

# L'INFO-RESEAU

L'actu du Réseau Centres de Soins Faune Sauvage



© Danièle Bruchet/ LPO PACA

## SOMMAIRE

Actualités.....p.2

Espèces à plan national d'actions.....p.2

Dossier :

Les remarquables adaptations qui font des vautours de précieux recycleurs..... p.3

Ailleurs dans le monde.....p.7

Pour les membres ..... p.8

## LE P'TIT MOT

Bon courage à tous ceux qui ont la tête dans le guidon ! Certains d'entre vous ont déjà dû restreindre les accueils de certaines espèces à cause d'un afflux important lié aux **grosses chaleurs**. Et c'est dans ce contexte que de nouveaux centres ouvrent leurs portes : **Faunalis** en Loire-Atlantique, **ERINA** en Haute-Vienne et **Instinct Animal** dans les Alpes-Maritimes. Nous leur souhaitons bon courage pour cette première saison qui s'annonce intense.

En ce mois de juin, promis on ne parlera pas de martinets : le dossier revient et ce sont les **vautours** qui sont à l'honneur.

*En vous souhaitant une bonne lecture,*  
Le RÉSEAU

## NOUVELLE RECRUE



C'est le début d'une nouvelle aventure !

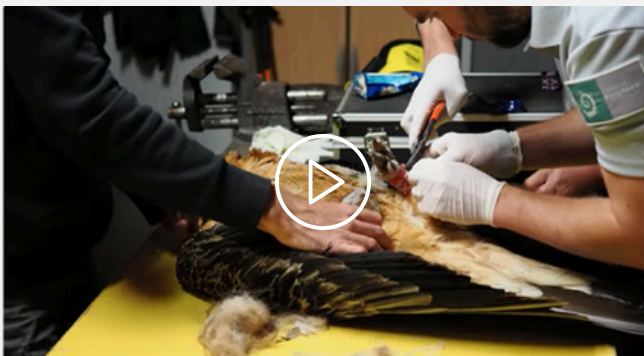


Je suis Eva, fraîchement arrivée au Réseau. J'ai été soigneuse durant 3 ans dans différents centres. J'ai ensuite décidé de faire une petite pause en voyageant. À mon retour, j'ai travaillé en tant que chargée de projets au Groupe Chiroptères de Provence, avant d'atterrir au Réseau pour aider à l'organisation de la formation diplômante en cours de création. Au plaisir,

Eva Ciccarelli



## A VOIR



Dans cette vidéo, Stephan Maury, du centre de soins d'Hegalaldia, revient sur la prise en charge et le relâcher d'un Gypaète barbu qui implique de nombreux acteurs.

Une collaboration importante dans le suivi de cette espèce dont les populations sont encore fragiles.

## ESPÈCES À PNA

## Vautour moine

*Aegypius monachus*



© Loriane Aubinais/ LPO PACA

Ce mois-ci, la LPO PACA poursuit notre série

"Espèces à plan national d'actions",

avec l'accueil d'une femelle Vautour moine de 4 ans, née dans les Baronnies en 2021. Elle fut criblée de plombs (plus d'une soixantaine sur toutes les parties du corps) alors qu'elle était en train de s'apparier avec un individu espagnol, avant d'être découverte gisant au bord d'une rivière dans les Alpes-de-Haute-Provence.

Le PNA 2021-2030 est le 3ème dont bénéficie l'espèce, et pour cause, elle est classée **en danger critique** par la liste rouge de l'UICN. Elle figure également dans l'arrêté du 9 juillet 1999 fixant la liste des espèces de vertébrés protégées menacées d'extinction en France et dont l'aire de répartition excède le territoire d'un département, ce qui en fait une espèce dite "de compétence ministérielle" (le CNPN est consulté lors des instructions de vos demandes d'autorisations pour ces espèces, conformément aux articles 5 et 6 de l'Arrêté du 22 décembre 1999).

Le Vautour moine est également menacé à l'échelle mondiale et fait aussi l'objet d'un plan d'action à plus large échelle « Flyway action plan for the conservation of the cinereous vulture *Aegypius monachus* » (2018-2028, CMS Raptors MOU Technical Publication N06).

