les caudates. Les autres signes cliniques sont la léthargie, l'anorexie, une anomalie de posture et des signes neurologiques (fig. 10) (Van Rooij et al. 2015).

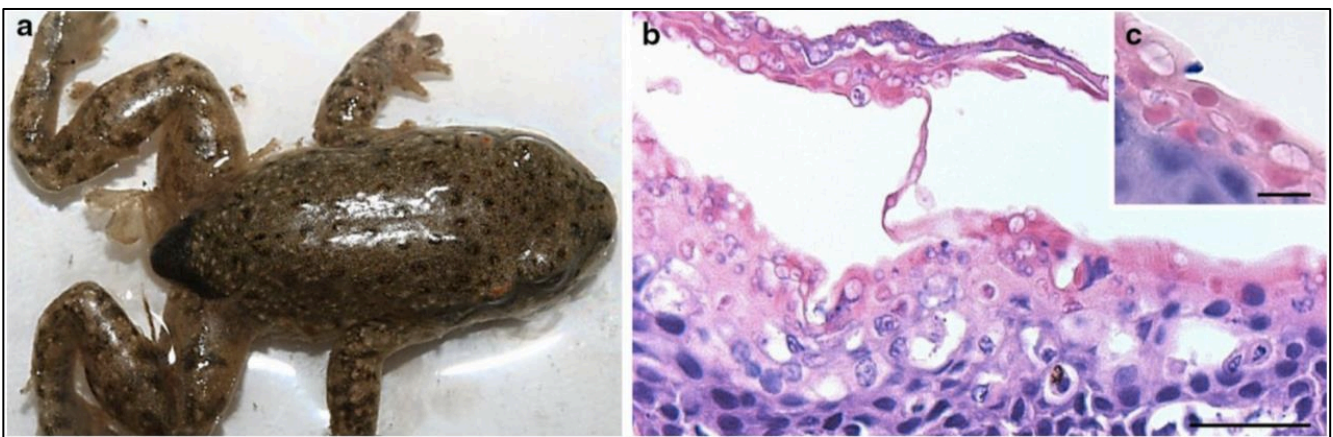


Figure 10 : Signes cliniques et pathologie associés lors l'infection due à *Bd*.

Coloration immunohistochimique avec des anticorps polyclonaux dirigés contre *Bd* (b). Barre d'échelle égale à 10 μ m.

- a) Un alyte accoucheur (*Alytes obstetricans*) malade, naturellement infecté et montrant une posture anormale (abduction des membres postérieurs) et une peau flasque ;
- b) Section à travers la peau du ventre de ce même crapaud infecté, l'infection étant caractérisée par une hyperkératose et une hyperplasie épidermiques diffuses, combinées à la présence de nombreux zoosporanges à différents stades de maturation ;

c) Détail d'un zoosporange intracellulaire cloisonné ;

(D'après Van Rooij et al, 2015 – p. 6/22)

Les larves d'anoures peuvent également montrer des déformations et des dépigmentations visibles de leurs pièces buccales kératinisées. *Bd* peut aussi causer d'autres effets comme la léthargie ou des difficultés à se déplacer, ce qui limite la recherche de nourriture et réduit donc la taille des individus une fois métamorphosés. Il y a également des cas de mortalité. Ces lésions peuvent paraître bénignes comparées à celles causées par d'autres agents pathogènes et pourtant *Bd* est

responsable de la mort de nombreux hôtes. Il perturbe les fonctions vitales de la peau des amphibiens et provoque des troubles osmotiques empêchant une bonne régulation de l'eau et une bonne fonction neurologique, ce qui peut à terme causer la mort de l'individu (Van Rooij et al. 2015).

La réponse de l'hôte à l'infection varie au sein d'une même espèce ou d'une même population et dépend aussi des conditions environnementales de l'habitat et des stades de développement affectés ainsi que de leur immunité. Certaines espèces restent contaminées longtemps sans signes évidents ni mortalité ni déclin et fonctionnent comme des réservoirs tandis que d'autres espèces subissent une forte mortalité et disparaissent (Van Rooij et al. 2015). Parfois, il n'y a pas de mortalité mais un impact significatif sur la reproduction, la croissance et le développement quand les premiers stades de développement sont touchés (Fisher, Garner, Walker 2009).

Pendant longtemps, le seul agent étiologique reconnu de la chytridiomycose était *Batrachochytrium dendrobatidis* mais de récentes pertes de populations, avec des lésions similaires à celles provoquées par Bd et dans une région où la dynamique Bd-hôtes est stable, n'ont pas pu être associées à cet agent, ce qui a posé la question de l'existence d'un autre agent pathogène responsable de la chytridiomycose (Martel et al. 2013 ; Martel et al. 2014).

Historique et impact de Bsal

Le second chytride pathogène *Batrachochytrium salamandrivorans* a été décrit plus récemment et est responsable de la quasi-extinction de la Salamandre tachetée (*Salamandra salamandra*). En effet, dès 2010, un déclin brutal et énigmatique a été observé dans une population en danger, mais ne déclinant pas jusque-là, de salamandres tachetées au sud des Pays-Bas et a mené l'espèce au bord de l'extinction. Un programme de conservation a été mis en place et une quarantaine d'individus survivants furent capturés et élevés en captivité pour une réintroduction ultérieure. Malheureusement, 49% des animaux captifs décédèrent en 2012. En 2013, 96% de la population avait disparu (Martel et al. 2013). Au départ, aucun agent pathogène, ni même Bd, n'a pu être isolé de cet épisode. Finalement, un second champignon chytride hautement pathogène, *Batrachochytrium salamandrivorans*, fut

isolé des lésions cutanées des salamandres mortes. Ce nouvel agent est responsable de la mortalité survenant dans les populations de salamandres tachetées aux Pays-Bas, en Belgique et en Allemagne (Van Rooij et al. 2015 ; Martel et al. 2013). Ce nouveau chytride forme un clade avec Bd et représente une nouvelle espèce parmi l'ordre des *Rhizophydiales* (Martel et al. 2013).

Spectre d'hôtes et dispersion spatiale de Bsal

Bsal n'a pas le même spectre d'hôtes que Bd (Martel et al. 2013). En effet, l'infection par Bsal semble toucher essentiellement les urodèles, salamandres et tritons, et notamment les espèces non asiatiques de la famille des *Salamandridae* et des *Plethodontidae*, dont la majorité des individus ne survivent pas au-delà de deux à trois semaines lors d'infection (Martel et al. 2013). Les salamandres paléarctiques occidentales semblent particulièrement sensibles, d'après l'étude de Martel et al. (2014). En effet, dans cette étude, 41 des 44 individus de l'échantillon sont morts rapidement après avoir été en contact avec Bsal. Dans la même étude, une coloration immunohistochimique de l'épiderme abdominal d'anoures exposés à Bsal a permis de montrer que les zoospores de Bsal ne sont pas capables d'envahir l'épiderme de ces anoures, seulement celui des urodèles (Martel et al. 2014). Cependant, une étude plus récente de Stegen et al. (2017) a révélé que l'Alyte accoucheur (*Alytes obstetricans*) est sensible à de très fortes doses de zoospores et peut le transmettre sans pour autant montrer de signes cliniques. D'autres recherches sont donc nécessaires pour déterminer avec certitude si Bsal peut infecter des anoures (Yap et al. 2017). Par ailleurs, plus de 170 espèces appartenant aux 4 continents, Europe, Asie, Amérique du Sud et du Nord, seraient sensibles à l'infection par Bsal mais pour l'instant, seules les salamandres paléarctiques occidentales aux Pays-Bas, en Belgique et en Allemagne sont concernées par l'infection. Depuis 2013, d'autres épidémies ont également été observées dans des populations captives d'espèces de salamandres européennes aux Royaume-Uni et en Espagne (Kelly et al. 2021). Bsal a été retrouvé en Asie de l'Est sans signes de maladie sur des salamandres asiatiques importées, agissant probablement comme des réservoirs. Compte tenu de sa dispersion discontinue dans le monde, l'agent pathogène est donc probablement endémique d'Asie et a été introduit en Europe récemment via le commerce (Martel et al. 2014).

Caractéristique particulière et expression clinique de Bsal

Plusieurs espèces commercialisées peuvent constituer des réservoirs asymptomatiques, ce qui augmente le risque d'introduction de l'agent pathogène dans d'autres régions du monde (Van Rooij et al. 2015). Enfin, une particularité de Bsal par rapport à Bd est que certaines souches possèdent une capacité saprotrophique, c'est-à-dire qu'elles peuvent être sous forme de spore non mobile infectante leur permettant de survivre longtemps en dehors de leur hôte, dans l'environnement (Yap et al. 2017). Cette capacité est responsable du maintien du déclin de certaines populations qui sont susceptibles de se contaminer et de subir un déclin à nouveau, après avoir déjà été fortement impactées par cet agent pathogène une première fois. Ainsi, l'environnement peut servir de réservoir pour Bsal (Kelly et al. 2021).

Chez les urodèles métamorphosés, Bsal provoque des érosions superficielles multifocales et des ulcères épidermiques profonds étendus sur tout le corps de l'individu infecté (fig. 11) (Martel et al. 2013). Une desquamation excessive (fig. 11), de l'anorexie, de l'apathie, de l'ataxie et la mort sont également d'autres signes cliniques survenant lors de l'infection. Chez les larves de la Salamandre tachetée, l'agent ne semble pas à l'origine de signes cliniques (Van Rooij et al. 2015). L'exposition à Bsal peut donc provoquer une absence de signes cliniques visibles chez certaines espèces et des lésions cutanées plus ou moins sévères et la mort chez d'autres. Tout dépend de la sensibilité de l'hôte et des conditions environnementales dans lesquelles il vit (Martel et al. 2014 ; Yap et al. 2017).

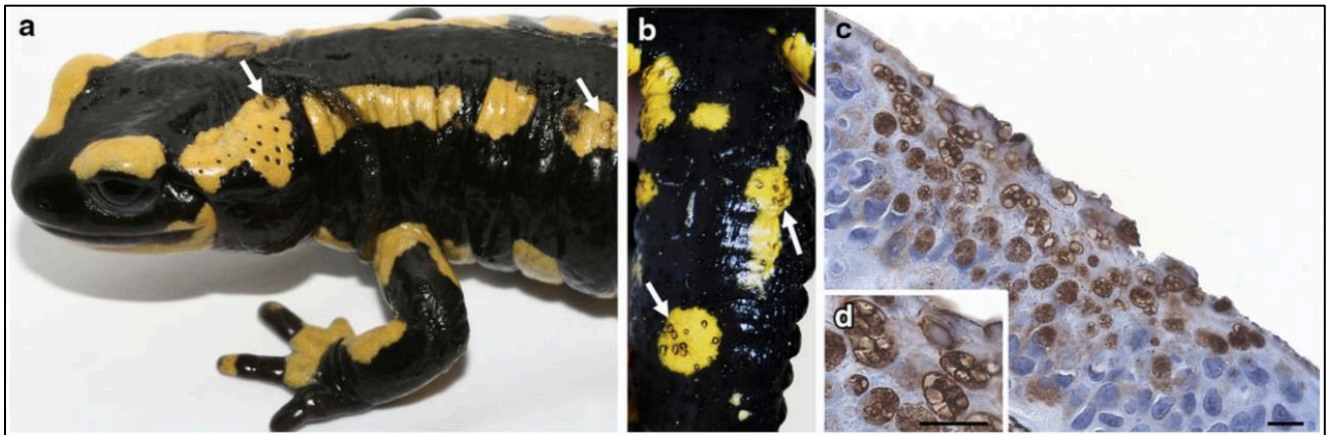


Figure 11 : Signes cliniques et pathologie associés lors l'infection par Bsal.

Coloration immunohistochimique avec des anticorps polyclonaux dirigés contre Bd
(c). Barre d'échelle égale à 10 µm.

- a) Une Salamandre tachetée (*Salamandra atra*) naturellement infectée, découverte pendant une épidémie de Bsal (Robertville, Belgique) et montrant plusieurs ulcères (flèches blanches) et une desquamation excessive ;
- b) Ulcération étendue (flèches blanches) sur la face ventrale d'une Salamandre tachetée infectée ;
- c) Section de peau à travers un ulcère mettant en évidence des thalles coloniaux intracellulaires abondants dans toutes les couches de l'épiderme ;
- d) Grossissement d'un thalle colonial intracellulaire ;

(D'après Van Rooij et al, 2015 – p. 7/22)

Enjeux liés à Bsal

Il est encore difficile de déterminer précisément l'étendue et l'impact de Bsal sur les populations d'amphibiens à travers le monde (Martel et al. 2013). Bsal étant capable de causer une mortalité massive rapide et de conduire des populations à l'extinction, la crainte que cet agent pathogène cause, comme Bd, une pandémie catastrophique chez un large spectre d'hôtes est très présente. Surtout que ce chytride est très présent dans les populations d'urodèles réservoirs en Asie et dans le commerce, qu'il est possible qu'il puisse infecter des espèces d'anoures et qu'une introduction dans des populations naïves puisse survenir à tout moment avec sa dispersion internationale facilitée par le commerce mondial (Kelly et al. 2021 ; Yap et al. 2017).

Ainsi, la chytridiomycose est causée par deux agents qui ne semblent pas partager les mêmes hôtes mais provoquent tous les deux une maladie cutanée mortelle responsable du déclin sévère et de l'extinction de nombreuses espèces (Martel et al. 2013). Elle est qualifiée de « la pire maladie infectieuse jamais enregistrée parmi les vertébrés en termes de nombre d'espèces impactées et de sa propension à les mener à l'extinction » d'après Gascon et al (2007) (Van Rooij et al. 2015).

2. Les virus

Comparé à d'autres groupes de vertébrés, il y a peu de virus pathogènes bien décrits chez les amphibiens. Cependant, ces dernières années, l'augmentation du commerce des amphibiens, pour leur utilisation dans la recherche ou en tant qu'animaux de compagnie, a provoqué une augmentation de l'intérêt porté pour la santé des amphibiens et donc une élévation rapide du nombre d'études et par conséquent de nos connaissances sur ces maladies virales. De plus, l'avancée technologique récente des outils diagnostiques a également permis de mieux identifier et caractériser les virus des amphibiens. Alors que les infections virales étaient jusqu'alors sous-estimées car masquées par les infections bactériennes secondaires et/ou des contaminations post-mortem, aujourd'hui, de plus en plus de virus sont isolés chez des populations sauvages ou captives d'amphibiens (Densmore, Green 2007).

Présentation générale des ranavirus : taxonomie, impact et spectre d'hôtes

Les agents pathogènes viraux les mieux connus chez les amphibiens sont des virus du genre *Ranavirus* de la famille des *Iridoviridae*, virus infectant des vertébrés poïkilothermes, comme les poissons, dans les milieux tempérés et tropicaux du monde entier, c'est-à-dire en Amérique, en Europe, en Asie et en Australie (Wirth, Lesbarrères, Ariel 2021 ; Price et al. 2014 ; Balseiro et al. 2009). Les ranavirus n'affectent pas seulement les poissons mais aussi toute la faune herpétologique d'Europe, bien que les infections soient rares chez les reptiles (Campbell, Pawlik, Harrison 2020).

Ces virus sont des agents pathogènes émergents qui ont le potentiel de provoquer une mortalité significative chez des populations d'amphibiens à travers le

monde avec plus de 100 espèces pouvant être infectées, que ce soit des anoures ou des caudates (Earl et al. 2016). Un des agents étiologiques appartenant au genre *Ranavirus* est le *Frog virus 3* (FV3), hypervirulent, pathogène et dévastateur pour beaucoup de grenouilles. Il a été décrit pour la première fois en 1965, il a un impact sur les stades de vie avant la métamorphose et provoque une mortalité parfois élevée. Son spectre d'hôtes comprend plusieurs espèces de grenouilles. L'*Ambystoma tigrinum virus* est un autre ranavirus causant de la mortalité chez les populations de salamandres tigrées (*Ambystoma tigrinum*), notamment à l'ouest des États-Unis. Il infecte de préférence les larves et son spectre d'hôte est d'ailleurs restreint à cette espèce (Densmore, Green 2007 ; Balseiro et al. 2009).

Historique et dispersion spatiale des ranavirus

Le premier virus de cette famille fut isolé en 1965, mais ce n'est que vingt ans plus tard que l'intérêt porté à leur rencontre a augmenté considérablement compte tenu de leur importance écologique et économique (Wirth, Lesbarrères, Ariel 2021).

Les premiers cas en Europe ont été rapportés à la fin des années 1980, par des particuliers au Royaume-Uni qui ont remarqué une mortalité massive inhabituelle chez la Grenouille rousse (*Rana temporaria*) adulte, exclusivement, suite à des ulcères cutanés et des hémorragies internes sévères, dans les jardins et les parcs. La plupart des populations infectées de cette espèce ont été réduites de 80% en moyenne alors que d'autres n'ont présenté aucune mortalité. Seulement 19% de la population adulte de Grenouille rousse persiste au Royaume-Uni 10 ans après les premiers cas de mortalité (Earl et al. 2016). Depuis, les efforts de recherche sur ces virus ont augmenté en Europe et dans le monde entier.

Il a ainsi été mis en évidence que deux principales lignées de ranavirus sont présentes en Europe, ceux de la lignée du *Frog Virus 3* (FV3) et ceux de la lignée du *Common midwife toad virus* ou virus de l'Alyte accoucheur (CMTV). Au Royaume-Uni, grâce à des études d'échantillonnages et des analyses histologiques et génétiques, un virus FV3 fut isolé de grenouilles retrouvées mortes, et il était proche d'une souche d'Amérique du Nord, ce qui suggère une introduction via le commerce international des amphibiens. Le virus CMTV est également retrouvé dans ce pays depuis 1995 mais il n'a jamais été associé à ces épisodes de mortalité (Cunningham et al. 2007 ; Campbell, Pawlik, Harrison 2020). La première observation de mortalité de masse due à un CMTV-like fut rapportée chez les alytes accoucheurs en Espagne en 2007, dans

le Parc National des Pics d'Europe. Des larves, des juvéniles et des adultes d'anoures et de caudates furent retrouvés morts pendant des études de terrain dans le Parc. Cette mortalité a d'ailleurs parfois mené à un déclin catastrophique des populations qui y résident. En Espagne, des communautés entières ont décliné pendant cinq ans après le début de l'épizootie (Earl et al. 2016). Un virus CMTV-like a donc récemment émergé en Espagne mais d'autres souches de ce virus sont responsables d'une mortalité massive chez d'autres espèces hôtes d'amphibiens dans différents pays d'Europe, contrairement au virus FV3-like qui a provoqué une forte mortalité et un déclin uniquement chez la Grenouille rousse au Royaume-Uni (Price et al. 2014).

L'introduction de ces virus dans différentes parties du monde peut avoir été facilitée par le commerce international (Earl et al. 2016 ; Balseiro et al. 2009). Aux États-Unis la mortalité de populations d'amphibiens est le plus fréquemment causée par les ranavirus (Earl et al. 2016). CMTV-like et FV3-like sont donc capables d'infecter plusieurs espèces et plusieurs stades de développement (Campbell, Pawlik, Harrison 2020).

Expression clinique des ranavirus

Les ranavirus hypervirulents sont connus pour affecter les amphibiens et surtout les stades de vie avant et autour de la métamorphose qui sont plus sensibles. Leur virulence dépend de l'hôte mais ils sont la cause fréquente d'épizooties avec de forts taux de mortalité et des déclinés sévères des populations d'amphibiens sauvages. Les signes cliniques causés par les ranavirus peuvent aller de la mort brutale avec peu ou pas de signes cliniques à des lésions sévères chez de nombreux individus. Les ranaviroses sont souvent caractérisées par des signes cliniques visibles et distincts, sous forme de deux syndromes : une maladie systémique hémorragique suraigüe (fig. 12) ou un syndrome chronique ulcératif . Ces virus provoquent des lésions cutanées érosives, en élévation, des vésicules et notamment des érythèmes avec pétéchies, microhémorragies ou même de la nécrose en particulier autour de la cavité buccale ou à la base des membres postérieurs. Des œdèmes multifocaux ou généralisés peuvent également survenir (Densmore, Green 2007 ; Price et al. 2014). Les hémorragies et la nécrose sont la cause fréquente de mortalité (Balseiro et al. 2009). Un œdème, une augmentation de taille, une hémorragie ou une décoloration des organes internes comme la rate, le foie, les reins ou le tractus gastro-intestinal sont également possibles (Densmore, Green 2007 ; Price et al. 2014). Enfin, une léthargie,

une anorexie, des anomalies de posture et des déplacements anormaux sont encore d'autres signes cliniques possibles (Densmore, Green 2007).

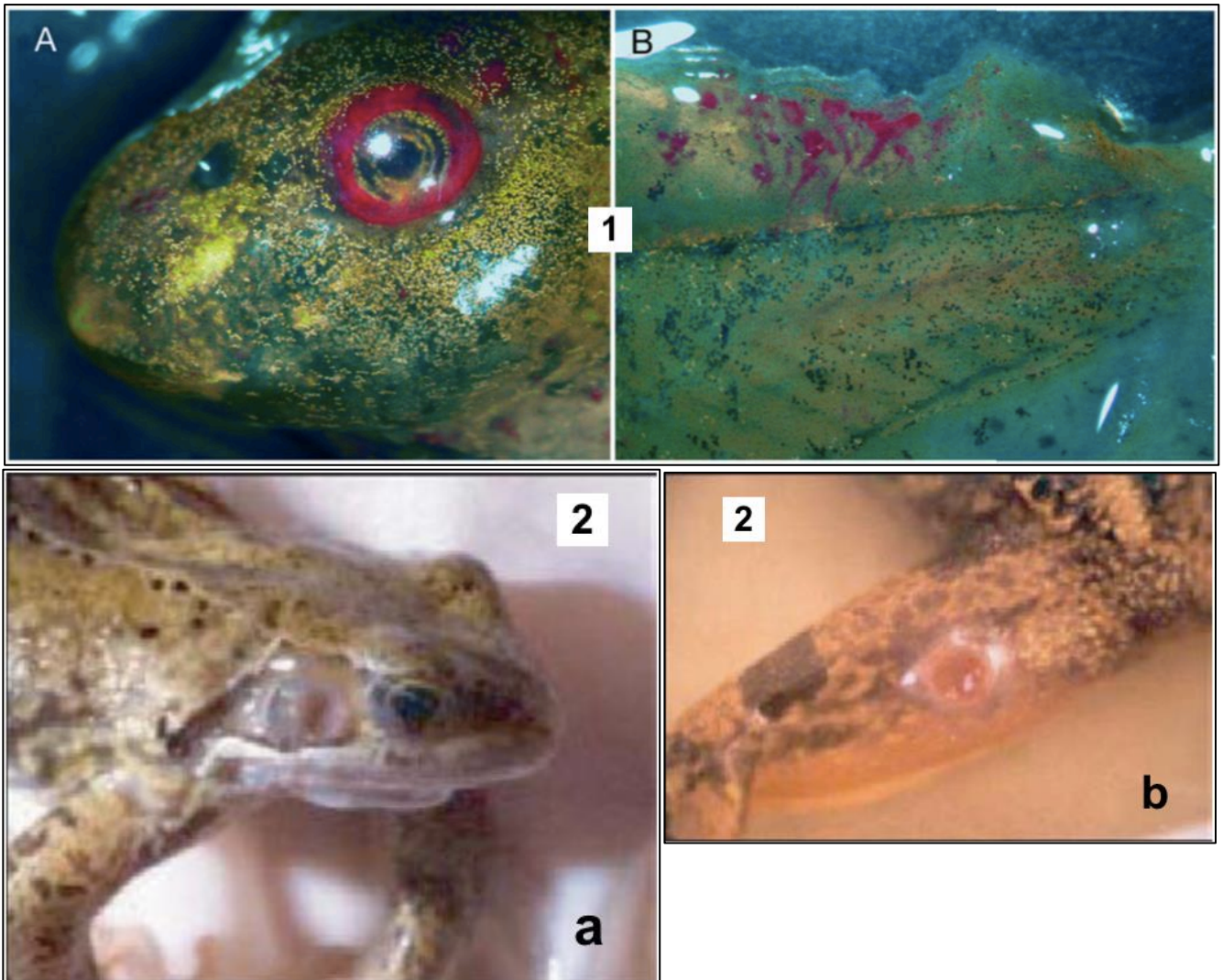


Figure 12 : Signes cliniques et pathologie associés lors l'infection par des ranavirus chez des amphibiens.

- 1) Lésions résultantes de l'infection par un ranavirus CMTV-like chez un têtard d'Alyte accoucheur (*Alytes obstetricans*) d'après Balseiro et al, 2009 (p. 7/11).
 - (A) Lésions d'hémorragies autour des yeux (B) Lésions d'hémorragies dans la peau
- 2) Lésions résultantes de l'infection par un ranavirus FV3-like chez une grenouille d'après Cunningham et al, 2007 (p. 6/13).
 - a) Lésion d'ulcérations de la membrane tympanique droite 24 jours après exposition à des tissus infectés.
 - b) Lésions d'ulcérations sur la région dorsale de la cuisse gauche 35 jours après exposition à des tissus infectés.

Pour finir, les ranavirus ont la capacité d'altérer la reproduction et la structure des populations et peuvent provoquer le déclin prononcé et persistant des populations

des espèces concernées. Ainsi, la ranavirose est une maladie infectieuse émergente et une menace d'extinction des amphibiens en Europe (Campbell, Pawlik, Harrison 2020).

Présentation générale des Alloherpesvirus : impact, spectre d'hôtes et taxonomie

Les herpesvirus sont des virus généralement modérément pathogènes qui provoquent des infections sévères essentiellement chez les jeunes individus ou ceux immunodéprimés (van, Engelsm 2012). Ils possèdent un large spectre d'hôtes parmi les vertébrés et les invertébrés avec notamment les mammifères, les oiseaux, les reptiles, les amphibiens et les poissons, en incluant l'Homme et les animaux domestiques (van, Engelsm 2012 ; Licheri, Origgi 2020 ; Bandín, Dopazo 2011). Les nouvelles techniques de diagnostic moléculaire ont montré que les herpesvirus ont évolué avec leurs hôtes, ils sont bien adaptés à eux et capables d'entrer en latence dans leur organisme. Les herpesvirus infectant les amphibiens appartiennent à un grand groupe d'agents pathogènes encore peu connus (van, Engelsm 2012).

L'Ordre *Herpesvirales* est divisé en trois familles très divergentes, génétiquement et en termes de spectre d'hôtes, malgré des ressemblances morphologiques et une structure conservée. La famille *Alloherpesviridae* est celle qui comprend les herpesvirus des amphibiens mais aussi des poissons (van, Engelsm 2012 ; Licheri, Origgi 2020 ; Bandín, Dopazo 2011). La taxonomie des genres de cette famille n'est pas encore bien définie mais 4 genres, comprenant au total 11 espèces, ont été définis en fonction de leurs relations phylogénétiques et de leurs hôtes : *Batrachovirus*, *Cyprinivirus*, *Ictalurivirus* et *Salmonivirus*. Le genre *Batrachovirus* regroupe tous les herpesvirus des amphibiens. D'autres espèces ont été décrites mais pas assez étudiées pour être classées (van, Engelsm 2012 ; Licheri, Origgi 2020). Bien que connus chez les amphibiens depuis longtemps, les herpesvirus affectant ce groupe de vertébrés restent encore peu étudiés (Origgi et al. 2018).

Historique des Alloherpesvirus

Il a été observé que la Grenouille léopard d'Amérique du Nord (*Rana pipiens*) est souvent affectée par un adénocarcinome rénal appelé tumeur Lucke. Une analyse cytologique de cette tumeur a permis de mettre en évidence une étiologie virale en

1934 par Lucke. Puis des particules virales furent observées au microscope électronique 20 plus tard par Fawcett en 1956, confirmant l'étiologie. Dix ans après, ce virus fut identifié comme un herpesvirus par Lunger en 1964 et nommé *Ranid herpesvirus 1* (RaHV1). A la fin du vingtième siècle, des analyses génétiques ont été réalisées sur ce virus. Alors que les chercheurs tentaient d'isoler ce virus dans les urines d'une grenouille atteinte d'une tumeur en 1965 par Rafferty, un autre virus avec des propriétés génomiques différentes fut isolé malgré des caractéristiques morphologiques similaires. Ce virus, nommé *Ranid herpesvirus 2* (RaHV2), infecte les embryons et les larves de la Grenouille léopard sans causer de tumeur (van, Engelsm 2012 ; Licheri, Origgi 2020 ; Densmore, Green 2007). Jusqu'à récemment, ils étaient les deux seuls herpesvirus connus, puis, un troisième virus observé chez les grenouilles européennes, notamment la Grenouille rousse (*Rana temporaria*) depuis 25 ans, et nommé désormais *Ranid herpesvirus 3* (RaHV3), a été également récemment identifié et caractérisé en 2016. Chez le Crapaud commun (*Bufo bufo*) en Suisse, une partie de la population sauvage de cette espèce est affectée par une dermatite proliférative plus ou moins sévère, une mortalité de masse et un déclin depuis 2014 avec un pic en 2017. Cette maladie émergente chez les crapauds communs européens sauvages est causée par un herpesvirus, Bufonid herpesvirus 1 (BfHV1), longtemps sous-estimé. BfHV1 et RaHV1 sont plus proches entre eux qu'avec RaHV2 et RaHV3, les deux paires forment des groupes génétiquement plus proches au sein du genre *Batrachovirus* (Origgi et al. 2021; 2018; Licheri, Origgi 2020).

Expression clinique des Alloherpesvirus

Ranid herpesvirus 3 est responsable d'une maladie de peau proliférative causant des lésions cutanées sévères et étendues chez les amphibiens. Bufonid herpesvirus 1 est lui aussi responsable d'une maladie cutanée proliférative caractérisée par des plaques cutanées d'hyperplasie épidermique proéminentes, surélevées, circulaires, noires, multifocales à confluentes ainsi que par une desquamation excessive et de la kératose (fig. 13) (Origgi et al. 2018 ; Licheri, Origgi 2020 ; Origgi et al. 2021). L'intensité des lésions cutanées causées par ces deux espèces varie beaucoup, ce qui rend leur importance clinique sur les amphibiens difficile à évaluer. Cependant, la peau est un organe majeur chez ce groupe de vertébrés et toute perturbation ou lésion a un impact non négligeable sur leur survie. L'infection survient de manière saisonnière, notamment à la fin de l'hibernation et

durant la saison d'accouplement. Ces deux virus se ressemblent par les lésions qu'ils provoquent et leur pathogénicité (Origgi et al. 2021).

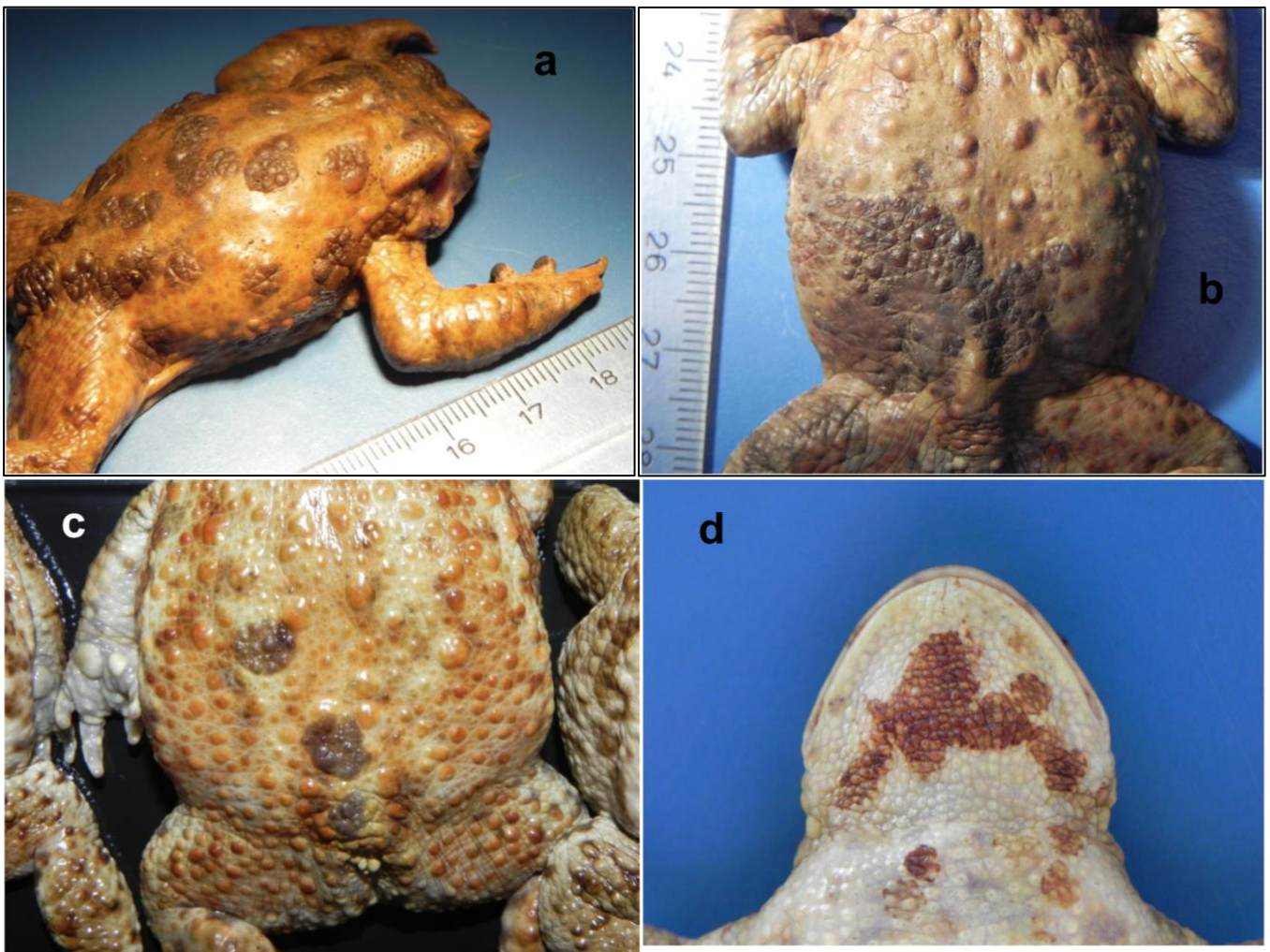


Figure 13 : Signes cliniques et pathologie associés lors de l'infection par *Bufovirion herpesvirus 1* chez le crapaud commun (*Bufo bufo*).

- a) Lésions cutanées sévères caractérisées par des aires cutanées surélevées, marron foncé, multifocales, de taille inégale et dispersées sur face dorsale du crapaud ;
- b) Lésions cutanées sévères caractérisées par des proliférations cutanées parfois coalescentes formant des lésions étendues ;
- c) Lésions cutanées sévères caractérisées par des proliférations cutanées circulaires, isolées et légèrement surélevées ;
- d) Lésions cutanées sévères caractérisées par une desquamation anormale de la peau, observée sur la région gulaire de ce crapaud.

(D'après Origgi et al, 2018– p. 3-4/12)

Les herpesvirus ne sont pas considérés comme des agents affectant de manière significative les amphibiens. L'identification récente de deux nouvelles

espèces ces quatre dernières années révèle le peu d'intérêt encore récent porté à leur égard et le peu de données disponibles sur ces virus. D'autres herpesvirus affectant les amphibiens pourraient exister et demeurer inconnus encore à ce jour (Licheri, Origgi 2020). Le cas de la mortalité causée par BfHV1, qui semble ne pas être limité à la Suisse, soulève l'importance de mieux connaître ces agents pathogènes (Origgi et al. 2018).

3. Les bactéries

Présentation générale des bactéries du genre *Brucella* : impact dans le monde, caractéristiques principales, taxonomie et historique de ces bactéries

La brucellose est l'une des zoonoses bactériennes les plus sérieuses dans le monde, et notamment au Nord de l'Europe, en Amérique du Nord et en Australie, avec 500 000 cas par an chez l'Homme. Elle est endémique dans la majorité des pays développés, dans les régions d'élevage (Rouzic et al. 2021; Whatmore, Foster 2021 ; Soler-Lloréns et al. 2016 ; Jaý et al. 2020). C'est une maladie importante dans le monde vétérinaire pour la santé publique, causée par 12 espèces hautement pathogènes, génétiquement très proches, du genre *Brucella* (établi en 1920 par Meyer et Shaw) dans la famille *Brucellaceae*, la classe *Alphaproteobacteria* et l'ordre *Rhizobiales*. Il s'agit de bactéries Gram-négatives intracellulaires facultatives qui infectent certains organes et tissus mous (Rouzic et al. 2021). Les bactéries du genre le plus proche génomiquement, *Ochrobactrum* spp., sont des bactéries saprophytes vivant dans le sol (Whatmore, Foster 2021 ; Soler-Lloréns et al. 2016 ; Jaý et al. 2018 ; Latheef et al. 2020 ; Coloma-Rivero et al. 2021).

Les bactéries du genre *Brucella* étaient considérées autrefois comme un groupe génétiquement homogène mais sont désormais séparées en deux groupes selon leur tropisme, leur pathogénicité et leurs caractéristiques génétiques et phénotypiques : six espèces de *Brucella* « classiques », affectant les mammifères terrestres, et trois nouvelles espèces récemment découvertes de *Brucella* « atypiques », appartenant à une branche récemment dérivée et affectant certains mammifères dont l'Homme mais aussi les êtres vivants poïkilothermes (Jaý et al. 2018 ; Scholz et al. 2016 ; Jaý et al. 2020 ; Latheef et al. 2020 ; Coloma-Rivero et al. 2021). Cependant, la taxonomie des bactéries *Brucella* n'est pas encore tout à fait définie et de nouvelles espèces ne sont

pas adaptées à cette dichotomie (Whatmore, Foster 2021). Certaines autrefois classées comme étant une seule et même espèce car très similaires sont désormais considérées comme des espèces à part entière (Mühldorfer et al. 2017 ; Scholz et al. 2016). De plus, de nouvelles espèces se sont rajoutées au groupe des *Brucella* « classiques », cette fois chez les mammifères marins et les primates (Jaÿ et al. 2020 ; Latheef et al. 2020 ; Coloma-Rivero et al. 2021).

Ainsi, pendant 40 ans, 6 espèces, affectant l'Homme, les bovins, les caprins, les ovins ou les porcins, étaient connues (Whatmore, Foster 2021). Au départ, seuls les mammifères étaient reconnus comme pouvant être infectés mais des cas d'infection chez les amphibiens rapportés depuis 2012 ont révélé que des hôtes poïkilothermes, comme les poissons et les reptiles, sont envisageables (Scholz et al. 2016 ; Latheef et al. 2020). Ainsi durant la dernière décennie, plusieurs nouveaux membres du genre *Brucella* ont été décrits et certaines espèces déjà connues ont été isolées chez des hôtes non conventionnels mais aussi chez de nouveaux hôtes divers et variés tels que les rongeurs, les amphibiens, les reptiles, les poissons et les chauve-souris (Whatmore, Foster 2021 ; Soler-Lloréns et al. 2016 ; Scholz et al. 2016 ; Jaÿ et al. 2020 ; Latheef et al. 2020).

Depuis plus de dix ans, l'avancée des techniques moléculaires a permis de mettre en évidence et de mieux comprendre la diversité génétique de ce groupe de bactéries et de revoir en même temps sa taxonomie et son épidémiologie. Mais ces bactéries sont encore peu étudiées dans plusieurs régions du monde (Whatmore, Foster 2021). Un arbre phylogénétique récent est présenté dans la figure suivante (fig. 14).

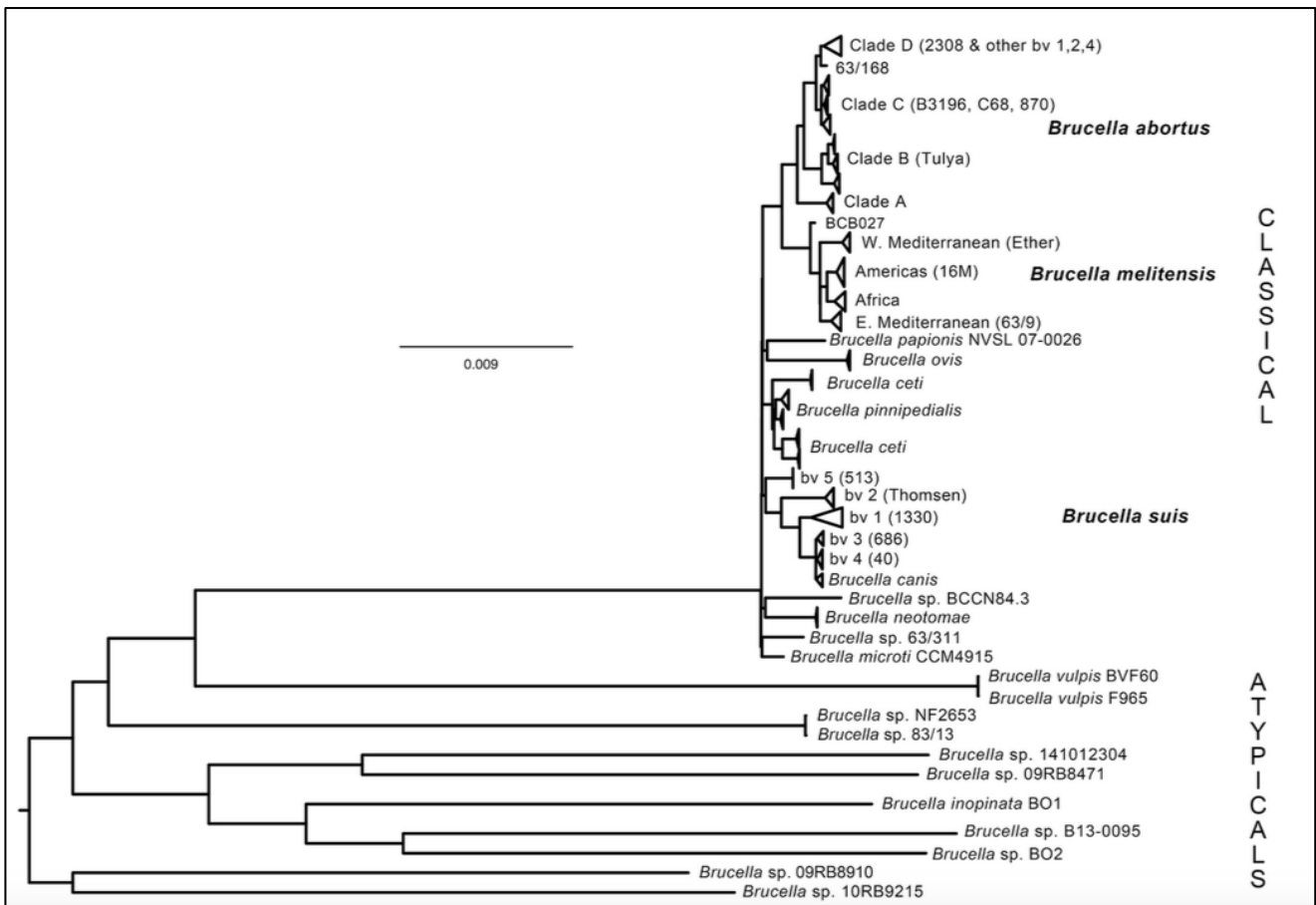


Figure 14 : Arbre phylogénétique des espèces du genre *Brucella* originelles (incluant les six espèces classiques) et des espèces de *Brucella* atypiques.

