



HAL
open science

Quantification et caractérisation de l'avifaune sauvage et de ses interactions autour d'un élevage plein air de canards du sud-ouest de la France

Pierre Fiévet

► To cite this version:

Pierre Fiévet. Quantification et caractérisation de l'avifaune sauvage et de ses interactions autour d'un élevage plein air de canards du sud-ouest de la France. Médecine vétérinaire et santé animale. 2023. dumas-04468649

HAL Id: dumas-04468649

<https://dumas.ccsd.cnrs.fr/dumas-04468649>

Submitted on 20 Feb 2024

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.

ANNEE 2023 THESE : 2023 – TOU 3 – 4072

QUANTIFICATION ET CARACTERISATION DE L'AVIFAUNE SAUVAGE ET DE SES INTERACTIONS AUTOUR D'UN ELEVAGE PLEIN AIR DE CANARDS DU SUD-OUEST DE LA 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

FIEVET Pierre, Camille, Yvon

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. Jean-Luc GUERIN

Maître de Conférences à l'Ecole Nationale Vétérinaire de TOULOUSE

Professeur à l'Ecole Nationale Vétérinaire de TOULOUSE

MEMBRE INVITEE :

Mme Chloé LE GALL-LADEVEZE

Docteure Vétérinaire à l'Ecole Nationale Vétérinaire de TOULOUSE



MINISTÈRE
DE L'AGRICULTURE
ET DE LA SOUVERAINETÉ
ALIMENTAIRE

*Liberté
Égalité
Fraternité*



Thèse n°

2023 – TOU 3 – 4072

*Thèse d'exercice pour l'obtention du diplôme d'État de
Docteur vétérinaire*

Soutenue par

Pierre, Camille, Yvon FIEVET

**Quantification et caractérisation de l'avifaune
sauvage et de ses interactions autour d'un élevage
plein air de canards du Sud Ouest de la France**

Directeur de thèse : Guillaume LELOC'H

Président du Jury : Christophe PASQUIER

Assesseur : Jean-Luc GUERIN

Membre invité : Chloé LE GALL-LADAVEZE

**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. **BAILLY Jean-Denis**, *Hygiène et industrie des aliments*
- M. **BERTAGNOLI Stéphane**, *Pathologie infectieuse*
- M. **BOUSQUET-MELOU Alain**, *Pharmacologie, thérapeutique*
- M. **BRUGERE Hubert**, *Hygiène et industrie des aliments d'origine animale*
- M. **CONCORDET Didier**, *Mathématiques, statistiques, modélisation*
- M. **DELVERDIER Maxence**, *Anatomie pathologique*
- M. **FOUCRAS Gilles**, *Pathologie des ruminants*
- Mme **GAYRARD-TROY Véronique**, *Physiologie de la reproduction, endocrinologie*
- M. **GUERIN Jean-Luc**, *Aviculture et pathologie aviaire*
- 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

- Mme **BOULLIER Séverine**, *Immunologie générale et médicale*
- Mme **BOURGES-ABELLA Nathalie**, *Histologie, anatomie pathologique*
- Mme **CADIERGUES Marie-Christine**, *Dermatologie vétérinaire*
- M. **DUCOS Alain**, *Zootecnie*
- M. **GUERRE Philippe**, *Pharmacie et toxicologie*
- 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*
- Mme **MEYNADIER Annabelle**, *Alimentation animale*

PROFESSEURS 2^{ème} CLASSE

- Mme **CAMUS Christelle**, *Biologie cellulaire et moléculaire*
- M. **CORBIERE Fabien**, *Pathologie des ruminants*
- Mme **DIQUELOU Armelle**, *Pathologie médicale des équidés et des carnivores*
- M. **MATHON Didier**, *Pathologie chirurgicale*
- M. **MOGICATO Giovanni**, *Anatomie, imagerie médicale*
- M. **NOUVEL Laurent**, *Pathologie de la reproduction*
- Mme **PAUL Mathilde**, *Epidémiologie, gestion de la santé des élevages avicoles*
- 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*
M. **JAEG Jean-Philippe**, *Pharmacie et toxicologie*
M. **LYAZRHI Faouzi**, *Statistiques biologiques et mathématiques*
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. **COMBARROS Daniel**, *Dermatologie vétérinaire*
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*
M. **FUSADE-BOYER**, *Microbiologie et infectiologie*
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. **VERGNE Timothée**, *Santé publique vétérinaire, maladies animales règlementées*
Mme **WASET-SZKUTA Agnès**, *Production et pathologie porcine*

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 **DIDIER Caroline**, *Anesthésie, analgésie*
M. **DELPONT Mattias**, *Clinique Aviaire*
Mme **DUPOUY GUIRAUTE Véronique**, *Innovations thérapeutiques et résistances*
Mme **GAILLARD Elodie**, *Urgences, soins intensifs*
Mme **GEFFRE Anne**, *Biologie médicale animale et comparée*
Mme **GRISEZ Christelle**, *Parasitologie et maladies parasitaires*
Mme **JEUNESSE Elisabeth**, *Bonnes pratiques de laboratoire*
Mme **LAYSSOL-LAMOUR Catherine**, *Imagerie Médicale*
Mme **POUJADE Agnès**, *Anatomie pathologique Vétérinaire*
Mme **PRESSANTI Charline**, *Dermatologie vétérinaire*
M. **RAMON PORTUGAL Felipe**, *Innovations thérapeutiques et résistances*
M. **REYNOLDS Brice**, *Médecine interne des animaux de compagnie*
Mme **ROUCH BUCK Pétra**, *Médecine préventive*
Mme **SAADA Chloé**, *Gestion intégrée de la santé des ruminants*

Remerciements

De chaleureux remerciements sont adressés à M. Christophe PASQUIER, Président du jury d'avoir accepté ce rôle et la charge de diriger l'évaluation de ce travail.

Il est de circonstance de remercier également Guillaume LELOC'H, membre du jury et directeur de thèse assidu dans le suivi du projet.

Merci également à Jean-Luc GUERIN d'avoir accepté de rendre le jury complet pour la soutenance de cette thèse d'exercice.

Julien CAPELLE a également toute ma gratitude. En sa qualité de chercheur en unité animale pour la gestion intégrée des risques au sein du CIRAD, il a activement participé à l'élaboration des différents protocoles. Son expertise a été très précieuse.

Un grand merci à Chloé LEGALL-LADAVEZE, qui a d'abord accepté d'intégrer mes données à son travail et ensuite écrit un article d'une grande qualité que j'espère mettre en valeur dans cette thèse d'exercice.

Un dernier remerciement à tous les amis, membres de la famille et collègues qui ont soutenu ce travail.

Table des matières

Table des figures	9
Liste des abréviations	11
Introduction	13
Étude bibliographique	15
I. Le virus de l'influenza A aviaire : un agent pathogène d'intérêt dans la caractérisation d'une interface avec un élevage de canards pour foie gras dans le Sud Ouest de la France	15
a. Structure et variabilité.....	15
b. Signes cliniques et modes de transmission	15
c. Historique des vagues d'influenza aviaire	17
d. Écologie des VIA.....	19
e. Sensibilité des espèces d'oiseaux non classiquement réservoirs.....	23
II. Caractérisation des interfaces entre l'avifaune sauvage et les exploitations avicoles plein air : quelques méthodes et résultats	25
a. Un travail bibliographique : l'étude des interfaces grâce aux bases de données ornithologiques.....	25
b. Le suivi GPS et la télémétrie : réponse à des problématiques de grandes échelles.....	26
c. La capture d'images photos et vidéos : méthode et résultats	26
d. Une méthode d'étude des interfaces entre les élevages avicoles et les espèces péri-domestiques : l'observation directe et la confection de réseau de contact	27
Matériels et méthodes	29
Quantification et caractérisation de l'avifaune sauvage et de ses interactions autour d'un élevage plein air de canards du Sud Ouest de la France	33
Discussion	49
Conclusion	57
Bibliographie	59
Annexe 1 : Tableau « fiche de relevés »	65
Annexe 2 : Taxonomie de la Bergeronnette grise (<i>Motacilla alba</i>) et répartition géographique des sous-espèces	67
Annexe 3 : critères de diagnose de <i>Motacilla alba</i>	68

Table des figures

FIGURE 1 : PLANISPHERES REPRESENTANT LES PRINCIPAUX COULOIRS MIGRATOIRES DES OISEAUX SAUVAGES. (OLSEN ET AL. 2006)	20
FIGURE 2 : SCHÉMA REPRESENTANT LES DIFFÉRENTS MODES DE TRANSMISSION D'UN VIRUS D'UN RÉSERVOIR VERS UNE ESPÈCE CIBLE (CARON ET AL. 2015)	22
FIGURE 3 : VUE AÉRIENNE SCHÉMATIQUE DE LA FERME DE LA PATTE D'OIE (LE GALL-LADEVEZE ET AL. 2022).....	30
FIGURE 4 : PLANISPHÈRE DE LA REPARTITION GÉOGRAPHIQUE DES ZONES DE NICHÉES DES SOUS-ESPECES DE <i>MOTACILLA ALBA</i> (SEMENOV ET AL. 2018)	67
FIGURE 5 : PHOTOGRAPHIE PERSONNELLE D'UNE ILLUSTRATION DU GUIDE ORNITHO PAR K.MULLARNEY (KILLIAN ET AL. 2009)	68

Liste des abréviations

CIRAD : Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement

FP : Faiblement pathogène

HA : Hémagglutinine

HP : Hautement pathogène

IA : Influenza aviaire

IAFP : Influenza aviaire faiblement pathogène

IAHP : Influenza aviaire hautement pathogène

IPIV : Index de pathogénicité intraveineuse

NA : Neuraminidase

UMR IHAP : Unité mixte de recherche Interaction Hôte-Agent pathogène

VIA : Virus influenza aviaire

Introduction

La mondialisation a eu des conséquences sur notre façon de commercer et de se déplacer. Les échanges se déroulent plus vite et les transports d'hommes ou de marchandises s'effectuent sur de plus longues distances. Au-delà d'avoir un effet bénéfique sur la croissance, elle a de lourds impacts sanitaires. Le déplacement, volontaire ou involontaire, de matériel infectieux ou de leur vecteur engendre des épidémies nouvelles. Ajouté à des pratiques traditionnelles et non respectueuses de la biosécurité, certains agents pathogènes franchissent alors les barrières interspécifiques et deviennent responsables de maladies humaines. Plusieurs crises sanitaires ont ainsi été observées ces dernières années, notamment causées par les virus influenza aviaire hautement pathogène (IAHP). Les implications économiques de l'IAHP, en santé humaine ainsi qu'en santé animale sont plus à décrire. Les vagues successives de la maladie en Europe ont eu des conséquences catastrophiques dans les élevages de volailles du nord Est du continent jusque dans le Sud Ouest de la France. Ces enjeux sont certes anciens mais l'épidémiologie inédite de l'IAHP lors des récentes épizooties soulèvent des problématiques tout à fait contemporaines. Celle de la période 2021-2023 a présenté une répartition, un nombre d'espèces affectées et d'animaux morts plus grands encore que lors des précédentes. Et, une fois de plus, la France, a été particulièrement touchée avec six millions d'oiseaux abattus dont une majorité de canards de la filière foie gras du Sud Ouest (European Food Safety Authority, European Centre for Disease Prevention, Control, European Union Reference Laboratory for Avian Influenza et al. 2022). Ces récentes crises poussent donc à comprendre plus urgemment les mécanismes de transmission des virus de l'influenza aviaire (IA) pour être plus efficace dans la surveillance et l'anticipation des foyers.

Il est connu que le réservoir principal des virus IA - au moins faiblement pathogène - sont les oiseaux des ordres des Ansériformes et Charadriiformes (*Laridae* en particulier). Cela est compatible avec une transmission du virus sur des longues distances via les couloirs de migration mais cela explique assez mal l'introduction du virus dans les élevages - ceux de canards plein air du Sud-ouest notamment. En effet, si les oiseaux des espèces réservoirs passent au-dessus des élevages de volailles lors de leurs mouvements migratoires, ils descendent assez rarement directement sur les parcours (Gotteland, Lubac, Bicout 2009; Caron et al. 2014). Les points d'eau constituent des escales bien plus intéressantes en

ressources que les parcours des exploitations plein air. Le concept d'espèce relais a été avancé pour fournir une partie d'explication à la transmission entre des populations réservoirs des populations cibles, souvent domestiques (Veen et al. 2007). Elle est décrite comme une population capable de porter un agent pathogène, mécaniquement ou biologiquement sans nécessairement être capable de le maintenir en son sein, et susceptible d'être en contact avec des populations réservoirs et les populations cibles et dont la rencontre résulte en une transmission de cet agent pathogène. Cette définition rend difficile la mise en évidence du rôle d'hôte relais pour une population. Mais la superposition des données épidémiologiques et écologiques peuvent tendre à supposer ce rôle pour des espèces, comme par exemple dans le cas de l'IAHP et du sud-ouest de la France, le Héron garde-bœuf (*Bubulcus ibis*), la Bergeronnette grise (*Motacilla alba*) et le Moineau domestique (*Passer domesticus*) (Caron et al. 2015; Veen et al. 2007; Bicout et al. 2011). Afin d'explorer cette hypothèse, une étude a été menée pour établir le réseau de contacts entre espèces aviaires autour d'un élevage plein air de canards de foie gras du Sud-ouest de la France.

Cette thèse d'exercice vétérinaire s'est ancrée dans le travail de thèse universitaire de Chloé Le Gall-Ladavèze, projet réalisé dans le cadre du projet AI-TRACK financé par la région Occitanie et l'Europe. Il a été supervisé conjointement par le Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement (CIRAD) et l'UMR IHAP de l'École nationale vétérinaire de Toulouse (ENVT). Elle apporte des éléments de compréhension de l'épidémiologie de l'IA dans les élevages de canards du Sud-ouest et a fait l'objet d'une publication dans Scientific Reports en juin 2022. Cet article constitue le corps du travail présenté ici.

Étude bibliographique

I. Le virus de l'influenza A aviaire : un agent pathogène d'intérêt dans la caractérisation d'une interface avec un élevage de canards pour foie gras dans le Sud Ouest de la France

a. Structure et variabilité

Les virus influenza sont des virus à ARN négatif de la famille des *Orthomyxoviridae*. Les virus influenza aviaire (VIA) appartiennent à l'espèce *Alphainfluenzavirus influenzae*. Au sein des *Orthomyxoviridae*, ils se différencient des autres genres grâce à l'aspect des virions mais surtout grâce à leur nucléoplasme et leur matrice. Les VIA sont eux même divisés en sous-types selon la combinaison de leurs neuraminidases (NA) et de leurs hémagglutinines (HA). On identifie à ce jour 18 types de H et 11 types de N, la majorité isolée dans les populations d'oiseaux sauvages et domestiques.

Leur génome à ARN et leur capacité de recombinaison explique l'énorme variété de sous-types viraux ainsi que la vitesse de dérive génétique observée. On estime à 30% la part de génome conservée entre les différents sous-types (Lee, Saif 2009). En effet, si la dérive génétique opère par l'occurrence de mutations, il arrive aussi que les huit segments d'ARN simple brin se recombinent lors de coinfections de deux sous-types ou que des segments soient échangés. Ce sont des réassortiments (Blagodatski et al. 2021).

Cet intérêt à classer les virus en sous-types dépendants des protéines d'enveloppe s'explique par le fait qu'elles conditionnent la réponse immunitaire et la sensibilité des hôtes.

b. Signes cliniques et modes de transmission

i. Signes cliniques

L'Organisation mondiale de la santé animale (OIE) a défini les virus hautement pathogènes (HP) comme les virus de sous-type H5 ou H7 ayant un index de pathogénicité intraveineuse (IPIV) supérieur à 1,2, qui causent plus de 75% de mortalité, ou dont le site de clivage de l'hémagglutinine a une composition polybasique. Sinon le virus est faiblement pathogène (FP).

Cette distinction moléculaire a une conséquence sur le comportement biologique du virus dans l'hôte : une hémagglutinine clivable par des protéases uniquement présentes au

niveau de la membrane plasmique des cellules de l'hôte ne permettra qu'une infection locale. A l'inverse, la compatibilité avec une protéase ubiquitaire permettra une infection générale (Lee, Saif 2009).

Ces virus ont néanmoins un tropisme préférentiel pour les cellules du tractus digestif et du tractus respiratoire dans une moindre mesure. Cette tendance peut être inversée selon les sous-types, notamment les faiblement pathogènes qui causent des affections respiratoires généralement modérées.

La majorité du temps, les infections par les VIA FP restent asymptomatiques. Il arrive cependant que certains virus FP provoquent des affections respiratoires modérées : œdèmes des sinus sous orbitaires, respiration bec ouvert et écoulements nasaux. Le tableau inflammatoire congestif et exsudatif se retrouve également à l'autopsie : les poumons présentent des signes de congestion avec une accumulation de matériel caséux dans les voies aériennes supérieures. Ce matériel fait parfois suffoquer l'animal tant il est important.

Dans des cas plus rares, le virus est HP. Les signes sont alors généraux et peu spécifiques : abattement, chute de ponte et atteintes des appareils digestifs, respiratoires et nerveux. La suspicion vient tout de même souvent de l'importante mortalité sur un temps très court : une mortalité de 4% en 24 heures est un critère de suspicion (*Arrêté du 16 mars 2016 relatif aux niveaux du risque épizootique en raison de l'infection de l'avifaune par un virus de l'influenza aviaire hautement pathogène et aux dispositifs associés de surveillance et de prévention chez les volailles et autres oiseaux captifs - Légifrance 2016*).

ii. Des modes de transmission connus pour identifier des comportements à risques

Lorsqu'on constate les organes dans lesquels le virus se multiplie, il est compréhensible que l'on se penche sur les modes de transmission fécale-orale et aérienne des VIA. Il existe cependant d'autres voies par lesquelles ils peuvent se transmettre.

Ces virus enveloppés à ARN négatif ne sont théoriquement pas très résistants dans le milieu extérieur. Néanmoins, les colonies d'oiseaux et les points d'eau semblent être des milieux propices à la transmission même sans contact direct. Une étude montre par exemple que la dose infectieuse de virus serait conservée dans des plans d'eau à 17°C pendant des temps de 6 à 19 jours (Keeler et al. 2014). Ces chiffres sont à moduler avec beaucoup d'autres facteurs, biotiques comme abiotiques. Si l'on superpose cette donnée avec la haute

fréquentation des points d'eau qui se trouvent sur les couloirs de migration, les transmissions indirectes deviennent possibles voire le mode de transmission le plus probable (Yamamoto et al. 2010). La contamination des points d'eau ou des abreuvoirs des parcours peut donc être un facteur de risque de transmission.

Un autre mode de transmission est l'émission de particules virales par les voies aériennes supérieures. Des gouttelettes d'excrétions respiratoires peuvent permettre la survie d'un virus tant qu'elle mesure au moins entre 60 et 100 micromètres. Or de telles gouttelettes peuvent parcourir 1 m avant de s'évaporer si elles sont expirées et jusqu'à 6 m si elles sont éternuées. Une proximité direct de deux oiseaux, y compris dans un cercle de 1 m, augmentent donc les risques d'infection.

D'autres matrices peuvent rester infectieuses assez longtemps pour servir de vecteur mécanique au virus : l'aliment en grain ou encore les cadavres sont également du matériel favorable aux transmissions du compartiment sauvage vers le compartiment domestique (Tanimura et al. 2006; Shriner, Root 2020). Lors d'infection généralisée, il a été montré que même les plumes peuvent porter le virus (Yamamoto et al. 2010; Gutiérrez et al. 2011).

c. Historique des vagues d'influenza aviaire

Le premier virus influenza aviaire hautement pathogène isolé à partir d'une population sauvage l'a été en Afrique du Sud en 1961 sur une sterne pierregarin (*Sterna hirundo*) (Tanimura et al. 2006). Une mortalité anormale avait en effet été observée dans la région de la ville du Cap et le virus d'IAHP A/Tern/South Africa/1961 y avait été isolé (Becker 1966).

Cette découverte coïncide avec d'autres effectuées dans les années 50. Cette période est en fait charnière dans l'histoire de l'influenza aviaire. En 1955, le lien avec les virus influenza A responsables de maladies chez les mammifères et l'origine aviaire de ces virus est établinotamment suiteaux pandémies de la grippe asiatique (1956) et de la grippe de Hong Kong en 1968 (Alexander 2000). Peu de temps après, en 1959, un virus d'influenza A est isolé sur des poulets en Ecosse permettant de tracer un lien génétique avec l'agent responsable de mortalité chez les sternes en Afrique du Sud (Becker 1966).

Bien que le rôle de réservoir des *Laridae* fût encore loin d'être établi, cette conjoncture a fortement motivé la surveillance de ce groupe d'espèces et de l'avifaune sauvage en général. En 40 ans, l'isolement de nombreux sous-types de VIAa permis d'identifier plus

précisément les populations réservoirs aujourd'hui connues que sont les Charadriiformes et les Ansériformes.

Dans les années 2000, l'émergence des virus hautement pathogènes de sous-type H5N1 bouleverse une première fois la planète et la filière avicole. La communauté scientifique montre alors qu'il existe un lien entre les virus faiblement pathogènes portés par les oiseaux sauvages et les virus hautement pathogènes qui infectent les exploitations avicoles. Les analyses phylogénétiques vont dans le sens de cette hypothèse mais les évidences de transmission directe manquent (Spackman 2009). Ce manque d'informations persiste avec toujours plus d'études qui se concentrent sur le rôle de réservoir de la faune sauvage en prélevant les espèces historiquement réservoir, mais sans pour autant étudier finement les interfaces entre avifaune et élevages.

En 2016, l'émergence de nouveaux sous-types H5N8 et H5N5 est responsable de mortalité à la fois dans le réservoir sauvage et dans les élevages notamment ceux de canards de la filière foie gras du Sud Ouest. La répartition géographique, le nombre d'oiseaux morts et le nombre de foyers atteignent alors un nouveau record. La concomitance des foyers sauvages et domestiques ne laisse plus de place au doute quant au rôle de maintien du virus par l'avifaune sauvage, notamment des Ansériformes. Mais un maillon dans l'écologie du virus semble toujours manquant. C'est en effet l'hypothèse d'intervention de populations relais qu'il faut explorer.