Après plusieurs semaines de soins intensifs, elle a pu être relâchée dans les gorges Verdon où la LPO anime un programme de suivi de cette espèce, équipée d'une balise GPS pour pouvoir suivre ses déplacements. Elle se trouve actuellement en Autriche.



© Laure Néron-Devoureix/ LPO PACA

Ces délits sont d'autant plus regrettables que les vautours sont de précieux alliés pour la santé de l'environnement et la santé humaine, c'est d'ailleurs l'objet de notre dossier du mois.

## Les remarquables adaptations qui font des VAUTOURS de PRÉCIEUX ALLIÉS

En 2024, les centres de soins du Réseau ont reçu une quarantaine de vautours fauves, six vautours moines, un percnoptère d'Égypte et un gypaète barbu.

Ces espèces nécrophages sont régulièrement exposées à un large éventail d'agents pathogènes, de toxines et de catabolites microbiens résultant des processus de décomposition des carcasses [1]. Pourtant, elles présentent une remarquable capacité à résister aux infections. Sachant que leur microbiote intestinal n'est pas des plus riches, du fait d'un pH gastrique très bas, leur microbiote cutané pourrait-il jouer un rôle dans cette résistance ? C'est ce que suggère Lobello et al. dans une revue scientifique récente [2]. Bien que les études référencées se soient surtout intéressées aux espèces de vautours du Nouveau Monde, celles portant sur le microbiote intestinal laissent à penser que les communautés microbiennes sont relativement similaires à celles de nos vautours européens.

### Adaptations morphologiques et fonctionnelles des vautours liées à leur régime alimentaire spécialisé

Parmi les vertébrés existants, les vautours sont les seuls charognards obligatoires. Les 23 espèces de vautours existantes présentent divers phénotypes, considérés comme liés à des différences écologiques. Bien que chaque groupe puisse étendre son régime alimentaire en l'absence des autres rapaces, la concurrence entre les vautours sympatriques a conduit à des divergences dans leur stratégie d'alimentation, telles que des préférences pour des composantes spécifiques d'une carcasse, et leur a permis de développer une anatomie et une physiologie hautement spécialisées avec une série

d'adaptations uniques. Ils ont généralement un bec puissant, un cou relativement long et des pieds adaptés à la locomotion au sol.

Chez le Vautour fauve qui se nourrit principalement de viscères et de muscles, le crâne est plus fin que chez le Vautour moine - qui lui, se nourrit de tissus plus en surface et plus coriaces à déchiqueter - et son cou est plus long, facilitant l'accès aux tissus mous situés en profondeur dans les différents compartiments de la carcasse (environ 30 cm et 15 ou 16 vertèbres selon les sources contre 13 chez le Vautour moine) [3].

Le tube digestif est plus court que celui de leurs homologues omnivores et herbivores ( $\approx 3$  m chez le Vautour fauve), ce qui réduit le temps de multiplication des agents pathogènes introduits par ingestion et minimise ainsi leur présence [7,8]. Les vautours ont également la capacité de produire des sucs gastriques très acides (pH autour de 1) pour digérer la viande contaminée et en décomposition, expliquant par ailleurs la pauvre diversité de leur microbiote intestinal (moins d'une centaine de type de bactéries différentes contre près de 500 chez l'humain). Chez le Vautour fauve toujours, la collerette de plumes

séparant le cou et la tête du reste du corps protégerait le plumage du manteau lors de la curée.

Aussi, le fait que la tête et le cou soient peu emplumés pourrait, en plus de jouer un rôle dans la thermorégulation [4], réduire le risque d'infections [5] en privilégiant un microbiote spécifique [6].

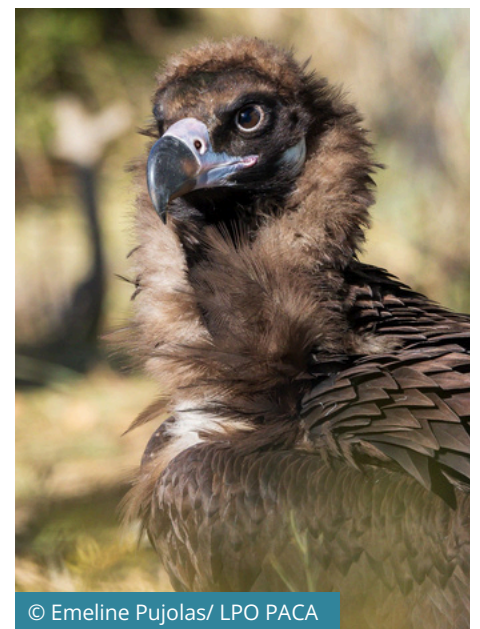
### Microbiote cutané chez les animaux nécrophages

