

Surveiller les tumeurs des chevreuils et des lièvres : un outil pour détecter des zones à forte pression chimique ?

Myriam Vrécourt^{1,4,5,6}, Clément Calenge², Ariane Payne¹, Rozenn Le Net¹, Guillaume Le Loc'h³, Anouk Decors¹
Auteur correspondant : anouk.decors@ofb.gouv.fr

¹ OFB, Direction de la recherche et de l'appui scientifique, Service SantéAgri- Orléans, France

² OFB, Direction surveillance, évaluation, données, Unité données et Appui Méthodologique – Auffargis, France

³ UMR IHAP – ENVT, INRAE, Université de Toulouse – Toulouse, France

⁴ Université de Toulouse, ENVT – Toulouse, France

⁵ CIRAD – Montpellier, France

⁶ Université de Toulouse, Paul Sabatier – Toulouse, France

Résumé

Le développement de tumeurs chez des espèces animales sauvages sensibles peut résulter de pressions de type chimique exercées sur l'environnement. Celles-ci peuvent servir d'alerte pour la santé humaine au travers d'espèces sensibles sélectionnées comme sentinelles. Le but de cette étude était d'identifier d'éventuels clusters spatio-temporels de tumeurs d'origine non-infectieuse chez le chevreuil européen (*Capreolus capreolus*) et le lièvre d'Europe (*Lepus europaeus*), à partir des données collectées par SAGIR, réseau de surveillance événementielle consacré à la faune sauvage en France. Les cas positifs ont été définis comme tout cas suspect ou confirmé de tumeur d'origine non-infectieuse et les cas négatifs incluaient tous les autres cas. Sur la période d'étude, aucun cluster temporel de cas positifs n'a pu être démontré. En revanche, l'établissement d'une carte de risque a permis l'identification d'agrégats spatiaux : les Alpes chez le chevreuil européen et le Massif Central, le Nord-Pas-de-Calais et le Sud-Est de la France chez le lièvre d'Europe. Des investigations ultérieures seraient à conduire pour valider l'existence de ces clusters, les caractériser et déterminer, si possible, leurs origines. L'utilisation des données d'un réseau de surveillance événementielle dont la sensibilité est difficilement quantifiable et hétérogène sur le plan spatio-temporel, pose également question sur l'interprétation des données et la détectabilité des tumeurs.

Mots-clés

tumeurs, faune sauvage, chevreuil européen, lièvre d'Europe, clusters spatiaux, espèce sentinelle, surveillance événementielle

Abstract

Neoplasia in susceptible wildlife species can originate from environmental pressures such as presence of chemical products. These neoplasia detections can be used as alerts for human health by using susceptible species selected as sentinels. The aim of this study was to identify potential spatio-temporal clusters of non-infectious neoplasia in the roe deer (*Capreolus capreolus*) and the brown hare (*Lepus europaeus*) using data from SAGIR, an event-based wildlife health surveillance network in France. Positive cases were defined as all suspect or confirmed case of non-infectious neoplasia and negative cases included all the other cases. No temporal cluster of positive cases could be shown for the study period but a risk map could be generated, allowing to identify spatial clusters: the Alps for the roe deer and the Massif Central, the Nord-Pas-de-Calais and the Southeast of France for the brown hare. Further investigations could be conducted to validate these clusters and determine, if possible, their origins. The use of data from an event-based wildlife health surveillance, whose sensitivity can hardly be quantified and is heterogenous both spatially and temporally, raises questions on data interpretation and neoplasia detectability.

Keywords

neoplasia, wildlife, roe deer, brown hare, spatial clusters, sentinel species, event-based surveillance

Introduction

Certaines tumeurs d'origine environnementale se développent suite à une exposition à des substances chimiques présentes dans l'environnement, que ce soit chez les espèces animales ou chez l'humain (Dorn, 1967). Ces tumeurs constituent alors des biomarqueurs de la pression de ces substances sur l'environnement. La surveillance des tumeurs chez les espèces sauvages peut avoir plusieurs intérêts : surveiller la santé des espèces au sens strict, notamment dans un but de conservation pour les espèces menacées ; émettre des hypothèses sur la qualité de l'environnement et les pressions chimiques qui s'y exercent. La surveillance des tumeurs revêt donc plusieurs enjeux et s'inscrit dans le périmètre One Health. Quelques espèces ont déjà été utilisées avec succès comme sentinelles, notamment de la pollution océanique (des mammifères marins comme le béluga ou l'otarie de Californie, l'ours polaire ainsi que plusieurs espèces de poissons) (García-Fernández *et al.*, 2020). Un cluster de cas de tumeurs chez le béluga observé dans l'estuaire de Saint-Laurent au Québec de 1983 à 2012, dû à des hydrocarbures aromatiques polycycliques d'origine industrielle a par exemple pu être relié à un cluster de cas chez des travailleurs dans des industries situées dans la zone d'habitat de ces bélugas (Martineau *et al.*, 2002 ; García-Fernández *et al.*, 2020).

En France, la surveillance sanitaire de la faune sauvage s'appuie en partie sur le réseau SAGIR, dispositif de surveillance événementielle étendu sur l'ensemble du territoire français, qui repose sur la collaboration entre l'OFB, les fédérations de chasseurs et les laboratoires vétérinaires départementaux (Decors *et al.*, 2015). Ce réseau sert à la détection précoce d'événements morbides et de mortalité survenant dans la sphère sauvage (mammifères et oiseaux principalement).

Outre l'identification d'espèces sentinelles, ce travail exploratoire avait pour objectif de déterminer comment les données issues du réseau SAGIR pouvaient être utilisées pour la détection de clusters spatio-temporels de tumeurs dans la faune sauvage et, *in fine*, leur pertinence pour la surveillance du risque d'exposition à des substances chimiques cancérigènes.