Mais c'est probablement la crise la plus récente qui va bouleverser le schéma classique des épisodes d'influenza : la crise ayant débuté en 2021 a d'abord dépassé les records de mortalité et de nombre de foyers dans le compartiment domestique. La répartition géographique a de surcroît été plus grande notamment en France où la crise a largement dépassé les élevages de canards du Sud-ouest. Le nombre d'animaux morts dans la faune sauvage a également été exceptionnellement important et le virus continue à persister dans le réservoir sauvage y compris pendant les étés 2022 et 2023. Contrairement aux épisodes précédents, en plus des différents types d'élevages aviaires contaminés, un grand nombre de mouettes rieuses (*Chroicocephalus ridibundus*) et de Goélands argentés (*Larus argentatus*), entre autres, a subi de plein fouet l'infection. Le virus n'a alors pas quitté le territoire français sur lequel des foyers sauvages ont été détectés tout au long de l'été, qui est habituellement une période d'accalmie. En 2023, ce ne sont pas moins de 2 000 laridés qui ont été retrouvés morts en France ou dans ses pays limitrophes entre janvier et février 2023 (European Food Safety Authority et al. 2023).

C'est probablement dans ce contexte catastrophique de persistance du virus et d'échec de contrôle avec les mesures classiques qu'il a été décidé d'autoriser les tests de la vaccination des canards domestiques en France. Il est clair que des enjeux de détection du virus ou de pression de sélection des virus seront à considérer, mais l'amortissement des conséquences économiques de l'influenza aviaire est à prendre en compte également.

d. Écologie des VIA

i. Couloirs de transmission

Il est fait mention dans l'introduction de couloirs de transmission correspondants à la migration sur de longues distances des oiseaux (Figure 1). La littérature précise comment les différentes habitudes migratoires peuvent transmettre des VIA. On peut classer ces oiseaux susceptibles de transporter des VIA en 3 catégories :

- Les espèces nicheuses à hautes latitudes et qui migrent vers ou passent par l'Europe pour hiverner. Ces espèces sont enclines à transporter les virus des foyers du Nord et de l'Est de l'Europe et engendrer le classique pic automnal en Europe Occidentale
- Les espèces nicheuses en Europe qui hivernent en Afrique ramèneraient le virus de foyers plus au Sud lors de leur migration printanière.
- Les espèces nicheuses en Europe qui migrent sur de plus courtes distances participeraient à une expansion plus locale du virus (Veen et al. 2007) (Olsen et al. 2006).

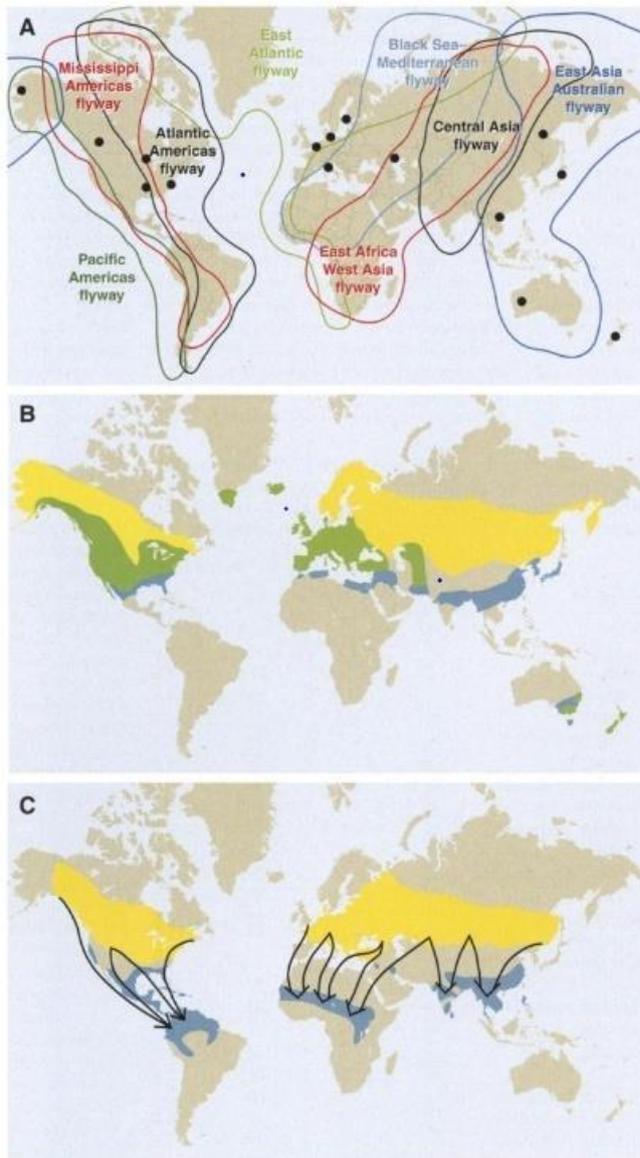


Figure 1 : Planisphères représentant les principaux couloirs migratoires des oiseaux sauvages. Les flèches ainsi que les entourés de couleurs représentent les schémas migratoires principalement rencontrés d'après Wetlands internationale (A) chez la Sarcelle d'été (*Anas querquedula*) en Europe et en Asie et chez le canard colvert (*Anas platyrhynchos*) en Amérique (C). Les points noirs représentent les lieux historiques de surveillance de l'influenza (A). La couleur jaune représente les zones de nidification des espèces d'intérêt, la couleur verte les zones où elles sont présentes toute l'année et les bleues, celles où elles ne sont présentes qu'en hiver (B) (C) (Olsen et al. 2006)

La transmission de VIA sur de longues distances d'Est en Ouest ou du Nord au Sud ne serait probablement pas possible sans les modes indirects de transmission permis par la persistance du virus dans le milieu (cf. I.b.ii.). Elle est favorable à l'expansion du virus sur de longues distances dans le compartiment sauvage notamment via les groupes connus des Anseriformes et Charadriiformes. Mais les espèces de ces groupes ne sont souvent pas celles qui fréquentent les parcours et alentours des élevages plein air (Caron et al. 2015; Hirschinger 2020).

ii. Les « espèces relais », le maillon manquant d'un système épidémiologique complexe

Une première vision simple et linéaire consisterait à se fier à l'écologie des espèces réservoirs : elles ne fréquentent pas les parcours d'élevage plein air éloignés des littoraux et ne transmettent donc pas le virus aux espèces domestiques cibles, au moins au cœur des terres (Hirschinger 2020). Même si des modes indirects de transmission avec des matériaux inertes comme les cadavres, les plumes ou encore la nourriture en grains sont décrits (cf. I.b.ii), il manque un maillon épidémiologique qui fait régulièrement le lien entre populations réservoirs et populations cibles (les exploitations avicoles en générale) malgré les mesures de biosécurité. Ce maillon semble être des espèces dites « relais ». Ces dernières doivent être polyvalentes, synanthropiques en fréquentant à la fois les colonies et les exploitations, et capables de transporter le virus. On obtient alors une chaîne de transmission réservoir → population relais → population cible.

En vérité, il serait simpliste de résumer l'épidémiologie de l'influenza aviaire ainsi. Il faut garder en tête que la prévalence varie d'une espèce à l'autre et en fonction des saisons (Hoye et al. 2010). Il devient alors difficile de distinguer les populations qui sont réservoirs, c'est-à-dire maintenant seules le virus en leur sein, des populations dites relais. Toutes deux sont définies comme capables de porter le virus, de le transmettre à une population cible et peuvent même participer à son maintien dans une population plus large. Les concepts sont alors parfois confondus notamment parce que, dans le cas de l'influenza aviaire, les rôles de population réservoir ou de population relais ne sont pas toujours assurés par les mêmes groupes d'espèces au même moment ou selon les endroits (Cappelle et al. 2011). Les Laridés par exemple, longtemps réservoir particulier de certains sous-types de VIA, se retrouvent ces deux dernières années la cible d'un nouveau VIA HP avec 438 détections entre Avril et Juin 2023 en Europe (European Food Safety Authority, European Centre for Disease Prevention and Control, European Union Reference Laboratory for Avian Influenza et al. 2023). Une population réservoir dans laquelle la prévalence de VIA – à priori exclusivement FP – est faible (Swayne 2009; Alexander 2000) devient alors une population avec de nombreux isollements de VIA HP, très létaux pour eux. Ils illustrent d'ailleurs la possible émergence de nouveaux virus HP au sein de ce réservoir sans que cela transite par le compartiment domestique (Blagodatski et al. 2021).

Pour illustrer encore la complexité de cette épidémiologie, la maintenance du virus est parfois assurée par un ensemble de plusieurs populations. Cet ensemble peut tout à fait comprendre des populations « relais » qui permettent la maintenance locale du virus en faisant

les liens au sein même du réseau appelé alors « réservoir ». Et elles ne sont pour autant pas considérées individuellement comme « réservoir » (Figure 2) (Caron et al. 2015).

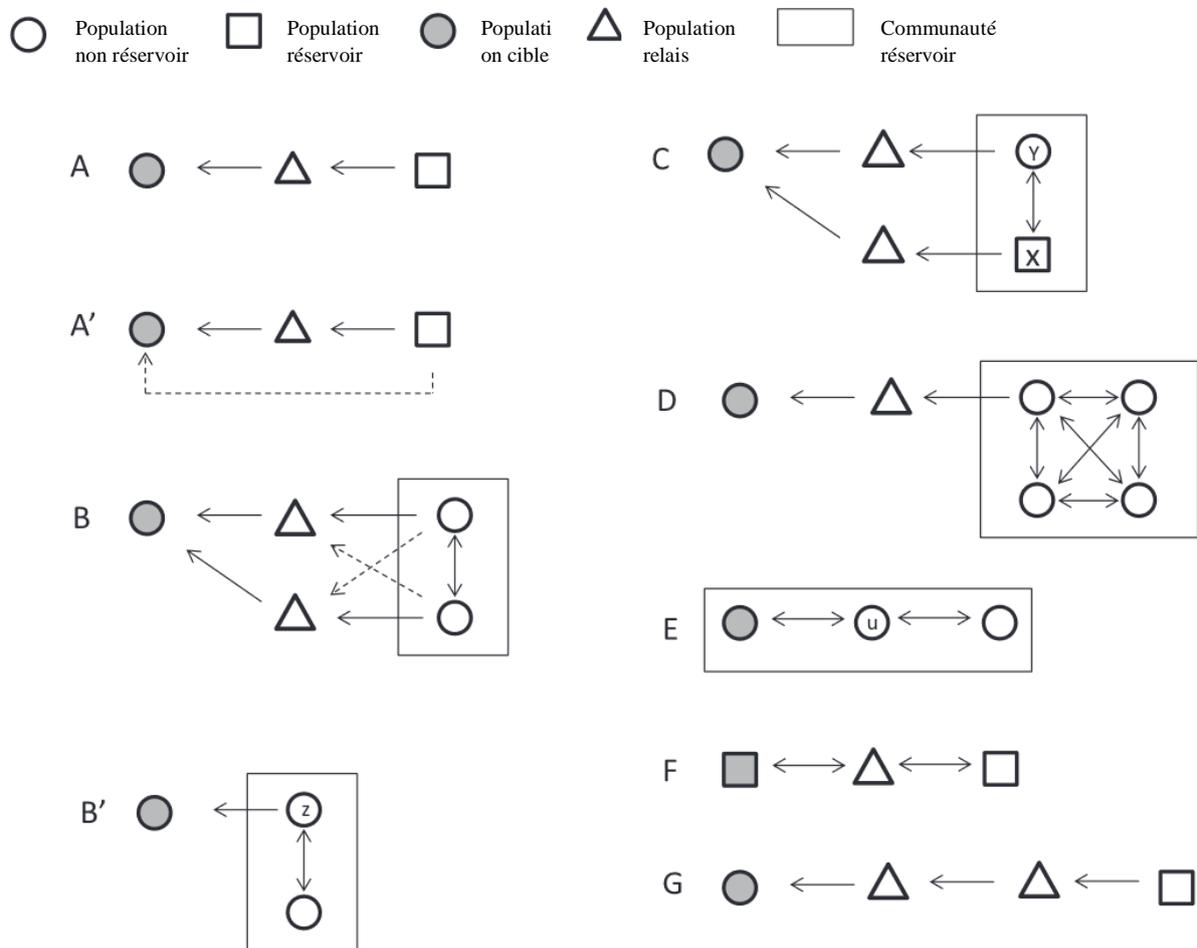


Figure 2 : Schéma représentant les différents modes de transmission d'un virus d'un réservoir vers une espèce cible impliquant une espèce "pont" (Caron et al. 2015)

Cette distinction entre population relais qui introduit le virus et population réservoir qui le maintient a longtemps posé problème pour l'élaboration d'une stratégie de surveillance et de prévention. On peut en effet questionner la faisabilité de lutter contre la transmission par des populations relais voire d'empêcher la transmission par ou au sein d'un complexe multi spécifique réservoir. De plus, la surveillance s'est concentrée, jusqu'à maintenant, sur les espèces des populations réservoirs. Mais la détection de VIA dans d'autres groupes comme ceux des passereaux a questionnée cette stratégie.

e. Sensibilité des espèces d'oiseaux non classiquement réservoirs

Afin d'explorer l'implication de certaines espèces comme possibles hôtes relais, et notamment les passereaux, il est important de connaître leur réceptivité au virus, leur capacité à le maintenir et à l'excréter. L'idée avancée ces dernières années dans la littérature est que les virus faiblement pathogènes contaminent les élevages par l'intermédiaire d'hôtes relais comme des passereaux et deviennent hautement pathogènes en circulant dans les élevages (Caron et al. 2014; Naguib et al. 2019). Cependant, on ne peut pas écarter la possibilité que les passereaux soient un relais de virus IAHP voire une population réservoir de virus IAHP dans laquelle émergeraient parfois des formes HP d'influenza aviaire (Blagodatski et al. 2021). Face à ce questionnement, plusieurs recherches ont eu pour objectif de déterminer le comportement biologique des VIA HP chez eux.

Un premier exemple a été le prélèvement de corvidés retrouvés morts à proximité de foyers domestiques d'IAHP. Au Bangladesh, en Inde ou encore au Japon, des corvidés d'espèces connues pour fréquenter les parcours de manière opportuniste, sont décrits comme de bon moyen de prévoir l'apparition des foyers domestiques d'IAHP (Shriner, Root 2020). Pour cause, plusieurs détections de virus H5N1 ont été rapportées chez des corbeaux à gros bec (*Corvus macrorhynchos*) dans les 30 kilomètres entourant des élevages infectés (Tanimura et al. 2006). Dans cet exemple comme dans les autres écrits, le rôle de victime ou de relais est profondément discutable. Devant l'absence de données quant au portage de virus IAHP par les espèces de corvidés, le débat reste complètement ouvert (Shriner, Root 2020).

La même impasse est retrouvée lorsqu'on débat sur le rôle des hirondelles (*Hirundo rustica* particulièrement), des étourneaux sansonnets (*Sturnus vulgaris*) ou encore des moineaux de l'ancien monde (*Passer montanus* ; *Passer domesticus*). La prévalence de VIAHP, parfois même proche de celle chez les Laridés, est établie dans ces groupes d'espèces (Alexander 2000). Un cas de portage asymptomatique du virus H5N1 chez une hirondelle rustique (*Hirundo rustica*) a même été rapporté au Vietnam (Zhong et al. 2019; Shriner, Root 2020). Mais préciser leur rôle reste encore complexe : véritables relais, réservoir asymptomatique de VIA HP, simples victimes de l'expansion de virus influenza aviaire ou même tout cela en fonction des périodes et des régions du globe.

C'est pourquoi le meilleur moyen de connaître la capacité d'une espèce à s'infecter puis transmettre le virus est la mise en œuvre d'infections expérimentales.

Si l'on prend l'exemple du Pigeon biset (*Columba livia*), il semblerait qu'il soit un mauvais candidat pour avoir un rôle dans le maintien ou même dans la transmission du virus. La faible mortalité ainsi que la faible excrétion du virus est à moduler avec les conditions d'infection. On peut néanmoins avancer que cette espèce de columbidé est généralement sensible aux infections par des VIA y compris H5N1 mais n'exprime pas ou peu la maladie en engendrant rarement de nouvelles infections (Brown et al. 2009; Shriner, Root 2020).

En revanche, une toute autre histoire peut être racontée avec les moineaux domestiques (*Passer domesticus*). Cette espèce est très sensible à l'infection par un virus H5N1 : elle présente un fort taux de mortalité, elle excrète le virus à des doses infectieuses par ses voies respiratoires et ce quelque soit la dose inoculée. Si l'on additionne cela avec la large interface créée par son comportement aux abords des parcours des exploitations avicoles, elle devient un bon hôte relais pour des VIA (Gutiérrez et al. 2011). Ainsi, dans l'hypothèse où ils peuvent s'infecter dans un foyer domestique, rien ne les empêche de faire le relais sur de courtes distances notamment avec une exploitation avicole voisine (Brown et al. 2009; Shriner, Root 2020).

Ceci ne reste cependant qu'une théorie : la transmission effective par cette espèce ou une autre espèce de passereau n'a pas été vérifiée. Des expériences de transmission directe ou indirecte entre une espèce de passereau vers des poulets d'élevage ont donc été mises en œuvre (Forrest, Kim, Webster 2010). Celle-ci a testé la reproduction d'une transmission indirecte d'un virus H5N1 par l'eau de boisson. Les résultats sont en faveur d'une transmission possible des volailles vers les moineaux mais pas de l'hypothèse inverse. Il faudrait donc peut-être des contacts directs ou la contamination de la nourriture pour qu'il y ait transmission.

Une expérience similaire a été réalisée avec des étourneaux sansonnets et des canards colverts (*Anas platyrhynchos*). Elle a montré que les étourneaux étaient sensibles à une infection par les VIA notamment en s'exposant à des eaux contaminées par des canards colverts. Cependant, la transmission indirecte vers les canards via l'eau de boisson n'a pas été étudiée (Ellis et al. 2021). Cette étude permet de souligner qu'après avoir constaté la présence de VIA dans une population et avoir confirmé expérimentalement sa sensibilité, il faut encore prouver que la transmission vers le compartiment domestique est possible (dans l'hypothèse d'une exposition préalable).

Outre les reproductions expérimentales, la caractérisation des groupes aviaires sauvages à l'interface avec le compartiment domestique est une bonne alternative pour témoigner du risque de transmission et de leur éventuel rôle de relais.

II. Caractérisation des interfaces entre l'avifaune sauvage et les exploitations avicoles plein air : quelques méthodes et résultats

La caractérisation des interfaces est une étape clé pour orienter les stratégies de prévention et de contrôle des maladies zoonotiques d'intérêt. L'influenza aviaire ne fait pas exception. Elle aurait dû en fait être l'une des premières étapes dans la compréhension de l'écologie de ces virus. Seulement, les chercheurs se sont concentrés sur la surveillance des espèces historiquement désignées comme réservoir (Ansériformes et Charadriiformes). Ces études ont souvent négligé le rôle des espèces relais (Caron et al. 2015; Caron, Cappelle, Gaidet 2017; Veen et al. 2007).

Depuis quelques années la communauté scientifique alerte sur la nécessité de réorienter les protocoles pour une meilleure compréhension du rôle des hôtes relais. Des études de caractérisation des interfaces avec différentes méthodes sont donc apparues.

Avant de les énoncer, il est important de souligner que chacune a des avantages et inconvénients mais répond surtout à des problématiques différentes. Leur choix doit donc être adapté à la question posée et les différentes méthodes rigoureusement réalisées. Des écrits posent des lignes de conduites à suivre pour les exploiter au mieux (Bacigalupo et al. 2020).

a. Un travail bibliographique : l'étude des interfaces grâce aux bases de données ornithologiques

Une première méthode décrite est l'exploitation de bases de données ornithologiques comme celles de Wetlands International ou de l'European Union for Birds Ringing (EURING). Elles fournissent des informations sur le nombre d'oiseaux et d'espèces à des lieux d'intérêts en Amérique du Nord et en Europe voire sur leurs mouvements dans le cadre du bagage. On peut alors déterminer à différentes échelles les espèces à risques d'introduire des virus de l'IAHP comme le H5N1 en fonction de :

- Leur habitat
- Leur tendance à se regrouper ou non

- Leur tendance à se mélanger à d'autres espèces ou non

Des espèces qui utilisent les points d'eau ou s'adaptent bien aux milieux agricoles en grands groupes denses et qui tolèrent la présence d'autres espèces sont bien sûr considérées à fort risque potentiel de transmettre des virus IAHP. C'est par exemple le cas du Héron garde-bœuf (*Bubulcus ibis*) qui fréquente les élevages avicoles et se mixe avec des espèces migratrices ou de la Bergeronnette grise (*Motacilla alba*) pour les mêmes raisons (Veen et al. 2007; Burns et al. 2012). On peut nuancer que leur rôle n'est pas encore totalement compris.

Utiliser ces bases de données est un excellent moyen de faire une première désignation des espèces potentiellement à risques. Cependant, et les auteurs le reconnaissent, il y a un décalage entre ce qui est estimé depuis les bases bibliographiques ou à partir des comportements théoriques de l'espèce et ce qui est observé sur le terrain. Ces bases de données ne fournissent par ailleurs aucun renseignement sur la probabilité que l'espèce rentre effectivement en contact avec des individus d'élevage et de quelle manière.

b. Le suivi GPS et la télémétrie : réponse à des problématiques de grandes échelles

Une autre méthode de terrain consiste à suivre des individus par des moyens GPS. On s'aperçoit alors d'abord que les espèces migratrices comme le Canard pilet (*Anas acuta*) ou le Canard siffleur (*Anas penelope*) peuvent effectivement transporter le virus sur de longues distances. Mais combiné avec de la télédétection, on s'aperçoit aussi que ces mêmes espèces engendrent potentiellement des contacts indirectes avec des élevages de volailles en fréquentant des points d'eau à proximité (Gaidet et al. 2010; Cappelle et al. 2011).