Le terme « microbiote » désigne l'ensemble des micro-organismes qui coexistent dans une même niche écologique. Reconnus pour leur nature ubiquitaire, ces micro-organismes peuvent coloniser toutes les régions anatomiques de l'organisme. En général, les plus représentés sont les bactéries, suivies des champignons, des protozoaires, des archées et des virus [9].

La communauté microbienne la plus étudiée chez toutes les espèces animales est celle se trouvant dans le système digestif. Cela dit, d'autres parties anatomiques abritent des communautés microbiennes impliquées dans des processus d'importance physiologique équivalente, voire prépondérante dans le cas des vautours.



© SOS Faune sauvage



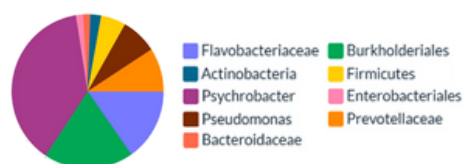
© Emeline Pujolas/ LPO PACA

En utilisant divers mécanismes de résistance à la colonisation, le microbiote cutané constitue une barrière (microbienne) qui protège contre les myriades de micro-organismes pathogènes rencontrés dans les activités nécrophages [10].

### Composition du microbiote cutané

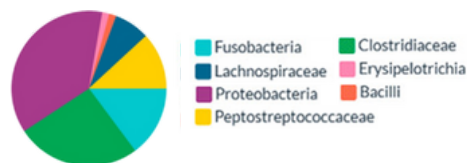
Contrairement à d'autres animaux, le microbiote cutané des vautours est le plus peuplé en termes d'abondance microbienne et de biodiversité, ce qui s'expliquerait par leurs pratiques alimentaires, puisque ces habitudes peuvent modifier considérablement la composition du microbiote cutané [5].

À ce jour, un ensemble complexe et diversifié d'échantillons microbiens est couramment identifié dans la peau des vautours, en voici une liste non exhaustive :



Profil taxonomique du microbiote cutané des vautours, selon Ward et al. 2008 [4].

Les chercheurs font remarquer que la somme des variables influençant le microbiote (âge, sexe, génétique, environnement...), y compris le rôle prédominant du régime alimentaire nécrophage, permet d'atteindre un niveau de biodiversité du microbiote cutané bien supérieur à celui observé dans l'intestin :



Profil taxonomique du microbiote intestinal des vautours, selon Ward et al. 2008 [4].

Comme déchirer les tissus des grands mammifères est particulièrement épuisant, les vautours passent souvent par les orifices naturels (y compris anaux) pour accéder aux viscères des carcasses.

Cela augmente le risque d'ingestion de bactéries fécales anaérobies telles que les *Clostridia* et les *Fusobacteria*, largement pathogènes voire mortelles pour d'autres vertébrés et qui dominent dans le microbiote intestinal du vautour [3].

Cependant, les « bonnes » bactéries peuvent produire des molécules antibiotiques, antifongiques ou des toxines insecticides, et peuvent même offrir une protection antitumorale (voir tableau à la page suivante). En effet, les carcasses émettent également des composés toxiques et cancérigènes, tels que les hydrocarbures aromatiques polycycliques (HAP) qui présentent des risques pour la santé des vautours, et notamment pour la peau qui entre en contact direct avec ces composés. Certains, comme le Benzo[a]pyrène par exemple, ont déjà été trouvés en concentrations élevées chez certaines espèces de vautours [11].

Mais parmi les bactéries identifiées en plus grande abondance dans le microbiome facial des vautours se trouve des bactéries connues pour métaboliser et dégrader les HAP. C'est le cas d'*Arthrobacter phenanthrenivorans*, qui est capable de dégrader le phénanthrène, un autre HAP irritant pour la peau. Le microbiote de la région faciale serait le principal agent responsable du métabolisme et de la biodégradation de ces substances [4].