Matériel et Méthode

Choix des espèces sentinelles

Une espèce sentinelle doit remplir un certain nombre de critères : être abondante, répandue sur l'ensemble du territoire étudié, bien surveillée, avec un petit domaine vital et sensible à la maladie d'intérêt (O'Brien *et al.*, 1993). A ces critères

s'ajoutent celui d'avoir un nombre de cas de tumeurs par espèce suffisant pour en permettre l'étude. Ainsi, les deux espèces répondant à ces critères et dont le nombre de cas de tumeurs suspectées ou confirmées sont le plus élevé au sein des données issues du réseau SAGIR, sont le Chevreuil européen (*Capreolus capreolus*) et le Lièvre d'Europe (*Lepus europaeus*).

Définition de cas et constitution du jeu de données

Les périodes d'étude ont été définies de sorte à avoir une surveillance des espèces étudiées sur l'ensemble du territoire : elles s'étendent donc de 1999 à 2013 pour le Chevreuil européen et de 1993 à 2013 pour le Lièvre d'Europe. Toutes les données sont issues du réseau SAGIR.

- Un cas positif est défini comme tout cadavre de chevreuil européen ou de lièvre d'Europe appartenant à la faune sauvage, collecté pendant la période d'étude sus-citée en France métropolitaine. Il doit présenter *a minima* une lésion compatible avec une tumeur à l'examen macroscopique (cas suspect) ou une lésion tumorale confirmée par histologie qu'il y ait préalablement suspicion lésionnelle ou non (cas confirmé). Les tumeurs d'origine infectieuse ont été exclues. Idéalement, cette définition n'inclurait donc que les tumeurs d'origine environnementale ou génétique mais une origine infectieuse non identifiée ne peut être exclue. Les niveaux de certitude associé à l'interprétation lésionnelle varient en fonction de la lésion (aspect, localisation, évolution) et des examens confirmatoires mis en place.
- Un cas négatif est défini comme tout cadavre de chevreuil européen ou de lièvre d'Europe appartenant à la faune sauvage, collecté pendant la période d'étude sus-citée en France métropolitaine, pour lequel aucune tumeur d'origine non-infectieuse n'a été suspectée ou détectée à la lumière des examens réalisés. Ces cas servent de proxy de la pression d'observation.

De façon à avoir une pression de surveillance interannuelle la plus homogène possible (ou du moins en faire le postulat), ont ensuite été exclus de ces cas ceux susceptibles de créer des clusters artificiels, c'est à dire :

- ceux ayant fait l'objet d'une procédure de surveillance renforcée (plan de recherche radionucléide chez les deux espèces, par exemple),
- ceux détectés au cours d'une épizootie (en particulier les épisodes d'EBHS chez le lièvre) - comme les tumeurs étudiées sont supposées non-infectieuses, nous faisons l'hypothèse qu'elles apparaissent de manière sporadique.

Toutes les informations utilisées pour l'étude ont été extraites de la base de données ACCESS : numéro de fiche SAGIR du cas (identifiant), date de découverte, code INSEE du lieu de découverte, espèce, diagnostic éventuel et lésions observées, utilisation ou non d'un examen histologique. A partir de la conclusion diagnostique et des lésions observées les cas ont été recatégorisés en cas non suspect, suspect ou confirmé. Chaque cas a été géolocalisé au centre de gravité de la commune où il a été identifié. Les coordonnées spatiales des cas ont pu être déduites d'une carte des communes grâce à un traitement effectué à l'aide des fonctions des packages sf (Pebesma, 2018) et tidyverse (Wickam, 2019) pour le logiciel R (R Core Team, 2020), par jointure du tableau des cas et de la carte des communes à l'aide du code INSEE du lieu de découverte, puis extraction du centre de gravité. Les cas dont la localisation était mal définie ont été exclus. En tout, 7821 cas pour le chevreuil (dont 75 positifs) et 18490 cas pour le lièvre (dont 78 positifs) ont été utilisés pour l'étude (Tableau 1). Parmi les cas positifs, six ont été confirmés par histologie chez le lièvre d'Europe et quatorze chez le chevreuil européen ; les autres cas sont donc des cas suspects.

Tableau 1. Nombre de cas positifs et négatifs extraits de la base ACCESS du réseau SAGIR pour les deux espèces d'intérêt sur la période d'étude (de 1999 à 2013 pour le chevreuil européen et de 1993 à 2013 pour le lièvre d'Europe), utilisé ici comme matériel d'étude.

Espèces	Cas positifs (suspects ; confirmés)	Cas négatifs
Chevreuil européen	75 (61 ; 14)	7 746
Lièvre d'Europe	78 (72 ; 6)	18 412

Méthodes d'analyse des données

• Distribution temporelle

Pour chacune des deux espèces considérées, l'évolution du nombre de cas positifs par rapport à l'ensemble des cas reportés qu'ils soient positifs ou négatifs (ce qui permet de tenir compte d'une éventuelle pression d'échantillonnage variable dans le temps) a été modélisée à l'aide d'un modèle linéaire généralisé supposant une distribution binomiale de la variable réponse, qui utilise un lien logit (régression logistique, McCullagh et al., 1989). Quatre modèles décrivant respectivement une absence de l'effet de l'année sur la probabilité qu'un cas soit positif, un effet de l'année considéré comme

variable qualitative, un effet linéaire de l'année considérée comme quantitative, et un effet quadratique de l'année ont été comparés à l'aide du BIC. Pour ces modèles aussi, les résidus de Pearson ont été examinés avant de valider le modèle ainsi sélectionné.