(D'après Whatmore, Foster, 2021– p. 6/16)

Les bactéries du genre *Brucella* affectant les amphibiens : taxonomie, historique et dispersion spatiale

Plusieurs espèces de *Brucella* sont capables d'infecter les amphibiens qui pourraient représenter un hôte significatif pour elles (Jaý et al. 2018 ; Scholz et al. 2016 ; Jaý et al. 2020 ; Latheef et al. 2020 ; Coloma-Rivero et al. 2021). Les infections ont d'abord été observées chez des amphibiens vivant en captivité, les signes cliniques allant de quelques lésions cutanées superficielles à la mort de l'animal selon l'espèce, les différentes sources d'infections étant inconnues (Soler-Lloréns et al. 2016 ; Jaý et al. 2020). Par ailleurs, les bactéries isolées dans ce groupe de vertébrés sont proches des souches *Brucella inopinata* BO1, *Brucella-like* BO2 et *Brucella melitensis*. Beaucoup de souches appartenant au groupe des *Brucella* « atypiques » ont été isolées chez les amphibiens et bien qu'elles soient similaires génétiquement, elles représentent des lignées différentes et hétérogènes, contrairement aux *Brucella* « classiques ». Ces *Brucella* « atypiques » sont présentes chez plusieurs espèces

d'amphibiens sauvages ou en captivité, en Afrique, en Amérique Centrale et du Sud et en Australie (Jaý et al. 2018 ; Scholz et al. 2016 ; Jaý et al. 2020). Un cas d'infection d'un amphibien par *Brucella* a également été rapporté aux États-Unis, confirmant qu'elles sont présentes partout dans le monde (Soler-Lloréns et al. 2016).

Potentiel zoonotique des *Brucella* affectant les amphibiens

Des cas d'infections ont été rapportés chez des amphibiens élevés pour la consommation humaine. De plus, même si seulement certaines espèces de *Brucella* sont zoonotiques, celles qui affectent les amphibiens sont proches de celles qui ont un potentiel zoonotique reconnu comme *B. suis* biovar 1 (Al Dahouk et al. 2017 ; Soler-Lloréns et al. 2016 ; Jaý et al. 2020). La capacité de transmission des amphibiens à l'Homme n'est cependant pas encore clairement définie mais ils pourraient être de potentiels vecteurs de ces bactéries, en sachant que les *Brucella* zoonotiques se transmettent principalement par contact direct ou consommation de viande crue (Al Dahouk et al. 2017 ; Jaý et al. 2018 ; Scholz et al. 2016 ; Jaý et al. 2020 ; Latheef et al. 2020 ; Coloma-Rivero et al. 2021). Les données sur le potentiel zoonotique de ces souches sont encore peu nombreuses. Cependant, dans beaucoup de pays tropicaux les amphibiens sont consommés sans précautions particulières ou utilisés pour la médecine traditionnelle donc si ce potentiel zoonotique existe, le risque de transmission à l'Homme est très élevé que ce soit par l'alimentation, la médecine mais aussi par l'élevage ou en tant qu'animaux domestiques (Mühldorfer et al. 2017 ; Jaý et al. 2020 ; Latheef et al. 2020). Un premier cas de brucellose, causée par une bactérie isolée chez un homme dont le génome est identique à celui d'une bactérie isolée chez une grenouille du Texas, a été rapporté, mettant en évidence le potentiel zoonotique des *Brucella* affectant les amphibiens (Rouzic et al. 2021).

Expression clinique des *Brucella*

La place de *Brucella* dans les maladies infectieuses recensées chez les amphibiens et son potentiel pathogénique restent encore à déterminer car il s'agit d'agents commensaux du microbiote des amphibiens et de pathogènes intracellulaires facultatifs opportunistes lors d'une baisse d'immunité. En effet, il est peu fréquent que ces bactéries provoquent une maladie chez des amphibiens immunocompétents (Soler-Lloréns et al. 2016 ; Scholz et al. 2016 ; Latheef et al. 2020 ; Coloma-Rivero et al. 2021). Les amphibiens sont souvent des hôtes asymptomatiques mais ils peuvent être plus sensibles à l'infection lorsqu'ils sont soumis à du stress pendant des

transports ou de la manipulation ou à cause des mauvaises conditions de vie en captivité (Rouzic et al. 2021 ; Jaý et al. 2018 ; Scholz et al. 2016 ; Jaý et al. 2020). Ces bactéries sont aussi souvent responsables de maladie chronique ; elles restent dans l'organisme en échappant au système immunitaire. Elles ont donc la capacité d'entrer en latence et de ressurgir lors d'une baisse d'immunité (Coloma-Rivero et al. 2021 ; Mühldorfer et al. 2017 ; Latheef et al. 2020). De plus, lorsqu'il y a des signes cliniques associés à l'infection, ceux-ci sont peu spécifiques. Ce sont des abcès sous-cutanés, des lésions cutanées localisées, une adénomégalie, une arthropathie vertébrale, une panophtalmie, une néphrite chronique ou une infection systémique avec une mortalité élevée (Mühldorfer et al. 2017 ; Latheef et al. 2020).

Pour finir, les *Brucella* sont des bactéries émergentes chez les amphibiens dont la pathogénicité est peu décrite mais qui ont le potentiel de pouvoir causer de graves maladies et un déclin chez les populations d'amphibiens (Latheef et al. 2020).

Présentation générale des mycobactéries : impact dans le monde, taxonomie, historique et spectre d'hôtes

Une autre maladie infectieuse bactérienne, la mycobactériose, peut affecter gravement de nombreuses espèces animales et est rapportée dans la littérature scientifique depuis les années 1880 (Reavill, Schmidt 2012). Plus de 120 espèces appartiennent au genre *Mycobacterium* (Reavill, Schmidt 2012). Elles sont présentes dans le monde entier, dans la majorité des milieux humides et aquatiques et dans les sols (Reavill, Schmidt 2012). Certaines espèces de mycobactéries, telle que *Mycobacterium bovis*, peuvent d'ailleurs causer une maladie zoonotique grave.

La classification des mycobactéries a été modifiée de nombreuses fois pour les caractériser au mieux. Autrefois, les nombreuses espèces de mycobactéries étaient divisées en trois groupes : le complexe *Mycobacterium tuberculosis*, *Mycobacterium leprae* et les mycobactéries non tuberculeuses comprenant *M. marinum* et *M. ulcerans*, dont la classification est encore en cours d'évolution (Ikuta et al. 2018 ; Reavill, Schmidt 2012). *M. ulcerans* appartient au *Mycobacterium marinum* complex, regroupant des mycobactéries pathogènes d'espèces hôtes aquatiques, tels que les poissons et les amphibiens (Willson et al. 2013). *M. ulcerans* aurait récemment évolué à partir de *M. marinum* et partagerait un ancêtre commun avec elle, ce qui expliquerait

leur proximité génétique mise en évidence (Willson et al. 2013 ; Reavill, Schmidt 2012), même si la question se pose si ce ne sont pas deux souches de la même espèce. Les techniques moléculaires d'analyse génotypique ont permis une grande avancée dans l'étude des mycobactéries et des relations entre les différentes espèces et la liste des mycobactéries isolées et identifiées continue d'augmenter (Trott et al. 2004 ; Reavill, Schmidt 2012).

Les mycobactéries sont de fréquentes causes de maladies chez les amphibiens et ont des conséquences dévastatrices sur ce groupe de vertébrés même si leur réelle prévalence dans les populations sauvages demeure inconnue. Il s'agit de la plus ancienne maladie infectieuse observée chez les amphibiens avec un premier cas décrit en 1905. Leur présence a été rapportée chez 31 espèces d'amphibiens, en majorité chez les anoures mais aussi chez les caudates, sauvages ou en captivité, et notamment chez les individus adultes après la métamorphose (Trott et al. 2004 ; Densmore, Green 2007). Une grande partie des infections létales a été observée chez le Xénope Lisse (*Xenopus Laevis*) en Afrique, espèce fréquemment retrouvée dans les laboratoires d'Europe et des États-Unis, ainsi que parmi les populations captives (Willson et al. 2013 ; Densmore, Green 2007). D'autres espèces élevées en captivité dans des élevages ou utilisées dans des laboratoires, comme *Rana pipiens* ou *Bufo* spp., sont également beaucoup affectées (Trott et al. 2004 ; Densmore, Green 2007). Les espèces de mycobactérie les plus fréquemment isolées chez les amphibiens sont *Mycobacterium marinum*, puis *Mycobacterium fortuitum* et *Mycobacterium xenopi*. D'autres espèces, *Mycobacterium chelonae*, *Mycobacterium abscessus*, *Mycobacterium avium*, *Mycobacterium szulgai* et *Mycobacterium ulcerans*, ont également été détectées chez ce groupe de vertébrés. *Mycobacterium liflandi* est une mycobactérie qui a été observée uniquement chez les amphibiens.

Potentiel zoonotique des mycobactéries affectant les amphibiens

Même si aucune transmission directe de mycobactéries des amphibiens à l'Homme n'a encore été rapportée dans la littérature, beaucoup d'espèces de mycobactéries ont un potentiel zoonotique

Les bactéries du complexe *Mycobacterium tuberculosis*, et notamment *Mycobacterium bovis*, ne sont pas connues pour infecter les amphibiens. Cependant, en 2018, un cas d'infection d'une grenouille-taureau (*Lithobates catesbeianus*) a été rapporté dans un aquarium public au Brésil. Elle provenait d'un élevage de grenouilles

de Sao Paulo qui fournit des animaux pour l'alimentation, la recherche et l'éducation. L'origine de l'infection demeure inconnue mais si cette espèce d'amphibien est bien un réservoir, cela pose la question de l'émergence d'une nouvelle source de contamination possible pour cette maladie zoonotique. Entre le commerce international développé de cette espèce et son statut d'une des espèces les plus envahissantes au monde établi par l'UICN, les conséquences pourraient être catastrophiques (Ikuta et al. 2018). Il en est de même pour d'autres espèces de mycobactéries qui peuvent être dispersées via le commerce sans être faciles à repérer à cause de signes cliniques souvent frustes. Par ailleurs, une infection nodulaire cutanée causée par *Mycobacterium gordonae*, bactérie commensale retrouvée dans le sol et l'eau, a été observée dans une colonie de xénopes lisses (*Xenopus Laevis*), avec la même présentation clinique que celle retrouvée occasionnellement chez l'Homme, chez des patients immunodéprimés (Reavill, Schmidt 2012).

Les infections rapportées chez l'Homme apparaissent après le contact d'une peau lésée avec une eau contaminée, notamment avec *M. marinum*, connue pour être associée dans la littérature à des lésions dermatologiques chez les personnes entretenant des aquariums. *M. chelonae*, *M. szulgai* et *M. fortuitum* sont aussi responsables d'infections cutanées et des tissus mous chez l'Homme. *M. ulcerans* cause aussi une maladie émergente non courante chez l'Homme caractérisée par des lésions de nécrose cutanée connues sous le nom d'ulcères de Buruli (Trott et al. 2004). Il s'agit en effet dans certains pays de la seconde maladie mycobactérienne la plus fréquente chez l'Homme après la tuberculose. Elle est d'ailleurs reconnue par l'Organisation Mondiale de la Santé comme un problème de santé publique sérieux à cause de sa haute prévalence dans les zones endémiques et des lésions graves provoquées (Trott et al. 2004). Elle est retrouvée dans les milieux humides et aquatiques comme les marécages et les rivières dans les régions tropicales en Afrique, Australie, Amérique Centrale et Asie de l'Est (Reavill, Schmidt 2012 ; Trott et al. 2004). Lors de ces cas de transmissions, les principaux signes cliniques sont une dermatose nodulaire granulomateuse, des abcès chroniques ou des ulcères cutanés, observés aux extrémités essentiellement et surtout chez des personnes immunodéprimées (Reavill, Schmidt 2012).

Expression clinique des mycobactéries

Chez les amphibiens, la mycobactériose est une maladie cutanée, généralement secondaire à des lésions de la peau (Reavill, Schmidt 2012). Ce sont aussi les individus immunodéprimés et soumis à un stress élevé, dû à des conditions de vie inadaptées, donc souvent des individus élevés en captivité, qui déclarent des signes cliniques plus aigus, sévères et systémiques qui peuvent mener jusqu'à la mort de l'animal (Trott et al. 2004 ; Ikuta et al. 2018). La maladie causée est caractérisée par une mort soudaine lors de cas sévères ou plus fréquemment par des signes chroniques non spécifiques tels qu'un amaigrissement, une léthargie, de l'anorexie, un œdème, un jetage nasal mucopurulent, une hydrocèle, une anasarque, une glomérulonéphrite mais aussi une inflammation chronique avec des lésions cutanées diffuses, miliaires ou localisées, nodulaires, granulomateuses, des ulcères, de l'hyperhémie et des pétéchies, souvent localisées au niveau des doigts ou de la cavité buccale (fig. 15) (Trott et al. 2004 ; Densmore, Green 2007). Les organes internes peuvent aussi être affectés . Chez les amphibiens non immunodéprimés, vivant le plus souvent à l'état sauvage, la maladie se caractérise par une infection chronique subclinique avec peu ou pas de signes cliniques (Densmore, Green 2007 ; Martinho, Heatley 2012). *M. liflandi* et *M. ulcerans* peuvent produire une toxine qui augmente la sévérité de la réponse inflammatoire (Willson et al. 2013). Les signes cliniques ne sont pas pathognomoniques et varient selon les espèces de mycobactéries, les hôtes et les conditions environnementales. Par ailleurs, dans une même population infectée, un grand nombre d'individus peut ne pas présenter de signes cliniques (Martinho, Heatley 2012).

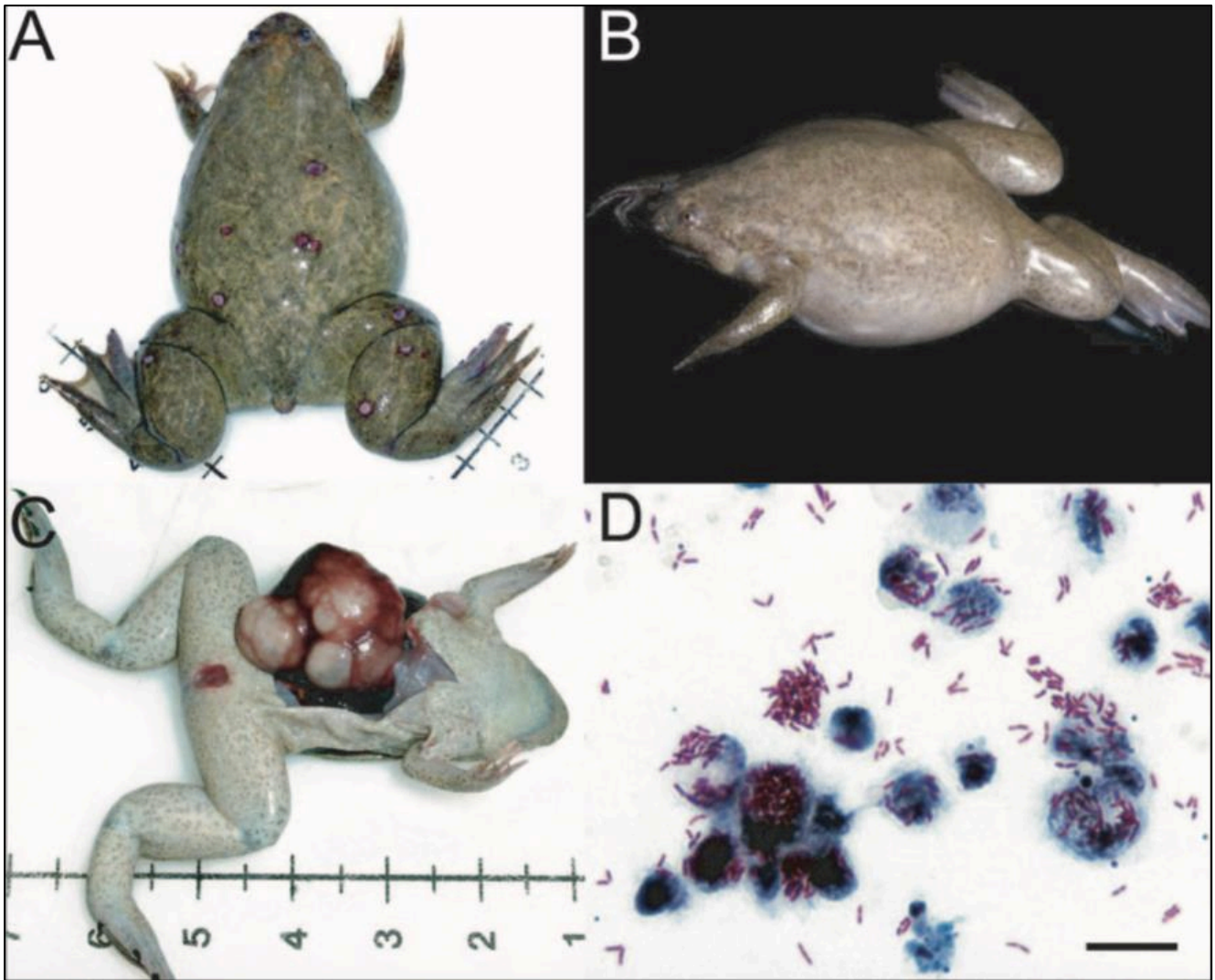


Figure 15 : Signes cliniques et pathologie associés lors de l'infection par des mycobactéries chez une femelle adulte *Xenopus tropicalis* (*Xenopus tropicalis*).

Coloration rapide à l'acide de Ziehl-Neelson. Barre d'échelle égale à 14 μm .

(A) Mycobacteriose cutanée sévère avec des ulcères cutanés multifocaux distribués partout dans le tégument ; (B) Mycobacteriose suraiguë avec une distension coelomique marquée et un œdème généralisé ; (C) *Xenopus tropicalis* adulte avec des ulcérations cutanées focales, dont le foie est extériorisé et caractérisé par des granulomes hépatiques généralisés au niveau du lobe gauche ; (D) Examen cytologique du liquide coelomique chez un *Xenopus tropicalis* avec coelomite sévère et épanchement important. Plusieurs mycobactéries individuelles ou rassemblées en paires sont regroupées dans des macrophages ou libres dans l'épanchement.

(D'après Trott et al, 2004 – p. 4/9)

Bien qu'aucune mortalité de masse causée par ces bactéries n'ait été observée jusqu'à présent et que les cas où un grand nombre d'individus se sont retrouvés fortement impactés par ces agents pathogènes concernent quasiment exclusivement

des populations élevées en captivité, les mycobactéries demeurent des agents infectieux à surveiller et dont les conséquences ne sont pas négligeables (Trott et al. 2004 ; Densmore, Green 2007). En effet, l'altération grandissante des écosystèmes rend les conditions de vie des populations sauvages des amphibiens de plus en plus inadaptées. Ces populations sont par conséquent soumises à un stress de plus en plus élevé et ces bactéries pourraient alors avoir des conséquences plus désastreuses qu'actuellement, comme une mortalité massive et des déclin, chez ces populations devenues plus fragiles et sensibles.

4. Les parasites

Présentation générale, origine et taxonomie des protozoaires *Perkinsea*-like

Parmi les maladies parasitaires des amphibiens, une maladie émergente, provoquée par des protozoaires *Perkinsea*-like, infectant les amphibiens dans le monde entier et causant des épisodes de mortalité massive et des déclin notamment aux États-Unis, a été récemment mise en évidence (Savage et al. 2021 ; Smilansky et al. 2021).

Depuis 1999, des têtards appartenant à un large spectre de familles de grenouilles et infectés par un protozoaire, appartenant au phylum *Perkinsea* du superphylum *Alveolata*, ont été observés dans les habitats tempérés et tropicaux de plusieurs continents. L'étude de Chambouvet *et al.* (2015), réalisée suite à un épisode de mortalité massive de têtards de Grenouille Léopard (*Lithobates sphenoccephalus*) en Géorgie (États-Unis) en 2006, a permis d'identifier un groupe monophylétique diversifié d'organismes *Perkinsea*, nommé *Novel Alveolate Group 01* (NAG01). Grâce aux nouvelles techniques de diagnostic moléculaire, ces organismes sont isolés du foie de têtards échantillonnés et également de prélèvements d'eau fraîche en Amérique du Nord et du Sud, en Afrique et en Europe. Dans cette étude, les organismes *Perkinsea* isolés ont été départagés en quatre clades phylogénétiques appartenant au groupe NAG01. Trois de ces clades sont répandus géographiquement et sont responsables d'infections cryptiques, c'est-à-dire sans signes cliniques visibles chez l'hôte. Le quatrième a été retrouvé uniquement en Géorgie aux États-Unis et a été associé à un épisode de mortalité (Isidoro-Ayza et al. 2017). En effet, les résultats de l'étude d'Isidoro-Ayza *et al.* (2017) suggèrent qu'une seule souche du groupe de

Perkinsea NAG01, appelée clade pathogénique *Perkinsea*, est très probablement responsable des infections sévères observées aux États-Unis (Isidoro-Ayza et al. 2017 ; Smilansky et al. 2021). Les têtards affectés par ce groupe sont retrouvés sur plusieurs continents alors que le clade pathogénique, associé aux infections sévères à *Perkinsea*, a été isolé uniquement aux États-Unis pour l'instant (Smilansky et al. 2021). Un arbre phylogénétique récent est présenté dans la figure suivante (fig. 16).

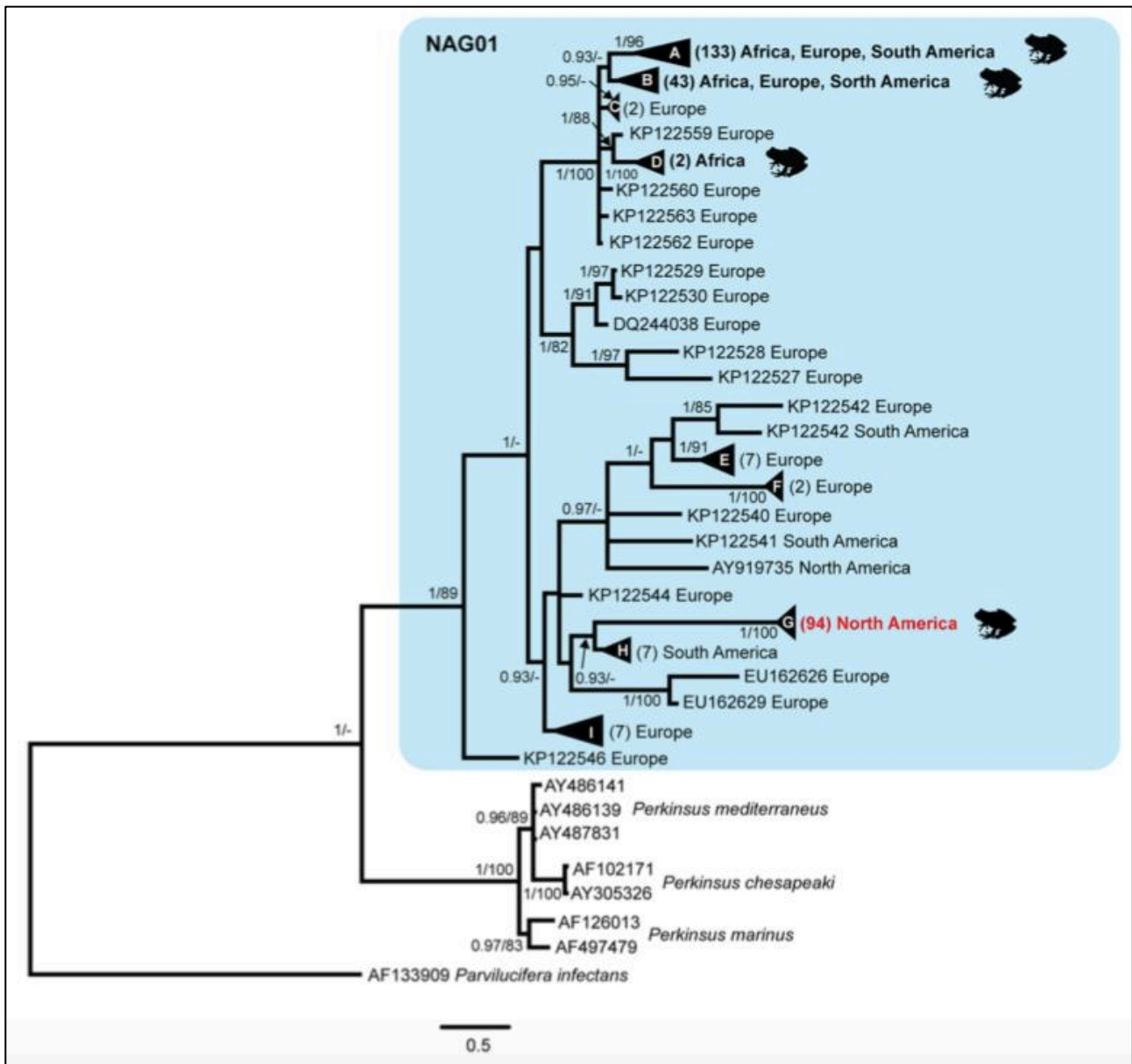


Figure 16 : Arbre phylogénétique du groupe NAG01 de *Perkinsea* fondé sur les séquences ADN.

Les clades marqués avec le symbole représentant une grenouille contiennent des représentants *Perkinsea* détectés dans les organes internes des têtards. Les autres clades du NAG01 ont été détectés dans l'environnement (échantillons d'eau fraîche) et ils ne sont pas connus pour infecter des amphibiens.

Toutes les séquences de *Perkinsea* dérivées des grenouilles Nord-Américaines atteintes d'infections sévères à *Perkinsea* sont retrouvées dans un seul clade (marqué en rouge). Les autres clades *Perkinsea* retrouvés chez des grenouilles ont été rapportés comme ne causant que des infections cryptiques.

(D'après Isidoro-Ayza et al, 2017 – p. 5/10)

Spectre d'hôtes et historique des protozoaires *Perkinsea*-like

Cet agent infectieux peut infecter un large spectre d'hôtes parmi les grenouilles, avec 11 espèces d'anoures sensibles aux États-Unis et notamment 3 familles à la distribution géographique quasi mondiale, les familles des *Hylidae*, *Ranidae* et *Bufo*nidae (Isidoro-Ayza et al. 2017 ; Smilansky et al. 2021). Ce nombre d'hôtes est susceptible d'augmenter dans le futur, au fur et à mesure que la recherche concernant cet agent pathogène se développe (Isidoro-Ayza et al. 2017).

En effet, même si elle est encore peu étudiée et comprise, cette maladie serait la troisième maladie infectieuse la plus courante associée à la mortalité des anoures sauvages en Amérique du Nord, avec 21 épisodes d'infections sévères à *Perkinsea* décrits entre 1999 et 2015 (Savage et al. 2021 ; Isidoro-Ayza et al. 2017 ; Smilansky et al. 2021). La première mortalité de masse associée aux infections sévères à *Perkinsea* a été rapportée dans le New Hampshire en 1999. De nouveaux épisodes de mortalité ont été rapportés depuis dans sept États sur une zone géographique étendue (Smilansky et al. 2021). En effet, des infections sévères à *Perkinsea*, caractérisées par une mortalité massive de têtards aux États-Unis, en Floride, en Géorgie, au Minnesota, au Mississippi et dans le New Hampshire, ont été observées avec des taux de mortalité pouvant s'élever jusqu'à 95% pendant certaines de ces épidémies (fig. 17) (Isidoro-Ayza et al. 2017).

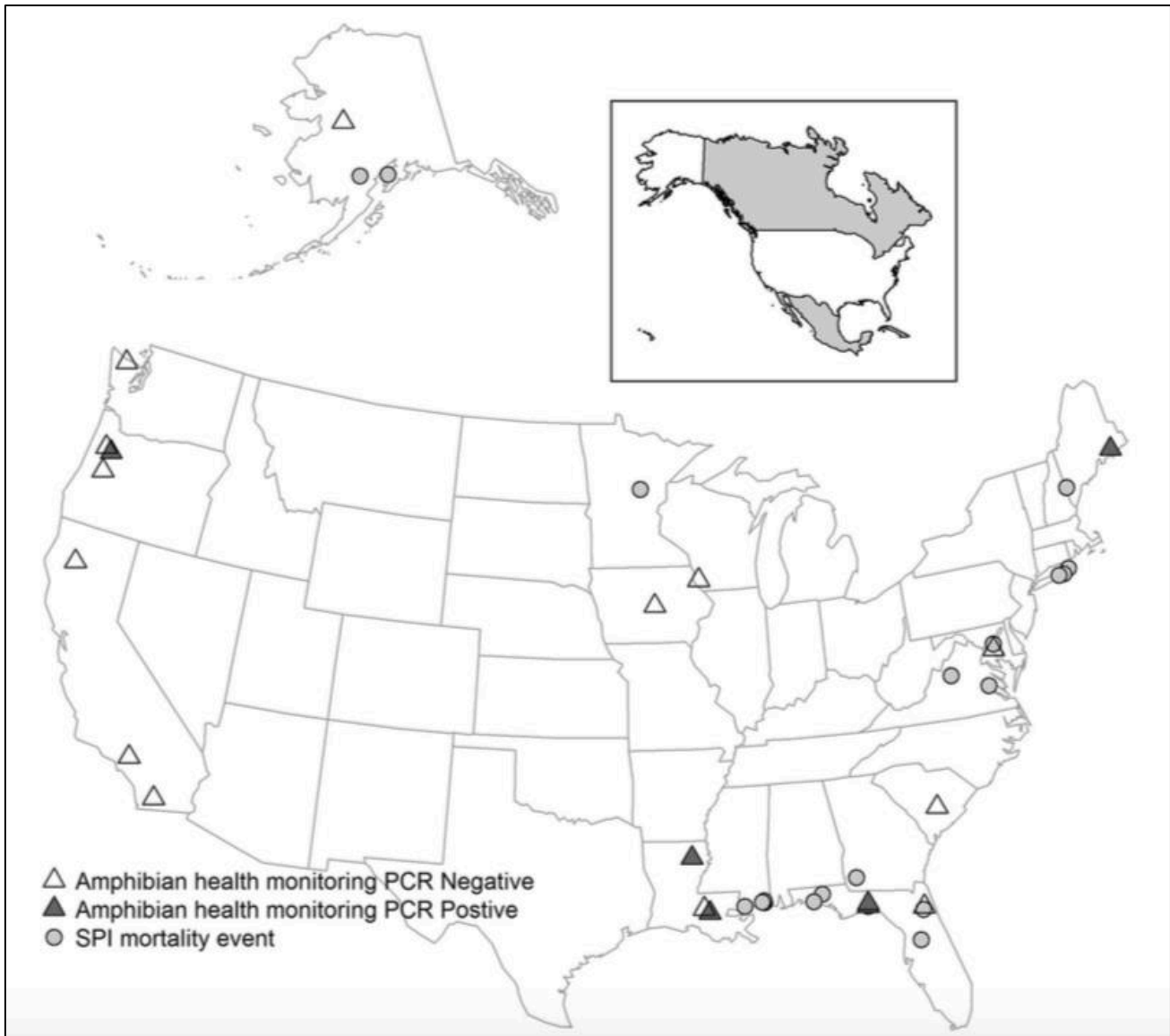


Figure 17 : Distribution géographique des événements de mortalité, associés à des Infections Sévères à Perkinsea (ISP) et des détections de l'agent Perkinsea appartenant au Novel Alveolate Group 01 (NAG01) par PCR chez des têtards capturés lors de ces événements de mortalité.

Études de surveillance de la santé investiguées aux États-Unis par le Centre National de la Santé de la Faune Sauvage et la Commission Géologique, et l'Initiative de Surveillance et de Recherche sur les Amphibiens de la Commission Géologique.

Les cercles gris représentent les sites des événements de mortalité associée aux ISP. Les triangles noirs correspondent aux sites où les *Perkinsea* appartenant au NAG01 ont été détectés chez les têtards capturés pendant les études de surveillance de la santé des amphibiens. Les triangles vides représentent les sites où les têtards asymptomatiques, et n'étant pas infectés par les perkinsea du NAG01, ont été capturés pendant les études de surveillance de la santé des amphibiens.

(D'après Isidoro-Ayza et al, 2017 – p. 2/10)

Expression clinique des protozoaires *Perkinsea*-like

Dans l'étude d'Isidoro-Ayza *et al* (2021) les infections à *Perkinsea* ont été observées uniquement chez des têtards mais dans l'étude récente de Savage *et al* (2021), il a été montré que *Perkinsea* peut infecter non seulement des têtards et de jeunes métamorphosés mais aussi des juvéniles et des grenouilles adultes (Isidoro-Ayza *et al.* 2017 ; Savage *et al.* 2021). Le protozoaire NAG01 peut être sous forme infectante, associé à d'autres agents pathogènes ou sous forme libre. Il infecte le tissu hépatique des têtards d'anoures notamment (Savage *et al.* 2021). De plus, il provoque des signes non pathognomoniques tels qu'un gonflement généralisé, une léthargie et des hémorragies cutanées chez les têtards. Dans une grande partie des cas, aucun signe clinique morphologique indiquant une infection n'est visible, seuls le foie et d'autres organes comme la rate, le pancréas, les anses intestinales, les muscles squelettiques, le derme et le péritoine, sont de taille augmentée et infiltrés par les organismes semblables à *Perkinsea* (fig. 18) (Isidoro-Ayza *et al.* 2017 ; Smilansky *et al.* 2021).

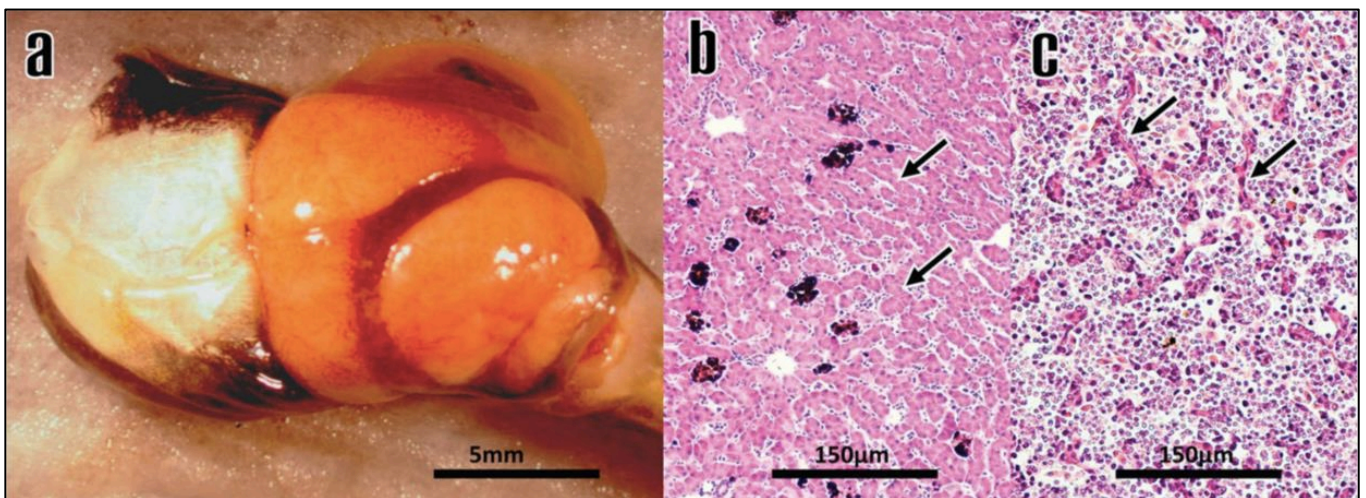


Figure 18 : Signes cliniques et pathologie associés aux infections sévères à *Perkinsea* chez les têtards de Grenouille taureau (*Rana catesbeiana*) Américaine.

- a) Hépatomégalie sévère (environ trois fois la taille normale) avec décoloration jaune-pâle du foie ;
- b) Foie d'un têtard non infecté de Grenouille léopard du Sud (*Rana sphenoccephala*), révélant une architecture hépatique normale. Les flèches indiquent les hépatocytes sains formant des cordes hépatiques.
- c) Foie d'une grenouille taureau infectée, révélant un parenchyme hépatique à 90% diffus, remplacé par un grand nombre de protozoaires *Perkinsea*-like. Les flèches indiquent quelques cordes hépatiques restantes dégénérées.

(D'après Isidoro-Ayza *et al*, 2017 – p. 5/10)

Dispersion spatiale des protozoaires *Perkinsea*-like

Bien qu'il y ait peu de temps, les infections sévères à *Perkinsea* n'avaient pas encore été rapportées en dehors des États-Unis, la récente étude de Smilansky *et al* (2021) a révélé de nouvelles épizooties et de nouveaux déclinés associés au clade pathogénique *Perkinsea* au Panama et aux Royaume-Uni (Isidoro-Ayza *et al.* 2017 ; Smilansky *et al.* 2021). Aucune autre mortalité de masse associée à cet agent pathogène n'a été observée au Royaume-Uni ou ailleurs en Europe pour le moment. Cependant, de nombreux individus, élevés en captivité, sont transportés pour le commerce ou la nourriture et donc dispersés à travers le monde, ce qui constitue un risque de transmission de l'agent pathogène ailleurs que dans les pays déjà affectés (Smilansky *et al.* 2021). D'autres études sont nécessaires pour déterminer la réelle distribution géographique de *Perkinsea* et prévoir les conséquences d'une dispersion de cet agent pathogène chez des hôtes sensibles à travers le monde (Isidoro-Ayza *et al.* 2017 ; Smilansky *et al.* 2021).

Association d'agents pathogènes et réel impact des protozoaires *Perkinsea*-like

En effet, les amphibiens peuvent être co-infectés par un ranavirus et un perkinsea. Cette co-infection est courante, surtout chez les têtards, et contribue aux épisodes de mortalité massive des anoues en Amérique du Nord. Elle peut aussi avoir des effets délétères chroniques. Des co-infections avec *Batrachochytrium dendrobatidis* sont également possibles. Cette association d'agents pathogènes ajoute un facteur de stress sur des hôtes déjà affaiblis et il y a alors plus de risques de mortalité dans ces cas-là (Savage *et al.* 2021 ; Isidoro-Ayza *et al.* 2017). Les résultats de l'étude de Savage *et al* (2021) suggèrent que les organismes *Perkinsea* peuvent tout de même dégrader l'état général de leur hôte et provoquer de la mortalité, indépendamment des autres agents pathogènes (Savage *et al.* 2021). Dans l'étude d'Isidoro-Ayza *et al* (2017), les infections sévères à *Perkinsea* ont été associées à une mortalité massive de centaines voire de milliers d'individus dans 43% des épisodes où *Perkinsea* était le seul agent étiologique détecté. D'autres données doivent encore être apportées, comme de savoir à quel point les infections sévères à *Perkinsea* contribuent à la mortalité et au déclin des amphibiens sur une zone géographique étendue et pour un large spectre d'hôtes sensibles à l'infection, et d'également savoir si ces épisodes de mortalité sont dus à un seul clade de *Perkinsea* ou à de multiples taxons (Isidoro-Ayza *et al.* 2017).

Pour finir, la taxonomie de ce groupe d'agents infectieux n'est pas encore bien définie et les méthodes diagnostiques actuelles ne sont pas encore bien adaptées pour caractériser précisément le clade pathogénique *Perkinsea* ou même détecter sa présence dans certaines régions des États-Unis et du monde. Des analyses génétiques plus poussées et adaptées sont nécessaires pour connaître l'histoire évolutive et l'impact réel de ce clade sur les amphibiens (Isidoro-Ayza et al. 2017).

II. Établissement d'une base de données et hiérarchisation des enjeux sanitaires des amphibiens dans les espaces protégés en France

A. La surveillance sanitaire dans les Parcs Nationaux en France : état actuel et enjeux

1. Surveillance sanitaire dans les Parcs Nationaux : état des lieux

Le concept « One Health », porté par OMSA, met en évidence le rôle désormais reconnu de la faune sauvage comme étant un réservoir potentiel d'agents pathogènes pouvant être impliqués dans l'émergence ou la résurgence de maladies infectieuses et pouvant être à l'origine de crises sanitaires plus ou moins graves (Hadibi et al. 2019).

Par ailleurs, depuis une vingtaine d'années en France, l'émergence, la recrudescence et la persistance de maladies infectieuses de la faune sauvage sont observées. Par conséquent, une prise de conscience du risque lié aux dangers sanitaires dans la faune sauvage est survenue. Le ministère de l'Agriculture et de la Souveraineté alimentaire avec les organisations agricoles et les institutions de gestion de la faune sauvage ont réalisé l'importance d'inclure la faune sauvage dans l'évaluation, la surveillance et la gestion des risques en santé animale. La surveillance sanitaire des animaux sauvages est ainsi devenue un enjeu en santé animale comme en santé publique pour lutter et parvenir à éradiquer ou endiguer plusieurs maladies animales graves (Hars et al. 2016).

En ce qui concerne les amphibiens, l'émergence préoccupante de maladies infectieuses, suite au changement climatique ou à l'introduction d'espèces animales exotiques dans des territoires inappropriés et causant une mortalité massive d'amphibiens dans les espaces protégés en France, a motivé la mise en place d'une surveillance sanitaire spécifique pour ce groupe de vertébrés dans les PN (fig. 19) (Parcs nationaux 2017).



Figure 19 : Forte mortalité chez une population de jeunes alytes accoucheurs (*Alytes obstetricans*).

Les individus ont été trouvés morts sur les berges d'un lac pyrénéen et l'agent étiologique identifié est un champignon, dont l'espèce n'était pas encore connue.

(D'après Parcs nationaux, 2017 – p. 13/75)

Des réseaux de surveillance sanitaire se sont mis en place durant les dernières décennies, dont le dispositif de surveillance des PN établi dans les années 1970 (Hadibi et al. 2019). En effet, le suivi sanitaire de la faune sauvage dans les PN a débuté en 1976, avec une surveillance uniquement des ongulés au départ puis qui s'est élargie à d'autres groupes d'espèces. Des actions de surveillance et de suivi ont été mises en place petit à petit grâce à l'impulsion de vétérinaires experts en faune sauvage et avec l'aide de laboratoires vétérinaires et de vétérinaires praticiens libéraux. Depuis sa mise en place, ce dispositif n'a fait que se développer et évoluer et occupe une place importante dans les programmes d'aménagement de nombreux PN (Parcs nationaux 2017).

Par exemple, afin d'harmoniser les actions de surveillance sanitaire et de les inclure dans les politiques nationales de conservation de la biodiversité avec pertinence, les PN de métropole ont initié une nouvelle stratégie sanitaire de la faune

sauvage pour les parcs nationaux en France métropolitaine, élaborée le 29 Août 2017 dans le cadre d'un partenariat interministériel et qui a pour principal but « la conservation de la faune sauvage et ses habitats » (Hadibi et al. 2019). L'objectif final de cette stratégie sanitaire serait d'élargir le réseau sentinelle sanitaire à l'ensemble des espaces protégés de France métropolitaine en impliquant un nombre de plus en plus grand d'acteurs divers et variés et de domaines d'études (Parcs nationaux, 2017).