### Le rôle des vautours dans la prévention de la propagation des maladies infectieuses

Le transfert d'agents pathogènes des carcasses vers le sol ou l'eau peut être à l'origine d'infections, y compris humaines, par la consommation d'eau ou d'aliments contaminés ou par contact direct. Ce risque est d'autant plus élevé dans les zones d'estives du bétail où les densités d'animaux d'élevage sont très élevées, mais également dans les zones urbaines où,

lorsqu'ils sont présents, les vautours élimineraient plus de 22 % des déchets organiques.

Une étude récente souligne ainsi l'importance des espèces charognardes dans la protection de la santé publique de la population indienne, en mettant l'accent sur la protection contre les zoonoses telles que la rage, la brucellose et la tuberculose [12].

De plus, les carcasses constituent une source de nourriture facile et avantageuse pour les rongeurs, ce qui entraîne une augmentation de la population de vecteurs et intensifie les maladies qu'ils propagent, tant parmi la faune sauvage que parmi les populations domestiques et humaines.

Les vautours contribuent donc de manière significative au maintien de l'homéostasie des écosystèmes [12,13].

### Un microbiote fragilisé par les activités humaines

La résistance aux antimicrobiens signalée chez les vautours concerne les antimicrobiens les plus fréquemment utilisés dans l'élevage [14,15] et les données suggèrent que ce phénomène chez les animaux sauvages est toujours associé à la présence de sources de contamination anthropique dans l'habitat naturel de ces individus [16,17].



Principaux échantillons microbiens du microbiote des vautours et leur implication potentielle dans la promotion de la santé de l'animal [3]

MICRO-ORGANISME	ACTIVITÉ FAVORISANT LA SANTÉ	MÉCANISME DE PROTECTION	SOURCES
<i>Hylemonella gracilis</i>	Contrôle de <i>Yersinia pestis</i>	Prévient la colonisation	[18]
<i>Pseudomonas fluorescens</i>	Contrôle de diverses bactéries pathogènes	Production d'antibiotique (mupirocine), formation d'un biofilm protecteur	[19, 20]
<i>Arthrobacter phenanthrenivorans</i>		Dégrade les phénanthrènes	[21]
<i>Acinetobacter sp. NIPH 899</i>	Biosynthèse des folates	Potentiel rôle dans la prévention des cancers de la peau	[22]
<i>Lysinibacillus sphaericus</i>	Contrôle des moustiques	Production de toxine insecticide (sphaericolysine)	[23]
<i>Pseudomonas entomophila</i>	Contrôle des mouches (larves et adultes)	Production de toxines insecticides (classe SepC/Tcc)	[24, 25]
<i>Streptomyces violaceusniger</i>	Contrôle de pathogènes fongiques	Activité antifongique	[26, 27]
<i>Kitasatospora setae</i>	Contrôle des <i>Trichomonas spp.</i>	Production de setamycine (antitrichomonale)	[28]
<i>Streptomyces bingchenggensis</i>	Contrôle des helminthes	Production de milbemycine (anthelminthique)	[29]
<i>Chromobacterium violaceum</i> et <i>Janthinobacterium sp. HH01</i>	Contrôle de pathogènes et protection des tumeurs	Production de violacéine (anticancéreuse, antibactérienne, antifongique, antivirale)	[30, 31]
<i>Polaromonas naphthalenivorans</i>		Dégradation du naphtalène (cancérogène)	[32]
<i>Yarrowia lipolytica</i> et <i>Rhodococcus erythropolis</i>	Contrôle de pathogènes	Production de biosurfactants (activité antimicrobienne à large spectre)	[33, 34]
<i>Phage phi MR11</i>	Contrôle de <i>Staphylococcus aureus</i> multirésistant	Destruction et élimination	[35]
<i>Acinetobacter phage Petty/Acibel004</i>	Contrôle de <i>Acinetobacter baumannii</i>	Destruction et élimination	[36, 37]
<i>Phage BPP-1</i>	Contrôle <i>Bordetella spp.</i>	Destruction et élimination	[38]
<i>Herbaspirillum frisingense</i>		Production d'antibiotiques naphthocyclinones	[39]
<i>Heterorhabdus bacteriophora</i>	Contrôle puces, fourmis et mouches	Libération de la bactérie <i>Photorhabdus luminescens</i> de leur tube digestif	[40]
<i>Adineta vaga</i>	Élimination des bactéries et des protozoaires morts	Se nourrit de matière organique morte	[41]

[Une étude portugaise récente](#) [1] a analysé la communauté microbienne dans l'intestin de 8 vautours fauves pris en charge dans les centres de soins de Castelo Branco (CERAS) et de Santo André (CRASSA).

