Rapport du Groupe *ad hoc* de l'OMSA sur la sensibilité des espèces de poissons à une infection par une maladie listée par l'OMSA

Original : anglais (EN)

Avril et novembre / décembre 2022

Sommaire

1. Introduction **2**

2. Méthodologie **2**

2.1. Étape 1 : critères permettant de déterminer si la voie de transmission correspond aux voies de transmission naturelle de l'infection (tels que décrits à l'article 1.5.4.) : 3

2.2. Étape 2 : critères permettant de déterminer si l'agent pathogène a été identifié de façon adéquate (tels que décrits à l'article 1.5.5.) : 3

2.3. Étape 3 : critères permettant de déterminer si les preuves de la présence de l'agent pathogène suffisent pour conclure à l'infection (tels que décrits à l'article 1.5.6.) : 5

3. Résultats **6**

4. Évaluations **12**

5. Référentiels utilisés pour désigner les espèces sensibles **32**

6. Commentaires d'ordre général **32**

7. Inclusion d'un échelon taxonomique équivalent ou supérieur à celui du genre dans la liste des espèces sensibles **32**

8. Références **35**

Liste des annexes

Annexe I. Liste des participants **44**

Annexe II. Termes de référence **45**

Organisation mondiale de la santé animale
Fondée en tant qu'OIE

Service des normes
[ACC.Secretariat@woah.org]

12, rue de Prony
75017 Paris, France

T. +33 (0)1 44 15 18 88
F. +33 (0)1 42 67 09 87
woah@woah.org
www.woah.org

1. Introduction

Le présent rapport présente les travaux du Groupe *ad hoc* de l'OMSA sur la sensibilité des espèces de poissons à une infection par une maladie listée par l'OMSA (désigné ci-après comme le Groupe *ad hoc*), dont les membres se sont réunis par voie électronique en avril et novembre / décembre 2022.

La liste des participants ainsi que les termes de référence figurent respectivement dans l'Annexe I et dans l'Annexe II.

Recommandations, raisonnement tenu par le Groupe *ad hoc* et processus décisionnel, destinés à la Commission des animaux aquatiques :

Après avoir examiné les références à sa disposition, il est devenu clair pour le Groupe *ad hoc* qu'il ne serait pas possible d'identifier les virus à l'échelon du génogroupe [c'est-à-dire les génogroupes de l'iridovirus de la daurade japonaise (RSIV), du virus de la nécrose infectieuse rénale et splénique (ISKNV) et de l'iridovirus du corps rougeâtre du turbot (TRBIV)] chez de nombreuses espèces hôtes sensibles. La distinction à l'échelon du génogroupe nécessite la réalisation d'analyses de la séquence de l'acide nucléique et/ou l'établissement d'arbres phylogénétiques. Or les méthodes de différenciation à cette échelon disponibles sont variées (et non encore normalisées) et uniquement disponibles dans les publications récentes. Les membres du Groupe *ad hoc* étaient confiants dans leur capacité à identifier les espèces hôtes sensibles à l'ISKNV à l'échelon de l'espèce virale (qui comprend les génogroupes RSIV, ISKNV et TRBIV) mais a précisé qu'en l'absence de séquences additionnelles probantes, il ne pourrait pas fournir une liste exhaustive des espèces d'hôtes sensibles à un génogroupe viral en particulier.

Le Groupe *ad hoc* a indiqué que l'infection par les trois génogroupes (RSIV, ISKNV et TRBIV) de l'espèce ISKNV présentait des similitudes en matière de tableau clinique, d'histopathologie et d'épidémiologie et le seul élément différenciant les génogroupes serait l'information relative aux séquences.

Le Groupe *ad hoc* recommande que le titre du projet de chapitre soit « Infection par *Megalocytivirus* » plutôt que « Infection par le virus de la nécrose infectieuse rénale et splénique » pour prévenir toute confusion entre l'espèce ISKNV et le génogroupe ISKNV. Le Groupe *ad hoc* recommande que l'article 10.8.1. du chapitre 10.8. du *Code sanitaire pour les animaux aquatiques* de l'OMSA (ci-après dénommé « *Code aquatique* ») et la section 1. du chapitre 2.3.7. du *Manuel des tests de diagnostic pour les animaux aquatiques* de l'OMSA (ci-après dénommé « *Manuel aquatique* ») soient tous deux mis à jour afin de prendre en compte les trois génogroupes spécifiques (c'est-à-dire l'ISKNV, le RSIV et le TRBIV). Ils figureraient ainsi dans un chapitre désigné par le titre « Infection par *Megalocytivirus* ».

L'évaluation des espèces de poissons sensibles à l'infection à *Megalocytivirus* au niveau de l'espèce de virus permet l'inclusion des premières études dans lesquelles l'anticorps monoclonal M10 avait été utilisé afin d'identifier les espèces de poissons infectés par les génogroupes RSIV/ISKNV. Nombre de ces espèces de poissons sont importantes en aquaculture (et dans le cadre des échanges commerciaux). Par conséquent, échouer à reconnaître que ces espèces sont sensibles aux *Megalocytivirus* pourrait avoir des répercussions sérieuses en termes de transmission de la maladie. En outre, il est probable que l'anticorps monoclonal M10 interagisse avec le TRBIV mais pas avec le virus de la maladie de perte d'écailles (SDDV). Si cette hypothèse devait être confirmée (Takano *et al*., 2020), alors l'anticorps monoclonal M10 pourrait devenir un outil de diagnostic essentiel.

Le Groupe *ad hoc* a préconisé à la Commission des animaux aquatiques que la méthode reposant sur une PCR spécifique décrite par Kawato *et al*., 2021a puisse figurer, dans le chapitre dédié du *Manuel aquatique*, comme un test recommandé pour le dépistage de l'infection par *Megalocytivirus* car il permet la détection des trois génogroupes d'intérêt (RSIV, ISKNV et TRBIV). Ce test ne détecterait pas le SDDV et n'interagirait pas avec les espèces appartenant au genre *Ranavirus*. Le Groupe *ad hoc* a précisé que cette technique de PCR était validée pour le RSIV et l'ISKNV mais pas pour le TRBIV. La validation pour le TRBIV constituerait un préalable nécessaire dans le cas où la Commission des animaux aquatiques déciderait d'inclure les trois génotypes dans le champ d'application d'un chapitre relatif à l'infection par *Megalocytivirus*.

2. Méthodologie

Le Groupe *ad hoc* a appliqué aux espèces hôtes potentielles les critères figurant dans le chapitre 1.5. « Critères d'inclusion dans la liste des espèces sensibles à une infection par un agent pathogène spécifique » du *Code aquatique* afin d'évaluer leur sensibilité à l'un ou plusieurs des agents pathogènes suivants : l'infection par le génogroupe RSIV, l'infection par le génogroupe ISKNV, l'infection par le génogroupe TRBIV ou l'infection par *Megalocytivirus* (l'espèce du virus de la nécrose infectieuse rénale et splénique). Le RSIV, l'ISKNV et le TRBIV sont tous trois des génogroupes distincts de *Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV) (https://talk.ictvonline.org/ictv-reports/ictv_online_report/dsdna-viruses/w/iridoviridae/615/genus-megalocytivirus).

Les évaluations ont été réalisées selon une approche en trois étapes, comme indiqué dans l'article 1.5.3. du chapitre 1.5., et d'autres précisions sont apportées ci-dessous.

2.1. Étape 1 : critères permettant de déterminer si la voie de transmission correspond aux voies de transmission naturelle de l'infection (tels que décrits à l'article 1.5.4.) :

Le Tableau 1 décrit les voies de transmission de l'infection acceptées par le Groupe *ad hoc* aux fins des évaluations. Il présente également certaines des considérations dont il a été tenu compte pour l'application des critères utilisés en étape 1 afin de démontrer la sensibilité à l'une des maladies suivantes : l'infection par le génogroupe RSIV, l'infection par le génogroupe ISKNV, l'infection par le génogroupe TRBIV ou l'infection par *Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV). Le Groupe *ad hoc* a examiné si les procédures expérimentales mises en œuvre permettaient de reproduire les voies naturelles de l'infection. Ses considérations ont également porté sur les facteurs de stress chez les hôtes, comme par exemple les facteurs environnementaux ou les co-infections, qui peuvent affecter la réponse de l'hôte, la virulence et la transmission.

Tableau 1 : Voies de transmission de l'infection

Voies de transmission	Considérations
1. L'exposition naturelle à l'infection qui comprend les situations où l'infection est apparue sans intervention expérimentale (par exemple, une infection dans des populations sauvages ou d'élevage). **OU** 2. Les procédures expérimentales non invasives, qui consistent en une induction de l'infection par cohabitation avec des hôtes infectés ainsi que par immersion ou par ingestion.	Les références décrivant des procédures expérimentales invasives pour induire l'infection n'ont pas été utilisées pour démontrer la présence de l'infection (cf. critères de l'article 1.5.4.). Les références rapportant des co-infections ont été signalées comme telles et leurs résultats interprétés de façon précautionneuse.

2.2. Étape 2 : critères permettant de déterminer si l'agent pathogène a été identifié de façon adéquate (tels que décrits à l'article 1.5.5.) :

Le Tableau 2 décrit les méthodes d'identification de l'agent pathogène acceptées par le Groupe *ad hoc* aux fins des évaluations. Il présente également certaines des considérations dont il a été tenu compte pour l'application des critères utilisés en étape 2 afin de démontrer la sensibilité à l'une des maladies suivantes : l'infection par le génogroupe RSIV, l'infection par le génogroupe ISKNV, l'infection par le génogroupe TRBIV ou l'infection par *Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV).

Tableau 2 : Méthodes d'identification de l'agent pathogène

Méthodes d'identification de l'agent pathogène à l'échelle du genre *Megalocytivirus*, à l'exclusion du SDDV (c'est-à-dire que seuls sont concernés les génogroupes RSIV, ISKNV et TRBIV)	Méthodes d'identification de l'agent pathogène à l'échelle du génogroupe (RSIV, ISKNV, TRBIV)	Considérations
Méthodes immunologiques, comme l'IFAT ou l'IHC (par exemple, Kurita & Nakajima, 2012) **OU** PCR (par exemple, Mohr *et al*., 2015)	PCR **ET** Analyse des séquences (par exemple, Kurita & Nakajima, 2012)	Les anticorps ciblant le RSIV interagissent avec les génogroupes RSIV, ISKNV et TRBIV et ne peuvent pas être utiliser pour les différencier [le test d'anticorps fluorescent indirect [utilisé seul, l'FAT est insuffisant pour distinguer les trois virus]. Par conséquent, ces anticorps se sont révélés adéquats pour identifier l'ISKNV à l'échelon de l'espèce mais pas à celui du génogroupe. L'anticorps monoclonal (M10) fourni par le Laboratoire de référence de l'OMSA peut être utilisé pour détecter la présence de l'infection par les trois génogroupes de *Megalocytivirus* (RSIV, ISKNV et TRBIV). En outre, il ne présente aucune réaction croisée avec le SDDV. La PCR suivie d'une analyse de la séquence peut cibler des régions variées (simples ou multiples) du génome (par exemple, les gènes codant pour le MCP, l'ATPase, les protéines membranaires myristoylées, le K2, les protéines semblables aux laminines et les phosphatases). Les analyses des séquences situées sur des loci codant pour le MCP ou l'ATpase ou des séquences multi-loci ont été initialement utilisées. Le recours à d'autres séquences n'a pas été écarté lorsque les résultats de l'analyse phylogénétique ont mis en évidence leur forte similitude avec les séquences de référence. L'absence de méthodes de différenciation normalisées ou validées rend incertaine la capacité à distinguer les génogroupes.

2.3. Étape 3 : critères permettant de déterminer si les preuves de la présence de l'agent pathogène suffisent pour conclure à l'infection (tels que décrits à l'article 1.5.6.) :

Les critères A à D, tels que décrits à l'article 1.5.6. et présentés ci-dessous, ont été utilisés pour déterminer si les éléments de preuve rapportés étaient suffisants pour chacune des maladies suivantes, chez les espèces hôtes suspectées d'être sensibles : l'infection par le génogroupe RSIV, l'infection par le génogroupe ISKNV, l'infection par le génogroupe TBIV ou l'infection par Megalocytivirus (à l'exclusion du SDDV).

A. L'agent pathogène se multiplie dans l'hôte, ou les stades de développement de l'agent pathogène sont présents dans ou sur l'hôte[1] ;

B. Une forme viable de l'agent pathogène a été isolée chez les espèces sensibles proposées, ou son infectiosité a été démontrée lors de la transmission à des individus naïfs ;

C. Il y a des modifications cliniques ou pathologiques associées à l'infection ;

D. La localisation spécifique de l'agent pathogène est constatée dans les tissus cibles attendus.

Les éléments de preuve permettant de satisfaire au seul critère A étaient suffisantes pour conclure à l'infection. En l'absence d'éléments permettant de satisfaire au critère A, au moins deux des critères B, C et D devaient être satisfaits pour conclure à l'infection.

Le Tableau 3 décrit les critères utilisés aux fins de l'évaluation en étape 3 afin de démontrer la sensibilité à l'infection par le génogroupe RSIV, l'infection par le génogroupe ISKNV, l'infection par le génogroupe TRBIV et l'infection par *Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV).

[1] Aux fins de l'évaluation de la sensibilité des espèces hôtes à l'infection par l'iridovirus de la daurade japonaise et à l'infection par le virus de la nécrose infectieuse rénale et splénique, il a été considéré que la réplication « sur l'hôte » ne s'appliquait pas.

Tableau 3 : Éléments de preuve de la présence de l'infection

Preuve de la présence de l'infection			
A : Réplication	**B : Viabilité**	**C : Modifications cliniques ou pathologiques***	**D : Localisation de l'agent pathogène dans les tissus**
1. Réalisation de titrage séquentiel du virus dans le temps. **OU** 2. Mise en évidence de l'augmentation du nombre de copies des gènes cibles de l'agent pathogène dans le temps par qPCR et confirmation par PCR/ séquençage. **OU** 3. Présence de virions dans les cellules hôtes observée par microscopie en transmission (MET). **OU** 4. Détection des produits de la réplication virale (par exemple, présence des antigènes viraux).	1. Isolement du virus sur culture cellulaire. **OU** 2. Cohabitation avec transmission de l'infection à un hôte sensible. **OU** 3. Isolement du virus chez un hôte ; il est ensuite injecté en intrapéritonéal (IP) dans un hôte sensible.	1. Coloration pâle des branchies, nage erratique, léthargie, splénomégalie. **OU** 2. Présence de cellules anormalement hypertrophiées dans les calques ou les coupes histologiques de la rate, du cœur, du rein, du foie, de l'intestin ou des branchies. **OU** 3. Mortalités observées dans le groupe exposé au virus de façon expérimentale mais pas dans le groupe témoin.	1. L'infection est détectée dans les lamelles branchiales ou l'intestin**. **OU** 2. L'identification de l'agent pathogène est réalisée dans les organes viscéraux tels que la rate, le cœur, le rein ou le foie.

* Les modifications pathologiques/cliniques peuvent être non spécifiques, variables et inclure une partie ou la totalité des caractéristiques listées.

** Telle que mise en évidence au moyen de l'histologie, de l'immunohistochimie (IHC) ou de l'hybridation *in situ* (HIS).

3. Résultats

Dans le cas où le titre actuel du chapitre 10.8. du *Code aquatique* et du chapitre 2.3.7. du *Manuel aquatique* serait conservé à l'identique, c'est-à-dire « Infection par l'iridovirus de la daurade japonaise », les espèces qu'il est proposé d'inclure dans les articles respectifs de ces chapitres sont listées ci-dessous. Toutefois, le rapport du Groupe *ad hoc* présente également les conséquences qu'induirait une modification du titre de ces chapitres en « Infection par *Megalocytivirus* » sur la composition de la liste d'espèces sensibles figurant dans le *Code aquatique* et sur les listes des espèces sensibles et espèces pour lesquelles les preuves de la sensibilité sont insuffisantes figurant dans le *Manuel aquatique*. Pour les espèces dont la sensibilité a été évaluée au regard de l'infection par *Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV), le rapport du Groupe *ad hoc* précise également le génogroupe spécifique (lorsque c'est possible), alignant ainsi son approche sur celle employée pour l'infection par le virus de la septicémie hémorragique virale.