On a encore une fois une bonne caractérisation des espèces qui fréquentent les lieux sensibles à l'introduction de virus IAHP. Il manque cependant encore la dernière étape : la quantification de la fréquentation des parcours ou l'identification des modes de contacts entre avifaune et volailles.

c. La capture d'images photos et vidéos : méthode et résultats

Cette méthode permet une excellente caractérisation locale de la faune sauvage qui visite les élevages commerciaux. On constate par exemple que les passereaux sont les principaux visiteurs des élevages de volailles pondeuses et de chair en Australie. Qu'elles soient en extérieur ou cloîtrées, les photos prises dans leur élevage montrent principalement

des martinistes (*Acridotheres tristis*) visitant les abords des bâtiments. Les corvidés et les colombidés sont également représentés (Scott et al. 2018). La surveillance vidéo d'un élevage plein air de poules pondeuses montre également que les passereaux visitent fréquemment les parcours en particulier en présence des poules avec en tête le Moineau domestique (*Passer domesticus*). Cette étude montre également que les Charadriiformes et les Ansériformes, notamment les mouettes rieuses (*Chroicocephalus ridibundus*) ou les canards colverts (*Anas platyrhynchos*), évoluent sur les parcours en particulier en l'absence des volailles (Elbers, Gonzales 2020). On remarque ici que cela n'est pas intuitif vis-à-vis de l'écologie de ces espèces, dont on pourrait supposer qu'elles ne fréquentent pas directement les élevages.

Si cette méthode n'est pas plus largement utilisée, c'est qu'elle nécessite une grande capacité de traitement des données : ce ne sont pas moins de 31 092 images ou de 5 016 heures d'enregistrement qui ont été traitées dans les études citées. Cela reste une méthode qui a cependant fait ses preuves dans la caractérisation des interfaces domestique-non domestique y compris pour des espèces non aviaires (Kukielka et al. 2013).

d. Une méthode d'étude des interfaces entre les élevages avicoles et les espèces péri-domestiques : l'observation directe et la confection de réseau de contact

Il reste alors une alternative qui est l'observation directe. Elle peut sembler être une méthode peu fiable mais elle a un intérêt croissant dans les études d'interface. La première raison est, qu'à condition qu'elle soit bien réalisée, elle donne le meilleur aperçu de l'interface étudiée. Observer directement les espèces et leurs cooccurrences reste en effet un moyen simple et efficace de les caractériser.

On peut alors calculer, à partir du nombre d'espèces et de représentants de chacune d'entre elles, des indices de biodiversité comme les indices de Shannon, Simpson ou Piélou. Ils apportent d'abord des éléments de caractérisation des espèces péri-domestiques. Mais ils sont d'autant plus intéressants qu'il existe un lien entre la biodiversité et les risques de transmissions de pathogènes au sein du système étudié. Une grande biodiversité peut par exemple limiter la propagation d'un agent pathogène spécifique (effet dilution) (Keesing et al. 2010).

De plus, cette méthode permet d'élaborer un réseau de contacts, un outil de plus en plus recommandé pour l'étude des interfaces. Il permet de comprendre les potentielles voies de

transmission en s'affranchissant de leur énorme hétérogénéité et de celle des communautés : dans l'exemple de l'IA, on s'affranchit alors de l'hétérogénéité des communautés aviaires (habitat, habitudes migratoires, sensibilité, voies d'excrétions) et des différentes voies d'excrétions du virus (plumes, fèces, cadavres,...) pour avoir un aperçu plus global et complet des contacts à risques. Il est plus complet car permet notamment de relier des communautés aviaires que leur écologie semblait séparer. On a alors une compréhension de comment s'articulent les groupes réservoirs, cibles et relais dans l'épidémiologie complexe de l'IA (Craft 2015).

C'est dans ce but de caractérisation d'une interface entre avifaune sauvage et élevage plein air de canards de la filière foie gras du Sud-ouest de la France qu'a été établi un protocole d'observation directe. Elle a permis de confectionner un réseau de contacts entre les communautés aviaires des alentours immédiats de l'exploitation.

Matériels et méthodes

Pour cette étude, nous avons travaillé autour d'un élevage de canards de la filière foie gras. Des observations standardisées ont ainsi été faites sur les parcours de la ferme de la Patte d'Oie, un élevage IGP de « canards à foie gras du Sud-ouest » dans le Gers. Ce type d'élevage exige un élevage en plein air dès le 47^e jour d'âge offrant une large interface avec l'avifaune sauvage (Cahier des charges du label rouge n° LA 12/89 « Canard mulard gavé entier, foie gras cru et produits de découpe crus frais et magrets surgelés » homologué par l'arrêté du 24 juillet 2017).

La collecte de données s'est étalée sur une année complète de juillet 2020 à juin 2021. Sur la période d'étude, 87 sessions d'observation ont été réalisées. Elles étaient réalisées sur deux jours consécutifs par mois toutes les quatre semaines à raison de quatre sessions d'observation par jour. En pratique, une moyenne de 8,7 sessions par mois a été effectuée sur 10 mois. Les jours de relevés ornithologiques ont été en effet compromis au mois de février et mai par la déclaration d'un foyer d'IAHP à la Ferme de la Patte d'Oie.

Les quatre sessions d'une journée se déroulaient à des heures stratégiques: 30 minutes après le lever du jour, le milieu de matinée, le milieu d'après midi et avant le coucher du soleil. Les points d'observation étaient ensuite établis pour être systématiquement dos au soleil en gardant une vue large d'au moins 90° sur un parcours. Ils ont été définis comme le montre la photo aérienne du site (Figure 3). Les sessions se déroulaient sur trois parcours choisis aléatoirement parmi les dix de l'exploitation avec, tant que possible, trois modes d'occupation différents : un avec des canards, un sans canards depuis au moins deux semaines et un dernier avec un changement dans les deux semaines précédant les observations (récemment vidé ou récemment rempli). Ils étaient alors visités alternativement pendant les deux jours de sorte à ce que chacun soit visité au moins une fois le matin et une fois l'après-midi.

Une session consistait en 1 heure d'observation effectuée à l'aide de jumelles et d'un guide ornithologique. Un exemple d'identification, celui de la Bergeronnette grise, extrait du guide est joint en Annexe 3. Une session de 1 heure se découpait en 2 x 30 minutes : les 30 premières minutes consistaient en des balayages réguliers de gauche à droite à une vitesse de 1 minute par balayage. Les jumelles et le guide étaient alors utilisées pour identifier un oiseau vu à l'intérieur des limites du parcours et dans leur projection verticale jusqu'à dix mètres au-

dessus du sol. La deuxième partie visait elle à relever plus précisément les activités d'un individu sélectionné sur un parcours de canards et le temps alloué à chacune. Pour ce faire, le même type de balayage était effectué et lorsqu'un individu était aperçu, il était identifié et suivi à la jumelle. Son comportement était décrit vocalement et enregistré sur le logiciel de traitement de voix d'un mobile SAMSUNG A8 2018. Le moment où un comportement tel que déféquer, se percher, se toiletter, émettre des plumes ou un changement de comportement était signifié oralement sur l'enregistrement. La durée d'observation ainsi que celle de tel et tel comportement pour les oiseaux observés étaient ainsi retrouvés grâce au chronomètre du logiciel.

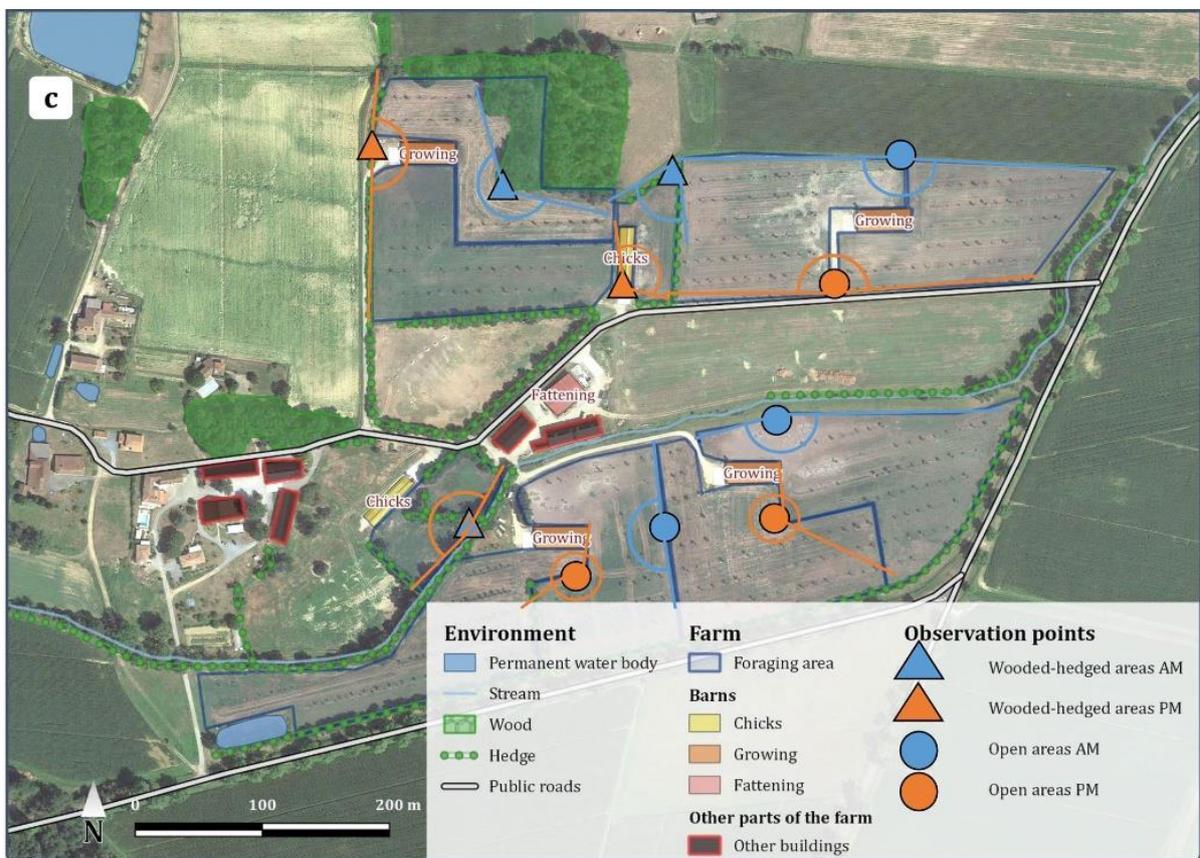


Figure 3 : Vue aérienne schématique de la Ferme de la Patte d'Oie représentant les points d'observations en fonction des moments de la journée ainsi que leur type d'environnement proche (Le Gall-Ladevèze et al. 2022)

Sur chaque session, pendant les 30 minutes de balayage, les informations suivantes étaient systématiquement relevées :

- des informations générales sur la session comme la météo, l'heure, la date et le nombre de canards dans le parcours (ou leur absence)

- le numéro du balayage, les espèces observées, leur nombre, leur position sur le parcours, l'activité de l'individu et sa proximité à un canard (plus ou moins d'un mètre).

Pour plus de lisibilité et de facilité de report des données, elles étaient relevées dans un tableau joint-en Annexe 1.

Les données ainsi collectées ont ensuite été analysées par des méthodes d'analyse de réseaux pour caractériser les contacts entre toutes les espèces observées, canards compris. Deux espèces observées lors d'une même session ont été considérées comme co-occurentes. Les canards en extérieur lors d'une session étaient alors reliés à toutes les espèces visitant le parcours au cours de la session. Les algorithmes utilisés sont ceux désignés comme les plus cohérents biologiquement par la littérature.

Les indices de diversité de Shannon et Simpson ainsi que l'index de Pielou ont été calculés pour une caractérisation plus complète de l'avifaune autour de la ferme.

Il a été aussi choisi d'identifier les facteurs environnementaux favorisant la visite des parcours par les oiseaux sauvages.

Les données ont donc été analysées selon trois axes principaux :

- la diversité d'espèces et l'abondance d'individus fréquentant les parcours ainsi que la comparaison de leur comportement
- la description d'un réseau de contacts pour éventuellement comprendre comment sont reliées les espèces entre elles et avec les canards. Cela peut permettre de mettre en valeur d'éventuelles espèces relais
- trouver des facteurs environnementaux positifs à la fréquentation des parcours par l'avifaune la plus représentée sur les parcours à savoir la Bergeronnette grise et les moineaux.

Toutes ces données ensemble peuvent permettre d'aider à l'estimation du risque de transmission de certains agents pathogènes d'intérêt (i.e. l'IA) et d'orienter les méthodes de surveillance autour de la Ferme de la Patte d'Oie.

Quantification et caractérisation de
l'avifaune sauvage et de ses interactions
autour d'un élevage plein air de canards
du Sud Ouest de la France



OPEN

Quantification and characterisation of commensal wild birds and their interactions with domestic ducks on a free-range farm in southwest France

Chloé Le Gall-Ladevèze¹, Claire Guinat^{2,3}, Pierre Fievet⁴, Benjamin Volland⁵, Jean-Luc Guérin¹, Julien Cappelle^{6,7} & Guillaume Le Loc'h¹✉

The role of commensal birds in the epidemiology of pathogens in poultry farms remains unclear. Our study aimed to identify potential key species for interactions with domestic ducks on one free-range duck farm in southwest France. Methods combined direct individual observations on duck outdoor foraging areas, network analysis, and general linear mixed models of abundances. Results showed a wide diversity of wild bird species visiting foraging areas, heavily dominated in frequency by White wagtails (*Motacilla alba*) and Sparrows (*Passer domesticus* and *Passer montanus*). These also were the only species seen entering duck premises or perching on drinkers in the presence of ducks. Moreover, White wagtails were the species most frequently observed on the ground and in close proximity to ducks. Network analysis suggested the role of White wagtails and Sparrows in linking ducks to other wild birds on the farm. The abundance of White wagtails was positively associated with open vegetation, with the presence of ducks and particularly in the afternoon, while the abundance of Sparrows was positively associated only with the fall-winter season. By precisely characterising interactions, the study was able to identify few wild bird species which should be prioritized in infectious investigations at the interface with poultry.

Commensal wild birds are species that live permanently or temporarily near human activities, benefitting from food and shelter resources¹. Such as the ubiquitous House Sparrow (*Passer domesticus*), they can be present in all types of human-made environments, ranging from town-centres to isolated farms¹⁻⁴. Depending on the human activities considered, commensalism involves different profiles of species, according to their life history traits making them adapted to the specific resources from which they benefit and to the specific hazards that threaten them^{3,5}. In poultry farms, and particularly free-range farms, the frequent presence of commensal wild birds alongside domestic poultry has raised concerns about possible transmission of pathogens such as avian influenza viruses (AIV) between wild and domestic bird communities^{6,7}. While the main reservoir hosts for these viruses are waterbirds (Anseriformes and Charadriiformes)^{8,9}, common commensal species such as Sparrows, Starlings and Pigeons have also been shown to be susceptible to AIV in experimental conditions¹⁰⁻¹⁵. Commensal birds could thus play a role in AIV transmission at the wild-domestic bird interface. Although previous surveillance studies have shown that commensal birds were less susceptible to AIV infection in comparison with waterbirds⁸, their mobile behaviour and frequent presence on poultry farms make them suitable candidates as bridge hosts, i.e. hosts providing a link through which AIV could be transmitted between poultry farms and with other wild bird populations¹⁶.

Southwest France is a poultry production region with a high density and diversity of species and breeding systems. Free-range systems such as traditional foie gras duck farms are particularly abundant in the region¹⁷. Free-range farming systems automatically increase the likelihood of contacts at the wild-domestic bird interface, especially for the slow growing foie gras ducks which live for at least 11 weeks with unlimited access to outdoor

¹IHAP, ENVT, INRAE, Université de Toulouse, Toulouse, France. ²Department of Biosystems Science and Engineering, ETHZürich, Mattenstrasse, Basel, Switzerland. ³SIB, Lausanne, Switzerland. ⁴ENVT, Toulouse, France. ⁵Aigues-Vives, France. ⁶ASTRE, CIRAD, INRAE, Université de Montpellier, Montpellier, France. ⁷UMR ASTRE, CIRAD, 34398 Montpellier, France. ✉email: guillaume.leloch@envt.fr

foraging areas. This exposure was recently called into question as the region, in particular its duck sector, was deeply affected by recurrent HPAI waves in the past few years^{18–21}. Preventive contact-restriction measures have been consequently enforced on poultry farms to reduce the risk of direct and indirect AIV transmission at the wild-domestic bird interface. These measures are mainly based on covering drinkers and feeders, and food and litter storages, generally repelling the presence of wildlife on farms, and confining flocks during high-risk periods of AIV introduction²². However, these measures remain costly and sometimes inconsistent with traditional free-range production systems^{23,24}. Their efficiency also has not yet been assessed as no quantitative data are available on wild bird visits and contacts with free-range poultry in southwest France²⁴. Nevertheless, few publications have broadly described wild bird visiting patterns on poultry farms in the southwest and other regions in France^{25–27}. The results show variations of wild bird communities between regions and seasons, with overall few to no visits of waterbirds and maximal abundances on farms for Sparrows (*Passer domesticus*), Finches (*Fringilla spp.*), Pigeons and Doves (*Columbidae*), Starlings (*Sturnus vulgaris*) and Magpies and Jackdaws (*Corvidae*). However, knowledge gaps remain with regard to an accurate quantification and characterisation of interspecies (wild-wild and wild-domestic) interactions involving commensal wild birds through their biological seasons. Moreover, it is very likely that declining rural avian biodiversity due to decades of agroecosystem changes^{28,29} has had an impact on interactions at the wild-domestic bird interface. Indeed, declining farmland specialist species may have left more space to thrive around poultry farms for the generalist commensal species that are better adapted to more homogenised agricultural landscapes^{29,30}.

The present study aims to identify potential key commensal wild bird species in the avian host community that are in contact with domestic ducks. We do so by studying one typical duck farm in southwest France, combining direct individual observations, general linear mixed models of abundances, and network analysis. Specifically, the study focused on (1) describing wild bird species and their interactions with domestic ducks, (2) analysing the network of wild bird species co-occurrence with domestic ducks, and (3) investigating the environmental factors influencing wild bird species abundance.

Methods

Study site. The study site is a typical duck farm in the department of Gers, southwest France, which was affected by HPAI during the 2016–2017 winter epizooty (Fig. 1a). The surroundings of the farm are an undulating landscape of small mixed crop and stock farms with woods on hills (Fig. 1b). Although not a wetland area, many artificial water dams of various sizes are dispersed in the surroundings for agricultural use. The farm breeds mule ducks under the ‘Canard à Foie Gras du Sud-Ouest’ label, which requires at least 14 weeks of unlimited outdoor access. The farm is composed of two small 0.5 ha outdoor foraging areas for ducklings (1 day to 1 month of age), and eight large 1.5 ha foraging areas for growing ducks (1 month to 14–16 weeks of age) (Fig. 1c). Like an increasing number of poultry farms in the region, an agroforestry program is implemented on the farm, so trees for wood are planted on all outdoor foraging areas, and hedges of fruit trees are planted around some of the areas (Fig. 1b,c).

Field observations of wild birds. From July 2020 to June 2021, standardised observations of wild birds were implemented on the farm’s outdoor foraging areas. An average of 8.7 (median of 8) observation sessions (each lasting one hour) were conducted each month 4 weeks apart (except in February and May due to the regulatory stamping out and cleaning for HPAI that took place on the farm) over two consecutive days. Generally, four sessions were distributed evenly over the day: half an hour after sunrise, mid-morning, mid-afternoon, and one hour before sunset. In total, 87 observation sessions were carried out during 20 days distributed over 10 months (see description in Supplementary Table S1). For each month, three of the 10 foraging areas were randomly selected to meet the following criteria: one with ducks present on it, one with no ducks for at least 2 weeks, and one with a recent change in use (installation or removal of ducks in the preceding 2 weeks). The three selected areas were then visited on an alternating basis over the 2 days of observation, so that each had at least one morning and one afternoon observation when possible, or at least two different times of day (see details in Supplementary Table S1). The same observation points were used for each foraging area, with only a regular adaptation to the direction of sunlight between morning and afternoon (Fig. 1c). Due to regulatory restrictions on duck movements between farms and on outdoor access during the high-risk period of HPAI introduction in the winter of 2020–2021, no area with a recent change in use was present in January 2021, and no area with presence of ducks in March, April and June 2021 (see Supplementary Table S1). Each observation session was conducted by the same person and consisted of 30 continuous left-to-right screenings of the area using binoculars to record individual observations of each wild bird present on a vertical projection of up to 10 m of the area including fences. For each bird, the following information was recorded (see details in Supplementary Table S2): species, behaviour and direct environment (location, type of perch or ground, proximity of less than 1 m from a domestic duck). If a bird could not be identified to the species level, all birds of the same genus or family were grouped together in the database. The observer also recorded the following environmental information: date, time, weather, presence and number of domestic ducks.