• Distribution spatiale

La distribution spatiale des cas a été examinée, d'abord par un simple examen visuel en utilisant les fonctions du package sf pour le logiciel R. Un lissage par la méthode du noyau de la distribution des cas positifs et des cas négatifs a été effectué (Bailey et al., 1995), afin d'identifier la présence de clusters de cas. Le paramètre de lissage h a été sélectionné par validation croisée (LSCV) (Davies et al., 2017) : il est de 160 km pour le chevreuil européen et de 140 km pour le lièvre d'Europe. Ces lissages ont été effectués avec les packages MASS (Venables et al., 2002) et spatstat (Baddeley et al., 2015) pour le logiciel R, et la carte tracée avec le package ggplot2 (Wickam, 2016).

Une carte du risque spatialisé de tumeur en France a été estimée en utilisant l'approche de Kelsall et Diggle (1995), implémentée dans le package sparr pour le logiciel R. Cette approche consiste à calculer le logarithme du rapport de la densité des cas positifs sur la densité des cas négatifs estimées par la méthode du noyau ; l'optimisation par LSCV du paramètre de lissage se fait alors de façon jointe pour ces deux densités, et vise à minimiser l'erreur de prédiction de cette carte de risque. Le paramètre de lissage obtenu est de 70 km. L'approche de Monte-Carlo a été utilisée pour identifier les zones où le risque de tumeurs était significativement différent de celui attendu sous l'hypothèse d'une distribution spatiale aléatoire des cas positifs et négatifs (au risque 5%) (Davies et al., 2017).

Les analyses effectuées ainsi que les modèles temporels et spatiaux ajustés l'ont été avec le logiciel R v 4.0.2 (R Core Team, 2020). Les différentes figures produites (graphiques, cartes) ont été créées avec ce dernier et concernent l'ensemble des périodes d'étude considérées pour chaque espèce.

Résultats

Distribution temporelle des cas

Pour le chevreuil comme pour le lièvre, le modèle présentant le BIC le plus faible est celui ne présentant aucun effet de l'année (Tableau 2). Le modèle linéaire présentait un BIC proche, de ce fait il a tout de même été vérifié ; cependant, ce dernier n'a pas montré d'effet significatif de l'année quelle que soit l'espèce considérée.

Tableau 2. Critères d'information Bayésien (BIC) obtenus pour les quatre modèles considérés pour l'étude de la probabilité qu'un cas soit un cas positif chez le chevreuil européen et le lièvre d'Europe

Modèle considéré	BIC obtenu	
	Chevreuil européen	Lièvre d'Europe
Absence d'effet de l'année	63.7	84.4
Année comme variable qualitative	91.2	111.8
Effet linéaire de l'année	66.4	85.3
Effet quadratique de l'année	69.1	86.0