En ce qui concerne la surveillance sanitaire, les besoins des PN sont de rendre la surveillance événementielle des maladies de la faune sauvage plus efficace, d'adapter et de prioriser les protocoles de suivi en fonction des enjeux nationaux et locaux, de mieux contribuer à la surveillance des zoonoses et maladies transmissibles aux animaux domestiques, d'harmoniser, en les standardisant, les protocoles pour mieux gérer et mettre en valeur les données et d'anticiper les risques aux frontières. Enfin, la surveillance dans les espaces naturels protégés a pour but de produire des informations sanitaires en continu et sur le long terme pour les zones géographiques concernées afin de détecter l'émergence de comportement ou de mortalité anormaux (fig. 20), de suivre une situation particulière et d'évaluer l'efficacité des actions de contrôle et de lutte (Parcs nationaux 2017).



Figure 20 : Mortalité anormale due à un ranavirus chez des têtards de Grenouille rousse (*Rana temporaria*) dans le PN du Mercantour.
(D'après Parcs nationaux, 2017 – p. 25/75)

Parmi les acteurs de cette surveillance sanitaire, les PN sont des établissements publics administratifs sous la tutelle du ministère de la Transition écologique et de la Cohésion des territoires et le ministère de la Transition énergétique (Hadibi et al. 2019). Grâce au développement de leurs compétences en termes de formation du personnel, de mise en relation avec des organismes nationaux d'expertise multidisciplinaire en épidémiologie, d'accueil de la recherche et de développement de stratégies d'amélioration des connaissances, ils sont des territoires clés pour la mise en place d'un réseau de surveillance sanitaire de la faune sauvage et ils en sont donc les premiers acteurs (Parcs nationaux 2017).

Représentant plus de 2% de la surface terrestre de la France métropolitaine et leur position géographique en faisant des territoires privilégiés d'étude, le réseau des PN joue le rôle de « sentinelle sanitaire avancée » en participant fortement à la surveillance sanitaire de la faune sauvage de métropole (Parcs nationaux 2017).

Le territoire métropolitain français compte aujourd'hui huit PN parmi ses espaces naturels terrestres et maritimes protégés. Les 6 premiers ont été créés entre 1963 et 1979 et les deux derniers, le parc national des Calanques et le parc national des Forêts, ont été respectivement créés en 2012 et en 2019 (Les parcs nationaux : 11 espaces naturels protégés d'exception | Portail des parcs nationaux de France, consulté le 09/12/2022, <http://www.parcsnationaux.fr/fr/des-decouvertes/les-parcs-nationaux-de-france/les-parcs-nationaux-11-espaces-naturels-proteges>). La carte de la figure suivante (fig. 21) présente d'ailleurs tous les PN de France métropolitaine et d'Outre-mer.

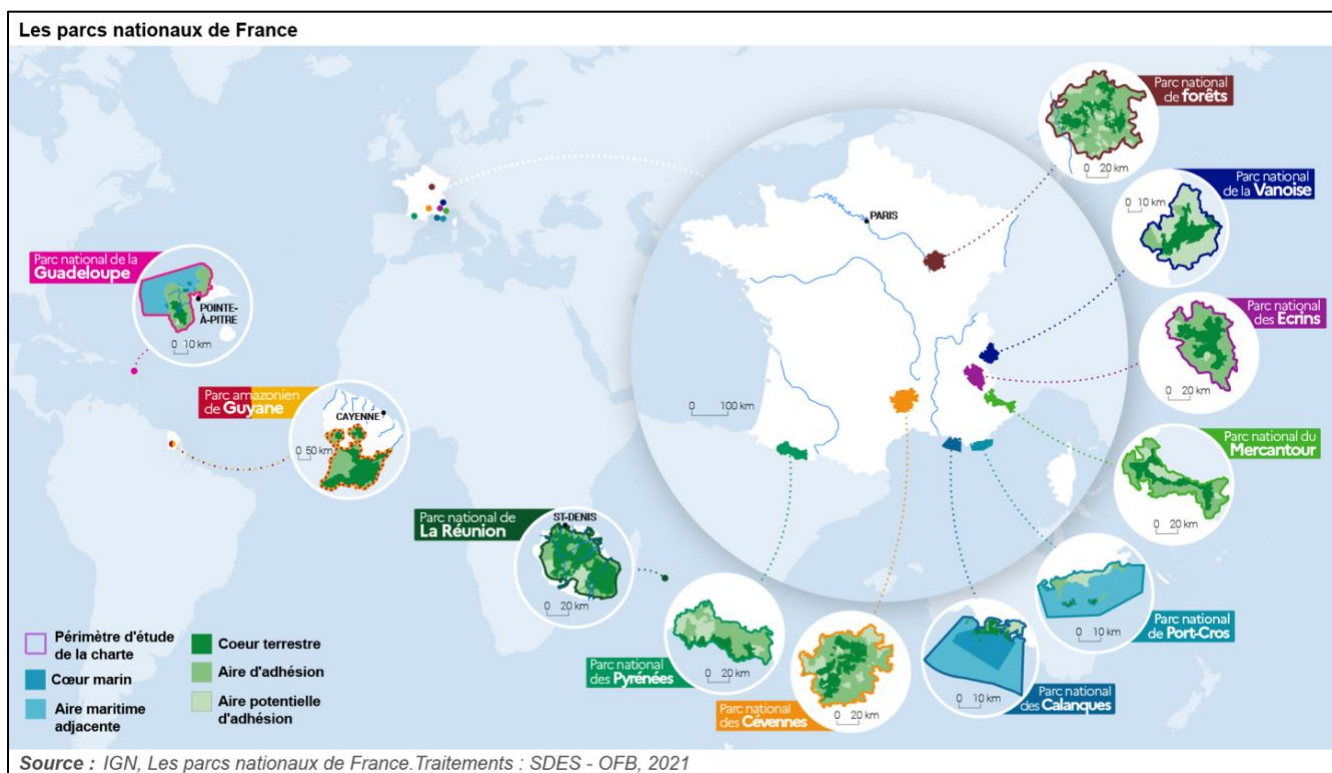


Figure 21 : Réseau des PN de France métropolitaine et d’Outre-mer.

(D’après la carte disponible sur le portail des parcs nationaux, consulté le 09/12/2022, <http://www.parcsnationaux.fr/fr/des-decouvertes/les-parcs-nationaux-de-france/les-parcs-nationaux-11-espaces-naturels-protéges> - © Olivier Debuf - OFB)

Le premier objectif ayant donné lieu à la création de ces PN, est la préservation des milieux naturels et du patrimoine culturel, et la protection de la biodiversité (Les parcs nationaux : 11 espaces naturels protégés d’exception | Portail des parcs nationaux de France, consulté le 09/12/2022, <http://www.parcsnationaux.fr/fr/des-decouvertes/les-parcs-nationaux-de-france/les-parcs-nationaux-11-espaces-naturels-protéges>).

En ce qui concerne l’organisation mise en place au sein de chaque PN, l’établissement public du Parc, est l’entité à caractère administratif qui intervient sur les missions de politique de protection des patrimoines naturel, culturel et paysagers des PN, en participant à différents programmes (recherche, développement, formation), mais aussi à la politique d’éducation du public et à la préservation de l’environnement en adhérant à des organismes compétents dans le domaine de la protection de l’environnement, du développement durable et de la gestion de sites naturels. Enfin, il soutient tout projet de connaissance et de suivi de ces patrimoines

en conduisant des activités variées de suivi et de surveillance et en réalisant des interventions sur la faune et les milieux naturels des PN. L'établissement public est sous la tutelle du ministère de la Transition écologique et de la Cohésion des territoires et du ministère de la Transition énergétique (Les parcs nationaux : 11 espaces naturels protégés d'exception | Portail des parcs nationaux de France, consulté le 09/12/2022, <http://www.parcsnationaux.fr/fr/des-decouvertes/les-parcs-nationaux-de-france/les-parcs-nationaux-11-espaces-naturels-proteges>).

Depuis 2016, trois instances existent : le Conseil d'administration (CA), le Conseil scientifique (CS) et le Conseil économique, social et culturel (CESC).

L'établissement public est présidé par le CA qui réglemente les activités du parc et regroupe des représentants de l'État, des collectivités territoriales, des acteurs et des élus locaux, des usagers du territoire ainsi que des scientifiques (Hadibi et al. 2019). Le CA fait partie de l'instance délibérative, il est nommé par le ministère de la Transition écologique et de la Cohésion des territoires et le ministère de la Transition énergétique. Un président, qui représente l'établissement public dans l'application de sa politique, et deux vice-présidents sont élus en son sein. Un bureau du CA est également désigné pour mettre à exécution ses décisions (Les parcs nationaux : 11 espaces naturels protégés d'exception | Portail des parcs nationaux de France, consulté le 09/12/2022, <http://www.parcsnationaux.fr/fr/des-decouvertes/les-parcs-nationaux-de-france/les-parcs-nationaux-11-espaces-naturels-proteges>).

Les deux autres Conseils appartiennent aux instances consultatives et assistent le CA et le directeur du PN dans sa gestion. Le CS est composé de membres qualifiés dans les différents domaines de la Science (vie, terre, humaines et sociales) et il participe à la mise en œuvre et au suivi de la stratégie sanitaire ainsi qu'à l'élaboration de la stratégie de connaissance et de protection du Parc. Le CESC est composé de représentants de différents organismes et associations et de personnalités qui jouent un rôle dans la vie économique, sociale, culturelle et donc locale au sein du PN, ainsi que des représentants des habitants et usagers du PN (Les parcs nationaux : 11 espaces naturels protégés d'exception | Portail des parcs nationaux de France, consulté le 09/12/2022, <http://www.parcsnationaux.fr/fr/des-decouvertes/les-parcs-nationaux-de-france/les-parcs-nationaux-11-espaces-naturels-proteges>). Il établit des liens avec les acteurs du territoire et organise des débats (Hadibi et al. 2019).

Les différents services de chaque PN sont répartis géographiquement sur le territoire des Parcs. Les services en charge de la coordination et de la supervision des différentes missions et de la gestion des PN sont établis au « siège social » de ces PN et le reste du personnel (gardes moniteurs, chefs de secteurs) sont répartis en secteurs et accomplissent les missions sur le terrain de chaque secteur pour veiller au respect de la politique de préservation des patrimoines et pour assurer les différents suivis et la surveillance sanitaire (Les parcs nationaux : 11 espaces naturels protégés d'exception | Portail des parcs nationaux de France, consulté le 09/12/2022, <http://www.parcsnationaux.fr/fr/des-decouvertes/les-parcs-nationaux-de-france/les-parcs-nationaux-11-espaces-naturels-proteges>).

La figure suivante (fig. 22) reprend l'organisation mise en place dans les PN de France métropolitaine et comment elle s'articule autour de la stratégie sanitaire.

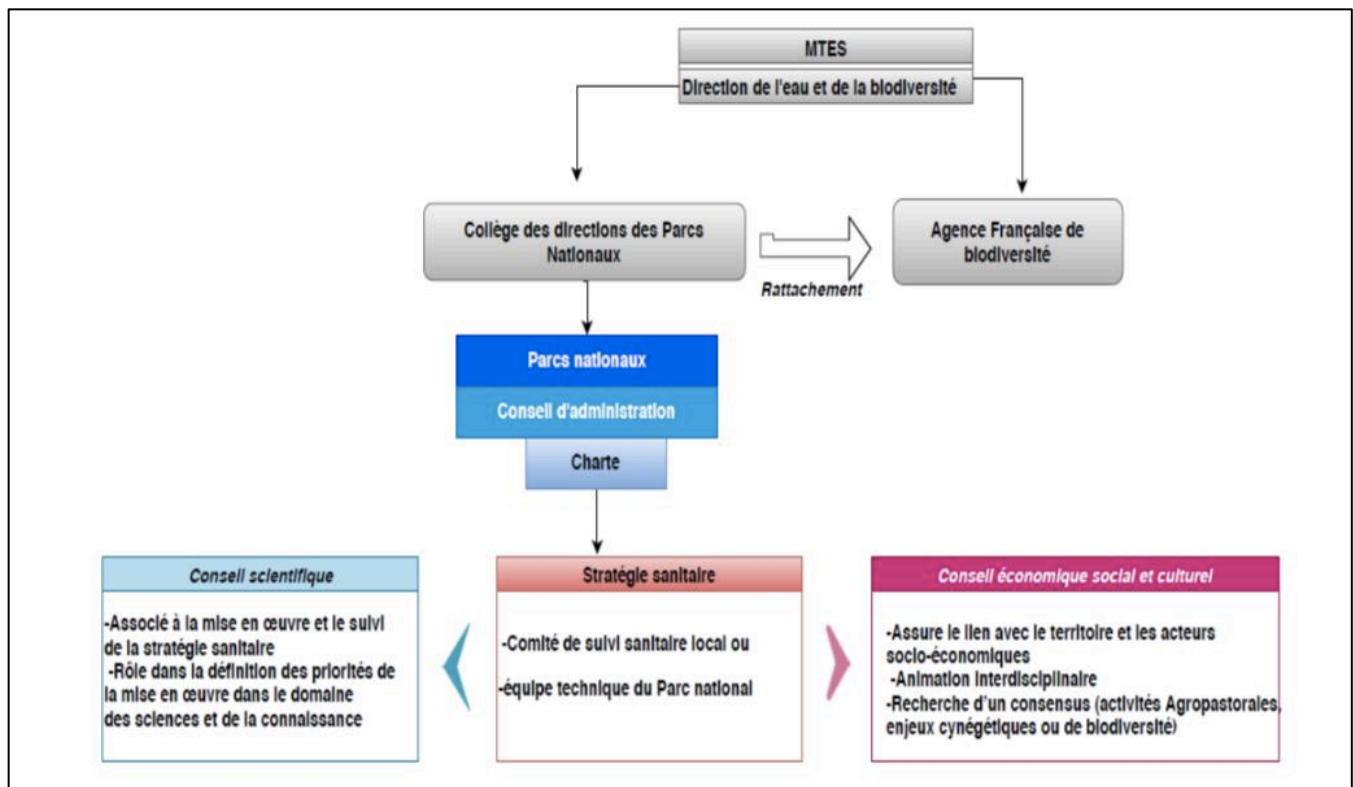


Figure 22 : Organisation générale autour de la stratégie sanitaire au sein d'un PN en 2019.

Cette organisation a évolué depuis 2019 avec l'Agence Française pour la Biodiversité qui est devenue l'Office Français de la Biodiversité, en fusionnant avec l'Office National de la Chasse et de la Faune Sauvage, et le ministère qui se nomme désormais le ministère de la Transition écologique et de la Cohésion des territoires.

(D'après Hadibi et al, 2019 – p. 12/63)

En 2020, le pilotage national a évolué avec l'Office Français de la Biodiversité (OFB) qui a résulté d'une fusion de l'Agence Française pour la Biodiversité et de l'Office National de la Chasse et de la Faune Sauvage (Hadibi et al. 2019). L'OFB est un établissement public, sous la co-tutelle du ministère de la Transition écologique et de la Cohésion des territoires et le ministère de la Transition énergétique et le ministère de l'Agriculture et de la Souveraineté alimentaire. L'OFB a pour mission l'étude, la protection et la restauration de la biodiversité sur le territoire français métropolitain et d'Outre-mer. Les PN de France sont désormais rattachés à l'Office Français de la Biodiversité. Des groupes de travail inter-parcs nationaux permettent d'optimiser et de mutualiser les efforts de conservation de la faune sauvage en élaborant des stratégies scientifiques et des bases de données communes ainsi que des protocoles mutualisés de suivi et de surveillance de la faune sauvage (Les parcs nationaux de France, Office français de la biodiversité, consulté le 09/12/2022, <https://www.ofb.gouv.fr/les-parcs-nationaux-de-france>, © sur ofb.gouv.fr - Reproduction interdite – Tous droits réservés). Ces groupes sont fonctionnels pour certains et en voie de consolidation pour d'autres, comme par exemple pour le groupe sanitaire.

Ainsi, au niveau national, ce sont le Collège des directions des PN et l'OFB, qui dirigent la recherche, l'expertise et le développement de compétences et qui pilotent la stratégie sanitaire, sous la direction du bureau de la direction de l'eau et de la biodiversité intégrée au ministère de la Transition écologique et de la Cohésion des territoires et au ministère de la Transition énergétique (Hadibi et al. 2019).

Chaque parc possède ensuite des instances assurant un pilotage local de la stratégie sanitaire avec en plus parfois, un groupe de travail scientifique local et interdisciplinaire, le « comité de suivi sanitaire local » (fig. 22), constitué de plusieurs acteurs tels que les services de l'État, les Organismes à Vocation Sanitaire, les représentants des chasseurs et les associations naturalistes (comme la Société française pour l'étude et la protection des mammifères). Seuls les PN des Pyrénées, du Mercantour et de la Vanoise ont ce groupe de travail en 2019 (Hadibi et al. 2019).

De nombreux acteurs contribuent également à la surveillance sanitaire dans les PN tels que le réseau des Écoles Nationales Vétérinaires, les membres des CS des PN, les experts et agents de l'OFB, l'Agence Nationale de Sécurité Sanitaire, de l'alimentation, de l'environnement et du travail (ANSES), certaines universités, des

vétérinaires praticiens en faune sauvage, des vétérinaires de laboratoires départementaux d'analyses et des vétérinaires référents qui interviennent en appui aux PN. Ils permettent d'actualiser les connaissances éco-épidémiologiques des maladies de la faune sauvage et ils sont pour la plupart des partenaires de proximité qui connaissent le contexte sanitaire et les difficultés rencontrés sur le terrain. Ils contribuent au bon fonctionnement du réseau sentinelle sanitaire constitué par les PN, leurs équipes techniques et leurs partenaires, en complétant les objectifs de la stratégie sanitaire et ils optimisent la surveillance sanitaire en priorisant les actions de veille, de suivi et de prévention. Les PN sont également en relation avec les fédérations départementales des chasseurs, des pêcheurs, les Groupements Techniques Vétérinaires, les chambres d'agriculture et les Organismes à Vocation Sanitaire (Parcs nationaux 2017).

En ce qui concerne la surveillance des amphibiens, les PN des Cévennes, des Écrins, des Pyrénées et de la Vanoise possèdent une surveillance sanitaire événementielle basée sur l'investigation des mortalités massives et anormales. C'est également le cas pour les PN des Calanques et de Port-Cros, mais ces derniers n'abritent que très peu d'amphibiens et ont de ce fait une surveillance de moindre efficacité. Le PN du Mercantour quant à lui a mis en place depuis 2011 une surveillance événementielle basée sur l'investigation de toute mortalité observée. Enfin le PN des Forêts, de par sa création récente ne possède pas encore de surveillance événementielle de amphibiens (Loïc et al. 2022).

Ainsi, cette surveillance sanitaire n'est possible qu'avec une expertise pluridisciplinaire et une association large de partenaires, qui exercent chacun des actions complémentaires en fonction de leurs compétences, leurs moyens humains et leurs moyens financiers variés. Cette stratégie de surveillance sanitaire initialement mise en place à l'échelle des PN a pour but, dans le futur, de s'étendre aux réseaux d'autres espaces naturels protégés afin d'optimiser sa pertinence et son efficacité (Parcs nationaux 2017).

2. Les enjeux de la surveillance sanitaire dans les PN : obstacles rencontrés et outils disponibles

Obstacles rencontrés

Une évaluation de la surveillance et du suivi sanitaire dans les PN a été effectuée sous la direction des PN de France en 2017. Plusieurs points à améliorer et obstacles ont ainsi été mis en évidence. Les principaux obstacles sont l'absence de réelle harmonisation des protocoles de surveillance entre les parcs et une variabilité dans la prise en compte des enjeux sanitaires d'un parc à l'autre. Les autres obstacles rencontrés sont la difficulté à exploiter les données produites, l'absence d'harmonisation de la gestion des données sanitaires avec création d'une base de données commune au réseau notamment, un soutien variable de la recherche fondamentale et des travaux universitaires, des pratiques des laboratoires d'analyses partenaires très hétérogènes et un niveau de partenariat non constant avec les acteurs de la surveillance sanitaire (organismes à vocation sanitaire, vétérinaires sanitaires, services de l'État).

De plus, parmi les autres éléments défailants, la difficulté à avoir un accès rapide et sécurisé aux informations sanitaires empêche le bon fonctionnement du réseau de veille. Parce que les données sanitaires proviennent de multiples acteurs différents, certaines peuvent être méconnues car non publiées ou référencées (Parcs nationaux 2017). De même les résultats d'analyse peuvent prendre du temps à arriver et en cas de mortalité massive ou suspicion de maladie grave, le délai peut être raccourci mais cela reste incompatible avec la mise en œuvre d'une alerte précoce dans certaines situations de crises. Enfin, les principales difficultés rencontrées sont les ressources humaines (ce sont souvent des activités volontaires selon l'expérience et les centres d'intérêts), les moyens financiers et les relations (pas de soutien en amont pour les intervenants parfois). En effet, les moyens attribués aux PN sont une contrainte majeure et sont variables selon les parcs (Hadibi et al. 2019).

Enfin, l'harmonisation des activités entre les parcs est également un obstacle car elle est très peu développée que ce soit pour une maladie ou une espèce. Ce manque est causé par la spécificité des enjeux locaux (situation épidémiologique, espèces présentes, maladies, pressions locales des partenaires, conflit d'intérêt, pression sociale) et des moyens budgétaires attribués. Mais il est principalement dû à une absence de réflexion globale depuis près de 20 ans (Hadibi et al. 2019).

Aujourd'hui, l'hétérogénéité des moyens consacrés à la stratégie de veille sanitaire dans les PN, le manque d'analyse des contextes épidémiologiques et l'absence de réel suivi et évaluation des actions mises en place impliquent que la surveillance sanitaire mise en place dans les PN il y a quarante ans et qui a permis une grande avancée tout de même dans ce domaine, ne peut désormais plus répondre aux nouveaux enjeux (Parcs nationaux 2017).

Ainsi, dans le cadre de la stratégie sanitaire des PN, une surveillance et un suivi de toutes les maladies animales et végétales n'est pas envisageable en raison des coûts de mise en œuvre, qu'ils soient humains ou financiers, ou de la pertinence et de la diversité des ressources à employer. C'est pourquoi, une priorité dans les objectifs doit être établie entre enjeux de santé publique, enjeux de santé animale, et enjeux de conservation de la biodiversité (Parcs nationaux 2017). Un dernier obstacle est aussi la présence de lacunes sur le niveau de détails, de précision et de formalisation de ces objectifs. De même, dans le dispositif actuel, les espèces ciblées et les agents pathogènes à surveiller en priorité ne sont pas définis de manière claire. Des travaux de hiérarchisation sont actuellement en cours mais il est tout de même nécessaire de définir ensuite des objectifs détaillés de surveillance et de développer des protocoles spécifiques pour chaque agent (Hadibi et al. 2019).

En effet, dans le domaine de la surveillance événementielle et des suivis, des priorités doivent être établies selon les espèces et les agents pathogènes (Parcs nationaux 2017). Cette surveillance événementielle rencontrent plusieurs obstacles dus à la spécificité de certaines maladies de la faune sauvage qui sont rares et parfois difficilement détectables, des contraintes de terrain qui ne permettent pas de détecter beaucoup de cadavres (point majeur de cette surveillance), et la vigilance, la formation et la sensibilisation des agents de terrain qui sont très variables et parfois un frein à cette surveillance (Hadibi et al. 2019). Cependant, la principale difficulté de cette surveillance est la couverture de l'ensemble du territoire à protéger en tenant compte de sa grande étendue, des accès parfois difficiles, du manque de personnel pour la mise en œuvre des protocoles et de la mobilité de la faune. Le ratio observateur/population couverte est donc insuffisant pour obtenir une observation exhaustive ou même satisfaisante des espèces à protéger. Une réorganisation, une optimisation de la veille, une augmentation de la pression de surveillance, une

modification des itinéraires selon les cibles et des protocoles d'observations déjà mis en œuvre ainsi que le partage de compétences et de tâches avec des partenaires sont autant d'options qui peuvent être mises en place pour atténuer ces difficultés et améliorer la surveillance (Hadibi et al. 2019).

Face à tous ces obstacles, les objectifs d'amélioration sont de mieux choisir les priorités à retenir et soutenir, de mieux affecter les ressources et moyens à disposition et de rechercher l'ensemble des opportunités de mobilisation de moyens financiers externes pour permettre au dispositif de durer (Hadibi et al. 2019).

En ce qui concerne la surveillance des amphibiens, le travail de thèse du Docteur Palumbo, soutenue en 2021, révèle un manque d'organisation centrale, harmonisée et coordonnée de la surveillance sanitaire des amphibiens entre les PN. En effet, cette surveillance reste pour le moment essentiellement interne à chaque Parc et se fonde sur l'observation des événements de mortalité pour détecter les agents pathogènes affectant les amphibiens. De plus, cette détection se concentre majoritairement sur les ranavirus (et localement *Batrachochytrium dendrobatidis* dans le PN des Pyrénées), et peu sur d'autres agents pathogènes, et souffre du manque de moyens humains et financiers et de temps consacré à la surveillance des amphibiens. Certaines de ses modalités ne sont pas suffisamment adaptées non plus pour assurer la surveillance d'espèces à enjeu de conservation et des urodèles (Loïc et al. 2022).

Les outils et les protocoles locaux de surveillance ainsi que les méthodes de prélèvements ont également besoin d'être standardisés et harmonisés entre les PN à l'échelle nationale mais aussi d'être élargis pour inclure d'autres agents pathogènes des amphibiens que les ranavirus chez les anoues (Loïc et al. 2022). En effet, il y a un fort manque de formalisation des protocoles de surveillance.

La gestion des données nécessite aussi une harmonisation et un outil unique et facile à utiliser pour pouvoir être réalisée au sein du réseau des PN de manière pérenne et formelle, sans multiplier le travail de saisie nécessaire pour les agents. Par ailleurs, ces données ne sont pas fournies dans un délai suffisamment court et ne sont pas valorisées à l'heure actuelle pour mettre en place des mesures de gestion (Loïc et al. 2022).

De plus, la formation des agents de terrain des parcs devrait être formalisée, comprendre une information sur les agents pathogènes des amphibiens et être complétée par une formation continue et une actualisation régulière des connaissances. La communication pourrait être améliorée et les agents de terrain devraient avoir le retour des résultats des analyses qu'ils ont collectées. Enfin, le manque de résilience du laboratoire impliqué impacte l'efficacité de la surveillance avec des capacités d'analyse limitées, des délais importants et des transmissions de résultats non standardisées qui ne répondent pas aux objectifs de surveillance (Loïc et al. 2022).

Ainsi, le réseau de surveillance des amphibiens a besoin d'être mieux structuré centralement pour optimiser son utilité et assurer sa pérennité à l'échelle nationale. Cette modification de structure et de fonctionnement a débuté en 2022 et sera consolidée dans les prochaines années avec une meilleure implication des laboratoires départementaux d'analyses vétérinaires, un élargissement des partenariats scientifiques et techniques autour de la thématique et une plus grande interaction avec le réseau SAGIR de l'OFB.

Outils à disposition

Malgré les difficultés exposées précédemment, la surveillance événementielle établie dans les PN reste utile avec comme principaux moyens mis en place, l'analyse de carcasses, l'observation à distance et les prélèvements lors de captures. Selon les enjeux locaux, une surveillance programmée peut aussi être mise en œuvre dans certains espaces avec des partenaires locaux (Parcs nationaux 2017).

Pour surmonter les difficultés, les principaux points à améliorer sont la structuration de la veille événementielle des maladies de la faune sauvage et son insertion dans d'autres réseaux nationaux et internationaux. Pour cela, il convient de réfléchir aux espèces à cibler en priorité, à une stratégie efficace de collecte des données de mortalité et à des protocoles de surveillance et de suivi standardisés plus appropriés pour optimiser les données (Parcs nationaux 2017). En effet, il est nécessaire de prioriser les actions de surveillance en fonction de leur pertinence et d'améliorer les protocoles.

Le groupe de suivi « Faune Sauvage » de la plateforme d'Epidémiosurveillance en Santé Animale (ESA) peut fournir des recommandations sur cette priorisation aux acteurs locaux et des lignes directrices pour les protocoles (Hars et al. 2016). En novembre 2015, le réseau des PN français a intégré la plateforme nationale ESA et a ainsi un accès aux travaux de suivi « faune sauvage » de la plateforme sur les actualités et les enjeux de la surveillance épidémiologique liée à la faune sauvage. Cette plateforme produit une expertise collégiale et contribue à l'élaboration de référentiels nationaux relatifs à la surveillance des maladies de la faune sauvage (Parcs nationaux 2017).

De plus, un partenariat avec des structures spécialisées comme l'OFB, les écoles nationales vétérinaires, les universités ou encore la Fondation pour la recherche sur la biodiversité (FRB) avec sa base de données « Ecoscope », a été réalisé et permet de valoriser les travaux de recherche réalisés et d'avoir un accès à des données scientifiques épidémiologiques plus spécialisées sur les maladies de la faune sauvage. De plus, une formation des agents des Parcs nationaux à la surveillance sanitaire est prévue par l'OFB avec l'outil qu'il a mis au point, la base de données Épifaune (Parcs nationaux 2017).

D'autres partenariats ont aussi été établis avec Vetagro Sup via le pôle d'Expertise Vétérinaire et Agronomique Animaux Sauvages (EVAAS), spécialisé dans les enjeux liés à la faune sauvage, pour soutenir la stratégie sanitaire scientifiquement et techniquement en participant à l'animation scientifique du groupe de travail sanitaire (Parcs nationaux 2017 ; Hadibi et al. 2019).

Le pôle EVAAS, créé en août 2016, est constitué d'experts scientifiques pluridisciplinaires dans le domaine de la santé des animaux sauvages, issus des campus vétérinaire et agronomique et de l'École nationale des services vétérinaires de l'établissement Vetagro Sup. Ces experts sont des enseignants-chercheurs, ingénieurs, praticiens hospitaliers, vétérinaires libéraux ou inspecteurs de la santé publique vétérinaire. Ils apportent chacun des compétences variées et une expertise technique et scientifique collective qui répond aux besoins des chercheurs en les accompagnant dans l'élaboration et la conduite de leurs projets de recherche, qui appuie la collecte et l'analyse des données sur la santé de la faune sauvage et qui s'accompagne d'activités de formation (Parcs nationaux, 2017). D'autres acteurs extérieurs peuvent également participer aux activités du pôle. Le pôle EVAAS aide à

la surveillance sanitaire en apportant des conseils sur l'élaboration et la mise en place de programmes de surveillance sanitaire de la faune sauvage et sur la gestion des données (EVAAS - Pôle d'Expertise Vétérinaire et Agronomique Animaux Sauvages, consulté le 09/12/2022, <http://evaas.vetagro-sup.fr/>).

Grâce au soutien du pôle EVAAS de Vetagro Sup, le groupe projet « stratégie sanitaire » peut coordonner des travaux de recherche épidémiologique dans les PN (Parcs nationaux, 2017).

Cette organisation de la stratégie sanitaire des PN de France métropolitaine en 2019 est résumée dans la figure suivante (fig. 23).

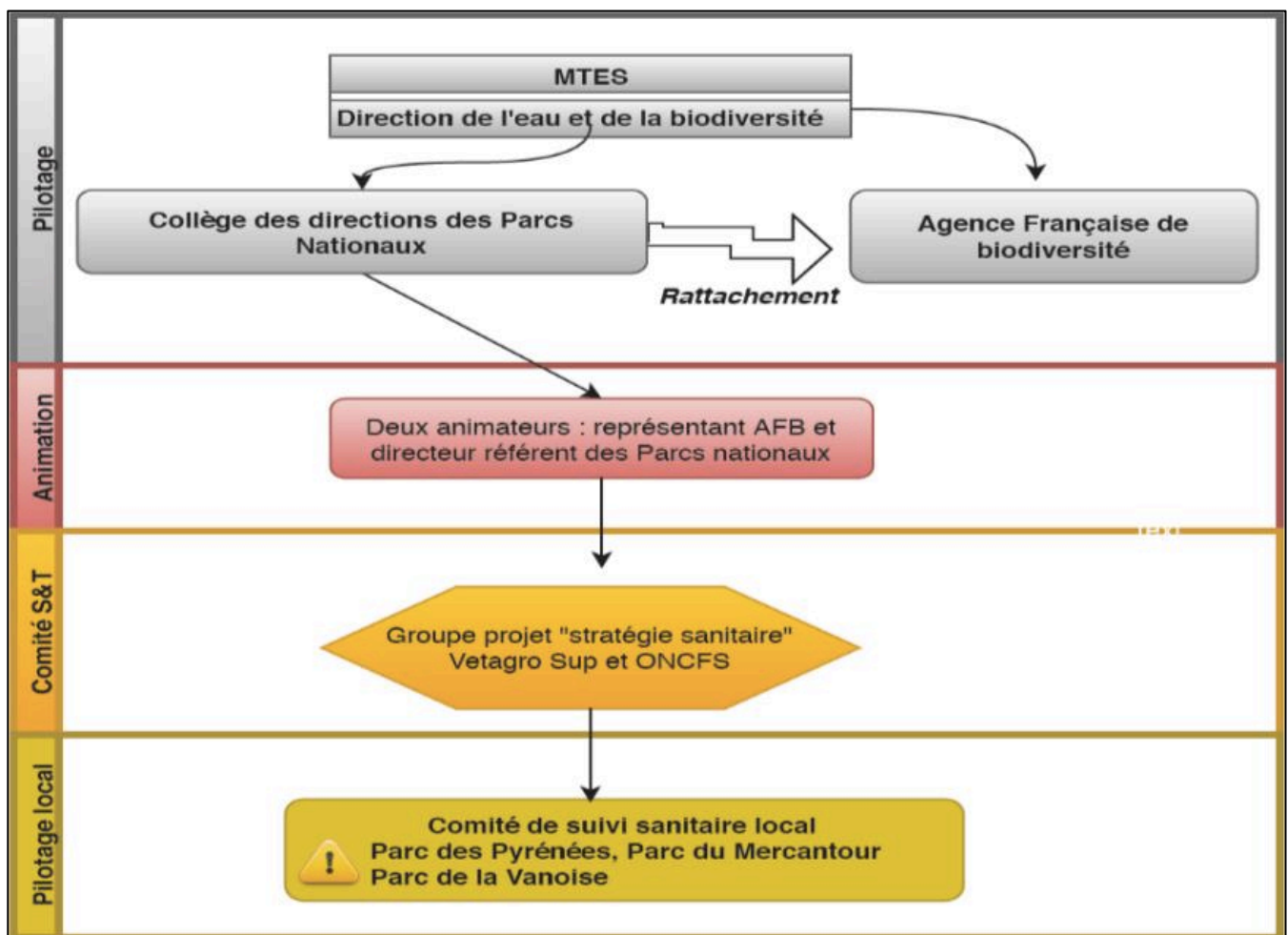


Figure 23 : Organisation de la stratégie sanitaire des PN de France métropolitaine en 2019.

Cette organisation a évolué depuis 2019 avec l'Agence Française pour la Biodiversité qui est devenue l'Office Français de la Biodiversité, en fusionnant avec l'Office National de la Chasse et de la Faune Sauvage, et le ministère qui se nomme désormais le ministère de la Transition écologique et de la Cohésion des territoires.

(D'après Hadibi et al, 2019 – p. 13/63)

Enfin, la mutualisation des bases de données sanitaires de chaque PN permet aussi d'améliorer le partage et la qualité des connaissances scientifiques et est une première étape vers une stratégie sanitaire commune à tous les espaces protégés. Un partage des objectifs et une mutualisation des efforts de surveillance avec les partenaires locaux sont également prévus pour la mise en œuvre des actions de surveillance dans chaque Parc National (Parcs nationaux, 2017).

Concernant la surveillance des amphibiens dans les PN, elle repose sur des protocoles qui permettent de répondre aux objectifs avec les moyens humains et financiers limités. Ces modalités permettent une bonne couverture du territoire français et une bonne détection des cas de mortalité massive grâce à une bonne sensibilisation des agents de terrain et du public (Loïc et al. 2022).

De plus, le travail réalisé par le Docteur Palumbo a permis de fournir des recommandations pour faire face aux difficultés rencontrées par le réseau de surveillance des amphibiens et améliorer son efficacité et sa pérennité. Tout d'abord, organiser une coordination des PN en standardisant les modalités de surveillance et en mettant en place un groupe de travail inter-parcs. Ensuite, formaliser et prioriser les objectifs de surveillance et inclure tous les agents pathogènes affectant les amphibiens. Puis, mettre en place des protocoles standardisés et prévoir un budget financier, humain et temps dédié à la surveillance des amphibiens sur le long terme. Enfin, d'autres recommandations ont été fournies telles qu'améliorer l'exploitation des données de la surveillance et la formation initiale et continue des agents de terrain ainsi que faciliter la communication entre les parcs et le retour des résultats individuels aux agents de terrain (Loïc et al. 2022).

Dans une volonté d'optimiser les moyens humains, financiers et de temps limités en améliorant la gestion des données sur les amphibiens, l'utilisation d'un outil de gestion et d'une base de données uniques et simples a été recommandée (Loïc et al. 2022). Ainsi, les PN, suite à leur rattachement à l'OFB, ont fait un partenariat central avec le réseau SAGIR, ce qui permet à leur réseau de surveillance des amphibiens d'avoir un appui scientifique et technique de la base de données Épifaune et un réseau de laboratoires partenaires.

SAGIR est un réseau de surveillance des mortalités des oiseaux et des mammifères sauvages terrestres qui résulte d'un partenariat entre les fédérations de chasseurs et l'OFB qui administre et anime ce réseau. Il s'appuie sur les agents des fédérations départementales de chasseurs et des services départementaux de l'OFB, ainsi que sur des observateurs motivés et utilise une méthode de surveillance continue des maladies de la faune sauvage avec parfois des enquêtes ciblées, qui lui octroie une grande réactivité en cas d'événement sanitaire majeur pour la faune sauvage. Les résultats de cette surveillance sont intégrés à sa base de données interne nationale Épifaune qui permet de détecter des événements anormaux précocement afin de commencer des investigations le plus rapidement possible. Elle compile des données de laboratoires d'analyses de la faune sauvage, de surveillance renforcée et des données collectées par les PN. Tous les partenaires de ce réseau, comme les PN, ont accès à ses données (Les parcs nationaux de France, Office français de la biodiversité, consulté le 09/12/2022, <https://www.ofb.gouv.fr/les-parcs-nationaux-de-france>, © sur ofb.gouv.fr - Reproduction interdite – Tous droits réservés).

Pour finir sur les modalités de la surveillance des amphibiens, en plus de la surveillance événementielle, une surveillance programmée a été ajoutée dans le PN des Cévennes, dans certains lacs avec de fortes densités de populations ou des espèces à enjeux de conservation. Pour ces mêmes espèces ainsi que les urodèles, le PN du Mercantour a adapté la surveillance en considérant n'importe quel événement de mortalité même individuelle comme un événement anormal à prendre en compte. Une surveillance renforcée mise en place en cas d'épisode de mortalités, comme c'est le cas dans le PN des Pyrénées (fig. 24), est également une modalité à envisager pour tous les PN pour améliorer la gestion en cas d'épizootie chez certaines populations d'amphibiens. Pour finir, en complément de la surveillance événementielle, un suivi démographique des populations, déjà mis en place dans le PN des Écrins pour le Sonneur à ventre jaune (*Bombina variegata*), permet de renforcer la surveillance et la détection des épisodes de mortalité et pourrait également être envisagé à l'échelle nationale (Loïc et al. 2022).



Figure 24 : Échantillonnage par écouvillon réalisé sur des grenouilles rousses (*Rana temporaria*) afin de déterminer la répartition géographique d'un champignon potentiellement pathogène en Vanoise.
(D'après *Parcs nationaux*, 2017 – p. 34/75)

Ainsi, l'enjeu principal est d'avoir une stratégie scientifique sanitaire commune entre les Parcs en mettant en commun les compétences et les protocoles de collecte et de gestion des données, ainsi que d'améliorer les points clés de cette stratégie pour pallier aux obstacles rencontrés lors de l'évaluation du dispositif.

B. Matériel et méthodes

Le suivi de la santé de la faune sauvage est crucial pour optimiser la conservation des espèces sauvages et pour gérer les risques sanitaires concernant la faune domestique et la santé publique. Or, pour mettre en place une surveillance sanitaire de la faune sauvage efficace, celle-ci doit se baser sur un socle robuste de connaissances. Toutefois, ces connaissances sont souvent imparfaites et incomplètes, surtout concernant la faune sauvage, et elles ont donc besoin d'être renforcées. D'autre part, encore à l'heure actuelle, les approches de la surveillance sanitaire divergent beaucoup entre les différents espaces protégés et la stratégie n'est pas concertée. En tenant compte également des moyens humains et financiers limités, la première action à mettre en place est donc d'améliorer l'état des connaissances pour pouvoir hiérarchiser les enjeux sanitaires afin d'optimiser l'utilisation des ressources disponibles, en les orientant vers les problématiques les plus pertinentes, ou de justifier l'acquisition de nouvelles connaissances.

Ainsi, un projet, financé par une convention du plan de relance entre le PN des Écrins et VetAgro Sup à partir de juillet 2021 jusqu'en décembre 2023, a été mis en place pour répondre à cette problématique. Il est mené par le pôle EVAAS, le PN des Écrins et d'autres acteurs tels que le groupe de travail Priorisation de la Plateforme ESA, des acteurs de la mise en œuvre de la surveillance sur le terrain dont des acteurs des trois santés ainsi que des experts externes.

La finalité du projet est de mettre en place un réseau sanitaire sentinelle commun à l'ensemble des PN de France, afin d'organiser une surveillance sanitaire de la faune sauvage commune et plus efficace, et de mieux gérer les risques sanitaires. Le premier objectif est de fournir une méthode qui permet de réaliser une liste d'espèces animales et une liste de maladies et des agents pathogènes responsables hiérarchisés, pour chaque espace protégé et selon l'intérêt principal, pour la santé humaine, animale ou la conservation de la biodiversité. Cette méthode doit pouvoir être applicable à tous les PN au départ puis à tous les espaces protégés ensuite et pour toutes les espèces animales terrestres de France métropolitaine.

Ce projet se déroule en plusieurs étapes décrites ci-dessous :

- 1) Établissement d'une liste de critères pour les agents pathogènes et de scores pour chacun de ces critères ;
- 2) Développement, avec un prestataire en informatique, et mise à disposition d'un outil informatique dynamique reposant sur une base de données accessible en ligne ;
- 3) Renseignement de la base de données avec les informations disponibles sur les agents pathogènes pouvant affecter les espèces présentes dans les espaces protégés de France métropolitaine ;
- 4) Test de la méthode dans le PN des Pyrénées et finalisation de la méthode ;
- 5) Finalisation de la méthode : évaluation de la méthode initiale, complémentation de la base de données si besoin, mise à jour de la base et de la hiérarchisation.