Description of wild bird population diversity and behaviours. For each observation session, the maximum number of individuals observed per species during a single screening (i.e. at the same time) was recorded. This number was used as an estimation of the minimum number of individuals per species and per session. All sessions of the same month were then grouped together to calculate the monthly means of minimum number of individuals per species on the farm. The Shannon and Simpson diversity indices, and Pielou evenness index^{32,33} were calculated based on the monthly means rounded to the upper integer, using the “diversity”

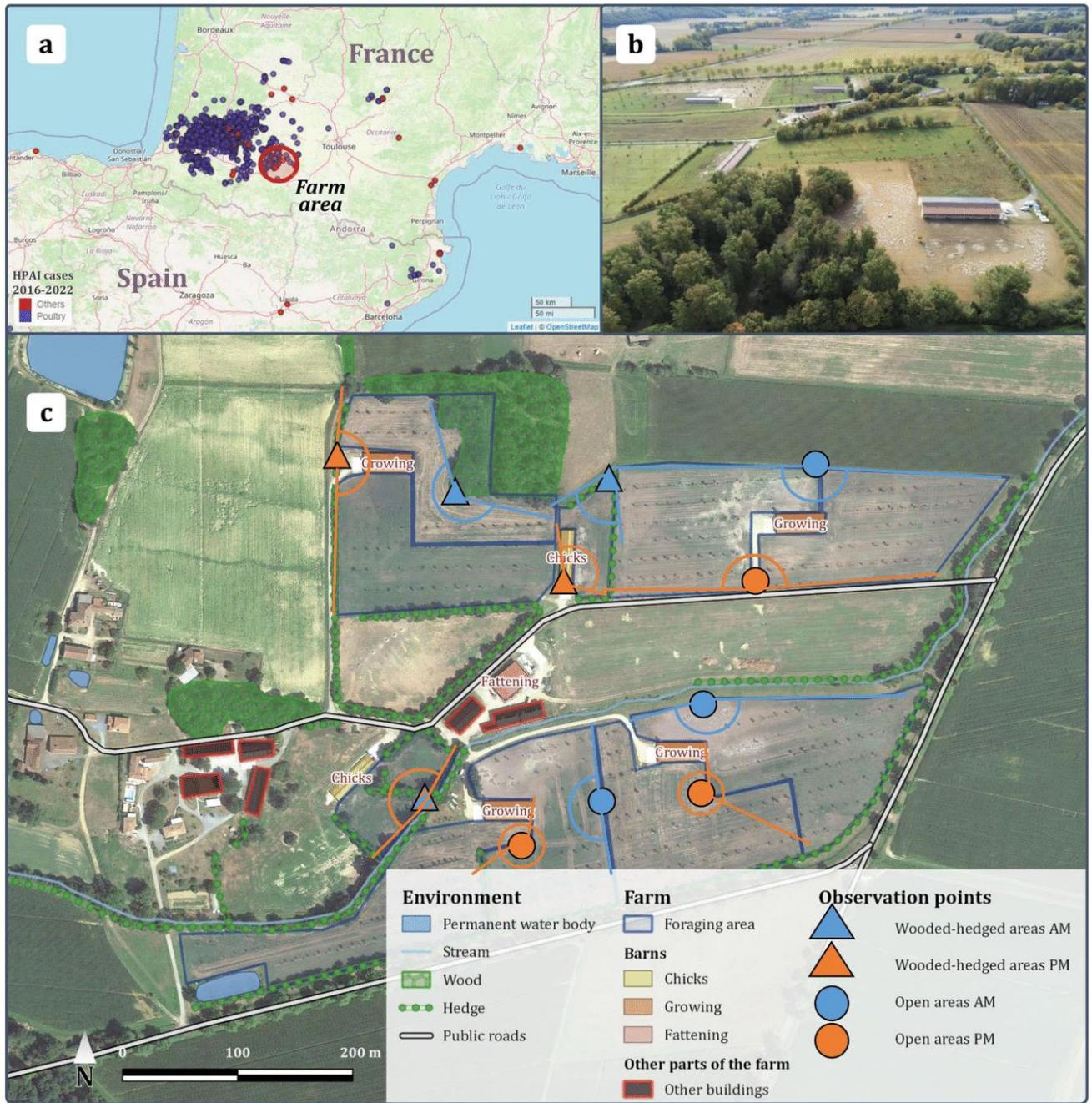


Figure 1. Environment of the study farm. (a) Geographic location of the farm (red circle) compared to locations of outbreaks and cases in poultry (purple) and wild birds (red) of highly pathogenic avian influenza (HPAI) from October 2016 to February 2022. Base map is the interactive HPAI map from Plateforme ESA accessible on <https://shiny-public.anses.fr/shiny-vsi/> (April 2022). (b) North aerial view of the farm (drone photography taken by the authors). (c) Map of the farm showing the natural environment surrounding duck foraging areas. Unlabelled buildings are private houses that are not part of the farm. Observation points are marked on each studied area by type of surrounding environment (shape) and time of day (colour), with their field of view indicated as lines delimitating the angle connected by curved line (circle when a point is used for two areas). The map is produced using QGIS³¹ version 3.6.1-Noosa, with a base map from Google, Image © 2022 CNES/Airbus, Maxar Technologies.

function of the “vegan” package on R software version 4.0.5³⁴. The three indices were defined by the following formulae:

$$H = \exp\left(-\sum_{i=1}^S p_i \ln p_i\right) \quad (\text{Shannon});$$

$$D = 1 / \sum_{i=1}^S p_i^2 \quad (\text{Simpson});$$

$$J = \frac{\ln H}{\ln S} \quad (\text{Pielou})$$

where p_i is the proportion of individual birds in the species i , and S is the species richness (number of species), so that $\sum_{i=1}^S p_i = 1$. According to these definitions, the Shannon index represents the entropy in the population, i.e. the uncertainty in identifying the species of a random individual in the population. The Simpson index represents the diversity, i.e. the probability for two random individuals to belong to the same species. This second diversity index is less sensitive to rare species than the first one, so it is more suitable to compare populations from different contexts³². The Pielou index represents the equitability of species abundances, that is the evenness of distribution of individuals among the different species^{32,33}.

The data subset of observations in presence of ducks on the area (for either more than 2 weeks or recently introduced, counting for 34 out of the 87 sessions) were used to quantify behaviours allowing contacts (direct or indirect) between wild birds and domestic ducks. Recordings of whether each wild bird was at a distance of less than one meter from a duck were used to assess direct contacts³⁵, including droplet emissions (allowing airborne viral transmissions based on approximate droplet emission distance³⁶ and virus infectivity in droplets³⁷) or even physical contacts. Indirect contacts via biological matter (allowing indirect viral transmissions such as faeces, surfaces, water, or airborne particles) were assessed via recordings of bird locations on duck foraging areas, in particular around aggregation spots, such as duck premises, feeders, drinkers, and on trampled wet ground. The cumulative numbers of individuals showing each type of interaction with ducks (direct or indirect), or each type of behaviour (entering premises, on the ground or perched) were then compared between species or group of species.

Network of between-species co-occurrences. To analyse the co-occurrence patterns (as a proxy for indirect contacts) between wild bird species and domestic ducks, data of observations on the 87 sessions with or without ducks on the area were used. An undirected weighted network was built, considering bird species (wild bird species or groups of species, and domestic ducks) as nodes, and two different bird species recorded during the same observation session (i.e., co-occurrence) as an edge. Edges were then weighted by the frequency at which a given pair of bird species was recorded. Each node was characterised by its degree, representing the number of other nodes (i.e., species) connected to it. Communities of more densely connected species³⁸ were defined by a walktrap algorithm based on a random walk through the edges³⁹ using the “cluster_walktrap” function of “igraph” package⁴⁰, with a four-step walk selected as giving the most synthetic and biologically accurate result³⁹. The network analysis was conducted using the “igraph” package⁴⁰ on R software version 4.0.5³⁴.

Influence of environmental factors on wild species abundance. Environmental factors influencing the abundance of commensal wild birds on foraging areas were investigated, focusing on the species most at risk for interactions at the wild-domestic interface. To do so, counts of the most abundant species in presence of ducks were analysed according to environmental variables. Species selected for the analysis were the most frequently observed in presence of ducks, i.e. present on more than 25% of sessions with ducks in the area: White wagtails and Sparrows. This ensured also to exclude species with observation counts too low for analysis, i.e. too low for models to converge or to be interpretable. The following explanatory categorical variables were considered: time of day (morning or afternoon), weather (sun, clouds, or rain), season (spring-summer or fall-winter), type of surrounding vegetation of the area (woods and hedges, or open field) and presence of ducks on the area (either absent, or present in the last 2 weeks). All further statistical work was conducted using R software version 4.0.5³⁴. As univariate distribution of abundances for both species showed no significant effect of weather (p-values over 0.7 for Kruskal–Wallis rank sum tests), this variable was excluded from model selections. Association between pairs of categorical explanatory variables was examined using chi-squared tests, considered significant if their p-value was greater than 0.05. The strength of this association was estimated by Pearson’s Phi using “phi” function from package “effectsize”⁴¹, and considered too large to keep both variables if their value was greater than 0.5⁴². Since species’ counts showed a negative binomial distribution, and to account for groups of sessions from the same 2-day visits of each month, general linear mixed-effects models using a log link negative binomial error distribution were used with the month as the random variable, using the “glmer.nb” function from “lme4” package^{43,44}. Variable selection within the multivariate analysis was based on automated selection based on AIC using the function “dredge” from package “MuMIn”⁴⁵, starting from a full model with all interactions between explanatory variables. Among minimal ranked models in a range of two units above the lowest AIC, the most parsimonious one was selected as the final model. The regression coefficients for the final model were expressed as odds ratios (OR) with 95% confidence intervals (CI), and its goodness of fit was estimated by the trigamma conditional R^{246} using the “rsquared” function from package “piecewiseSEM”^{47,48}.

Results

Description of wild bird population diversity and behaviours. A total of 42 wild bird species were observed on foraging areas of the farm during the 87 observation sessions and exactly 2000 individual observations (species-behaviour-environment); the vast majority belonged to the order *Passeriformes*. The most frequently observed species was White wagtail (*Motacilla alba*, MOTALB) in 84% of the total number of sessions,

Species	Code	Status	Jul.	Aug.	Sep.	Oct.	Nov.	Dec.	Jan.	Feb.	Mar.	Apr.	May	Jun.
<i>Passer domesticus</i> & <i>P. montanus</i>	PAS spp	B	4.3 ± 3.5	4 ± 2.1	11.9 ± 14.5	12.2 ± 7.5	5 ± 4.8	16.6 ± 13.6	7.1 ± 4		5.8 ± 2.7	3.4 ± 1.9		3.5 ± 2.3
<i>Carduelis carduelis</i>	CARLIS	B-W-M					24 ± 16.6	14 ± 18.4	1		29.3 ± 18.2	4		1
<i>Motacilla alba</i>	MOTALB	B-W	3.7 ± 2.9	3.1 ± 1.7	9 ± 9	5.3 ± 2.4	5.4 ± 2	5.2 ± 3.7	2.7 ± 1.2		2.3 ± 1	2.6 ± 1		1.9 ± 0.6
<i>Aegithalos caudatus</i>	AEGCAU	B	2 ± ± 1.4		4		6.5 ± 0.7	7			2 ± 0			
<i>Emberiza spp</i>	EMB spp	B-W-M	1				11 ± 12.7		1.7 ± 0.6		1.5 ± 0.7			1 ± 0
<i>Columba palumbus</i>	COLBUS	B-W-M		1	1				14				1.7 ± 0.6	
<i>Cyanistes caeruleus</i>	PARCAE	B	1		3	2.5 ± 0.7	1.5 ± 0.7	2	2		2	1.5 ± 0.7		1
<i>Fringilla coelebs</i>	FRICOE	B-W-M			1	1	2 ± 1.4	4.4 ± 4.5	2.8 ± 2.9		2.3 ± 1.5	1 ± 0		1.3 ± 0.5
<i>Streptopelia decaocto</i>	STRCTO	B-M	1.2 ± 0.5	1	1.3 ± 0.6	6	2	1			2 ± 0	1 ± 0		
<i>Sturnus vulgaris</i>	STUVUL	B-W-M	1.5 ± 1		1	2		2.5 ± 2.1			2			5 ± 2.8
<i>Anthus spp</i>	ANT spp	B-W-M					2	7	2.5 ± 2.1		1	1		
<i>Phylloscopus collybita</i>	PHYCOL	B-W-M			1.3 ± 0.6	1	3	3.8 ± 2.3	1		2	1		
<i>Phoenicurus ochruros</i>	PHOOCH	B-W-M	1.6 ± 0.9	3	1.8 ± 1	1	1	1			1	1.4 ± 0.6		1 ± 0
<i>Picidae</i>	PIC spp	B-W	1 ± 0	1.5 ± 0.7	1.5 ± 0.7		1	1	2		1	1 ± 0		1
<i>Eritrichus rubecula</i>	ERIRUB	B-W-M		1	1	3 ± 1.7	1.3 ± 0.6	1.3 ± 0.5	1		2			
<i>Turdus merula</i>	TURMER	B-W-M	2 ± 1.7		1	1	1.5 ± 0.7	1 ± 0			1 ± 0	1.3 ± 0.6		1 ± 0
<i>Saxicola rubicola</i>	SAXTOR	B-W-M	2		1	1						3		2.5 ± 0.7
<i>Parus major</i>	PARMAJ	B-M			1.5 ± 0.7	1.5 ± 0.7	1	2 ± 1.4	1		1 ± 0	1		
<i>Garrulus glandarius</i>	GARGLA	B-W	2 ± 2	2 ± 1.4	1 ± 0	2 ± 0								
<i>Corvus corone</i>	CORONE	B-W						2	3					1
<i>Chloris chloris</i>	CARCHL	B-W-M	2									3		
<i>Elanus caeruleus</i>	ELACAE	B				1.5 ± 0.7			1			2 ± 0		
<i>Sylvia atricapilla</i>	SYLATR	B-W-M			1 ± 0						1.5 ± 0.7	1		1
<i>Sitta europea</i>	SITEUR	B		1 ± 0	1.3 ± 0.6	1	1							
<i>Certhia brachydactyla</i>	CERBRA	B	1	1 ± 0			1							
<i>Luscinia megarhynchos</i>	LUSMEG	B-M	1	1 ± 0	1									
<i>Motacilla cinerea</i>	MOTCIN	B-W	1 ± 0	1								1		
<i>Upupa epops</i>	UPUEPO	B-W	1 ± 0	1								1		
<i>Columba livia</i>	COLLIV	B	2											
<i>Ficedula hypoleuca</i>	FICUCA	B-M			1 ± 0		1							
<i>Ardea cinerea</i>	ARDCIN	B-W-M		1										
<i>Buteo buteo</i>	BUTBUT	B-W-M												1
<i>Cuculus canorus</i>	CUCCAN	B-M		1										
<i>Pica pica</i>	PICPIC	B									1 ± 0			
<i>Sylvia communis</i>	SYLCOM	B-M										1		

Table 1. Monthly mean (± standard deviation) of minimum number of individuals per species, listed in descending order of cumulative means. The darker the cell, the higher the mean. National population status of each species is taken from UICN France (2016)⁴⁹, indicated as breeding (B), wintering (W), migrant (M). A combination of statuses is indicated if different populations are present along the year, and figured in bold if the population is consistently evaluated and significant for the species according to UICN's criteria.

House and Tree Sparrows (*Passer domesticus* and *P. montanus*, PAS spp) in 79% of sessions, and Common Chaffinch (*Fringilla coelebs*, FRICOE) in 28% of sessions, while other species were observed on less than 25% of sessions. The minimal number of individuals (i.e. maximum observed at the same time) varied with species, and ranged up to 44 individuals for European Goldfinch (*Carduelis carduelis*, CARLIS). Resulting monthly means of minimum species group sizes ranged from 1 to 29.3, with a few increases in the number of gregarious species (Table 1).

The monthly number of wild bird species ranged from 14 to 20 (Fig. 2). The diversity indices of Simpson (D) and Shannon (H) and the evenness index of Pielou (J) (Fig. 2) showed similar patterns, with highest values in April (D = 15.4, H = 17.4, J = 0.95) and July (D = 13.8, H = 15.8, J = 0.95), then dropping during fall and winter down to the lowest values in March (D = 4.1, H = 8.3, J = 0.73).

Using data of observations in presence of ducks, the direct environment of individual birds were analysed to quantify behaviours allowing potential direct or indirect interactions between wild birds and domestic ducks. Nine of the 23 species (8 of the 22 groups of species) observed in the presence of domestic ducks were recorded at least once at less than one meter from ducks (Fig. 3a). The frequency of these direct contacts represented 131 observations in the 953 total observations with presence of ducks (13.7%), implying a cumulative count of 294 individuals out of the 2446 cumulative individual birds. The vast majority of direct contacts implied MOTALB with 106 observations of 245 individuals, accounting for 83% of all birds showing direct contact with ducks and for 23% of all interactions with ducks shown by the species (Fig. 3a). This was followed by PAS spp, with 14 observations of 32 individuals, accounting for 11% of birds in direct contact with ducks and for 3% of interactions with ducks by the species (Fig. 3a). This was followed by *Turdus merula* TURMER and *Garrulus glandarius* GARGLA with each one 5 individuals (each one accounting for 1.7% of birds in direct contact, and respectively 19% and 36% of interactions by each species), followed by *Aegithalos caudatus* AEGCAU (3 individuals, 1.0% of birds in direct contact and 100% of interactions by the species), *Streptopelia decaocto* STRCTO (2 individuals, 0.7% of birds in direct contact and 40% of interactions by the species), and *Sturnus vulgaris* STUVUL and *Phoenicurus ochruros* PHOOCH (each one with 1 individual, 0.3% of birds in direct contact, and respectively 50% and 4% of interactions by each species) (Fig. 3a). Recordings of bird behaviour and locations on foraging areas revealed situations of proximity between wild birds and duck aggregation areas such as feeders, drinkers or inside duck premises (Fig. 3b). These observations (41 out of 953, implying a cumulative count of 70 individuals) implied only 3 species: MOTALB (25 observations of 32 individuals), PAS spp (15 observations of 37 individuals) and STRCTO (1 observation of one individual on a drinker). Only MOTALB and PAS spp were observed flying into

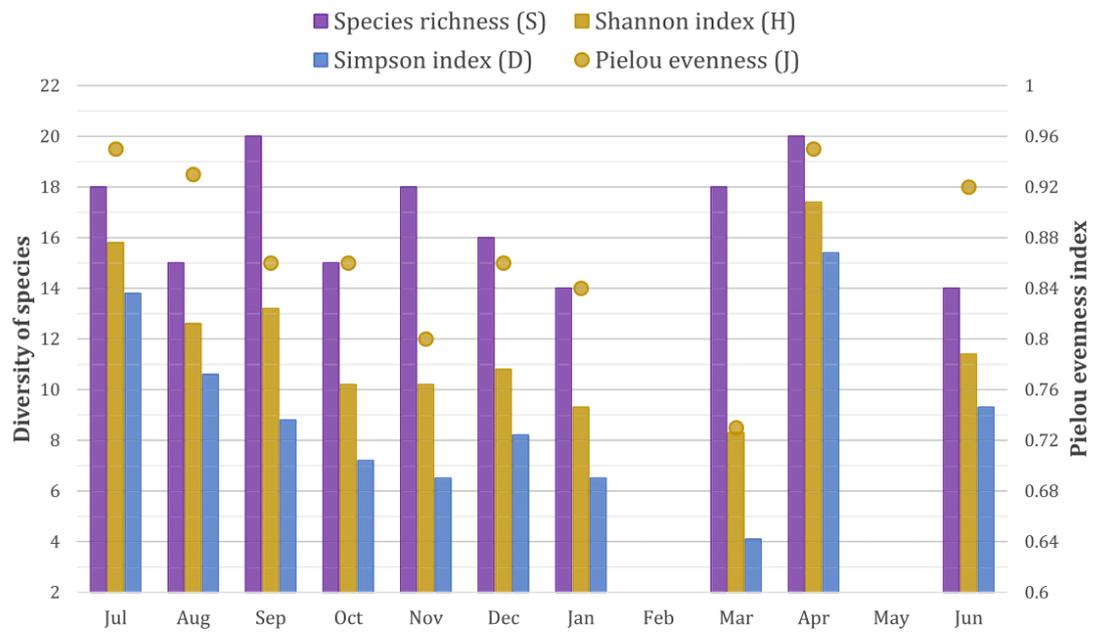


Figure 2. Monthly observed bird diversity indices on duck foraging areas.

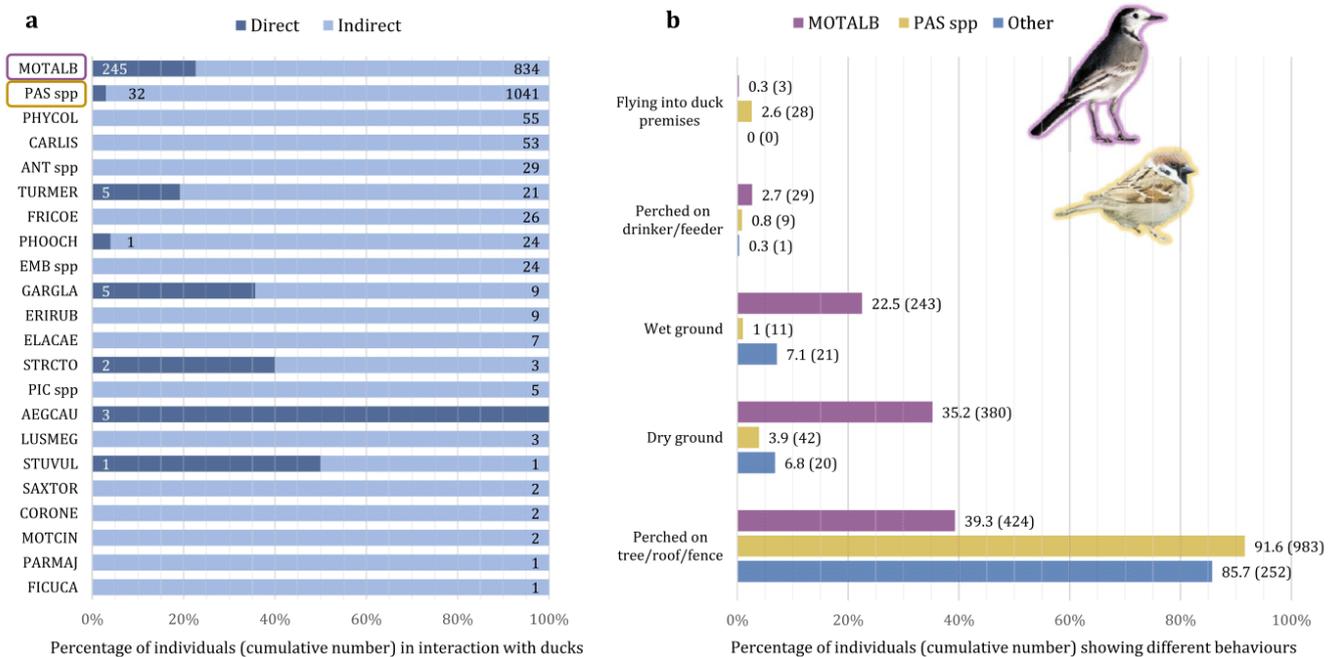


Figure 3. Distribution of cumulative numbers of individuals by species or species group involved in different types of interactions with domestic ducks over 953 observations of 2,446 cumulative individuals in total. **(a)** Distribution by proximity with ducks, considering a direct interaction as a distance to ducks closer than one meter (indirect otherwise). **(b)** Distribution by type of behaviour in the two most abundant species groups compared to all others. Species names are coded as follows: AEGCAU: *Aegithalos caudatus*; ANT spp: *Anthus spp.*; CARLIS: *Carduelis carduelis*; CORONE: *Corvus corone*; ELACAE: *Elanus caeruleus*; EMB spp: *Emberiza spp.*; ERIRUB: *Erithacus rubecula*; FICUCA: *Ficedula hypoleuca*; FRICOE: *Fringilla coelebs*; GARGLA: *Garrulus glandarius*; LUSMEG: *Luscinia megarhynchos*; MOTALB: *Motacilla alba*; MOTCIN: *Motacilla cinerea*; PARMAJ: *Parus major*; PAS spp.: *Passer domesticus* & *P. montanus*; PHOOCH: *Phoenicurus ochruros*; PHYCOL: *Phylloscopus collybita*; PIC spp.: *Picidae*; SAXTOR: *Saxicola rubicola*; STRCTO: *Streptopelia decaocto*; STUVUL: *Sturnus vulgaris*; TURMER: *Turdus merula*.

