



Infection par *Megalocytivirus pagrus1*

Information sur l'agent pathogène

1. AGENT RESPONSABLE

1.1. Type d'agent pathogène

Virus.

1.2. Nom et synonymes de la maladie

Infection par *Megalocytivirus pagrus1*.

La maladie iridovirale de la daurade rouge a été utilisée pour décrire une infection par le *génogroupe* de *M. pagrus1* de l'iridovirus de la daurade rouge (RSIV). Le syndrome à corps rougeâtre a été utilisé pour décrire l'infection par le *génogroupe* *M. pagrus1*, l'iridovirus à corps rougeâtre turbot (TRBIV).

1.3. Noms communs et synonymes des agents pathogènes

Il n'y a pas de nom commun ou de synonymes pour *M. pagrus1*.

1.4. Affiliation taxonomique

M. pagrus1 est une espèce du genre *Megalocytivirus*, qui appartient à la famille des *Iridoviridae*. Il existe actuellement trois *génogroupes* de *M. pagrus1* reconnus. Les *génogroupes* sont le VRS, le virus de la nécrose infectieuse de la rate et du rein (ISKNV) et le TRBIV (ICTV, 2024). Le Comité international de taxonomie des virus reconnaît *Megalocytivirus pagrus1*, avec les *génogroupes* RSIV, ISKNV et TRBIV au sein de cette espèce (ICTV, 2024).

1.5. Autorité (première description scientifique, référence)

Alors que la maladie causée par le VRCR a été signalée depuis les années 1980 chez les poissons d'ornement (Go et al., 2016), la première épidémie de maladie associée au VRSV a été enregistrée au Japon en 1990 (Inouye et al., 1992). Le virus de la nécrose infectieuse de la rate et du rein a été le premier *génogroupe* de *M. pagrus1* identifié, et la perche chinoise (*Siniperca chuatsi*) a été le premier hôte signalé du virus ISKNV (He et al., 2001; Kurita et Nakijima, 2012). En 2004, le virus a été signalé pour la première fois (Shi et coll., 2004).

1.6. Environnement du pathogène (eaux douces, saumâtres, marines)

L'infection par *M. pagrus1* peut survenir dans les environnements d'eau douce, saumâtres et marins (Johan et al., 2020).

2. MODES DE TRANSMISSION

2.1. Voies de transmission (horizontale, verticale, indirecte)

La transmission horizontale de *M. pagrus1* peut se produire par l'eau, la cohabitation, l'ingestion de déchets infectés et le cannibalisme (Go et coll., 2006; Johan et al., 2020). Plus récemment, Kawato et al. (2023) ont démontré que le risque de transmission horizontale par l'eau de mer infectée augmente avec l'augmentation de la charge virale dans l'eau. De plus, il a été démontré que le RSIV est plus susceptible de se propager entre les fermes piscicoles à système ouvert par les vecteurs passifs plutôt que par l'eau de mer (Kawato et coll., 2025).

Il n'y a aucune preuve de transmission verticale de *M. pagrus1*.

2.2. Réservoir

Les populations de poissons d'élevage (Kawato et al., 2023) et de poissons d'ornement dans le commerce de détail (Mohr et al., 2015) sont des réservoirs connus de *M. pagrus1*.

2.3. Facteurs de risque (température, salinité, etc.)

Les éclosions de maladies causées par le VRS ont surtout été observées pendant les mois d'été à des températures de l'eau de 25 °C et plus (Kurita et coll., 2012). He et al. (2002) ont montré que le virus de l'ISKNV provoquait une maladie chez le poisson mandarin (*Siniperca chuatsi*) à des températures supérieures à 20 °C seulement.

Il a été démontré que le *génogroupe* ISKNV se transmet entre les environnements d'eau douce et marins, démontrant une voie potentielle de propagation des agents pathogènes entre les populations marines et d'eau douce par le biais des espèces euryhalines (Go et al., 2019).

On en sait moins sur l'épidémiologie (y compris les facteurs de risque) du TRBIV. Cela est probablement dû au nombre réduit de dossiers d'éclosions de maladies causées par le TRBIV (par opposition au VRS et au VISN), et à la difficulté d'obtenir du matériel

positif au TRBIV pour la recherche expérimentale (Mohr et coll., 2015).

3. GAMME D'HÔTES

3.1. Espèces sensibles

La gamme d'hôtes de *M. pagrus1* comprend plus de 50 espèces de poissons marins et d'eau douce de 30 familles (OMSA, 2025).