<u>Infection par l'iridovirus de la daurade japonaise</u>

Le Groupe *ad hoc* a conclu que cinq des espèces actuellement incluses dans l'article 10.8.2. comme étant sensibles à l'infection par l'iridovirus de la daurade japonaise (génogroupe) ainsi que neuf autres espèces,

non précédemment listées, satisfaisaient aux critères d'inclusion dans la liste des espèces sensibles à cette infection conformément au chapitre 1.5. du *Code aquatique*. Il est proposé de les inclure dans la liste figurant dans l'article 10.8.2. du chapitre 10.8. « Infection par l'iridovirus de la daurade japonaise ».

Famille	Nom scientifique	Nom vernaculaire
Butidae	*Oxyeleotris marmorata*	[Marble goby]
Carangidae	*Seriola quinqueradiata*	Sériole du Japon
	Trachinotus carolinus	Pompaneau sole
Centrarchidae	*Lepomis macrochirus*	Crapet arlequin
Latidae	*Lates calcarifer*	Perche barramundi
Oplegnathidae	*Oplegnathus fasciatus*	[Barred knifejaw]
	Oplegnathus punctatus	[Spotted knifejaw]
Osphronemidae	*Macropodus opercularis*	[Paradise fish]
Paralichthyidae	*Paralichthys olivaceus*	Cardeau hirame
Sciaenidae	*Larimichthys crocea*	Tambour à gros yeux
Sinipercidae	*Siniperca chuatsi*	[Mandarin fish]
Sparidae	*Acanthopagrus schlegelii*	Pagre tête noire
	Pagrus major	Dorade rose
Synanceiidae	*Inimicus japonicus*	pas de nom vernaculaire

Sept espèces, c'est-à-dire le thon rouge (*Thunnus thynnus*), le mulet à grosse tête (*Mugil cephalus*), la sériole couronnée (*Seriola dumerili*), les mérous (*Epinephelus spp.*), le tambour rouge (*Sciaenops ocellatus*), une espèce du genre *Lateolabrax* et la carangue dentue (*Pseudocaranx dentex*) ont été évaluées comme ne satisfaisant pas aux critères d'inclusion dans la liste des espèces sensibles et leur suppression de l'article 11.8.2. du chapitre 10.8. du *Code aquatique* a été proposée.

Cinq espèces, c'est-à-dire le sargue doré (*Rhabdosargus sarba*), le bar du Japon (*Lateolabrax japonicus*), *Trichopodus leerii*, *Sebastes schlegeli* et l'aileron argenté (*Pampus argenteus*), ont été évaluées comme présentant des éléments probants incomplets en matière de sensibilité et leur inclusion dans la section 2.2.2. du chapitre 2.3.7. du *Manuel aquatique* a été proposée.

Les deux espèces pour lesquelles un résultat positif au test PCR spécifique de l'agent pathogène a été rapporté étaient : le sapsap commun (*Leiognathus equulus*) et le mérou lancéolé (*Epinephelus lanceolatus*). Toutefois, la présence de l'infection n'a pas été démontrée pour ces espèces. Leur inclusion dans le second paragraphe de la section 2.2.2. du chapitre 2.3.7. du *Manuel aquatique* a été proposée.

Infection par *Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)

Les espèces suivantes ont fait l'objet d'une évaluation au moyen des critères d'inclusion dans la liste des espèces sensibles à l'infection par *Megalocytivirus*, conformément au chapitre 1.5. Le Groupe *ad hoc* a proposé leur inclusion dans l'article 10.8.2. de la version révisée du chapitre 10.8. « Infection par *Megalocytivirus* ». Ces espèces sont répertoriées dans le tableau ci-dessous :

Famille	Nom scientifique	Nom vernaculaire	Évaluation portant sur :
Apogonidae	*Pterapogon kauderni*	[Banggai cardinalfish]	ISKNV (génogroupe)
Butidae	*Oxyeleotris marmorata*	[marble goby]	RSIV (génogroupe)
			ISKNV (génogroupe)
Carangidae	*Pseudocaranx dentex*	carangue dentue	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
	Seriola dumerili	sériole couronnée	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
	Seriola lalandi	sériole chicard	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)

Famille	Nom scientifique	Nom vernaculaire	Évaluation portant sur :
	Seriola quinqueradiata	sériole du Japon	RSIV (génogroupe)
	Seriola quinqueradiata x Seriola lalandi	hybride sériole du Japon x sériole chicard	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
	Trachinotus blochii	pompaneau lune	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
	Trachinotus carolinus	pompaneau sole	RSIV (génogroupe)
	Trachurus japonicus	chinchard du Japon	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
Centrarchidae	*Lepomis macrochirus*	crapet arlequin	RSIV (génogroupe)
Cichlidae	*Astronotus ocellatus*	[Oscar]	ISKNV (génogroupe)
			TRBIV (génogroupe)
	Etroplus suratensis	[pearlspot]	ISKNV (génogroupe)
	Oreochromis niloticus	tilapia du Nil	ISKNV (génogroupe)
	Pterophyllum altum	[deep angelfish]	ISKNV (génogroupe)
	Pterophyllum scalare	[freshwater angelfish]	ISKNV (génogroupe)
Cyprinidae	*Epalzeorhynchos frenatum*	[rainbow sharkminnow]	ISKNV (génogroupe)
Danionidae	*Danio rerio*	poisson zèbre	ISKNV (génogroupe)
Ephippidae	*Platax orbicularis*	poule d'eau	ISKNV (génogroupe)
Girellidae	*Girella punctata*	[largescale blackfish]	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
Haemulidae	*Parapristipoma trilineatum*	[chicken grunt]	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
	Plectorhinchus cinctus	[crescent sweetlips]	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
Latidae	*Lates calcarifer*	perche barramundi	RSIV (génogroupe)
			ISKNV (génogroupe)
			TRBIV (génogroupe)
Lethrinidae	*Lethrinus haematopterus*	[Chinese emperor]	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
	Lethrinus nebulosus	empereur moris	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
Mugilidae	*Mugil cephalus*	mulet à grosse tête	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
Nothobranchiidae	*Aphyosemion gardneri*	[steel blue killifish]	ISKNV (génogroupe)
Oplegnathidae	*Oplegnathus fasciatus*	[barred knifejaw]	RSIV (génogroupe)
			ISKNV (génogroupe)
	Oplegnathus punctatus	[spotted knifejaw]	RSIV (génogroupe)
			ISKNV (génogroupe)
Osphronemidae	*Macropodus opercularis*	[paradise fish]	RSIV (génogroupe)
	Osphronemus goramy	gourami géant	ISKNV (génogroupe)
	Trichogaster lalius	[dwarf gourami]	ISKNV (génogroupe)
			TRBIV (génogroupe)
	Trichopodus leerii	[pearl gourami]	ISKNV (génogroupe)
	Trichopodus microlepis	[moonlight gourami]	ISKNV (génogroupe)
Paralichthyidae	*Paralichthys olivaceus*	cardeau hirame	RSIV (génogroupe)
			TRBIV (génogroupe)
			Megalocytivirus (à l'exclusion du SDDV)
Percichthyidae	*Maccullochella peelii*	[Murray cod]	ISKNV (génogroupe)
Pleuronectidae	*Verasper variegatus*	[spotted halibut]	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)

Famille	Nom scientifique	Nom vernaculaire	Évaluation portant sur :
Poeciliidae	*Poecilia latipinna*	[sailfin molly]	ISKNV (génogroupe)
	Poecilia reticulata	guppy	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
	Xiphophorus hellerii	porte-épée	ISKNV (génogroupe)
	Xiphophorus maculatus	[southern platyfish]	ISKNV (génogroupe)
Procatopodidae	*Poropanchax normani*	[Norman's lampeye]	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
Rachycentridae	*Rachycentron canadum*	mafou	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
Sciaenidae	*Larimichthys crocea*	tambour à gros yeux	RSIV (génogroupe)
	Sciaenops ocellatus	tambour rouge	ISKNV (génogroupe)
Scombridae	*Scomber japonicus*	maquereau espagnol du Pacifique	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
	Scomberomorus niphonius	thazard oriental	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
	Thunnus orientalis	thon bleu du Pacifique	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
Scophthalmidae	*Scophthalmus maximus*	turbot	TRBIV (génogroupe)
Serranidae	*Epinephelus akaara*	mérou rouge tacheté	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
	Epinephelus awoara	mérou jaune	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
	Epinephelus bruneus	mérou longues dents	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
	Epinephelus coioides	mérou taches oranges	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
	Epinephelus fuscoguttatus	mérou marron	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
	Epinephelus fuscoguttatus ♀ × ♂*E. lanceolatus*	hybrides de mérou marron ♀ x mérou lancéolé ♂	ISKNV (génogroupe)
	Epinephelus malabaricus	mérou malabar	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
	Epinephelus septemfasciatus	mérou bagnard	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
Sinipercidae	*Siniperca chuatsi*	[Mandarin fish]	RSIV (génogroupe)
			ISKNV (génogroupe)
Sparidae	*Acanthopagrus schlegelii*	pagre tête noire	RSIV (génogroupe)
	Dentex tumifrons	pagre cramoisi	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
	Pagrus major	dorade rose	RSIV (génogroupe)
Stromateidae	*Pampus argenteus*	aileron argenté	RSIV (génogroupe)
Synanceiidae	*Inimicus japonicus*	pas de nom vernaculaire	RSIV (génogroupe)
Tetraodontidae	*Takifugu rubripes*	[tiger pufferfish]	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)

Les espèces suivantes sont les espèces pour lesquelles les preuves permettant de démontrer la sensibilité ont été jugées insuffisantes conformément au chapitre 1.5. Le Groupe *ad hoc* a proposé de les inclure, dans la section 2.2.2. d'une version révisée du chapitre 2.3.7. « Infection par *Megalocytivirus*» du *Manuel aquatique*.

Famille	Nom scientifique	Nom vernaculaire	Évaluation portant sur :
Cichlidae	*Cleithracara maronii*	acara maroni	TRBIV (génogroupe)
	Mikrogeophagus ramirezi	[ram cichlid]	ISKNV (génogroupe)

Famille	Nom scientifique	Nom vernaculaire	Évaluation portant sur :
	Pterophyllum scalare	[freshwater angelfish]	TRBIV (génogroupe)
Helostomatidae	*Helostoma temminckii*	gourami embrasseur	ISKNV (génogroupe)
Lateolabracidae	*Lateolabrax japonicus*	bar du Japon	RSIV (génogroupe)
Oplegnathidae	*Oplegnathus fasciatus*	[barred knifejaw]	TRBIV (génogroupe)
Osphronemidae	*Betta splendens*	[siamese fighting fish]	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
	Trichopodus leerii	[pearl gourami]	RSIV (génogroupe)
	Trichopodus trichopterus	gourami bleu	ISKNV (génogroupe)
			TRBIV (génogroupe)
Poeciliidae	*Poecilia sphenops*	molly	ISKNV (génogroupe)
	Poecilia velifera	[sail-fin molly]	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
	Xiphophorus variatus	[variable platyfish]	ISKNV (génogroupe)
Sebastidae	*Sebastes schlegeli*	[rockfish]	RSIV (génogroupe)
Sparidae	*Rhabdosargus sarba*	sargue doré	RSIV (génogroupe)
			ISKNV (génogroupe)

Les espèces suivantes étaient les espèces pour lesquelles un résultat positif au test PCR spécifique du *Megalocytivirus* a été rapporté. Toutefois, la présence d'une infection active n'a pas été démontrée pour ces espèces. Le Groupe *ad hoc* a donc proposé de les inclure dans le second paragraphe de la section 2.2.2. du chapitre 2.3.7. « Infection par *Megalocytivirus* » du *Manuel aquatique*. Ces espèces sont répertoriées dans le tableau ci-dessous :

Famille	Nom scientifique	Nom vernaculaire	Évaluation portant sur :
Carangidae	*Alepes djedaba*	sélar subari	ISKNV (génogroupe)
	Caranx sexfasciatus	carangue vorace	ISKNV (génogroupe)
	Decapterus maruadsi	comète japonaise	ISKNV (génogroupe)
	Scomberoides lysan	sauteur sabre	ISKNV (génogroupe)
	Scomberoides tala	sauteur carsia	ISKNV (génogroupe)
	Selaroides leptolepis	sélar à bande dorée	ISKNV (génogroupe)
Characidae	*Moenkhausia costae*	[tetra fortune]	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
Clupeidae	*Konosirus punctatus*	alose tachetée	ISKNV (génogroupe)
Cobitidae	*Misgurnus anguillicaudatus*	loche asiatique	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
Cynoglossidae	*Cynoglossus sinicus*	pas de nom vernaculaire	ISKNV (génogroupe)
Cyprinidae	*Carassius auratus*	poisson rouge	ISKNV (génogroupe)
	Cyprinus carpio	carpe commune	ISKNV (génogroupe)
Danionidae	*Danio albolineatus*	[pearl danio]	ISKNV (génogroupe)
Engraulidae	*Thryssa mystax*	anchois-moustache sardelle	ISKNV (génogroupe)
Haemuliae	*Plectorhinchus pictus*	diagramme truité	ISKNV (génogroupe)
Hemiodontidae	*Hemiodus gracilis*	pas de nom vernaculaire	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
Leiognathidae	*Deveximentum insidiator*	sapsap boxeur	ISKNV (génogroupe)
	Leiognathus brevirostris	sapsap nez court	ISKNV (génogroupe)
	Leiognathus equulus	sapsap commun	RSIV (génogroupe)
	Photopectoralis bindus	sapsap voile orange	ISKNV (génogroupe)

Famille	Nom scientifique	Nom vernaculaire	Évaluation portant sur :
Loricariidae	*Hypostomus plecostomus*	[suckermouth catfish]	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
Lutjanidae	*Lutjanus argentimaculatus*	vivaneau des mangroves	ISKNV (génogroupe)
	Lutjanus johnii	vivaneau ziebelo	ISKNV (génogroupe)
	Lutjanus russelli	vivaneau hublot	ISKNV (génogroupe)
	Lutjanus sanguineus	vivaneau têtu	ISKNV (génogroupe)
Monacanthidae	*Paramonacanthus japonicus*	[hair-finned leatherjacket]	ISKNV (génogroupe)
Osphronemidae	*Macropodus opercularis*	[paradise fish]	ISKNV (génogroupe)
	Trichogaster labiosa	[thick lipped gourami]	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
Osteoglossidae	*Arapaima gigas*	pirarucu	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
Pangasiidae	*Pangasianodon hypothalymus*	silure requin	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
Polynemidae	*Eleutheronema tetradactylum*	barbure à quatre doigts	ISKNV (génogroupe)
Pomacanthidae	*Pomacanthus navarchus*	poisson-ange amiral	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
Sciaenidae	*Dendrophysa russelii*	[goatee croaker]	ISKNV (génogroupe)
	Otolithes ruber	grande verrue tigre	ISKNV (génogroupe)
	Pennahia argentata	maigre argenté	ISKNV (génogroupe)
	Pennahia macrocephalus	[big-head pennah croaker]	ISKNV (génogroupe)
Scombridae	*Scomberomorus commerson*	thazard rayé indo-pacifique	ISKNV (génogroupe)
Serranidae	*Cephalopholis boenak*	vielle chocolat	ISKNV (génogroupe)
	Epinephelus bleekeri	mérou demi-deuil	ISKNV (génogroupe)
	Epinephelus chlorostigma	mérou pintade	ISKNV (génogroupe)
	Epinephelus fasciatomaculosus	mérou rocaille	ISKNV (génogroupe)
	Epinephelus lanceolatus	mérou lancéolé	RSIV (génogroupe)
	Epinephelus merra	mérou gâteau de cire	ISKNV (génogroupe)
Serrasalmidae	*Pygocentrus nattereri*	[red piranha]	ISKNV (génogroupe)
	Serrasalmus gibbus	pas de nom vernaculaire	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)
Siganidae	*Siganus canaliculatus*	sigan pintade	ISKNV (génogroupe)
Stromateidae	*Pampus argenteus*	aileron argenté	ISKNV (génogroupe)
Synodontidae	*Saurida elongata*	[slender lizardfish]	ISKNV (génogroupe)
Syphyraenidae	*Sphyraena forsteri*	bécune de Forster	ISKNV (génogroupe)
Terapontidae	*Pelates quadrilineatus*	violon crépuscule	ISKNV (génogroupe)
	Terapon jarbua	violon jarbua	ISKNV (génogroupe)
Tetraodontidae	*Lagocephalus spadiceus*	tétraodon-lièvre doré	ISKNV (génogroupe)
	Takifugu alboplumbeus	pas de nom vernaculaire	ISKNV (génogroupe)
	Takifugu xanthopterus	[yellowfin pufferfish]	ISKNV (génogroupe)

4. Évaluations

La détermination de la sensibilité des espèces hôtes reposait sur la combinaison de résultats d'évaluations conformément à l'article 1.5.7.