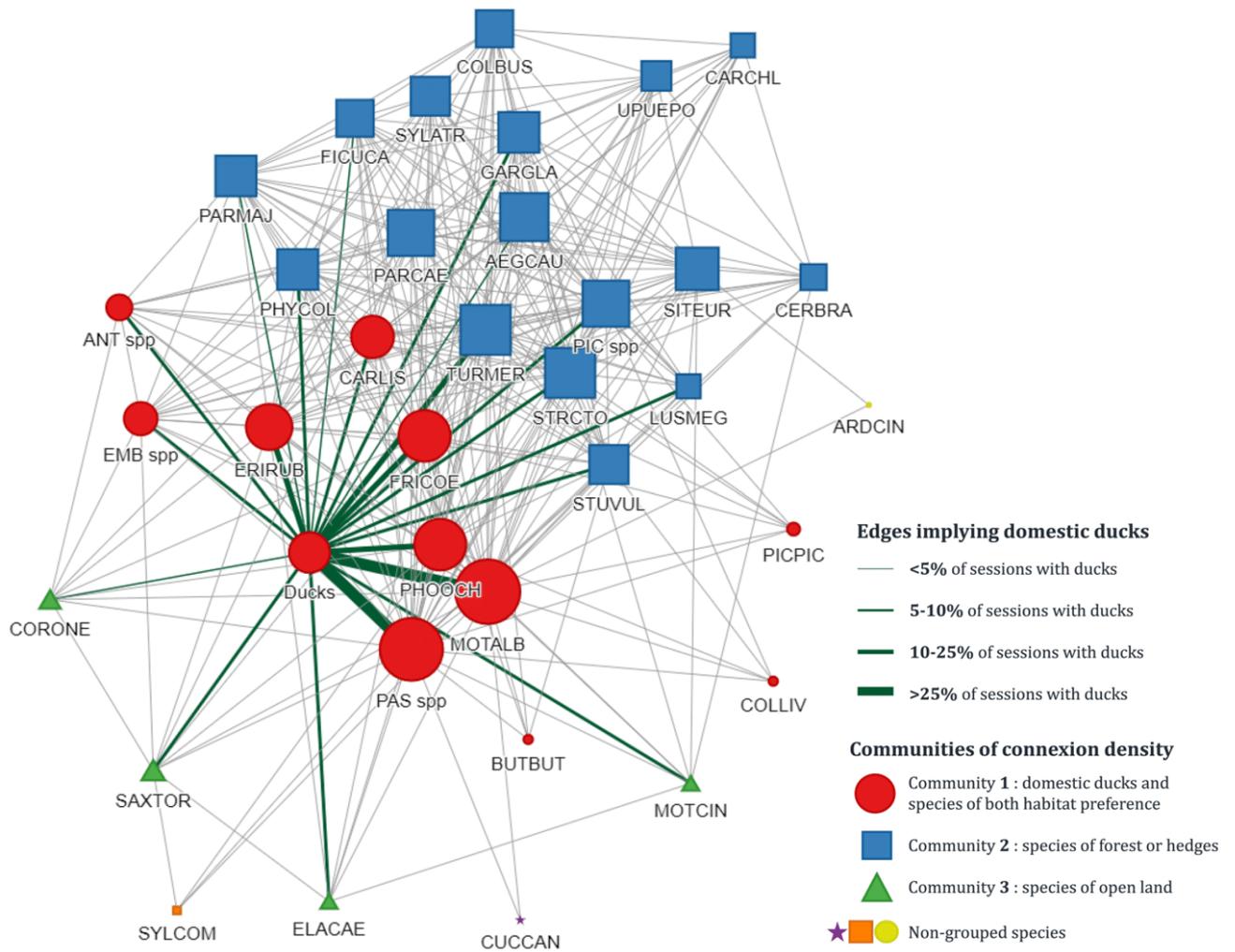


Figure 4. Undirected weighted network based on 87 observation sessions on duck foraging areas, leading to 1761 individual observations of 36 species or groups of species. Nodes are each species (or group), edges are observed interactions (co-occurrence) between two species. Nodes are coloured and shaped by community and sized by degree (number of contact-species), and arranged to show the most connexions as possible. Interactions with ducks are highlighted in green. Edge thickness is relative to their weight, i.e. their relative frequency in the total number of observation sessions. Species names are coded as follows: Ducks: Domestic ducks; AEGCAU: *Aegithalos caudatus*; ANT spp: *Anthus spp.*; ARDCIN: *Ardea cinerea*; BUTBUT: *Buteo buteo*; CARCHL: *Chloris chloris*; CARLIS: *Carduelis carduelis*; CERBRA: *Certhia brachydactyla*; COLBUS: *Columba palumbus*; COLLIV: *Columba livia*; CORONE: *Corvus corone*; CUCCAN: *Cuculus canorus*; ELACAE: *Elanus caeruleus*; EMB spp: *Emberiza spp.*; ERIRUB: *Erithacus rubecula*; FICUCA: *Ficedula hypoleuca*; FRICOE: *Fringilla coelebs*; GARGLA: *Garrulus glandarius*; LUSMEG: *Luscinia megarhynchos*; MOTALB: *Motacilla alba*; MOTCIN: *Motacilla cinerea*; PARCAE: *Cyanistes caeruleus*; PARMAJ: *Parus major*; PAS spp.: *Passer domesticus* & *P. montanus*; PHOOCH: *Phoenicurus ochruros*; PHYCOL: *Phylloscopus collybita*; PIC spp.: *Picidae*; PICPIC: *Pica pica*; SAXTOR: *Saxicola rubicola*; SITEUR: *Sitta europea*; STRCTO: *Streptopelia decaocto*; STUVUL: *Sturnus vulgaris*; SYLATR: *Sylvia atricapilla*; SYLCOM: *Sylvia communis*; TURMER: *Turdus merula*; UPUEPO: *Upupa epops*.

duck premises, by 3 and 28 individuals (on 3 and 9 occasions), respectively (Fig. 3b). Contrary to other species, MOTALB were most of the time observed on the ground of duck foraging areas, on 272 observations (52% of 523 for the species) implying a cumulative number of 623 individuals out of 1079 (58%). Of these, 114 observations of 243 individuals (22%) were precisely on wet ground trampled by ducks (Fig. 3b).

Network of between-species co-occurrences. The undirected weighted network of between-species co-occurrences on the farm over 1 year was analysed. The network consisted of 36 nodes, one for domestic ducks and the other 35 for wild bird species (including 4 groups of species and 31 individual species) (Fig. 4). Nodes were connected by 323 edges representing the aggregation of 1217 observed co-occurrences of species pairs on the 87 selected observation sessions. Frequencies of co-occurrences (i.e., weight of edges) were very heterogeneous, with MOTALB and PAS spp paired on 74% of sessions as these species were observed on 85% and 80% of sessions, respectively. In contrast, other pairs of wild species were observed on less than 25% of all observation

Species	Environmental variables		Cumulative counts	OR	Confidence interval [2.5–97.5%]	p-value	Conditionnal R ²	AIC of fitted model (AIC of full model)
White wagtails (MOTALB)	Vegetation	Wooded Open	103 191	Reference 1.82	1.33–2.48	1.60e–04	0.523	347.4 (360.0)
	Time of day	Morning Afternoon	105 189	Reference 0.97	0.57–1.63	8.98e–01		
	Duck presence	Absent Present	68 226	Reference 2.01	1.27–3.17	2.71e–03		
	Duck presence :Time of day	Absent or morning Present on the afternoon	132 162	Reference 2.00	1.06–3.77	3.26e–02		
Sparrows (PAS spp)	Season	Spring–Summer Fall–Winter	165 309	Reference 2.60	1.64–4.17	5.64e–05	0.098	472.0 (488.7)

Table 2. Results of the negative binomial general linear mixed-effects models for White wagtails and Sparrows on duck foraging areas. For each species, counts per session are the response variable, and effects of explanatory environmental variables according to the minimal fitted model are detailed. For both species, the full model from which the AIC is given used the formula $Logit(counts) = Vegetation * Season * Time\ of\ day * Duck\ presence$ with the Month as random effect. Significant values are in [bold].

sessions. In presence of ducks on the area (34 observation sessions), only two species were co-occurring with ducks on more than 25% of sessions: MOTALB (94% of sessions) and PAS spp (85% of sessions). The two species were paired on 82% of sessions in presence of ducks. Other high frequencies of co-occurrences involved MOTALB with PHOOCH (23% of sessions), MOTALB or PAS spp with FRICOE (both 22% of sessions), and PAS spp with PHOOCH (21% of sessions). All other species' pairs were observed on less than 19% of sessions. Degrees (i.e., number of paired species) were also heterogeneous, from MOTALB co-occurring with all other species and showing the highest degree of 35, to ARDCIN and CUCCAN that were rarely observed and both showing a degree of 2. PAS spp showed the second highest degree of 34, followed by FRICOE and PHOOCH with a lower degree of 28. As ducks were not present with all observed wild bird species, they showed a degree of 22. The walktrap algorithm identified three communities (numbered from one to three), including 12, 17, and 4 nodes, respectively (Fig. 4). Three species were not grouped with others by the algorithm. The three communities were representative of habitat preference of birds. Community 1 included domestic ducks and wild bird species of either wood or open land that were the most connected to ducks and their most-frequently visiting species. Communities 2 and 3 were composed of wild bird species living preferentially in woods or in open lands, respectively.

Influence of environmental factors on wild species abundance. The abundances of MOTALB (present in 84% of observation sessions) and PAS spp (79%) were statistically analysed in relation with environmental factors. Presence of ducks was moderately and significantly associated with season, with more observation sessions without ducks in spring–summer season ($X^2 = 7.69$, $p = 5.55e-03$, $\phi = 0.32$). Presence of ducks was also significantly associated with surrounding vegetation, with a weaker association, due to more observation sessions without ducks in wooded-hedged areas ($X^2 = 4.49$, $p = 3.40e-02$, $\phi = 0.25$). Results of the general linear mixed-effects model (Table 2) showed that the number of MOTALB was positively and significantly associated with open areas in comparison with wooded-hedged areas (OR = 1.82, 95% confidence interval (CI): 1.33–2.48, $p = 1.60e-04$). The effect of time of day alone was weak and not significant, but it was stronger and significant in interaction with duck presence, with more abundance of MOTALB on the afternoon with ducks on the area in comparison with the morning or without ducks (OR = 2.00, 95% CI: 1.06–3.77, $p = 3.26e-02$). Abundance of MOTALB was also positively and significantly associated with the presence of ducks on the area (OR = 2.01, 95% CI: 1.27–3.17, $p = 2.71e-03$). The fitted model explained 52.3% of data variance according to the trigamma conditional R². As for PAS spp, the general linear mixed-effects model showed that counts were only positively and significantly associated with fall–winter in comparison with spring–summer (OR = 2.60, 95% CI: 1.64–4.17, $p = 5.64e-05$) (Table 2). The fitted model was much less predictive with 9.8% of explained variance according to the trigamma conditional R².

Discussion

Detailed counts and individual observations of wild birds visiting outdoor foraging areas of a typical free-range duck farm made it possible to characterise the species diversity of the avian commensal population visiting duck facilities, as well as to quantify different types of direct and indirect interactions with duck flocks. This study of wild bird interactions with free-range poultry is to our knowledge the most detailed one after few previous studies^{50–54}, with the combination of year-long series of data, species-level identification and individual behaviour quantification. The originality of this study lies in the multi-species contact network analysis applied to the context of a wildlife–livestock interface⁵⁵, in addition with the focus on a free-range duck farm that represents a specific but least-studied type of poultry production.

The farm studied is not directly connected to any wetland or littoral areas, which makes it theoretically unattractive for wild aquatic birds such as Anseriformes, Charadriiformes or Ardeidae that are considered as main reservoirs for AIV^{8,9}. Indeed, results showed that the vast majority of visiting wild birds were non-aquatic species (except for one Grey heron, *Ardea cinerea*). Most of them were passerines, which allowed to specifically focus this

study on terrestrial non-aquatic avian communities of such farm environments. The observed species richness and diversity on foraging areas is slightly lower than periurban areas of France 20 years ago⁵⁶, or comparable to most types of agricultural lands in France²⁹. However, the actual diversity of the farm is certainly greater than what was observed in this study, as farm areas outside duck foraging areas were specifically excluded, and only visual counts were applied. Indeed, the surrounding vegetation (woods, riparian vegetation, hedges) and habitats (various crops, duck premises, barns, old houses and gardens) of the whole farm are attractive for a vast diversity of wild birds throughout the year, as suggested by a study in the Netherlands⁵⁰ and as seen on visits for other purposes and on nest captures on the study farm (20–30 species, $H = 36.6$ – 54.6 , unpublished data). Interestingly, the profile of bird species observed on our study farm was quite different from other studies. Columbidae, Corvidae and Sturnidae were observed on less than 21% of observation sessions, and mostly in small numbers, while they composed a large part of observations in studies on other world regions and were thus identified as important species^{7,27,51,53,54}. This difference in visiting bird species highlights the importance of studying wild-domestic bird interface in each environmental context of interest. Thus, infectious risk analyses can be focused on species that are the most abundant and in close interaction with domestic birds, such as White wagtails and Sparrows in the context of this study.

Co-occurrence and behaviour analyses together revealed the key role of White wagtails and House and Tree sparrows in the multi-species interaction network surrounding free-range domestic ducks. These three species were by far the most frequent and abundant species either when ducks were present or not, all year long, and with a resulting high number of species in indirect contact (co-occurring in the same area). It appears that White wagtails and Sparrows can play a role as a link (at least by indirect contacts on duck foraging areas) between ducks and other wild birds that may less frequently visit ducks, thus intensifying the global connection between the wild and domestic compartments of the local interface. The three species, and to a lesser extent other species of the duck-centred community (number 1), seem to intensify local connections between communities of birds that are usually observed in distinct habitats such as woods or open lands. Moreover, White wagtails were observed in co-occurrence with the only aquatic bird (Grey heron) observed during this study on an area with no ducks on it. As White wagtails are very mobile and omnipresent on the farm, it is highly probable that on the same day (or few surrounding days if considering AIV incubation similar to Sparrows^{10–13}) the same individuals went in direct or indirect contact with other species of wild or domestic birds of the farm. White wagtails may then help connect domestic ducks and the community of commensal birds of the farm to more distant and less frequent species that may be more susceptible to infections. Such epidemiological connection between White wagtails and European starlings, another commensal bird species of poultry farms, has already been suggested by a previous study in the same region⁵⁷. In addition to their abundance, White wagtails and Sparrows showed bold behaviours towards ducks and their facilities, frequently approaching ducks at a close distance, perching on their drinkers and feeders, flying into their premises, and foraging on trampled grounds rich in duck faeces. The one-meter distance chosen here was an estimation of potential direct airborne transmission via droplets applied to various respiratory infectious agents, including AIV³⁵. It was based on approximate droplet emission distance³⁶ and virus infectivity in droplets³⁷. Although observations of wild birds in close proximity to ducks were overall infrequent, they constituted the only evidence of possible direct infectious transmission between wild birds and ducks, as physical contacts were never observed in this study, and have rarely been observed on poultry farms in other studies^{51,54}. In addition to direct contact occasions, the presence of White wagtails and Sparrows on drinkers, feeders, inside duck premises or on wet trampled ground made indirect transmission of potential infectious agents from and to ducks highly possible. This risk has to be further evaluated for these particular species of wild birds. While Sparrows are commonly observed in most other studies of poultry farms^{7,25,27,54}, and are known for their susceptibility to AIV infection^{10–13}, they are sedentary and probably purely commensal hosts that may only transmit infectious agents at a very local scale. White wagtails are rarely considered in epidemiological studies around poultry farms^{6,54,58,59}; however, the species is much more mobile than Sparrows, both on a daily basis⁶⁰ and seasonally, with partial migratory behaviour and winter aggregations in the region of this study⁶¹. Besides farms, the species is detected in a large diversity of habitats, and it is particularly attracted by wetlands, foraging on open areas along river or lake banks where wild aquatic birds can be present (data from French Breeding Bird Survey⁶²). White wagtails are thus excellent candidates as bridge hosts¹⁶ for pathogens shared between domestic ducks and water birds, such as AIV, as suggested in a previous multi-site study⁷. This role on the study farm, which serves as a model of farms in southwest France, needs to be further evaluated through local ecological and epidemiological studies.

Analysis of environmental factors favouring abundance of Sparrows showed a higher concentration of birds during the fall and winter seasons. Either by population increase (young birds of the year from the local breeding population), or by aggregation on foraging areas rather than other environments, this element certainly increases their role in intensifying local connections between communities of birds. This intensification of connections is of particular concern for future epidemiological studies as it happens at a time of year when persistence of infectious agents in the environment is favoured by low temperatures and high humidity^{63–65}, and when highly pathogenic AIV are regularly at risk of being introduced in poultry farms of the region by migratory water birds^{19,66}. At the scale of the study farm, Sparrows seemed to have no preference in terms of weather, time of day or surrounding vegetation. This reveals their constant presence under all conditions around duck areas, probably due to their granivore feeding behaviour associated with their sedentary behaviour around farm buildings where they build colony shelters. In contrast, White wagtails were slightly more abundant in the afternoon and consistently more abundant when ducks were present or on areas that were not surrounded by hedges or woods. The species therefore seems to require more specific types of environments than Sparrows, and probably also chooses the best time of day to forage on duck areas when arthropods are more active. Indeed, most of the time they were observed on the ground hunting for arthropods that are numerous around duck manure and litter⁶⁷. Again, further ecological studies have to be carried out in the region to find out what other sites are visited by

White wagtails when they are not observed on the farm. However, duck presence and open-vegetation areas showed a weak positive association that might increase the effect of one variable or the other in the model. Moreover, duck presence showed a moderate positive association with fall-winter season, which also needs to be taken into account in conclusions. Therefore, abundance of White wagtail may be positively influenced by fall-winter season in parallel with duck presence, and abundance of Sparrows may be positively influenced by duck presence in parallel with fall-winter season.

Practices of the studied farm are very likely representative of most regions of southwest France, thus allowing to extrapolate a good part of the conclusions, provided that local bird communities are similar. In particular, the farm has been applying daily preventive measures that are recommended by sanitary authorities for several years: covering feeders and drinkers, repelling wildlife on the farm with electric fences and rodent poisoning, checking for and removing dead domestic ducks every day. However, it should be noted that from January 2021 the presence of ducks in the outdoor areas was disturbed as the farm was under regulatory restrictions due to regional control measures for the HPAI H5N8 epizooty that occurred in the winter of 2020–2021. Consequently, no recent introduction or removal of ducks happened on the farm in January, then preventive culling in February (no observation) led to the absence of ducks during the months which followed in the spring of 2021, allowing vegetation to grow on all foraging areas. These changes in surface use and activity on the farm may have impacted the presence of commensal birds. This idea seems to be supported by the lowest diversity and evenness indices in March, as abundances were dominated by few species (mostly groups of CARLIS, and few MOTALB and PAS spp) that comply with the cleaning activities that were occurring on most parts of the farm. With growing vegetation and less activity during spring, these changes possibly reverted in favour of less farm-dependent species along with the ascending migratory visitors, making the diversity indices rise in April.

As the aim of this study was to describe commensal birds, the observation protocol had to focus on foraging areas only. If observation biases hid some elusive or hardly identifiable species, these could be considered as occasional or distant visitors rather than truly commensal. It is certain that the most important species targeted in terms of numbers and duck-centred behaviours were certainly not missed by the protocol implemented in this study, although the sanitary disturbances described above might have lowered their numbers in the spring of 2021. However, in order to be more exhaustive regarding bird species that visit the farm, a study at night time could be useful as domestic ducks have access to foraging areas during the night and nocturnal birds (owls and snipes for instance) were detected on some occasions during visits for other purposes. To detect a broader range of species and complete the assessment of targets for future studies, the observation method implemented in this study could then be complemented by other methods like nocturnal cameras^{51,54} or identification of bird DNA accumulated in environmental samples on domestic duck areas⁶⁸. These methods could provide large benefits and should be considered in further research.

In a context of declining farmland bird populations in France and Europe^{28,69}, it is interesting to highlight the presence of particularly threatened species in our study site. According to evaluation of French breeding bird populations^{49,69}, two of the species observed on foraging areas of the farm are declining steeply and are classified as endangered on the national IUCN Red List: *Emberiza schoeniclus* (– 50% 2001–2019 decline), and *Passer montanus* (– 60%). Five other species also are declining steeply but continue to be classified as vulnerable on this list: *Anthus pratensis* (– 66%), *Chloris chloris* (– 50%), *Carduelis carduelis* (– 31%), *Dryobates minor* (– 31%), and *Emberiza citrinella* (– 54%). It therefore appears important to preserve in particular the consequent nesting population of *Passer montanus* thriving on this farm thanks to shelters in old buildings and rich sources of food brought by diverse agricultural activities and natural habitats.