Les vautours y étaient nourris avec des lapins ou des poulets congelés provenant d'élevages intensifs destinés à la consommation humaine, et aucun n'avait reçu de médicaments au cours des dix derniers jours.

Alors que le CERAS est situé au centre du Portugal, proche de la frontière espagnole, dans une zone montagneuse, avec un climat continental et une végétation sèche correspondant au biotope de ces oiseaux, le CRASSA est situé dans la région côtière de l'Alentejo, dans le sud-ouest du Portugal, avec un climat maritime côtier et un écosystème et une faune variés. Les chercheurs ont ainsi corrélé ces différences environnementales avec les compositions du microbiome gastro-intestinal identifiées entre les deux groupes de vautours prélevés. Le nombre de taxons présents était significativement plus élevé dans le "groupe CRASSA" » qui comptait 46 taxons non retrouvés dans le « groupe CERAS », lequel comptait pour sa part 5 taxons exclusifs. Les caractéristiques écologiques régionales sont donc susceptibles d'influencer le microbiome des vautours.

Les phylums les plus abondants dans les échantillons étaient les protéobactéries et les fusobactéries, ce qui correspond aux études réalisées sur les vautours du Nouveau Monde, et d'autres charognards comme l'Alligator américain (*Alligator mississippiensis*) [2] et le Diable de Tasmanie (*Sarcophilus harrisii*) [3].

**Remarque :** les auteurs de cette étude ont indiqué que la communauté microbienne ne semblait pas être significativement affectée par le stress associé à la captivité.

[1] Nascimento et al. Exploring the Gastrointestinal Microbiome of Eurasian Griffon Vultures (*Gyps fulvus*) Under Rehabilitation in Portugal and Their Potential Role as Reservoirs of Human and Animal Pathogens. *Vet. Sci.* 2024, 11, 622.

[2] Keenan & Else. The Good, the Bad, and the Unknown: Microbial Symbioses of the American Alligator. *Integr. Comp. Biol.* 2015, 55, 972-985.

[3] Cheng et al. The Tasmanian devil microbiome-implications for conservation and management. *Microbiome* 2015, 3, 76.

[1] Roggenbuck et al. The Microbiome of New World Vultures. *Nat. Commun.* 2014, 5, 5498. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)]

[2] Lobello et al. The Role of Vulture (Accipitriformes) Cutaneous Microbiota in Infectious Disease Protection. *Microorganisms*, 13, 898 (2025). <https://doi.org/10.3390/microorganisms13040898>

[3] Böhmer et al. Abourachid (2020). A Gulper, ripper and scrapper : anatomy of the neck in three species of vultures. *Journal of Anatomy*.

[4] Ward et al. Why Do Vultures Have Bald Heads ? The Role of Postural Adjustment and Bare Skin Areas in Thermoregulation. *J. Therm. Biol.* 2008, 33, 168-173. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)]

[5] Ross, A.A.; Rodrigues Hoffmann, A.; Neufeld, J.D. The Skin Microbiome of Vertebrates. *Microbiome* 2019, 7, 79. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)]

[6] Graves et al. Does Solar Irradiation Drive Community Assembly of Vulture Plumage Microbiotas ? *Anim. Microbiome* 2020, 2, 24. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)]

[7] Ogada, D.L.; Keesing, F.; Virani, M.Z. Dropping Dead : Causes and Consequences of Vulture Population Declines Worldwide. *Ann. N. Y. Acad. Sci.* 2012, 1249, 57-71. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]

[8] Beasley et al. The Evolution of Stomach Acidity and Its Relevance to the Human Microbiome. *PLoS ONE* 2015, 10, e0134116. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)]

[9] El-Sayed, A.; Aleya, L.; Kamel, M. Microbiota's Role in Health and Diseases. *Environ. Sci. Pollut. Res.* 2021, 28, 36967-36983. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)]