Le Tableau 4 décrit les différentes catégories de résultats utilisées par le Groupe *ad hoc* aux fins de l'évaluation de la sensibilité des espèces.

Tableau 4 : Catégories et résultats des évaluations

Catégorie	Résultat
1	Espèces ayant été évaluées comme étant sensibles à l'infection (conformément à l'article 1.5.7.). Infection par l'iridovirus de la daurade japonaise (génogroupe) : le Groupe *ad hoc* a proposé d'inclure ces espèces dans l'article 10.8.2. du chapitre 10.8. « Infection par l'iridovirus de la daurade japonaise » du *Code aquatique* ainsi que dans la section 2.2.1. du chapitre 2.3.7. « Infection par l'iridovirus de la daurade japonaise » du *Manuel aquatique*. Infection par le virus de la nécrose infectieuse rénale et splénique (génogroupe) : le Groupe *ad hoc* a soumis la proposition de ces espèces à la Commission des animaux aquatiques afin que celle-ci prenne sa décision. Infection par l'iridovirus du corps rougeâtre du turbot (génogroupe) : le Groupe *ad hoc* a soumis la proposition de ces espèces à la Commission des animaux aquatiques afin que celle-ci prenne sa décision. Infection par *Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV) : le Groupe *ad hoc* a soumis la proposition de ces espèces à la Commission des animaux aquatiques afin que celle-ci prenne sa décision.
2	Espèces pour lesquelles les preuves permettant de démontrer la sensibilité ont été jugées insuffisantes (conformément à l'article 1.5.8.). Infection par l'iridovirus de la daurade japonaise (génogroupe) : le Groupe *ad hoc* a proposé d'inclure ces espèces dans la section 2.2.2. « Species with incomplete evidence for susceptibility » du chapitre 2.3.7. « Infection par l'iridovirus de la daurade japonaise » du *Manuel aquatique*. Infection par le virus de la nécrose infectieuse rénale et splénique (génogroupe) : le Groupe *ad hoc* a soumis la proposition de ces espèces à la Commission des animaux aquatiques afin que celle-ci prenne sa décision. Infection par l'iridovirus du corps rougeâtre du turbot (génogroupe) : le Groupe *ad hoc* a soumis la proposition de ces espèces à la Commission des animaux aquatiques afin que celle-ci prenne sa décision. Infection par *Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV) : le Groupe *ad hoc* a soumis la proposition de ces espèces à la Commission des animaux aquatiques afin que celle-ci prenne sa décision.

Catégorie	Résultat
3	Espèces pour lesquelles la satisfaction des critères n'a pas été démontrée ou pour lesquelles les informations recueillies ne permettaient pas de conclure ou étaient contradictoires. Toutefois, cette catégorie inclut également les espèces pour lesquelles des résultats positifs au tests PCR ont été rapportés, mais sans que la présence d'une infection active ait été démontrée. L'inclusion de ces espèces est proposée de la façon suivante : Infection par l'iridovirus de la daurade japonaise (génogroupe) : le Groupe *ad hoc* a proposé d'inclure ces espèces dans un paragraphe séparé de la section 2.2.2. « Species with incomplete evidence for susceptibility » du chapitre 2.3.7. « Infection par l'iridovirus de la daurade japonaise » du *Manuel aquatique*. Infection par le virus de la nécrose infectieuse rénale et splénique (génogroupe) : le Groupe *ad hoc* a soumis la proposition de ces espèces à la Commission des animaux aquatiques afin que celle-ci prenne sa décision. Infection par l'iridovirus du corps rougeâtre du turbot (génogroupe) : le Groupe *ad hoc* a soumis la proposition de ces espèces à la Commission des animaux aquatiques afin que celle-ci prenne sa décision. Infection par *Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV) : le Groupe *ad hoc* a soumis la proposition de ces espèces à la Commission des animaux aquatiques afin que celle-ci prenne sa décision.
4	Espèces ayant été évaluées comme étant non sensibles à l'infection.
NC	Espèces non classées en raison de l'insuffisance d'information ou de son absence de pertinence.

Les tableaux ci-dessous synthétisent les analyses, les résultats ainsi que les références utilisées aux fins des évaluations de la sensibilité à l'infection par l'iridovirus de la daurade japonaise (génogroupe), l'infection par le virus de la nécrose infectieuse rénale et splénique (génogroupe), l'infection par l'iridovirus du corps rougeâtre du turbot (génogroupe) et l'infection par *Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV).

Tableau 5 : Évaluations de la sensibilité des espèces au génogroupe RSIV

Famille	Nom scientifique	Nom vernaculaire	Étape 1 : Voie de transmission	Étape 2 : Identification de l'agent pathogène	Étape 3 : Preuve de l'infection				Catégorie de résultat	Références
					A	B	C	D		
Catégorie 1										
Butidae	*Oxyeleotris marmorata*	[marble goby]	N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	O	O	1	Chen *et al.*, 2013
			N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	2	Huang *et al.*, 2011
Carangidae	*Seriola quinqueradiata*	sériole du Japon	N	qPCR, PCR et analyse de la séquence	O	ND	ND	O	1	Kawato *et al.*, 2021a
			E	PCR et analyse de la séquence[2]	ND	O	O	O	1	Ito *et al.*, 2014
			N et E	PCR et analyse de la séquence[2]	O	O	O	O	1	Ito *et al.*, 2013
	Trachinotus carolinus	pompaneau sole	N	PCR, analyses de la séquence et phylogénétiques	ND	ND	O	O	1	Koda *et al.*, 2019
			N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	O	O	1	Koda *et al.*, 2018
			N	PCR et analyse de la séquence	O	ND	O	O	1	Lopez-Porras *et al.*, 2018
Centrarchidae	*Lepomis macrochirus*	crapet arlequin	N	PCR et analyse de la séquence	O	O	O	O	1	Liu *et al.*, 2019
Latidae	*Lates calcarifer*	perche barramundi	N	PCR et analyse de la séquence	O	ND	O	O	1	Sumithra *et al.*, 2022
			N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	O	O	2	Wang *et al.*, 2009
Oplegnathidae	*Oplegnathus fasciatus*	[barred knifejaw]	N	PCR et analyse de la séquence[3]	ND	ND	O	O	1	Jeong *et al.*, 2008b
			N	PCR et analyse de la séquence	ND	O	O	ND	1	Do *et al.*, 2004
			N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	O	O	1	Jeong *et al.*, 2003

Famille	Nom scientifique	Nom vernaculaire	Étape 1 : Voie de transmission	Étape 2 : Identification de l'agent pathogène	Étape 3 : Preuve de l'infection				Catégorie de résultat	Références
					A	B	C	D		
	Oplegnathus punctatus	[spotted knifejaw]	N	PCR et analyse de la séquence	O	O	ND	O	1[4]	Dong *et al.*, 2010
Osphronemidae	*Macropodus opercularis*	[paradise fish]	N	PCR et analyse de la séquence	O	O	O	O	1	Liu *et al.*, 2019
Paralichthyidae	*Paralichthys olivaceus*	cardeau hirame	N	PCR et analyse de la séquence	O	O	O	O	1	Jung *et al.*, 2016
Sciaenidae	*Larimichthys crocea*	tambour à gros yeux	N	PCR et analyse de la séquence	O	O	O	O	1	Chen *et al.*, 2003
Sinipercidae	*Siniperca chuatsi*	[Mandarin fish]	N	PCR et analyse de la séquence	ND	O	O	O	1	Dong *et al.*, 2013
Sparidae	*Acanthopagrus schlegelii*	pagre tête noire	N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	O	O	1	Jeong *et al.,* 2003
	Pagrus major	dorade rose	N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	ND	1	Kurita *et al.*, 2002
			N	PCR, analyse de la séquence et qPCR	O	O	ND	O	1	Kawato *et al.*, 2021b
			N	VI[5]	O	O	O	O	1	Inouye *et al.*, 1992
Synanceiidae	*Inimicus japonicus*[6]		N	qPCR, PCR et analyse de la séquence	O	O	O	O	1	Kawato *et al.* 2017c
Catégorie 2										
Lateolabracidae	*Lateolabrax japonicus*	bar du Japon	N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	2	Do *et al.*, 2005
			N	IFAT	O	ND	O	O	NS	Matsuoka *et al.*, 1996
Osphronemidae	*Trichopodus leerii*	[pearl gourami]	N et E	PCR et analyse de la séquence[3]	ND	ND	O	O	2[7]	Jeong *et al.*, 2008b
Sebastidae	*Sebastes schlegeli*	[rockfish]	N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	O	O	2	Do *et al.*, 2005
			N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Kim *et al.*, 2002
Sparidae	*Rhabdosargus sarba*	sargue doré	N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	O	O	2[7]	Wang *et al.,* 2009

Famille	Nom scientifique	Nom vernaculaire	Étape 1 : Voie de transmission	Étape 2 : Identification de l'agent pathogène	Étape 3 : Preuve de l'infection				Catégorie de résultat	Références
					A	B	C	D		
Stromateidae	*Pampus argenteus*	aileron argenté	N	PCR et analyse de la séquence	O	ND	O	O	2	Ni *et al*., 2021
Catégorie 3										
Leiognathidae	*Leiognathus equulus*	sapsap commun	N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al*., 2009
Serranidae	*Epinephelus lanceolatus*	mérou lancéolé	N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Huang *et al*., 2011
			N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al*., 2009
Espèce non classée (NC)										
Moronidae	*Morone saxatilis* x *Morone chrysops*	hybride de *Morone saxatilis* x *Morone chrysops*	N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	ND	NC	Kurita & Nakajima, 2012
Serranidae	*Cromileptes altivel*	mérou bossu	EI	PCR	O	O	O	O	NC	Mahardika *et al*., 2004
	Epinephelus tauvina	mérou loutre	N	PCR et analyse de la séquence	ND	O	O	O	NC	Sudthongkong *et al.,* 2002a
Sparidae	*Acanthopagrus latus*	pagre à nageoires jaunes	N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	ND	NC	Kurita & Nakajima, 2012

[2] L'isolat viral conservé (RSIV KagYT-96) a été séquencé et identifié comme étant le RSIV par Kawato *et al*., 2020.

[3] L'analyse de la séquence de l'isolat utilisé dans cette étude est reprise d'une précédente étude (Jeong *et al*., 2003).

[4] Le Laboratoire de référence de l'OMSA pour l'infection par l'iridovirus de la daurade japonaise a isolé le génogroupe RSIV de l'espèce *Oplegnathus punctatus*, ce qui a permis de corroborer les résultats de la seule publication disponible.

[5] Le génome de l'isolat viral (Ehime-1) décrit par Inouye *et al*., 1992 a été entièrement séquencé par Kurita *et al*., 2002.

[6] Aucun nom vernaculaire ne figurait sur les bases de données FAOTERM et FISHBASE (www.fishbase.se).

[7] Seule une étude était disponible aux fins de l'évaluation. Les éléments de preuve y figurant ont été examinés par le Groupe *ad hoc* qui a conclu qu'ils satisfaisaient aux critères permettant de démontrer la sensibilité. Cette étude a permis de classer l'espèce hôte dans la catégorie « 1 ». Toutefois, le Groupe *ad hoc* n'a pas été en mesure de disposer d'études additionnelles ou de preuves, dans cette étude, corroborant les résultats. Il a estimé que cette étude seule était insuffisante pour un classement final de l'espèce hôte dans la catégorie « 1 ». Par conséquent, le Groupe *ad hoc* l'a finalement classée dans la catégorie « 2 ».

Tableau 6 : Évaluations de la sensibilité des espèces au génogroupe ISKNV

Famille	Nom scientifique	Nom vernaculaire	Étape 1 : Voie de transmission	Étape 2 : Identification de l'agent pathogène	Étape 3 : Preuve de l'infection				Catégorie de résultat	Références
					A	B	C	D		
Catégorie 1										
Apogonidae	*Pterapogon kauderni*	[Banggai cardinalfish]	N	PCR et analyse de la séquence	O	ND	O	O	1	Weber *et al*., 2009
Butidae	*Oxyeleotris marmorata*	[marble goby]	N	PCR et analyse de la séquence	O	O	O	O	1	Wang *et al*., 2011
Cichlidae	*Astronotus ocellatus*	[Oscar]	N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	O	O	1	Baoprasertkul & Kaenchan, 2019
			N	PCR et analyse de la séquence	O	ND	ND	O	1	Go *et al*., 2016
	Etroplus suratensis	[pearlspot]	N	PCR et analyse de la séquence	O	O	O	O	1	Swaminathan *et al*., 2022
	Oreochromis niloticus	tilapia du Nil	N	PCR, analyses de la séquence et phylogénétiques	O	ND	O	O	1	Figueiredo *et al*., 2021
			N	PCR et analyse de la séquence	O	O	O	O	1	Ramírez-Paredes *et al*., 2020
			N	PCR et analyse de la séquence	O	ND	O	O	1	Subramaniam *et al*., 2016
	Pterophyllum scalare	[freshwater angelfish]	N	PCR et analyse de la séquence	ND	O	ND	O	1	Kawato *et al*., 2020
			N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	2	Go *et al*., 2016
Cyprinidae	*Epalzeorhynchos frenatum*	[rainbow sharkminnow]	N	PCR, analyses de la séquence et phylogénétiques	ND	O	O	O	1	Koda *et al*., 2021
Danionidae	*Danio rerio*	poisson zèbre	N	PCR, analyses de la séquence et phylogénétiques	O	ND	O	O	1	Bermudez *et al*., 2018
			N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	2	Subramaniam *et al*., 2014

Famille	Nom scientifique	Nom vernaculaire	Étape 1 : Voie de transmission	Étape 2 : Identification de l'agent pathogène	Étape 3 : Preuve de l'infection				Catégorie de résultat	Références
					A	B	C	D		
Ephippidae	*Platax orbicularis*	poule d'eau	N	PCR et analyse de la séquence	O	ND	O	O	1	Sriwanayos *et al*., 2013
Latidae	*Lates calcarifer*	perche barramundi	N	PCR et analyse de la séquence	ND	O	O	O	1	Kerddee *et al*., 2021
			N	PCR, analyses de la séquence et phylogénétiques	O	O	O	O	1	Zhu *et al*., 2021
Nothobranchiidae	*Aphyosemion gardneri*	[steel blue killifish]	N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	O	O	1	Nolan *et al*., 2015
Oplegnathidae	*Oplegnathus fasciatus*	[barred knifejaw]	N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	O	O	1	Jeong *et al*., 2008b
			N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	2	Song *et al*., 2008
	Oplegnathus punctatus	[spotted knifejaw]	N	PCR et analyse de la séquence	ND	O	O	O	1	Huang *et al*., 2021
Osphronemidae	*Osphronemus goramy*	gourami géant	N	PCR et analyse de la séquence	O	O	O	O	1	Swaminathan *et al*., 2021
	Trichogaster lalius	[dwarf gourami]	N	PCR et analyse de la séquence	O	O	ND	ND	1	Rimmer *et al.,* 2017
			N	PCR et analyse de la séquence	ND	O	O	O	1	Go & Whittington, 2006
			N	PCR et analyse de la séquence	ND	O	O	O	1	Sudthongkong *et al*., 2002b
	Trichopodus leerii	[pearl gourami]	N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	O	O	1	Jeong *et al*., 2008a
			N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	O	O	1	Jeong *et al*., 2008b
	Trichopodus microlepis	[moonlight gourami]	N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	O	O	1	Jeong *et al*., 2008a
Percichthyidae	*Maccullochella peelii*	[Murray cod]	E	PCR et analyse de la séquence	O	ND	O	O	1	Go & Whittington, 2006
			N	PCR et analyse de la séquence	O	ND	O	O	1	Go *et al*., 2006