The overwhelming presence of White wagtails and Sparrows observed throughout the year on the farm, and their frequent and close proximity with domestic ducks, raises questions concerning the efficacy of contact-restricting measures. Indeed, the ability of these commensal species to adapt to complex environments driven by human activities makes them virtually impossible to strictly keep away from free-range poultry farms. In addition, in traditional free-range systems such as the one studied here, sustainable measures have to preserve the freedom of domestic ducks as much as possible, but also preserve endangered farmland birds by having as little unwanted impact as possible. Some wildlife-preventing systems with variable efficacy and costs are being tested on poultry farms and other agricultural facilities^{59,70}: nets, laser⁷¹, balloons, kites⁷², propane canons, and scaring alarm calls⁷³. While they may keep the most fearful and larger species away (particularly aquatic birds), the boldest ones might still eventually find a way to access the attractive places on farms where animals live, either by habituation⁷¹ or by taking advantage of inherent flaws or defects in the system. To avoid habituation, costly strict wildlife-prevention measures should be used for short periods of time and when absolutely needed. Moreover, most contact-restriction measures are aimed at preventing poultry from being infected by wildlife, even though it has been proven to be a minor introduction risk in previous HPAI epizooties^{17,74}. Contact-restriction measures often do not consider the environmental transmission risk from poultry to wildlife, but waste water, feathers, dust and aerosols coming from thousands of infected birds on a farm can represent a massive contamination source for commensal wild birds living in the same environment^{75–77}. After characterising what and how wild-domestic interactions occur and identifying a few species that could represent ecological bridges, it is necessary to assess whether these bridges are epidemiologically functional as well⁷⁸. In a second phase, considered commensal species have to be characterised with regard to their infectious susceptibility and excretion capacity for the pathogen of interest, such as HPAI. Effectively infected commensal wild birds could then spread the infectious agent to other farms, or to a wild maintenance host. Without complete knowledge of the bridge host potential of every commensal species for every infectious agent, and as a precautionary measure, overall biosecurity measures on poultry farms stay useful and need to consist of multiple complementary measures. They should prevent wild birds from coming into contact with poultry or their facilities, but also poultry-contaminated materials (litter, manure, waste water, dust) from being accessible to wild birds and vice versa (natural watercourse or water body, water run-off, litter and feeding materials). It is of first importance to take into account all possible dispersion

pathways to limit the risk of spillover and spillback events between wild and domestic birds, in particular for highly transmissible, rapidly evolving and devastating agents such as HPAI.

Data availability

The datasets generated and analysed during the current study are available from the corresponding author on reasonable request.

Received: 14 December 2021; Accepted: 30 May 2022

Published online: 13 June 2022

References

- Sætre, G.-P. *et al.* Single origin of human commensalism in the house sparrow. *J. Evol. Biol.* **25**, 788–796 (2012).
- Anderson, T. *Biology of the Ubiquitous House Sparrow: From Genes to Populations* (Oxford University Press, 2006). <https://doi.org/10.1093/acprof:oso/9780195304114.001.0001>.
- Johnston, R. F. Synanthropic Birds of North America. In *Avian Ecology and Conservation in an Urbanizing World* (eds Marzluff, J. M. *et al.*) 49–67 (Springer, 2001). https://doi.org/10.1007/978-1-4615-1531-9_3.
- Shaw, L. M., Chamberlain, D., Conway, G. & Toms, M. *Spatial distribution and habitat preferences of the House Sparrow *Passer domesticus* in urbanised landscapes*. (2011).
- Guetté, A., Gaüzère, P., Devictor, V., Jiguet, F. & Godet, L. Measuring the synanthropy of species and communities to monitor the effects of urbanization on biodiversity. *Ecol. Indic.* **79**, 139–154 (2017).
- Slusher, M. J. *et al.* Are passerine birds reservoirs for influenza A viruses?. *J. Wildl. Dis.* **50**, 792–809 (2014).
- Veen, J. *et al.* *Ornithological data relevant to the spread of Avian Influenza in Europe (phase 2): further identification and first field assessment of Higher Risk Species*. (2007).
- Caron, A., Cappelle, J. & Gaidet, N. Challenging the conceptual framework of maintenance hosts for influenza A viruses in wild birds. *J. Appl. Ecol.* **54**, 681–690 (2017).
- Olsen, B. *et al.* Global patterns of influenza A virus in wild birds. *Science* **312**, 384–388 (2006).
- Brown, J. D., Stallknecht, D. E., Berghaus, R. D. & Swayne, D. E. Infectious and lethal doses of H5N1 highly pathogenic avian influenza virus for house sparrows (*Passer Domesticus*) and rock pigeons (*Columbia Livia*). *J. Vet. Diagn. Invest.* **21**, 437–445 (2009).
- Forrest, H. L., Kim, J.-K. & Webster, R. G. Virus shedding and potential for interspecies waterborne transmission of highly pathogenic H5N1 influenza virus in sparrows and chickens. *J. Virol.* **84**, 3718–3720 (2010).
- Nemeth, N. M., Thomas, N. O., Orahoud, D. S., Anderson, T. D. & Oesterle, P. T. Shedding and serologic responses following primary and secondary inoculation of house sparrows (*Passer domesticus*) and European starlings (*Sturnus vulgaris*) with low-pathogenicity avian influenza virus. *Avian Pathol.* **39**, 411–418 (2010).
- Yamamoto, Y., Nakamura, K., Yamada, M. & Mase, M. Pathogenesis in Eurasian tree sparrows inoculated with H5N1 highly pathogenic avian influenza virus and experimental virus transmission from tree sparrows to chickens. *Avian Dis.* **57**, 205–213 (2013).
- Ellis, J. W. *et al.* Avian influenza A virus susceptibility, infection, transmission, and antibody kinetics in European starlings. *PLOS Pathog.* **17**, e1009879 (2021).
- Gutiérrez, R. A., Sorn, S., Nicholls, J. M. & Buchy, P. Eurasian tree sparrows, risk for H5N1 virus spread and human contamination through buddhist ritual: An experimental approach. *PLoS ONE* **6**, e28609 (2011).
- Caron, A., Cappelle, J., Cumming, G. S., de Garine-Wichatitsky, M. & Gaidet, N. Bridge hosts, a missing link for disease ecology in multi-host systems. *Vet. Res.* **46**, 1–11 (2015).
- Guinat, C. *et al.* Duck production systems and highly pathogenic avian influenza H5N8 in France, 2016–2017. *Sci. Rep.* **9**, 1–9 (2019).
- EFSA *et al.* Scientific report Avian influenza overview October 2016–August 2017. *EFSA J.* **15**, 101 (2017).
- EFSA *et al.* Scientific report: Avian influenza overview December 2020–February 2021. *EFSA J.* **19**, 74 (2021).
- Le Bouquin, S. *et al.* L'épisode d'influenza aviaire en France en 2015–2016: Situation épidémiologique au 30 juin 2016. *Bull. Épidémiologique Santé Anim. Aliment.—DGAL—Anses* 1–7 (2016).
- EFSA *et al.* Avian influenza overview December 2021–March 2022. *EFSA J.* **20**, e07289 (2022).
- DGAL. Arrêté du 8 février 2016 relatif aux mesures de biosécurité applicables dans les exploitations de volailles et d'autres oiseaux captifs dans le cadre de la prévention contre l'influenza aviaire. AGRG1603907A, (2016).
- Koch, G. & Elbers, A. R. W. Outdoor ranging of poultry: A major risk factor for the introduction and development of high-pathogenicity avian influenza. *NJAS—Wagening. J. Life Sci.* **54**, 179–194 (2006).
- Delpont, M. *et al.* Biosecurity practices on foie gras duck farms Southwest France. *Prev. Vet. Med.* **158**, 78–88 (2018).
- Bicout, J. D., Artois, M., Musseau, R., Caparros, O. & Lubac, S. Which wild birds are potentially at risk for contacts between wild avifauna and with poultry? in *9èmes Journées de la Recherche Avicole, Tours, France* 5pp (World's Poultry Science Association (WPSA), 2011).
- Gotteland, C., Lubac, S. & Bicout, D. Où trouve-t-on les oiseaux sauvages aux alentours des élevages? Risque de contact oiseaux sauvages et volailles. *Epidemiol. Santé Anim.* **55**, 103–115 (2009).
- Lubac, S., Musseau, R., Caparros, O., Artois, M. & Bicout, J. D. Interactions entre l'avifaune sauvage et les élevages de volailles: Quel risque épidémiologique vis à vis de l'Influenza aviaire ?. *Innov. Agron.* **25**, 299–312 (2012).
- Burns, F. *et al.* Abundance decline in the avifauna of the European Union reveals cross-continental similarities in biodiversity change. *Ecol. Evol.* **0**, 1–14 (2021).
- Jeliázkov, A. *et al.* Impacts of agricultural intensification on bird communities: New insights from a multi-level and multi-facet approach of biodiversity. *Agric. Ecosyst. Environ.* **216**, 9–22 (2016).
- Chiatante, G., Pellitteri-Rosa, D., Torretta, E., Nonnis Marzano, F. & Meriggi, A. Indicators of biodiversity in an intensively cultivated and heavily human modified landscape. *Ecol. Indic.* **130**, 108060 (2021).
- QGIS Development Team. *QGIS Geographic Information System*. (QGIS Association, 2022).
- Jost, L. Entropy and diversity. *Oikos* **113**, 363–375 (2006).
- Pielou, E. C. The measurement of diversity in different types of biological collections. *J. Theor. Biol.* **13**, 131–144 (1966).
- R Core Team. *R: A Language and Environment for Statistical Computing* (R Foundation for Statistical Computing, 2019).
- Bacigalupo, S. A., Dixon, L. K., Gubbins, S., Kucharski, A. J. & Drewe, J. A. Towards a unified generic framework to define and observe contacts between livestock and wildlife: A systematic review. *PeerJ* **8**, e10221 (2020).
- Xie, X., Li, Y., Chwang, A. T. Y., Ho, P. L. & Seto, W. H. How far droplets can move in indoor environments: revisiting the Wells evaporation-falling curve. *Indoor Air* **17**, 211–225 (2007).
- Zuo, Z. *et al.* Association of airborne virus infectivity and survivability with its carrier particle size. *Aerosol Sci. Technol.* **47**, 373–382 (2013).

38. Newman, M. E. J. Modularity and community structure in networks. *Proc. Natl. Acad. Sci.* **103**, 8577–8582 (2006).
39. Pons, P. & Latapy, M. Computing Communities in Large Networks Using Random Walks. in *Computer and Information Sciences : ISCSIS 2005* 284–293 (Springer, 2005). https://doi.org/10.1007/11569596_31.
40. Csardi, G. & Nepusz, T. The igraph software package for complex network research. *InterJ. Complex Syst.* **1695**, 1–9 (2006).
41. Ben-Shachar, M. S., Lüdtke, D. & Makowski, D. effectsize: Estimation of effect size indices and standardized parameters. *J. Open Source Softw.* **5**, 2815 (2020).
42. Cohen, J. *Statistical Power Analysis for the Behavioral Sciences* (Routledge, 1988). <https://doi.org/10.4324/9780203771587>.
43. Bates, D., Mächler, M., Bolker, B. & Walker, S. Fitting linear mixed-effects models using lme4. *J. Stat. Softw.* **67**, 1–48 (2015).
44. Bates, D. et al. *lme4: Linear Mixed-Effects Models using 'Eigen' and S4*. (2022).
45. Bartoň, K. *MuMIn: Multi-Model Inference*. (2022).
46. Nakagawa, S., Johnson, P. C. D. & Schielzeth, H. The coefficient of determination R^2 and intra-class correlation coefficient from generalized linear mixed-effects models revisited and expanded. *J. R. Soc. Interface* **14**, 20170213 (2017).
47. Lefcheck, J., Byrnes, J. & Grace, J. *piecewiseSEM: Piecewise Structural Equation Modeling*. (2020).
48. Lefcheck, J. S. piecewiseSEM: Piecewise structural equation modelling in r for ecology, evolution, and systematics. *Methods Ecol. Evol.* **7**, 573–579 (2016).
49. UICN France, MNHN, LPO BirdLife France, SEO & ONCFS. *La Liste rouge des espèces menacées en France—Chapitre Oiseaux de France métropolitaine*. (2016).
50. Bestman, M., de Jong, W., Wagenaar, J.-P. & Weerts, T. Presence of avian influenza risk birds in and around poultry free-range areas in relation to range vegetation and openness of surrounding landscape. *Agrofor. Syst.* **92**, 1001–1008 (2018).
51. Scott, A. B. et al. Wildlife presence and interactions with chickens on australian commercial chicken farms assessed by camera traps. *Avian Dis.* **62**, 65–72 (2018).
52. Scherer, A. L., de Scherer, J. F. M., Petry, M. V. & Sander, M. Occurrence and interaction of wild birds at poultry houses in southern Brazil. *Rev. Bras. Ornitol.: Braz. J. Ornithol.* **19**, 74–79 (2011).
53. Burns, T. E. et al. Use of observed wild bird activity on poultry farms and a literature review to target species as high priority for avian influenza testing in 2 regions of Canada. *Can. Vet. J.* **53**, 158–166 (2012).
54. Elbers, A. R. W. & Gonzales, J. L. Quantification of visits of wild fauna to a commercial free-range layer farm in the Netherlands located in an avian influenza hot-spot area assessed by video-camera monitoring. *Transbound. Emerg. Dis.* <https://doi.org/10.1111/tbed.13382> (2019).
55. Craft, M. E. Infectious disease transmission and contact networks in wildlife and livestock. *Philos. Trans. R. Soc. B. Biol. Sci.* **370**, 20140107 (2015).
56. Clergeau, P., Savard, J.-P.L., Mennechez, G. & Falardeau, G. Bird abundance and diversity along an urban-rural gradient: A comparative study between two cities on different continents. *The Condor* **100**, 413–425 (1998).
57. Le Gall-Ladevèze, C. et al. Detection of a novel enterotropic Mycoplasma gallisepticum-like in European starling (*Sturnus vulgaris*) around poultry farms in France. *Transbound. Emerg. Dis.* **0**, 1–12 (2021).
58. Shriner, S. A. & Root, J. J. A review of avian influenza A virus associations in synanthropic birds. *Viruses* **12**, 1209 (2020).
59. Shriner, S. A. et al. Surveillance for highly pathogenic H5 avian influenza virus in synanthropic wildlife associated with poultry farms during an acute outbreak. *Sci. Rep.* **6**, 36237 (2016).
60. Davies, N. B. Food, flocking and territorial behaviour of the pied wagtail (*Motacilla alba yarrellii* Gould) in winter. *J. Anim. Ecol.* **45**, 235–253 (1976).
61. Snow, D. W., Perrins, C. M. & Gillmor, R. *The birds of the western palaeartic. Vol. 2, Passerines. vol. 2* (Oxford University Press, 1998).
62. Rigal, S. et al. Biotic homogenisation in bird communities leads to large-scale changes in species associations. *Oikos* **2022**, e08756 (2022).
63. Dalziel, A. E., Delean, S., Heinrich, S. & Cassey, P. Persistence of low pathogenic influenza A virus in water: A systematic review and quantitative meta-analysis. *PLoS ONE* **11**, e0161929 (2016).
64. Keeler, S. P., Dalton, M. S., Cressler, A. M., Berghaus, R. D. & Stallknecht, D. E. Abiotic factors affecting the persistence of avian influenza virus in surface waters of waterfowl habitats. *Appl. Environ. Microbiol.* **80**, 2910–2917 (2014).
65. Marois, C., Dufour-Gesbert, F. & Kempf, I. Polymerase chain reaction for detection of mycoplasma gallisepticum in environmental samples. *Avian Pathol.* **31**, 163–168 (2002).
66. Blagodatski, A. et al. Avian influenza in wild birds and poultry: dissemination pathways, monitoring methods, and virus ecology. *Pathogens* **10**, 630 (2021).
67. Stoffolano, J. G. Jr. & Geden, C. J. Succession of manure arthropods at a poultry farm in massachusetts, USA, With observations on *carcinops pumilio* (Coleoptera: Histeridae) sex ratios, ovarian condition, and body size. *J. Med. Entomol.* **24**, 212–220 (1987).
68. Ushio, M. et al. Demonstration of the potential of environmental DNA as a tool for the detection of avian species. *Sci. Rep.* **8**, 1–10 (2018).
69. Fontaine, B. et al. *Suivi des oiseaux communs en France 1989–2019 : 30 ans de suivi participatifs—Executive summary of the 2019 common birds monitoring report*. <https://inpn.mnhn.fr/actualites/lire/12721/bilan-des-30-ans-du-suivi-temporel-des-oiseaux-communs-stoc> (2020).
70. Seamans, T. & Gosser, A. Bird dispersal techniques. in *Wildlife Damage Management Technical Series* 12pp (USDA, APHIS, WS National Wildlife Research Center, 2016). <https://doi.org/10.32747/2016.7207730.ws>.
71. Elbers, A. R. W. & Gonzales, J. L. Efficacy of an automated laser for reducing wild bird visits to the free range area of a poultry farm. *Sci. Rep.* **11**, 12779 (2021).
72. Conover, M. R. & Perito, J. J. Response of starlings to distress calls and predator models holding conspecific prey. *Z. Für Tierpsychol.* **57**, 163–172 (1981).
73. Aubin, T. Synthetic bird calls and their application to scaring methods. *Ibis* **132**, 290–299 (1990).
74. Guinat, C. et al. Biosecurity risk factors for highly pathogenic avian influenza (H5N8) virus infection in duck farms France. *Transbound. Emerg. Dis.* **67**, 2961–2970 (2020).
75. Gaide, N. et al. Viral tropism and detection of clade 2.3.4.4b H5N8 highly pathogenic avian influenza viruses in feathers of ducks and geese. *Sci. Rep.* **11**, 5928 (2021).
76. Spekrijse, D., Bouma, A., Koch, G. & Stegeman, A. Quantification of dust-borne transmission of highly pathogenic avian influenza virus between chickens. *Influenza Other Respir. Viruses* **7**, 132–138 (2013).
77. Torremorell, M. et al. Investigation into the airborne dissemination of H5N2 highly pathogenic avian influenza virus during the 2015 spring outbreaks in the midwestern United States. *Avian Dis.* **60**, 637–643 (2016).
78. Caron, A., Grosbois, V., Etter, E., Gaidet, N. & de Garine-Wichatitsky, M. Bridge hosts for avian influenza viruses at the wildlife/domestic interface: An eco-epidemiological framework implemented in southern Africa. *Prev. Vet. Med.* **117**, 590–600 (2014).

Acknowledgements

This study was performed in the framework of the “Chaire de Biosécurité Aviaire”, hosted by the National Veterinary College of Toulouse (ENVT) and funded by the Direction Générale de l’Alimentation, Ministère de l’Agriculture et de l’Alimentation, France. This work was financially supported by the FEDER/Région Occitanie

Recherche et Sociétés 2018—AI-TRACK. CG is funded by the European Union's Horizon 2020 research and innovation programme under the Marie Skłodowska-Curie grant agreement No 842621. The authors express their deepest gratitude to the duck breeders in Gers for their consistently warm welcome.

Author contributions

C.L.G.L., B.V., J.C., J.L.G. and G.L.L. designed the study and supervised field work. P.F. helped in designing the study, performed field work and produced the database. C.L.G.L. performed all analyses and drafted the manuscript. C.G. helped with design and implementation of network analysis, and brought significant modifications to the manuscript. J.C. helped with design and implementation of statistical analysis. J.C. and G.L.L. supervised analyses and discussion of results, and brought significant modifications to the manuscript. All authors read and approved the final manuscript.

Competing interests

The authors declare no competing interests.

Additional information

Supplementary Information The online version contains supplementary material available at <https://doi.org/10.1038/s41598-022-13846-2>.

Correspondence and requests for materials should be addressed to G.L.L.

Reprints and permissions information is available at www.nature.com/reprints.

Publisher's note Springer Nature remains neutral with regard to jurisdictional claims in published maps and institutional affiliations.



Open Access This article is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License, which permits use, sharing, adaptation, distribution and reproduction in any medium or format, as long as you give appropriate credit to the original author(s) and the source, provide a link to the Creative Commons licence, and indicate if changes were made. The images or other third party material in this article are included in the article's Creative Commons licence, unless indicated otherwise in a credit line to the material. If material is not included in the article's Creative Commons licence and your intended use is not permitted by statutory regulation or exceeds the permitted use, you will need to obtain permission directly from the copyright holder. To view a copy of this licence, visit <http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>.

© The Author(s) 2022

Discussion

Le protocole proposé a d'abord permis une bonne caractérisation et quantification des espèces sauvages d'oiseaux qui visitent la Ferme de la Patte d'Oie. La vaste majorité de ces oiseaux sont des Bergeronnettes grises (*Motacilla alba*) et les deux espèces de moineaux les plus observées en France (*Passer domesticus* et *Passer montanus*) respectivement présents pendant 84% et 79% des sessions. En comparant avec des études qui ont également caractérisé avec précisions l'avifaune qui fréquente des exploitations avicoles, on se rend compte que ces espèces sont effectivement citées sans pour autant être les espèces majoritaires (Burns et al. 2012; Elbers, Gonzales 2020) – sauf pour une étude également menée en France qui rapporte la présence d'espèce similaires autour d'élevage de volailles dans les Dombes mais avec des effectifs maximum moyennés plus faibles pour la majorité d'entre elles (Lubac et al. 2012). Ceci peut-être expliqué par la localisation des fermes étudiées dans ces articles, qui sont parfois plus proches des littoraux (Elbers, Gonzales 2020) ou encore situées dans des biotopes très éloignés de la campagne bocagère du Gers comme le Brésil ou l'Australie (Scherer 2011; Scott et al. 2018). On souligne malgré tout que des passereaux sont cités dans tous ces papiers avec une proportion non négligeable voire majoritaire. Cela met en lumière l'importance d'étudier les interfaces en regard de leur contexte environnemental.

La diversité d'espèces est quant à elle légèrement plus petite qu'espérée dans une campagne de plus en plus artificialisée (Chiatante et al. 2021). Par ailleurs, lorsqu'on compare avec ces mêmes écrits : nous avons trouvé 42 espèces différentes contre 24 dans l'étude brésilienne ou 22 groupes d'espèces contre 16 dans la ferme hollandaise par exemple. On notera qu'avec l'étude de plusieurs sites, ce chiffre peut monter jusqu'à 121 (Burns et al. 2012). Cependant, il se pourrait fortement que, comme dans les autres études d'ailleurs, cette diversité ait été sous-estimée.

Cela peut d'abord être dû à mon expérience en ornithologie : j'ai effectué toutes les observations, procurant une cohérence aux données, mais beaucoup d'espèces étaient en fait nouvelles pour moi : l'Élanion blanc (*Elanus caeruleus*) ou le Coucou gris (*Cuculus canorus*) étaient par exemple des espèces que j'ai observées pour la première fois. J'ai toutefois été rapidement formé à reconnaître les espèces communes en France et à me servir du guide

ornithologique. Cela s'est avéré suffisant pour les objectifs de l'étude mais reste insuffisant pour reconnaître des espèces moins connues.