Le génogroupe TRBIV infecte principalement les poissons plats (Shi et al., 2004), mais peut également provoquer des maladies chez barramundi (*Lates calcarifer*) (Go et al., 2016 ; Tsai et al., 2020). Le génogroupe TRBIV a été détecté pour la première fois dans des échantillons archivés de poissons d'ornement (Go et coll., 2016 ; Tsai et al., 2020).

Le génogroupe RSIV est un agent pathogène majeur des poissons d'élevage marins, notamment le barramundi (*Lates calcarifer*) (Girisha et al., 2020), la dorade rouge (*Pagrus major*) (Inouye et al., 1992), le couteau barré (*Oplegnathus fasciatus*) (Jung et Oh, 2000), la sériole japonaise (*Seriola quinqueradiata*) (Kawato et al., 2021), et le thon rouge du Pacifique (*Thunnus orientalis*) (Kawato et al., 2025).

L'ISKNV est le génogroupe le plus détecté chez les poissons d'ornement, y compris les espèces d'eau douce de cichlidés, les viviers, les gouramis, ainsi que les espèces marines comme le poisson cardinal de Banggai (*Pterapogon kauderni*) (Johan et al., 2020 ; Yanong et Waltzek, 2011). Il infecte également les poissons d'élevage marins et d'eau douce, y compris la perche chinoise (*Siniperca chuatsi*) (He et al., 2001), le tambour rouge (*Sciaenops ocellatus*) (Weng et al., 2002), barramundi (*Lates calcarifer*) (Zhu et al., 2021) et le tilapia du Nil (*Oreochromis niloticus*) (Figueiredo et al., 2022).

3.2. Stade de vie touché

Tous les stades de la vie sont touchés.

4. RÉPARTITION GÉOGRAPHIQUE

Les premières éclosions de génogroupes du VRS, du VISNV et du TRBIV ont eu lieu au Japon et en Chine (He et coll., 2001 ; Inouye et al., 1992 ; Shi et al., 2004). Depuis lors, l'aire de répartition géographique des génogroupes de *M. pagrus1* s'est étendue à l'ensemble de l'Asie du Sud-Est et au-delà, ayant maintenant touché des poissons en Inde, en Europe, aux États-Unis, au Moyen-Orient, en Afrique, en Amérique du Sud et en Australie (Alathari et al., 2024 ; Azad et al., 2024 ; Choi et al., 2024 ; Dinh-Hung et al., 2024 ; Fonseca Jr et al., 2022 ; Fusianto et al., 2023).

5. SIGNES CLINIQUES ET DESCRIPTION DU CAS

5.1. Tissus de l'hôte et organes infectés

Les principaux organes où la pathologie est observée sont la rate, les reins, le cœur, le foie, l'intestin et les branchies (Qin et al., 2023). Des cellules hypertrophiques ont été observées dans

l'œsophage, l'intestin et les muscles de poissons-zèbres moribonds infectés par l'ISKNV (Johan et al., 2020).

5.2. Observations macroscopiques et lésions macroscopiques

Les poissons infectés peuvent ne présenter aucun signe clinique (évident) de maladie. Lorsqu'ils sont présents, les signes cliniques visibles de l'extérieur comprennent une anémie sévère (indiquée par des branchies pâles), une nage anormale, des pétéchies dans les branchies, une hypertrophie (distension) de la rate et des reins, une hémorragie des nageoires et de la peau, des yeux saillants, de l'ascite et la distension coelomique associée (Koda et coll., 2018 ; Qin et coll., 2023).

5.3. Lésions microscopiques et anomalies tissulaires

Les signes histopathologiques d'infection comprennent l'hypertrophie des cellules dans des organes tels que la rate, le cœur, les reins, l'intestin ou les branchies (Dinh-Hung et al., 2024 ; Qin et al., 2023).

Les cellules infectées par le mégaloctivirus élargi sont à l'origine du nom de *mégaloctivirus* et sont appelées cellules porteuses de « corps d'inclusion » (ICTV, 2024).

5.4. Statut de l'OMSA

L'infection à *M. pagrus 1* est une maladie de la liste de l'OMSA et, en tant que telle, doit être notifiée à l'OMSA conformément à l'article 1.1.4. du Code aquatique.