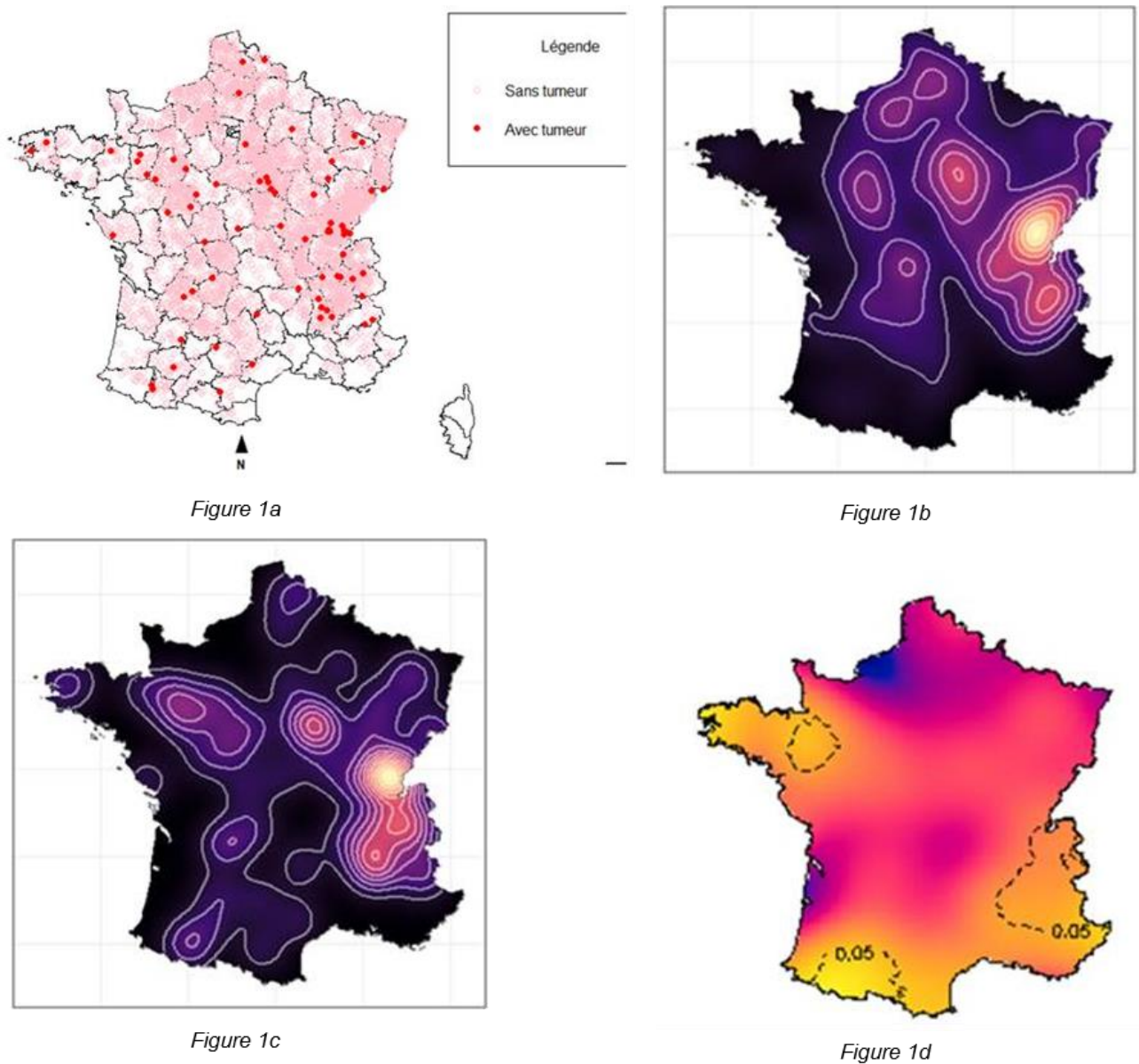


Figure 1. Cartes obtenues pour le chevreuil européen de 1999 à 2013 en France métropolitaine : distribution spatiale des cas positifs et négatifs (a), cartes de densité des cas positifs (b) et négatifs (c) et carte de risque relatif (d). Les zones délimitées par des pointillés correspondent aux clusters « significatifs » à 5 %

Distribution spatiale des cas

• Chevreuil européen

Sur la période d'étude considérée, les cas négatifs sont répartis de manière très hétérogène sur le territoire métropolitain, avec de nombreuses zones où les données sont lacunaires à manquantes (**Figure 1a**). La grande majorité de ces cas se concentre sur la moitié Est à Nord-Est du pays. Les cas positifs se retrouvent essentiellement dans les zones où la pression d'échantillonnage est élevée, bien que certaines d'entre elles en soient exemptes. Des agrégats de cas sont observables dans le Jura et plus généralement dans la partie Sud-Est du pays, au nord des Alpes, ainsi que dans l'Yonne.

Le lissage par la méthode du noyau montre un gros cluster de cas positifs dans la partie Sud-Est du pays, au nord des Alpes, avec une dimension interdépartementale, ainsi qu'un noyau plus faible au niveau de l'Yonne, confortant les observations précédentes (**Figure 1b**). Cependant, la même méthode appliquée aux cas négatifs montre la présence de clusters localisés à ces mêmes endroits, avec un noyau principal au nord des Alpes, comme pour les cas positifs (**Figure 1c**).

Plusieurs zones sont identifiées par la méthode de la carte du risque comme présentant un risque accru, visibles sur la **figure 1d** : en Ille-et-Vilaine, dans les Pyrénées et dans les Alpes. Cependant, la comparaison de la carte de risque relatif avec la carte de distribution des points montre que les deux premiers clusters identifiés ne concentrent que peu de cas négatifs sur des zones peu surveillées et sont donc considérés comme douteux. Par contre, le cluster identifié dans les Alpes, qui concerne plusieurs départements, repose sur un nombre assez conséquent de cas positifs et négatifs ; il s'agit donc du seul véritable cluster ici qui ne semble pas a priori être une structure artéfactuelle causée par la méthode d'estimation. D'autres zones apparaissent, au contraire, comme « de risque moindre » (échelle négative) : la Seine-Maritime, ainsi que la Gironde et le Puy-de-Dôme. Cependant, ces deux derniers départements ne concentrent que peu de cas totaux.

• Lièvre d'Europe

Les cas négatifs présentent une meilleure répartition sur l'ensemble du territoire que pour le chevreuil européen, même si les données sont lacunaires dans plusieurs zones : les Pyrénées, ainsi que des départements dans l'extrême Sud-Ouest, le Centre et le Nord-Est du pays (**Figure 2a**). De la même façon que le chevreuil européen, les cas positifs se retrouvent essentiellement dans les zones où la pression d'échantillonnage est élevée même si certaines d'entre elles en sont exemptes. Des

agrégats de cas sont visibles dans le Nord-Pas-de-Calais, dans le Sud-Ouest et dans le Sud-Est.

Le lissage par la méthode du noyau montre un gros cluster de cas positifs dans le Nord-Pas-de-Calais, ainsi que des clusters moins marqués à l'Est de la région parisienne ainsi que dans le Sud-Ouest et dans le Sud-Est du pays (**Figure 2b**). Cependant, la même méthode appliquée aux cas négatifs montre la présence de clusters localisés à ces mêmes endroits, en particulier dans le Nord-Pas-de-Calais (**Figure 2c**). Les autres présentent des degrés d'intensité plus faibles chez les négatifs, avec des noyaux un peu décalés par rapport à ceux observés chez les positifs. Par contre, un cluster de cas négatifs est observé au niveau de la Charente Maritime alors que la densité calculée y est faible pour les cas positifs.

De la même façon que le chevreuil européen, plusieurs zones sont identifiées par la méthode comme présentant un risque accru : les Landes, le sud du Massif Central (Causse et Cévennes), le Nord-Pas-de-Calais et le Sud-Est de la France (**Figure 2d**). La comparaison de la carte de risque relatif avec la carte de distribution des points montre que le cluster identifié ne repose sur aucun cas positif sur le territoire, et la pression d'échantillonnage y est très faible. Comme cette zone est en bordure de la France, il ne s'agit que d'un effet de bord imputable à la méthode utilisée. Les trois autres clusters identifiés, par contre, reposent sur un nombre relativement conséquent de cas positifs avec une pression d'échantillonnage assez forte. D'autres zones apparaissent, au contraire, comme « de risque moindre » (échelle négative) : la Bretagne, l'Alsace et les Pays de la Loire. Si ces deux dernières zones présentent une pression d'échantillonnage assez élevée, ce n'est pas le cas de la Bretagne où la pression d'échantillonnage est plus faible.