[10] Zepeda et al. Protective Role of the Vulture Facial Skin and Gut Microbiomes Aid Adaptation to Scavenging. *Acta Vet. Scand.* 2018, 60, 61. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)]

[11] Dhananjayan, V.; Muralidharan, S. Levels of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons, Polychlorinated Biphenyls, and Organochlorine Pesticides in Various Tissues of White-Backed Vulture in India. *Biomed. Res. Int.* 2013, 2013, 190353. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)]

[12] Jalihal, S., Rana, S. & Sharma, S. Systematic mapping on the importance of vultures in the Indian public health discourse. *Environmental Sustainability* 5, 135-143 (2022). <https://doi.org/10.1007/s42398-022-00224-x>

[13] Mondor et al. (2012) The Ecology of Carrion Decomposition. *Nature Education Knowledge* 3(10):21

[14] Blanco et al. Intensive Farming as a Source of Bacterial Resistance to Antimicrobial Agents in Sedentary and Migratory Vultures: Implications for Local and Transboundary Spread. *Sci. Total Environ.* 2020, 739, 140356. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)]

[15] Silbergeld et al. Industrial Food Animal Production, Antimicrobial Resistance, and Human Health. *Annu. Rev. Public. Health* 2008, 29, 151-169. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)]

[16] Wang, J. et al. The Role of Wildlife (Wild Birds) in the Global Transmission of Antimicrobial Resistance Genes. *Zool. Res.* 2017, 38, 55-80. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)]

[17] Dolejska, M.; Papagiannitsis, C.C. Plasmid-Mediated Resistance Is Going Wild. *Plasmid* 2018, 99, 99-111. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)]

[18] Pawlowski, D.R.; Raslawsky, A.; Siebert, G.; Metzger, D.J.; Koudelka, G.B.; Karalus, R.J. Identification of Hylemonella Gracilis as an Antagonist of Yersinia Pestis Persistence. *J. Bioterr. Biodef.* 2011, 2, 1-6. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)]

[19] O'Toole & Kolter. Initiation of Biofilm Formation in *Pseudomonas fluorescens* WCS365 Proceeds via Multiple, Convergent Signalling Pathways: A Genetic Analysis. *Mol. Microbiol.* 1998, 28, 449-461. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)]

[20] El-Sayed et al. Characterization of the Mupirocin Biosynthesis Gene Cluster from *Pseudomonas fluorescens* NCIMB 10586. *Chem. Biol.* 2003, 10, 419-430. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)]

[21] Kallimanis et al. Taxonomic Identification, Phenanthrene Uptake Activity, and Membrane Lipid Alterations of the PAH Degrading *Arthrobacter* sp. Strain Sphe3. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 2007, 76, 709-717. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)]

[22] Williams et al. Folate in Skin Cancer Prevention. *Subcell. Biochem.* 2012, 56, 181-197. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]

[23] Berry, C. The Bacterium, *Lysinibacillus Sphaericus*, as an Insect Pathogen. *J. Invertebr. Pathol.* 2012, 109, 1-10. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)]

[24] Vodovar et al. *Drosophila* Host Defense after Oral Infection by an Entomopathogenic *Pseudomonas* Species. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 2005, 102, 11414-11419. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)]

[25] Vodovar et al. Complete Genome Sequence of the Entomopathogenic and Metabolically Versatile Soil Bacterium *Pseudomonas entomophila*. *Nat. Biotechnol.* 2006, 24, 673-679. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]

[26] Höltzel et al. Spirofungin, a New Antifungal Antibiotic from *Streptomyces violaceusniger* Tü 4113. *J. Antibiot.* 1998, 51, 699-707. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]

[27] Kang, M.J.; Strap, J.L.; Crawford, D.L. Isolation and Characterization of Potent Antifungal Strains of the *Streptomyces violaceusniger* Clade Active against *Candida albicans*. *J. Ind. Microbiol. Biotechnol.* 2010, 37, 35-41. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]

[28] Ichikawa et al. Genome Sequence of *Kitasatospora setae* NBRC 14216T: An Evolutionary Snapshot of the Family Streptomycetaceae. *DNA Res.* 2010, 17, 393-406. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)]