Cette thèse s'inscrit dans l'étape 3 de ce projet : le peuplement de la base de données. En effet, sa finalité est de renseigner une base de données concernant les connaissances disponibles sur les caractéristiques des maladies connues ou supposées circulant chez les amphibiens de France métropolitaine, soit 35 espèces autochtones et 5 espèces introduites comme exposé précédemment. Pour chaque agent pathogène, il s'agit de recenser les informations concernant ses caractéristiques biologiques, son impact sur les espèces sauvages mais aussi sur les espèces domestiques et sur la santé humaine, son statut en France, en Europe et dans le monde et les possibilités de contrôle.

La réalisation de cette base de données permettra par la suite d'identifier les connaissances disponibles, les lacunes et les incertitudes pour, à la fin, utiliser ces informations dans le cadre d'une démarche de hiérarchisation des priorités de recherche et de surveillance de la faune sauvage en France.

1. Recensement des informations existantes sur les caractéristiques des agents pathogènes des amphibiens

La première étape dans le recensement des informations permettant de réaliser cette base de données a été la recherche de toutes les données disponibles sur les maladies et agents pathogènes supposés ou connus des amphibiens. Pour cela, une première source de données a été fournie par des experts des maladies des amphibiens, contribuant ainsi à la première imprégnation de la littérature scientifique sur le sujet. Ces experts sont le Docteur Sylvain Larrat (Maitrise en Santé de la faune sauvage et Diplômé de l'American College of Zoological Medicine), le Docteur Hugo Sentenac (Maitrise en Santé de la faune sauvage et doctorant en écologie) et le Docteur Loïc Palumbo qui a soutenu sa thèse en 2021 sur la « surveillance sanitaire des amphibiens dans les parcs nationaux français et épidémiologie des événements de mortalité dus à des ranavirus dans ces espaces protégés ».

A partir de cette source, une première recherche bibliographique a été effectuée dans des livres sur la médecine des animaux sauvages et sur la médecine des reptiles et des amphibiens (Miller, Fowler, Fowler 2012 ; Mader, Divers 2014 ; Divers, Stahl 2019). Ces premières ressources bibliographiques ont permis d'identifier les agents pathogènes capables d'infecter les amphibiens avec une première partie des informations connues les concernant. Elles ont également permis de commencer à déterminer les agents présentant le plus grand intérêt pour la communauté scientifique, c'est-à-dire ceux sur lesquels le plus de recherches ont été menées.

Par la suite une deuxième source de données a été utilisée afin de préciser la liste des agents pathogènes pouvant affecter les amphibiens mais également de déterminer, pour chacun d'entre eux, leur pertinence dans ce projet. Cette deuxième source est la base de données bibliographiques « PubMed », le principal moteur de recherche de données bibliographiques de l'ensemble des domaines de spécialisation de la biologie et de la médecine (PubMed, National Center for Biotechnology Information, National Library of Medicine, consulté en 2022, <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/>, site officiel du gouvernement des États-Unis).

Une première recherche avancée a été effectuée avec les mots clés suivant : « amphibian* AND (disease* OR pathogen* OR virus* OR bacteria* OR fungi OR parasite*) » et le filtre « de 2000 à 2022 », afin de confirmer la liste définitive des agents pathogènes affectant les amphibiens, de commencer à confirmer lesquels sont

les plus étudiés par la communauté scientifique et à rassembler les articles les plus pertinents pour le projet les concernant. Cette liste définitive est présentée dans la première partie de l'étude (tab. 2).

Afin d'établir une liste de maladies hiérarchisées, il est nécessaire de les comparer entre elles. Or, pour ce faire, il doit y avoir suffisamment de données disponibles sur ces maladies. Ainsi, pour chaque agent pathogène repéré précédemment dans les livres et ensuite dans le moteur de recherche, une nouvelle recherche avancée est réalisée en utilisant le modèle suivant : « (amphibians*) AND ((Terme 1*) OR (Terme 2*) ...) » avec le filtre « de 2010 à 2022 ». Les mots « Terme » correspondent aux différents termes employés par les scientifiques pour mentionner l'agent pathogène en question. Cette deuxième recherche avancée a permis de sélectionner uniquement les agents pathogènes disposant d'un nombre suffisant de données bibliographiques, soit au moins six articles qui contiennent suffisamment d'informations pertinentes sur ces agents pour qu'ils puissent être analysés dans cette étude.

Par conséquent, six agents pathogènes, parmi des champignons, des virus et des bactéries, ont ainsi été mis en avant, comme cela a déjà été annoncé dans la première partie de cette étude. La liste de ces six agents pathogènes retenus pour être analysés est la suivante :

- Les chytrides *Batrachochytrium dendrobatidis* et *Batrachochytrium salamandrivorans*
- Les ranavirus CMTV (*Common Midwife Toad Virus* ou virus de l'Alyte accoucheur) et FV3 (*Frog virus 3*)
- Les *Alloherpesvirus* (*Ranid Herpesvirus 1* ou RaHV-1, *Ranid Herpesvirus 2* ou RaHV-2, *Ranid Herpesvirus 3* et *Bufo herpessvirus 1*)
- Les bactéries du genre *Brucella* et du genre *Mycobacterium*

Grâce à toutes ces sources de données, toutes les informations disponibles sur ces agents pathogènes ont été recensées avant d'être organisées.

2. Organisation des données selon un tableau de critères

La deuxième étape de la méthode est l'organisation des données recensées en les triant selon différents critères. Ces critères sont proposés par les créateurs du projet initial, ils sont regroupés en huit catégories présentées ci-dessous :

- **Caractéristiques du danger dans la faune sauvage**
- **Statut de présence et de surveillance en France métropolitaine**
- **Impact sur la santé humaine**
- **Impact sur la santé des animaux d'élevage**
- **Impact économique**
- **Impact sur la santé des animaux sauvages et sur la conservation de la biodiversité**
- **Faisabilité de la surveillance et du contrôle dans la faune sauvage**
- **Statut réglementaire et international**

Pour chacun de ces critères, des notes qualitatives sont attribuées avec cinq niveaux au total. Dans le cadre de cette étude, les notes données à chaque critère sont qualitatives mais elles seront changées par la suite en notes quantitatives afin de pondérer les critères de manière plus objective, ce qui laissera moins de place à l'interprétation quand les listes et les critères seront utilisés par les différents acteurs de la surveillance sanitaire.

L'ensemble des critères ainsi que leurs notes respectives sont rassemblés sous forme d'un tableau de critères, présenté dans sa totalité dans l'annexe 1. Il convient également de préciser que pour la réalisation de cette thèse, le tableau de critères utilisé correspond à la deuxième version établie, mise à jour le 21 janvier 2022. Or, le projet global dans lequel elle s'inscrit est un travail évolutif qui peut être amené à évoluer par la suite, avec notamment des mises à jour de ce tableau. Cette thèse en constitue ici une première étape parmi toutes celles nécessaires à la réalisation du projet initial.

Pour attribuer une note à chaque critère pour tous les agents pathogènes étudiés, toutes les ressources bibliographiques recensées ont été étudiées et les informations pertinentes permettant de répondre à chaque critère ont été sélectionnées et distribuées dans les différentes lignes du tableau. Les experts identifiés et cités précédemment ont été également sollicités pour des commentaires ou des remarques permettant de compléter certains critères.

Afin de donner plus de valeur à l'interprétation des résultats inscrits dans le tableau, pour chaque critère, en plus de la note attribuée, les ressources bibliographiques utilisées sont citées, les dates de ses ressources sont indiquées ainsi que l'origine de la source d'information (fournie par la bibliographie et/ou fournie par les experts) et enfin, un niveau de certitude de la note est attribué selon si les connaissances sont absentes ou variables, éparses, partielles ou bonnes. Une certitude de 0 signifie que l'information recherchée est encore inconnue ou variable dans le temps ou selon les espèces, une certitude de 1 signifie que les connaissances fournies par la recherche scientifique sont encore éparses et peu nombreuses, une certitude de 2 signifie que la connaissance concernant l'information recherchée reste partielle et des recherches supplémentaires sont encore nécessaires et enfin, une certitude de 3 signifie que la connaissance est bonne, l'information recherchée est bien renseignée et approfondie.

Toutes ces informations sont présentées dans quatre colonnes pour chaque critère (Annexe 1) et permettent de nuancer les informations et les notes attribuées.

Ainsi, l'objectif de ce tableau est de trier et regrouper en différents points pertinents pour la surveillance et le suivi au plan sanitaire toutes les informations disponibles sur les agents pathogènes issues de différentes sources de données. En triant ces informations et en les nuanciant par la suite, la base de données est plus lisible et l'accès aux connaissances ainsi que leur gestion sont simplifiés. L'organisation des connaissances dans un tableau de critères précis permet également de faciliter la comparaison des agents pathogènes entre eux selon un ensemble de critères pertinents pour déterminer le danger pour les trois santés, associé à chaque agent. Après avoir regroupé toutes les informations disponibles dans les différents tableaux de critères et avoir réalisé une analyse critique de ces données, nous obtenons les résultats présentés dans la partie suivante.

C. Résultats

Les tableaux de critères des six agents pathogènes étudiés sont regroupés dans les annexes 2 à 7. L'annexe 2 comprend le tableau de *Batrachochytrium dendrobatidis*, l'annexe 3 celui de *Batrachochytrium salamandrivorans*, l'annexe 4 celui des ranavirus CMTV et FV3, l'annexe 5 celui des *Alloherpesvirus*, l'annexe 6 celui des agents du genre *Brucella* et enfin, l'annexe 7 comprend le tableau des agents du genre *Mycobacterium*.

Catégorie 1 présentant les caractéristiques du danger dans la faune sauvage

Les trois agents *Batrachochytrium dendrobatidis*, *Batrachochytrium salamandrivorans* et les ranavirus CMTV et FV3, ont une **transmissibilité entre individus de la même population** élevée et **entre populations sensibles de la même espèce** moyenne, avec une certitude élevée (2 à 3). Leur transmission est rapide, y compris sans mouvements d'animaux, et se fait notamment par contact indirect, avec une survie de l'agent pathogène dans l'environnement importante. Les agents des genres *Brucella* et *Mycobacterium* ont une transmissibilité entre individus de la même population moyenne et entre populations sensibles de la même espèce moyenne, avec une certitude également élevée (2 à 3). La transmission dans une même population ne peut pas se faire sans mouvement d'animaux mais elle est tout de même rapide et peut être réalisée par contact indirect avec une survie de l'agent pathogène dans l'environnement importante. En ce qui concerne les *Alloherpesvirus*, il y a peu d'informations sur ces critères. Mais en comparant avec les *Alloherpesvirus* des poissons, il est possible de déduire que leur transmissibilité est plutôt faible à moyenne avec une certitude faible voire nulle (0 à 1). Leur transmission est limitée, avec ou sans mouvements d'animaux, et peu fréquente par contact direct ou indirect.

Le nombre d'espèces sauvages concernées par les infections par Bd, Bsal, CMTV et FV3 et les mycobactéries est élevé, soit plus de 21 espèces ou minimum 2 classes concernées, avec une certitude élevée (3) sauf pour Bsal (1-2). En effet, ce critère n'est pas encore bien étudié pour Bsal dont l'émergence mondiale est récente. Deux ordres sont concernés par Bsal avec certitude, les urodèles en priorité et les anoures, et compte tenu des caractéristiques de cet agent et du nombre d'espèces d'urodèles dans le monde, il est vraisemblable que le nombre total d'espèces concernées par l'infection soit supérieur à 21 et donc élevé. En effet, la **variabilité**

généétique et phénotypique de Bsal commence à être bien renseignée et est élevée, même si la certitude est moyenne (2) et même si des recherches ultérieures sont encore nécessaires. Cela signifie qu'il existe de nombreux types ou mutations de l'agent et que sa spécificité d'hôtes est faible. Il en est de même pour Bd, les ranavirus et les bactéries du genre *Brucella*, bien que la génétique de ces dernières ne soit pas encore bien approfondie. De plus le **nombre exact d'espèces d'amphibiens sauvages sensibles** à ces bactéries est encore inconnu. Pour les *Alloherpesvirus*, ce nombre est considéré comme très faible en l'état actuel des connaissances qui sont peu nombreuses. Seulement deux à quatre espèces sont recensées comme sensibles à ces agents avec donc une incertitude élevée. Sa **variabilité génétique et phénotypique** est également considérée comme faible à modérée, soit peu de types, quatre espèces virales dont une avec deux souches de ce que l'on sait, peu ou pas de mutations et des hôtes stables, avec une certitude toujours faible (0 à 1). Enfin, la **variabilité génétique et phénotypique** des mycobactéries semble modérée avec cependant un faible nombre d'informations sur ce critère (certitude entre 0 et 1), c'est-à-dire qu'il y aurait peu de types, un faible taux de mutations et une faible spécificité d'hôtes.

Concernant la **capacité d'expansion spatiale vectorielle**, les données disponibles sont incomplètes ou insuffisantes pour la majorité des agents pathogènes. Pour Bsal, les *Alloherpesvirus* et les bactéries du genre *Brucella*, cette capacité est inconnue à ce jour. Pour les bactéries du genre *Mycobacterium*, des vecteurs compétents seraient possiblement présents mais avec une incertitude très forte (certitude entre 0 et 1). Bd est le seul agent pathogène qui aurait une capacité d'expansion spatiale vectorielle modérée à très élevée avec une certitude plutôt élevée (2). Il s'agirait de vecteurs compétents mobiles présents en France, capables de survivre et de transmettre l'infection. Par exemple, les deux espèces exotiques et envahissantes en France, grenouille-taureau (*Lithobates catesbeianus*) et xénope lisse (*Xenopus laevis*), sont tolérantes à l'infection et capables de se déplacer et de la transmettre, elles constituent donc un risque d'expansion spatiale vectorielle de Bd. Ces caractéristiques font de ces deux espèces de potentiels vecteurs biologiques compétents, bien qu'il reste difficile de déterminer avec certitude s'il s'agit bien de vecteurs et non de simples réservoirs. C'est pourquoi, en l'absence d'études plus approfondies supplémentaires, la note attribuée reste vague et la certitude n'est pas

de 3. Chez les ranavirus, il est quasi certain qu'il n'existe aucun vecteur biologique, il s'agit en effet plutôt de vecteurs mécaniques ou de réservoirs et aucune bibliographie n'a identifié de potentiel vecteur. Par ailleurs, le **réservoir domestique ou sauvage en France métropolitaine** est important, en contact proche avec les populations cibles, pour Bd et CMTV et FV3, avec une certitude moyenne à élevée (2 à 3). Chez Bsal, *Brucella* et *Mycobacterium*, le réservoir est modéré à significatif pour le premier et significatif pour les deux autres, avec une certitude élevée (2 à 3), sauf pour les mycobactéries (1 à 2) pour lesquelles il y a peu d'informations. Leur réservoir peut être en contact avec des populations hôtes de liaison, c'est-à-dire qu'elles sont incapables de maintenir seules l'infection sans source de contamination extérieure mais elles peuvent transmettre l'agent, ou il est en contact ou même inclus les espèces sauvages. Il s'agit d'espèces d'anoures tolérantes pour Bsal, d'espèces d'amphibiens asymptomatiques pour les agents bactériens et de formes saprophytes dans l'environnement pour les trois agents. Aucune donnée n'est disponible concernant la présence d'un réservoir chez les *Alloherpesvirus* en France mais il est reconnu que leur répercussion clinique sur les espèces cibles est faible, ils persistent dans ces populations et ont probablement une capacité de latence donc il existe très certainement un réservoir pour ces agents pathogènes. Ainsi, pour chacun de ces agents pathogènes, les espèces d'amphibiens elles-mêmes sont considérées comme des réservoirs les unes pour les autres, avec toujours ce doute qui persiste dans certains cas s'il s'agit seulement de réservoirs ou bien de vecteurs biologiques.

Pour finir dans cette catégorie, la **persistance de l'agent pathogène dans l'environnement** est forte pour Bsal avec une certitude moyenne (2). Sa survie irait jusqu'à plus d'un an hors d'un hôte. Elle est moyenne pour Bd, *Brucella* et *Mycobacterium*, se comptant alors en semaines ou en mois hors de l'hôte, avec une certitude élevée (2 à 3) pour le premier qui est bien étudié et faible à très faible pour les deux autres pour lesquels il y a peu de données (1 à 2 et 0 à 1 respectivement). Chez les ranavirus, elle est plutôt faible à moyenne, soit une survie de quelques heures à quelques semaines ou quelques mois, avec une certitude moyenne (2). Enfin, cette survie est inconnue chez les *Alloherpesvirus* bien qu'elle existe probablement si on compare avec les *Alloherpesvirus* des poissons.

Catégorie 2 présentant le statut de présence et de surveillance en France métropolitaine

La **présence en France métropolitaine** de Bd, CMTV et FV3 est confirmée et considérée comme généralisée avec une certitude moyenne (2) car ils sont suspectés mais pas nécessairement détectés quasiment partout, d'après les retours d'experts dans la surveillance française de ces agents (ces informations n'étant pas mentionnées dans la bibliographie). Leur prévalence est difficile à déterminer. Elle est inconnue pour les ranavirus et variable pour Bd selon les zones géographiques, certaines ayant une forte prévalence (en altitude notamment), d'autres une plus faible et d'autres encore étant indemnes ou ayant une si faible prévalence que l'agent pathogène peut être indétectable. De plus, de nouveau selon les experts, certains signalements suggèrent que les *Alloherpesvirus* sont présents de manière généralisée avec une prévalence plutôt faible même si aucun cas n'a été confirmé et que rien n'a été publié en France. Bsal n'a pas encore été détecté en France mais il a été peu recherché. Cependant le **risque d'introduction** est élevé avec une forte certitude (2 à 3) compte tenu de sa transmissibilité et de sa présence dans des pays frontaliers à la France (Belgique et Allemagne notamment). La présence des bactéries *Brucella* et *Mycobacterium* infectant les amphibiens en France demeure inconnue par absence de données publiées. Le risque d'introduction des mycobactéries est également inconnu mais celui des bactéries *Brucella* est supposé modéré à élevé avec une forte incertitude tout de même (certitude à 1) car l'espèce hôte de ces bactéries, grenouille rieuse (*Pelophylax ridibundus*), est présente en France même si aucune source bibliographique ne mentionne ce risque.

La **présence locale d'un vecteur en France** est vérifiée chez Bd avec une certitude moyenne (2) car son abondance est inconnue. Il est quasiment certain qu'il n'existe pas de transmission vectorielle chez les ranavirus donc on en déduit qu'elle n'existe également pas en France avec une certitude moyenne (2) et aucune potentielle vectorisation n'a été identifiée sur le territoire pour contredire cette supposition. Pour les autres agents pathogènes, leur capacité d'expansion spatiale vectorielle étant inconnue ou très incertaine, la présence locale d'un de leur vecteur en France est également non connue.

Concernant **la surveillance dans la faune sauvage en France**, elle est événementielle ponctuelle, donc passive, pour Bd, Bsal et les *Brucella*, voire même

constante pour les ranavirus. D'après les experts, elle pourrait prochainement passer à constante pour Bd, Bsal, CMTV et FV3, avec une certitude très élevée pour Bd et les ranavirus (3) et plus faible pour Bsal, qui est une maladie émergente récente dont l'organisation de la surveillance n'est pas encore bien définie, et pour les *Brucella*, dont la surveillance est peu renseignée également (2). La seule information disponible et fournie par les experts sur la surveillance des *Alloherpesvirus* en France est qu'elle est événementielle avec une certitude moyenne (2). Aucune donnée n'est disponible sur la surveillance des mycobactéries d'amphibiens en France. De plus, la **surveillance locale** de Bd, CMTV et FV3 est renseignée, et elle est plutôt programmée, active ou parfois événementielle pour les ranavirus. La surveillance locale des autres agents pathogènes est inconnue.

Catégorie 3 présentant l'impact sur la santé humaine

Les bactéries du genre *Brucella* ont une **transmissibilité de l'animal sauvage à l'Homme** moyenne, c'est-à-dire que leur transmission ou contamination est possible par contact direct ou indirect, ou par contact par voie alimentaire ou vectorielle, avec une certitude élevée (2 à 3). La **conséquence sur la santé humaine** peut être faible (symptômes bénins et transitoires) à sérieuse (symptômes qui requièrent souvent une intervention médicale, avec des effets qui peuvent être durables (strictement supérieurs à un mois), une forte douleur et un inconfort et de rares cas mortels selon les circonstances). La **probabilité de transmission alimentaire entre la faune sauvage et l'Homme** est faible à moyenne (possibilité de transmission alimentaire avec niveau de contamination faible mais qui peut causer une maladie ou une infection à forte dose seulement, précautions requises) et **l'accessibilité au diagnostic et au traitement chez l'Homme** est moyenne (diagnostic difficile et/ou traitement pas totalement efficace). Ces trois critères ont une faible certitude (1) car peu de cas sont renseignés. La **probabilité de survenue d'une transmission à l'Homme** est inconnue, la **propagation dans les populations humaines** est négligeable, il n'y a pas de transmission connue, et **l'impact sur la sécurité alimentaire** est nul (absent ou anecdotique).

Pour les bactéries du genre *Mycobacterium*, leur **transmissibilité de l'animal sauvage à l'Homme** est moyenne également avec une certitude moyenne (2, moins de cas recensés) et les **conséquences sur la santé humaine** sont plutôt sérieuses

compte tenu des cas recensés, avec une certitude élevée (2 à 3). Le reste des critères n'est pas renseigné par manque d'information.

Pour le reste des agents pathogènes, la **transmissibilité de l'animal sauvage à l'Homme** est nulle, ils n'ont pas de potentiel zoonotique, avec une certitude très élevée (3) sauf pour les *Alloherpesvirus* (2), chez lesquels ce n'est pas décrit mais peu probable compte tenu des caractéristiques de ces agents.

Catégorie 4 présentant l'impact sur la santé des animaux d'élevage

La **transmissibilité entre animaux sauvages et animaux domestiques de rente**, c'est-à-dire essentiellement les amphibiens domestiques et ceux d'élevage, est faible (transmission par contact direct peu fréquent ou contact indirect) à moyenne (par contact indirect avec survie importante) chez Bd, Bsal et les ranavirus, avec une certitude moyenne (2) car cette transmission est très fortement suspectée mais non prouvée. L'**impact de la maladie sur la production des animaux de rente** est nul (aucune production affectée) à moyen (production réduite de moins de 20%, perte majeure de revenu) pour Bd, Bsal et les ranavirus, avec une faible certitude (1) car très peu d'informations sont apportées sur ce critère. La **proportion d'animaux domestiques atteints ayant un impact clinique ou sur la production** est nulle (aucun animal affecté sauf exception) à élevée (>50% des animaux domestiques atteints ont un impact significatif) pour Bd et Bsal et nulle à moyenne (21 à 50% des animaux domestiques atteints ont un impact significatif) pour les ranavirus, avec une très faible certitude pour Bd, CMTV et FV3 (1) et une incertitude totale (0) pour Bsal. La **durée de l'impact clinique des animaux domestiques** serait nulle à permanente (permanent : plus de 24 mois) chez Bd, nulle à moyen terme (15 jours à 24 mois) chez Bsal, avec aucune certitude (0) et inconnue chez les ranavirus.

Les certitudes des deux derniers critères sont très faibles voire nulles car les données sont variables selon les espèces. Elles sont extrapolées des caractéristiques connues des agents pathogènes sur la durée de l'impact et la proportion d'animaux affectés chez les amphibiens sauvages.

Chez les *Alloherpesvirus*, *Brucella* et *Mycobacterium*, la **transmissibilité entre animaux sauvages et animaux domestiques de rente** serait possible, sans connaître le degré et avec une très forte incertitude (0 à 1). L'**impact de la maladie**

sur la production des animaux de rente chez les *Brucella* serait nulle à très faible (quelques pertes de production mais pas d'impact majeur sur le revenu) avec également une forte incertitude (0 à 1). En effet, il y a aucune publication mentionnant l'impact de ces agents sur la santé des animaux d'élevage, cette transmission est seulement supposée, connaissant les caractéristiques de ces agents, et donc les résultats sur le reste des critères demeurent inconnus.

Catégorie 5 présentant l'impact économique

Concernant **l'impact de cas en faune sauvage sur le commerce international lié aux lois existantes**, il n'y a aucune restriction pour l'instant pour tous les agents pathogènes, avec une certitude moyenne à élevée pour Bd et les ranavirus (2 à 3) et élevée (3) pour les *Alloherpesvirus* ainsi que les bactéries du genre *Brucella* et *Mycobacterium*, pour lesquels aucune loi du commerce ne fait mention. Pour Bsal, cet impact est encore inconnu. Néanmoins, certaines sources bibliographiques évoquent des protocoles et des mesures d'inspection, de régulations et de restrictions du commerce européen et international mis en place par l'OMSA notamment pour les chytrides et les ranavirus, telle que l'interdiction d'importer des grenouilles-taureaux (*Lithobates catesbeianus*) vivantes en Europe pour la consommation par exemple. Mais il n'est pas expliqué clairement si ces mesures sont officielles et déjà bien mises en application ou seulement recommandées, dans combien de pays exactement et avec quelle ampleur le commerce est réellement impacté. Pour l'instant, il est certain qu'aucune loi de restriction du commerce international avec perte du statut officiel n'a été élaborée, que ce soit à l'échelle locale ou d'un pays, dans le cadre d'une émergence de cas dans la faune sauvage. Cependant, cela changera peut-être prochainement avec un impact sur les amphibiens domestiques ou ceux destinés à l'alimentation humaine selon la future transcription de la Loi Santé Animale (LSA) pour Bsal (d'où la certitude faible à 0-1) et probablement pour Bd et les ranavirus aussi (d'où la certitude à 2-3).

La Loi Santé Animale correspond au nouveau règlement (UE) [2016/429](#), relatif aux maladies animales transmissibles et modifiant et abrogeant certains actes dans le domaine de la santé animale, adopté par le Parlement européen et le Conseil du 9 mars 2016. Il concerne les maladies animales « ayant une répercussion importante sur la santé animale ou la santé publique ». Cette loi doit être appliquée à partir de

2021 dans tous les états membres pour toutes les espèces d'animaux domestiques mais aussi sauvages (RÈGLEMENT (UE) 2016/ 429 DU PARLEMENT EUROPÉEN ET DU CONSEIL - du 9 mars 2016 - relatif aux maladies animales transmissibles et modifiant et abrogeant certains actes dans le domaine de la santé animale («législation sur la santé animale») 2016).

Par ailleurs, malgré l'élaboration récente de cette LSA, dont seul Bsal fait partie à l'échelle Européenne pour le moment, **l'impact économique direct** reste négligeable avec seulement des coûts de surveillance événementielle, renforcée lors de cas particuliers (mortalités anormales, espèces à enjeu de conservation), pour le moment pour Bd, Bsal, les ranavirus et les *Alloherpesvirus*, avec une certitude moyenne (2) voire plus faible (1 à 2) pour Bsal dont l'émergence est récente et la surveillance aussi donc moins définie et connue. Cette situation pourrait également évoluer prochainement pour les trois premiers agents. Pour les agents bactériens, cet impact économique direct est encore inconnu.

En ce qui concerne **l'impact économique indirect**, il est négligeable à faible pour Bd avec une certitude faible (1), négligeable pour les ranavirus avec une certitude moyenne (2), très faible voire inexistant pour *Brucella* avec une certitude faible (0 à 1), inexistant pour Bsal et les mycobactéries, avec une certitude moyenne (2) à élevée (3) respectivement, et inconnu pour les *Alloherpesvirus*. D'une manière générale, peu voire pas de mesures de surveillance, de gestion ou encore sur la distribution des produits, sont mises en place chez les animaux domestiques en réponse à la survenue de cas dans la faune sauvage, et ce critère est globalement très peu renseigné dans la littérature.

Catégorie 6 présentant l'impact sur la santé des animaux sauvages et sur la conservation de la biodiversité

L'impact sur la condition, la survie, la reproduction ou la croissance des animaux sauvages atteints est sévère pour les chytrides et les ranavirus, toutes ces caractéristiques étant fortement affectées avec des cas mortels fréquents, et ce, avec une certitude très élevée (3), ces agents pathogènes étant responsables de nombreuses mortalités massives et donc étant plus étudiés que les autres. En effet, **la proportion d'individus atteints ayant un impact clinique, sur la reproduction, la croissance ou la survie** est élevée pour ces trois agents pathogènes, c'est-à-dire

que plus de 50% des animaux subissent un impact significatif, avec cependant des certitudes moins élevées (de 2 à 3 pour les chytrides et de 2 pour les ranavirus), car même si ce critère est bien renseigné et dans la majorité des cas élevé, il est variable en fonction de l'espèce hôte et du stade de développement affectés. **L'impact de la gestion dans la population sauvage sur l'écosystème** est également élevé pour ces trois agents avec une certitude forte (3), en lien avec les mortalités de masses et les déclinés de populations qu'ils provoquent. Effectivement, lors de l'apparition de cas dans une population de la faune sauvage, la viabilité de cette population est menacée et d'autres espèces peuvent être impactées.

Concernant les autres agents pathogènes, **l'impact sur la condition, la survie, la reproduction ou la croissance des animaux sauvages atteints** est moyen pour les bactéries du genre *Brucella*, nul à moyen pour les bactéries du genre *Mycobacterium*, avec une certitude moyenne (2), et très faible à faible pour les *Alloherpesvirus*, avec une certitude plus faible (1 à 2). Lorsque l'impact est très faible à faible, la condition physique des individus contaminés est affectée, sans répercussion sur la reproduction, la croissance et la survie ou alors ces caractéristiques sont seulement limitées. Lorsqu'il est moyen, la reproduction et la croissance sont très affectées et les cas mortels possibles. L'impact des *Alloherpesvirus* est annoncé ici comme très faible à faible car il y a peu de cas européens de mortalité ou de morbidité sévère identifiés. Cependant, ce n'est pas encore bien démontré donc à considérer avec précaution, d'où la certitude plutôt faible. **La proportion d'individus atteints par ces agents pathogènes et ayant un impact clinique, sur la reproduction, la croissance ou la survie** est inconnue pour *Brucella* et nulle à élevée pour les mycobactéries, en variant beaucoup selon l'espèce de mycobactérie impliquée et l'immunocompétence de l'hôte, d'où la faible certitude à 1. Elle est faible pour les *Alloherpesvirus* avec une certitude plus élevée (2) car il y a moins de cas de morbidité sévère ou de mortalité de masse identifiés, même si encore une fois c'est à considérer avec précaution. **L'impact de la gestion dans la population sauvage sur l'écosystème** est globalement faible pour ces trois agents pathogènes, c'est-à-dire que soit quelques individus sont concernés, soit la population locale est réduite mais sans impact significatif sur d'autres espèces ou soit, dans de rares cas pour *Mycobacterium*, la population infectée est fortement réduite ou alors il y a un impact sur d'autres espèces. En effet, cet impact est de très faible à faible pour

les *Alloherpesvirus*, faible pour *Brucella* et de très faible à modéré pour *Mycobacterium*, avec une faible certitude pour chacun d'entre eux (0 à 1) parce qu'il varie beaucoup selon la situation, comme c'est le cas pour les mycobactéries, ou qu'il y a peu de données bibliographiques disponibles, comme c'est le cas pour les deux autres agents.

Pour le dernier critère sur la **durée de l'impact clinique des animaux sauvages**, celle-ci est permanente (plus de 24 mois à l'échelle individuelle ou d'une population) avec une certitude moyenne (2) pour Bd, de moyen terme (15 jours à 24 mois) pour *Brucella* avec une certitude très faible (0 à 1) à cause du manque de données disponibles concernant ce critère, de court à moyen terme (48 heures à 13 jours ou 15 jours à 24 mois) pour Bsal et les ranavirus, avec une certitude plutôt moyenne (1 à 2 et 2 respectivement). Les certitudes moyennes sont liées à la variabilité de cette durée en fonction de l'espèce hôte concernée, son immunocompétence, la charge de l'agent pathogène à laquelle elle a été exposée, la voie d'infection, la souche de l'agent pathogène et les conditions environnementales. Cette durée est inconnue pour les *Alloherpesvirus* et les mycobactéries.

Catégorie 7 présentant la faisabilité de la surveillance et du contrôle dans la faune sauvage

La **faisabilité de la surveillance clinique** est globalement difficile pour les agents pathogènes, excepté pour les *Alloherpesvirus* où elle est moyenne (les signes sont reconnaissables selon le niveau d'expertise) avec une certitude plutôt élevée (2 à 3) car la présentation clinique est généralement évocatrice. Pour les autres, les signes cliniques sont peu spécifiques, surtout pour les bactéries des genres *Brucella* et *Mycobacterium*, où la faisabilité de cette surveillance est mauvaise (la maladie ou l'infection sont susceptibles de passer inaperçues) avec une certitude moyenne à élevée (2 à 3), ces agents pathogènes provoquant peu de symptômes spécifiques ou d'évènements de mortalité massive. Pour les agents Bd, Bsal, CMTV et FV3, cette faisabilité de la surveillance est respectivement mauvaise à modérée (le diagnostic peut être difficile dans une ou plusieurs espèces), mauvaise à moyenne et modérée à moyenne, avec une certitude moyenne (2) pour les chytrides et élevée pour les ranavirus (3). Effectivement, ce sont principalement les mortalités qui sont les signes d'appel de la maladie pour ces agents pathogènes.

Les **outils de diagnostic de laboratoire appropriés** sont globalement disponibles et efficaces pour Bd, Bsal, les ranavirus et les *Alloherpesvirus*, avec une certitude plutôt élevée (2 à 3 pour la majorité). Ils sont également disponibles pour les bactéries mais peuvent être difficiles d'accès selon les endroits et parfois peu fiables avec des possibilités d'amélioration tout de même. La certitude est aussi moins élevée (2) car peu de cas sont analysés. Ces outils correspondent surtout à des tests PCR sur carcasses, à partir d'échantillons prélevés sur des animaux vivants (écouvillonnage des membres postérieurs notamment) ou à partir d'échantillons prélevés dans l'environnement.

Le **coût financier et organisationnel de la surveillance de terrain** est moyen, lié au coût des tests PCR ou équivalent sur carcasse, pour les chytrides, les ranavirus, *Brucella* et *Mycobacterium*, avec une certitude moyenne à élevée (2 à 3) pour les trois premiers et faible (1) pour les deux autres qui sont moins bien renseignés. Ce coût est très faible avec une certitude moyenne (2) pour les *Alloherpesvirus* puisque pour l'instant, les signes cliniques étant reconnaissables, la surveillance est fondée sur l'observation directe d'individus ou de carcasses accessibles.

En ce qui concerne **la possibilité de vaccination ou de traitement de la faune sauvage**, elle est impossible pour les *Alloherpesvirus* et les mycobactéries et/ou très peu fiable pour le reste des agents pathogènes, avec une certitude moyenne pour les chytrides, les *Alloherpesvirus* et les mycobactéries et faible pour les autres agents pathogènes. Une vaccination ou un traitement de la faune sauvage sont très difficiles à mettre en place compte tenu de tous les facteurs environnementaux à prendre en considération et la taille des populations à traiter dans la plupart des cas. La question se pose donc s'ils sont réellement possibles à mettre en œuvre mais c'est tout de même en cours de réflexion. En effet, certains traitements sont prometteurs comme les antibiotiques pour les bactéries du genre *Brucella*, les antifongiques ou la chaleur pour les chytrides mais ils ne peuvent être réalisés qu'avec des méthodes de capture d'un petit effectif et de réintroduction après traitement, ils ne sont pas toujours fiables ou ils ne peuvent pas toujours être appliqués. L'option de la vaccination est en cours de recherche chez Bd, les ranavirus et *Brucella* mais non envisageable pour l'instant à cause des contraintes citées précédemment. Pour les *Alloherpesvirus*, la question se pose surtout du besoin de développer ces approches puisque l'impact clinique de cet agent, bien que peu connu, semble faible.

La **possibilité de gestion sanitaire** est globalement difficile à déterminer. Elle pourrait être mise en place pour tous les agents, avec une très faible certitude (0 à 1) pour *Brucella* compte tenu d'une quasi absence de données disponibles sur ce sujet, et sauf pour les *Alloherpesvirus* (avec une certitude moyenne de 2) pour lesquels la question se pose encore une fois ici de la nécessité d'une gestion. Néanmoins, pour les chytrides, les ranavirus et les mycobactéries, la certitude est moyenne (2) car les mesures déjà disponibles ne le sont pas partout, elles sont difficiles à réaliser et peu efficaces pour le moment. Bien qu'il ne semble pas simple de rendre cette gestion sanitaire plus accessible et efficace, une amélioration est possible et sera probablement réalisée ultérieurement.

Catégorie 8 présentant le statut réglementaire et international

Actuellement, seul l'agent pathogène Bsal est un **danger sanitaire catégorisé en France** qui est notamment répertorié dans les **catégories D et E de la LSA**. Une maladie de catégorie D est « une maladie répertoriée à l'égard de laquelle des mesures s'imposent en vue d'en empêcher la propagation en cas d'entrée dans l'Union ou de mouvements entre les États membres » et une maladie de catégorie E est « une maladie répertoriée à l'égard de laquelle une surveillance est nécessaire au sein de l'Union » (RÈGLEMENT D'EXECUTION (UE) 2018-1882 DE LA COMMISSION - du 3 décembre 2018 - sur l'application de certaines dispositions en matière de prévention et de lutte contre les maladies à des catégories de maladies répertoriées et établissant une liste des espèces et des groupes d'espèces qui présentent un risque considérable du point de vue de la propagation de ces maladies répertoriées, 2018).

En ce qui concerne Bd, il n'est pas répertorié dans une catégorie de la LSA mais il est nécessaire d'attendre la transcription nationale de cette loi pour déterminer s'il sera prochainement un danger sanitaire catégorisé en France, ce qui est probable compte tenu de son impact délétère sur les populations d'amphibiens en France.

Ensuite, seuls les chytrides et les ranavirus appartiennent à la **liste WAHIS des maladies émergentes et des maladies affectant la faune sauvage**. Il s'agit du Système mondial d'information sanitaire et notamment, d'un portail qui donne l'accès public, rapide et facile aux données de santé animale dans le monde. Les trois agents

pathogènes précédemment cités sont également les seuls inscrits sur la **liste de l'Organisation Mondiale de la Santé Animale** en tant que maladies notifiables.

Les trois autres agents pathogènes (*Alloherpesvirus*, *Brucella* et *Mycobacterium*) ne sont pas concernés par ces statuts réglementaires et internationaux.

Pour finir, aucun de ces agents pathogènes n'est responsable d'une **maladie humaine à déclaration obligatoire en France**.

D. Discussion

1. Analyse des données recensées

L'établissement des listes des enjeux sanitaires des amphibiens hiérarchisés selon les trois enjeux de santé

Dans un premier temps, l'analyse des données disponibles sur les maladies et les agents pathogènes pouvant affecter les amphibiens, qui ont été recensées et organisées selon un ensemble de critères au cours de ce projet, permet de proposer une première hiérarchisation des enjeux sanitaires des amphibiens parmi les agents pathogènes de ce groupe de vertébrés les plus étudiés par les scientifiques dans le monde. Cette hiérarchisation peut être adaptée suivant trois différentes perspectives, en fonction de l'intérêt porté pour l'un des trois enjeux de santé cités ci-dessous :

- Maladies zoonotiques concernant la santé publique
- Maladies partagées avec les animaux domestiques et de rente concernant la santé animale en élevage
- Maladies à enjeu de conservation de la biodiversité concernant la santé des animaux sauvages

En priorisant à des fins de protection de la santé publique, on obtient la liste de maladies hiérarchisées suivante :

- 1) *Brucella* et *Mycobacterium*
- 2) Bd, Bsal, CMTV, FV3 et *Alloherpesvirus*

Les seuls agents pathogènes possédant un potentiel zoonotique sont les bactéries des genre *Brucella* et *Mycobactérium*. Concernant les *Alloherpesvirus*, ce

potentiel n'est pas évoqué mais il reste très peu probable tout de même et il peut donc être classé au même niveau que les autres agents n'ayant pas ce potentiel zoonotique. Entre le genre *Brucella* et le genre *Mycobacterium*, la hiérarchisation n'est pas évidente et même impossible compte tenu du manque de données sur ce sujet. En effet, d'après les informations disponibles, ils ont la même transmissibilité de l'animal sauvage à l'Homme et quasiment la même conséquence, sérieuse, sur la santé humaine. Cette conséquence est plus variable chez les bactéries *Brucella*, elle peut être faible selon les circonstances, avec des symptômes qui semblent moins sévères, ce qui pourrait suggérer que les mycobactéries présentent un risque plus élevé et pourraient donc être classées en premier sur la liste. Néanmoins, la contamination par les mycobactéries se fait par contact direct essentiellement et les cas de transfert direct entre humains et amphibiens restent rares et non confirmés, uniquement chez des personnes manipulant des amphibiens. Pour les bactéries de genre *Brucella*, des cas de contamination par ingestion ont été suspectés mais non confirmés dans des cas précis, en particulier soit chez des personnes immunodéprimées et lorsque les produits ne sont pas bien cuits, ce qui pourrait augmenter le risque de transmission à l'Homme via le commerce des amphibiens destinés à l'alimentation humaine. Ainsi, compte tenu du peu d'informations confirmées et disponibles à grande échelle, il n'est pas possible de comparer correctement les deux genres de bactéries, c'est pourquoi elles sont placées à égalité en haut de la liste.

En priorisant cette fois à des fins de protection de la santé animale en élevage, on obtient la liste des maladies hiérarchisées suivante :

- 1) Bd, Bsal et ranavirus
- 2) *Alloherpesvirus*, *Brucella* et *Mycobacterium*

Étant donné l'absence de publications à propos de la transmissibilité entre animaux sauvages et animaux domestiques de rente ou de l'impact associé chez les *Alloherpesvirus*, les genres *Brucella* et *Mycobacterium*, ils peuvent être placés ensemble en seconde place sur la liste. La transmission est en effet seulement suspectée d'après les informations disponibles sur ces agents. Concernant Bd, Bsal et les ranavirus, ils sont également classés au même niveau en première place car leur transmissibilité aux animaux d'élevage, c'est-à-dire essentiellement les amphibiens domestiques et ceux d'élevage, leur impact sur la production des animaux de rente et

la proportion d'animaux atteints avec un impact clinique ou sur la production sont les mêmes ou quasiment les mêmes. Même si ces informations ne sont pas prouvées ou confirmées, mais surtout extrapolées des caractéristiques connues de ces agents dans la faune sauvage, elles sont très fortement suspectées. Ainsi le risque suspecté pour la santé des animaux domestiques et de rente est le même pour ces agents qui sont donc classés ensembles en haut de la liste.

En se fondant sur les deux listes précédentes et les informations qu'elles nous apportent sur l'impact possibles des agents pathogènes pouvant infecter les amphibiens sur la santé publique et la santé animale en élevage, il semble que les enjeux sanitaires dus aux amphibiens sur les deux santé sont peu importants. Il est toutefois essentiel de nuancer ces propos en soulignant qu'il y a peu de publications sur ces enjeux et que le risque que l'impact de ces maladies sur les deux santé soit en réalité élevé sans être encore bien renseigné n'est pas totalement exclu.

