

Surveillance des dangers sanitaires de première catégorie pour les poissons d'élevage et état des lieux de la détection de virus émergents sur la période 2016 - 2020

Marine Baud¹, Laurent Bigarré¹, Joëlle Cabon¹, Thierry Morin¹, Laurane Pallandre¹, Isabelle Guerry², Lénaïg Louboutin¹

Auteur correspondant : lnr.poissons@anses.fr

¹ Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort, Unité Virologie, immunologie et écotoxicologie des poissons, Laboratoire National de Référence (LNR) pour les maladies réglementées des poissons, France

² Direction générale de l'Alimentation, Bureau de la santé animale, Paris, France

Résumé

Durant les dernières décennies, la généralisation de l'élevage mono-spécifique intensif dans la filière piscicole et l'intensification des échanges de poissons et semences ont complexifié la gestion sanitaire des élevages dans les bassins de production en favorisant l'émergence d'agents pathogènes tels que les rhabdovirus responsables de la septicémie hémorragique virale (SHV) et de la nécrose hématopoïétique infectieuse (NHI). Une surveillance appropriée, qui concerne en premier lieu les élevages de salmonidés (qui occupent la première place dans la production piscicole française) mais également la pisciculture d'étang, a été mise en place pour contrôler ces maladies. Elle a été renforcée en 2017 par le lancement d'un Plan National d'Eradication et de Surveillance (PNES) soutenu financièrement par l'Union Européenne, plan dont l'objectif est d'obtenir à moyen terme le statut indemne pour la SHV et de NHI pour l'ensemble du territoire français. Sur la période 2016-2020, les résultats de la surveillance confirment le maintien d'une situation sanitaire stable sur le territoire vis-à-vis de ces deux maladies mais également de l'herpès-virose de la carpe (HVC), détectée régulièrement depuis plus d'une décennie en France.

Mots-clés

Poissons, maladies virales, dangers sanitaires de 1ère catégorie, septicémie hémorragique virale (SHV), nécrose hématopoïétique infectieuse (NHI), herpès-virose de la carpe (HVC), anémie infectieuse du saumon (AIS).

Abstract

Surveillance of key health hazards of first category for reared fish and update of emerging viruses from 2016 to 2020

In these last decades, generalization of monospecies intensive farming in fish field as well as fish trade increase have complicated sanitary management by favouring the emergence and spread of pathogens such as rhabdoviruses responsible for Viral Haemorrhagic Septicaemia (VHS) and Infectious Hematopoietic Necrosis (IHN). A suitable surveillance, dedicated first to salmonid fish farms (main production in French fish farm industry) but also to the extensive pond production, was set up to better control those diseases. It was reinforced in 2017 by a national plan for eradication and surveillance of VHS and IHN coordinated by the French general directorate of food (DGAI) and financially supported by the European Union, which has the objective to obtain a free disease status for VHS and IHN for the whole metropolitan territory. Within the years 2016-2020, surveillance result analyses confirmed a stable sanitary situation on the territory regarding those two diseases but also regarding koi herpesvirus disease (KHD), regularly detected since more than ten years in France.

Keywords

Fish, Viral diseases, First category health hazards, VHS, IHN, KHV, ISA

Chez les poissons d'élevage, quatre maladies virales anciennement répertoriées comme maladies réputées contagieuses (MRC), sont définies aujourd'hui comme dangers sanitaires de première catégorie par le code rural et de la pêche maritime et l'arrêté ministériel du 29 juillet 2013 (**Tableau 1**). Les deux principales sont la septicémie hémorragique virale (SHV) et la nécrose hématopoïétique infectieuse (NHI), occasionnellement mises en évidence sur le territoire métropolitain. La troisième, l'herpès-virose de la carpe (HVC), qui a été détectée sporadiquement dès 2001 sur le territoire, fait l'objet de déclarations plus régulières depuis 2011. En ce qui concerne la quatrième, l'anémie infectieuse du saumon (AIS), la France en est indemne.

Les maladies réglementées de la SHV et de la NHI font l'objet d'une surveillance, conformément à la directive européenne 2006/88/CE et à la décision (UE) 2015/1554, avec des exigences sanitaires ayant pour objectifs de protéger les élevages et de faciliter les échanges commerciaux. Le règlement (UE) 2016/429 dit Loi de Santé Animale (LSA), entré en application le 21 avril 2021, fait évoluer la classification des agents infectieux au travers de la création de 5 catégories, de A à E. Les pathogènes vAIS, vSHV et vNHI intègrent les catégories C, D et E (C - maladie soumise à contrôle volontaire des États Membres (EM), éradication volontaire ; D - maladie pour laquelle des restrictions aux mouvements entre EM s'appliquent et E - maladie soumise à surveillance) et le virus de la HVC, dont l'agent est le Koï Herpes Virus (KHV) ou Cyprinid Herpes Virus de type 3 (CyHV3), est passé en catégorie E.