6. IMPORTANCE SOCIALE ET ÉCONOMIQUE

L'infection par *M. pagrus1* peut entraîner une mortalité importante chez les poissons de consommation d'importance commerciale élevés dans le monde entier, notamment le barramundi (*Lates calcarifer*), le sériole à queue jaune (*Seriola lalandi*), le thon à nageoires jaunes (*Thunnus albacares*), la dorade rouge (*Pagrus major*), le turbot (*Scophthalmus maximus*) et le requin à mâchoires tachetées (*Oplegnathus punctatus*) (Kawato et coll., 2017 ; Kurita et al., 2002 ; Kurita et Nakajima, 2012, Liao et al., 2023 ; Shi et coll., 2010). Les espèces sensibles comprennent celles qui font l'objet d'un élevage intensif dans les pays à faible revenu, comme le tilapia du Nil (*Oreochromis niloticus*) (Alathari et al., 2024). De plus, *M. pagrus1* a également un impact négatif sur le commerce mondial des poissons d'ornement (Yanong et Waltzek, 2011).

Les populations d'espèces importantes sur le plan culturel, comme la morue de Murray (*Maccullochella peelii peelii*), un poisson d'eau douce originaire d'Australie, connaissent une mortalité allant jusqu'à 90 % lorsqu'elles sont infectées par le génogroupe ISKNV (Go et al., 2006).

7. IMPORTANCE ZOOTIQUE

Aucun.

8. MÉTHODE(S) DIAGNOSTIQUE(S)

8.1. Définition des cas suspects

L'infection peut être suspectée par l'apparition de taux de mortalité anormalement élevés ou la présence de signes macroscopiques de maladie.

8.2. Méthodes d'essai présumptives

L'examen de coupes histologiques de poissons malades peut être effectué comme méthode d'essai présumptif pour *M. pagrus1* et peut révéler des cellules anormalement hypertrophiées de la rate, du cœur, des reins, du foie, de l'intestin ou des branchies (ICTV 2024). L'histologie ne permet pas de distinguer les génogroupes des mégaloctivirus.

Un test d'immunofluorescence (IFA) a été mis au point pour la détection des génogroupes du RSIV et de l'ISKNV (Nakajima et al., 1995).

Des techniques moléculaires sensibles sont également disponibles pour le diagnostic présumptif, notamment la PCR conventionnelle, la PCR imbriquée, l'amplification isotherme médiée par boucle (LAMP) et la PCR en temps réel (Caipang et al., 2004 ; Kawato et coll., 2021 ; Mohr et coll., 2015 ; Rimmer et coll., 2012).

Le Groupe ad hoc de l'OMSA sur *Megalocytivirus pagrus1* a examiné les méthodes de PCR publiées pour l'infection par *M. pagrus1*, y compris l'accessibilité et les caractéristiques générales de performance, y compris la spécificité analytique. Les méthodes suivantes sont actuellement recommandées dans l'attente d'une évaluation plus approfondie par une comparaison interlaboratoire.

1. PCR en temps réel Koda (Koda et al., 2023)
2. PCR en temps réel de Cummins (Kawato et al., 2021)
3. PCR en temps réel de Rimmer (Rimmer et al., 2012)
4. PCR imbriquée conventionnelle de Rimmer (Rimmer et al., 2012)

Les deux premiers tests (1 et 2) sont des tests en temps réel basés sur des sondes. Le test 3, la PCR en temps réel de Rimmer (2012), est un test basé sur SYBR et le test 4 dans une PCR conventionnelle imbriquée. Ces tests détecteront *M. pagrus1*, mais ne différencieront pas le génogroupe.

8.3. Méthodes d'essai de confirmation

En plus d'une méthode primaire de PCR en temps réel, une PCR conventionnelle et une analyse de séquence sont nécessaires pour confirmer l'infection par *M. pagrus1*. L'analyse de séquence est nécessaire pour déterminer le génogroupe de *M. pagrus1* (c.-à-d. RSIV, ISKNV ou TRBIV).

9. MÉTHODES DE CONTRÔLE

Des mesures de biosécurité appropriées dans les établissements aquacoles avant et après l'ensemencement sont importantes pour prévenir l'introduction d'agents pathogènes d'animaux aquatiques importants (Subasinghe et al., 2023), y compris *M. pagrus1*.

Il est important de maintenir une qualité de l'eau élevée lors de l'élevage d'espèces sensibles, étant donné que l'on sait que les épidémies d'ISKNV s'intensifient avec la diminution de la qualité de l'eau (Azad et al., 2024).

Le stress est un facteur de risque majeur pour les maladies causées par les membres de la famille des *Iridoviridae* (y compris *M. pagrus1*). On sait que les épidémies de *M. pagrus1* sont présentes dans des fermes où les densités de peuplement sont élevées et où la température de l'eau fluctue (Qin et coll., 2023).