Famille	Nom scientifique	Nom vernaculaire	Étape 1 : Voie de transmission	Étape 2 : Identification de l'agent pathogène	Étape 3 : Preuve de l'infection				Catégorie de résultat	Références
					A	B	C	D		
Poeciliidae	*Poecilia latipinna*	[sailfin molly]	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	O	O	1	Nolan *et al.,* 2015
			N	PCR nichée, qPCR et analyse de la séquence	ND	ND	O	O	1[8]	Baoprasertkul & Kaenchan, 2019
	Xiphophorus hellerii	porte-épée	N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	2	Zainathan *et al*., 2017
			N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	O	O	1	Nolan *et al.,* 2015
			N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	2	Subramaniam *et al*., 2014
	Xiphophorus maculatus	[southern platyfish]	N	PCR nichée, qPCR et analyse de la séquence	ND	ND	O	O	1	Baoprasertkul & Kaenchan, 2019
			N	PCR et analyse de la séquence	O	ND	O	O	1	Jung-Schroers *et al*., 2016
			N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	O	O	1	Nolan *et al.,* 2015
Sciaenidae	*Sciaenops ocellatus*	tambour rouge	N	PCR et analyse de la séquence	O	ND	O	O	1	Oseko *et al*., 2004
			N	PCR et analyse de la séquence	O	ND	O	O	1	Weng *et al*., 2002
Serranidae	*Epinephelus fuscoguttatus*♀ ×♂*E. lanceolatus*	hybrides de mérou marron ♀ x mérou lancéolé ♂	N	PCR et analyse de la séquence	O	O	O	O	1	Huang *et al*., 2020
Sinipercidae	*Siniperca chuatsi*	[Mandarin fish]	N	PCR et analyse de la séquence	O	ND	O	O	1	Tanaka *et al*., 2014
			N	Analyse de la séquence[9]	O	O	O	O	1	He *et al*., 2001

Famille	Nom scientifique	Nom vernaculaire	Étape 1 : Voie de transmission	Étape 2 : Identification de l'agent pathogène	Étape 3 : Preuve de l'infection				Catégorie de résultat	Références
					A	B	C	D		
Catégorie 2										
Cichlidae	*Mikrogeophagus ramirezi*	[ram cichlid]	N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	2	Subramaniam *et al.,* 2014
			N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	2	Zainathan *et al.*, 2019
	Pterophyllum altum	[deep angelfish]	N	PCR et analyse de la séquence	O	O	O	O	2[10]	Jung-Schroers *et al.*, 2016
Helostomatidae	*Helostoma temminckii*	gourami embrasseur	N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	2	Rimmer *et al.*, 2015
Osphronemidae	*Trichopodus trichopterus*	gourami bleu	N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	2	Zainathan *et al.*, 2017
			N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Rimmer *et al.*, 2015
Poeciliidae	*Poecilia sphenops*	molly	N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	2	Zainathan *et al.*, 2017
			N	PCR	ND	ND	ND	O	3	Rimmer *et al.*, 2015
	Xiphophorus variatus	[variable platyfish]	N	PCR nichée, qPCR et analyse de la séquence	ND	ND	O	O	2[11]	Baoprasertkul & Kaenchan, 2019
Sparidae	*Rhabdosargus sarba*	sargue doré	N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	2	Huang *et al.,* 2011
Catégorie 3										
Carangidae	*Alepes djedaba*	sélar subari	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
	Caranx sexfasciatus	carangue vorace	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
	Decapterus maruadsi	comète japonaise	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007

Famille	Nom scientifique	Nom vernaculaire	Étape 1 : Voie de transmission	Étape 2 : Identification de l'agent pathogène	Étape 3 : Preuve de l'infection				Catégorie de résultat	Références
					A	B	C	D		
	Scomberoides lysan	sauteur sabre	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
	Scomberoides tala	sauteur carsia	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
	Selaroides leptolepis	sélar à bande dorée	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
Clupeidae	*Konosirus punctatus*	alosa manchada	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
Cynoglossidae	*Cynoglossus sinicus*[12]		N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
Cyprinidae	*Carassius auratus*	poisson rouge	N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3[13]	de Lucca Maganha *et al.*, 2018
	Cyprinus carpio	carpe commune	N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3[13]	de Lucca Maganha *et al.*, 2018
Danionidae	*Danio albolineatus*	[pearl danio]	N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3[13]	de Lucca Maganha *et al.*, 2018
Engraulidae	*Thryssa mystax*	anchois-moustache sardelle	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
Haemulidae	*Plectorhinchus pictus*	diagramme truité	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
Leiognathidae	*Deveximentum insidiator*	sapsap boxeur	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
	Leiognathus brevirostris	sapsap nez court	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007

Famille	Nom scientifique	Nom vernaculaire	Étape 1 : Voie de transmission	Étape 2 : Identification de l'agent pathogène	Étape 3 : Preuve de l'infection				Catégorie de résultat	Références
					A	B	C	D		
	Photopectoralis bindus	sapsap voile orange	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
Lutjanidae	*Lutjanus argentimaculatus*	vivaneau des mangroves	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
	Lutjanus johnii	vivaneau ziebelo	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
	Lutjanus russelli	vivaneau hublot	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
	Lutjanus sanguineus	vivaneau têtu	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
Monacanthidae	*Paramonacanthus japonicus*	[hair-finned leatherjacket]	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
Osphronemidae	*Macropodus opercularis*	[paradise fish]	N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3[13]	de Lucca Maganha *et al.*, 2018
			N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Kim *et al.*, 2010
Polynemidae	*Eleutheronema tetradactylum*	barbure à quatre doigts	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
Sciaenidae	*Dendrophysa russelii*	[goatee croaker]	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
	Otolithes ruber	grande verrue tigre	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007

Famille	Nom scientifique	Nom vernaculaire	Étape 1 : Voie de transmission	Étape 2 : Identification de l'agent pathogène	Étape 3 : Preuve de l'infection				Catégorie de résultat	Références
					A	B	C	D		
	Pennahia argentata	maigre argenté	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
	Pennahia macrocephalus	[big-head pennah croaker]	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
Scombridae	*Scomberomorus commerson*	thazard rayé indo-pacifique	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
Serranidae	*Cephalopholis boenak*	vielle chocolat	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
	Epinephelus bleekeri	mérou demi-deuil	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
	Epinephelus chlorostigma	mérou pintade	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
	Epinephelus fasciatomaculosus	mérou rocaille	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
	Epinephelus merra	mérou gâteau de cire	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
Serrasalmidae	*Pygocentrus nattereri*	[red piranha]	N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3[13]	de Lucca Maganha *et al.*, 2018
Siganidae	*Siganus canaliculatus*	sigan pintade	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
Stromateidae	*Pampus argenteus*	aileron argenté	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007

Famille	Nom scientifique	Nom vernaculaire	Étape 1 : Voie de transmission	Étape 2 : Identification de l'agent pathogène	Étape 3 : Preuve de l'infection				Catégorie de résultat	Références
					A	B	C	D		
Synodontidae	*Saurida elongata*	[slender lizardfish]	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
Syphyraenidae	*Sphyraena forsteri*	bécune de Forster	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
Terapontidae	*Pelates quadrilineatus*	violon crépuscule	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
	Terapon jarbua	violon jarbua	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
Tetraodontidae	*Lagocephalus spadiceus*	tétraodon-lièvre doré	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
	Takifugu alboplumbeus[12]		N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
	Takifugu xanthopterus	[yellowfin pufferfish]	N	PCR nichée et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3	Wang *et al.*, 2007
Espèce non classée (NC)										
Centrarchidae	*Micropterus salmoides*	achigan à grande bouche	EI	N	ND	O	O	ND	NC	He *et al.*, 2002
Xencyprididae	*Ctenopharyngodon idella*	carpe herbivore	EI	N	ND	ND	ND	ND	NC	He *et al.*, 2002

[8] Pour cette espèce, l'identification de l'agent pathogène n'a pas été réalisée à l'échelon du génogroupe. Le Groupe *ad hoc* a inclus cette étude comme élément de preuve à l'appui.

[9] La PCR n'a pas été réalisée dans cette étude. Les auteurs ont procédé au clonage des fragments d'ADN pour le séquençage.

[10] L'étude examinée par le Groupe *ad hoc* incluait deux espèces du genre *Pterophyllum*. Les analyses moléculaires ont été effectuées sur un mélange de tissus, y compris de tissus branchiaux. Par conséquent, le Groupe *ad hoc* a estimé que les éléments de preuve étaient insuffisants pour un classement final de cette espèce dans la catégorie « 1 ». Il l'a finalement incluse dans la catégorie « 2 ».

[11] Seule une étude était disponible aux fins de l'évaluation. En outre, seul un poisson de cette étude a présenté des signes cliniques. Le Groupe *ad hoc* a estimé que les éléments de preuve recueillis à partir de ce seul poisson étaient insuffisants pour un classement final de cette espèce dans la catégorie « 1 ». Par conséquent, le Groupe *ad hoc* a finalement classé cette espèce dans la catégorie « 2 ».

[12] Aucun nom vernaculaire ne figurait sur les bases de données FAOTERM et www.fishbase.se.

[13] Les conclusions de cette étude ont été obtenues dans le cadre d'enquêtes dans le milieu naturel et sur une multitude d'espèces de poissons. Le Groupe *ad hoc* craignait de possibles contaminations croisées en raison de la méthode d'échantillonnage employée. Par conséquent, sur la base de cette étude, le Groupe *ad hoc* a finalement classé l'espèce dans la catégorie « 3 ».

Tableau 7 : Évaluations de la sensibilité des espèces hôtes au génogroupe du TRBIV

Famille	Nom scientifique	Nom vernaculaire	Étape 1 : Voie de transmission	Étape 2 : Identification de l'agent pathogène	Étape 3 : Preuve de l'infection				Catégorie de résultat	Références
					A	B	C	D		
Catégorie 1										
Cichlidae	*Astronotus ocellatus*	[Oscar]	N	PCR et analyse de la séquence	ND	O	O	O	1	Koda *et al.*, 2018
Latidae	*Lates calcarifer*	perche barramundi	N	PCR et analyse de la séquence	O	ND	O	O	1	Tsai *et al.*, 2020
Osphronemidae	*Trichogaster lalius*	[dwarf gourami]	N	PCR et analyse de la séquence	O	ND	O	O	1	Go *et al.*, 2016
			N	PCR et analyse de la séquence	O	O	ND	ND	1	Rimmer *et al.*, 2015
Paralichthyidae	*Paralichthys olivaceus*	cardeau hirame	N	PCR et analyse de la séquence	O	O	O	O	1	Jung *et al.*, 2016
Scophthalmidae	*Scophthalmus maximus*	turbot	N	PCR et analyse de la séquence[14]	ND	ND	O	O	1	Shi *et al.*, 2010
			N	N[15]	O	ND	O	O	NC	Shi *et al.*, 2004
Catégorie 2										
Cichlidae	*Cleithracara maronii*	acara maroni	N	PCR et analyse de la séquence	ND	O	ND	ND	2	Koda *et al.*, 2018
	Pterophyllum scalare	[freshwater angelfish]	N	PCR, sequençage et analyses phylogénétiques	ND	ND	O	O	1[16]	Go *et al.*, 2016
Olegnathidae	*Oplegnathus fasciatus*	[barred knifejaw]	N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	2	Song *et al.*, 2008

Famille	Nom scientifique	Nom vernaculaire	Étape 1 : Voie de transmission	Étape 2 : Identification de l'agent pathogène	Étape 3 : Preuve de l'infection				Catégorie de résultat	Références
					A	B	C	D		
Osphronemidae	*Trichopodus trichopterus*	gourami bleu	N	PCR et analyse de la séquence	ND	O	ND	ND	2	Koda *et al.,* 2018

[14] Le virus isolé a été séquencé ultérieurement par Shi *et al*., 2010.

[15] Génome complet du virus isolé par Shi *et al*., 2004.

[16] Seule une étude était disponible aux fins de l'évaluation. En outre, seul un poisson de cette étude présentait des signes cliniques. Le Groupe *ad hoc* a estimé que les éléments de preuve recueillis à partir de ce seul poisson étaient insuffisants pour un classement final de cette espèce dans la catégorie « 1 ». Par conséquent, le Groupe *ad hoc* a finalement classé cette espèce dans la catégorie « 2 ».

Tableau 8 : Évaluations de la sensibilité des espèces hôtes aux *Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)

Famille	Nom scientifique	Nom vernaculaire	Étape 1 : Voie de transmission	Étape 2 : Identification de l'agent pathogène	Étape 3 : Preuve de l'infection				Catégorie de résultat	Références
					A	B	C	D		
Catégorie 1										
Carangidae	*Pseudocaranx dentex*	carangue dentue	N	IFAT	O	ND	O	O	1	Kawakami & Nakajima, 2002
			N	IFAT	O	ND	O	O	1	Matsuoka *et al*., 1996
			N	IFAT	O	ND	O	O	1	Nakajima *et al*., 1995b
	Seriola dumerili	sériole couronnée	N	IFAT	O	ND	O	O	1	Kawakami & Nakajima, 2002
			N	IFAT	O	ND	O	O	1	Matsuoka *et al*., 1996
			N	IFAT	O	ND	O	O	1	Nakajima *et al*., 1995b
	Seriola lalandi	sériole chicard	N	IFAT	O	ND	O	O	1	Kawakami & Nakajima, 2002
			N	IFAT	O	ND	O	O	1	Matsuoka *et al*., 1996
			N	IFAT	O	ND	O	O	1	Nakajima *et al*., 1995b
	Seriola quinqueradiata x Seriola lalandi	hybride sériole du Japon x sériole chicard	N	IFAT	O	ND	O	O	1	Kawakami & Nakajima, 2002
	Trachinotus blochii	pompaneau lune	N	IFAT	O	ND	O	O	1	Kawakami & Nakajima, 2002

Famille	Nom scientifique	Nom vernaculaire	Étape 1 : Voie de transmission	Étape 2 : Identification de l'agent pathogène	Étape 3 : Preuve de l'infection				Catégorie de résultat	Références
					A	B	C	D		
			N	IFAT	O	ND	O	O	1	Matsuoka *et al.*, 1996
	Trachurus japonicus	chinchard du Japon	N	IFAT	O	ND	O	O	1	Kawakami & Nakajima, 2002
			N	IFAT	O	ND	O	O	1	Matsuoka *et al.*, 1996
Girellidae	*Girella punctata*	[largescale blackfish]	N	IFAT	O	ND	O	O	1	Kawakami & Nakajima, 2002
			N	IFAT	O	ND	O	O	1	Matsuoka *et al.*, 1996
Haemulidae	*Parapristipoma trilineatum*	[chicken grunt]	N	IFAT	O	ND	O	O	1	Kawakami & Nakajima, 2002
			N	IFAT	O	ND	O	O	1	Matsuoka *et al.*, 1996
	Plectorhinchus cinctus	[crescent sweetlips]	N	IFAT	O	ND	O	O	1	Kawakami & Nakajima, 2002
Lethrinidae	*Lethrinus haematopterus*	[Chinese emperor]	N	IFAT	O	ND	O	O	1	Kawakami & Nakajima, 2002
	Lethrinus nebulosus	empereur moris	N	IFAT	O	ND	O	O	1	Kawakami & Nakajima, 2002
Mugilidae	*Mugil cephalus*	mulet à grosse tête	N	PCR, MET et IFAT	O	Y	O	O	1	Gibson-Kueh *et al.*, 2004
Paralichthyidae	*Paralichthys olivaceus*	cardeau hirame	N	IFAT	O	ND	O	O	1	Kawakami & Nakajima 2002
			N	IFAT	O	ND	O	O	1	Matsuoka *et al.*, 1996
Pleuronectidae	*Verasper variegatus*	[spotted halibut]	N	IFAT	O	ND	O	O	1	Kawakami & Nakajima, 2002
Poeciliidae	*Poecilia reticulata*	guppy	N	Nested PCR, qPCR	ND	ND	O	O	1[17]	Baoprasertkul & Kaenchan, 2019
			N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	2[18]	Zainathan *et al.*, 2019
			N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	3[18]	de Lucca Maganha *et al.*, 2018
Procatopodidae	*Poropanchax normani*	[Norman's lampeye]	N	PCR et analyse de la séquence	O	O	O	O	1	Sudthongkong *et al.,* 2002b
Rachycentridae	*Rachycentron canadum*	mafou	N	IFAT	O	ND	O	O	1	Kawakami & Nakajima, 2002