Discussion

La distribution spatiale des cas négatifs, proxy de la pression d'échantillonnage, montre que celle-ci présente une certaine hétérogénéité avec des zones où les données sont lacunaires voire absentes et, *contrario*, d'autres où les données sont très présentes (présence de 'clusters' de cas négatifs démontrée avec l'observation des cartes de densité des cas négatifs). Ces différences de pression d'observation ne sont pas les mêmes entre les deux espèces et ne sont pas non plus reliées à leurs densités et répartitions respectives. Elles illustrent les niveaux de participation au réseau très variables en fonction du département considéré pour ces espèces et peuvent également s'expliquer par des différences de détectabilité, d'accessibilité et d'intégrité des cadavres selon les caractéristiques du

milieu dans lequel ils se trouvent (présence de relief, couverture forestière, abondance en espèces nécrophages, etc.). Par conséquent, un lien direct entre les résultats obtenus et le processus d'état (ou processus biologique, celui à l'origine des tumeurs et responsable de vrais clusters spatio-temporels, s'ils existent) n'est pas possible, ce dont il faut tenir compte pour l'interprétation de ces résultats. Ainsi, l'hétérogénéité spatiale de la pression d'échantillonnage complique l'interprétation des cartes de risque obtenues, par la création de ces clusters due à l'application de la méthode au type de données utilisé. L'interprétation de ces cartes ne peut se faire qu'en se référant aux cartes de densité des cas positifs et négatifs et à celle de la distribution spatiale de ces cas.

Les cas concernent exclusivement des individus retrouvés morts ou fortement débilés, les données

ne sont donc pas représentatives de la population sauvage dans son ensemble. D'autre part, pour la faune sauvage, l'espérance de vie des individus est généralement courte, du fait de la multiplicité des causes de mortalité, et ceci, associé à la variabilité de la vitesse de développement de la tumeur, augmente la probabilité qu'une tumeur n'ait pas le temps d'apparaître ou de se développer suffisamment pour être détectable avant la mort de l'individu (Madsen *et al.*, 2017 ; García-Fernández *et al.*, 2020). Lors d'accident toxicologique ponctuel, la mort des individus concernés peut être précipitée, par exemple à cause de sa propre intoxication, de la diminution de la disponibilité des ressources alimentaires (notamment ceux dépendants de proies plus sensibles) ou de la dégradation de son habitat, et ainsi limiter l'apparition consécutive de tumeurs détectables et empêcher l'apparition d'un éventuel cluster temporel.