Le génogroupe ISKNV peut être inactivé à un pH de 11 et par traitement UV, dans certaines conditions (He et al., 2002). Un pour cent de Virkon inactive également l'ISKNV (Fusianto et al., 2019), ainsi qu'un traitement thermique à 50°C pendant 30 minutes (He et al., 2002) ou à 65 °C pendant 20 minutes (Fusianto et coll., 2019). Le génogroupe RSIV peut être inactivé avec un traitement thermique à 56 °C pendant 30 minutes ou avec du chloroforme ou du formol (0,1 %) (Nakajima et Sorimachi, 1994).

Le vaccin inactivé au formol est efficace pour réduire la mortalité due au VRSV et au VISNS et est disponible dans le commerce au Japon (Dong et coll., 2013 ; Nakajima et al., 1999). La reproduction d'une souche résistante au RSIV est signalée avec succès chez la dorade rouge (Sawayama et al., 2019).

10. RISQUE DE TRANSMISSION

Les facteurs qui augmentent le risque de transmission de *M. pagrus1* comprennent la mauvaise qualité de l'eau, la translocation de poissons cliniquement malades ou de poissons apparemment en bonne santé à la suite d'une épidémie. Le transfert de vecteurs passifs entre les milieux aquatiques, ainsi que les fluctuations (en particulier les augmentations) de la température augmentent également le risque de propagation de maladies (Azad et al., 2024 ; Kawato et al., 2025 ; Qin et coll., 2023).

11. INFORMATIONS UTILES SUPPLÉMENTAIRES

L'infection par le RSIV est répertoriée par le Réseau des centres d'aquaculture en Asie-Pacifique (NACA). L'infection par le ISKNV et le TRBIV ne sont pas répertoriés par le NACA.