D'autre part le protocole écarte les identifications auditives. Bien qu'elles ne donnent pas d'information sur le nombre ou la localisation exacte des oiseaux, elles auraient permis d'avoir un meilleur aperçu de la diversité de l'avifaune notamment nocturne, qui n'a pas été étudiée. Le protocole se concentre en outre uniquement sur les individus observés dans les parcours. C'est cohérent avec l'objectif de caractériser une interface qui implique des espèces domestiques mais occulte probablement des espèces moins anthropiques qui préfèrent des milieux moins artificiels. Un article qui utilise la méthode des Indices Ponctuels d'Abondances, relève par exemple une diversité plus importante loin des structures d'élevage (Bijja 2019).

Le calcul des indices de biodiversité donne des valeurs chiffrées qui permettent la comparaison avec d'autres études. Seulement, un problème est apparu pendant le protocole d'observation : un individu observé au balayage « n » était-il à nouveau compté au balayage suivant s'il était à nouveau observé ? Comment être sûr qu'il s'agissait bien du même individu ? Les formules des indices demandent le nombre de représentants par espèce. Une solution qui a alors été trouvée était de considérer seulement les maxima d'individus observés sur une seule et même rotation. Ces maxima deviennent des minimums d'individus observés dans une session. Les index calculés sont alors des index mensuels sur la base du nombre moyen minimum d'individus observés pendant les deux jours (Tableau 1 dans l'article). Cela reste une très bonne définition pour caractériser et estimer les espèces présentes ainsi que leur diversité.

Quant aux comportements des oiseaux observés, la majorité consiste en une visite en se perchent sur les structures d'élevage comme les barrières ou les toits. C'est encore une fois comparable avec les résultats d'autres études (Elbers, Gonzales 2020; Burns et al. 2012; Scott et al. 2018). Mais une proportion non négligeable d'oiseaux observés dans notre étude montre des comportements qui semblent plus à risques. Certains se perchent sur les mangeoires ou marchent sur des sols humides, s'exposant alors une transmission indirecte de germes, voire interagissent directement avec les canards de l'exploitation. Ce dernier comportement n'est pas du tout observé dans les études qui utilisent des moyens de capture photo et vidéo probablement à cause des inconvénients liés à la méthode – angles réduits, position fixe (Scott et al. 2018; Elbers, Gonzales 2020). Cependant, même des études avec les méthodes d'observation directe ne rapportent pas ce genre d'interaction avec les volailles mais

uniquement de probabilité de rencontre (Bicout et al. 2011) ou ne relèvent tout simplement pas ce comportement (Burns et al. 2012). Je n'explique pas cette différence mais cela rend donc nos résultats originaux. Savoir que 23% des contacts entre la Bergeronnette grise et les canards sont directs (i.e. 23% des bergeronnettes grise entrent dans un cercle de 1 mètre autour des canards), en dit long quant au risque de transmission des pathogènes, notamment des VIA qui peuvent parfaitement se transmettre sur une distance de 1 mètre (cf. I b ii). Pour ce qui est des autres comportements à risques, il peut être souligné que si les moineaux interagissent majoritairement de manière indirecte, ils ont une forte tendance à nicher dans les bâtiments d'élevage. C'est encore cohérent avec ce qui est observé notamment avec des caméras dans les élevages de poules pondeuses (Elbers, Gonzales 2020) ou par des observations directes en République Tchèque (Šálek et al. 2015). Ce genre d'interaction promet des contacts durables dans le temps avec probablement le rejet en grande quantité de matrices infectieuses comme les plumes et les fèces. Ajouté à la résistance du virus dans les milieux froids, humides et une plus haute concentration des moineaux en hiver, le risque de transmission des VIA semble fortement augmenté. Il faut aussi noter le comportement des bergeronnettes grises qui se démarquent des autres espèces en évoluant principalement en groupe et au sol. Cette espèce chasse au sol donc on explique assez facilement ce résultat. Elle est également décrite comme polyvalente et synanthropique expliquant qu'elle se mêle facilement aux canards (Guetté et al. 2017; Shriner, Root 2020).

Le risque de transmissions d'agents pathogènes entre les bergeronnettes et les canards est par ailleurs majoré par l'écologie de celle-ci. C'est d'abord une espèce grégaire qui peut facilement partager son terrain de chasse (Davies 1976). On en observe par ailleurs toute l'année y compris en hiver où la persistance du virus dans le milieu est augmentée. Il résiste en effet plus longtemps dans les milieux humides et froids (Keeler et al. 2014). Enfin, la Bergeronnette grise est un exemple largement utilisé d'espèce partiellement migratrice. Si une grande majorité reste sur le territoire, une partie des oiseaux migre vers le Sud pour passer l'hiver. Le contact avec des individus migrants, potentiellement porteurs de VIA ne semble que pouvoir favoriser l'implantation durable de VIA à leur retour sur le territoire. En fait, ce sont les jeunes d'un an qui ont une tendance plus importante à la migration. En Grande-Bretagne, on estime que 66,7% de la population migratrice est constituée d'immatrices de la sous-espèce locale *Motacilla alba yarrellii* (Dougall 1996). Les sous-espèces et leur répartition géographique sont détaillées en Annexe 2.

Concernant le deuxième axe d'étude autour d'un réseau de contacts : son application à l'interface avifaune sauvage et élevage plein air est une approche nouvelle. Elle est suggérée théoriquement depuis quelques années mais n'est que très peu appliquée en pratique (White, Forester, Craft 2017; Craft 2015). Pourtant, elle offre un point de vue original pour essayer de comprendre l'épidémiologie des agents infectieux autour des élevages. Celui confectionné dans notre contexte d'élevage plein air, montre par exemple que la communauté qui entoure les canards (communauté 1) est représentée par des espèces qui ne sont normalement pas en contact. En effet, les espèces qui préfèrent les espaces dégagés (communauté 3) ne fréquentent que des milieux plutôt ouverts et ne rencontrent *à priori* pas celles qui préfèrent les milieux boisés (communauté 2) (Figure 4 dans l'article). Mais les individus des deux communautés vont pourtant à la rencontre des canards, créant une occasion d'entrer en contact au moins indirectement.

Ce réseau a en plus permis de souligner le rôle centrale d'une ou deux espèces. Dans notre cas, ce sont *à priori* des hôtes relais qui ont été mis en valeur. La Bergeronnette grise et les deux espèces de moineaux rentrent en contact avec le plus grand nombre d'espèces différentes loin devant les autres espèces comme le Pinsons des arbres et le Rouge-queue noire (*Fringilla coelebs* et *Phoenicurus ochruros*). On comprend ainsi bien à quel point ces espèces relient toutes les autres entre elles, canards compris. Donc, en plus de proposer une vision plus complète de comment les espèces interagissent à l'interface domestique-non domestique, le réseau nous a permis d'alimenter la théorie des espèces relais en mettant en valeur comment des espèces polyvalentes comme les moineaux ou la bergeronnette mettent en relation les communautés d'oiseaux présentes (même si c'est de manière indirecte).

Il est dit plus haut dans la discussion que la Bergeronnette grise et les moineaux étaient clairement identifiés par le réseau de contacts comme des espèces relais candidates. Mais alors comment empêcher la fréquentation des parcours par ces espèces ? Car c'est aussi dans une optique plus lointaine de prévention et de meilleur contrôle des maladies zoonotiques que ce protocole a été entrepris. Des facteurs favorisant la fréquentation des parcours par ces espèces ont été identifiés. D'abord, la Bergeronnette grise (*Motacilla alba*) chasse au sol de préférence sur des terrains dégagés (même si cela reste une espèce polyvalente) (Davies 1976). Il est donc normal de la retrouver plus souvent sur les parcours ouverts. Cela renseigne sur un premier moyen de palier à sa présence sur les parcours. En théorie, fermer le terrain avec de la végétation arborée, notamment grâce à un programme d'agroforesterie dont la Ferme de la Patte d'Oie fait partie, pourrait aller dans ce sens. Donc en plus d'avoir de

nombreux avantages comme l'occupation des parcours par les canards, l'amélioration des paysages (Marie Moerman, Alain Rondia 2019), l'élaboration de systèmes agro-sylvo-pastoraux permettrait de diminuer les risques de transmission par cette espèce. Cette théorie se vérifierait avec d'autres espèces à risque de transmettre des VIA comme des canards ou des oies (Bestman et al. 2018). Un nouveau protocole d'observation lorsque les arbres auront poussé ou sur une ferme avec déjà de grands arbres sur les parcours pourrait conforter encore plus cette théorie. Il existe également des moyens artificiels comme des lasers pour éloigner l'avifaune des parcours. Seulement, leur coût et manque d'efficacité sur des espèces moins farouches explique leur faible utilisation (Elbers, Gonzales 2021).

Pour les moineaux, seule la saison a été identifiée comme un facteur déterminant sa présence sur les parcours. Bien que ce soit une espèce partiellement migratoire, on ne peut pas expliquer sa présence par son comportement migrateur puisqu'on en observe plus en hiver. Une hypothèse serait que les moineaux profitent du microclimat plus stable et plus chaud des bâtiments pour y nicher en hiver. A la belle saison, les moineaux occupent un territoire plus large sans avoir besoin de trouver refuge dans l'exploitation (Šálek et al. 2015), avec les conséquences déjà décrites plus haut.

Pour étudier de manière efficace ces interactions et obtenir tous ces résultats, il a fallu établir un protocole d'observation d'une interface et donc définir plusieurs paramètres. La suite de la discussion va porter sur les points clés du protocole au regard d'un guide de bonnes pratiques pour la caractérisation des interfaces (Bacigalupo et al. 2020).

Tout d'abord, les moyens matériels et la méthode de surveillance devaient être cohérents avec les objectifs : nous voulions caractériser et quantifier les interactions : il fallait donc une méthode à la fois descriptive et quantitative qui permet l'observation de tout un parcours avec une pression d'observation égale : l'observation directe s'est donc rapidement imposée (cf. II.d).

La fréquence d'observation est souvent définie en fonction des moments critiques en lien avec l'épidémiologie de la maladie étudiée. Les études de surveillance de l'avifaune concentrent en effet les prélèvements ou les observations au printemps et en automne, qui correspondent aux mouvements des espèces migratrices (Hoye et al. 2010). L'objectif ici est de ne pas tenir compte des conditions météorologiques, des différentes conditions d'élevage ou encore des saisons. Il a donc été choisi de faire un suivi sur l'année complète dans toutes les conditions rencontrées dans l'élevage. Bien que l'épizootie de 2020 ait frappé l'élevage

étudié au printemps 2021, forçant la claustration des canards et un vide sanitaire, les observations ont eu lieu dans suffisamment de circonstances différentes pour remplir l'objectif initial. Les deux jours consécutifs ont également été établis dans ce but. Enfin, avoir une constance dans les observations dans un même mois, offrait plus de données interprétables.

Concernant la définition de contact avec les canards ou entre les espèces, il y a également à débattre. Initialement, le contact a été défini comme une proximité d'environ un mètre, et surtout centré autour du canard. En comparaison avec les études publiées, un cercle de 1 mètre est certes adapté à l'échelle du parcours mais aussi très contraint : certaines études le définissent comme « être dans le même cercle de 120 mètres » (Bacigalupo et al. 2020). La majorité des études mentionnées considèrent tout de même un contact direct comme un contact physique (selon la même source). On rappelle que l'on doit s'adapter aux objectifs ou au contexte : nous sommes dans un modèle et en présence d'espèces d'élevage très concernés par l'IA. Une proximité d'un mètre reste largement suffisante au partage de matrices infectieuses, y compris d'excrétions respiratoires (cf. I.b.ii). Mais pour l'élaboration d'un réseau de contacts, cette distance ne permettait pas d'avoir assez de données. Celui-ci a donc été construit sur la base des contacts indirects. Ils ont été définis comme « vu lors d'une même session » autrement dit aperçu au même endroit sur un intervalle de 30 minutes. Toujours d'après la littérature (Bacigalupo et al. 2020), les contacts indirects vont de « vus par la même caméra » à « vu à moins de 50 kilomètres l'un de l'autre ». Juste en se focalisant sur la distance, on se rend compte que nous nous rapprochons de la définition la plus contraignante des études d'interface. En fait la notion de temps doit être également considérée. Pour une interface entre des vaches et des blaireaux, le contact indirect au même endroit est établi dans un intervalle qui dépasse la visite simultanée. Cela va de plus de dix secondes à la session complète qui durait la semaine (Varela-Castro et al. 2021). Encore une fois il faut considérer l'agent pathogène : une semaine pour une mycobactérie est dérisoire : elle résiste bien plus longtemps. Pour ce qui est du virus de l'IA, on parle plutôt de quelques jours (cf. I.b.ii).

Il convient de rappeler que cette étude ne traite que de la caractérisation d'une interface. Elle rend compte seulement du comportement à risques de certaines espèces présentes. On a alors une idée du risque de transmission de certains pathogènes mais on ne la prouve en aucun cas. Il aurait été possible de préciser ce risque en confrontant le temps passé sur le parcours et la fréquence des activités à risque comme déféquer ou se toiletter. Certains études ont déjà effectué un travail d'observation comportementale pour déterminer les temps alloués à une

action ou les fréquences de certains comportements (Davies 1976; Hirschinger 2020). En les croisant avec un temps d'observation sur les parcours, on pourrait obtenir une idée plus fine des risques de transmission des virus influenza aviaire. Ce raisonnement aurait pu être effectué grâce aux données fournies par les enregistrements vocaux lors de la seconde partie des observations. Mais la difficulté à retranscrire ces informations en données interprétables, notamment à cause de la qualité des fichiers audio, et l'irrégularité des enregistrements n'a pas permis d'exploiter ces observations.

Une autre donnée permettrait d'approcher le risque de transmission : la prévalence du pathogène dans les espèces les plus nombreuses à l'interface. Maintenant que l'interface est mieux caractérisée, la surveillance du compartiment sauvage peut en effet être plus efficace. La prévalence chez les moineaux a déjà été discutée (cf. I.e). La prévalence des VIA semble faible chez eux, mais ils n'en constituent pas moins une espèce à haut risque de transmission (notamment à cause de leur comportement). De plus, les effectifs des études sont souvent faibles et ne permettent pas de se prononcer sur une réelle prévalence. C'est encore plus vrai avec la Bergeronnette grise, qui ne semble pas porteuse de VIA mais dont les effectifs prélevés dans les études sont dérisoires (Borovská et al. 2011) (Mizakova 2008). Capturer et prélever les bergeronnettes grises ainsi que les moineaux semblent donc faire sens, au moins autour de la Ferme de la Patte d'Oie.

On peut souligner en parallèle que les données récoltées l'ont été sur une seule exploitation. Bien qu'elle soit un très bon modèle d'exploitation pour l'élevage de canards de la filière foie gras, la Ferme de la Patte d'Oie a la spécificité de réaliser les procédés d'élevage, de gavage et de transformation sur un seul site. On peut donc se poser la question de la représentativité de cette exploitation. De plus, l'élevage de canards pour foie gras est un élevage de niche à l'échelle mondiale : ce n'est pas un modèle qui peut servir de support à beaucoup d'autres endroits que dans le Sud-ouest de la France. Cependant cela reste un type d'élevage très touché par l'IAHP et qu'il reste important d'étudier.

Par ailleurs c'est une échelle d'étude très locale. Cela correspond à l'objectif de l'étude qui voulait mieux caractériser finement une interface, mais permet assez mal d'estimer les échanges sur des échelles plus grandes. On ne sait pas si les bergeronnettes ou les moineaux observés sont potentiellement porteurs du virus parce qu'ils ont rencontré un individu migrateur malade ou porteur. C'est pour cela qu'en plus de les capturer et les prélever on peut s'intéresser aux mouvements d'individus appartenant aux espèces décrites dans le réseau sur de plus longues distances pour le compléter. On pourrait alors se rendre compte si les

bergeronnettes grises ont un territoire à proximité d'un plan d'eau, qui sert de dortoir à des hérons garde-bœufs qui migrent eux jusqu'en Afrique du Nord. On compléterait alors le réseau de contacts avec des individus potentiellement introducteur du VIA autour de la Ferme de la Patte d'Oie. Il servirait alors de modèle pour la transmission des VIA depuis les grands compartiments sauvages vers les exploitations plein air. Cela pourrait permettre de confirmer ou d'infirmeler rôle de certains passereaux dans l'épidémiologie de l'influenza aviaire, même si ce rôle semble fortement suggéré par le réseau de contacts déjà élaboré.

Ce rôle reste cependant à modérer. Il est important de rappeler que l'expansion géographique de l'influenza aviaire et l'apparition de nouveaux foyers est également (surtout ?) le fait des activités humaines : transport d'animaux, visite des élevages par des intervenants extérieurs ou encore défaut de biosécurité sont autant de moyens d'introduction du virus dans les exploitations. Ces échanges restent probablement la principale cause d'apparition de nouveaux foyers au sein d'une même région facilitée par les modes de transmission aéroportée via les poussières et les aérosols (Delpont et al. 2021).

Conclusion

La caractérisation des interfaces domestique-non domestique n'est pas récente dans la compréhension des échanges d'agents pathogènes entre les deux compartiments. Elle prend néanmoins une importance nouvelle dans les interfaces qui impliquent des espèces aviaires domestiques. Les études qui surveillaient jusqu'alors les groupes des Ansériformes et des Charadriiformes pour la détection de VIA ont montré jusqu'à maintenant que ces espèces n'étaient pas toujours celles qui fréquentent les parcours plein air. La nécessité de rediriger la surveillance à l'aide d'une méthode plus adaptée pour quantifier et caractériser des espèces présentes autour des activités humaines s'est imposée.

Le protocole d'observations directes proposé dans notre étude associé aux trois axes d'analyses dont la description d'un réseau de contacts, permet une très bonne caractérisation de l'avifaune sauvage aux abords immédiats de la ferme étudiée. Il a permis d'évaluer la diversité d'espèces ainsi que de proposer un rôle central de la Bergeronnette grise (*Motacilla alba*) et des moineaux (*Passer* sp). La description d'un réseau de contacts établi par observation directe doit être appliquée sur d'autres exploitations et d'autres modèles d'élevage.

Pour poursuivre encore les investigations autour de ces espèces et de la Ferme de la Patte d'Oie, plusieurs protocoles sont envisageables. Le prélèvement de ces deux groupes d'espèces serait une étape supplémentaire pour se prononcer sur la prévalence des VIA chez elles et compléterait ainsi l'étude du risque d'introduction de ces virus par ces espèces. Dans la même optique, le suivi télémétrique des bergeronnettes ainsi que des hérons garde-bœufs a été entrepris. Ce suivi ne pourra que compléter à une échelle plus grande le réseau de contacts et, plus globalement les résultats de notre étude.

Bibliographie

ALEXANDER, Dennis J, 2000. A review of avian influenza in different bird species. *Veterinary Microbiology*. Vol. 74, no 1, pp. 3-13. DOI 10.1016/S0378-1135(00)00160-7.

Arrêté du 16 mars 2016 relatif aux niveaux du risque épizootique en raison de l'infection de l'avifaune par un virus de l'influenza aviaire hautement pathogène et aux dispositifs associés de surveillance et de prévention chez les volailles et autres oiseaux captifs - Légifrance, 2016 [en ligne]. Disponible à l'adresse : <https://www.legifrance.gouv.fr/jorf/id/JORFTEXT000032320450> [consulté le 14 septembre 2023].

BACIGALUPO, Sonny A. et al., 2020. Towards a unified generic framework to define and observe contacts between livestock and wildlife: a systematic review. *PeerJ*. Vol. 8, p. e10221. DOI 10.7717/peerj.10221.

BECKER, W. B., 1966. The isolation and classification of Tern virus: Influenza Virus A/Tern/South Africa/1961. *Journal of Hygiene*. Vol. 64, no 3, pp. 309-320. DOI 10.1017/S0022172400040596.

BESTMAN, Monique et al., 2018. Presence of avian influenza risk birds in and around poultry free-range areas in relation to range vegetation and openness of surrounding landscape. *Agroforestry Systems*. Vol. 92, no 4, pp. 1001-1008. DOI 10.1007/s10457-017-0117-2.

BICOUT, Dominique J. et al., 2011. Quels oiseaux sauvages à risque pour les contacts entre avifaune sauvage et volailles domestiques ? In : *Neuviemes Journees de la Recherche Avicole*, p. 5. . Tours. 29 mars 2011.

BIJJA, M, 2019. Présence et comportement de l'avifaune dans les élevages de palmipèdes sur les parcours agroforestiers ouverts, semi-ouverts, fermés et dans les bâtiments. *La plume du Palmipole*. No 6, p. 4p.

BLAGODATSKI, Artem et al., 2021. Avian Influenza in Wild Birds and Poultry: Dissemination Pathways, Monitoring Methods, and Virus Ecology. *Pathogens*. Vol. 10, no 5, p. 630. DOI 10.3390/pathogens10050630.

BOROVSKÁ, Petra et al., 2011. Prevalence of avian influenza viruses, *Mycobacterium avium*, and *Mycobacterium avium*, subsp. *paratuberculosis* in marsh-dwelling passerines in Slovakia, 2008. *Biologia*. Vol. 66, no 2, pp. 282-287. DOI 10.2478/s11756-011-0016-3.

BROWN, Justin D. et al., 2009. Infectious and Lethal Doses of H5N1 Highly Pathogenic Avian Influenza Virus for House Sparrows (*Passer Domesticus*) and Rock Pigeons (*Columbia Livia*). *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*. Vol. 21, no 4, pp. 437-445. DOI 10.1177/104063870902100404.

BURNS, Theresa E et al., 2012. Use of observed wild bird activity on poultry farms and a literature review to target species as high priority for avian influenza testing in 2 regions of Canada. . Vol. 53, p. 9.

CAPPELLE, Julien et al., 2011. Characterizing the interface between wild ducks and poultry to evaluate the potential of transmission of avian pathogens. *International Journal of Health Geographics*. Vol. 10, no 1, p. 60. DOI 10.1186/1476-072X-10-60.