En partant de ce constat et des renseignements apportés en première partie de ce rapport sur le déclin sévère et même l'extinction de nombreuses populations d'amphibiens à travers le monde, l'enjeu de conservation de la biodiversité est celui qui apparaît comme l'enjeu capital de ce projet. En priorisant à des fins de conservation de la diversité des amphibiens, on obtient la liste de maladies hiérarchisées suivante :

- 1) Bd
- 2) Bsal, ranavirus
- 3) *Brucella*, *Mycobacterium*
- 4) *Alloherpesvirus*

L'agent pathogène *Batrachochytrium dendrobatidis* se départage des autres agents, et notamment des ranavirus et de Bsal, grâce à deux critères principalement. Le premier est sa capacité d'expansion spatiale vectorielle qui est reconnue comme étant la plus élevée parmi tous les agents pathogènes. Le second est la durée de son impact clinique sur les individus et les populations qui peut être permanente, c'est-à-dire de plus de deux ans dans certaines situations. Bd possède beaucoup de points communs avec Bsal et les ranavirus. Sa transmissibilité entre individus et populations est élevée ainsi que sa variabilité génétique et phénotypique, et son impact sur la santé de la faune sauvage et sur la conservation de la biodiversité est sévère. Ces trois agents sont difficiles à détecter, il n'existe pas de traitement de la faune sauvage pour

l'instant et leur gestion sanitaire est compliquée. Cependant, Bd est l'agent pathogène qui présente le plus d'intérêt pour la communauté scientifique, il est le plus étudié avec le plus grand nombre de sources bibliographiques disponibles le concernant. Sa répartition est mondiale et il se démarque des autres par un nombre impressionnant d'espèces hôtes sensibles et un réservoir également conséquent. Bsal a le potentiel pour devenir un danger aussi sérieux que Bd avec notamment sa capacité saprophytique qui rend sa persistance dans l'environnement très élevée, mais pour l'instant il est classé en deuxième place avec les ranavirus. En effet, son émergence est beaucoup plus récente et il est moins décrit que l'autre chytride, ce qui implique que sa capacité vectorielle n'est pas documentée par exemple. Le nombre d'espèces décrites dans la littérature et concernées par l'infection par Bsal, est également plus faible à ce jour. De plus, bien que Bsal n'ait pas été observé en France contrairement aux deux autres agents dont la présence est généralisée et documentée, son risque d'introduction est très élevé. Les ranavirus CMTV et FV3 sont classés en seconde place avec Bsal car ils sont fortement suspectés de n'avoir aucune capacité d'expansion spatiale vectorielle. Ils ont un nombre moins élevé que Bd d'espèces hôtes sensibles mais, même si leur persistance dans l'environnement est plus faible que Bsal, leur réservoir est plus important. En termes de certitudes, les résultats de Bsal, CMTV et FV3 se valent.

En ce qui concerne le reste des agents pathogènes, les bactéries des genres *Brucella* et *Mycobacterium* sont classées en troisième place car elles ont des caractéristiques moins dangereuses que les trois premiers agents pathogènes décrits et des résultats assez similaires. Le genre *Brucella* pourrait être classé au-dessus de l'autre genre de bactéries car son impact sur la santé de la faune sauvage semble plus élevé mais, globalement, trop peu de ressources bibliographiques les concernant existent et donc les incertitudes sont trop élevées pour qu'ils soient comparés et départagés pertinemment.

Pour finir, les *Alloherpesvirus* sont classés en dernier sur la liste car leurs caractéristiques en font des agents pathogènes peu dangereux (transmissibilité entre individus et populations faible à moyenne) ; leur impact sur la santé de la faune sauvage et la conservation de la biodiversité est très faible à faible et les lésions qu'ils provoquent sont bien reconnaissables ce qui les rend mieux détectables que les autres agents pathogènes. Peu de ressources bibliographiques les concernant existent aussi.

Ainsi, comme cela a déjà été mentionné pour les deux autres listes, le manque de données est un frein à une comparaison pertinente des agents pathogènes.

Les avantages et les limites de la méthode utilisée

Dans un second temps, cette étude permet d'évaluer la méthode utilisée qui consiste à organiser les informations recensées sur les agents pathogènes dans un tableau de critères. Elle présente des avantages et des inconvénients qui ont été mis en lumière au fur et à mesure du tri des données et de leur interprétation. En premier lieu, le tableau est un excellent outil pour simplifier les données éparpillées dans les différentes ressources bibliographiques et souvent noyées parmi pleins d'autres informations. Le tri effectué, les critères choisis et le système de note permettent d'avoir un accès rapide et une meilleure visualisation des informations pertinentes sur les agents pathogènes. Cette meilleure lisibilité favorise l'évaluation du niveau de danger que représente chaque agent pathogène sur les trois santé et elle permet de les comparer entre eux plus facilement, ce qui à terme simplifie la réalisation des listes des maladies hiérarchisées. En second lieu, ce système de tri des données permet également une visualisation rapide et simple des lacunes dans les connaissances et de leur importance respective. Cela contribue ainsi à identifier les besoins de connaissances supplémentaires et à justifier la recherche de nouvelles données, notamment sur l'impact de ces agents pathogènes sur la santé des animaux domestiques et de rente et sur la santé humaine, qui sont deux points cruciaux à connaître concernant une maladie.

Néanmoins, ce système de tableau de critères présente des inconvénients. Tout d'abord, certaines difficultés pour remplir le tableau ont été rencontrées concernant quelques critères qui peuvent être interprétés de plusieurs façons. Par exemple, en ce qui concerne les critères de transmissibilité entre individus et populations, de capacité d'expansion spatiale vectorielle et d'existence d'un réservoir, il est difficile de classer certaines informations dans l'un ou l'autre de ces critères avec les données bibliographiques à disposition. En effet, il n'est pas aisé de déterminer si une espèce est un vecteur biologique, c'est-à-dire qu'elle peut être infectée, être porteuse saine et transmettre l'agent infectieux sur de grandes distances, ou seulement un réservoir. D'autres espèces parmi les reptiles ont été repérées avec des traces d'agent pathogène sur eux mais il n'est pas encore déterminé de manière

certaine s'ils peuvent être infectés, et donc être des réservoirs ou des vecteurs biologiques ou simplement des vecteurs mécaniques (Kilburn, Ibáñez, Green 2011). Parmi les autres critères concernés, la durée de l'impact clinique sur les animaux sauvages peut être interprétée de différentes manières, soit l'impact à l'échelle de l'individu est considéré, soit l'impact sur une population entière. Ce critère soulève en plus un autre problème dans le remplissage du tableau ! Pour certains critères une note unique ne peut être attribuée car l'élément noté varie selon l'espèce et le stade de développement par exemple. La proportion d'individus atteints ayant un impact clinique et la durée de l'impact clinique sont les principaux critères concernés par cette difficulté. Enfin, la faisabilité de la surveillance clinique a été également difficile à renseigner car pour certains agents pathogènes comme Bd, Bsal et les ranavirus, les lésions provoquées par l'infection sont peu spécifiques et reconnaissables mais les évènements de mortalité massive sont assez facilement détectables.

Pour finir, quelques critères supplémentaires sur les interactions hôte-pathogène pourraient être ajoutés et permettraient par exemple de connaître un peu mieux les habitats où il y a le plus de risque d'introduction de ces agents pathogènes dans les populations d'amphibiens. De même, parmi les obstacles rencontrés par le système de surveillance sanitaire en France, le manque de communication aux différents acteurs de la surveillance sur les activités de surveillance effectivement réalisées sur le territoire français et le manque de suivi de ces actions mises en place dans les PN étaient soulevés. Un ajout de critères permettant de préciser un peu plus les actions de surveillance réalisées sur le territoire français contribuerait à pallier en partie à ces obstacles.

Ainsi, la méthode employée dans cette étude permet d'avoir une idée plus claire du statut de chaque agent pathogène, du danger qu'ils représentent pour les trois santés et des hiérarchisations possibles entre ces dangers. Cependant, son utilisation et son interprétation sont limitées par une contrainte majeure : les lacunes dans les connaissances.

2. Avantages et limites de la hiérarchisation des enjeux sanitaires

Les enjeux de la méthode de hiérarchisation

Dans le cadre de cette thèse, la question qui se pose est l'intérêt de mettre en place une méthode de hiérarchisation pour réaliser une des étapes du projet initial.

Le projet de hiérarchisation des enjeux sanitaires des amphibiens s'inscrit initialement dans une volonté d'améliorer l'état des connaissances, d'organiser une surveillance de la faune sauvage efficace et de gérer les risques sanitaires, le tout dans un contexte de mise en place d'un réseau sanitaire sentinelle commun à l'ensemble des PN.

De plus, des mesures de hiérarchisation, que ce soit des espèces d'amphibiens à enjeu de conservation ou des objectifs de surveillance des amphibiens, font partie des recommandations formulées dans le travail de thèse du Docteur Palumbo l'année dernière, dans le but d'améliorer le réseau de surveillance des amphibiens en France (Loïc et al. 2022). Par ailleurs, ce n'est pas la première fois qu'un projet de hiérarchisation est mis en place pour améliorer et optimiser la conservation de la biodiversité.

En effet, l'étude de Lin et al (2020) souligne l'importance pour chaque pays de mettre en place des priorités dans leur propre stratégie de protection de la biodiversité en fonction des ressources qu'ils ont à disposition. Il est également souligné que l'établissement de ces priorités permettrait à des pays possédant une grande richesse spécifique mais peu de ressources de justifier la demande de ressources supplémentaires aux institutions internationales en charge de la sauvegarde de la biodiversité. Ces priorités en matière de conservation aident les pays à mettre en œuvre des actions de préservation des organismes vivants là où elles sont le plus nécessaires rapidement mais également à prendre des décisions sur la distribution pertinente et efficace des ressources disponibles vers la surveillance, la gestion et la protection des différentes espèces. Dans cette étude, ils utilisent l'outil GIS qui se fonde sur les données disponibles sur les espèces et leurs habitats pour fournir des listes hiérarchisées sur les zones géographiques à protéger en priorité notamment. Cette méthode de hiérarchisation est également un point de départ pour identifier les lacunes dans les connaissances disponibles, dues à un manque de programmes de recherche et de surveillance de certaines régions et espèces, ainsi que pour

concentrer les efforts sur ces régions et espèces moins surveillées. Elle permet d'aiguiller les instances en charge de la protection de la biodiversité vers des politiques plus adaptées, renforcées pour certaines ou à développer pour d'autres. Enfin, ces priorités de conservation sont établies pour un ensemble de pays avec des juridictions différentes et la mise en place d'une hiérarchisation permet de passer outre ces différences et de coordonner les efforts de conservation internationaux (Lin et al. 2020).

Une autre étude de priorisation de la conservation de la diversité des organismes vivants en eau fraîche aux États-Unis met également en avant la nécessité de prioriser et de coordonner les actions de conservation et les zones géographiques concernées, surtout quand les ressources disponibles sont limitées, pour éviter de trop fortes pertes de biodiversité. En effet, ces priorités en matière de conservation des espèces sont encore trop peu prises en compte par les espaces protégés à l'échelle mondiale (Panlasigui et al. 2018).

Pour finir sur les intérêts de la hiérarchisation dans le cadre de la conservation de la biodiversité, il est intéressant et probablement nécessaire d'orienter cette priorisation selon différents critères qui correspondent à des enjeux de conservation des espèces. Par exemple, l'étude de Brum et al (2017) sur « les priorités globales de conservation de la diversité des mammifères à travers de multiples dimensions » se concentre sur différents aspects de la diversité des organismes vivants tels que la taxonomie, la phylogénie et certains traits caractéristiques des espèces, et pas seulement sur la diversité taxonomique ou la richesse spécifique, pour identifier les zones géographiques et les espèces à protéger en priorité. L'objectif est de tenir compte, dans la démarche de priorisation, de différentes facettes de la biodiversité et de ne pas en mettre une ou plusieurs de côté, ce qui pourrait faire obstacle à la préservation de ces aspects dans les écosystèmes qui peuvent alors être fragilisés. Ainsi, cette hiérarchisation selon différents enjeux de préservation de la biodiversité aide à mieux protéger les espèces et les écosystèmes (Brum et al. 2017).

Le projet de cette thèse apporte globalement les mêmes intérêts que ceux soulignés dans les travaux de priorisation similaires, en répondant à ses objectifs initiaux d'optimiser l'utilisation des ressources disponibles et de justifier la recherche de ressources additionnelles. En effet, comme évoqué précédemment, la surveillance

et le suivi sanitaire des amphibiens mis en place dans les PN en France ne répondent plus aux nouveaux enjeux actuels et rencontrent même plusieurs obstacles dont une partie peut être résolue grâce à ce projet de hiérarchisation (Parcs nationaux 2017).

Ce travail de recensement et de regroupement des ressources disponibles sur les maladies des amphibiens est une réponse à ces obstacles en étant tout d'abord la première étape de création de cette base de données commune au réseau sanitaire des PN en France. Elle permet d'avoir sur un même socle de connaissances les informations collectées au fil des années sur les agents pathogènes d'intérêt des amphibiens en les réorganisant de manière à avoir une vision rapide des caractéristiques principales de ces agents et de leur impact sur les trois enjeux de santé précédemment cités. La méthode utilisée fournit différentes listes de maladies hiérarchisées selon l'intérêt (santé publique, animal, conservation de la biodiversité) qui sont utilisables par les Parcs Nationaux et d'autres espaces protégés. Ainsi, ce projet offre plus de visibilité et un accès rapide aux informations sanitaires sur les maladies des amphibiens qui peuvent donc être mieux exploitées. Les acteurs de la surveillance dont les agents de terrain, en ayant accès facilement à toutes ces données, ont la possibilité d'être mieux formés et sensibilisés à la surveillance des agents pathogènes affectant les amphibiens. Enfin, ce projet apporte de meilleures connaissances sur le contexte épidémiologique en France en déterminant quels sont les enjeux sanitaires généraux qui concernent tous les PN. Par exemple, ce travail a mis en évidence que les agents pathogènes Bd, CMTV, FV3 ainsi que les *Alloherpesvirus* sont présents de manière généralisée en France et concernent donc tous les espaces protégés. De même, Bsal et son risque majeur d'introduction sur le territoire français, est un enjeu sanitaire qui englobe tous les PN de France.

Les enjeux de la gestion et du contrôle des agents pathogènes affectant les amphibiens

Cette hiérarchisation des enjeux sanitaires des amphibiens soulève également un autre point qu'il est essentiel de discuter. En effet, les agents pathogènes Bd, CMTV et FV3 ont été classés dans la liste des maladies des amphibiens à déclaration obligatoire en 2009 (Black, Meredith, Price 2017a). Or dans la catégorie de critères sur l'impact économique, l'impact de cas d'infection par ces agents pathogènes en faune sauvage sur le commerce international lié aux lois existantes est inexistant et

les impacts économiques directs et indirects sont négligeables pour les deux agents et même pour Bsal, qui a certes été notifié plus tardivement mais qui est tout de même inscrit dans la liste de l'OMSA. Dans beaucoup de pays, même en Europe, il n'y a pas de législation ou de restrictions concernant le commerce des amphibiens, et peu de protocoles de contrôles, développés par l'OMSA dès la notification de ces maladies en 2009, sont appliqués lors des mouvements commerciaux d'animaux afin d'avoir un commerce plus sécurisé avec des animaux non infectés (tests diagnostiques, quarantaine, déclaration et traçabilité des amphibiens) (Sabino-Pinto et al. 2018 ; Bosch et al. 2021 ; Claytor et al. 2017 ; Hoverman, Gray, Miller 2010 ; Herath, Ellepola, Meegaskumbura 2021 ; Gray, Miller, Hoverman 2009 ; Schloegel et al. 2010b). De même, aucune mesure de gestion dans la faune sauvage n'est pour l'instant prévue ou appliquée, seulement de la surveillance renforcée, pareil chez les amphibiens domestiques qui ne sont pas nécessairement testés et mis en quarantaine lorsqu'ils sont capturés dans la nature pour être intégrés dans des élevages (Gray, Miller, Hoverman 2009 ; Schloegel et al. 2010b). Il existe quand même des perspectives d'amélioration pour Bsal puisque des mesures récentes sur le commerce des urodèles se mettent en place en Europe. L'importation des urodèles est aussi devenue interdite aux États-Unis, au Canada et en Suisse et des mesures de gestion commencent à être prévues en cas de survenue d'un cas dans la faune sauvage (Fitzpatrick et al. 2018 ; Sabino-Pinto et al. 2018 ; González et al. 2019 ; Bosch et al. 2021). De même, un projet de mise en place d'une surveillance plus active des ranavirus au Royaume-Uni, aux États-Unis et aux Pays-Bas devrait voir le jour (Black, Meredith, Price 2017b).

Tout cela montre que malgré l'impact avéré de ces maladies sur le déclin des amphibiens, la mise en place de mesures de prévention de la propagation de ces agents pathogènes via le commerce international et de mesures de gestion en cas de survenue de cas chez les animaux sauvages et domestiques est compliquée et prend du temps. Cela favorise la dispersion rapide à travers le monde de ces pathogènes hautement transmissibles.

Les enjeux des lacunes dans les connaissances des maladies des amphibiens

Ce projet répond aussi à son autre objectif d'identification des lacunes dans les connaissances concernant les maladies circulant en France métropolitaine dans le groupe des amphibiens. En effet, malgré toutes les données collectées, celles-ci demeurent incomplètes. Même si l'identification de ces lacunes est un avantage apporté par cette hiérarchisation car elle permet d'orienter les ressources disponibles et les efforts de recherches vers ces lacunes, elle constitue aussi une limite majeure de ce projet.

En établissant les listes de maladies hiérarchisées en fonction des trois enjeux de santé, il a été mis en évidence que la hiérarchisation des maladies est très difficile à réaliser à cause du manque important de ressources. Ces lacunes limitent l'interprétation des données et la comparaison entre les agents pathogènes ce qui implique de proposer des listes hiérarchisées sans être certain de leur pertinence. Pour de nombreux agents pathogènes, il est même impossible de les départager dans ces listes à cause de l'absence d'informations cruciales, sur le potentiel zoonotique ou la transmission aux animaux domestiques de rente par exemple. L'identification récente de ces agents pathogènes comme étant l'une des causes du déclin des amphibiens pourrait expliquer toutes ces lacunes. L'impact non évident de ces maladies sur le commerce des amphibiens et le faible nombre de cas de transmission à l'Homme, seulement suspectés, pourraient expliquer aussi que ces agents pathogènes ne soient pas considérés comme des dangers significatifs pour la santé humaine ou des animaux d'élevage, ce qui ne motiverait pas la recherche sur ces critères. Pour finir, cette limite dans la hiérarchisation a des répercussions à l'échelle nationale mais également européenne et internationale.

Ce projet de hiérarchisation des enjeux sanitaires a contribué à identifier et cibler les agents pathogènes à enjeux prioritaires, ceux qui représentent un plus grand risque pour la conservation de la diversité des amphibiens. Il s'agit d'un support à partir duquel il est possible de réfléchir à des protocoles de surveillance harmonisés, améliorés et plus adaptés ainsi qu'à de nouvelles stratégies de collecte et de gestion harmonisée, locale ou nationale, des données de mortalité et des enjeux sanitaires. Ce support permet également d'établir un ordre de priorité entre les dangers nécessitant une surveillance passive, renforcée, active ou même un suivi rapproché

sur le long terme, mais aussi de hiérarchiser les actions de surveillance à suivre, de déterminer plus clairement les objectifs de surveillance et donc, d'affecter de manière plus pertinente et optimale les ressources limitées des PN.

Ainsi, en regroupant et structurant toutes ces ressources et en définissant des objectifs précis, ce projet répond à la volonté d'amélioration et d'optimisation de la surveillance sanitaire des amphibiens en France, en apportant une aide pour surmonter les obstacles qu'elle rencontre.

Cependant, tous ces avantages apportés par cette hiérarchisation sont à nuancer avec les lacunes dans les connaissances qui sont un frein à la hiérarchisation pertinente des agents pathogènes, à l'orientation des ressources vers les problématiques les plus importantes et donc à l'orientation des recherches vers les données additionnelles nécessaires pour la conservation des amphibiens.

Conclusion

Cette étude met en avant le déclin des amphibiens à travers le monde en présentant et en analysant les principales causes de ce phénomène : les maladies infectieuses émergentes, qui sont particulièrement pointées du doigt par la communauté scientifique. En effet, des champignons, des virus et des bactéries sont responsables en grande partie de cette perte de diversité massive des amphibiens. Ces agents pathogènes se dispersent rapidement dans le monde entier via les activités humaines et le commerce international notamment. Ils constituent de véritables enjeux sanitaires pour cette classe de vertébrés.

En France, la surveillance de ces enjeux sanitaires est pour l'instant principalement passive et rencontre plusieurs obstacles. Le projet de cette étude est de mettre en place un réseau sanitaire sentinelle commun à l'ensemble des PN de France, dans le cadre d'une volonté d'améliorer la surveillance sanitaire des amphibiens en France, de l'adapter à leurs enjeux sanitaires afin de la rendre utile et plus efficace sur le long terme, avec les moyens disponibles. L'objectif ultime est de préserver la diversité des amphibiens en prévenant l'introduction future de nouveaux agents pathogènes sur le territoire, en repérant leur émergence le plus tôt possible et en maîtrisant l'impact de ces maladies sur la conservation de ce groupe de vertébrés.

Cette étude apporte une première aide à la réalisation de cet objectif en peuplant une base de données sur les informations disponibles sur les agents pathogènes pouvant affecter les amphibiens présents dans les espaces protégés de France métropolitaine et en les organisant afin d'établir une liste des maladies des amphibiens hiérarchisées, utilisable par tous les PN. Cette base de données est le socle à partir duquel des stratégies sanitaires communes, avec des procédures standardisées et une gestion des données nationales, pourront être établies.

Cependant, cette étude a aussi montré des limites dans l'utilisation de sa méthode mais surtout avec les lacunes dans les connaissances qui en sont ressorties. Ces lacunes sont un frein à l'interprétation des résultats et à l'obtention de listes de maladies hiérarchisées très fiables. Mais ces limites ne sont pas insurmontables, les lacunes dans les connaissances, maintenant qu'elles sont identifiées, peuvent être ciblées et complétées avec de futures recherches et des études de terrain. Il reste nécessaire de continuer le travail de recherche sur ces agents pathogènes avec les nouveaux outils à disposition afin d'améliorer la conservation de ces espèces. La

méthode utilisée peut être également améliorée et c'est ce qui est prévu avec la suite du projet.

La suite consiste à intégrer les listes hiérarchisées dans l'outil informatique dynamique développé dans le cadre du projet et à tester la méthode d'orientation des ressources de la surveillance vers les enjeux prioritaires dans le Parc national des Pyrénées. Ces dernières étapes permettront d'évaluer une dernière fois la méthode initiale et de la finaliser en améliorant les points faibles mis en lumière. Le but est aussi que ce dispositif de surveillance amélioré soit malléable à chaque espace protégé et puisse s'adapter aux enjeux écologiques et géographiques locaux et évoluer en conséquence.

Pour conclure, les amphibiens sont considérés comme des indicateurs, des sentinelles de la santé générale de l'environnement dans lequel ils vivent. Leur déclin pourrait donc signaler un déclin plus global d'autres taxons qui serait moins visible et il sert donc de modèle à la perte mondiale de biodiversité, d'autant plus que les moyens de conservation habituellement utilisés ne sont pas suffisants ici (Collins, Storfer 2003).

Cette étude met ainsi en évidence le retard dans la mise en place de procédures et de protocoles permettant de limiter la dispersion des agents pathogènes et leur impact sur les populations sauvages ainsi que d'empêcher leur introduction sur certains territoires. Elle met en lumière la difficulté d'établir une surveillance et une gestion rapide et efficace des enjeux sanitaires des amphibiens en sachant qu'ici, seule la cause infectieuse est prise en compte mais que d'autres facteurs environnementaux interviennent également dans leur déclin (destruction des habitats, pollution, changement climatique).

Cependant, ces difficultés ne sont pas une fatalité et en voulant améliorer la gestion de la crise sanitaire et de la perte de diversité des amphibiens, la gestion de prochaines crises sera plus performante, plus rapidement.

Bibliographie

AL DAHOUK, Sascha, KÖHLER, Stephan, OCCHIALINI, Alessandra, JIMÉNEZ DE BAGÜÉS, María Pilar, HAMMERL, Jens Andre, EISENBERG, Tobias, VERGNAUD, Gilles, CLOECKAERT, Axel, ZYGMUNT, Michel S., WHATMORE, Adrian M., MELZER, Falk, DREES, Kevin P., FOSTER, Jeffrey T., WATTAM, Alice R. et SCHOLZ, Holger C., 2017. *Brucella* spp. of amphibians comprise genomically diverse motile strains competent for replication in macrophages and survival in mammalian hosts. *Scientific Reports*. juin 2017. Vol. 7, n° 1, pp. 44420. DOI 10.1038/srep44420.

BAITCHMAN, Eric J. et PESSIER, Allan P., 2013. Pathogenesis, Diagnosis, and Treatment of Amphibian Chytridiomycosis. *Veterinary Clinics of North America: Exotic Animal Practice*. septembre 2013. Vol. 16, n° 3, pp. 669-685. DOI 10.1016/j.cvex.2013.05.009.

BALÁŽ, Vojtech, VÖRÖS, Judit, CIVIŠ, Petr, VOJAR, Jiri, HETTYEY, Attila, SÓS, Endre, DANKOVICS, Róbert, JEHLE, Robert, CHRISTIANSEN, Ditte G., CLARE, Frances, FISHER, Matthew C., GARNER, Trenton W. J. et BIELBY, Jon, 2014. Assessing Risk and Guidance on Monitoring of *Batrachochytrium dendrobatidis* in Europe through Identification of Taxonomic Selectivity of Infection. *Conservation Biology*. février 2014. Vol. 28, n° 1, pp. 213-223. DOI 10.1111/cobi.12128.

BALSEIRO, A, DALTON, Kp, DEL CERRO, A, MARQUEZ, I, CUNNINGHAM, Aa, PARRA, F, PRIETO, Jm et CASAIS, R, 2009. Pathology, isolation and molecular characterisation of a ranavirus from the common midwife toad *Alytes obstetricans* on the Iberian Peninsula. *Diseases of Aquatic Organisms*. 6 avril 2009. Vol. 84, pp. 95-104. DOI 10.3354/dao02032.

BANDÍN, Isabel et DOPAZO, Carlos P, 2011. Host range, host specificity and hypothesized host shift events among viruses of lower vertebrates. *Veterinary Research*. 2011. Vol. 42, n° 1, pp. 67. DOI 10.1186/1297-9716-42-67.

BECKER, Matthew H. et GRATWICKE, Brian, 2017. Minimum lethal concentration of sodium hypochlorite for the amphibian pathogen *Batrachochytrium dendrobatidis*. COENYE, Tom (éd.), *PLOS ONE*. 25 avril 2017. Vol. 12, n° 4, pp. e0176439. DOI 10.1371/journal.pone.0176439.

BLACK, Yvonne, MEREDITH, Anna et PRICE, Stephen J., 2017a. DETECTION AND REPORTING OF RANAVIRUS IN AMPHIBIANS: EVALUATION OF THE ROLES OF THE WORLD ORGANISATION FOR ANIMAL HEALTH AND THE PUBLISHED LITERATURE. *Journal of Wildlife Diseases*. 1 juillet 2017. Vol. 53, n° 3, pp. 509. DOI 10.7589/2016-08-176.

BLACK, Yvonne, MEREDITH, Anna et PRICE, Stephen J., 2017b. DETECTION AND REPORTING OF RANAVIRUS IN AMPHIBIANS: EVALUATION OF THE ROLES OF

THE WORLD ORGANISATION FOR ANIMAL HEALTH AND THE PUBLISHED LITERATURE. *Journal of Wildlife Diseases*. 1 juillet 2017. Vol. 53, n° 3, pp. 509. DOI 10.7589/2016-08-176.

BLOOI, M., MARTEL, A., HAESEBROUCK, F., VERCAMMEN, F., BONTE, D. et PASMANS, F., 2015. Treatment of urodelans based on temperature dependent infection dynamics of *Batrachochytrium salamandrivorans*. *Scientific Reports*. juillet 2015. Vol. 5, n° 1, pp. 8037. DOI 10.1038/srep08037.

BLOOI, M., PASMANS, F., ROUFFAER, L., HAESEBROUCK, F., VERCAMMEN, F. et MARTEL, A., 2015. Successful treatment of *Batrachochytrium salamandrivorans* infections in salamanders requires synergy between voriconazole, polymyxin E and temperature. *Scientific Reports*. décembre 2015. Vol. 5, n° 1, pp. 11788. DOI 10.1038/srep11788.

BOSCH, Jaime, MARTEL, An, SOPNIEWSKI, Jarrod, THUMSOVÁ, Barbora, AYRES, Cesar, SCHEELE, Ben C., VELO-ANTÓN, Guillermo et PASMANS, Frank, 2021. *Batrachochytrium salamandrivorans* Threat to the Iberian Urodele Hotspot. *Journal of Fungi*. 7 août 2021. Vol. 7, n° 8, pp. 644. DOI 10.3390/jof7080644.

BOUTIER, Maxime, MORVAN, Léa, DELREZ, Natacha, ORIGGI, Francesco, DOSZPOLY, Andor et VANDERPLASSCHEN, Alain, 2021. Fish and Amphibian Alloherpesviruses (Herpesviridae). In : *Encyclopedia of Virology* [en ligne]. Elsevier. pp. 306-315. [Consulté le 10 décembre 2022]. ISBN 978-0-12-814516-6. Disponible à l'adresse : <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/B978012809633820931X>

BRANNELLY, Laura A., CHATFIELD, Matthew W. H., SONN, Julia, ROBAK, Matthew et RICHARDS-ZAWACKI, Corinne L., 2018. Fungal infection has sublethal effects in a lowland subtropical amphibian population. *BMC Ecology*. décembre 2018. Vol. 18, n° 1, pp. 34. DOI 10.1186/s12898-018-0189-5.

BRENES, Roberto, GRAY, Matthew J., WALTZEK, Thomas B., WILKES, Rebecca P. et MILLER, Debra L., 2014. Transmission of Ranavirus between Ectothermic Vertebrate Hosts. PAUL, Rick Edward (éd.), *PLoS ONE*. 25 mars 2014. Vol. 9, n° 3, pp. e92476. DOI 10.1371/journal.pone.0092476.

BRUM, Fernanda T., GRAHAM, Catherine H., COSTA, Gabriel C., HEDGES, S. Blair, PENONE, Caterina, RADELOFF, Volker C., RONDININI, Carlo, LOYOLA, Rafael et DAVIDSON, Ana D., 2017. Global priorities for conservation across multiple dimensions of mammalian diversity. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 18 juillet 2017. Vol. 114, n° 29, pp. 7641-7646. DOI 10.1073/pnas.1706461114.

BYRNE, Allison Q., WADDLE, Anthony W., SAENZ, Veronica, OHMER, Michel, JAEGER, Jef R., RICHARDS-ZAWACKI, Corinne L., VOYLES, Jamie et ROSENBLUM, Erica Bree, 2022. Host species is linked to pathogen genotype for the

amphibian chytrid fungus (*Batrachochytrium dendrobatidis*). ROLLINS-SMITH, Louise A. (éd.), PLOS ONE. 14 mars 2022. Vol. 17, n° 3, pp. e0261047. DOI 10.1371/journal.pone.0261047.

CAMPBELL, Lewis J., PAWLIK, Alice H. et HARRISON, Xavier A., 2020. Amphibian ranaviruses in Europe: important directions for future research. LESBARRÈRES, David (éd.), FACETS. 1 janvier 2020. Vol. 5, n° 1, pp. 598-614. DOI 10.1139/facets-2020-0007.

CASTRO MONZON, Federico, RÖDEL, Mark-Oliver et JESCHKE, Jonathan M., 2020. Tracking *Batrachochytrium dendrobatidis* Infection Across the Globe. EcoHealth. septembre 2020. Vol. 17, n° 3, pp. 270-279. DOI 10.1007/s10393-020-01504-w.

CATENAZZI, A, VREDENBURG, Vt et LEHR, E, 2010. *Batrachochytrium dendrobatidis* in the live frog trade of *Telmatobius* (Anura: Ceratophryidae) in the tropical Andes. Diseases of Aquatic Organisms. 23 septembre 2010. Vol. 92, n° 3, pp. 187-191. DOI 10.3354/dao02250.

CATENAZZI, Alessandro, 2015a. State of the World's Amphibians. Annual Review of Environment and Resources. 4 novembre 2015. Vol. 40, n° 1, pp. 91-119. DOI 10.1146/annurev-environ-102014-021358.

CATENAZZI, Alessandro, 2015b. State of the World's Amphibians. Annual Review of Environment and Resources. 4 novembre 2015. Vol. 40, n° 1, pp. 91-119. DOI 10.1146/annurev-environ-102014-021358.

CLAYTOR, Siera C., SUBRAMANIAM, Kuttichantran, LANDRAU-GIOVANNETTI, Nelmarie, CHINCHAR, V. Gregory, GRAY, Matthew J., MILLER, Debra L., MAVIAN, Carla, SALEMI, Marco, WISELY, Samantha et WALTZEK, Thomas B., 2017. Ranavirus phylogenomics: Signatures of recombination and inversions among bullfrog ranaculture isolates. Virology. novembre 2017. Vol. 511, pp. 330-343. DOI 10.1016/j.virol.2017.07.028.

COLLINS J. P., et STORFER A., 2003. « Global amphibian declines: sorting the hypotheses ». Diversity and distributions 9 (2): 89-98.

COLOMA-RIVERO, Roberto F., FLORES-CONCHA, Manuel, MOLINA, Raúl E., SOTO-SHARA, Rodrigo, CARTES, Ángel et OÑATE, Ángel A., 2021. Brucella and Its Hidden Flagellar System. Microorganisms. 31 décembre 2021. Vol. 10, n° 1, pp. 83. DOI 10.3390/microorganisms10010083.

CUNNINGHAM, A. A., HYATT, A. D., RUSSELL, P. et BENNETT, P. M., 2007. Emerging epidemic diseases of frogs in Britain are dependent on the source of ranavirus agent and the route of exposure. Epidemiology and Infection. octobre 2007. Vol. 135, n° 7, pp. 1200-1212. DOI 10.1017/S0950268806007679.

DAVISON, Andrew J., 2010. Herpesvirus systematics. *Veterinary Microbiology*. juin 2010. Vol. 143, n° 1, pp. 52-69. DOI 10.1016/j.vetmic.2010.02.014.

DENSMORE, C. L. et GREEN, D. E., 2007. Diseases of Amphibians. *ILAR Journal*. 1 janvier 2007. Vol. 48, n° 3, pp. 235-254. DOI 10.1093/ilar.48.3.235.

DIVERS, Stephen J. et STAHL, Scott J., 2019. *Mader's reptile and amphibian medicine and surgery*. Third edition. St. Louis, Mo : Elsevier. ISBN 978-0-323-48253-0.

EARL, Julia E., CHANEY, Jordan C., SUTTON, William B., LILLARD, Carson E., KOUBA, Andrew J., LANGHORNE, Cecilia, KREBS, Jessi, WILKES, Rebecca P., HILL, Rachel D., MILLER, Debra L. et GRAY, Matthew J., 2016. Ranavirus could facilitate local extinction of rare amphibian species. *Oecologia*. octobre 2016. Vol. 182, n° 2, pp. 611-623. DOI 10.1007/s00442-016-3682-6.

EFSA PANEL ON ANIMAL HEALTH AND WELFARE (AHAW), MORE, Simon, BØTNER, Anette, BUTTERWORTH, Andrew, CALISTRI, Paolo, DEPNER, Klaus, EDWARDS, Sandra, GARIN-BASTUJI, Bruno, GOOD, Margaret, GORTÁZAR SCHMIDT, Christian, MICHEL, Virginie, MIRANDA, Miguel Angel, NIELSEN, Søren Saxmose, RAJ, Mohan, SIHVONEN, Liisa, SPOOLDER, Hans, STEGEMAN, Jan Arend, THULKE, Hans-Hermann, VELARDE, Antonio, WILLEBERG, Preben, WINCKLER, Christoph, BALDINELLI, Francesca, BROGLIA, Alessandro, CANDIANI, Denise, FABRIS, Chiara, GEORGIADIS, Marios, ZANCANARO, Gabriele, BELTRÁN-BECK, Beatriz, KOHNLE, Lisa et BICOUT, Dominique, 2017. Assessment of listing and categorisation of animal diseases within the framework of the Animal Health Law (Regulation (EU) No 2016/429): *Batrachochytrium salamandrivorans* (Bsal). *EFSA Journal* [en ligne]. novembre 2017. Vol. 15, n° 11. [Consulté le 23 octobre 2022]. DOI 10.2903/j.efsa.2017.5071. Disponible à l'adresse : <https://data.europa.eu/doi/10.2903/j.efsa.2017.5071>

ESSBAUER, S. et AHNE, W., 2001. Viruses of Lower Vertebrates. *Journal of Veterinary Medicine Series B*. 15 août 2001. Vol. 48, n° 6, pp. 403-475. DOI 10.1046/j.1439-0450.2001.00473.x.

EVAAS - Pôle d'Expertise Vétérinaire et Agronomique Animaux Sauvages, EVAAS [en ligne]. [Consulté le 9 décembre 2022]. Disponible à l'adresse : <http://evaas.vetagro-sup.fr/>

FISHER, Matthew C., GARNER, Trenton W.J. et WALKER, Susan F., 2009. Global Emergence of *Batrachochytrium dendrobatidis* and Amphibian Chytridiomycosis in Space, Time, and Host. *Annual Review of Microbiology*. 1 octobre 2009. Vol. 63, n° 1, pp. 291-310. DOI 10.1146/annurev.micro.091208.073435.

FISHER, Matthew C., GHOSH, Pria, SHELTON, Jennifer M. G., BATES, Kieran, BROOKES, Lola, WIERZBICKI, Claudia, ROSA, Gonçalo M., FARRER, Rhys A., AANENSEN, David M., ALVARADO-RYBAK, Mario, BATAILLE, Arnaud, BERGER,

Lee, BÖLL, Susanne, BOSCH, Jaime, CLARE, Frances C., A. COURTOIS, Elodie, CROTTINI, Angelica, CUNNINGHAM, Andrew A., DOHERTY-BONE, Thomas M., GEBRESENBET, Fikirte, GOWER, David J., HÖGLUND, Jacob, JAMES, Timothy Y., JENKINSON, Thomas S., KOSCH, Tiffany A., LAMBERTINI, Carolina, LAURILA, Anssi, LIN, Chun-Fu, LOYAU, Adeline, MARTEL, An, MEURLING, Sara, MIAUD, Claude, MINTING, Pete, NDRIANTSOA, Serge, O'HANLON, Simon J., PASMANS, Frank, RAKOTONANAHARY, Tsanta, RABEMANANJARA, Falitiana C. E., RIBEIRO, Luisa P., SCHMELLER, Dirk S., SCHMIDT, Benedikt R., SKERRATT, Lee, SMITH, Freya, SOTO-AZAT, Claudio, TESSA, Giulia, TOLEDO, Luís Felipe, VALENZUELA-SÁNCHEZ, Andrés, VERSTER, Ruhan, VÖRÖS, Judit, WALDMAN, Bruce, WEBB, Rebecca J., WELDON, Che, WOMBWELL, Emma, ZAMUDIO, Kelly R., LONGCORE, Joyce E. et GARNER, Trenton W. J., 2018. Development and worldwide use of non-lethal, and minimal population-level impact, protocols for the isolation of amphibian chytrid fungi. *Scientific Reports*. 17 mai 2018. Vol. 8, n° 1, pp. 7772. DOI 10.1038/s41598-018-24472-2.

FITZPATRICK, Liam D., PASMANS, Frank, MARTEL, An et CUNNINGHAM, Andrew A., 2018. Epidemiological tracing of *Batrachochytrium salamandrivorans* identifies widespread infection and associated mortalities in private amphibian collections. *Scientific Reports*. décembre 2018. Vol. 8, n° 1, pp. 13845. DOI 10.1038/s41598-018-31800-z.

FU, Minjie et WALDMAN, Bruce, 2019. Ancestral chytrid pathogen remains hypervirulent following its long coevolution with amphibian hosts. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*. 12 juin 2019. Vol. 286, n° 1904, pp. 20190833. DOI 10.1098/rspb.2019.0833.

GARMYN, An, VAN ROOIJ, Pascale, PASMANS, Frank, HELLEBUYCK, Tom, VAN DEN BROECK, Wim, HAESEBROUCK, Freddy et MARTEL, An, 2012. Waterfowl: Potential Environmental Reservoirs of the Chytrid Fungus *Batrachochytrium dendrobatidis*. FISHER, Matthew (Mat) Charles (éd.), *PLoS ONE*. 13 avril 2012. Vol. 7, n° 4, pp. e35038. DOI 10.1371/journal.pone.0035038.

GEIGER, Corina C., BREGNARD, Cindy, MALUENDA, Elodie, VOORDOUW, Maarten J. et SCHMIDT, Benedikt R., 2017. Antifungal treatment of wild amphibian populations caused a transient reduction in the prevalence of the fungal pathogen, *Batrachochytrium dendrobatidis*. *Scientific Reports*. décembre 2017. Vol. 7, n° 1, pp. 5956. DOI 10.1038/s41598-017-05798-9.

GOLD, Kk, REED, Pd, BEMIS, Da, MILLER, DI, GRAY, Mj et SOUZA, Mj, 2013. Efficacy of common disinfectants and terbinafine in inactivating the growth of *Batrachochytrium dendrobatidis* in culture. *Diseases of Aquatic Organisms*. 25 novembre 2013. Vol. 107, n° 1, pp. 77-81. DOI 10.3354/dao02670.

GONZÁLEZ, David Lastra, BALÁŽ, Vojtech, SOLSKÝ, Milič et THUMSOVÁ, Barbora,

2019. Recent Findings of Potentially Lethal Salamander Fungus. *Emerging Infectious Diseases*. 2019. Vol. 25, n° 7, pp. 3.

GRAY, Mj, MILLER, DI et HOVERMAN, Jt, 2009. Ecology and pathology of amphibian ranaviruses. *Diseases of Aquatic Organisms*. 3 décembre 2009. Vol. 87, pp. 243-266. DOI 10.3354/dao02138.

HADIBI S., et HENDRIKX P., 2019. « Évaluation initiale du volet surveillance de la faune sauvage de la stratégie sanitaire pour la faune sauvage de métropole des Parcs nationaux de France ». Rapport d'évaluation. ANSES / Parcs nationaux.

HARS, Jean, FAURE, Eva, TOURETTE, Isabelle et RICHOMME, Céline, 2016. Inventaire des actions de surveillance de la faune sauvage mises en œuvre en France entre 2000 et 2013. *Bull. Epid. Santé Anim. Alim.* 75, 12-15

HERATH, Jayampathi, ELLEPOLA, Gajaba et MEEGASKUMBURA, Madhava, 2021. Patterns of infection, origins, and transmission of ranaviruses among the ectothermic vertebrates of Asia. *Ecology and Evolution*. novembre 2021. Vol. 11, n° 22, pp. 15498-15519. DOI 10.1002/ece3.8243.

HOSSACK, Blake R., LOWE, Winsor H., WARE, Joy L. et CORN, Paul Stephen, 2013. Disease in a dynamic landscape: Host behavior and wildfire reduce amphibian chytrid infection. *Biological Conservation*. janvier 2013. Vol. 157, pp. 293-299. DOI 10.1016/j.biocon.2012.09.013.