Références

- ALATHARI S., JOSEPH A., BOLAÑOS L.M., STUDHOLME D.J., JEFFRIES A.R., APPENTENG P., DUODU K.A., SAWYERR E.B., PALEY R., TYLER C. R. & TEMPERTON B. (2024). In field use of water samples for genomic surveillance of infectious spleen and kidney necrosis virus (ISKNV) infecting tilapia fish in Lake Volta, Ghana. *PeerJ*, **12**, e17605.
- AZAD I.S., AL-YAQOUT A., EL-DAKOUR S., KAWAHARA S. & AL-ROUMI M. (2024). First record of iridovirus (ISKNV) infections in Fourfinger threadfin from Kuwait. *J. King Saud Uni. - Science*, **36**, 103393. <https://doi.org/10.1016/j.jksus.2024.103393>
- CAIPANG C.M.A., HARAGUCHI I., OHIRA T., HIRONO I. & AOKI T. (2004). Rapid detection of a fish iridovirus using loop-mediated isothermal amplification (LAMP). *J. Virol. Methods*, **121**, 155–161.
- CHOI S.W., JEONG Y.J., JEONG Y.S. & KIM K.I. (2024). Genetic and pathogenic characteristics of infectious spleen and kidney necrosis virus isolated from dwarf gourami (*Trichogaster lalius*) imported into Korea. *Aquaculture*, **593**, 741297. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2024.741297>
- DINH-HUNG N., DONG H.T., PHIWSAIYA K., TAENGPU S., LINH N.V., CHATCHAIPHAN S., RODKHUM C., MAI H.N., DHAR A.K., & SENAPIN S. (2024). First report of natural infection with infectious spleen and kidney necrosis virus (ISKNV) associated with disease outbreaks in two gourami species (*Trichopodus* spp.). <https://www.researchsquare.com/article/rs-4774773/latest>
- DONG C.F., XIONG X.P., LUO Y., WENG S., WANG Q. & HE J. (2013) Efficacy of a formalin-killed cell vaccine against infectious spleen and kidney necrosis virus (ISKNV) and immunoproteomic analysis of its major immunogenic proteins. *Vet. Microbiol.*, **162**, 419e28.
- FIGUEIREDO H.C.P., TAVARES G.C., DORELLA F.A., ROSA J.C.C., MARCELINO S.A.C, PIEREZAN F & PEREIRA F.L. (2022) First report of infectious spleen and kidney necrosis virus in Nile tilapia in Brazil. *Transbound. Emerg. Dis.*, **69**, 3008–3015.
- FONSECA A.A, LAHUARDIA-NASCIMENTO M., SCOTA FERREIRA A.P., PINTO C.A., PEREIRA FREITAS T.R., RIVETTI JUNIOR A.V., FERREIRA HOMEM V.s. & CARMAGOS M.F. (2022) Detection of megalocytivirus in *Oreochromis niloticus* and *Pseudoplatystoma corruscans* in Brazil. *Dis. Aquat. Organ.*, **149**, 25–32.
- FUSIANTO C.K., BECKER J.A., SUBRAMANIAM K., WHITTINGTON R.J., KODA S.A., WALTZEK T.B., MURWANTOKO, & HICK P.M. (2023). Genotypic Characterization of Infectious Spleen and Kidney Necrosis Virus (ISKNV) in Southeast Asian Aquaculture. *Transbound. Emerg. Dis.*, **2023**, 6643006.
- FUSIANTO C., HICK P.M. & BECKER J.A. (2019). Stability of infectious spleen and kidney necrosis virus and susceptibility to physical and chemical disinfectants. *Aquaculture*, **506**, 104–111. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2019.03.024>
- GIRISHA S.K., PUNEETH T.G., NITHIN M.S., NAVEEN KUMAR B.T., AJAY S.K., VINAY T.N., SURESH T., VENUGOPAL M.N. & RAMESH K.S. (2020). Red sea bream iridovirus disease (RSIVD) outbreak in Asian seabass (*Lates calcarifer*) cultured in open estuarine cages along the west coast of India: First report. *Aquaculture*, **520**, 734712.
- GO J., LANCASTER M., DEECE K., DHUNGYEL O. & WHITTINGTON R. (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. *Molec. Cell. Probes*, **20**, 212–222.
- GO J., WALTZEK T.B., SUBRAMANIAM K., YUN S.C., GROFF J.M., ANDERSON I.G., CHONG R., SHIRLEY I., SCHUH J.C., HANDLINGER J.H., TWEEDIE A. & WHITTINGTON R. (2016). Detection of infectious spleen and kidney necrosis virus (ISKNV) and turbot reddish body iridovirus (TRBIV) from archival ornamental fish samples. *Dis. Aquat. Organ.*, **122**, 105–123. <https://doi.org/10.3354/dao03068>
- GO J. & WHITTINGTON R. (2019). Experimental transmission of infectious spleen and kidney necrosis virus (ISKNV) from freshwater ornamental fish to silver sweep *Scorpius lineolata*, an Australian marine fish. *Dis. Aquat. Organ.*, **137**, 1–21.
- HE J.G., DENG M., WENG S.P., LI Z., ZHOU S.Y., LONG Q.X., WANG X.Z. & CHAN S.-M. (2001). Complete genome analysis of the mandarin fish infectious spleen and kidney necrosis iridovirus. *Virology*, **291**, 126–139.
- 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. [https://doi.org/10.1016/S0044-8486\(01\)00639-1](https://doi.org/10.1016/S0044-8486(01)00639-1)
- INOUE K., YAMANO K., MAENO Y., NAKAJIMA K., MATSUOKA M., WADA Y. & SORIMACHI M. (1992). Iridovirus infection of cultured red sea bream, *Pagrus major*. *Fish Pathol.*, **27**, 19–27.
- INTERNATIONAL COMMITTEE FOR THE TAXONOMY OF VIRUSES (2024) ICTV Report Chapters, Genus: Megalocytivirus. <https://ictv.global/report/chapter/iridoviridae/iridoviridae/megalocytivirus>.
- JOHAN C.A.C. & ZAINATHAN S.C. (2020). Megalocytiviruses in ornamental fish: A review. *Vet. World*, **13**, 2565.
- 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. *J. Fish Dis.*, **23**, 223–226.
- 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. (2021). Development of New Real-time PCR Assays for Detecting Megalocytivirus Across Multiple Genotypes. *Fish Pathol.*, **56**, 177–186. <https://doi.org/10.3147/jfsf.56.177>