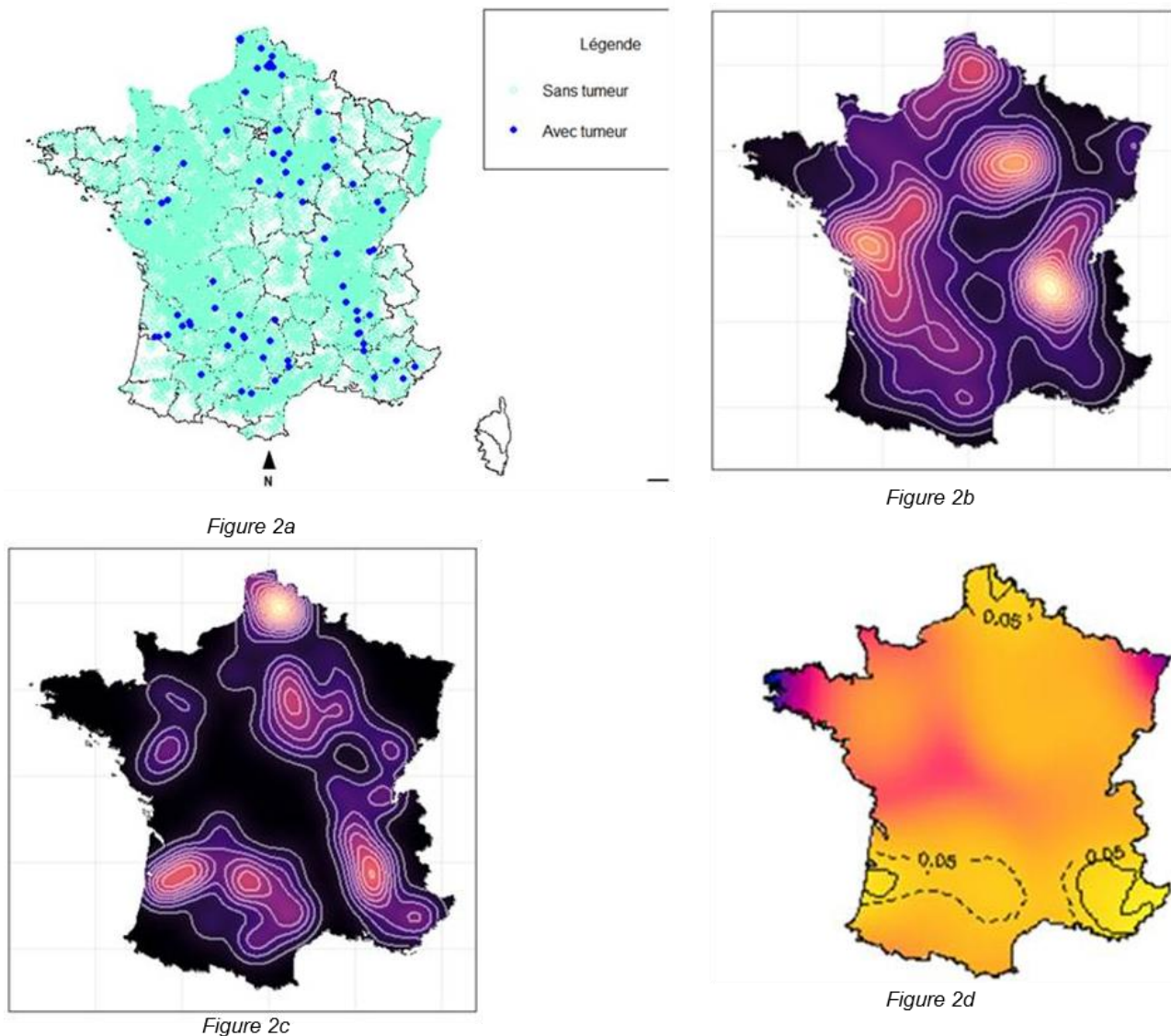


Figure 2. Cartes obtenues pour le lièvre d'Europe de 1993 à 2013 en France métropolitaine : distribution spatiale des cas positifs et négatifs (a), cartes de densité des cas positifs (b) et négatifs (c) et carte de risque relatif (d). Les zones délimitées par des pointillés correspondent aux clusters « significatifs » à 5 %. Les zones délimitées par un trait plein correspondent aux clusters « significatifs » à 1 %.

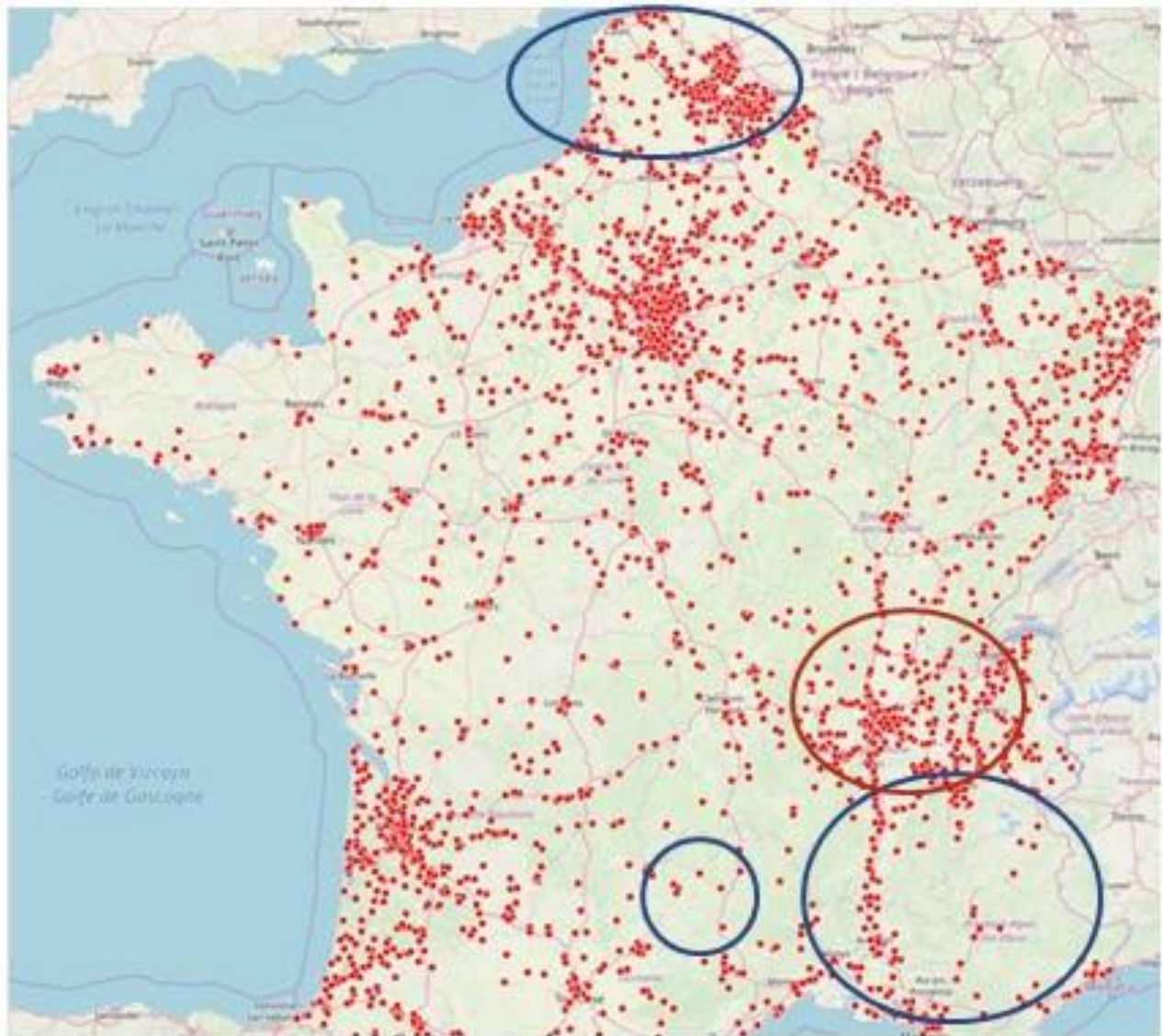


Figure 3. Distribution spatiale des sites et sols pollués (points rouges) répertoriés dans la base BASOL en France métropolitaine (Chroniques cartographiques, 2020) avec superposition des clusters identifiés chez le chevreuil européen (-) et chez le lièvre d'Europe (-)