HOVERMAN, Jt, GRAY, Mj et MILLER, DI, 2010. Anuran susceptibilities to ranaviruses: role of species identity, exposure route, and a novel virus isolate. *Diseases of Aquatic Organisms*. 9 mars 2010. Vol. 89, pp. 97-107. DOI 10.3354/dao02200.

HYATT, Ad, BOYLE, Dg, OLSEN, V, BOYLE, Db, BERGER, L, OBENDORF, D, DALTON, A, KRIGER, K, HERO, M, HINES, H, PHILLOTT, R, CAMPBELL, R, MARANTELLI, G, GLEASON, F et COLLING, A, 2007. Diagnostic assays and sampling protocols for the detection of *Batrachochytrium dendrobatidis*. *Diseases of Aquatic Organisms*. 18 janvier 2007. Vol. 73, pp. 175-192. DOI 10.3354/dao073175.

IKUTA, Cassia Yumi, REISFELD, Laura, SILVATTI, Bruna, SALVAGNI, Fernanda Auciello, DE PAULA, Catia Dejuste, PESSIER, Allan Patrick, CATÃO-DIAS, José Luiz et FERREIRA NETO, José Soares, 2018. Tuberculosis caused by *Mycobacterium bovis* infection in a captive-bred American bullfrog (*Lithobates catesbeiana*). *BMC Veterinary Research*. décembre 2018. Vol. 14, n° 1, pp. 289. DOI 10.1186/s12917-018-1618-6.

INMAN, Brady, [sans date]. DETERMINATION OF CHYTRIDIOMYCOSIS IN AMPHIBIANS AT ARNOLD AIR FORCE BASE. . pp. 9.

ISIDORO-AYZA, Marcos, LORCH, Jeffrey M., GREAR, Daniel A., WINZELER, Megan, CALHOUN, Daniel L. et BARICHIVICH, William J., 2017. Pathogenic lineage of *Perkinsea* associated with mass mortality of frogs across the United States. *Scientific Reports*. décembre 2017. Vol. 7, n° 1, pp. 10288. DOI 10.1038/s41598-017-10456-1.

JAMES, Timothy Y., LITVINTSEVA, Anastasia P., VILGALYS, Rytas, MORGAN, Jess A. T., TAYLOR, John W., FISHER, Matthew C., BERGER, Lee, WELDON, Ché, DU PREEZ, Louis et LONGCORE, Joyce E., 2009. Rapid Global Expansion of the Fungal Disease Chytridiomycosis into Declining and Healthy Amphibian Populations. MAY, Robin Charles (éd.), *PLoS Pathogens*. 29 mai 2009. Vol. 5, n° 5, pp. e1000458. DOI 10.1371/journal.ppat.1000458.

JAYŸ, Maryne, FREDDI, Luca, MICK, Virginie, DURAND, Benoit, GIRAULT, Guillaume, PERROT, Ludivine, TAUNAY, Benoit, VUILMET, Thomas, AZAM, Didier, PONSART, Claire et ZANELLA, Gina, 2020. *Brucella microti*-like prevalence in French farms producing frogs. *Transboundary and Emerging Diseases*. mars 2020. Vol. 67, n° 2, pp. 617-625. DOI 10.1111/tbed.13377.

JAYŸ, Maryne, GIRAULT, Guillaume, PERROT, Ludivine, TAUNAY, Benoit, VUILMET, Thomas, ROSSIGNOL, Frédérique, PITEL, Pierre-Hugues, PICARD, Elodie, PONSART, Claire et MICK, Virginie, 2018. Phenotypic and Molecular Characterization of *Brucella microti*-Like Bacteria From a Domestic Marsh Frog (*Pelophylax ridibundus*). *Frontiers in Veterinary Science*. 15 novembre 2018. Vol. 5, pp. 283. DOI 10.3389/fvets.2018.00283.

KELLY, Moira, PASMANS, Frank, MUÑOZ, Jose F., SHEA, Terrance P., CARRANZA, Salvador, CUOMO, Christina A. et MARTEL, An, 2021. Diversity, multifaceted evolution, and facultative saprotrophism in the European *Batrachochytrium* salamandrivorans epidemic. *Nature Communications*. décembre 2021. Vol. 12, n° 1, pp. 6688. DOI 10.1038/s41467-021-27005-0.

KILBURN, VI, IBÁÑEZ, R et GREEN, Dm, 2011. Reptiles as potential vectors and hosts of the amphibian pathogen *Batrachochytrium dendrobatidis* in Panama. *Diseases of Aquatic Organisms*. 6 décembre 2011. Vol. 97, n° 2, pp. 127-134. DOI 10.3354/dao02409.

KOLBY, Jonathan E., SMITH, Kristine M., BERGER, Lee, KARESH, William B, PRESTON, Asa, PESSIER, Allan P. et SKERRATT, Lee F., 2014. First Evidence of Amphibian Chytrid Fungus (*Batrachochytrium dendrobatidis*) and Ranavirus in Hong Kong Amphibian Trade. FISHER, Matthew (Mat) Charles (éd.), *PLoS ONE*. 5 mars 2014. Vol. 9, n° 3, pp. e90750. DOI 10.1371/journal.pone.0090750.

LAMMENS, Leni, MARTEL, An et PASMANS, Frank, 2021. Application of Disinfectants for Environmental Control of a Lethal Amphibian Pathogen. *Journal of Fungi*. 21 mai 2021. Vol. 7, n° 6, pp. 406. DOI 10.3390/jof7060406.

LATHEEF, S, KEYBURN, A, BROZ, I, BAGNARA, A, BAYLEY, C, FRITH, S et DOBSON, Ec, 2020. Atypical *Brucella* sp in captive Australian green tree frogs (*Litoria caerulea*): clinical features, pathology, culture and molecular characterization. *Australian Veterinary Journal*. mai 2020. Vol. 98, n° 5, pp. 216-221. DOI 10.1111/avj.12925.

Les parcs nationaux : 11 espaces naturels protégés d'exception | Portail des parcs nationaux de France, [en ligne]. [Consulté le 9 décembre 2022]. Disponible à l'adresse : <http://www.parcsnationaux.fr/fr/des-decouvertes/les-parcs-nationaux-de-france/les-parcs-nationaux-11-espaces-naturels-proteges>

Les parcs nationaux de France, Office français de la biodiversité, [en ligne]. [Consulté le 9 décembre 2022]. Disponible à l'adresse : <https://www.ofb.gouv.fr/les-parcs-nationaux-de-France>. © sur ofb.gouv.fr - Reproduction interdite – Tous droits réservés.

LI, Wt, CHANG, Hw, PANG, Vf, WANG, Fi, LIU, Ch, CHEN, Ty, GUO, Jc, WADA, T et JENG, Cr, 2017. Mycolactone-producing *Mycobacterium marinum* infection in captive Hong Kong warty newts and pathological evidence of impaired host immune function. *Diseases of Aquatic Organisms*. 21 mars 2017. Vol. 123, n° 3, pp. 239-249. DOI 10.3354/dao03092.

LICHERI, Matthias et ORIGGI, Francesco C., 2020. Consensus PCR protocols for the detection of amphibian herpesviruses (*Batrachovirus*). *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*. novembre 2020. Vol. 32, n° 6, pp. 864-872. DOI 10.1177/1040638720951134.

LIN, Yu-Pin, SCHMELLER, Dirk S., DING, Tzung-Su, WANG, Yung Chieh, LIEN, Wan-Yu, HENLE, Klaus et KLENKE, Reinhard A., 2020. A GIS-based policy support tool to determine national responsibilities and priorities for biodiversity conservation. ABELLÁN, Pedro (éd.), *PLOS ONE*. 3 décembre 2020. Vol. 15, n° 12, pp. e0243135. DOI 10.1371/journal.pone.0243135.

LOÏC, Palumbo, CLAUDE, Miaud, THIERRY, Durand, GUILLAUME, Le Loc'h et PASCAL, Hendrikx, 2022. ÉVALUATION EXTERNE ET RECOMMANDATIONS D'AMÉLIORATION DU SYSTÈME DE SURVEILLANCE SANITAIRE DES AMPHIBIENS DANS LES PARCS NATIONAUX FRANÇAIS MÉTROPOLITAINS. *Épidémiol. et santé anim.*, 2022, **79**, 33-48.

LONGCORE, Joyce E., PESSIER, Allan P. et NICHOLS, Donald K., 1999. *Batrachochytrium dendrobatidis* gen. et sp. nov., a chytrid pathogenic to amphibians. *Mycologia*. mars 1999. Vol. 91, n° 2, pp. 219-227. DOI 10.1080/00275514.1999.12061011.

LOPEZ VARGAS, Nicole A., ADAMOVICZ, Laura, WILLEFORD, Brittany, ALLAN, Brian F. et ALLENDER, Matthew C., 2020. Lack of molecular detection of frog virus 3-

like ranavirus (FV3) in mosquitoes during natural outbreak and nonoutbreak conditions. ARIEL, Ellen (éd.), FACETS. 1 janvier 2020. Vol. 5, n° 1, pp. 812-820. DOI 10.1139/facets-2020-0024.

MADER, Douglas R. et DIVERS, Stephen J., 2014. Current therapy in reptile medicine & surgery. St. Louis, Mo : Elsevier Saunders. ISBN 978-1-4557-0893-2.

MALAGON, Daniel A., MELARA, Luis A., PROSPER, Olivia F., LENHART, Suzanne, CARTER, Edward Davis, FORDYCE, J. A., PETERSON, Anna C., MILLER, Debra L. et GRAY, Matthew J., 2020. Host density and habitat structure influence host contact rates and *Batrachochytrium salamandrivorans* transmission. Scientific Reports. décembre 2020. Vol. 10, n° 1, pp. 5584. DOI 10.1038/s41598-020-62351-x.

MARTEL, A., BLOOI, M., ADRIAENSEN, C., VAN ROOIJ, P., BEUKEMA, W., FISHER, M. C., FARRER, R. A., SCHMIDT, B. R., TOBLER, U., GOKA, K., LIPS, K. R., MULETZ, C., ZAMUDIO, K. R., BOSCH, J., LOTTERS, S., WOMBWELL, E., GARNER, T. W. J., CUNNINGHAM, A. A., SPITZEN-VAN DER SLUIJS, A., SALVIDIO, S., DUCATELLE, R., NISHIKAWA, K., NGUYEN, T. T., KOLBY, J. E., VAN BOCXLAER, I., BOSSUYT, F. et PASMANS, F., 2014. Recent introduction of a chytrid fungus endangers Western Palearctic salamanders. Science. 31 octobre 2014. Vol. 346, n° 6209, pp. 630-631. DOI 10.1126/science.1258268.

MARTEL, An, SPITZEN-VAN DER SLUIJS, Annemarieke, BLOOI, Mark, BERT, Wim, DUCATELLE, Richard, FISHER, Matthew C., WOELTJES, Antonius, BOSMAN, Wilbert, CHIERS, Koen, BOSSUYT, Franky et PASMANS, Frank, 2013. *Batrachochytrium salamandrivorans* sp. nov. causes lethal chytridiomycosis in amphibians. Proceedings of the National Academy of Sciences. 17 septembre 2013. Vol. 110, n° 38, pp. 15325-15329. DOI 10.1073/pnas.1307356110.

MARTINHO, Filipe et HEATLEY, J. Jill, 2012. Amphibian Mycobacteriosis. Veterinary Clinics of North America: Exotic Animal Practice. janvier 2012. Vol. 15, n° 1, pp. 113-119. DOI 10.1016/j.cvex.2011.09.001.

MAZZONI, Rolando, CUNNINGHAM, Andrew A., DASZAK, Peter, APOLO, Ada, PERDOMO, Eugenio et SPERANZA, Gustavo, 2003. Emerging Pathogen of Wild Amphibians in Frogs (*Rana catesbeiana*) Farmed for International Trade. Emerging Infectious Diseases. août 2003. Vol. 9, n° 8, pp. 995-998. DOI 10.3201/eid0908.030030.

MIAUD, Claude, ARNAL, Véronique, POULAIN, Marie, VALENTINI, Alice et DEJEAN, Tony, 2019. eDNA Increases the Detectability of Ranavirus Infection in an Alpine Amphibian Population. Viruses. 6 juin 2019. Vol. 11, n° 6, pp. 526. DOI 10.3390/v11060526.

MILLER, Debra, GRAY, Matthew et STORFER, Andrew, 2011. Ecopathology of Ranaviruses Infecting Amphibians. Viruses. 22 novembre 2011. Vol. 3, n° 11,

pp. 2351-2373. DOI 10.3390/v3112351.

MILLER, R. Eric, FOWLER, Murray E. et FOWLER, Murray E., 2012. Fowler's zoo and wild animal medicine: current therapy. Vol. 7 [i.e. 7th ed.]. St. Louis, Mo : Elsevier/Saunders. ISBN 978-1-4377-1986-4. SF996 .Z66 2012

MÜHLDORFER, K., WIBBELT, G., SZENTIKS, C.A., FISCHER, D., SCHOLZ, H.C., ZSCHÖCK, M. et EISENBERG, T., 2017. The role of 'atypical' Brucella in amphibians: are we facing novel emerging pathogens? Journal of Applied Microbiology. janvier 2017. Vol. 122, n° 1, pp. 40-53. DOI 10.1111/jam.13326.

OLSON, Deanna H., RONNENBERG, Kathryn L., GLIDDEN, Caroline K., CHRISTIANSEN, Kelly R. et BLAUSTEIN, Andrew R., 2021. Global Patterns of the Fungal Pathogen Batrachochytrium dendrobatidis Support Conservation Urgency. Frontiers in Veterinary Science. 16 juillet 2021. Vol. 8, pp. 685877. DOI 10.3389/fvets.2021.685877.

Organisation mondiale de la santé animale | Liste maladies animales, [en ligne]. [Consulté le 21 novembre 2022]. Disponible à l'adresse : https://www.woah.org/fr/ce-que-nous-faisons/sante-et-bien-etre-animale/maladies-animales/?_alphabet=R

Organisation mondiale de la santé animale | WAHIS, [en ligne]. [Consulté le 10 mai 2022]. Disponible à l'adresse : <https://wahis.oie.int/#/dashboards/country-or-disease-dashboard>

ORIGGI, F. C., SCHMIDT, B. R., LOHMANN, P., OTTEN, P., AKDESIR, E., GASCHEN, V., AGUILAR-BULTET, L., WAHLI, T., SATTTLER, U. et STOFFEL, M. H., 2017. Ranid Herpesvirus 3 and Proliferative Dermatitis in Free-Ranging Wild Common Frogs (*Rana Temporaria*). Veterinary Pathology. juillet 2017. Vol. 54, n° 4, pp. 686-694. DOI 10.1177/0300985817705176.

ORIGGI, Francesco C., OTTEN, Patricia, LOHMANN, Petra, SATTTLER, Ursula, WAHLI, Thomas, LAVAZZA, Antonio, GASCHEN, Veronique et STOFFEL, Michael H., 2021. Herpesvirus-Associated Proliferative Skin Disease in Frogs and Toads: Proposed Pathogenesis. Veterinary Pathology. juillet 2021. Vol. 58, n° 4, pp. 713-729. DOI 10.1177/03009858211006385.

ORIGGI, Francesco C., SCHMIDT, Benedikt R., LOHMANN, Petra, OTTEN, Patricia, MEIER, Roman K., PISANO, Simone R. R., MOORE-JONES, Gaia, TECILLA, Marco, SATTTLER, Ursula, WAHLI, Thomas, GASCHEN, Veronique et STOFFEL, Michael H., 2018. Bufonid herpesvirus 1 (BfHV1) associated dermatitis and mortality in free ranging common toads (*Bufo bufo*) in Switzerland. Scientific Reports. décembre 2018. Vol. 8, n° 1, pp. 14737. DOI 10.1038/s41598-018-32841-0.

PANLASIGUI, Stephanie, DAVIS, Amy J.S., MANGIANTE, Michael J. et DARLING, John A., 2018. Assessing threats of non-native species to native freshwater

biodiversity: Conservation priorities for the United States. *Biological Conservation*. août 2018. Vol. 224, pp. 199-208. DOI 10.1016/j.biocon.2018.05.019.

PARCS NATIONAUX. 2017. "Contribution des parcs nationaux français à une stratégie sanitaire pour la faune sauvage de métropole 2017-2027". Ministère de la transition écologique et solidaire.

PARROTT, Joshua Curtis, SHEPACK, Alexander, BURKART, David, LABUMBARD, Brandon, SCIMÈ, Patrick, BARUCH, Ethan et CATENAZZI, Alessandro, 2017. Survey of Pathogenic Chytrid Fungi (*Batrachochytrium dendrobatidis* and *B. salamandrivorans*) in Salamanders from Three Mountain Ranges in Europe and the Americas. *EcoHealth*. juin 2017. Vol. 14, n° 2, pp. 296-302. DOI 10.1007/s10393-016-1188-7.

PEEL, Aj, HARTLEY, M et CUNNINGHAM, Aa, 2012. Qualitative risk analysis of introducing *Batrachochytrium dendrobatidis* to the UK through the importation of live amphibians. *Diseases of Aquatic Organisms*. 20 mars 2012. Vol. 98, n° 2, pp. 95-112. DOI 10.3354/dao02424.

PRICE, Stephen J., GARNER, Trenton W.J., NICHOLS, Richard A., BALLOUX, François, AYRES, César, MORA-CABELLO DE ALBA, Amparo et BOSCH, Jaime, 2014. Collapse of Amphibian Communities Due to an Introduced Ranavirus. *Current Biology*. novembre 2014. Vol. 24, n° 21, pp. 2586-2591. DOI 10.1016/j.cub.2014.09.028.

PubMed, National Center for Biotechnology Information, National Library of Medicine. PubMed, [en ligne]. [Consulté en 2022]. Disponible à l'adresse : <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/>, site officiel du gouvernement des États-Unis.

REAVILL, Drury R. et SCHMIDT, Robert E., 2012. Mycobacterial Lesions in Fish, Amphibians, Reptiles, Rodents, Lagomorphs, and Ferrets with Reference to Animal Models. *Veterinary Clinics of North America: Exotic Animal Practice*. janvier 2012. Vol. 15, n° 1, pp. 25-40. DOI 10.1016/j.cvex.2011.10.001.

RÈGLEMENT D'EXECUTION (UE) 2018/1882 DE LA COMMISSION - du 3 décembre 2018 - sur l'application de certaines dispositions en matière de prévention et de lutte contre les maladies à des catégories de maladies répertoriées et établissant une liste des espèces et des groupes d'espèces qui présentent un risque considérable du point de vue de la propagation de ces maladies répertoriées (Texte présentant de l'intérêt pour l'EEE.), Journal officiel de l'Union européenne, 2018, pp9.

RÈGLEMENT (UE) 2016/429 DU PARLEMENT EUROPÉEN ET DU CONSEIL - du 9 mars 2016 - relatif aux maladies animales transmissibles et modifiant et abrogeant certains actes dans le domaine de la santé animale («législation sur la santé animale»), (Texte présentant de l'intérêt pour l'EEE.), Journal officiel de l'Union

européenne, 2016, pp. 208.

RIBEIRO, Luisa P., CARVALHO, Tamílie, BECKER, C. Guilherme, JENKINSON, Thomas S., LEITE, Domingos da Silva, JAMES, Timothy Y., GREENSPAN, Sasha E. et TOLEDO, Luís Felipe, 2019. Bullfrog farms release virulent zoospores of the frog-killing fungus into the natural environment. *Scientific Reports*. décembre 2019. Vol. 9, n° 1, pp. 13422. DOI 10.1038/s41598-019-49674-0.

ROH, Namho, PARK, Jaejin, KIM, Jongsun, KWON, Hyerim et PARK, Daesik, 2022. Prevalence of Ranavirus Infection in Three Anuran Species across South Korea. *Viruses*. 17 mai 2022. Vol. 14, n° 5, pp. 1073. DOI 10.3390/v14051073.

ROTHERMEL, Bb, MILLER, DI, TRAVIS, Er, GONYNOR MCGUIRE, JI, JENSEN, Jb et YABSLEY, Mj, 2016. Disease dynamics of red-spotted newts and their anuran prey in a montane pond community. *Diseases of Aquatic Organisms*. 25 février 2016. Vol. 118, n° 2, pp. 113-127. DOI 10.3354/dao02965.

ROUZIC, Nicolas, DESMIER, Ludovic, CARIOU, Marie-Estelle, GAY, Eugénie, FOSTER, Jeffrey T, WILLIAMSON, Charles H D, SCHMITT, François, LE HENAFF, Mikael, LE COZ, Alain, LORLÉAC'H, Aurélien, LAVIGNE, Jean-Philippe, O'CALLAGHAN, David et KERIEL, Anne, 2021. First Case of Brucellosis Caused by an Amphibian-type *Brucella*. *Clinical Infectious Diseases*. 4 mai 2021. Vol. 72, n° 9, pp. e404-e407. DOI 10.1093/cid/ciaa1082.

SABINO-PINTO, Joana, VEITH, Michael, VENCES, Miguel et STEINFARTZ, Sebastian, 2018. Asymptomatic infection of the fungal pathogen *Batrachochytrium* salamandrivorans in captivity. *Scientific Reports*. décembre 2018. Vol. 8, n° 1, pp. 11767. DOI 10.1038/s41598-018-30240-z.

SAUCEDO, Bernardo, SERRANO, José M., JACINTO-MALDONADO, Mónica, LEUVEN, Rob S. E. W., ROCHA GARCÍA, Abraham A., MÉNDEZ BERNAL, Adriana, GRÖNE, Andrea, VAN BEURDEN, Steven J. et ESCOBEDO-BONILLA, César M., 2019. Pathogen Risk Analysis for Wild Amphibian Populations Following the First Report of a Ranavirus Outbreak in Farmed American Bullfrogs (*Lithobates catesbeianus*) from Northern Mexico. *Viruses*. 3 janvier 2019. Vol. 11, n° 1, pp. 26. DOI 10.3390/v11010026.

SAVAGE, Anna, GALT, Net, ATKINSON, Matthew, GLORIOSO, Brad, WADDLE, Hardin et LITTON, Melanie, 2021. Widespread Ranavirus and *Perkinsea* infections in Cuban Treefrogs (*Osteopilus septentrionalis*) invading New Orleans, USA [en ligne]. 2021. Dryad. [Consulté le 12 juillet 2022]. Disponible à l'adresse : <http://datadryad.org/stash/dataset/doi:10.5061/dryad.7wm37pvs8>

SCHEELE, Ben C., PASMANS, Frank, SKERRATT, Lee F., BERGER, Lee, MARTEL, An, BEUKEMA, Wouter, ACEVEDO, Aldemar A., BURROWES, Patricia A., CARVALHO, Tamílie, CATENAZZI, Alessandro, DE LA RIVA, Ignacio, FISHER,

Matthew C., FLECHAS, Sandra V., FOSTER, Claire N., FRÍAS-ÁLVAREZ, Patricia, GARNER, Trenton W. J., GRATWICKE, Brian, GUAYASAMIN, Juan M., HIRSCHFELD, Mareike, KOLBY, Jonathan E., KOSCH, Tiffany A., LA MARCA, Enrique, LINDENMAYER, David B., LIPS, Karen R., LONGO, Ana V., MANEYRO, Raúl, MCDONALD, Cait A., MENDELSON, Joseph, PALACIOS-RODRIGUEZ, Pablo, PARRA-OLEA, Gabriela, RICHARDS-ZAWACKI, Corinne L., RÖDEL, Mark-Oliver, ROVITO, Sean M., SOTO-AZAT, Claudio, TOLEDO, Luís Felipe, VOYLES, Jamie, WELDON, Ché, WHITFIELD, Steven M., WILKINSON, Mark, ZAMUDIO, Kelly R. et CANESSA, Stefano, 2019. Amphibian fungal panzootic causes catastrophic and ongoing loss of biodiversity. *Science*. 29 mars 2019. Vol. 363, n° 6434, pp. 1459-1463. DOI 10.1126/science.aav0379.

SCHLOEGEL, Lm, DASZAK, P, CUNNINGHAM, Aa, SPEARE, R et HILL, B, 2010a. Two amphibian diseases, chytridiomycosis and ranaviral disease, are now globally notifiable to the World Organization for Animal Health (OIE): an assessment. *Diseases of Aquatic Organisms*. 13 janvier 2010. Vol. 92, n° 3, pp. 101-108. DOI 10.3354/dao02140.

SCHLOEGEL, Lm, DASZAK, P, CUNNINGHAM, Aa, SPEARE, R et HILL, B, 2010b. Two amphibian diseases, chytridiomycosis and ranaviral disease, are now globally notifiable to the World Organization for Animal Health (OIE): an assessment. *Diseases of Aquatic Organisms*. 13 janvier 2010. Vol. 92, n° 3, pp. 101-108. DOI 10.3354/dao02140.

SCHOLZ, Holger C., MÜHLENDORFER, Kristin, SHILTON, Cathy, BENEDICT, Suresh, WHATMORE, Adrian M., BLOM, Jochen et EISENBERG, Tobias, 2016. The Change of a Medically Important Genus: Worldwide Occurrence of Genetically Diverse Novel *Brucella* Species in Exotic Frogs. ROOP, Roy Martin (éd.), *PLOS ONE*. 30 décembre 2016. Vol. 11, n° 12, pp. e0168872. DOI 10.1371/journal.pone.0168872.

SMILANSKY, Vanessa, JIRKŮ, Miloslav, MILNER, David S., IBÁÑEZ, Roberto, GRATWICKE, Brian, NICHOLLS, Andrew, LUKEŠ, Julius, CHAMBOUVET, Aurélie et RICHARDS, Thomas A., 2021. Expanded host and geographic range of tadpole associations with the Severe *Perkinsea* Infection group. *Biology Letters*. juin 2021. Vol. 17, n° 6, pp. 20210166. DOI 10.1098/rsbl.2021.0166.

SOLER-LLORÉNS, Pedro F., QUANCE, Chris R., LAWHON, Sara D., STUBER, Tod P., EDWARDS, John F., FICHT, Thomas A., ROBBE-AUSTERMAN, Suelee, O'CALLAGHAN, David et KERIEL, Anne, 2016. A *Brucella* spp. Isolate from a Pac-Man Frog (*Ceratophrys ornata*) Reveals Characteristics Departing from Classical *Brucellae*. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology* [en ligne]. 28 septembre 2016. Vol. 6. [Consulté le 4 août 2022]. DOI 10.3389/fcimb.2016.00116. Disponible à l'adresse : <http://journal.frontiersin.org/Article/10.3389/fcimb.2016.00116/abstract>

SPITZEN-VAN DER SLUIJS, Annemarieke, MARTEL, An, ASSELBERGHS, Johan,

BALES, Emma K., BEUKEMA, Wouter, BLETZ, Molly C., DALBECK, Lutz, GOVERSE, Edo, KERRES, Alexander, KINET, Thierry, KIRST, Kai, LAUDELOUT, Arnaud, MARIN DA FONTE, Luis F., NÖLLERT, Andreas, OHLHOFF, Dagmar, SABINO-PINTO, Joana, SCHMIDT, Benedikt R., SPEYBROECK, Jeroen, SPIKMANS, Frank, STEINFARTZ, Sebastian, VEITH, Michael, VENCES, Miguel, WAGNER, Norman, PASMANS, Frank et LÖTTERS, Stefan, 2016. Expanding Distribution of Lethal Amphibian Fungus *Batrachochytrium salamandrivorans* in Europe. *Emerging Infectious Diseases*. juillet 2016. Vol. 22, n° 7, pp. 1286-1288. DOI 10.3201/eid2207.160109.

SPITZEN-VAN DER SLUIJS, Annemarieke, SPITZEN-VAN DER SLUIJS, Annemarieke, SPIKMANS, Frank, SPITZEN-VAN DER SLUIJS, Annemarieke, SPIKMANS, Frank, BOSMAN, Wilbert, SPITZEN-VAN DER SLUIJS, Annemarieke, SPIKMANS, Frank, BOSMAN, Wilbert, DE ZEEUW, Marnix, SPITZEN-VAN DER SLUIJS, Annemarieke, SPIKMANS, Frank, BOSMAN, Wilbert, DE ZEEUW, Marnix, VAN DER MEIJ, Tom, SPITZEN-VAN DER SLUIJS, Annemarieke, SPIKMANS, Frank, BOSMAN, Wilbert, DE ZEEUW, Marnix, VAN DER MEIJ, Tom, GOVERSE, Edo, SPITZEN-VAN DER SLUIJS, Annemarieke, SPIKMANS, Frank, BOSMAN, Wilbert, DE ZEEUW, Marnix, VAN DER MEIJ, Tom, GOVERSE, Edo, KIK, Marja, SPITZEN-VAN DER SLUIJS, Annemarieke, SPIKMANS, Frank, BOSMAN, Wilbert, DE ZEEUW, Marnix, VAN DER MEIJ, Tom, GOVERSE, Edo, KIK, Marja, PASMANS, Frank, SPITZEN-VAN DER SLUIJS, Annemarieke, SPIKMANS, Frank, BOSMAN, Wilbert, DE ZEEUW, Marnix, VAN DER MEIJ, Tom, GOVERSE, Edo, KIK, Marja, PASMANS, Frank et MARTEL, An, 2013. Rapid enigmatic decline drives the fire salamander (*Salamandra salamandra*) to the edge of extinction in the Netherlands. *Amphibia-Reptilia*. 2013. Vol. 34, n° 2, pp. 233-239. DOI 10.1163/15685381-00002891.

STICE, Mary J. et BRIGGS, Cheryl J., 2010. Immunization is ineffective at preventing infection and mortality due to the amphibian chytrid fungus *Batrachochytrium dendrobatidis*. *Journal of Wildlife Diseases*. janvier 2010. Vol. 46, n° 1, pp. 70-77. DOI 10.7589/0090-3558-46.1.70.

STUART, Simon N. (éd.), 2008. *Threatened amphibians of the world*. 1. ed. Barcelona : Lynx. ISBN 978-84-96553-41-5.

TROTT, Kristin A, STACY, Brian A, LIFLAND, Barry D, DIGGS, Helen E, HARLAND, Richard M, KHOKHA, Mustafa K, GRAMMER, Timothy C et PARKER, John M, 2004. Characterization of a *Mycobacterium ulcerans*-Like Infection in a Colony of African Tropical Clawed Frogs (*Xenopus tropicalis*). *Comparative Medicine*. 2004. Vol. 54, n° 3, pp. 9.

UICN France, MNHN & SHF (2015). *La Liste rouge des espèces menacées en France - Chapitre Reptiles et Amphibiens de France métropolitaine*. Paris, France. 1-12. ISBN : 978-2-918105-49. Dépôt légal : Septembre 2015. Conception : Caroline Rampon /

caroline.rampon.infographiste@gmail.com. Imprimé par Pure impression sur papier PEFC/10-31-1244.

VALENZUELA-SÁNCHEZ, Andrés, SCHMIDT, Benedikt R., URIBE-RIVERA, David E., COSTAS, Francisco, CUNNINGHAM, Andrew A. et SOTO-AZAT, Claudio, 2017. Cryptic disease-induced mortality may cause host extinction in an apparently stable host–parasite system. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*. 27 septembre 2017. Vol. 284, n° 1863, pp. 20171176. DOI 10.1098/rspb.2017.1176.

VAN ROOIJ, Pascale, MARTEL, An, D'HERDE, Katharina, BRUTYN, Melanie, CROUBELS, Siska, DUCATELLE, Richard, HAESEBROUCK, Freddy et PASMANS, Frank, 2012. Germ Tube Mediated Invasion of *Batrachochytrium dendrobatidis* in Amphibian Skin Is Host Dependent. *STAJICH, Jason E. (éd.), PLoS ONE*. 20 juillet 2012. Vol. 7, n° 7, pp. e41481. DOI 10.1371/journal.pone.0041481.

VAN ROOIJ, Pascale, MARTEL, An, HAESEBROUCK, Freddy et PASMANS, Frank, 2015. Amphibian chytridiomycosis: a review with focus on fungus-host interactions. *Veterinary Research*. décembre 2015. Vol. 46, n° 1, pp. 137. DOI 10.1186/s13567-015-0266-0.

VAN, Steven et ENGELSM, Marc, 2012. Herpesviruses of Fish, Amphibians and Invertebrates. In : *MAGEL, George Dimitri (éd.), Herpesviridae - A Look Into This Unique Family of Viruses [en ligne]*. InTech. [Consulté le 27 mai 2022]. ISBN 978-953-51-0186-4. Disponible à l'adresse : <http://www.intechopen.com/books/herpesviridae-a-look-into-this-unique-family-of-viruses/herpesviruses-of-fish-amphibians-and-invertebrates>

VILAÇA, Sibelle T., BIENENTREU, Joe-Felix, BRUNETTI, Craig R., LESBARRÈRES, David, MURRAY, Dennis L. et KYLE, Christopher J., 2019. Frog Virus 3 Genomes Reveal Prevalent Recombination between Ranavirus Lineages and Their Origins in Canada. *SHISLER, Joanna L. (éd.), Journal of Virology*. 15 octobre 2019. Vol. 93, n° 20, pp. e00765-19. DOI 10.1128/JVI.00765-19.

VREDENBURG, Vance T., FELT, Stephen A., MORGAN, Erica C., MCNALLY, Samuel V. G., WILSON, Sabrina et GREEN, Sherril L., 2013. Prevalence of *Batrachochytrium dendrobatidis* in *Xenopus* Collected in Africa (1871–2000) and in California (2001–2010). *GRATWICKE, Brian (éd.), PLoS ONE*. 15 mai 2013. Vol. 8, n° 5, pp. e63791. DOI 10.1371/journal.pone.0063791.

WAKE, David B. et VREDENBURG, Vance T., 2008. Are we in the midst of the sixth mass extinction? A view from the world of amphibians. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 12 août 2008. Vol. 105, n° supplement_1, pp. 11466-11473. DOI 10.1073/pnas.0801921105.

WHATMORE, Adrian M. et FOSTER, Jeffrey T., 2021. Emerging diversity and ongoing expansion of the genus *Brucella*. *Infection, Genetics and Evolution*. août 2021. Vol. 92,

pp. 104865. DOI 10.1016/j.meegid.2021.104865.

WILLSON, Sarah J., KAUFMAN, Michael G., MERRITT, Richard W., WILLIAMSON, Heather R., MALAKAUSKAS, David M. et BENBOW, Mark Eric, 2013. Fish and amphibians as potential reservoirs of *Mycobacterium ulcerans*, the causative agent of Buruli ulcer disease. *Infection Ecology & Epidemiology*. janvier 2013. Vol. 3, n° 1, pp. 19946. DOI 10.3402/iee.v3i0.19946.

WIRTH, Wytamma, LESBARRÈRES, David et ARIEL, Ellen, 2021. Ten years of ranavirus research (2010–2019): an analysis of global research trends. IVANOVA, Elena P. (éd.), *FACETS*. 1 janvier 2021. Vol. 6, n° 1, pp. 44-57. DOI 10.1139/facets-2020-0030.

WOODHAMS, Dc, GEIGER, Cc, REINERT, Lk, ROLLINS-SMITH, La, LAM, B, HARRIS, Rn, BRIGGS, Cj, VREDENBURG, Vt et VOYLES, J, 2012. Treatment of amphibians infected with chytrid fungus: learning from failed trials with itraconazole, antimicrobial peptides, bacteria, and heat therapy. *Diseases of Aquatic Organisms*. 17 février 2012. Vol. 98, n° 1, pp. 11-25. DOI 10.3354/dao02429.

WOODHAMS, Douglas C, BOSCH, Jaime, BRIGGS, Cheryl J, CASHINS, Scott, DAVIS, Leyla R, LAUER, Antje, MUTHS, Erin, PUSCHENDORF, Robert, SCHMIDT, Benedikt R, SHEAFOR, Brandon et VOYLES, Jamie, 2011. Mitigating amphibian disease: strategies to maintain wild populations and control chytridiomycosis. *Frontiers in Zoology*. 2011. Vol. 8, n° 1, pp. 8. DOI 10.1186/1742-9994-8-8.

YAP, Tiffany A., NGUYEN, Natalie T., SERR, Megan, SHEPACK, Alexander et VREDENBURG, Vance T., 2017. *Batrachochytrium* salamandrivorans and the Risk of a Second Amphibian Pandemic. *EcoHealth*. décembre 2017. Vol. 14, n° 4, pp. 851-864. DOI 10.1007/s10393-017-1278-1.

ZUMBADO-ULATE, Héctor, GARCÍA-RODRÍGUEZ, Adrián, VREDENBURG, Vance T. et SEARLE, Catherine, 2019. Infection with *Batrachochytrium dendrobatidis* is common in tropical lowland habitats: Implications for amphibian conservation. *Ecology and Evolution*. avril 2019. Vol. 9, n° 8, pp. 4917-4930. DOI 10.1002/ece3.5098.