CARON, A. et al., 2014. Bridge hosts for avian influenza viruses at the wildlife/domestic interface: An eco-epidemiological framework implemented in southern Africa. *Preventive Veterinary Medicine*. Vol. 117, no 3, pp. 590-600. DOI 10.1016/j.prevetmed.2014.09.014.

CARON, Alexandre et al., 2015. Bridge hosts, a missing link for disease ecology in multi-host systems. *Veterinary Research*. Vol. 46, no 1, p. 83. DOI 10.1186/s13567-015-0217-9.

CARON, Alexandre, CAPPELLE, Julien et GAIDET, Nicolas, 2017. Challenging the conceptual framework of maintenance hosts for influenza A viruses in wild birds. BAUER, Silke (éd.), *Journal of Applied Ecology*. Vol. 54, no 3, pp. 681-690. DOI 10.1111/1365-2664.12839.

CHIATANTE, Gianpasquale et al., 2021. Indicators of biodiversity in an intensively cultivated and heavily human modified landscape. *Ecological Indicators*. Vol. 130, p. 108060. DOI 10.1016/j.ecolind.2021.108060.

CRAFT, M. E., 2015. Infectious disease transmission and contact networks in wildlife and livestock. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*. Vol. 370, no 1669, pp. 20140107-20140107. DOI 10.1098/rstb.2014.0107.

DAVIES, N. B., 1976. Food, Flocking and Territorial Behaviour of the Pied Wagtail (*Motacilla alba yarrellii* Gould) in Winter. *The Journal of Animal Ecology*. Vol. 45, no 1, p. 235. DOI 10.2307/3777.

DELPONT, Mattias et al., 2021. Biosecurity measures in French poultry farms are associated with farm type and location. *Preventive Veterinary Medicine*. Vol. 195, p. 105466. DOI 10.1016/j.prevetmed.2021.105466.

DOUGALL, Tom W., 1996. Timing of autumn migration of Pied Wagtails *Motacilla alba yarrellii*, in northern Britain. *Ringing & Migration*. Vol. 17, no 2, pp. 139-141. DOI 10.1080/03078698.1996.9674130.

ELBERS, Armin R. W. et GONZALES, José L., 2020. Quantification of visits of wild fauna to a commercial free-range layer farm in the Netherlands located in an avian influenza hot-spot area assessed by video-camera monitoring. *Transboundary and Emerging Diseases*. Vol. 67, no 2, pp. 661-677. DOI 10.1111/tbed.13382.

ELBERS, Armin R. W. et GONZALES, José L., 2021. Efficacy of an automated laser for reducing wild bird visits to the free range area of a poultry farm. *Scientific Reports*. Vol. 11, no 1, p. 12779. DOI 10.1038/s41598-021-92267-z.

ELLIS, Jeremy W. et al., 2021. Avian influenza A virus susceptibility, infection, transmission, and antibody kinetics in European starlings. PEREZ, Daniel R. (éd.), *PLOS Pathogens*. Vol. 17, no 8, p. e1009879. DOI 10.1371/journal.ppat.1009879.

EUROPEAN FOOD SAFETY AUTHORITY et al., 2023. Avian influenza overview December 2022 – March 2023. *EFSA Journal*. Vol. 21, no 3. DOI 10.2903/j.efsa.2023.7917.

EUROPEAN FOOD SAFETY AUTHORITY, EUROPEAN CENTRE FOR DISEASE PREVENTION AND CONTROL, EUROPEAN UNION REFERENCE LABORATORY FOR AVIAN INFLUENZA et al., 2023. Avian influenza overview April – June 2023. *EFSA Journal*. Vol. 21, no 7. DOI 10.2903/j.efsa.2023.8191.

EUROPEAN FOOD SAFETY AUTHORITY, EUROPEAN CENTRE FOR DISEASE PREVENTION, CONTROL, EUROPEAN UNION REFERENCE LABORATORY FOR AVIAN INFLUENZA et al., 2022. Avian influenza overview December 2021 – March 2022. *EFSA Journal*. Vol. 20, no 4. DOI 10.2903/j.efsa.2022.7289.

FORREST, Heather L., KIM, Jeong-Ki et WEBSTER, Robert G., 2010. Virus Shedding and Potential for Interspecies Waterborne Transmission of Highly Pathogenic H5N1 Influenza Virus in Sparrows and Chickens. *Journal of Virology*. Vol. 84, no 7, pp. 3718-3720. DOI 10.1128/JVI.02017-09.

GAIDET, Nicolas et al., 2010. Potential spread of highly pathogenic avian influenza H5N1 by wildfowl: dispersal ranges and rates determined from large-scale satellite telemetry: Potential dispersal of H5N1 HPAI virus by wildfowl. *Journal of Applied Ecology*. Vol. 47, no 5, pp. 1147-1157. DOI 10.1111/j.1365-2664.2010.01845.x.

GOTTELAND, C., LUBAC, S. et BICOUT, D. J., 2009. Probability of visits of poultry farms and their neighborhoods by wildfowl for the transmission of avian influenza in Dombes, France. *Épidémiologie et Santé Animale*. No No.55, pp. 103-115.

GUETTÉ, Adrien et al., 2017. Measuring the synanthropy of species and communities to monitor the effects of urbanization on biodiversity. *Ecological Indicators*. Vol. 79, pp. 139-154. DOI 10.1016/j.ecolind.2017.04.018.

GUTIÉRREZ, Ramona Alikiteaga et al., 2011. Eurasian Tree Sparrows, Risk for H5N1 Virus Spread and Human Contamination through Buddhist Ritual: An Experimental Approach. SAMBHARA, Suryaprakash (éd.), *PLoS ONE*. Vol. 6, no 12, p. e28609. DOI 10.1371/journal.pone.0028609.

HIRSCHINGER J, Munoz MC, Hingrat Y, et al (2020) Exposure to and Circulation of Avian Influenza and Newcastle Disease Viruses in Peridomestic Wild Birds in the United Arab Emirates. *J Wildl Dis* 56:437–442

HOYE, Bethany J. et al., 2010. Surveillance of Wild Birds for Avian Influenza Virus. *Emerging Infectious Diseases*. Vol. 16, no 12, pp. 1827-1834. DOI 10.3201/eid1612.100589.

KEELER, Shamus P. et al., 2014. Abiotic Factors Affecting the Persistence of Avian Influenza Virus in Surface Waters of Waterfowl Habitats. YATES, M. V. (éd.), *Applied and Environmental Microbiology*. Vol. 80, no 9, pp. 2910-2917. DOI 10.1128/AEM.03790-13.

KEESING, Felicia et al., 2010. Impacts of biodiversity on the emergence and transmission of infectious diseases. *Nature*. Vol. 468, no 7324, pp. 647-652. DOI 10.1038/nature09575.

KUKIELKA, E. et al., 2013. Spatial and temporal interactions between livestock and wildlife in South Central Spain assessed by camera traps. *Preventive Veterinary Medicine*. Vol. 112, no 3-4, pp. 213-221. DOI 10.1016/j.prevetmed.2013.08.008.

LEE, Chang-Won et SAIF, Yehia M., 2009. Avian influenza virus. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*. Vol. 32, no 4, pp. 301-310. DOI 10.1016/j.cimid.2008.01.007.

LINNAEUS, C., 1758. Species Motacilla alba - Hierarchy - The Taxonomicon. *The taxonomicon* [en ligne]. 1758. Disponible à l'adresse : <http://taxonomicon.taxonomy.nl/TaxonTree.aspx> [consulté le 1 août 2023].

LUBAC S., R. Musseau, O. Caparros, M. Artois, D.J. Bicout 2012. Interactions entre l'avifaune sauvage et les élevages de volailles : quel risque épidémiologique vis à vis de l'Influenza aviaire ? *Innovations Agronomiques, INRAE*, 25, pp.299-312. hal-02646522

MARIE MOERMAN, ALAIN RONDIA, CRA-W. | Centre wallon de Recherches, 2019. L'élevage des volailles en agriculture biologique - LE PARCOURS AMÉNAGÉ. *CRA-W | Centre wallon de Recherches agronomiques* [en ligne]. 2019. Disponible à l'adresse : <https://www.cra.wallonie.be/fr/lelevage-des-volailles-en-agriculture-biologique-le-parcours-amenage> [consulté le 27 août 2023].

NAGUIB, Mahmoud M. et al., 2019. Avian influenza viruses at the wild-domestic bird interface in Egypt. *Infection Ecology & Epidemiology*. Vol. 9, no 1, p. 1575687. DOI 10.1080/20008686.2019.1575687.

OLSEN, Björn et al., 2006. Global Patterns of Influenza A Virus in Wild Birds. *Science*. Vol. 312, no 5772, pp. 384-388. DOI 10.1126/science.1122438.

ŠÁLEK, Martin et al., 2015. Winter density and habitat preferences of three declining granivorous farmland birds: The importance of the keeping of poultry and dairy farms. *Journal for Nature Conservation*. Vol. 24, pp. 10-16. DOI 10.1016/j.jnc.2015.01.004.

SCHERER, Angelo Luís, 2011. Occurrence and interaction of wild birds at poultry houses in southern Brazil. *Revista Brasileira de Ornitologia*. p. 7.

SCOTT, Angela Bullanday et al., 2018. Wildlife Presence and Interactions with Chickens on Australian Commercial Chicken Farms Assessed by Camera Traps. *Avian Diseases*. Vol. 62, no 1, pp. 65-72. DOI 10.1637/11761-101917-Reg.1.

SHRINER, Susan A. et ROOT, J. Jeffrey, 2020. A Review of Avian Influenza A Virus Associations in Synanthropic Birds. *Viruses*. Vol. 12, no 11, p. 1209. DOI 10.3390/v12111209.

SPACKMAN, E., 2009. The ecology of avian influenza virus in wild birds: What does this mean for poultry? *Poultry Science*. Vol. 88, no 4, pp. 847-850. DOI 10.3382/ps.2008-00336.

Species Motacilla alba - Hierarchy - The Taxonomicon, [sans date] [en ligne]. Disponible à l'adresse : <http://taxonomicon.taxonomy.nl/TaxonTree.aspx> [consulté le 1 août 2023].

SWAYNE, David E., 2009. *Avian Influenza*. John Wiley & Sons. ISBN 978-0-8138-1866-5. Google-Books-ID: eZjFavPmuxAC

TANIMURA, N. et al., 2006. Pathology of Fatal Highly Pathogenic H5N1 Avian Influenza Virus Infection in Large-billed Crows (*Corvus macrorhynchos*) during the 2004 Outbreak in Japan. *Veterinary Pathology*. Vol. 43, no 4, pp. 500-509. DOI 10.1354/vp.43-4-500.

VARELA-CASTRO, Lucía et al., 2021. Interaction Patterns between Wildlife and Cattle Reveal Opportunities for Mycobacteria Transmission in Farms from North-Eastern Atlantic Iberian Peninsula. *Animals*. Vol. 11, no 8, p. 2364. DOI 10.3390/ani11082364.

VEEN, J., BROUWER, J., ATKINSON, P., et al. 2007. Ornithological data relevant to the spread of Avian Influenza in Europe: Further identification and first assessment of higher risk species (p. 60). *Wageningen, The Netherlands: Wetlands International*. [Google Scholar]

WHITE, Lauren A., FORESTER, James D. et CRAFT, Meggan E., 2017. Using contact networks to explore mechanisms of parasite transmission in wildlife. *Biological Reviews*. Vol. 92, no 1, pp. 389-409. DOI 10.1111/brv.12236.

YAMAMOTO, Yu et al., 2010. Persistence of Avian Influenza Virus (H5N1) in Feathers Detached from Bodies of Infected Domestic Ducks. *Applied and Environmental Microbiology*. Vol. 76, no 16, pp. 5496-5499. DOI 10.1128/AEM.00563-10.

ZHONG, Gongxun et al., 2019. Isolation of Highly Pathogenic H5N1 Influenza Viruses in 2009–2013 in Vietnam. *Frontiers in Microbiology*. Vol. 10, p. 1411. DOI 10.3389/fmicb.2019.01411.

Annexe 2 : Taxonomie de la Bergeronnette grise (*Motacilla alba*) et répartition géographique des sous-espèces

Classe : Reptiles *Linnaeus, 1758*

Sous-classe : Aves (oiseaux) *Linnaeus, 1758*

Ordre : Passériformes *Linnaeus, 1758*

Famille : Motacillidae *Horsefield, 1821*

Genre : *Motacilla*

Espèce : *Motacilla alba, Linnaeus, 1758*

Sous-espèces : *Motacilla alba yarrelli, Gould, 1837*

Motacilla alba alba, Linnaeus, 1758

Motacilla alba personata, Gould, 1851

Motacilla alba ocularis, Swinhoe 1860

Motacilla alba lugens, Gloger, 1829

Motacilla alba ubpersonata, Meade-Waldo, 1901

(Linnaeus 1758; *Species Motacilla alba - Hierarchy - The Taxonomicon*)

Il en existe en fait neuf sous-espèces de *Motacilla alba*, toutes différenciables par leur plumage et répartition géographique représentés ci-dessous :

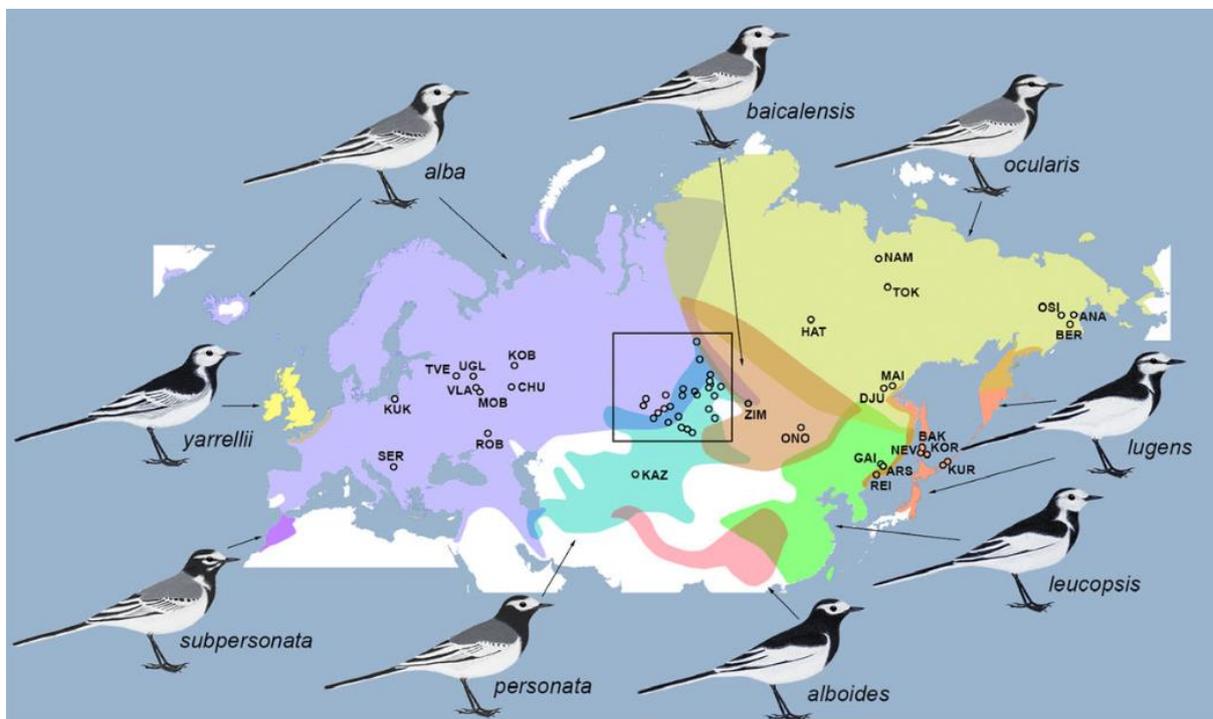


Figure 4 : Planisphère de la répartition géographique des zones de nichées des sous-espèces de *Motacilla alba* avec la représentation schématique de leur plumage adulte (Semenov et al. 2018)

Annexe 3 : critères de diagnose de *Motacilla alba*

Motacilla alba est une espèce synanthropique qui apprécie les zones cultivées où elle peut facilement se nourrir. Elle apprécie également les bords de cours d'eau.

Elle a le profil élancé qui se termine par une queue noire et blanche hochée en permanence. Elle est entièrement noire, blanche et grise avec quelques variations saisonnières et un dimorphisme sexuel peu marqué : le critère principal est la transition entre la calotte noire très nette chez le mâle et progressive chez la femelle.

En période nuptiale le cou blanc délimité par une bande pectorale noire laisse place à une longue bavette noire qui se démarque bien du ventre blanc (Killian et al. 2009)

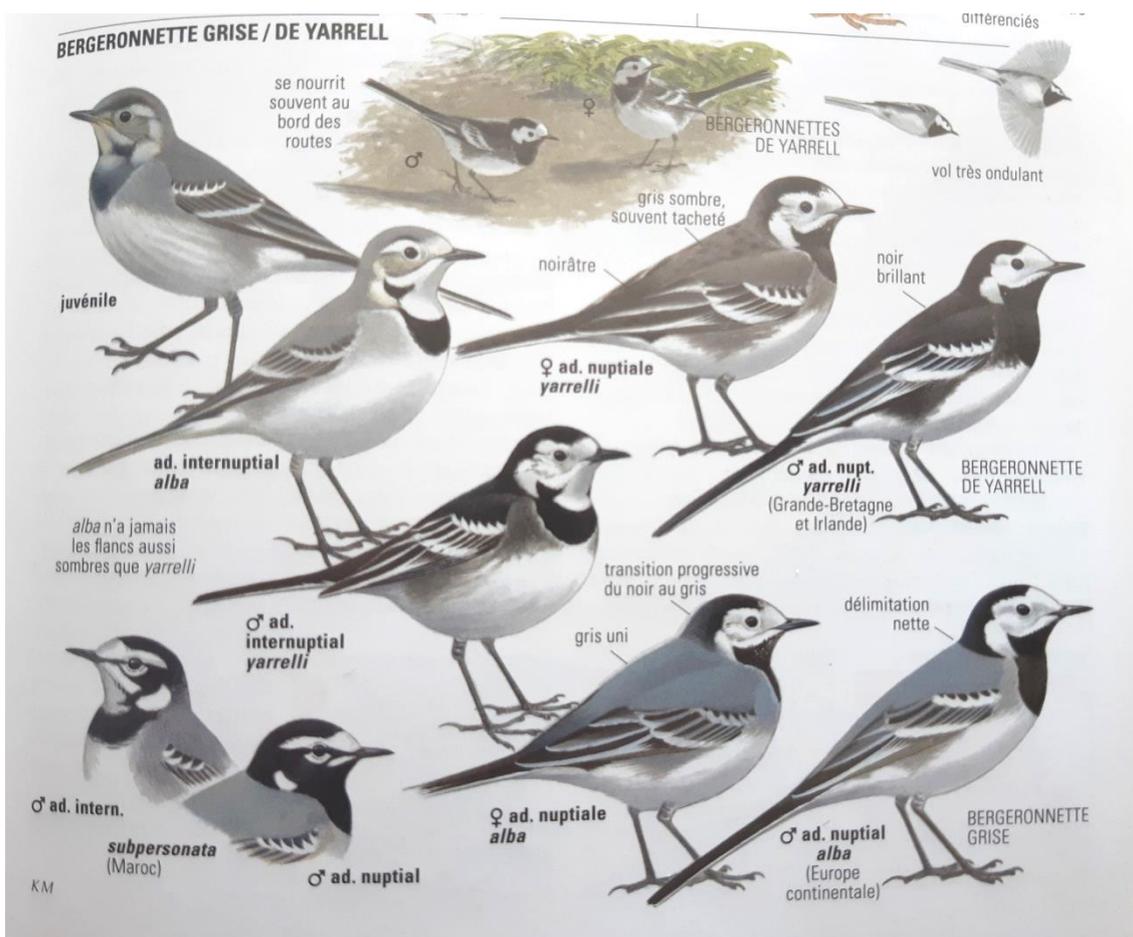


Figure 5 : Photographie personnelle d'une illustration du Guide ornitho par K.Mullarney (Killian et al. 2009)

Quantification et caractérisation de l'avifaune sauvage et de ses interactions autour d'un élevage plein air de canards du Sud Ouest de la France

Résumé

La communauté scientifique a pris conscience qu'il était nécessaire de mieux caractériser les interfaces domestique-non domestique pour comprendre l'épidémiologie de nombreux agents pathogènes, comme les virus influenza aviaires. Le rôle de l'avifaune dans leur transmission reste débattu. Nous avons donc entrepris un protocole d'étude d'interface par observation directe des parcours d'un élevage de canards de la filière foie gras du sud-ouest de la France. Pour cela, 87 sessions d'observations ont été réalisées pendant 10 mois permettant l'élaboration d'un réseau de contacts. Parmi les 42 espèces recensées, la Bergeronnette grise (*Motacilla alba*) domine largement en étant présente pendant 84% des sessions. La présence de canards ainsi que les terrains découverts favoriseraient sa visite des parcours. Les moineaux domestique et friquet (*Passer domesticus* et *Passer montanus*) apparaissent quant à eux pendant 79% des sessions. Le réseau semble en plus souligner que ces espèces font le lien entre les canards les autres espèces d'oiseaux de l'environnement de la ferme.

Mots clés

Influenza aviaire, avifaune sauvage, canards, élevage plein air, interactions, contacts

Abstract

Scientists became aware of the necessity to study the characteristics of interface between wildlife and domestic compartment. It allows to better understand how pathogens, like highly pathogenic avian influenza viruses, are spread to free-range duck farms. However, the role of wildlife remains unclear. We thus described an interface by observing the foraging area of a free-range ducks farm in Southwest France. This year-long study with 87 observation sessions enabled the construction of an indirect-weighted contacts network. Among the 42 observed species, the White wagtail (*Motacilla alba*) visits the foraging area in 84% of sessions. The presence of ducks and open field area seem to attract this species. The sparrows (*Passer domesticus*, *Passer montanus*) went in second position, being observed on the foraging in 79% of sessions. The co-occurrence network tends to underline that this species more intensively connect domestic ducks with other wild species regarding avian influenza infection.

Key Words

Avian influenza, avian wild life, ducks, free-range poultry, interactions, contacts