[29] Wang et al. Genome Sequence of the Milbemycin-Producing Bacterium *Streptomyces bingchenggensis*. *J. Bacteriol.* 2010, 192, 4526-4527. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)]

[30] Hoshino, T. Violacein and Related Tryptophan Metabolites Produced by Chromobacterium violaceum: Biosynthetic Mechanism and Pathway for Construction of Violacein Core. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 2011, 91, 1463-1475. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)]

[31] Hornung et al. The *Janthinobacterium* sp. HH01 Genome Encodes a Homologue of the *V. cholerae* CqsA and *L. pneumophila* LqsA Autoinducer Synthases. *PLoS ONE* 2013, 8, e55045. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)]

[32] Jeon et al. *Polaromonas naphthalenivorans* sp. nov., a Naphthalene-Degrading Bacterium from Naphthalene-Contaminated Sediment. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 2004, 54, 93-97. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)]

[33] Fontes et al. Renewable Resources for Biosurfactant Production by *Yarrowia Lipolytica*. *Braz. J. Chem. Eng.* 2012, 29, 483-494. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)]

[34] Pacheco et al. Production by *Rhodococcus erythropolis* and Its Application to Oil Removal. *Braz. J. Microbiol.* 2010, 41, 685-693. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)]

[35] Rashel et al. Efficient Elimination of Multidrug-Resistant *Staphylococcus aureus* by Cloned Lysin Derived from Bacteriophage Phi MR11. *J. Infect. Dis.* 2007, 196, 1237-1247. [[Google Scholar](#)]

[36] Mumm et al. Complete Genome of *Acinetobacter baumannii* Podophage Petty. *Genome Announc.* 2013, 1, e00850-13. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)]

[37] Merabishvili et al. Characterization of Newly Isolated Lytic Bacteriophages Active against *Acinetobacter baumannii*. *PLoS ONE* 2014, 9, e104853. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]

[38] Liu et al. Reverse Transcriptase-Mediated Tropism Switching in Bordetella Bacteriophage. *Science* 2002, 295, 2091-2094. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)]

[39] Straub et al. The Genome of the Endophytic Bacterium, *H. Frisingense* GSF30T Identifies Diverse Strategies in the Herbaspirillum Genus to Interact with Plants. *Front. Microbiol.* 2013, 4, 49994. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)]

[40] Chattopadhyay et al. Bacterial Insecticidal Toxins. *Crit. Rev. Microbiol.* 2004, 30, 33-54. [[Google Scholar](#)] [[CrossRef](#)]

[41] Flot et al. Genomic Evidence for Ameiotic Evolution in the Bdelloid Rotifer *Adineta vaga*. *Nature* 2013, 500, 453-457. [[Google Scholar](#)]

## AILLEURS DANS LE MONDE

Si l'actualité mondiale est bien sombre depuis quelques temps, ces derniers jours, nos pensées vont vers nos collègues iraniens. L'Iran s'est en effet doté de son 1er centre de soins en 2018 : l'Iran Animal Rescue. Le "Pardisan Wildlife Rehabilitation Center" situé à Téhéran prodigue lui aussi des soins à la faune sauvage.



Pie-grièche du Turkestan



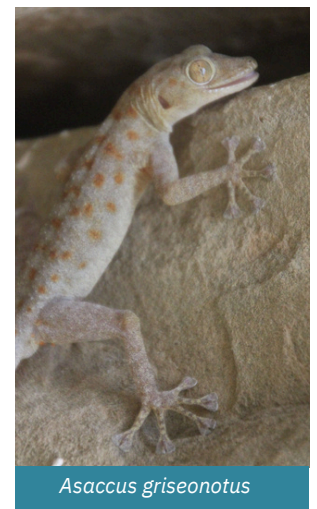
Laudakia nupta

L'Iran abrite une faune riche et remarquable.

Alors que la guerre entre l'Iran et l'Irak dans les années 80 avait été délétère pour la biodiversité dans l'ouest du pays - et en particulier pour le Guépard d'Asie (*Acinonyx jubatus venaticus*), espèce en danger critique d'extinction - voilà que la faune est à nouveau menacée par les conflits humains.



Sittelle des rochers



Asaccus griseonotus



Bulbul à oreillons blancs



Martin-pêcheur pie

Photos : Jade Seguin