Famille	Nom scientifique	Nom vernaculaire	Étape 1 : Voie de transmission	Étape 2 : Identification de l'agent pathogène	Étape 3 : Preuve de l'infection				Catégorie de résultat	Références
					A	B	C	D		
Scombridae	*Scomber japonicus*	maquereau espagnol du Pacifique	N	IFAT	O	ND	O	O	1	Kawakami & Nakajima, 2002
	Scomberomorus niphonius	thazard oriental	N	IFAT	O	ND	O	O	1	Kawakami & Nakajima, 2002
	Thunnus orientalis[19]	thon bleu du Pacifique	N	IFAT	O	ND	O	O	1	Kawakami & Nakajima, 2002
			N	IFAT	O	O	ND	ND	1	Nakajima *et al.*, 1998c
			N	IFAT	O	ND	O	O	1	Matsuoka *et al.*, 1996
Serranidae	*Epinephelus akaara*	mérou rouge tacheté	N	IFAT	O	ND	O	O	1	Kawakami & Nakajima, 2002
			N	IFAT	O	ND	O	O	1	Matsuoka *et al.*, 1996
	Epinephelus awoara	mérou jaune	N	IFAT	O	ND	O	O	1	Kawakami & Nakajima, 2002
			N	IFAT	O	ND	O	O	1	Matsuoka *et al.*, 1996
	Epinephelus bruneus	mérou longues dents	N	IFAT	O	ND	O	O	1	Kawakami & Nakajima, 2002
	Epinephelus coioides	mérou taches oranges	N	IFAT	O	ND	O	O	1	Kawakami & Nakajima, 2002
			N	PCR et analyse de la séquence	ND	O	O	ND	2[20]	Ma *et al.*, 2012
			N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	2[18]	Huang *et al.*, 2011
			N et E	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	ND	O	2[20]	Lu *et al.*, 2005
	Epinephelus fuscoguttatus	mérou marron	N	PCR et IFAT	O	O	O	O	1	Gibson-Kueh *et al.*, 2004
	Epinephelus malabaricus	mérou malabar	N	IFAT	O	ND	O	O	1	Kawakami & Nakajima, 2002
			N	PCR	O	O	O	O	1	Danayadol *et al.*, 1997

Famille	Nom scientifique	Nom vernaculaire	Étape 1 : Voie de transmission	Étape 2 : Identification de l'agent pathogène	Étape 3 : Preuve de l'infection				Catégorie de résultat	Références
					A	B	C	D		
	Epinephelus septemfasciatus	mérou bagnard	N	IFAT	O	ND	O	O	1	Kawakami & Nakajima, 2002
			N	IFAT	O	ND	O	O	1	Matsuoka *et al.*, 1996
Sparidae	*Dentex tumifrons*[21]	pagre cramoisi	N	IFAT	O	ND	O	O	1	Kawakami & Nakajima, 2002
			N	IFAT	O	ND	O	O	1	Matsuoka *et al.*, 1996
			N	IFAT	O	ND	O	O	1	Nakajima *et al.*, 1995b
Tetraodontidae	*Takifugu rubripes*	[tiger pufferfish]	N	IFAT	O	ND	O	O	1	Kawakami & Nakajima, 2002
			N	IFAT	O	ND	O	O	1	Matsuoka *et al.*, 1996
			N	IFAT	O	ND	O	O	1	Nakajima *et al.*, 1995b
Catégorie 2										
Osphronemidae	*Betta splendens*	[siamese fighting fish]	N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	O	O	2[22]	Baoprasertkul & Kaenchan, 2019
Poeciliidae	*Poecilia velifera*	[sail-fin molly]	N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	O	O	2[22]	Baoprasertkul & Kaenchan, 2019
Catégorie 3										
Characidae	*Moenkhausia costae*	[tetra fortune]	N	PCR	ND	ND	ND	O	3	de Lucca Maganha *et al.*, 2018
Cobitidae	*Misgurnus anguillicaudatus*	loche asiatique	N	PCR	ND	ND	ND	O	3	de Lucca Maganha *et al.*, 2018
Hemiodontidae	*Hemiodus gracilis*[23]		N	PCR	ND	ND	ND	O	3	de Lucca Maganha *et al.*, 2018
Loricariidae	*Hypostomus plecostomus*	[suckermouth catfish]	N	PCR	ND	ND	ND	O	3	de Lucca Maganha *et al.*, 2018
Osphronemidae	*Trichogaster labiosa*	[thick lipped gourami]	N	PCR	ND	ND	ND	O	3	Rimmer *et al.*, 2015
Osteoglossidae	*Arapaima gigas*	pirarucu	N	PCR	ND	ND	ND	O	3	de Lucca Maganha *et al.*, 2018
Pangasiidae	*Pangasianodon hypothalymus*	silure requin	N	PCR	ND	ND	ND	O	3	de Lucca Maganha *et al.*, 2018

Famille	Nom scientifique	Nom vernaculaire	Étape 1 : Voie de transmission	Étape 2 : Identification de l'agent pathogène	Étape 3 : Preuve de l'infection				Catégorie de résultat	Références
					A	B	C	D		
Pomacanthidae	*Pomacanthus navarchus*	poisson-ange amiral	N	PCR	ND	ND	ND	O	3	de Lucca Maganha *et al*., 2018
Serrasalmidae	*Serrasalmus gibbus*[23]		N	PCR	ND	ND	ND	O	3	de Lucca Maganha *et al*., 2018
Espèce non classée (NC)										
Cichlidae	*Apistogramma cacatuoides*	[cockatoo cichlid]	N	N[24]	ND	ND	O	ND	NC	Nolan *et al*., 2015
Serranidae	*Cromileptes altivelis*	mérou bossu	EI	N[25]	O	O	O	O	NC	Mahardika *et al*., 2004

[17] Pour cette espèce, l'identification de l'agent pathogène n'a pas été réalisée à l'échelon du génogroupe.

[18] L'évaluation de cette étude a été réalisée à l'échelon du génogroupe ISKNV. Toutefois, le Groupe *ad hoc* a estimé que les éléments de preuve étaient en faveur d'une sensibilité à l'infection à l'échelon de *Megalocytivirus*. Par conséquent, les évaluations réalisées à l'échelon du génogroupe ont été incluses dans le tableau synthétisant les évaluations de la sensibilité à l'infection à l'échelon de *Megalocytivirus*.

[19] Avant 1999, le thon rouge (*Thunnus thynnus*) et le thon bleu du Pacifique (*Thunnus orientalis*) étaient considérés comme étant une seule et même espèce, désignée comme étant le thon rouge (*Thunnus thynnus*). Collette *et al*., 1999 ont suggéré que ces espèces étaient bien distinctes, ce qui est désormais reconnu sur www.fishbase.se. Les études de Nakajima *et al*., 1998c et de Matsuoka *et al*., 1996 ont été publiées avant 1999. Celle de Kawakami & Nakajima, 2002 a été publiée au moment où la distinction des espèces venait d'être proposée. En recoupant les informations sur les aires de prélèvement des échantillons dans les trois études avec celles sur la distribution géographique du thon bleu du Pacifique (*Thunnus orientalis*), le Groupe *ad hoc* a estimé que l'espèce incluse dans ces études était le thon bleu du Pacifique (*Thunnus orientalis*).

[20] L'évaluation de cette étude a été réalisée à l'échelon du génogroupe RSIV. Toutefois, le Groupe *ad hoc* a estimé que les éléments de preuve étaient en faveur d'une sensibilité à l'infection à l'échelon de *Megalocytivirus*. Par conséquent, les évaluations réalisées à l'échelon du génogroupe ont été incluses dans le tableau synthétisant les évaluations de la sensibilité à l'infection à l'échelon de *Megalocytivirus*.

[21] Selon www.fishbase.se, *Dentex tumifrons* est le nom scientifique accepté. *Evynnis japonica* est considéré comme un synonyme non valide.

[22] Seule une étude était disponible aux fins de l'évaluation. En outre, seul un poisson de cette étude présentait des signes cliniques. Le Groupe *ad hoc* a estimé que les éléments de preuve recueillis à partir de ce seul poisson étaient insuffisants pour un classement final de cette espèce dans la catégorie « 1 ». Par conséquent, le Groupe *ad hoc* a finalement classé cette espèce dans la catégorie « 2 ».

[23] Aucun nom vernaculaire ne figurait sur les bases de données FAOTERM et www.fishbase.se.

[24] Seule l'histologie a été utilisée aux fins de l'identification de l'agent pathogène.

[25] Les poissons infectés ont présenté un résultat positif au test PCR. Toutefois, l'analyse de la séquence en vue de confirmer l'identité de du virus n'a pas été réalisée.

Acronymes figurant dans le tableau des évaluations

N : Apparition naturelle de l'infection

E : Induction de l'infection au moyen de procédures expérimentales non invasives

EI : Induction de l'infection au moyen de procédures expérimentales invasives

O : La satisfaction au critère a été démontrée
N : La satisfaction au critère n’a pas été démontrée
ND : La satisfaction au critère n’a pas été déterminée
NC : Espèce non classée

5. Référentiels utilisés pour désigner les espèces sensibles

Les noms scientifiques des espèces sont ceux de la base de données https://www.fishbase.se.

Les noms vernaculaires des espèces de poissons sont ceux de la base de données FAOTERM (http://www.fao.org/faoterm/collection/faoterm/en/). Lorsque le nom vernaculaire d'une espèce n'est pas répertorié dans FAOTERM, c'est celui de la base de données https://www.fishbase.se qui est utilisé.

6. Commentaires d'ordre général

Le Groupe *ad hoc* a pris la décision de sélectionner les études publiées à partir de l'an 2000, les techniques moléculaires étant alors disponibles. Il s'est référé à des articles plus anciens lorsque ceux-ci étaient nécessaires au renforcement de la fiabilité des résultats de l'évaluation, lorsqu'aucune publication récente n'était disponible pour l'évaluation de la sensibilité d'une espèce hôte spécifique ou pour évaluer la sensibilité à l'infection par des virus de l'espèce ISKNV (génogroupes RSIV, ISKNV et TRBIV). Lorsqu'il s'est avéré nécessaire de confirmer l'identité de l'agent pathogène, le Groupe *ad hoc* a :

a) contacté les auteurs des études ou les experts du Laboratoire de référence afin de disposer de plus de détails sur les méthodes d'identification de l'agent pathogène, ou

b) utilisé les informations sur les méthodes moléculaires employées dans le cadre d'études menées en parallèle ou ultérieurement sur la même population source.

Le Groupe *ad hoc* a estimé qu'idéalement, pour conclure à la sensibilité d'une espèce de poisson, il fallait disposer de deux publications permettant de la classer dans la catégorie « 1 ». Toutefois, il a indiqué qu'il était également suffisant de disposer d'une seule étude permettant de classer l'espèce dans la catégorie « 1 », sous réserve qu'elle soit complétée par une seconde étude la corroborant et qu'il n'y ait pas d'élément de preuve contradictoire. Une étude était considérée comme étant rigoureuse lorsque de nombreux poissons étaient examinés et que de multiples éléments de preuve (par exemple, séparation spatio-temporelle ou différentes expérimentations) étaient recueillis pendant la durée de l'étude, sans qu'il y ait d'incohérence. Par conséquent, les études additionnelles ont été systématiquement examinées afin de déterminer si elles présentaient des éléments de preuve contradictoires. Le Groupe *ad hoc* a par ailleurs identifié des publications additionnelles mais en a jugé l'évaluation complète inutile, la sensibilité des espèces qui y sont décrites ayant déjà été déterminée au moyen d'autres études. Il les a néanmoins incluses dans la liste de références.

7. Inclusion d'un échelon taxonomique équivalent ou supérieur à celui du genre dans la liste des espèces sensibles

Le Groupe *ad hoc* a achevé les évaluations des espèces sensibles mais a manqué de temps pour vérifier si l'article 1.5.9. était applicable à l'infection par *Megalocytivirus*. Le Groupe *ad hoc* a noté qu'aucune espèce n'avait été classée dans la catégorie « 4 » puisqu'il n'y avait pas de preuve de l'absence de sensibilité.

Le Groupe *ad hoc* est convenu de solliciter un appui auprès de la Commission des animaux aquatiques aux fins de la révision de la liste des espèces sensibles à un échelon taxonomique équivalent ou supérieur à celui du genre.

Le Groupe *ad hoc* a examiné plusieurs études dans lesquelles les poissons étaient seulement identifiés à l'échelon du genre. Anticipant que cette information présenterait peut-être un intérêt pour l'application de l'article 1.5.9., le Groupe *ad hoc* a également procédé à l'évaluation de la sensibilité des poissons à l'échelon du genre. Les informations sur ces évaluations sont synthétisées dans le tableau 9 ci-dessous.

Tableau 9 : Évaluation de la sensibilité des espèces hôtes identifiées seulement à l'échelle du genre à l'infection par *Megalocytivirus*

Famille	Nom scientifique	Etape1 : Voie de transmission	Étape 2 : Identification de l'agent pathogène	Étape 3 : Preuve de l'infection				Catégorie de résultat	Évaluation portant sur :	Références
				A	B	C	D			
Catégorie 1										
Cichlidae	*Pterophyllum sp.*	N	PCR nichée, qPCR et analyse de la séquence	ND	ND	O	O	1	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)	Baoprasertkul & Kaenchan, 2019
Lateolabracidae	*Lateolabrax sp.*	N	IFAT	O	ND	O	O	1	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)	Nakajima *et al.*, 1995b
		N	IFAT	O	ND	O	O	1	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)	Matsuoka *et al.*, 1996
		N	IFAT	O	ND	O	O	1	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)	Kawakami & Nakajima, 2002
		N	PCR et analyse de la séquence	O	ND	O	O	1	RSIV (génogroupe)	Jeong *et al.*, 2003
Serranidae	*Epinephelus sp.*	N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	O	O	1	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)	Fusianto *et al.*, 2021
		N	PCR et analyse de la séquence	O	O	O	O	1	ISKNV (génogroupe)	Chao *et al.*, 2004
Catégorie 2										
Cichlidae	*Cichlasoma sp.*	N	PCR nichée, qPCR et analyse de la séquence	ND	ND	O	O	2[26]	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)	Baoprasertkul & Kaenchan, 2019
	Symphysodon sp.	N	PCR	ND	ND	ND	O	2[26]	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)	Baoprasertkul & Kaenchan, 2019
Osphronemidae	*Trichogaster sp.*	N	PCR et analyse de la séquence	ND	ND	O	O	2[26]	*Megalocytivirus* (à l'exclusion du SDDV)	Baoprasertkul & Kaenchan, 2019

[26] Seule une étude était disponible aux fins de l'évaluation. Les éléments de preuve y figurant ont été examinés par le Groupe *ad hoc* qui a conclu qu'ils satisfaisaient aux critères permettant de démontrer la sensibilité. Cette étude a permis de classer l'espèce hôte dans la catégorie « 1 ». Toutefois, le Groupe *ad hoc* n'a pas été en mesure de disposer d'études additionnelles ou de preuves, dans cette étude, corroborant les résultats. Il a estimé que cette étude seule était insuffisante pour un classement final de l'espèce hôte dans la catégorie « 1 ». Par conséquent, le Groupe *ad hoc* l'a finalement classée dans la catégorie « 2 ».

Acronymes figurant dans le tableau des évaluations

N : Apparition naturelle de l'infection

E : Induction de l’infection au moyen de procédures expérimentales non invasives
EI : Induction de l’infection au moyen de procédures expérimentales invasives
O : La satisfaction au critère a été démontrée
N : La satisfaction au critère n’a pas été démontrée
ND : La satisfaction au critère n’a pas été déterminée
NC : Espèce non classée

8. Références

BAOPRASERTKUL, P. & KAENCHAN, N. (2019). Distribution and detection of Megalocytivirus in ornamental fish in Thailand. *Journal of Fisheries and Environment*, **43(1)**, 11-24.