La démarche diagnostique adoptée, destinée à déterminer la cause de la mort, oriente le choix des examens et est décisive dans la détection, ou non, d'une éventuelle tumeur présente et de sa caractérisation. Par conséquent, l'essentiel des tumeurs suspectées et/ou identifiées est visible macroscopiquement et reste à l'état de suspicion, car elles ne sont généralement que des processus accessoires repérés à l'autopsie. Des filtres de saisie dans la base de données existent également. Du fait de ces nombreux filtres, la sensibilité pour la détection des tumeurs n'est pas évaluable en l'état mais est probablement assez faible puisqu'un certain nombre de cas de tumeurs n'est pas suspecté et encore moins confirmé. Les données se sont révélées insuffisantes pour démontrer la présence ou non de clusters temporels et il n'a pas été possible d'effectuer d'analyses spatio-temporelles avec ces données.

Enfin, concernant les espèces sentinelles choisies, le lièvre d'Europe et le chevreuil européen, un critère prépondérant a été le nombre de cas suspects ou confirmés de tumeurs non infectieuses répertoriés sur les bases de données du réseau SAGIR ainsi que la répartition de ces deux espèces sur le territoire, afin qu'il soit suffisant pour en permettre l'étude. Les autres espèces répertoriées ne présentaient pas plus d'une dizaine de cas de tumeurs suspectées ou confirmées. La sensibilité du chevreuil et du lièvre à ce type de pathologie n'a pas été prise en compte ; elle ne ressort d'ailleurs pas particulièrement forte dans la littérature (Flux, 1965 ; Aguirre *et al.*, 1999).

L'effet des polluants sur la carcinogénèse a été peu étudié en faune sauvage et l'a surtout été chez des espèces domestiques comme le chien ou le mouton (Dorn, 1967). Plusieurs toxiques environnementaux sont considérés comme à l'origine de cas de tumeurs chez certaines espèces, en particulier les organochlorés chez les mammifères marins (otarie

de Californie, béluga) et les perturbateurs endocriniens chez les poissons (Martineau *et al.*, 2002 ; Newman *et al.*, 2006 ; Browning *et al.*, 2015 ; Deming *et al.*, 2018). Des dioxines ont été détectées dans le foie et la graisse d'un grand dauphin (*Tursiops truncatus*) atteint d'un lymphome hépatosplénique, et *in vitro*, ce polluant est capable de provoquer la prolifération des lymphocytes de cette espèce de dauphin (Jaber *et al.*, 2005). Ces exemples restent cependant assez rares et la plupart du temps, la cause environnementale reste à l'état de suspicion. Notre étude a mis en évidence quelques clusters spatiaux chez les deux espèces investiguées mais il est à ce jour difficile de les imputer à une ou plusieurs causes environnementales. Aucun des quatre clusters identifiés ne correspond à un bassin de production agricole (IFEN, 2005) et ils ne concernent pas tous non plus les zones les plus polluées de France. La **figure 3** montre que le nord des Alpes (cluster de tumeurs chez le chevreuil) et le Nord Pas de Calais (cluster de tumeurs chez le lièvre) correspondent à des zones comprenant des sites et sols pollués mais ce n'est pas le cas pour les autres clusters identifiés. Des investigations ultérieures dans les zones concernées seraient nécessaires pour, dans un premier temps, confirmer l'existence de ces clusters et dans un second temps, mieux les caractériser en vue de déterminer leurs causes possibles. Elles auraient pour intérêt d'identifier des zones et/ou produits à risque pour la santé, notamment s'ils sont présents dans l'environnement.

En conclusion, cette étude a permis d'émettre des hypothèses de risque de tumeur sur quelques secteurs géographiques. Les données de surveillance sanitaire issues du réseau SAGIR manquent néanmoins de sensibilité et de spécificité pour la détection de tumeurs dans la faune sauvage. Cette sensibilité pourrait être augmentée en ne restreignant pas le nombre d'espèces et donc en s'affranchissant du concept d'espèces sentinelles. Un autre levier repose sur la démarche diagnostique en rendant systématique les analyses histologiques permettant de confirmer les cas et de préciser la nature de la tumeur. Cette démarche est en cours. La détection de marqueurs de tumeurs plus précoces que l'observation macroscopique de processus tumoral à l'autopsie pourrait également être une piste (Huang *et al.*, 2011).

En dehors du réseau SAGIR, l'utilisation de données collectées dans un cadre différent de la surveillance événementielle, comme lors de l'examen clinique initial des venaisons de chasse, pourrait être envisagée, elle entraînerait potentiellement la sélection d'autres espèces dont la pertinence comme espèce sentinelle serait à vérifier (sur des

critères d'espérance de vie et de sensibilité au processus tumoral).

Enfin, des travaux supplémentaires sur les effets cancérigènes de différents polluants chimiques sur les espèces de la faune sauvage seraient à conduire pour mieux cibler les espèces sentinelles et répondre à l'objectif de bioindicateur pour le risque en santé humaine.

Remerciements

Nous tenons à remercier l'ensemble des observateurs, des interlocuteurs et des partenaires du réseau SAGIR impliqués dans la surveillance et qui, par le signalement et l'étude des cas, ont permis de suspecter voire d'identifier des cas de tumeurs dans la faune sauvage. Nous remercions également Lorette Hivert pour son aide dans la récupération et le tri des données ainsi que l'ensemble des personnes de l'OFB qui nous ont donné des pistes pour l'interprétation des résultats.