Annexes

Annexe 1 : Modèle vierge du tableau des critères utilisé pour cette étude

| 1: CARACTERISTIQUES DU DANGER DANS LA FAUNE SAUVAGE | | | | | |
|---|--|--|---|--|---|
| Transmissibilité entre individus d'une même population | non transmissible = 0 | Très faible: faible niveau de transmission = 0,25 | Faible: transmission limitée, avec ou sans mouvements d'animaux = 0,5 | Moyenne: transmission rapide = 0,75 | Elevée: transmission rapide y compris sans mouvements d'animaux = 1 |
| Transmissibilité entre populations sensibles de la même espèce | Nulle: non transmissible = 0 | Très faible: transmissible par contact direct = 0,25 | Faible: transmissible par contact direct peu fréquent ou contact indirect = 0,5 | Moyenne: par contact indirect avec survie importante = 0,75 | Elevée: transmission par voie aérienne ou vecteur = 1 |
| Capacité d'expansion spatiale vectorielle | Aucune: pas de vecteur connu = 0 | Faible: vecteur(s) compétents possiblement présents mais considérés comme incapable de survivre et de transmettre l'infection = 0,25 | Modérée: vecteur(s) compétents présents mais considérés comme incapables de survivre et de transmettre l'infection ou peu mobiles = 0,5 | Elevée: vecteur(s) compétents présents, considérés comme incapable de survivre ou de se déplacer mais peuvent transmettre l'infection = 0,75 | Très élevée: vecteur(s) compétents mobiles présents en France et capables de survivre et de transmettre l'infection = 1 |
| Nombre d'espèces sauvages concernées par l'infection (sensibles à la maladie ou participant au maintien de l'infection) | Une = 0 | Très faible: 2 à 4 espèces = 0,25 | Faible: 5 à 10 espèces ou au moins 2 familles = 0,5 | Moyen: 11 à 20 espèces ou au moins deux ordres = 0,75 | Elevé: 21 espèces et plus ou au moins 2 classes = 1 |
| Persistance de l'agent dans l'environnement | Nulle = 0 | Très faible: détecté occasionnellement = 0,25 | Faible: survie en heures ou jours = 0,5 | Moyenne: survie en semaines ou mois = 0,75 | Forte: survie > 1 an = 1 |
| Existence et importance d'un réservoir (sauvage ou domestique) en France métropolitaine quelle que soit la cible | Absent: pas de réservoir connu = 0 | Mineur: prévalence faible dans des espèces à faible contact = 0,25 | Modérée: contacts avec des populations hôte de liaison = 0,5 | Significatif: existence d'un réservoir en contact ou incluant les espèces sauvages = 0,75 | Important: réservoir domestique ou sauvage en contact proche avec les populations cibles = 1 |
| Variabilité génétique et phénotypique de l'agent | Négligeable: type unique, hôte/vecteur stable = 0 | Faible: peu de types, pas de mutations, hôte/vecteur stable = 0,25 | Modérée: peu de types, faible taux de mutation, faible spécificité d'hôtes, vecteur stable le cas échéant = 0,5 | Elevée: nombreux types ou mutations, faible spécificité d'hôtes ou de vecteurs = 0,75 | Très élevée: nombreux types, taux de mutation élevé, faible spécificité d'hôtes ou de vecteurs = 1 |
| critère automatique: concerne au moins une espèce à PNA ou IUCN CE | | | | | |
| 2: STATUT DE PRESENCE ET DE SURVEILLANCE | | | | | |
| Présence en France métropolitaine | Nulle: absente = 0 | | Faible: présence locale = 0,33 | présence généralisée à faible prévalence = 0,66 | présence généralisée avec prévalence élevée = 1 |
| Présence locale | Nulle: absent et risque d'introduction négligeable = 0 | | Faible: présence locale = 0,5 | présence généralisée à faible prévalence = 0,75 | présence généralisée avec prévalence élevée = 1 |
| Risque d'introduction en France métropolitaine (pour une maladie non encore présente) | Risque d'introduction négligeable = 0 | | risque d'introduction faible = 0,33 | risque d'introduction modéré = 0,66 | risque d'introduction élevé = 1 |
| Risque d'introduction locale (pour une maladie non présente) | risque d'introduction négligeable = 0 | | risque d'introduction faible = 0,33 | risque d'introduction modéré = 0,66 | risque d'introduction élevé = 1 |
| Présence locale d'un vecteur | pas de transmission vectorielle, ou transmission vectorielle mais le vecteur est absent localement = 0 | / | transmission vectorielle et le vecteur est présent à faible abondance localement = 0,5 | / | transmission vectorielle et le vecteur est abondant localement = 1 |
| Existence d'une surveillance dans la faune sauvage en France | aucune = 0 | surveillance événementielle ponctuelle = 0,25 | surveillance événementielle constante = 0,5 | surveillance programmée ponctuelle = 0,75 | surveillance programmée constante = 1 |
| Existence d'une surveillance locale | aucune = 0 | surveillance événementielle locale = 0,25 | surveillance événementielle générale = 0,5 | surveillance programmée locale = 0,75 | surveillance programmée systématique = 1 |
| Volonté de poursuivre une surveillance locale existante | volonté de ne pas poursuivre une surveillance locale existante = 0 | / | / | / | volonté de poursuivre une surveillance locale existante = 1 |

| 3: IMPACT SUR LA SANTE HUMAINE | | | | | |
|--|---|---|--|---|--|
| Transmissibilité de l'animal sauvage à l'homme | Nulle: pas de transmission possible = 0 | Occasionnelle: transmission occasionnelle = 0,25 | Faible: transmission possible par des contacts existants avec des animaux vivants = 0,5 | Moyenne: transmission ou contamination possible par contact direct ou indirect, contact ou par voie alimentaire ou vectorielle = 0,75 | Absence de barrière d'espèce, transmission possible par voie aérienne ou par l'environnement = 1 |
| Probabilité de survenue d'une transmission à l'homme | Nulle: impossibilité démontrée d'une transmission à l'homme = 0 | Extrêmement rare: cas suspectés = 0,25 | Occasionnel: moins d'un cas par an décrit en France = 0,5 | Régulier: 1 à 10 cas par an décrits en France = 0,75 | Fréquent: plus de 10 cas / an décrits en France = 1 |
| Probabilité de transmission alimentaire entre la faune sauvage et l'homme | Nulle: pas de transmission alimentaire = 0 | Négligeable: très faible niveau de contamination alimentaire, source improbable de problèmes = 0,25 | Faible: niveau de contamination faible, peut causer une maladie/ ou infection si l'agent est ingéré en grande quantité = 0,5 | Moyenne: possibilité de transmission alimentaire mais des problèmes à forte dose seulement, précautions requises = 0,75 | Elevé: forte probabilité de transmission alimentaire, dose infectieuse faible, précautions strictes requises = 1 |
| Conséquence d'une transmission sur la santé humaine | Aucune: humains non sensibles à l'infection = 0 | Faible: symptômes bénins et transitoires = 0,25 | Modérée: les symptômes peuvent nécessiter un arrêt de travail (1 semaine) et/ou une intervention médicale = 0,5 | Sérieuse: les symptômes requièrent souvent une intervention médicale, les effets peuvent être durables (>1 mois). Forte douleur et inconfort, rare cas mortels = 0,75 | Forte: létalité élevée (>5%) et/ou effets permanents sur la santé = 1 |
| Propagation dans les populations humaines | Aucune: non-transmissible = 0 | Négligeable: pas de transmission connue = 0,25 | Faible: transmission inter-humaine rare = 0,5 | Modérée: la transmission inter-humaine nécessite un contact prolongé ou une dose élevée de l'agent = 0,75 | Rapide: transmission inter-humaine commune et fréquente = 1 |
| Accessibilité du diagnostic et traitement chez l'homme | Non nécessaire: pas de transmission à l'homme = 0 | Bonne: diagnostic simple et le cas échéant traitement accessible et efficace = 0,25 | Moyenne: diagnostic difficile et/ou traitement pas totalement efficace = 0,5 | Mauvaise: diagnostic difficile et traitement peu efficace = 0,75 | Très mauvaise: diagnostic très difficile et traitement inexistant ou inefficace = 1 |
| Impact sur la sécurité alimentaire | Nul: absent ou anecdotique = 0 | Mineur: seulement dans quelques zones spécifiques = 0,25 | Modéré: quelques zones spécifiques peuvent être en rupture d'approvisionnement = 0,5 | Elevé: quelques régions d'un pays peuvent être en rupture d'approvisionnement = 0,75 | Très élevé: peut causer ou aggraver des problèmes de famine = 1 |
| 4: IMPACT SUR LA SANTE DES ANIMAUX D'ELEVAGE | | | | | |
| Transmissibilité entre animaux sauvages et animaux domestiques de rente | Nulle: Pas de transmission possible = 0 | Très faible: transmissible par contact direct = 0,25 | Faible: transmissible par contact direct peu fréquent ou contact indirect = 0,5 | Moyenne: par contact indirect avec survie importante = 0,75 | Elevée: transmission par voie aérienne ou vecteur = 1 |
| Impact de la maladie sur la production des animaux de rente | Aucun: production non affectée = 0 | Très faible: quelques pertes de production mais pas d'impact majeur sur le revenu = 0,25 | Faible: production réduite de moins de 20%, perte importante de revenu = 0,5 | Moyen: production réduite de moins de 20%, perte majeure de revenu = 0,75 | Sévère: production réduite de plus de 50%, perte majeure de revenu et viabilité de la filière menacée = 1 |
| Proportion d'animaux domestiques atteints ayant un impact clinique ou sur la production | Nulle: aucun animal affecté sauf exception = 0 | Très faible: <5% des animaux domestiques atteints ont un impact significatif = 0,25 | Faible: 6-20% des animaux domestiques atteints ont un impact significatif = 0,5 | Moyenne: 21 to 50% des animaux domestiques atteints ont un impact significatif = 0,75 | Elevée: >50% des animaux domestiques atteints ont un impact significatif = 1 |
| Durée de l'impact clinique des animaux domestiques | Nulle: Pas d'impact mesuré = 0 | Transitoire: moins de 48 heures = 0,25 | Court terme: 48 heures à 13 jours = 0,5 | Moyen terme: 15 jours à 24 mois = 0,75 | Permanent: plus de 24 mois = 1 |

| 5: IMPACT ECONOMIQUE | | | | | |
|--|---|---|---|--|---|
| Impact de cas en faune sauvage sur le commerce international lié aux lois existantes | Aucun: aucune restriction ou à l'échelle individuelle | Mineur: restriction à l'échelle de la population locale | Modéré: au niveau d'une zone, sans perte du statut officiel = 0,5 | Significatif: mise en défens d'une zone, perte du statut officiel, période pour le recouvrer courte = 0,75 | Sérieux: arrêt commercial possible à l'échelle du pays, statut officiel difficile à recouvrer = 1 |
| Impact économique direct (incluant cout de la gestion dans la faune sauvage) | Aucun: pas de mesure de contrôle | Négligeable: mesures de surveillance événementielle renforcée = 0,25 | Faible: mesures de surveillance programmée = 0,5 | Moyen: mesures de gestion locales couteuses = 0,75 | Elevé: mesures de gestion générales couteuses = 1 |
| Impact économique indirect (incluant transmission aux animaux domestiques et impact sur la production) | Aucun: pas d'impact sur la production ni de mesure de gestion | Négligeable: impact mineur sur la distribution des produits = 0,25 | Faible: mesures de surveillance renforcée, produit redirigés vers des marchés de plus faible valeur = 0,5 | Moyen: mesures de surveillance et de gestion, prix temporairement diminué de moins de 30% = 0,75 | Elevé: réduction de plus de 30% sur un mois ou arrêt des échanges commerciaux = 1 |
| 6: IMPACT SUR LA SANTE DES ANIMAUX SAUVAGES ET SUR LA CONSERVATION DE LA BIODIVERSITE | | | | | |
| Impact sur la condition, la survie, la reproduction ou la croissance des animaux sauvages atteints | Aucun: non affectées = 0 | Très faible: condition physique affectée sans répercussion mesurée sur la reproduction, la croissance et la survie = 0,25 | Faible: condition affectée et reproduction ou croissance limitées = 0,5 | Moyen: reproduction et croissance très affectée, cas mortels possibles = 0,75 | Sévère: condition, croissance ou reproduction fortement affectées, cas mortels fréquents = 1 |
| Proportion d'individus atteints ayant un impact clinique, sur la reproduction, la croissance ou la survie | Nulle: aucun animal affecté sauf exception = 0 | Très faible: <5% des animaux ont un impact significatif = 0,25 | Faible: 6-20% des animaux ont un impact significatif = 0,5 | Moyenne: 21 to 50% des animaux ont un impact significatif = 0,75 | Elevée: >50% des animaux ont un impact significatif = 1 |
| Durée de l'impact clinique des animaux sauvages | Nulle: pas d'impact observé = 0 | Transitoire: moins de 48 heures = 0,25 | Court terme: 48 heures à 13 jours = 0,5 | Moyen terme: 15 jours à 24 mois = 0,75 | Permanent: plus de 24 mois = 1 |
| Impact de la gestion dans la population sauvage sur l'écosystème | Aucun: pas de gestion = 0 | Très faible: quelques individus concernés = 0,25 | Faible: population locale réduite sans impact significatif sur d'autres espèces = 0,5 | Modéré: population fortement réduite ou impact sur d'autres espèces = 0,75 | Elevé: viabilité d'une population menacée, impact sur d'autres espèces = 1 |

| 7: FAISABILITE DE LA SURVEILLANCE ET DU CONTRÔLE DANS LA FAUNE SAUVAGE | | | | | |
|--|--|--|---|--|--|
| Faisabilité de la surveillance clinique | Mauvaise: maladie/infection susceptible de passer inaperçue = 0 | Modérée: le diagnostic peut être difficile dans une ou plusieurs espèces = 0,25 | Moyenne: signes reconnaissables selon le niveau d'expertise = 0,5 | Très bonne: signes d'infection facilement reconnaissances et infection probablement reconnue chez un animal examiné = 0,75 | Parfaite: aucune difficulté d'identification |
| Outils de diagnostic de laboratoire appropriés | Besoin = oui et disponibilité = non = 0 | Besoin = oui et disponibilité = non et possibilité de mise au point = oui = 0,25 | Besoin = oui et disponibilité = oui, outils peu fiables et amélioration des outils possible = non = 0,5 | Besoin = oui et disponibilité = oui, outils peu fiables et amélioration des outils possible = oui = 0,75 | Besoin = non, ou besoin = oui et disponibilité = oui et efficacité = oui |
| Coût de la surveillance de terrain (financier et organisationnel) | Très élevé: tests multiples indispensables, individus difficiles à atteindre = 0 | Elevé: test PCR ou équivalent sur capture ou tests multiples = 0,25 | Moyen: test PCR ou équivalent sur carcasse ou test sérologique sur capture = 0,5 | Faible: test sérologique ou équivalent sur carcasse = 0,75 | Très faible: observation directe d'individus ou de carcasses accessibles |
| Possibilité de vaccination ou de traitement de la faune sauvage | Besoin = oui et disponibilité = non = 0 | Besoin = oui et disponibilité = non et possibilité de mise au point = oui = 0,25 | Besoin = oui et disponibilité = oui, outils peu fiables et amélioration des outils possible = non = 0,5 | Besoin = oui et disponibilité = oui, outils peu fiables et amélioration des outils possible = oui = 0,75 | Besoin = non, ou besoin = oui et disponibilité = oui et efficacité = oui |
| Possibilité de gestion sanitaire (capture/test/élimination, clôture, tir, modification environnement) | Besoin = oui et disponibilité = non = 0 | Besoin = oui et disponibilité = non et possibilité de mise au point = oui = 0,25 | Besoin = oui et disponibilité = oui, outils peu efficaces et amélioration des outils possible = non = 0,5 | Besoin = oui et disponibilité = oui, outils peu efficaces et amélioration des outils possible = oui = 0,75 | Besoin = non, ou besoin = oui et disponibilité = oui et efficacité = oui = 1 |
| 8: STATUT REGLEMENTAIRE ET INTERNATIONAL | | | | | |
| Danger sanitaire catégorisé en France | hors liste des dangers sanitaires = 0 | DS2 dans des espèces domestiques seulement = 0,25 | DS2 dans au moins une espèce sauvage = 0,5 | DS1 dans des espèces domestiques seulement = 0,75 | DS1 dans au moins une espèce sauvage = 1 |
| Maladie humaine à déclaration obligatoire en France | non = 0 | / | / | / | oui = 1 |
| Catégorie dans la Loi de Santé Animale Européenne | non listé = 0 | classe E pour au moins une espèce = 0,25 | classe D pour au moins une espèce = 0,5 | classe C pour au moins une espèce = 0,75 | classe A ou B pour au moins une espèce = 1 |
| Liste WAHIS | non répertorié WAHIS = 0 | / | / | / | répertorié dans WAHIS (207 maladies) = 1 |
| Appartient à la liste WAHIS des maladies émergentes | non = 0 | / | / | / | oui (39 maladies) = 1 |
| Appartient à la liste WAHIS des maladies affectant la faune sauvage | non = 0 | / | / | / | oui (54 maladies) = 1 |
| Liste OMSA | non = 0 | / | / | / | oui (114 maladies) = 1 |

Annexe 2 : Tableau des critères complété de l'agent pathogène *Batrachochytrium dendrobatidis*

| | Références bibliographiques | Informations complémentaires (Origine : B = Bibliographie et/ou E = Experts) | Certitude (0 = inconnu ou variable dans le temps ou selon les espèces, 1 = connaissances éparses, 2 = connaissance partielle, 3 = connaissance bonne) | Note |
|---|---|---|---|-------------------------|
| 1: CARACTERISTIQUES DU DANGER DANS LA FAUNE SAUVAGE | | | | |
| Transmissibilité entre individus d'une même population | (Hossack et al. 2013) + (Castro Monzon, Rödel, Jeschke 2020) + (Van Rooij et al. 2015) + (Garmyn et al. 2012) | 4 articles : 2012, 2013, 2015 et 2020 = Sources différentes ==> B | 3 | Elevée |
| Transmissibilité entre populations sensibles de la même espèce | (Hossack et al. 2013) + (Castro Monzon, Rödel, Jeschke 2020) + (Van Rooij et al. 2015) + (Garmyn et al. 2012) | 4 articles : 2012, 2013, 2015 et 2020 = Sources différentes ==> B | 3 | Moyenne |
| Capacité d'expansion spatiale vectorielle | (Fisher, Garner, Walker 2009) + (Zumbado-Ulate et al. 2019) + (Van Rooij et al. 2015) + (Kilburn, Ibáñez, Green 2011) | 4 articles : 2009, 2011, 2015, 2019 = sources différentes ==> B + E | 2 | Modérée à très élevée ? |
| Nombre d'espèces sauvages concernées par l'infection (sensibles à la maladie ou participant au maintien de l'infection) | (Van Rooij et al. 2012) + (Scheele et al. 2019) + (Inman [sans date]) + (Fisher, Garner, Walker 2009) + (Castro Monzon, Rödel, Jeschke 2020) + (Zumbado-Ulate et al. 2019) + (Van Rooij et al. 2015) + (Olson et al. 2021) | 8 articles : 2009, 2012, 2015, 2019, 2020 et 2021 = Sources différentes ==> B + E | 3 | Elevé |
| Persistance de l'agent dans l'environnement | (Van Rooij et al. 2012) + (Scheele et al. 2019) + (Fisher, Garner, Walker 2009) + (Hossack et al. 2013) + (Zumbado-Ulate et al. 2019) + (Van Rooij et al. 2015) + (Woodhams et al. 2011) + (Garmyn et al. 2012) + (Kilburn, Ibáñez, Green 2011) | 9 articles : 2009, 2011, 2012, 2013, 2015 et 2019 = Sources différentes ==> B | 2-3 | Moyenne |
| Existence et importance d'un réservoir (sauvage ou domestique) en France métropolitaine quelle que soit la cible | (Van Rooij et al. 2012) + (Zumbado-Ulate et al. 2019) + (Van Rooij et al. 2015) + (Woodhams et al. 2011) + (Garmyn et al. 2012) + (Kilburn, Ibáñez, Green 2011) | 6 articles : 2011, 2012, 2015 et 2019 = Sources différentes ==> B + E | 2 - 3 | Important |
| Variabilité génétique et phénotypique de l'agent | (Van Rooij et al. 2012) + (Fisher, Garner, Walker 2009) + (Castro Monzon, Rödel, Jeschke 2020) + (Van Rooij et al. 2015) + (Woodhams et al. 2011) + (James et al. 2009) + (Byrne et al. 2022) | 7 articles : 2009, 2011, 2012, 2015, 2020 et 2022 = Sources différentes ==> B | 2 | Elevée |
| critère automatique: concerne au moins une espèce à PNA ou IUCN CE | | | | |

| 2: STATUT DE PRESENCE ET DE SURVEILLANCE | | | | |
|--|--|---|--|---|
| Présence en France métropolitaine | (Miaud 2013) + (Van Rooij et al. 2015) + (Brannelly et al. 2018) | 3 articles : 2012, 2015 et 2018 = 3 sources différentes ==> B + E | 2 pour présence généralisée et 1 pour prévalence | Présence généralisée à prévalence faible à élevée |
| Présence locale | | | | |
| Risque d'introduction en France métropolitaine (pour une maladie non encore présente) | | | | 0 |
| Risque d'introduction locale (pour une maladie non présente) | | | | |
| Présence locale d'un vecteur | (Fisher, Garner, Walker 2009) | 1 article : 2009 = 1 source ==> B | 2 | transmission vectorielle et le vecteur est présent localement avec une abondance inconnue |
| Existence d'une surveillance dans la faune sauvage en France | (Miaud 2013) | 1 article : 2013 = 1 source ==> B + E (Bientôt surveillance événementielle constante. Surveillance programmée sur certains sites pour la recherche) | 3 | Surveillance événementielle ponctuelle |
| Existence d'une surveillance locale | (Miaud 2013) | 1 article : 2013 = 1 source ==> B + E | 3 | Surveillance programmée locale |
| Volonté de poursuivre une surveillance locale existante | | | | |

| 3: IMPACT SUR LA SANTE HUMAINE | | | | |
|--|---|---|---|----------------|
| Transmissibilité de l'animal sauvage à l'homme | (Black, Meredith, Price 2017a) | 1 article : 2017 = 1 source ==> B | 3 | Nulle |
| Probabilité de survenue d'une transmission à l'homme | | E + B (aucune bibliographie qui évoque une possible transmission) | 3 | Nulle |
| Probabilité de transmission alimentaire entre la faune sauvage et l'homme | | E + B (aucune bibliographie qui évoque une possible transmission) | 3 | Nulle |
| Conséquence d'une transmission sur la santé humaine | | E + B (aucune bibliographie qui évoque une possible transmission) | 3 | Aucune |
| Propagation dans les populations humaines | | E + B (aucune bibliographie qui évoque une possible transmission) | 3 | Aucune |
| Accessibilité du diagnostic et traitement chez l'homme | | E + B (aucune bibliographie qui évoque une possible transmission) | 3 | Non nécessaire |
| Impact sur la sécurité alimentaire | (Peel, Hartley, Cunningham 2012) + (Catenazzi, Vredenburg, Lehr 2010) | 2 articles : 2010 et 2012 = 2 Sources différentes ==> B | 3 | Nul |

| 4: IMPACT SUR LA SANTE DES ANIMAUX D'ELEVAGE | | | | |
|--|--|---|---|--------------------|
| Transmissibilité entre animaux sauvages et animaux domestiques de rente | (Kolby et al. 2014) + (Peel, Hartley, Cunningham 2012) + (Catenazzi, Vredenburg, Lehr 2010) + (Ribeiro et al. 2019) + (Schloegel et al. 2010a) | 5 articles : 2010, 2012, 2014 et 2019 = Sources différentes ==> B + E | 2 | Faible à moyenne |
| Impact de la maladie sur la production des animaux de rente | (Ribeiro et al. 2019) | 1 article : 2019 = 1 Source ==> B + E | 1 | Aucun à moyen |
| Proportion d'animaux domestiques atteints ayant un impact clinique ou sur la production | (Kolby et al. 2014) + (Peel, Hartley, Cunningham 2012) + (Catenazzi, Vredenburg, Lehr 2010) | 3 articles : 2010, 2012 et 2014 = 3 Sources différentes ==> B + E | 1 | Nulle à élevée |
| Durée de l'impact clinique des animaux domestiques | | E (dépend de l'espèce) + B (Pas de publication) | 0 | Nulle à permanente |

| 5: IMPACT ECONOMIQUE | | | | |
|---|--|---|-------|----------------------|
| Impact de cas en faune sauvage sur le commerce international lié aux lois existantes | (Mazzoni et al. 2003) + (Peel, Hartley, Cunningham 2012) + (Vredenburg et al. 2013) + (Catenazzi, Vredenburg, Lehr 2010) + (Schloegel et al. 2010a) | 5 articles : 2003, 2010, 2012 et 2013 = Sources différentes ==> B | 2 - 3 | Aucune |
| Impact économique direct (incluant cout de la gestion dans la faune sauvage) | (Valenzuela-Sánchez et al. 2017) + (Brannelly et al. 2018) + (Peel, Hartley, Cunningham 2012) + (Schloegel et al. 2010a) + (RÈGLEMENT (UE) 2016/429 DU PARLEMENT EUROPÉEN ET DU CONSEIL - du 9 mars 2016) + (RÈGLEMENT D'EXECUTION (UE) 2018/1882 DE LA COMMISSION - du 3 décembre 2018) | 4 articles : 2010, 2012, 2017 et 2018 = Sources différentes ==> B + E | 2 | Négligeable |
| Impact économique indirect (incluant transmission aux animaux domestiques et impact sur la production) | (Kolby et al. 2014) + (Peel, Hartley, Cunningham 2012) + (Catenazzi, Vredenburg, Lehr 2010) + (Schloegel et al. 2010a) | 4 articles : 2010, 2012 et 2014 = Sources différentes ==> B + E | 1 | Négligeable à faible |

| 6: IMPACT SUR LA SANTE DES ANIMAUX SAUVAGES ET SUR LA CONSERVATION DE LA BIODIVERSITE | | | | |
|--|--|---|-------|-----------|
| Impact sur la condition, la survie, la reproduction ou la croissance des animaux sauvages atteints | (Van Rooij et al. 2012) + (Fisher, Garner, Walker 2009) + (Van Rooij et al. 2015) + (Garmyn et al. 2012) + (Brannelly et al. 2018) | 5 articles : 2009, 2012, 2015 et 2018 = Sources différentes ==> B | 3 | Sévère |
| Proportion d'individus atteints ayant un impact clinique, sur la reproduction, la croissance ou la survie | (Van Rooij et al. 2012) + (Van Rooij et al. 2015) + (Brannelly et al. 2018) | 3 articles : 2012, 2015 et 2018 = 3 sources différentes ==> B (réponse dépend de l'espèce et de sa résistance mais beaucoup d'espèces ont leurs populations fortement impactées). | 2 - 3 | Elevée |
| Durée de l'impact clinique des animaux sauvages | (Woodhams et al. 2011) + (Fu, Waldman 2019) | 2 articles : 2011 et 2019 = 2 sources différentes ==> B + E (dépend de l'hôte et du stade de vie) | 2 | Permanent |
| Impact de la gestion dans la population sauvage sur l'écosystème | (Zumbado-Ulate et al. 2019) + (Van Rooij et al. 2015) + (Woodhams et al. 2011) | 3 articles : 2011, 2015 et 2019 = sources différentes ==> B | 3 | Elevé |

| 7: FAISABILITE DE LA SURVEILLANCE ET DU CONTRÔLE DANS LA FAUNE SAUVAGE | | | | |
|--|--|--|-------|---|
| Faisabilité de la surveillance clinique | (Van Rooij et al. 2012) + (Fisher, Garner, Walker 2009) + (Castro Monzon, Rödel, Jeschke 2020) + (Zumbado-Ulate et al. 2019) + (Van Rooij et al. 2015) + (Woodhams et al. 2011) + (Valenzuela-Sánchez et al. 2017) | 7 articles : 2009, 2011, 2012, 2015, 2017, 2019 et 2020 = Sources différentes ==> B + E (Mortalité massive comme signe d'appel mais signes cliniques peu spécifiques et des déclinis qui peuvent passer inaperçus) | 2 | Mauvaise à modérée |
| Outils de diagnostic de laboratoire appropriés | (Van Rooij et al. 2012) + (Longcore, Pessier, Nichols 1999) + (Hossack et al. 2013) + (Baláz et al. 2014) + (Castro Monzon, Rödel, Jeschke 2020) + (Zumbado-Ulate et al. 2019) + (Valenzuela-Sánchez et al. 2017) + (Hyatt et al. 2007) + (Brannelly et al. 2018) + (Fisher et al. 2018) | 10 articles : 1999, 2007, 2012, 2013, 2014, 2017, 2018, 2019 et 2020 = Sources différentes ==> B + E | 3 | Besoin = non, ou besoin = oui et disponibilité = oui et efficacité = oui |
| Coût de la surveillance de terrain (financier et organisationnel) | (Baláz et al. 2014) + (Zumbado-Ulate et al. 2019) + (Valenzuela-Sánchez et al. 2017) | 3 articles : 2014, 2017 et 2019 = Sources différentes ==> B + E (Possibilité de détecter l'ADN de Bd dans l'environnement) | 2 - 3 | Moyen |
| Possibilité de vaccination ou de traitement de la faune sauvage | (Woodhams et al. 2011) + (Stice, Briggs 2010) + (Baitchman, Pessier 2013) + (Fu, Waldman 2019) + (Geiger et al. 2017) + (Woodhams et al. 2012) + (Schloegel et al. 2010a) | 7 articles : 2010, 2011, 2012, 2013, 2017 et 2019 = Sources différentes ==> B+ E | 2 | Besoin = oui et disponibilité = non et possibilité de mise au point = non |
| Possibilité de gestion sanitaire (capture/test/élimination, clôture, tir, modification environnement) | (Van Rooij et al. 2012) (Scheele et al. 2019) + (Fisher, Garner, Walker 2009) + (Castro Monzon, Rödel, Jeschke 2020) + (Zumbado-Ulate et al. 2019) + (Woodhams et al. 2011) + (Valenzuela-Sánchez et al. 2017) + (Lammens, Martel, Pasmans 2021) | 8 articles : 2009, 2011, 2012, 2017, 2019, 2020 et 2021 = sources différentes ==> B + E | 2 | Besoin = oui et disponibilité = pas partout, outils peu efficaces et amélioration des outils possible = oui |

| 8: STATUT REGLEMENTAIRE ET INTERNATIONAL | | | | |
|---|---|--|---|-----------|
| Danger sanitaire catégorisé en France | (RÈGLEMENT D'EXECUTION (UE) 2018/1882 DE LA COMMISSION - du 3 décembre 2018) En attente de la transcription nationale de la Loi Santé Animale | B (En attente de la transcription nationale de la Loi Santé Animale) + E | 0 | Inconnu |
| Maladie humaine à déclaration obligatoire en France | (Article D3113-6 - Code de la santé publique - Légifrance - Liste des maladies à transmission obligatoire de données individuelles à l'autorité sanitaire - Version en vigueur depuis le 13 mai 2021) | B + E | 3 | Non |
| Catégorie dans la Loi de Santé Animale Européenne | (RÈGLEMENT D'EXECUTION (UE) 2018/1882 DE LA COMMISSION - du 3 décembre 2018) + (RÈGLEMENT (UE) 2016/429 DU PARLEMENT EUROPÉEN ET DU CONSEIL - du 9 mars 2016) | B | 3 | Non listé |
| Liste WAHIS | https://wahis.oie.int/#/dashboards/country-or-disease-dashboard | B + E | 3 | Oui |
| Appartient à la liste WAHIS des maladies émergentes | https://www.woah.org/fr/ce-que-nous-faisons/sante-et-bien-etre-animale/maladies-animales/?_alphabet=R | B | 3 | Oui |
| Appartient à la liste WAHIS des maladies affectant la faune sauvage | https://www.woah.org/fr/ce-que-nous-faisons/sante-et-bien-etre-animale/maladies-animales/?_alphabet=R | B | 3 | Oui |
| Liste OMSA | (Baitchman, Pessier 2013) + (Peel, Hartley, Cunningham 2012) + (Schloegel et al. 2010a) + (Black, Meredith, Price 2017a) | 4 articles : 2010, 2012, 2013 et 2017 = Sources différentes ==> B + E | 3 | Oui |

Annexe 3 : Tableau des critères complété de l'agent pathogène *Batrachochytrium salamandrivorans*

| | Références bibliographiques | Informations complémentaires (Origine : B = Bibliographie et/ou E = Experts) | Certitude (0 = inconnu ou variable dans le temps ou selon les espèces, 1 = connaissances éparses, 2 = connaissance partielle, 3 = connaissance bonne) | Note |
|--|--|--|--|--------------------------|
| 1: CARACTERISTIQUES DU DANGER DANS LA FAUNE SAUVAGE | | | | |
| Transmissibilité entre individus d'une même population | (Malagon et al. 2020) + (Yap et al. 2017) + (Kelly et al. 2021) + (Van Rooij et al. 2015) | 4 articles : 2015, 2017, 2020 et 2021 = Sources différentes ==> B | 3 | Elevée |
| Transmissibilité entre populations sensibles de la même espèce | (Martel et al. 2014) + (Malagon et al. 2020) + (Yap et al. 2017) + (Kelly et al. 2021) + (Van Rooij et al. 2015) | 5 articles : 2014, 2015, 2017, 2020 et 2021 = Sources différentes ==> B | 2 - 3 | Moyenne |
| Capacité d'expansion spatiale vectorielle | (Van Rooij et al. 2015) | 1 article : 2015 = 1 source ==> B | 0 | Inconnue |
| Nombre d'espèces sauvages concernées par l'infection (sensibles à la maladie ou participant au maintien de l'infection) | (Martel et al. 2014) + (Catenazzi 2015) + (Van Rooij et al. 2015) + (Yap et al. 2017) | 4 articles : 2014, 2015 et 2017 = sources différentes ==> B + E | 1 - 2 | Elevé |
| Persistence de l'agent dans l'environnement | (Malagon et al. 2020) + (Martel et al. 2013) + (Catenazzi 2015) + (Yap et al. 2017) + (Kelly et al. 2021) + (EFSA Panel on Animal Health and Welfare (AHAW) et al. 2017) | 6 articles : 2013, 2015, 2017, 2020 et 2021 = sources différentes ==> B + E | 2 | Forte |
| Existence et importance d'un réservoir (sauvage ou domestique) en France métropolitaine quelle que soit la cible | (Martel et al. 2014) + (Catenazzi 2015) + (Yap et al. 2017) + (Kelly et al. 2021) + (Van Rooij et al. 2015) + (EFSA Panel on Animal Health and Welfare (AHAW) et al. 2017) | 6 articles : 2014, 2015, 2017 et 2021 = sources différentes ==> B + E | 2 - 3 | Modéré à significatif |
| Variabilité génétique et phénotypique de l'agent | (Kelly et al. 2021) + (Van Rooij et al. 2015) | 2 articles : 2015 et 2021 = 2 sources différentes ==> B + E | 2 | Elevée |
| critère automatique: concerne au moins une espèce à PNA ou IUCN CE | | | | |

| 2: STATUT DE PRESENCE ET DE SURVEILLANCE | | | | |
|---|---|---|-------|-----------------------------|
| Présence en France métropolitaine | (Martel et al. 2014) + (Catenazzi 2015) + (Yap et al. 2017) + (Van Rooij et al. 2015) | 4 articles : 2014, 2015 et 2017 = sources différentes ==> B + E (Déteecté seulement aux Pays-Bas, Belgique, Allemagne et Espagne mais pas encore en France car peu étudié. Forte probabilité que ce soit plus répandu que ce que l'on croit.) | 0 | Inconnue |
| Présence locale | | | | |
| Risque d'introduction en France métropolitaine (pour une maladie non encore présente) | (Martel et al. 2014) + (Catenazzi 2015) + (Yap et al. 2017) + (Van Rooij et al. 2015) | 4 articles : 2014, 2015 et 2017 = sources différentes ==> B + E (Déteecté seulement aux Pays-Bas, Belgique, Allemagne et Espagne mais pas encore en France car peu étudié. Forte probabilité que ce soit plus répandu que ce que l'on croit.) | 2 - 3 | Elevé |
| Risque d'introduction locale (pour une maladie non présente) | | | | |
| Présence locale d'un vecteur | | B (Pas de publication) | 0 | Inconnue |
| Existence d'une surveillance dans la faune sauvage en France | | E | 2 | Evénementielle ponctuelle ? |
| Existence d'une surveillance locale | | B (Pas de publication) | 0 | Inconnue |
| Volonté de poursuivre une surveillance locale existante | | | | |

| 3: IMPACT SUR LA SANTE HUMAINE | | | | |
|---|--|---|---|----------------|
| Transmissibilité de l'animal sauvage à l'homme | (EFSA Panel on Animal Health and Welfare (AHAW) et al. 2017) | 1 article : 2017 = 1 source ==> B + E | 3 | Nulle |
| Probabilité de survenue d'une transmission à l'homme | | E + B (aucune bibliographie qui évoque une possible transmission) | 3 | Nulle |
| Probabilité de transmission alimentaire entre la faune sauvage et l'homme | | E + B (aucune bibliographie qui évoque une possible transmission) | 3 | Nulle |
| Conséquence d'une transmission sur la santé humaine | | E + B (aucune bibliographie qui évoque une possible transmission) | 3 | Aucune |
| Propagation dans les populations humaines | | E + B (aucune bibliographie qui évoque une possible transmission) | 3 | Aucune |
| Accessibilité du diagnostic et traitement chez l'homme | | E + B (aucune bibliographie qui évoque une possible transmission) | 3 | Non nécessaire |
| Impact sur la sécurité alimentaire | | E + B (aucune bibliographie qui évoque une possible transmission) | 3 | Nul |

| 4: IMPACT SUR LA SANTE DES ANIMAUX D'ELEVAGE | | | | |
|---|--|---|---|---------------------|
| Transmissibilité entre animaux sauvages et animaux domestiques de rente | (Fitzpatrick et al. 2018) + (Bosch et al. 2021) + (EFSA Panel on Animal Health and Welfare (AHAW) et al. 2017) | 3 articles : 2017, 2018 et 2021 = sources différentes ==> B + E | 2 | Faible à moyenne |
| Impact de la maladie sur la production des animaux de rente | (Parrott et al. 2017) + (Sabino-Pinto et al. 2018) | 2 articles : 2017 et 2018 = sources différentes ==> B + E | 1 | Aucun à moyen |
| Proportion d'animaux domestiques atteints ayant un impact clinique ou sur la production | | B (Pas de publication) | 0 | Nulle à élevée |
| Durée de l'impact clinique des animaux domestiques | | B (Pas de publication) | 0 | Nulle à moyen terme |

| 5: IMPACT ECONOMIQUE | | | | |
|---|--|---|-------|-------------|
| Impact de cas en faune sauvage sur le commerce international lié aux lois existantes | (Parrott et al. 2017) + (Fitzpatrick et al. 2018) + (Sabino-Pinto et al. 2018) + (González et al. 2019) + (Bosch et al. 2021) + (EFSA Panel on Animal Health and Welfare (AHAW) et al. 2017) | 6 articles : 2017, 2018, 2019 et 2021 = sources différentes ==> B + E | 0 - 1 | Inconnu |
| Impact économique direct (incluant cout de la gestion dans la faune sauvage) | (Canessa et al. 2020) + (Parrott et al. 2017) + (Spitzen-van der Sluijs et al. 2016) + (González et al. 2019) + (Bosch et al. 2021) + (EFSA Panel on Animal Health and Welfare (AHAW) et al. 2017) + (RÈGLEMENT (UE) 2016/429 DU PARLEMENT EUROPÉEN ET DU CONSEIL - du 9 mars 2016) + (RÈGLEMENT D'EXECUTION (UE) 2018/1882 DE LA COMMISSION - du 3 décembre 2018) | 6 articles : 2016, 2017, 2019, 2020 et 2021 = Sources différentes ==> B + E | 1-2 | Négligeable |
| Impact économique indirect (incluant transmission aux animaux domestiques et impact sur la production) | (Parrott et al. 2017) + (EFSA Panel on Animal Health and Welfare (AHAW) et al. 2017) | 2 articles : 2017 = sources différentes ==> B + E | 2 | Aucun |

| 6: IMPACT SUR LA SANTE DES ANIMAUX SAUVAGES ET SUR LA CONSERVATION DE LA BIODIVERSITE | | | | |
|--|--|--|-------|---------------------|
| Impact sur la condition, la survie, la reproduction ou la croissance des animaux sauvages atteints | (Spitzen-van der Sluijs et al. 2013) + (Martel et al. 2014) + (Yap et al. 2017) + (Van Rooij et al. 2015) | 4 articles : 2013, 2014, 2015 et 2017 = sources différentes ==> B | 3 | Sévère |
| Proportion d'individus atteints ayant un impact clinique, sur la reproduction, la croissance ou la survie | (Spitzen-van der Sluijs et al. 2013) + (Malagon et al. 2020) + (Martel et al. 2013) + (Martel et al. 2014) | 4 articles : 2013, 2014 et 2020 = sources différentes ==> B (Généralement élevée mais variable) | 2 - 3 | Elevée |
| Durée de l'impact clinique des animaux sauvages | (Malagon et al. 2020) + (Van Rooij et al. 2015) + (Parrott et al. 2017) + (EFSA Panel on Animal Health and Welfare (AHAW) et al. 2017) | 4 articles : 2015, 2017 et 2020 = sources différentes ==> B (Généralement court terme mais variable) + E | 1 - 2 | Court à moyen terme |
| Impact de la gestion dans la population sauvage sur l'écosystème | (Spitzen-van der Sluijs et al. 2013) + (Martel et al. 2013) + (Kelly et al. 2021) + (Van Rooij et al. 2015) | 4 articles : 2013, 2015 et 2021 = sources différentes ==> B | 3 | Elevé |

| 7: FAISABILITE DE LA SURVEILLANCE ET DU CONTRÔLE DANS LA FAUNE SAUVAGE | | | | |
|--|--|--|-------|---|
| Faisabilité de la surveillance clinique | (Spitzen-van der Sluijs et al. 2013) + (Martel et al. 2014) + (Parrott et al. 2017) + (Spitzen-van der Sluijs et al. 2016) + (Bosch et al. 2021) | 5 articles : 2013, 2014, 2016, 2017 et 2021 = sources différentes ==> B + E | 2 | Mauvaise à moyenne |
| Outils de diagnostic de laboratoire appropriés | (Malagon et al. 2020) + (Martel et al. 2013) + (Martel et al. 2014) + (Yap et al. 2017) | 4 articles : 2013, 2014, 2017 et 2020 = sources différentes ==> B + E | 3 | Besoin = non, ou besoin = oui et disponibilité = oui et efficacité = oui |
| Coût de la surveillance de terrain (financier et organisationnel) | (Catenazzi 2015) + (Fitzpatrick et al. 2018) + (Spitzen-van der Sluijs et al. 2016) + (González et al. 2019) | 4 articles : 2015, 2016, 2018 et 2019 = Sources différentes ==> B + E | 2 - 3 | Moyen |
| Possibilité de vaccination ou de traitement de la faune sauvage | (Catenazzi 2015) + (Canessa et al. 2020) + (Yap et al. 2017) + (Sabino-Pinto et al. 2018) + (Bloo, Martel, et al. 2015) + (Bloo, Pasmans, et al. 2015) + (EFSA Panel on Animal Health and Welfare (AHAW) et al. 2017) | 7 articles : 2015, 2017, 2018 et 2020 = sources différentes ==> B | 2 | Besoin = oui et disponibilité = non et possibilité de mise au point = non |
| Possibilité de gestion sanitaire (capture/test/élimination, clôturation, tir, modification environnement) | (Spitzen-van der Sluijs et al. 2013) + (Malagon et al. 2020) + (Canessa et al. 2020) + (Yap et al. 2017) + (Kelly et al. 2021) + (Van Rooij et al. 2015) + (Parrott et al. 2017) + (Fitzpatrick et al. 2018) + (Sabino-Pinto et al. 2018) + (Bosch et al. 2021) + (EFSA Panel on Animal Health and Welfare (AHAW) et al. 2017) | 11 articles : 2013, 2015, 2017, 2018, 2020 et 2021 = sources différentes ==> B | 2 | Besoin = oui et disponibilité = pas partout, difficile à réaliser, outils peu efficaces et amélioration des outils possible = oui |

| 8: STATUT REGLEMENTAIRE ET INTERNATIONAL | | | | |
|---|---|---|---|-------|
| Danger sanitaire catégorisé en France | (RÈGLEMENT D'EXECUTION (UE) 2018/1882 DE LA COMMISSION - du 3 décembre 2018) | B + E | 3 | D + E |
| Maladie humaine à déclaration obligatoire en France | (Article D3113-6 - Code de la santé publique - Légifrance - Liste des maladies à transmission obligatoire de données individuelles à l'autorité sanitaire - Version en vigueur depuis le 13 mai 2021) | B + E | 3 | Non |
| Catégorie dans la Loi de Santé Animale Européenne | (RÈGLEMENT D'EXECUTION (UE) 2018/1882 DE LA COMMISSION - du 3 décembre 2018) + (RÈGLEMENT (UE) 2016/429 DU PARLEMENT EUROPÉEN ET DU CONSEIL - du 9 mars 2016) | B | 3 | D + E |
| Liste WAHIS | https://wahis.oie.int#/dashboards/country-or-disease-dashboard | B + E | 3 | Oui |
| Appartient à la liste WAHIS des maladies émergentes | https://www.woah.org/fr/ce-que-nous-faisons/sante-et-bien-etre-animale/maladies-animales/?_alphabet=R | B | 3 | Oui |
| Appartient à la liste WAHIS des maladies affectant la faune sauvage | https://www.woah.org/fr/ce-que-nous-faisons/sante-et-bien-etre-animale/maladies-animales/?_alphabet=R | B | 3 | Oui |
| Liste OMSA | (Malagon et al. 2020) + (González et al. 2019) + (EFSA Panel on Animal Health and Welfare (AHAW) et al. 2017) | 3 articles : 2017, 2019 et 2020 = Sources différentes ==> B + E | 3 | Oui |