BERMUDEZ, R., LOSADA, A.P., AZEVEDO, A.M., GUERRA-VARELA, J., PÉREZ-FERNÁNDEZ, D., SÁNCHEZ, L., PADRÓS, F., NOWAK, B. & QUIROGA, M.I. (2018). First description of a natural infection with spleen and kidney necrosis virus in zebrafish. *Journal of Fish Diseases*, **41(8)**, 1283-1294.

CHAO, C-B., CHEN, C-Y., LAI, Y-Y., LIN, C-S. & HUANG, H-T. (2004). Histological, ultrastructural, and in situ hybridization study on enlarged cells in the grouper *Epinephelus hybrids* infected with grouper iridovirus in Taiwan (TGIV). *Diseases of Aquatic Organisms,* **58**, 127–142.

CHEN, M.H., HUNG, S.W., CHANG, C.H., CHEN, P.Y., LIN, C.C., HSU, T.H., CHENG, C.F., LIN, S.L., TU, C.Y., TSANG, C.L., LIN, Y.H. & WANG, W.S. (2013). Red sea bream iridovirus infection in marble goby (Bleeker, *Oxyeleotris marmoratus*) in Taiwan. *African Journal of Microbiology Research,* **7(12)**, 1009-1014.

CHEN, X.H., LIN, K.B. & WANG, X.W. (2003). Outbreaks of an iridovirus disease in maricultured large yellow croaker, *Larimichthys crocea* (Richardson), in China. *Journal of Fish Diseases*, **26**, 615-619.

COLLETTE, B.B. (1999). Mackerels, molecules, and morphology. *French Ichthyological Society*, 149-164.

DANAYADOL, Y., DIREKBUSARAKOM, S., BOONYARATPALIN, S., MIYAZAKI, T.& MIYATA, M. (1997). Iridovirus infection in brown-spotted grouper (*Epinephelus malabaricus*) cultured in Thailand. In*: Flegel TW, MacRae IH (eds). Diseases in Asian Aquaculture III, FHS/AFS, Manila*. pp. 67-72.

DE LUCCA MAGANHA, S. R., CARDOSO, P.H.L., BALIAN, S. DE C., ALMEIDA-QUEIROZ, S. R., FERNANDES, A.M. & DE SOUSA, R. L. (2018). Molecular detection and phylogenetic analysis of megalocytivirus in Brazilian ornamental fish. *Archives of Virology*, **163**, 2225–2231.

DO, J.W., CHA, S.J., KIM, J.S., AN, E.J., PARK, M.S., KIM, J.W., KIM, Y.C., PARK, M.A. & PARK, J.W. (2005). Sequence variation in the gene encoding the major capsid protein of Korean fish iridoviruses. *Archives of Virology*, **150**, 351-359.

DO, J.W., MOON, C.H., KIM, H.J., KO, M.S., KIM, S.B., SON, J.H., KIM, J.S., AN, E.J., KIM, M.K., LEE, S.K., HAN, M.S., CHAS, J., PARK, M.S., PARK, M.A., KIM, Y.C., KIM, J.W. & PARK, J.W. (2004). Complete genomic DNA sequence of rock bream iridovirus. *Virology*, **325**, 351–363.

DONG, Y., WENG, S., HE, J.& DONG, C. (2013). Field trial tests of FKC vaccines against RSIV genotype Megalocytivirus in cage-cultured mandarin fish (*Siniperca chuatsi*) in an inland reservoir. *Fish and Shellfish Immunology* **35**, 1598-1603.

DONG, C., WENG, S., LUO, Y., HUANG, M., AI, H., YIN, Z. & HE, J. (2010). A new megalocytivirus from spotted knifejaw, *Oplegnathus punctatus*, and its pathogenicity to freshwater mandarinfish, *Siniperca chuatsi*. *Virus Research*, **147**, 98–106.

FIGUEIREDO, H. C. P., TAVARES, G. C., DORELLA, F.A., ROSA, J. C. C., MARCELINO, S. A. C., PIEREZAN, F. & PEREIRA, F. L. (2021). First report of infectious spleen and kidney necrosis virus in Nile tilapia in Brazil. *Transboundary and Emerging Diseases*, **2021**,1–8.

FUSIANTO, C., HICK, P.M., MURWANTOKO, HERLAMBANG, A., WHITTINGTON, R.J. & BECKER, J.A. (2021). Outbreak investigation attributes Infectious spleen and kidney necrosis virus as a necessary cause of a mortality epidemic in farmed grouper (*Epinephelus spp*.) in Bali, Indonesia. *Aquaculture Reports*, **20**, 100723.

GIBSON-KUEH, S., NGOH-LIM, G.H., NETTO, P., KURITA, J., NAKAJIMA, K. & NG, M.L. (2004). A systematic iridoviral disease in mullet, *Mugil cephalus* L. and tiger grouper, *Epinephelus fuscoguttatus* Forsskal: a first report and study. *Journal of Fish Diseases*, **27**, 693–699.

GO, J., WALTZEK, T.B., SUBRAMANIAM, K., YUN, S.C., GROFF, J.M., ANDERSON, I.G., CHONG, R., SHIRLEY, I., SCHUH, J.C.L., HANDLINGER, J.H., TWEEDIE, A. & WHITTINGTON, R.J. (2016). Complete genome analysis of the mandarin fish infectious spleen and kidney necrosis iridovirus. *Virology*, **291**, 126–139.

GO, J., LANCASTER, M., DEECE, K., DHUNGYEL, O. & WHITTINGTON, R.J. (2006). The molecular epidemiology of iridovirus in Murray cod (*Maccullochella peelii peelii*) and dwarf gourami (*Colisa lalia*) from distant biogeographical regions suggests a link between trade in ornamental fish and emerging iridoviral diseases. *Molecular and Cellular Probes*, **20**, 212–222.

GO, J. & WHITTINGTON, R. (2006). Experimental transmission and virulence of a megalocytivirus (Family Iridoviridae) of dwarf gourami (*Colisa lalia*) from Asia in Murray cod (*Maccullochella peelii peelii*) in Australia. *Aquaculture*, **258**, 140-149.

HE, J.G., ZENG, K., WENG, S.P. & CHAN, S-M. (2002). Experimental transmission, pathogenicity and physical-chemical properties of infectious spleen and kidney necrosis virus (ISKNV). *Aquaculture*, **204**, 11-24.

HE, J.G., DENG, M.S., WENG, P., LI, Z., ZHOU, S.Y., LONG, Q.X., WANG, X.Z. & CHANG, S.M. (2001). Complete genome analysis of the mandarin fish infectious spleen and kidney necrosis iridovirus. *Virology*, **291**, 126–139.

HUANG, X., WEI, J., ZHENG, Q., ZHANG, Y., ZHU, W., LIU, J., HOU, Y., QIN Q. & HUANG, Y. (2021). Isolation, identification and genomic analysis of an ISKNV-type megalocytivirus from spotted knifejaw (*Oplegnathus punctatus*). *Aquaculture*, **532**, 736032.

HUANG, Y., CAI, S., JIAN, J., LIU G. & XU, L. (2020). Co-infection of infectious spleen and kidney necrosis virus and *Francisella sp*. in farmed pearl gentian grouper (♀*Epinephelus fuscoguttatus* ×♂E*. lanceolatus*) in China - A case report. *Aquaculture*, **526**, 735409.

HUANG, S.M., TU, C., TSENG, C.H., HUANG, C.C., CHOU, C.C., KUO, H.C. & CHANG, S.K. (2011). Genetic analysis of fish iridoviruses isolated in Taiwan during 2001-2009. *Archives of Virol*ogy, **156**, 1505-1515.

INOUYE, K., YAMANO, K., MAENO, Y., NAKAJIMA, K., MATSUOKA, M., WADA, Y. & SORIMACHI, M. (1992). Iridovirus infection of cultured red sea bream, *Pagrus major*. *Fish Pathology*, **27**, 19–27.

ITO, T. & KAWATO, Y. (2014). Potential infectivity of the virus re-isolated from surviving Japanese amberjack (*Seriola quinqueradiata*) after experimental infection with red sea bream iridovirus. *Bulletin of the European Association of Fish Pathologists,* **34 (1)**, 17-24.

ITO, T., YOSHIURA, Y., KAMAISHI, T., YOSHIDA, K.& NAKAJIMA, K. (2013). Prevalence of red sea bream iridovirus among organs of Japanese amberjack (*Seriola quinqueradiata*) exposed to cultured red sea bream iridovirus. *Journal of General Virology*, **94**, 2094-2101.

JEONG, J.B., KIM, H.Y., JUN, L.J., LYU, J.H., PARK, N.G., KIM, J.K. & JEONG, H.D. (2008a). Outbreaks and risks of infectious spleen and kidney necrosis virus disease in freshwater ornamental fishes. *Diseases of Aquatic Organisms,* **78**, 209-215.

JEONG, J., CHO, H., JUN, L., HONG, S., CHUNG, J. & JEONG, H. (2008b). Transmission of Iridovirus from freshwater ornamental fish (pearl gourami) to marine (rock bream). *Diseases of Aquatic Organisms*, **82(1)**, 27-36.

JEONG, J.B., JUN, L.J., YOO, M.H., KIM, M.S., KOMISAR, J.L. & JEONG, H.D. (2003). Characterization of the DANA nucleotide sequences in the genome of red sea bream iridoviruses isolated in Korea. *Aquaculture*, **220(1-4)**, 119-133.

JUNG, M. H., LEE, S. & JUNG, S. J. (2016). Low pathogenicity of flounder iridovirus (FLIV) and the absence of cross-protection between FLIV and rock bream iridovirus. *Journal of Fish Diseases*, **39(11)**, 1325-1333.

JUNG-SCHROERS, V., ADAMEK, M., WOHLSEIN, P., WEDEKIND, J. W.H.& STEINHAGEN, D., (2016). First outbreak of an infection with infectious spleen and kidney necrosis virus (ISKNV) in ornamental fish in Germany. *Diseases of Aquatic Organisms,* **119**, 239–244.

KAWAKAMI, H. & NAKAJIMA, K. (2002). Cultured fish species affected by red sea bream iridoviral disease from 1996-2000. *Fish Pathology*, **37(1)**, 45-47.

KAWATO, Y., CUMMINS, D.M., VALDETER, S., MOHR, P.G., ITO, T., MIZUNO, K., KAWAKAMI, H., WILLIAMS, L.M., CRANE, M.S.J., & MOODY, N.J.G. (2021a). Development of new real-time PCR assays for detecting Megalocytivirus across multiple genotypes. *Fish Pathology*, **56(4)**, 177-188.

KAWATO, Y., MEKATA, T., INADA, M. & ITO, T. (2021b). Application of Environmental DNA for Monitoring Red Sea Bream Iridovirus at a Fish Farm. *Microbiology Spectrum*, **9(2)**, 1-11. https://doi.org/10.1128/Spectrum.00796-21

KAWATO, Y., MOHR, P.G., CRANE, M.S.J., WILLIAMS, L.M., NEAVE, M.J., CUMMINS, D.M., DEARNLEY, M., CRAMERI, S., HOLMES, C., HOAD, J. & MOODY, N.J.G. (2020). Isolation and characterisation of an ISKNV-genotype megalocytivirus from imported angelfish *Pterophyllum scalare*. *Diseases of Aquatic Organisms*, **140**, 129–141.

KAWATO, Y., KIRYU, I., KAWAMURA, Y., & NAKAJIMA, K. (2017c). Red Sea Bream Iridoviral Disease in Hatchery-Reared Devil Stinger *Inimicus japonicus*. *Fish Pathology*, **52(4)**, 206–209.

KERDDEE, P., DINH-HUNG, N., THANH DONG, H., HIRONO, I., SOONTARA, C., AREECHON, N., SRISAPOOME, P. & KAYANSAMRUAJ, P. (2021). Molecular evidence for homologous strains of infectious spleen and kidney necrosis virus (ISKNV) genotype I infecting inland freshwater cultured Asian sea bass (*Lates calcarifer*) in Thailand. *Archives of Virology,* **166**, 3061–3074.

KIM, W.S., OH, M.J., KIM, J.O., KIM, D., JEON, C.H.& KIM, J.H. (2010). Detection of Megalocytivirus from imported tropical ornamental fish, paradise fish *Macropodus opercularis*. *Diseases of Aquatic Organisms*, **90**, 235-239.

KIM, Y.J., JUNG, S.J., CHOI, T.J., KIM, H.R., RAJENDRAN, K.V.& OH, M.J. (2002). PCR amplification and sequence analysis of irido-like virus infecting fish in Korea. *Journal of Fish Diseases*, **25**, 121-124.

KODA, S.A., SUBRAMANIAM, K., POUDER, D.B., YANONG, R.P., FRASCA, JR, S., POPOV, V.L. & WALTZEK, T.B. (2021). Complete genome sequences of infectious spleen and kidney necrosis virus isolated from farmed albino rainbow sharks *Epalzeorhynchos frenatum* in the United States. *Virus Genes*, **57**, 448-452.

KODA, S.A., SUBRAMANIAM, K., POUDER D.B., YANONG, R.P. & WALTZEK, T.B. (2019). Phylogenomic characterization of red seabream iridovirus from Florida pompano *Trachinotus carolinus* maricultured in the Caribbean Sea. *Archives of Virology*, **164**, 1209-1212.

KODA, S.A., SUBRAMANIAM, K., FRANCIS-FLOYD, R., YANONG, R.P., FRASCA, S. JR, GROFF, J.M., POPOV, V.L., FRASER, W.A., YAN, A., MOHAN, S. & WALTZEK, T.B. (2018). Phylogenomic characterization of two novel members of the genus Megalocytivirus from archived ornamental fish samples. *Diseases of Aquatic Organisms*, **130**, 11−24.

KURITA, J. & NAKAJIMA, K. (2012). Megalocytiviruses. *Viruses*, **4**, 521−538.

KURITA, J., KAKAJIMA, K., HIRONO, I. & AOKI, T. (2002). Complete genome sequencing of red sea bream iridovirus (RSIV). *Fisheries Sci*., **68** (suppl. II), 1113–1115.

LIU, L., LUJUN YUB, L., FUA, X., LINA, Q., LIANGA, H., NIUA, Y. & LIA, N. (2019). First report of megalocytivirus (*iridoviridae*) in cultured bluegill sunfish, *Lepomis macrochirus*, in China. *Microbial Pathogenesis,* **135**,103617.

LOPEZ-PORRAS, A., MORALES, J. A., ALVARADO, G., KODA, S.A., CAMUS, A., SUBRAMANIAM, K., WALTZEK, T. B. & SOTO, E. (2018). Red seabream iridovirus associated with cultured Florida pompano *Trachinotus carolinus* mortality in Central America. *Diseases of Aquatic Organisms*, **130**, 109–115.

LU, L., ZHOU, S.Y., CHEN, C., WENG, S.P., CHAN, S.-M. & HE, J.G. (2005). Complete genome sequence analysis of an iridovirus isolated from the orange-spotted grouper*, Epinephelus coioides*. *Virology*, **339**, 81–100.

MA, H., XIE, J., WENG, S., ZHOU, T. & HE, J. (2012). Co-infection of megalocytivirus and viral nervous necrosis virus in a very severe mass mortality of juvenile orange-spotted groupers (*Epinephelus coioides*). *Aquaculture*, **358-359**, 170-175.

MAHARDIKA, K., ZAFRAN, YAMAMOTO, A. & MIYAZAKI, T. (2004). Susceptibility of juvenile humpback grouper *Cromileptes Altivelis* to grouper sleepy disease iridovirus (GSDIV*). Diseases of Aquatic Organisms*, **59**, 1-9.

MATSUOKA, S., INOUYE, K. & NAKAJIMA, K. (1996). Cultured fish species affected by red sea bream iridoviruses to red sea bream. *Fish Pathology*, **31**, 143-144.

MOHR, P.G., MOODY, N.J.G., WILLIAMS, L.M., HOAD, J., CUMMINS, D.M., DAVIES, K.R. & CRANE, M.S.J. (2015). Molecular confirmation of infectious spleen and kidney necrosis virus (ISKNV) in farmed and imported ornamental fish in Australia. *Diseases of Aquatic Organisms,* **116**, 103−110.

NAKAJIMA, K., MAENO, Y., YOKOYAMA, K., KAJI, C. & MANABE, S. (1998c). Antigen analysis of red sea bream iridovirus and comparison with other fish iridoviruses. *Fish Pathology*, **33**, 73–78.