Références bibliographiques

- Aguirre AA, Bröjer C et Mörner T (1999). Descriptive epidemiology of roe deer mortality in Sweden. *Journal of Wildlife Disease*, 35(4), 753–762.
- Baddeley A, Rubak E et Turner R (2015). *Spatial Point Patterns: Methodology and Applications with R*. London : Chapman and Hall/CRC Press, 2015.
- Bailey TC et Gatrell AC (1995). *Interactive spatial data analysis*. Longman Group Limited.
- Browning HM, Gulland FMD, Hammond JA *et al.* (2015). Common cancer in a wild animal: the California sea lion (*Zalophus californianus*) as an emerging model for carcinogenesis. *Philosophical Transaction of the Royal Society B : Biological Sciences*, 370(1673):20140228.
- Davies TM, Marshall JC et Martin LH (2017). Tutorial on kernel estimation of continuous spatial and spatiotemporal relative risk with accompanying instruction in R. Technical report. arXiv preprint arXiv:1707.06888.
- Decors A, Hars J, Faure E *et al.* (2015). Le réseau Sagir : un outil de vigilance vis-à-vis des agents pathogènes exotiques. *Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation* no 66/Spécial vigilance vis-à-vis des maladies exotiques, 35-39.
- Deming AC, Colegrove KM, Duignan PJ *et al.* (2018). Prevalence of Urogenital Carcinoma in Stranded California Sea Lions (*Zalophus californianus*) from 2005–15. *Journal of Wildlife Disease*, 54 (3): 581–586.
- Dorn CR (1967). The epidemiology of cancer in animals. *California Medicine*, 107(6), 481-489.

Flux JEC (1965). Incidence of ovarian tumors in hares in New Zealand. *Journal of Wildlife Management*, 29(3), 622–624.

García-Fernández AJ, Espín S, Gómez-Ramírez P et al. (2020). Wildlife Sentinels for Human and Environmental Health Hazards in Ecotoxicological Risk Assessment. Dans : Roy K. (eds) *Ecotoxicological QSARs. Methods in Pharmacology and Toxicology. Humana*, New York, NY, 77-94.

Huang KW, Yang SY, Yu CY et al. (2011) Exploration of the relationship between the tumor burden and the concentration of vascular endothelial growth factor in liver-cancer-bearing animals using immunomagnetic reduction assay. *Journal of Biomedical Nanotechnology* Vol. 7, 1–7, 2011

IFEN (2005). Les changements d'occupation des sols de 1990 à 2000 : plus d'artificiel, moins de prairies et de bocages. *Les données de l'environnement*, n°101, 1-4.

Jaber JR, Pérez J, Carballo M et al. (2005). Hepatosplenic large cell immunoblastic lymphoma in a bottlenose dolphin (*Tursiops truncatus*) with high levels of polychlorinated biphenyl congeners. *Journal of Comparative Pathology*, 132(2-3), 242–247.

Kelsall JE et Diggle PJ (1995). Non-parametric estimation of spatial variation in relative risk. *Statistics in medicine*, 14, 2335-2342.

Madsen T, Arnal A, Vittecoq M et al. (2017). Cancer Prevalence and Etiology in Wild and Captive Animals. *Ecology and Evolution of Cancer*, 11-46.

Martineau D, Lemberger K, Dallaire A et al. (2002). Cancer in wildlife, a case study: beluga from the St. Lawrence estuary, Québec, Canada. *Environmental Health Perspectives*, 110(3), 285–292.

McCullagh P et Nelder JA (1989). *Generalized linear models*. Second Edition. Chapman & Hall: London.

Newman SJ et Smith SA (2006). Marine mammal neoplasia: a review. *Veterinary Pathology*, 43(6), 865-80.

O'Brien DJ, Kaneene JB et Poppenga RH (1993). The use of mammals as sentinels for human exposure to toxic contaminants in the environment. *Environmental Health Perspectives*, 99, 351-368.

Pebesma E (2018). Simple Features for R: Standardized Support for Spatial Vector Data. *The R Journal*, 10 (1), 439-446.

R Core Team (2020). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.

Venables WN et Ripley BD (2002). *Modern Applied Statistics with S*. Fourth Edition. Springer, New York. ISBN 0-387-95457-0.

Wickham H (2016). *ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis*. Springer-Verlag New York.

Wickham et al. (2019). Welcome to the tidyverse. *Journal of Open Source Software*, 4(43), 1686.

Pour citer cet article :

Vrécourt M., Calenge C., Payne A., Le Net R., Le Loc'h G., Decors A. 2023. « Surveiller les tumeurs des chevreuils et des lièvres : un outil pour détecter des zones à forte pression chimique ? » *Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation* 98 (3) :1-9

Le Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation est une publication conjointe de la Direction générale de l'alimentation et de l'Anses.

Directeur de publication : Benoît Vallet

Directeur associé : Maud Faipoux

Directrice de rédaction : Emilie Gay

Rédacteur en chef : Julien Cauchard

Rédacteurs adjoints : Hélène Amar, Jean-Philippe Amat, Céline Dupuy, Viviane Hénaux, Renaud Lailier, Célia Loquet

Comité de rédaction : Anne Brisabois, Benoit Durand, Françoise Gauchard, Guillaume Gerbier, Pauline Kooh, Marion Laurent, Sophie Le Bouquin Leneveu, Céline Richomme, Jackie Tapprest, Sylvain Traynard

Secrétaire de rédaction : Isabelle Stubljär

Responsable d'édition : Fabrice Coutureau Vicaire

Assistante d'édition : Flore Mathurin

Anses - www.anses.fr

14 rue Pierre et Marie Curie
94701 Maisons-Alfort Cedex

Courriel : bulletin.epidemiologie@anses.fr

Sous dépôt légal : CC BY-NC-ND
ISSN : 1769-7166