- KAWATO Y., TAKADA Y., MIZUNO K., HARAKAWA S., YOSHIHARA Y., NAKAGAWA Y., KUROBE T., KAWAKAMI H. & ITO T. (2023). Assessing the transmission risk of red sea bream iridovirus (RSIV) in environmental water: insights from fish farms and experimental settings. *Microbiol. Spectrum*, **11**, 01567-23.
- KAWATO Y., TAKADA Y., MATSUYAMA T., KUROBE T., HONRYO T., SHIRAKASHI S., & MASUMA S. (2025). Aquaculture equipment as a fomite for transmission of red sea bream iridovirus: Insights from a case study for assessing Cross-Contamination. *J. Fish Dis.*, 0:e14103. <https://doi.org/10.1111/jfd.14103>
- 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. *Dis. Aquat. Organ.*, **130**, 11–24. doi: 10.3354/dao03250.
- KODA S.A., SUBRAMANIAM K., HICK P.M., HALL E., WALTZEK T.B., BECKER J.A. (2023). Partial validation of a TaqMan quantitative polymerase chain reaction for the detection of the three genotypes of Infectious spleen and kidney necrosis virus. *PLoS One*, 3:18(2):e0281292.
- KURITA J. & NAKAJIMA K. (2012). Megalocytiviruses (Review). *Viruses*, **4**, 521–538. doi: [10.3390/v4040521](https://doi.org/10.3390/v4040521)
- KURITA J., NAKAJIMA K., HIRONO I. & AOKI T. (2002). Complete genome sequencing of Red Sea Bream Iridovirus (RSIV). *Fish. Sci.*, **68**, 1113–1115. https://doi.org/10.2331/fishsci.68.sup2_1113.
- LIAO J., KANG S., ZHANG L., ZHANG D., XU Z., QIN Q. & WEI J. (2023). Isolation and identification of a megalocytivirus strain (SKIV-TJ) from cultured spotted knifejaw (*Oplegnathus punctatus*) in China and its pathogenicity analysis. *Fish Shellfish Immunol.*, **141**, 109034. <https://doi.org/10.1016/j.fsi.2023.109034>.
- MOHR P.G., MOODY N.J., WILLIAMS L.M., HOAD J., CUMMINS D.M., DAVIES K.R. & CRANE M.S. (2015). Molecular confirmation of infectious spleen and kidney necrosis virus (ISKNV) in farmed and imported ornamental fish in Australia. *Dis. Aquat. Organ.*, **116**, 103–110.
- NAKAJIMA K., MAENO Y., FUKUDOME M., FUKUDA Y., TANAKA S., MATSUOKA S. & SORIMACHI M. (1995). Immunofluorescence test for the rapid diagnosis of red sea bream iridovirus infection using monoclonal antibody. *Fish Pathol.*, **30**, 115-119.
- NAKAJIMA K., MAENO Y., HONDA A., YOKOYAMA K., TOORIYAMA T., MANABE S. (1999). Effectiveness of a vaccine against red sea bream iridovirus disease in a field trial test. *Dis. Aquat. Organ.*, **36**, 73–75.
- NAKAJIMA K. & SORIMACHI M. (1994). Biological and physico-chemical properties of the iridovirus isolated from cultured red sea bream, *Pagrus major*. *Fish Pathol.*, **29**, 29–33.
- QIN P., MUNANG'ANDU H.M., XU C. & XIE J. (2023). Megalocytivirus and Other Members of the Family *Iridoviridae* in Finfish: A Review of the Etiology, Epidemiology, Diagnosis, Prevention and Control. *Viruses*, **15**, 1359. <https://doi.org/10.3390/v15061359>
- 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 iridovirus (DGIV) and other megalocytiviruses and comparison with the Office International des Epizooties (OIE) reference PCR protocol. *Aquaculture*, **358**, 155–163.
- 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. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2019.03.039>
- 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.
- SUBASINGHE R., ALDAY-SANZ V., BONDAD-REANTASO M.G., JIE H., SHINN A.P. & SORGELOOS P. (2023). Biosecurity: Reducing the burden of disease. *J. World Aquaculture Soc.*, **54**, 397–426.
- TSAI J.-M., HUANG S.-L. & YANG C.-D. (2020). PCR Detection and Phylogenetic Analysis of Megalocytivirus Isolates in Farmed Giant Sea Perch *Lates calcarife* in Southern Taiwan. *Viruses*, **12**, 681. <https://doi.org/10.3390/v12060681>
- 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. *J. Fish Dis.*, **25**, 681-685.
- WOAH (2025). Chapter 2.3.x Infection with *Megalocytivirus pagrus1* (formerly red seabream iridovirus). In: Manual of Diagnostic Tests for Aquatic Animals, WOA, Paris, France.
- YANONG R.P. & WALTZEK T.B. (2011). Megalocytivirus infections in fish, with emphasis on ornamental species. Publication FA182. University of Florida, Institute of Food. <https://doi.org/10.32473/edis-fa182-2010>
- 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.