NAKAJIMA, K., MAENO, Y., FUKUDOME, M., FUKUDA, Y., TANAKA, S., MATSUOKA ,S. & SORIMACHI, M. (1995b). Immunofluorescence test for the rapid diagnosis of red sea bream iridovirus infection using monoclonal antibody. *Fish Pathology*, **30**, 115–119.

NI, S.-Z., WANG, Y.-J., JIA-BAO HU, J.-B., SHI, J., XU, Y., ZHOU, S.-M., LI, J.-J., HONG, B.-H. & QIAN, D. (2021). Identification, histopathology, and phylogenetic analysis of an iridovirus from cultivated silver pomfret in Zhejiang Province, East China. *Aquaculture,* **530,** 735619.

NOLAN, D., STEPHENS, F., CROCKFORD, M., JONES, J.B.& SNOW, M. (2015). Detection and characterization of viruses of the genus Megalocytivirus in ornamental fish imported into an Australian border quarantine premises an emerging risk to national biosecurity. *Journal of Fish Diseases*, **38**, 187-195.

OSEKO, N., THYE, C.T., PALANISAMY, V., MAENO, Y. & KURITA, J. (2004). Iridovirus isolated from diseased sea bass *Lates calcarifer* and red drum *Sciaenops ocellatus* causing mass mortality in Malaysia. In: *7th Asian Fisheries Forum*, Penang 2004.

RAMÍREZ-PAREDES, J.G., PALEY, R.K., HUNT, W., FEIST, S. W., STONE, D. M., FIELD, T. R., HAYDON, D. J., ZIDDAH, P. A., NKANSA, M., JAMES GUILDER, J., GRAY, J., DUODU, S., PECKU, E. K., AWUNI, J. A., WALLIS, T. S. & VERNER-JEFFREYS, D. W. (2020). First detection of infectious spleen and kidney necrosis virus (ISKNV) associated with massive mortalities in farmed tilapia in Africa. *Transboundary and Emerging Diseases*, **68**, 1550–1563.

RIMMER, A.E., WHITTINGTON, R.J., TWEEDIE, A. & BECKER, J.A., (2017). Susceptibility of a number of Australian freshwater fishes to dwarf gourami Iridovirus (infectious spleen and kidney necrosis virus). *Journal of Fish Diseases*, **40**, 293-310.

RIMMER, A.E., BECKER, J.A., TWEEDIE, A., LINTERMANS, M., LANDOS, M., STEPHENS, F. & WHITTINGTON, R.J. (2015). Detection of dwarf gourami Iridovirus (infectious spleen and kidney necrosis virus) in populations of ornamental fish prior to and after importation into Australia, with the first evidence of infection in domestically farmed platy (*Xiphophorus maculatus*). *Preventative Veterinary Medicine*, **122(1-2)**, 181-194.

SHI, C.Y., JIA, K.T., YANG, B. & HUANG, J. (2010). Complete genome sequence analysis of a Megalocytivirus (family *Iridoviridae*) associated with turbot mortality in China. *Virology Journal,* **7**, 159.

SHI, C.Y., WANG, Y.G., YANG, S.L., HUANG, J. & WANG, Q.Y. (2004). The first report of an iridovirus-like agent infection in farmed turbot, *Scophthalmus maximus*, in China. *Aquaculture*, **236,** 11–25.

SONG, J-Y., KITAMURA, S-I., JUNG, S-J., MIYADAI, T., TANAKA, S., FUKUDA, Y., KIM, S-R. & OH, M-J. (2008). Genetic variation and geographic distribution of megalocytiviruses. *Journal of Microbiology*, **46**, 29-33.

SRIWANAYOS, P., FRANCIS-FLOYD, R., STIDWORTHY, M.F., PETTY, B.D., KELLEY, K.& WALTZEK, T.B. (2013). Megalocytivirus infection in orbiculate batfish *Platax orbicularis*. *Diseases of Aquatic Organisms*,**105**,1-8.

SUBRAMANIAM, K., GOTESMAN, M., SMITH, C. E., STECKLER, N. K., KELLEY, K. L., GROFF, J. M. & WALTZEK, T. B. (2016). Megalocytivirus infection in cultured Nile tilapia *Oreochromis niloticus. Diseases of Aquatic Organisms*, **119**, 253–258.

SUBRAMANIAM, K., SHARIFF, M., A R OMAR, A.R., HAIR-BEJO, M. & ONG, B. (2014). Detection and molecular characterization of infectious spleen and kidney necrosis virus from major ornamental fish breeding states in Peninsular Malaysia. *Journal of Fish Diseases*, **37**, 609–618.

SUDTHONGKONG, C., MIYATA, M.& MIYAZAKI, T. (2002a). Viral DNA sequences of genes encoding the ATPase and the major capsid protein of tropical iridovirus isolates which are pathogenic to fishes in Japan, South China Sea and Southeast Asian countries. *Archives of Virology*, **147**, 2089-2109.

SUDTHONGKONG, C., MIYATA, M.& MIYAZAKI, T. (2002b). Iridovirus disease in two ornamental tropical freshwater fishes: African lampeye and dwarf gourami. *Diseases of Aquatic Organisms*, **48**, 163–173.

SUMITHRA, T.G. T.G., SHARMA, S.R.K, NEELIMA, L., DHANUTHA, N.R., JOSHY, A., ANUSREE, V.N., GAYATHRI, S., RAGHU, R.K., PRAVEEN, N.D., THOMAS, S. & RAJESH, K.M. (2022). Red sea bream iridovirus infection in cage farmed Asian sea bass (*Lates calcarifer*): insights into the pathology, epizootilogy and genetic diversity. *Aquaculture*, **548**, 737571.

SWAMINATHAN, T.R., JOHNY, T.K., NITHIANANTHAM, S.R., SUDHAGAR, A., PRADHAN, P.K., RAMACHANDRA, K.S.S., RESHMA, R. NAIR, R.R. & SOOD, N. (2022). A natural outbreak of infectious spleen and kidney necrosis virus threatens wild pearlspot, *Etroplus suratensis* in Peechi Dam in the Western Ghats biodiversity hotspot, India. *Transboundary and Emerging Diseases,* **2022**, 1–11.

SWAMINATHAN, T.R., RAJ, N.S., PREENA, P.G., PRADHAN, P.K., SOOD, N., KUMAR, R.G., ARUN SUDHAGAR, A. & SOOD, N.K. (2021). Infectious spleen and kidney necrosis virus-associated large scale mortality in farmed giant gourami, *Osphronemus goramy*, in India. *Journal of Fish Diseases*, **44**, 2043–2053.

TAKANO, T., MATSUYAMA, T., KAWATO, Y., SAKAI, T., KURITA, J., MATSUURA, Y., TERASHIMA, S., NAKAJIMA, K. & NAKAYASU, C. (2020). Identification of the epitope recognized by the anti-red sea bream iridovirus (RSIV) monoclonal antibody M10 using a phage display RSIV peptide library. *Fish Pathology*, **54**, 83–92.

TANAKA, N., IZAWA, T., KUWAMURA, M., HIGASHIGUCHI, N., KEZUKA, C., KURATA, O., WADA, S. & YAMATE, J. (2014). The first case of infectious spleen and kidney necrosis virus (ISKNV) infection in aquarium-maintained mandarin fish, *Siniperca chuatsi* (Basilewsky), in Japan. *Journal of Fish Diseases*, **37**, 401-405.

TSAI, J.-M., HUANG, S.-L., & CHUNG-DA YANG, C.-D. (2020). PCR Detection and Phylogenetic Analysis of Megalocytivirus Isolates in Farmed Giant Sea Perch *Lates calcarifer* in Southern Taiwan. *Viruses*, **12**, 681.

WANG, Q., ZENG, W.W., LI, K.B., CHANG, O.Q., LIU, C., WU, G.H., SHI, C.B. & WU, S.Q. (2011). Outbreaks of an iridovirus in marbled sleepy goby, *Oxyeleotris marmoratus* (Bleeker), cultured in southern China. *Journal of Fish Diseases*, **34**, 399-402.

WANG, C.S., CHAO, S.Y., KU, C.C., WEN, C.M. & SHIH, H.H. (2009). PCR amplification and sequence analysis of the major capsid protein gene of megalocytiviruses isolated in Taiwan. *Journal of Fish Diseases*, **32**, 543-550.

WANG, Y.Q., LÜ, L., WENG, S.P., HUANG, J.N., CHAN, S.M. & HE, J.G. (2007). Molecular epidemiology and phylogenetic analysis of a marine fish infectious spleen and kidney necrosis viruslike (ISKNV-like) virus. A*rchives of Virology*, **152**, 763–773.

WEBER, E.S. III, WALTZEK, T.B., YOUNG, D.A., TWITCHELL, E.L. GATES, A.E., BAGELLI, A., RISATTI, G.R., HEDRICK, R.P. & FRASCA JR., S. (2009). Systemic iridovirus infection in the Banggai cardinalfish (*Pterapogon kauderni* Koumans 1933). *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*, **21**, 306−320.

WENG, S.P., WANG, Y.Q., HE, J.G., DENG, M., LU, L., GUAN, H.J., LIU, Y.J. & CHAN, S-M. (2002). Outbreaks of an iridovirus in red drum, *Sciaenops ocellata* (L.), cultured in southern China. *Journal of Fish Diseases*, **25**, 681-685.

ZAINATHAN, S.C., BALARAMAN, D., AMBALAVANAN, L., MOORTHY, P.H., SURRIN KUMAR PALAKRISHNAN, S.K., & ARIFF, N. (2019). Molecular screening of infectious spleen and kidney necrosis virus in four species of Malaysian farmed ornamental fish. *Malays. Appl. Biol*. **48(1)**, 131–138.

ZAINATHAN, S.C., JOHAN, C.A.C., SUBRAMANIAM, N., AHMAD, A.A., HALIM, N.I.A., NORIZAN, N. & ARIFF, N. (2017). Detection and molecular characterization of Megalocytivirus strain ISKNV in freshwater ornamental fish from Southern Malaysia. *AACL Bioflux*, **10(5)**, 1098-1109.

ZHU, Z., DUAN, C., LI, Y., HUANG, C., WENG, S., HE, J. & DONG, C. (2021). "Pathogenicity and histopathology of infectious spleen and kidney necrosis virus genotype II (ISKNV-II) recovering from mass mortality of farmed Asian seabass, *Lates calcarifer*, in Southern China". *Aquaculture,* **534**, 736326.

Autres références examinées par le Groupe *ad hoc* mais auxquelles il n'est pas fait mention dans le corps du présent rapport :

ARMSTRONG, R.D. & FERGUSON, H.W. (1989). Systemic viral disease of the chromide cichlid *Etroplus maculatus*. *Diseases of Aquatic Organisms*, **7**, 155−157.

CHOI, S.K., KWON, S.R., NAM, Y.K., KIM, S.K. & KIM, K.H. (2006). Organ distribution of red sea bream iridovirus (RSIV) DNA in asymptomatic yearling and fingerling rock bream (*Oplegnathus fasciatus*) and effects of water temperature on transition of RSIV into acute phase. *Aquaculture*, **256**, 23–26.

CHOU, H.Y., HSU, C.C. & PENG, T.Y. (1998). Isolation and characterization of a pathogenic iridovirus from cultured grouper (*Epinephelus sp*.) in Taiwan. *Fish Pathology*, **33**, 201-206.

CRANE, M.ST.J. & MOODY, N.J.G. (2016). Megalocytivirus Infections of Finfish. *Australia and New Zealand Standard Diagnostic Procedure*. Revision 2016.

DE GROOF, A., GUELEN, L., DEIJS, M., VAN DER WAL, Y., MIYATA, M., NG, K.S., VAN GRINSVEN, L., SIMMELINK, B., BIERMANN, Y., GRISEZ, L., VAN LENT, J., DE RONDE, A., CHANG, S.F., SCHRIER, C. & VAN DER HOEK, L. (2015). A Novel Virus Causes Scale Drop Disease in *Lates calcarifer*. *PLoS Pathology*, **11(8)**, e1005074.

FRASER, W. A., KEEFE, T.J. & BOLON, B. (1993). Isolation of an iridovirus from farm-raised gouramis (*Trichogaster trichopterus*) with fatal disease. *J Vet Diagn Invest,* **5**, 250-253.

GIBSON-KUEH, S., NETTO, P., NGOH-LIM, G.H., CHANG, S.F., HO, L.L., QIN, Q.W., CHUA, F.H.C., NG, M.L. & FERGUSON, H.W. (2003). The pathology of systemic iridoviral disease in fish. *Journal of Comparative Pathology*, **129**, 111-119.

HE, J.G., WANG, S.P., ZENG, K., HUANG, Z.J. & CHAN, S.M. (2000). Systemic disease caused by an iridovirus-like agent in cultured mandarinfish, *Siniperca chuatsi* (Basilewsky), in China. *Journal of Fish Diseases*, **23**, 219-222.

JEONG, J.B., KIM, H.Y., KIM, H.K., CHUNG, J.-K., KOMISAR, J.L. & JEONG, H.D. (2006). Molecular comparison of iridoviruses isolated from marine fish cultured in Korea and imported from China. *Aquaculture*, **255**, 105–116.

JEONG, J.B., PARK, K.H., KIM, H.Y., HONG, S.H., KIM, K.H., CHUNG, J., KOMISAR, J.L. & JEONG, H.D. (2004). Multiplex PCR for the diagnosis of red seabream iridoviruses isolated in Korea. *Aquaculture*, **235 (1-4)**, 139-152.

JIN, J.W., KIM, Y.C., HONG, S., KIM, M.S., JEONG, J.G. & JEONG, H.D. (2017). Cloning and expression analysis of innate immune genes from red sea bream to assess different susceptibility to megalocytivirus infection. *Journal of Fish Diseases*, **40(4)**, 583-595.

JOHAN, C.A.C. & ZAINATHAN, S.C. (2020). Megalocytiviruses in ornamental fish: A review. *Veterinary World*, **13**, 2565–2577.

JUNG, S.J. & OH, M.J. (2000). Iridovirus-like infection associated with high mortalities of striped beakperch, *Oplegnathus fasciatus* (Temminck et Schlegel), in southern coastal areas of the Korean peninsula. *Journal of Fish Diseases*, **23**, 223–226.

JUNG, S., MIYAZAKI, T., MIYATA, M., DANAYADOL, Y. & TANAKA, S. (1997). Pathogenicity of iridovirus from Japan and Thailand for the red sea bream *Pagrus major* in Japan, and histopathology of experimentally infected fish. *Fisheries Science*, **63**, 735–740.

KASORNCHANDRA, J. & KHONGPRADIT, R. (1997). Isolation and preliminary characterization of a pathogenic iridovirus in nursing grouper*, Epinephelus marabaricus*. *Diseases in Asian Aquaculture III, Flegel T.W. & MacRae I.H., eds. Manila, Philippines,* 61–66.

KAWATO, Y., SUBRAMANIAM, K., NAKAJIMA, K., WALTZEK, T. & WHITTINGTON, R. (2017a). Iridoviral diseases: red sea bream iridovirus and white sturgeon iridovirus. In: *Fish Viruses and Bacteria: Pathobiology and Protection*, Woo P.T.K., Cipriano, R.C., eds. CABI Publishing, Wallingford, 147–159.

KAWATO, Y., YAMASHITA, H., YUASA, K., MIWA, S. & NAKAJIMA, K. (2017b). Development of a highly permissive cell line from spotted knifejaw (*Oplegnathus punctatus*) for red sea bream iridovirus. *Aquaculture*, **473**, 291-298.

KURITA, J., NGOH-LIM, G.H., GIBSON-KUEH, S., DE LA PENA, L., CHUAH, T.T., PALAMISAMY, V., SANO, M., OSEKO, N., MAENO, Y. & NAKAJIMA, K. (2004). Phylogenetic analysis of red sea bream iridovirus-like viruses in Southeast Asia. *7th Asian Fisheries Forum 04 Abstracts*, Penang, Malaysia, 381.

KURITA, J., NAKAJIMA, K., HIRONO, I. & AOKI, T. (1998). Polymerase chain reaction (PCR) amplification of DNA of red sea bream iridovirus (RSIV). *Fish Pathology*, **33**, 17–23.