Annexe 4 : Tableau des critères complété des agents pathogènes du genre *Ranavirus*, CMTV et FV3

| | Références bibliographiques | Informations complémentaires (Origine : B = Bibliographie et/ou E = Experts) | Certitude (0 = inconnu ou variable dans le temps ou selon les espèces, 1 = connaissances éparses, 2 = connaissance partielle, 3 = connaissance bonne) | Note |
|--|---|---|--|---------------------|
| 1: CARACTERISTIQUES DU DANGER DANS LA FAUNE SAUVAGE | | | | |
| Transmissibilité entre individus d'une même population | (Campbell, Pawlik, Harrison 2020) + (Earl et al. 2016) + (Miaud et al. 2019) + (Lopez Vargas et al. 2020) | 4 articles : 2016, 2019 et 2020 = Sources différentes. ==> B | 2 - 3 | Elevée |
| Transmissibilité entre populations sensibles de la même espèce | (Campbell, Pawlik, Harrison 2020) + (Earl et al. 2016) + (Miaud et al. 2019) + (Lopez Vargas et al. 2020) | 4 articles : 2016, 2019 et 2020 = Sources différentes. ==> B | 2 - 3 | Moyenne |
| Capacité d'expansion spatiale vectorielle | (Balseiro et al. 2009) + (Roh et al. 2022) + (Miaud et al. 2019) + (Lopez Vargas et al. 2020) | 4 articles : 2009, 2019, 2020 et 2022 = Sources différentes ==> B + E | 2 - 3 | Aucune |
| Nombre d'espèces sauvages concernées par l'infection (sensibles à la maladie ou participant au maintien de l'infection) | (Earl et al. 2016) + (Miaud et al. 2019) + (Miller, Gray, Storfer 2011) + (Herath, Ellepola, Meegaskumbura 2021) | 4 articles : 2011, 2016, 2019 et 2021 = sources différentes ==> B | 3 | Elevé |
| Persistence de l'agent dans l'environnement | (Campbell, Pawlik, Harrison 2020) + (Balseiro et al. 2009) + (Miaud et al. 2019) + (Miller, Gray, Storfer 2011) | 4 articles : 2009, 2011, 2019 et 2020 = sources différentes ==> B | 2 | Faible à moyenne |
| Existence et importance d'un réservoir (sauvage ou domestique) en France métropolitaine quelle que soit la cible | (Campbell, Pawlik, Harrison 2020) + (Balseiro et al. 2009) + (Miaud et al. 2019) + (Miller, Gray, Storfer 2011) + (Roh et al. 2022) + (Herath, Ellepola, Meegaskumbura 2021) + (Gray, Miller, Hoverman 2009) + (Brenes et al. 2014) + (Rothermel et al. 2016) | 9 articles : 2009, 2011, 2014, 2016, 2019, 2020, 2021 et 2022 = sources différentes ==> B | 2 | Important |
| Variabilité génétique et phénotypique de l'agent | (Campbell, Pawlik, Harrison 2020) + (Lopez Vargas et al. 2020) + (Vilaça et al. 2019) + (Claytor et al. 2017) + (Hoverman, Gray, Miller 2010) + (Herath, Ellepola, Meegaskumbura 2021) | 6 articles : 2010, 2017, 2019, 2020 et 2021 = sources différentes ==> B + E | 2 | Elevée |
| critère automatique: concerne au moins une espèce à PNA ou IUCN CE | | | | |

| 2: STATUT DE PRESENCE ET DE SURVEILLANCE | | | | |
|---|---|--|---|--|
| Présence en France métropolitaine | (Campbell, Pawlik, Harrison 2020) + (Miaud et al. 2019) | 2 articles : 2019 et 2020 = 2 sources différentes ==> B (présence dans les Alpes, prévalence inconnue) + E (généralisée ou presque, prévalence inconnue) | 2 pour présence généralisée et 0 (inconnue) pour prévalence | Présence généralisée à prévalence inconnue |
| Présence locale | | | | |
| Risque d'introduction en France métropolitaine (pour une maladie non encore présente) | | | | 0 |
| Risque d'introduction locale (pour une maladie non présente) | | | | |
| Présence locale d'un vecteur | | B (pas de publication démontrant l'existence d'un vecteur) | 2 | Aucun |
| Existence d'une surveillance dans la faune sauvage en France | (Miaud et al. 2019) | 1 article : 2019 = 1 source ==> B + E | 3 | Surveillance événementielle ponctuelle à constante |
| Existence d'une surveillance locale | (Miaud et al. 2019) | 1 article : 2019 = 1 source ==> B + E | 3 | Surveillance événementielle à programmée locale |
| Volonté de poursuivre une surveillance locale existante | | | | |

| 3: IMPACT SUR LA SANTE HUMAINE | | | | |
|---|--------------------------------|---|---|----------------|
| Transmissibilité de l'animal sauvage à l'homme | (Black, Meredith, Price 2017b) | 1 article : 2017 = 1 source ==> B | 3 | Nulle |
| Probabilité de survenue d'une transmission à l'homme | | E + B (aucune bibliographie qui évoque une possible transmission) | 3 | Nulle |
| Probabilité de transmission alimentaire entre la faune sauvage et l'homme | | E + B (aucune bibliographie qui évoque une possible transmission) | 3 | Nulle |
| Conséquence d'une transmission sur la santé humaine | | E + B (aucune bibliographie qui évoque une possible transmission) | 3 | Aucune |
| Propagation dans les populations humaines | | E + B (aucune bibliographie qui évoque une possible transmission) | 3 | Aucune |
| Accessibilité du diagnostic et traitement chez l'homme | | E + B (aucune bibliographie qui évoque une possible transmission) | 3 | Non nécessaire |
| Impact sur la sécurité alimentaire | | E + B (aucune bibliographie qui évoque une possible transmission) | 3 | Nul |

| 4: IMPACT SUR LA SANTE DES ANIMAUX D'ELEVAGE | | | | |
|---|--|---|---|------------------|
| Transmissibilité entre animaux sauvages et animaux domestiques de rente | (Miller, Gray, Storfer 2011) + (Vilaça et al. 2019) + (Claytor et al. 2017) + (Hoverman, Gray, Miller 2010) + (Herath, Ellepola, Meegaskumbura 2021) + (Saucedo et al. 2019) | 6 articles : 2010, 2011, 2017, 2019 et 2021 = sources différentes ==> B + E | 2 | Faible à moyenne |
| Impact de la maladie sur la production des animaux de rente | (Miller, Gray, Storfer 2011) | 1 article : 2011 = 1 source ==> B + E | 1 | Aucun à moyen |
| Proportion d'animaux domestiques atteints ayant un impact clinique ou sur la production | (Miller, Gray, Storfer 2011) | 1 article : 2011 = 1 source ==> B + E | 1 | Nulle à moyenne |
| Durée de l'impact clinique des animaux domestiques | | B (Pas de publication) | 0 | Inconnue |

| 5: IMPACT ECONOMIQUE | | | | |
|---|--|---|-------|-------------|
| Impact de cas en faune sauvage sur le commerce international lié aux lois existantes | (Miller, Gray, Storfer 2011) + (Claytor et al. 2017) + (Hoverman, Gray, Miller 2010) + (Herath, Ellepola, Meegaskumbura 2021) + (Gray, Miller, Hoverman 2009) + (Schloegel et al. 2010b) | 6 articles : 2009, 2010, 2011, 2017 et 2021 = sources différentes ==> B | 2 - 3 | Aucun |
| Impact économique direct (incluant cout de la gestion dans la faune sauvage) | (Campbell, Pawlik, Harrison 2020) + (Price et al. 2014) + (Miller, Gray, Storfer 2011) + (Roh et al. 2022) + (Saucedo et al. 2019) + (Gray, Miller, Hoverman 2009) + (Rothermel et al. 2016) + (Schloegel et al. 2010b) + (Black, Meredith, Price 2017b) | 9 articles : 2009, 2010, 2011, 2014, 2016, 2017, 2019, 2020 et 2022 = sources différentes ==> B | 2 | Négligeable |
| Impact économique indirect (incluant transmission aux animaux domestiques et impact sur la production) | (Miller, Gray, Storfer 2011) + (Schloegel et al. 2010b) | 2 articles : 2010 et 2011 = 2 sources différentes ==> B | 2 | Négligeable |

| 6: IMPACT SUR LA SANTE DES ANIMAUX SAUVAGES ET SUR LA CONSERVATION DE LA BIODIVERSITE | | | | |
|--|---|---|---|---------------------|
| Impact sur la condition, la survie, la reproduction ou la croissance des animaux sauvages atteints | (Campbell, Pawlik, Harrison 2020) + (Price et al. 2014) + (Earl et al. 2016) + (Earl et al. 2016) + (Balseiro et al. 2009) + (Miller, Gray, Storfer 2011) | 5 articles : 2009, 2011, 2014, 2016 et 2020 = Sources différentes ==> B (pas de différence CMTV et FV3) | 3 | Sévère |
| Proportion d'individus atteints ayant un impact clinique, sur la reproduction, la croissance ou la survie | (Campbell, Pawlik, Harrison 2020) + (Earl et al. 2016) + (Cunningham et al. 2007) + (Miaud et al. 2019) | 4 articles : 2007, 2016, 2019 et 2020 = sources différentes ==> B (variable selon espèces et populations infectées mais globalement élevée) | 2 | Elevée |
| Durée de l'impact clinique des animaux sauvages | (Earl et al. 2016) + (Cunningham et al. 2007) + (Miller, Gray, Storfer 2011) + (Hoverman, Gray, Miller 2010) + (Gray, Miller, Hoverman 2009) | 5 articles : 2007, 2009, 2010, 2011 et 2016 = sources différentes ==> B (informations sur la durée entre infection et mort) + E | 2 | Court à moyen terme |
| Impact de la gestion dans la population sauvage sur l'écosystème | (Campbell, Pawlik, Harrison 2020) + (Price et al. 2014) + (Earl et al. 2016) + (Miaud et al. 2019) + (Lopez Vargas et al. 2020) | 5 articles : 2014, 2016, 2019 et 2020 = Sources différentes ==> B (idem FV3 et CMTV) | 3 | Elevé |

| 7: FAISABILITE DE LA SURVEILLANCE ET DU CONTRÔLE DANS LA FAUNE SAUVAGE | | | | |
|--|---|--|-------|---|
| Faisabilité de la surveillance clinique | (Price et al. 2014) + (Miaud et al. 2019) + (Rothermel et al. 2016) | 3 articles : 2014, 2016 et 2019 = sources différentes ==> B + E (Pour CMTV-like : infections peuvent être sub cliniques mais plus souvent distinctes et visibles. Mortalité de masse peut être un indicateur de la présence de CMTV) | 3 | Modérée à moyenne |
| Outils de diagnostic de laboratoire appropriés | (Price et al. 2014) + (Cunningham et al. 2007) + (Balseiro et al. 2009) + (Miaud et al. 2019) | 4 articles : 2007, 2009, 2014 et 2019 = sources différentes ==> B + E (efficacité et praticité font défaut) | 2 - 3 | Besoin = non, ou besoin = oui et disponibilité = oui, pas partout, et efficacité = oui |
| Coût de la surveillance de terrain (financier et organisationnel) | (Campbell, Pawlik, Harrison 2020) + (Miaud et al. 2019) | 2 articles : 2019 et 2020 = sources différentes ==> B (FV3 = examen histopathologique et PCR post-mortem sur carcasses. Possibilité de repérer de l'ADN dans l'environnement) | 2 - 3 | Moyen |
| Possibilité de vaccination ou de traitement de la faune sauvage | (Campbell, Pawlik, Harrison 2020) + (Miller, Gray, Storfer 2011) + (Schloegel et al. 2010b) | 3 articles : 2010, 2011 et 2020 = Sources différentes ==> B + E | 1 | Besoin = oui et disponibilité = non et possibilité de mise au point = oui ? |
| Possibilité de gestion sanitaire (capture/test/élimination, clôture, tir, modification environnement) | (Campbell, Pawlik, Harrison 2020) + (Earl et al. 2016) + (Miller, Gray, Storfer 2011) + (Vilaça et al. 2019) + (Claytor et al. 2017) + (Gold et al. 2013) + (Saucedo et al. 2019) + (Gray, Miller, Hoverman 2009) + (Rothermel et al. 2016) | 9 articles : 2009, 2011, 2013, 2016, 2017, 2019 et 2020 = sources différentes ==> B + E | 2 | Besoin = oui et disponibilité = pas partout, outils peu efficaces et amélioration des outils possible = oui |

| 8: STATUT REGLEMENTAIRE ET INTERNATIONAL | | | | |
|---|---|---|---|-----------|
| Danger sanitaire catégorisé en France | (RÈGLEMENT D'EXECUTION (UE) 2018/1882 DE LA COMMISSION - du 3 décembre 2018) | B + E | 3 | Non |
| Maladie humaine à déclaration obligatoire en France | (Article D3113-6 - Code de la santé publique - Légifrance - Liste des maladies à transmission obligatoire de données individuelles à l'autorité sanitaire - Version en vigueur depuis le 13 mai 2021) | B | 3 | Non |
| Catégorie dans la Loi de Santé Animale Européenne | (RÈGLEMENT D'EXECUTION (UE) 2018/1882 DE LA COMMISSION - du 3 décembre 2018) + (RÈGLEMENT (UE) 2016/429 DU PARLEMENT EUROPÉEN ET DU CONSEIL - du 9 mars 2016) | B + E | 3 | Non listé |
| Liste WAHIS | https://wahis.oie.int/#/dashboards/country-or-disease-dashboard | B | 3 | Oui |
| Appartient à la liste WAHIS des maladies émergentes | https://www.woah.org/fr/ce-que-nous-faisons/sante-et-bien-etre-animale/maladies-animales/?_alphabet=R | B | 3 | Oui |
| Appartient à la liste WAHIS des maladies affectant la faune sauvage | https://www.woah.org/fr/ce-que-nous-faisons/sante-et-bien-etre-animale/maladies-animales/?_alphabet=R | B | 3 | Oui |
| Liste OMSA | (Miller, Gray, Storfer 2011) + (Herath, Ellepola, Meegaskumbura 2021) + (Gray, Miller, Hoverman 2009) + (Black, Meredith, Price 2017b) + (Schloegel et al. 2010a) | 5 articles : 2009, 2010, 2011, 2017 et 2021 = sources différentes ==> B + E | 3 | Oui |

Annexe 5 : Tableau des critères complété des agents pathogènes du genre *Alloherpesvirus*

| | Références bibliographiques | Informations complémentaires (Origine : B = Bibliographie et/ou E = Experts) | Certitude (0 = inconnu ou variable dans le temps ou selon les espèces, 1 = connaissances éparses, 2 = connaissance partielle, 3 = connaissance bonne) | Note |
|---|---|--|---|------------------|
| 1: CARACTERISTIQUES DU DANGER DANS LA FAUNE SAUVAGE | | | | |
| Transmissibilité entre individus d'une même population | (Boutier et al. 2021) | 1 article : 2021 = 1 source ==> B + E | 0-1 | Faible à moyenne |
| Transmissibilité entre populations sensibles de la même espèce | (Boutier et al. 2021) | 1 article : 2021 = 1 source ==> B + E | 0-1 | Faible à moyenne |
| Capacité d'expansion spatiale vectorielle | | E + B (pas de publication) | 0 | Inconnue |
| Nombre d'espèces sauvages concernées par l'infection (sensibles à la maladie ou participant au maintien de l'infection) | (Origgi et al. 2018) + (Origgi et al. 2017) + (van, Engelsm 2012) + (Origgi et al. 2021) + (Boutier et al. 2021) | 5 articles : 2012, 2017, 2018 et 2021 = sources différentes ==> B + E | 1 | Très faible |
| Persistance de l'agent dans l'environnement | | E + B (pas de publication pour Batrachovirus) | 0 | Inconnue |
| Existence et importance d'un réservoir (sauvage ou domestique) en France métropolitaine quelle que soit la cible | | E + B (pas de publication en France) | 0 | Inconnue |
| Variabilité génétique et phénotypique de l'agent | (Origgi et al. 2018) + (Origgi et al. 2017) + (Licheri, Origgi 2020) + (Van Beurden, Engelsma 2012) + (Boutier et al. 2021) | 3 articles : 2012, 2018 et 2020 = sources différentes ==> B + E | 0-1 | Faible à modérée |
| critère automatique: concerne au moins une espèce à PNA ou IUCN CE | | | | |

| 2: STATUT DE PRESENCE ET DE SURVEILLANCE | | | | |
|---|--|----------------------------|-----|---------------------------------|
| Présence en France métropolitaine | | E + B (pas de publication) | 1-2 | Généralisée à faible prévalence |
| Présence locale | | | | |
| Risque d'introduction en France métropolitaine (pour une maladie non encore présente) | | | | 0 |
| Risque d'introduction locale (pour une maladie non présente) | | | | |
| Présence locale d'un vecteur | | B (pas de publication) | 0 | Inconnue |
| Existence d'une surveillance dans la faune sauvage en France | | E | 2 | Surveillance événementielle |
| Existence d'une surveillance locale | | B (Pas de publication) | 0 | Inconnue |
| Volonté de poursuivre une surveillance locale existante | | | | |

| 3: IMPACT SUR LA SANTE HUMAINE | | | | |
|---|-----------------------|---|---|----------|
| Transmissibilité de l'animal sauvage à l'homme | (Boutier et al. 2021) | E + B (aucune bibliographie qui évoque une possible transmission) | 2 | Nulle |
| Probabilité de survenue d'une transmission à l'homme | | E + B (aucune bibliographie) | 0 | Inconnue |
| Probabilité de transmission alimentaire entre la faune sauvage et l'homme | | E + B (aucune bibliographie) | 0 | Inconnue |
| Conséquence d'une transmission sur la santé humaine | | E + B (aucune bibliographie) | 0 | Inconnue |
| Propagation dans les populations humaines | | E + B (aucune bibliographie) | 0 | Inconnue |
| Accessibilité du diagnostic et traitement chez l'homme | | E + B (aucune bibliographie) | 0 | Inconnue |
| Impact sur la sécurité alimentaire | | E + B (aucune bibliographie) | 0 | Inconnu |

| 4: IMPACT SUR LA SANTE DES ANIMAUX D'ELEVAGE | | | | |
|---|--|----------------------------|-----|----------|
| Transmissibilité entre animaux sauvages et animaux domestiques de rente | | E + B (pas de publication) | 0-1 | Possible |
| Impact de la maladie sur la production des animaux de rente | | E + B (pas de publication) | 0 | Inconnu |
| Proportion d'animaux domestiques atteints ayant un impact clinique ou sur la production | | B (pas de publication) | 0 | Inconnue |
| Durée de l'impact clinique des animaux domestiques | | B (pas de publication) | 0 | Inconnue |

| 5: IMPACT ECONOMIQUE | | | | |
|--|---------------------|---|---|-------------|
| Impact de cas en faune sauvage sur le commerce international lié aux lois existantes | | E + B (pas de publication citant des lois du commerce international concernant cet agent) | 3 | Aucun |
| Impact économique direct (incluant cout de la gestion dans la faune sauvage) | (Origi et al. 2018) | 1 article : 2018 = 1 source ==> B | 2 | Négligeable |
| Impact économique indirect (incluant transmission aux animaux domestiques et impact sur la production) | | E + B (pas de publication) | 0 | Inconnu |

| 6: IMPACT SUR LA SANTE DES ANIMAUX SAUVAGES ET SUR LA CONSERVATION DE LA BIODIVERSITE | | | | |
|---|---|---|-------|----------------------|
| Impact sur la condition, la survie, la reproduction ou la croissance des animaux sauvages atteints | (Origi et al. 2017) + (Origi et al. 2018) + (Licheri, Origi 2020) + (Essbauer, Ahne 2001) | 3 articles : 2017, 2018 et 2020 = Sources différentes ==> B + E | 1 - 2 | Très faible à faible |
| Proportion d'individus atteints ayant un impact clinique, sur la reproduction, la croissance ou la survie | (Origi et al. 2018) | 1 article : 2018 = 1 source ==> B + E (Selon espèces) | 2 | Faible |
| Durée de l'impact clinique des animaux sauvages | | B (pas de publications) | 0 | Inconnue |
| Impact de la gestion dans la population sauvage sur l'écosystème | (Origi et al. 2018) | 1 article : 2018 = 1 source ==> B | 1 | Très faible à faible |

| 7: FAISABILITE DE LA SURVEILLANCE ET DU CONTRÔLE DANS LA FAUNE SAUVAGE | | | | |
|--|--|---|-----|--|
| Faisabilité de la surveillance clinique | (Origi et al. 2017) + (Origi et al. 2018) + (Van Beurden, Engelsma 2012) | 3 articles : 2012, 2017 et 2018 = sources différentes ==> B + E | 2-3 | Moyenne |
| Outils de diagnostic de laboratoire appropriés | (Origi et al. 2017) + (Licheri, Origi 2020) + (Van Beurden, Engelsma 2012) | 3 articles : 2012, 2017 et 2020 = sources différentes ==> B | 3 | Besoin = non, ou besoin = oui et disponibilité = oui et efficacité = oui ? |
| Coût de la surveillance de terrain (financier et organisationnel) | (Origi et al. 2018) + (Origi et al. 2017) | 2 articles : 2017 et 2018 = 2 sources différentes ==> B | 2 | Très faible |
| Possibilité de vaccination ou de traitement de la faune sauvage | (Van Beurden, Engelsma 2012) + (Boutier et al. 2021) | 2 articles : 2012 et 2021 = 2 sources différentes ==> B + E | 2 | Besoin = oui? et disponibilité = non = 0 |
| Possibilité de gestion sanitaire (capture/test/élimination, clôture, tir, modification environnement) | | E + B (pas de publication) | 2 | Besoin = oui? et disponibilité = non = 0 |

| 8: STATUT REGLEMENTAIRE ET INTERNATIONAL | | | | |
|--|---|--|---|-----|
| Danger sanitaire catégorisé en France | (RÈGLEMENT D'EXECUTION (UE) 2018/1882 DE LA COMMISSION - du 3 décembre 2018) | B + E | 3 | Non |
| Maladie humaine à déclaration obligatoire en France | (Article D3113-6 - Code de la santé publique - Légifrance - Liste des maladies à transmission obligatoire de données individuelles à l'autorité sanitaire - Version en vigueur depuis le 13 mai 2021) | B + E | 3 | Non |
| Catégorie dans la Loi de Santé Animale Européenne | (RÈGLEMENT D'EXECUTION (UE) 2018/1882 DE LA COMMISSION - du 3 décembre 2018) + (RÈGLEMENT (UE) 2016/ 429 DU PARLEMENT EUROPÉEN ET DU CONSEIL - du 9 mars 2016) | B + E | 3 | Non |
| Liste WAHIS | https://wahis.oie.int/#/dashboards/country-or-disease-dashboard | B | 3 | Non |
| Appartient à la liste WAHIS des maladies émergentes | https://www.woah.org/fr/ce-que-nous-faisons/sante-et-bien-etre-animale/maladies-animales/?_alphabet=R | B | 3 | Non |
| Appartient à la liste WAHIS des maladies affectant la faune sauvage | https://www.woah.org/fr/ce-que-nous-faisons/sante-et-bien-etre-animale/maladies-animales/?_alphabet=R | B | 3 | Non |
| Liste OMSA | | B (pas de publication indiquant qu'il est dans la liste) | 3 | Non |

Annexe 6 : Tableau des critères complété des agents pathogènes du genre *Brucella*

| | Références bibliographiques | Informations complémentaires (Origine : B = Bibliographie et/ou E = Experts) | Certitude (0 = inconnu ou variable dans le temps ou selon les espèces, 1 = connaissances éparses, 2 = connaissance partielle, 3 = connaissance bonne) | Note |
|---|---|--|---|--------------|
| 1: CARACTERISTIQUES DU DANGER DANS LA FAUNE SAUVAGE | | | | |
| Transmissibilité entre individus d'une même population | (Mühldorfer et al. 2017) + (Al Dahouk et al. 2017) + (Soler-Lloréns et al. 2016) | 3 articles : 2016, 2017 = sources différentes ==> B | 2-3 | Moyenne |
| Transmissibilité entre populations sensibles de la même espèce | (Mühldorfer et al. 2017) + (Al Dahouk et al. 2017) + (Soler-Lloréns et al. 2016) | 3 articles : 2016, 2017 = sources différentes ==> B | 2-3 | Moyenne |
| Capacité d'expansion spatiale vectorielle | | B (Pas de publication) | 0 | Inconnue |
| Nombre d'espèces sauvages concernées par l'infection (sensibles à la maladie ou participant au maintien de l'infection) | | B (Pas de publication donnant un nombre précis) | 0 | Inconnue |
| Persistance de l'agent dans l'environnement | (Jaý et al. 2018) + (Jaý et al. 2020) + (Coloma-Rivero et al. 2021) | 3 articles : 2018, 2020 et 2021 = sources différentes ==> B | 1 - 2 | Moyenne |
| Existence et importance d'un réservoir (sauvage ou domestique) en France métropolitaine quelle que soit la cible | (Mühldorfer et al. 2017) + (Jaý et al. 2018) + (Jaý et al. 2020) + (Latheef et al. 2020) | 4 articles : 2017, 2018 et 2020 = sources différentes ==> B | 2-3 | Significatif |
| Variabilité génétique et phénotypique de l'agent | (Mühldorfer et al. 2017) + (Al Dahouk et al. 2017) + (Scholz et al. 2016) + (Coloma-Rivero et al. 2021) | 4 articles : 2016, 2017 et 2021 = sources différentes ==> B | 1 - 2 | Elevée |
| critère automatique: concerne au moins une espèce à PNA ou IUCN CE | | | | |

| 2: STATUT DE PRESENCE ET DE SURVEILLANCE | | | | |
|---|-------------------|-----------------------------------|---|--|
| Présence en France métropolitaine | | B (pas de publication) | 0 | Inconnue |
| Présence locale | | | | |
| Risque d'introduction en France métropolitaine (pour une maladie non encore présente) | (Jaý et al. 2020) | 1 article : 2020 = 1 source ==> B | 1 | modéré à élevé |
| Risque d'introduction locale (pour une maladie non présente) | | | | |
| Présence locale d'un vecteur | | B (Pas de publication) | 0 | Inconnue |
| Existence d'une surveillance dans la faune sauvage en France | (Jaý et al. 2018) | 1 article : 2018 = 1 source ==> B | 2 | Surveillance événementielle ponctuelle |
| Existence d'une surveillance locale | | B (Pas de publication) | 0 | Inconnue |
| Volonté de poursuivre une surveillance locale existante | | | | |

| 3: IMPACT SUR LA SANTE HUMAINE | | | | |
|---|---|---|-----|-------------------|
| Transmissibilité de l'animal sauvage à l'homme | (Rouzic et al. 2021) + (Mühdorfer et al. 2017) + (Al Dahouk et al. 2017) + (Soler-Lloréns et al. 2016) + (Scholz et al. 2016) + (Jaÿ et al. 2020) + (Latheef et al. 2020) | 7 articles : 2016, 2017, 2020 et 2021 = sources différentes ==> B | 2-3 | Moyenne |
| Probabilité de survenue d'une transmission à l'homme | | B (Pas de publication) | 0 | Inconnue |
| Probabilité de transmission alimentaire entre la faune sauvage et l'homme | (Mühdorfer et al. 2017) + (Jaÿ et al. 2020) | 2 articles : 2017 et 2020 = sources différentes ==> B | 1 | Faible à moyenne |
| Conséquence d'une transmission sur la santé humaine | (Rouzic et al. 2021) + (Soler-Lloréns et al. 2016) + (Jaÿ et al. 2020) | 3 articles : 2016, 2020 et 2021 = sources différentes ==> B | 1 | Faible à sérieuse |
| Propagation dans les populations humaines | | B (Pas de publication) | 0 | Négligeable |
| Accessibilité du diagnostic et traitement chez l'homme | (Rouzic et al. 2021) | 1 article : 2021 = 1 source ==> B | 1 | Moyenne |
| Impact sur la sécurité alimentaire | | B (Pas de publication) | 0 | Nul |

| 4: IMPACT SUR LA SANTE DES ANIMAUX D'ELEVAGE | | | | |
|---|-------------------|-----------------------------------|-----|---------------------|
| Transmissibilité entre animaux sauvages et animaux domestiques de rente | | B (Pas de publication) | 0-1 | Possible |
| Impact de la maladie sur la production des animaux de rente | (Jaÿ et al. 2020) | 1 article : 2020 = 1 source ==> B | 0-1 | Aucun à très faible |
| Proportion d'animaux domestiques atteints ayant un impact clinique ou sur la production | | B (Pas de publication) | 0 | Inconnue |
| Durée de l'impact clinique des animaux domestiques | | B (Pas de publication) | 0 | Inconnue |

| 5: IMPACT ECONOMIQUE | | | | |
|--|-------------------|---|-----|---------------------|
| Impact de cas en faune sauvage sur le commerce international lié aux lois existantes | | B (pas de publication citant des lois du commerce international concernant cet agent) | 3 | Aucun |
| Impact économique direct (incluant cout de la gestion dans la faune sauvage) | | B (pas de publication) | 0 | Inconnu |
| Impact économique indirect (incluant transmission aux animaux domestiques et impact sur la production) | (Jay et al. 2020) | 1 article : 2020 = 1 source ==> B | 0-1 | Aucun à très faible |

| 6: IMPACT SUR LA SANTE DES ANIMAUX SAUVAGES ET SUR LA CONSERVATION DE LA BIODIVERSITE | | | | |
|---|--|---|-----|-------------|
| Impact sur la condition, la survie, la reproduction ou la croissance des animaux sauvages atteints | (Mühldorfer et al. 2017) + (Latheef et al. 2020) | 2 articles : 2017, 2020 = sources différentes ==> B | 2 | Moyen |
| Proportion d'individus atteints ayant un impact clinique, sur la reproduction, la croissance ou la survie | | B (Pas de publication) | 0 | Inconnue |
| Durée de l'impact clinique des animaux sauvages | (Latheef et al. 2020) | 1 article : 2020 = 1 source ==> B | 0-1 | Moyen terme |
| Impact de la gestion dans la population sauvage sur l'écosystème | (Mühldorfer et al. 2017) | 1 article : 2017 = 1 source ==> B | 0-1 | Faible |

| 7: FAISABILITE DE LA SURVEILLANCE ET DU CONTRÔLE DANS LA FAUNE SAUVAGE | | | | |
|--|--|---|-----|---|
| Faisabilité de la surveillance clinique | (Jaý et al. 2020) + (Latheef et al. 2020) | 2 articles : 2020 = sources différentes ==> B | 2 | Mauvaise |
| Outils de diagnostic de laboratoire appropriés | (Mühldorfer et al. 2017) + (Al Dahouk et al. 2017) + (Soler-Lloréns et al. 2016) + (Jaý et al. 2018) | 4 articles : 2016, 2017 et 2018 = sources différentes ==> B | 2 | Besoin = non, ou besoin = oui et disponibilité = oui, difficilement accessible et efficacité = oui ou Besoin = oui et disponibilité = oui, outils peu fiables et amélioration des outils possible = oui |
| Coût de la surveillance de terrain (financier et organisationnel) | (Jaý et al. 2020) + (Jaý et al. 2018) + (Al Dahouk et al. 2017) | 3 articles : 2017, 2018 et 2020 = 3 sources différentes ==> B | 1 | Moyen |
| Possibilité de vaccination ou de traitement de la faune sauvage | (Jaý et al. 2018) + (Latheef et al. 2020) + (Coloma-Rivero et al. 2021) | 3 articles : 2018, 2020 et 2021 = sources différentes ==> B | 1 | Besoin = oui et disponibilité = non et possibilité de mise au point = oui ou disponibilité = oui, outils peu fiables et amélioration des outils possible = oui |
| Possibilité de gestion sanitaire (capture/test/élimination, clôture, tir, modification environnement) | (Jaý et al. 2020) | 1 article : 2020 = 1 source ==> B | 0-1 | Besoin = oui et disponibilité = non et possibilité de mise au point = oui |

| 8: STATUT REGLEMENTAIRE ET INTERNATIONAL | | | | |
|--|---|--|---|-----|
| Danger sanitaire catégorisé en France | (RÈGLEMENT D'EXECUTION (UE) 2018/1882 DE LA COMMISSION - du 3 décembre 2018) | B | 3 | Non |
| Maladie humaine à déclaration obligatoire en France | (Article D3113-6 - Code de la santé publique - Légifrance - Liste des maladies à transmission obligatoire de données individuelles à l'autorité sanitaire - Version en vigueur depuis le 13 mai 2021) | B (pas la Brucellose des amphibiens) | 3 | Non |
| Catégorie dans la Loi de Santé Animale Européenne | (RÈGLEMENT D'EXECUTION (UE) 2018/1882 DE LA COMMISSION - du 3 décembre 2018) + (RÈGLEMENT (UE) 2016/ 429 DU PARLEMENT EUROPÉEN ET DU CONSEIL - du 9 mars 2016) | B | 3 | Non |
| Liste WAHIS | https://wahis.oie.int/#/dashboards/country-or-disease-dashboard | B | 3 | Non |
| Appartient à la liste WAHIS des maladies émergentes | https://www.woah.org/fr/ce-que-nous-faisons/sante-et-bien-etre-animale/maladies-animales/?_alpha=beta=R | B | 3 | Non |
| Appartient à la liste WAHIS des maladies affectant la faune sauvage | https://www.woah.org/fr/ce-que-nous-faisons/sante-et-bien-etre-animale/maladies-animales/?_alpha=beta=R | B | 3 | Non |
| Liste OMSA | | B (pas de publication indiquant qu'il est dans la liste) | 3 | Non |

Annexe 7 : Tableau des critères complété des agents pathogènes du genre *Mycobacterium*

| | Références bibliographiques | Informations complémentaires (Origine : B = Bibliographie et/ou E = Experts) | Certitude (0 = inconnu ou variable dans le temps ou selon les espèces, 1 = connaissances éparses, 2 = connaissance partielle, 3 = connaissance bonne) | Note |
|---|---|--|---|--------------|
| 1: CARACTERISTIQUES DU DANGER DANS LA FAUNE SAUVAGE | | | | |
| Transmissibilité entre individus d'une même population | (Martinho, Heatley 2012) + (Willson et al. 2013) + (Reavill, Schmidt 2012) + (Ikuta et al. 2018) + (Miller, Fowler, Fowler 2012) + (Mader, Divers 2019) | 4 articles : 2012, 2013 et 2018 = sources différentes ==> B (+ 2 livres) | 2-3 | Moyenne |
| Transmissibilité entre populations sensibles de la même espèce | (Martinho, Heatley 2012) + (Willson et al. 2013) + (Reavill, Schmidt 2012) + (Ikuta et al. 2018) + (Miller, Fowler, Fowler 2012) | 4 articles : 2012, 2013 et 2018 = sources différentes ==> B (+ 1 livre) | 2-3 | Moyenne |
| Capacité d'expansion spatiale vectorielle | (Reavill, Schmidt 2012) + (Miller, Fowler, Fowler 2012) | 1 article : 2012 = 1 source ==> B (+ 1 livre) | 0-1 | Faible |
| Nombre d'espèces sauvages concernées par l'infection (sensibles à la maladie ou participant au maintien de l'infection) | (Trott et al. 2004) + (Densmore, Green 2007) + (Li et al. 2017) + (Miller, Fowler, Fowler 2012) | 3 article : 2004, 2007 et 2017 = Sources différentes ==> B (+ 1 livre) | 3 | Elevé |
| Persistence de l'agent dans l'environnement | (Miller, Fowler, Fowler 2012) + (Mader, Divers 2019) | B (2 livres) | 0-1 | Moyenne |
| Existence et importance d'un réservoir (sauvage ou domestique) en France métropolitaine quelle que soit la cible | (Willson et al. 2013) + (Miller, Fowler, Fowler 2012) + (Mader, Divers 2019) | 1 article : 2013 = 1 source ==> B (+ 2 livres) | 1-2 | Significatif |
| Variabilité génétique et phénotypique de l'agent | (Trott et al. 2004) | 1 article : 2004 = 1 source ==> B | 0-1 | Modérée |
| critère automatique: concerne au moins une espèce à PNA ou IUCN CE | | | | |

| 2: STATUT DE PRESENCE ET DE SURVEILLANCE | | | | |
|--|--|------------------------|---|----------|
| Présence en France métropolitaine | | B (pas de publication) | 0 | Inconnue |
| Présence locale | | | | |
| Risque d'introduction en France métropolitaine (pour une maladie non encore présente) | | B (pas de publication) | 0 | Inconnu |
| Risque d'introduction locale (pour une maladie non présente) | | | | |
| Présence locale d'un vecteur | | B (pas de publication) | 0 | Inconnue |
| Existence d'une surveillance dans la faune sauvage en France | | B (pas de publication) | 0 | Inconnue |
| Existence d'une surveillance locale | | B (pas de publication) | 0 | Inconnue |
| Volonté de poursuivre une surveillance locale existante | | | | |

| 3: IMPACT SUR LA SANTE HUMAINE | | | | |
|--|---|---|-----|----------|
| Transmissibilité de l'animal sauvage à l'homme | (Martinho, Heatley 2012) + (Willson et al. 2013) + (Miller, Fowler, Fowler 2012) + (Mader, Divers 2019) | 2 articles : 2012, 2013 = sources différentes ==> B (+ 2 livres) | 2 | Moyenne |
| Probabilité de survenue d'une transmission à l'homme | | B (Pas de publication) | 0 | Inconnue |
| Probabilité de transmission alimentaire entre la faune sauvage et l'homme | | B (Pas de publication) | 0 | Inconnue |
| Conséquence d'une transmission sur la santé humaine | (Martinho, Heatley 2012) + (Willson et al. 2013) + (Reavill, Schmidt 2012) + (Li et al. 2017) + (Miller, Fowler, Fowler 2012) | 4 articles : 2012, 2013 et 2017 = sources différentes ==> B (+ 1 livre) | 2-3 | Sérieuse |
| Propagation dans les populations humaines | | B (Pas de publication) | 0 | Inconnue |
| Accessibilité du diagnostic et traitement chez l'homme | | B (Pas de publication) | 0 | Inconnue |
| Impact sur la sécurité alimentaire | | B (Pas de publication) | 0 | Nul |

| 4: IMPACT SUR LA SANTE DES ANIMAUX D'ELEVAGE | | | | |
|--|--|------------------------|-----|----------|
| Transmissibilité entre animaux sauvages et animaux domestiques de rente | | B (Pas de publication) | 0-1 | Possible |
| Impact de la maladie sur la production des animaux de rente | | B (Pas de publication) | 0 | Inconnu |
| Proportion d'animaux domestiques atteints ayant un impact clinique ou sur la production | | B (Pas de publication) | 0 | Inconnu |
| Durée de l'impact clinique des animaux domestiques | | B (Pas de publication) | 0 | Inconnu |

| 5: IMPACT ECONOMIQUE | | | | |
|--|--|--|---|---------|
| Impact de cas en faune sauvage sur le commerce international lié aux lois existantes | | B (pas de publication citant des lois du commerce international concernant cet agent) | 3 | Aucun |
| Impact économique direct (incluant cout de la gestion dans la faune sauvage) | | B (Pas de publication) | 0 | Inconnu |
| Impact économique indirect (incluant transmission aux animaux domestiques et impact sur la production) | | B (pas de publication sur la transmission aux animaux domestiques, des mesures mises en place ou d'un impact dans la production, concernant cet agent) | 3 | Aucun |

| 6: IMPACT SUR LA SANTE DES ANIMAUX SAUVAGES ET SUR LA CONSERVATION DE LA BIODIVERSITE | | | | |
|---|--|--|-----|----------------------|
| Impact sur la condition, la survie, la reproduction ou la croissance des animaux sauvages atteints | (Martinho, Heatley 2012) + (Reavill, Schmidt 2012) + (Trott et al. 2004) + (Li et al. 2017) + (Miller, Fowler, Fowler 2012) + (Mader, Divers 2019) | 4 articles : 2004, 2012 et 2017 = sources différentes ==> B (+ 2 livres) (Dépend de l'espèce bactérienne et de l'immunocompétence de l'hôte) | 2 | Aucun à moyen |
| Proportion d'individus atteints ayant un impact clinique, sur la reproduction, la croissance ou la survie | (Martinho, Heatley 2012) + (Reavill, Schmidt 2012) + (Miller, Fowler, Fowler 2012) | 2 articles : 2012 = sources différentes ==> B (+ 1 livre) (Dépend de l'espèce bactérienne et de l'immunocompétence de l'hôte) | 1 | Nulle à Elevée |
| Durée de l'impact clinique des animaux sauvages | | B (Pas de publication) | 0 | Inconnue |
| Impact de la gestion dans la population sauvage sur l'écosystème | (Miller, Fowler, Fowler 2012) + (Mader, Divers 2019) | B (2 livres) (Dépend de l'espèce bactérienne et de l'immunocompétence de l'hôte) | 0-1 | Très faible à modéré |

| 7: FAISABILITE DE LA SURVEILLANCE ET DU CONTRÔLE DANS LA FAUNE SAUVAGE | | | | |
|--|--|---|-------|---|
| Faisabilité de la surveillance clinique | (Martinho, Heatley 2012) + (Reavill, Schmidt 2012) + (Miller, Fowler, Fowler 2012) | 2 articles : 2012 = sources différentes ==> B (+ 1 livre) | 2 - 3 | Mauvaise |
| Outils de diagnostic de laboratoire appropriés | (Martinho, Heatley 2012) + (Willson et al. 2013) + (Reavill, Schmidt 2012) + (Trott et al. 2004) + (Miller, Fowler, Fowler 2012) | 4 articles : 2004, 2012, 2013 = sources différentes ==> B (+ 1 livre) | 2 | Besoin = non, ou besoin = oui et disponibilité = oui et efficacité = oui/outils parfois peu fiables et amélioration des outils possible = oui |
| Coût de la surveillance de terrain (financier et organisationnel) | (Martinho, Heatley 2012) | 1 article : 2012 = 1 source ==> B | 1 | Moyen |
| Possibilité de vaccination ou de traitement de la faune sauvage | (Martinho, Heatley 2012) + (Reavill, Schmidt 2012) + (Trott et al. 2004) + (Miller, Fowler, Fowler 2012) + (Mader, Divers 2019) | 2 articles : 2012 = sources différentes ==> B (+ 2 livres) | 2 | Besoin = oui et disponibilité = non = 0 |
| Possibilité de gestion sanitaire (capture/test/élimination, clôture, tir, modification environnement) | (Martinho, Heatley 2012) + (Reavill, Schmidt 2012) + (Trott et al. 2004) + (Mader, Divers 2019) | 3 articles : 2004, 2012 = sources différentes ==> B (+ 1 livre) | 2 | Besoin = oui et disponibilité = non = 0 ou disponibilité = oui, outils peu efficaces et amélioration des outils possible = oui ? |

| 8: STATUT REGLEMENTAIRE ET INTERNATIONAL | | | | |
|---|---|--|---|-----|
| Danger sanitaire catégorisé en France | (RÈGLEMENT D'EXECUTION (UE) 2018/1882 DE LA COMMISSION - du 3 décembre 2018) | B | 3 | Non |
| Maladie humaine à déclaration obligatoire en France | (Article D3113-6 - Code de la santé publique - Légifrance - Liste des maladies à transmission obligatoire de données individuelles à l'autorité sanitaire - Version en vigueur depuis le 13 mai 2021) | B | 3 | Non |
| Catégorie dans la Loi de Santé Animale Européenne | (RÈGLEMENT D'EXECUTION (UE) 2018/1882 DE LA COMMISSION - du 3 décembre 2018) + (RÈGLEMENT (UE) 2016/ 429 DU PARLEMENT EUROPÉEN ET DU CONSEIL - du 9 mars 2016) | B | 3 | Non |
| Liste WAHIS | https://wahis.oie.int/#/dashboards/country-or-disease-dashboard | B | 3 | Non |
| Appartient à la liste WAHIS des maladies émergentes | https://www.woah.org/fr/ce-que-nous-faisons/sante-et-bien-etre-animale/maladies-animales/?_alphabet=R | B | 3 | Non |
| Appartient à la liste WAHIS des maladies affectant la faune sauvage | https://www.woah.org/fr/ce-que-nous-faisons/sante-et-bien-etre-animale/maladies-animales/?_alphabet=R | B | 3 | Non |
| Liste OMSA | | B (pas de publication indiquant qu'il est dans la liste) | 3 | Non |

Hierarchisation des enjeux sanitaires des amphibiens dans les espaces protégés en France

Les amphibiens subissent un déclin majeur et rapide de leurs populations à travers le monde. Des agents pathogènes sont l'une des causes principales de ce déclin et les maladies infectieuses émergentes sont des enjeux sanitaires majeurs pour les amphibiens en France. Le système de surveillance sanitaire déjà en place dans les Parcs Nationaux en France n'est plus capable de répondre correctement à ces nouveaux enjeux. Pour permettre la conservation des amphibiens, un projet d'amélioration de la surveillance sanitaire a ainsi été mis en place. Nous avons participé à ce projet en renseignant une base de données sur les agents pathogènes affectant les amphibiens et en fournissant une liste de critères permettant de hiérarchiser les maladies dont ils sont responsables. Cette liste permet d'optimiser l'utilisation des connaissances disponibles et d'orienter les ressources vers les dangers prioritaires pour la conservation des amphibiens. Cette étude met aussi en évidence les limites de ce projet et les points d'amélioration possibles.

Mots clés : *Amphibiens, Déclin, Enjeux sanitaires, Agents pathogènes, Maladies, Base de données, Hiérarchisation, Système de surveillance, Parc National, Conservation*

Prioritization of health issues for amphibians in protected areas in France

Amphibian's populations are going through a huge and fast decline worldwide. Pathogens are one of the main causes of this decline, and emerging infectious diseases are major health issues for amphibians in France. The health monitoring system already in place in French National Parks is no longer able to meet properly these new challenges. To ensure the conservation of amphibian's diversity, a project aiming at improving this health monitoring system has been set up. We participated in this project by filling in a database of pathogens affecting amphibians and by providing a list of criteria in order to prioritize the diseases they cause. This list will allow to optimize the use of the available knowledge and to direct resources towards the priority conservation hazards of amphibians. This study also highlights the limits of this project and the possibilities for improvement.

Keywords : *Amphibians, Decline, Health issues, Pathogens, Diseases, Database, Prioritization, Health monitoring system, National Park, Conservation*