KUSUDA, R., NAGATO, K. & KAWAI, K. (1994). Characteristics of an iridovirus isolated from red sea bream, *Pagrus major*. *Suisanzoshoku*, **42**, 151–156.

LAI, Y.S., MURALI, S., JU, H.Y., WU, M.F., GUO, I.C., CHEN, S.C., FANG, K. & CHANG, C.Y. (2000). Two iridovirus-susceptible cell lines established from kidney and liver of grouper, *Epinephelus awoara* (Temminck & Schlegel), and partial characterization of grouper iridovirus. *Journal of Fish Disease*, **23(6)**, 379-388.

MCGROGAN, D.G., OSTLAND, V.E., BYRNE, P.J. & FERGUSON, H.W. (1998). Systemic disease involving an iridovirus-like agent in cultured tilapia, *Oreochromis niloticus* L. — a case report. *Journal of Fish Diseases*, **21**, 149−152.

MIYATA, M., MATSUNO, K., JUNG, S.J., DANAYADOL, Y. & MIYAZAKI, T. (1997). Molecular confirmation of infectious spleen and kidney necrosis virus (ISKNV) in farmed and imported ornamental fish in Australia. *Diseases of Aquatic Organisms*, **116**, 103−110.

MURALI, S., WU, M.F., GUO, I.C, CHEN, S.C. YANG, H.W & CHANG, C.Y. (2002). Molecular characterization and pathogenicity of a grouper iridovirus (GIV) isolated from yellow grouper, *Epinephelus awoara* (Temminck & Schlegel). *Journal of Fish Diseases*, **25**, 91–100.

NAKAJIMA, K. & KURITA, J. (2005). Red sea bream iridoviral disease. *Uirusu*, **55,** 115–126.

NAKAJIMA, K., MAENO, Y., HONDA, A., YOKOYAMA, K., TOORIYAMA, T. & MANABE, S. (1999). Effectiveness of a vaccine against red sea bream iridoviral disease in a field trial test. *Diseases of Aquatic Organisms*, **36**, 73-75.

NAKAJIMA, K., INOUYE, K. & SORIMACHI, M. (1998a). Viral diseases in cultured marine fish in Japan. *Fish Pathology*, **33(4)**, 181-188.

NAKAJIMA, K & MAENO, Y. (1998b). Pathogenicity of Red Sea Bream Iridovirus and Other Fish Iridoviruses to Red Sea Bream. *Fish Pathology*, **33(3)**, 143-144.

NAKAJIMA, K., MAENO, Y., KURITA, J. & INUI, Y. (1997). Vaccination against red sea bream iridoviral disease in red sea bream. *Fish Pathology*, **32**, 205–209.

NAKAJIMA, K. & SORIMACHI, M. (1995a). Production of monoclonal antibodies against red sea bream iridovirus. *Fish Pathology*, **30**, 47–52.

NAKAJIMA, K. & SORIMACHI, M. (1994). Biological and physico-chemical properties of the iridovirus isolated from cultured red sea bream, *Pagrus major*. *Fish Pathology*, **29**, 29–33.

OSHIMA, S., HATA, J., HIRASAWA, N., OHTAKA, T., HIRONO, I., AOKI, T. & YAMASHITA, S. (1998). Rapid diagnosis of red sea bream iridovirus infection using the polymerase chain reaction. *Diseases of Aquatic Organisms*, **32**, 87–90.

OSHIMA, S., HATA, J., SEGAWA, C., HIRASAWA, N. & YAMASHITA, S. (1996). A method for direct DNA amplification of uncharacterized DNA viruses and for development of a viral polymerase chain reaction assay: Application to the red sea bream iridovirus. *Analytical Biochemistry*, **242**, 15–19.

PAPERNA, I., VILENKIN, M.& ALVES DE MATOS, A.P. (2001). Iridovirus infections in farm-reared tropical ornamental fish. *Diseases of Aquatic Organisms* **48**, 17−25.

PETTY, B.D. & FRASER, W.A. (2005). Viruses of pet fish. *Veterinary Clinics of North America: Exotic Animal Practice,* **8(1),** 67-84.

QIN, Q.W., CHANG, S.F., NGOH-LIM, G.H., GIBSON-KUEH, S., SHI, C. & LAM, T.J. (2003). Characterization of a novel ranavirus isolated from grouper *Epinephelus tauvina*. *Diseases of Aquatic Organisms*, **53,** 1–9.

QIN, Q.W., LAM, T.J., SHEN, H., CHANG, S.F., NGOH, G.H. & CHEN, C.L. (2001). Electron microscopic observations of a marine fish iridovirus isolated from brown-spotted grouper, *Epinephelus tauvina*. *Journal of Virological Methods*, **98**, 17–24.

RAJA, K., AANAND, P., PADMAVATHY, S. & SAMPATHKUMAR, J.S. (2019). Present and future market trends of Indian ornamental fish sector. *International Journal of Fisheries and Aquatic Studies,* **7(2)**, 6-15.

RIMMER, A.E., BECKER, J.A., TWEEDIE, A. & WHITTINGTON, R.J. (2012). Development of a quantitative polymerase chain reaction (qPCR) assay for the detection of dwarf gourami iridoviruses (DGIV) and other megalocytiviruses and comparison with the Office International des Epizooties (OIE) reference protocol. *Fish Pathology*, **36(1)**, 38-39.

RODGER, H.D., KOBS, M., MACARTNEY, A. & FRERICHS, G.N. (1997). Systemic iridovirus infection in freshwater angelfish, *Pterophyllum scalare* (Lichtenstein). *Journal of Fish Diseases*, **20**, 69−72.

SANO, M., MINAGAWA, M. & NAKAJIMA, K. (2002). Multiplication of red sea bream iridovirus (RSIV) in experimentally infected grouper (*Epinephelus malabaricus*). *Fish Pathology*, **37**, 163-168.

SANO, M., MINAGAWA, M., SUGIYAMA, A. & NAKAJIMA, K. (2001). Susceptibility of Fish cultured in subtropical area of Japan to red sea bream iridovirus. *Fish Pathology*, **36(1)**, 38-39.

SAWAYAMA, E., KITAMURA, S.-I., NAKAYAMA, K., OHTA, K., OKAMOTO, H., OZAKI, A. & TAKAGI, M. (2019). Development of a novel RSIVD-resistant strain of red sea bream (*Pagrus major*) by marker-assisted selection combined with DNA-based family selection. *Aquaculture*, **506**, 188-192.

SHINMOTO, H., TANIJUCHI, K., IKAWA, T., KAWAI, K. & OSHIMA, S. (2009). Phenotypic diversity of infectious red sea bream iridovirus isolates from cultured fish in Japan. *Applied and Environmental Microbiology*, **75(11)**, 3535-3541.

SHIU, J-Y., HONG, J-R., KU, C-C. & WEN, C-M. (2018). Complete genome sequence and phylogenetic analysis of megaloctyivirus RSIV-Ku: A natural recombination infectious spleen and kidney necrosis virus. *Archives of Virology*, **163**, 1037-1042.

SONG, W.J., QIN, Q.W., QIU, J., HUANG, C.H., WANG, F. & HEW, C.L. (2004). Functional genomic analysis of Singapore grouper iridovirus: Complete sequence determination and proteomic analysis. *Journal of Virology*, **78**, 12576–12590.

SUBRAMANIAM, K., SHARIFF, M., OMAR, A.R. & HAIR-BEJO, M. (2012). Megalocytivirus infection in fish. *Reviews in Aquaculture*, **4**, 221-233.

WALKER, P.J. & WINTON, J.R. (2010). Emerging viral diseases of fish and shrimp. *Veterinary Research*, **41**, 51, 1-24.

WALTZEK, T.B., MARTY, G.D., ALFARO, M.E., BENNETT, W.R., GARVER, K.A., HAULENA, M., WEBER, E.S. & HEDRICK, R.P. (2012). Systemic iridovirus from threespined stickleback *Gasterosteus aculeatus* represents a new megalocytivirus sprecies (family Iridoviridae). *Diseases of Aquatic Organisms*, **98**, 41-56.

WANG, C.S., SHIH, H.H., KU, C.C. & CHEN, S.N. (2003). Studies on epizootic iridovirus infection among red sea bream*, Pagrus major* (Temminck & Schlegel), cultured in Taiwan. *Journal of Fish Diseases,* **26**, 127-133.

WEN, C.M. & HONG, J.R. (2016). Complete genome sequence of a giant sea perch iridovirus in Kaohsiung, Taiwan. *Genome Announcements*, **4**, e01759−e15.

WHITTINGTON, R.J., BECKER, J.A. & DENNIS, M.M. (2010). Iridovirus infections in finfish - critical review with emphasis on ranaviruses. *Journal of Fish Diseases*, **33(2)**, 95-122.

WHITTINGTON, R., TWEEDIE, A., DENNIS, M., BECKER, J. AND LANDOS, M. (2009). Aquatic Animal Health Subprogram: Optimisation of PCR Tests for Diagnosis of Megalocytivirus (Gourami Iridovirus) and Cyprinid herpesvirus 2 (Goldfish Herpesvirus). *FRDC Project No. 2007/007.*

XU, X., ZHANG, L., WENG, S., HUANG, Z., LU, J., LAN, D., ZHONG, X., YU, X., XU, A. & HE, J. (2008). A zebrafish (*Danio rerio*) model of infectious spleen and kidney necrosis virus (ISKNV) infection. *Virology*, **376**, 1-12.

…/Annexes

Annexe I. Liste des participants

GROUPE *AD HOC* SUR LA SENSIBILITÉ DES ESPÈCES DE POISSONS À UNE INFECTION PAR UNE MALADIE LISTÉE PAR L'OMSA

Avril et novembre / décembre 2022

MEMBRES DU GROUPE *AD HOC*

Dr Mark Crane (Chair)
CSIRO Honorary Fellow
Australian Centre for Disease Preparedness (ACDP) I CSIRO
Geelong
AUSTRALIE

Dr. Chuanfu Dong
School of life sciences,
Sun Yat-sen University
Guangzhou
CHINE (République populaire de)

Dr Niels Jørgen Olesen
Technical University of Denmark,
National Institute of Aquatic Resources
Lyngby
DANEMARK

Dr Sophie St-Hilaire
College of veterinary Medicine and Life Sciences
City University of Hong Kong
Hong Kong
CHINE (République populaire de)

Dr Lori Gustafson
National Surveillance Unit
USDA/APHIS/VS/CEAH
Fort Collins
ÉTATS-UNIS D'AMÉRIQUE

Dr Yasuhiko Kawato
Fisheries Technology Institute
Japan Fisheries Research and Education Agency
Minamiise
JAPON

REPRÉSENTANT DE LA COMMISSION DES NORMES SANITAIRES POUR LES ANIMAUX AQUATIQUES

Dr Prof. Hong Liu
Animal and Plant Inspection and Quarantine Technical Center
General Administration of Customs
Shenzhen City
CHINE (République populaire de)

SIÉGE DE L'OMSA

Dre Bernita Giffin
Coordinatrice scientifique de la santé des animaux aquatiques
Service des normes
AAC.Secretariat@woah.org

Dre Kathleen Frisch
Coordinatrice scientifique de la santé des animaux aquatiques
Service des normes
AAC.Secretariat@woah.org

Annexe II : Termes de référence

GROUPE *AD HOC* SUR LA SENSIBILITÉ DES ESPÈCES DE POISSONS À UNE INFECTION PAR UNE MALADIE LISTÉE PAR L'OMSA

Paris, Avril et novembre / décembre 2022

Termes de référence

Contexte

Le chapitre 1.5. « Critères d'inclusion dans la liste des espèces sensibles à une infection par un agent pathogène spécifique », adopté en 2014, fournit des critères permettant de déterminer les espèces hôtes devant être incluses dans la liste des espèces sensibles de l'article X.X.2. de chacun des chapitres spécifiques aux maladies listées du *Code aquatique*. La liste des espèces sensibles figurant actuellement dans l'article X.2.2. de chacun des chapitres spécifiques aux maladies sera progressivement révisée au regard des critères énumérés dans le chapitre 1.5.

Le Groupe *ad hoc* sur la sensibilité des espèces de poissons à une infection par une maladie listée par l'OMSA a réalisé les évaluations pour l'ensemble des maladies des poissons listées par l'OMSA, à l'exception de l'infection par l'iridovirus de la daurade japonaise, l'infection par le virus du tilapia lacustre et l'infection à *Aphanomyces invadans* (syndrome épizootique ulcératif).

Objectif

Le Groupe *ad hoc* sur la sensibilité des espèces de poissons à une infection par une maladie listée par l'OMSA sera chargé de réaliser les évaluations de la sensibilité à l'infection par l'iridovirus de la daurade japonaise au moyen des critères présentés dans le chapitre 1.5.

Étant donné que le virus de la nécrose infectieuse rénale et splénique (ISKNV) est un virus étroitement apparenté appartenant au genre *Megalocytivirus*, et qu'il présente vraisemblablement des similitudes avec le RSIV en matière d'épidémiologie, pathologie et méthodes de diagnostic, le Groupe *ad hoc* doit également réaliser l'évaluation de sensibilité des espèces à l'infection par l'ISKNV dans le cadre de ses travaux.

Termes de référence

1) Prendre en compte les éléments probants requis pour satisfaire aux critères décrits dans le chapitre 1.5.

2) Étudier la littérature scientifique consacrée à la sensibilité des espèces à l'infection par l'iridovirus de la daurade japonaise et l'infection par le virus de la nécrose infectieuse rénale et splénique.

3) Réaliser des évaluations conformément à l'article 1.5.3. afin de déterminer la sensibilité d'espèces hôtes potentielles à l'infection par l'iridovirus de la daurade japonaise et à l'infection par le virus de la nécrose infectieuse rénale et splénique.

4) En se fondant sur ces évaluations, proposer une liste d'espèces sensibles à l'infection par l'iridovirus de la daurade japonaise et à l'infection par le virus de la nécrose infectieuse rénale et splénique conformément à l'article 1.5.7.

5) En se fondant sur ces évaluations, proposer une liste d'espèces dont la sensibilité n'a pu être explicitement démontrée à l'infection par l'iridovirus de la daurade japonaise et à l'infection par le virus de la nécrose infectieuse rénale et splénique conformément à l'article 1.5.8.

Résultats attendus du Groupe *ad hoc*

1) Proposer une liste d’espèces sensibles destinée à figurer dans l’article 11.8.2. du *Code aquatique.*

2) Proposer une liste d’espèces dont la sensibilité n'a pu être explicitement démontrée, destinée à figurer dans le paragraphe 2.2.2. du chapitre 2.3.7. du *Manuel aquatique*.

3) Proposer une liste d’espèces sensibles et d’espèces pour lesquelles les preuves permettant de démontrer leur sensibilité à l’infection par l’ISKNV sont jugées insuffisantes.

4) Élaborer et remettre un rapport à la Commission des animaux aquatiques afin que celle-ci l’examine lors de sa réunion de septembre 2022.

© Organisation mondiale de la santé animale (OMSA), 2023

Le présent document a été préparé par des spécialistes réunis par l'Organisation mondiale de la santé animale (OMSA). En attendant son adoption par l'Assemblée mondiale des Délégués, les points de vue qui y sont exprimés traduisent exclusivement l'opinion de ces spécialistes.

Toutes les publications de l'OMSA sont protégées par la législation internationale sur les droits d'auteur. Des extraits peuvent être copiés, reproduits, traduits, adaptés ou publiés dans des périodiques, documents, ouvrages, supports électroniques ou tout autre média destiné au public, dans un but informatif, éducatif ou commercial, sous réserve de l'autorisation écrite préalable de l'OMSA.

Les désignations et dénominations employées ainsi que la présentation des données de cette publication ne reflètent aucune prise de position de l'OMSA quant au statut de quelque pays, territoire, ville ou zone que ce soit, à leurs autorités, aux délimitations de leur territoire ou au tracé de leurs frontières.

Les points de vue exprimés dans les articles signés relèvent de la seule responsabilité de leurs auteurs. La mention de sociétés commerciales ou de produits fabriqués, brevetés ou non, n'implique pas que ces sociétés ou produits soient approuvés ou recommandés par l'OMSA de préférence à d'autres, de nature similaire et non cités.