Bien d'autres virus, non listés, émergents pour certains, ayant une incidence économique potentielle en élevage, circulent sur le territoire français et peuvent également faire l'objet d'analyses virologiques. Il s'agit essentiellement des Nodavirus (chez le bar ou la daurade), du virus de la Nécrose Pancréatique Infectieuse (vNPI), de Togavirus (Alphavirus de la Maladie du Sommeil et de la Maladie du Pancréas), de Rhabdovirus (Virémie Printanière de la Carpe, Rhabdovirus de Perche, etc.), du virus de l'Œdème de la Carpe (CEV), d'Iridovirus, d'Herpes Virus ou encore de Réovirus (PRV 1 et 3).

Résultats de la surveillance sur la période 2016-2020

Dans le cadre des surveillances programmées et événementielles, 17 598 analyses ciblant les virus de

la SHV et de la NHI ont été réalisées par les laboratoires agréés et le LNR entre 2016 et 2020. La recherche de CyHV3 a quant à elle fait l'objet de 470 analyses.

Surveillance de la SHV

Douze foyers positifs en vSHV ont été détectés entre 2016 et 2020. L'Est de la France reste une région particulièrement touchée par ce pathogène.

En 2016, un foyer a été rapporté en Moselle, dans un élevage de salmonidés impacté de manière récurrente par cette maladie. Une enquête épidémiologique menée par la DDPP de ce département a permis de mettre en évidence la présence de vSHV chez des brochets, *Esox lucius*, dans un étang appartenant au propriétaire de la salmoniculture citée précédemment. Certains de ces brochets ont également été détectés porteurs de vNHI et certains se sont révélés positifs pour les deux virus (Cabon *et al.*, 2020). Bien que l'enquête n'ait pas permis d'établir un lien direct entre les virus détectés chez les brochets et les Truites Arc-en-ciel (TACs) de la pisciculture touchée, ces données confirment le rôle potentiel de vecteur de cette espèce.

En juin 2017, suite à des prélèvements réalisés dans le cadre de contrôles officiels, un foyer de SHV a été détecté en Haute-Saône dans une pisciculture élevant des salmonidés (virus détecté sur des TACs). Étonnamment, aucun signe clinique n'a été associé à ce foyer. Un foyer en lien épidémiologique avec ce dernier a été répertorié en début d'année 2018 dans le même département. De la même façon, aucune manifestation clinique caractéristique de rhabdovirose n'a été observée. Les deux souches isolées dans ces deux établissements présentaient une identité nucléotidique quasi parfaite sur le gène de la glycoprotéine G (1 nucléotide différent / 1524 nucléotides analysés). La même année, le vSHV a été isolé à partir de TACs dans un étang de pêche du Haut-Rhin ainsi que dans une pêcherie récréative du Rhône. Le séquençage des souches de Haute-Saône, du Haut-Rhin, et du Rhône, a mis en évidence des identités nucléotidiques très proches avec des souches mosellanes caractérisées au cours des années précédentes (minimum de 99,7% d'identité nucléotidique, soit 4 nucléotides différents sur 1524 nucléotides). Ainsi, compte-tenu de la plasticité du génome des rhabdovirus de type vSHV, les résultats de séquençage des souches précédemment citées sont en faveur d'une seule et même souche qui aurait évolué naturellement sur la période 2016 à 2018.

Tableau 1. Classification actuelle et dans la LSA des maladies réglementées des poissons, agents pathogènes associés et situation sanitaire au 1^{er} octobre 2021 en France

Maladie	Agent (genre)	Réglementation nationale	Situation sanitaire au 01/10/2021	Classification dans la LSA
Septicémie hémorragique virale (SHV)	vSHV (Novirhabdovirus)	Danger sanitaire de 1 ^{ère} catégorie	Présence	CDE
Nécrose hématopoïétique infectieuse (NHI)	vNHI (Novirhabdovirus)		Présence	CDE
Herpès-virose de la carpe (HVC)	KHV ou CyHV3 (Herpesvirus)		Présence	E
Anémie infectieuse du saumon (AIS) Génotype délété dans la région RHP (région hautement polymorphique)	vAIS (Orthomyxovirus)		Absence	CDE

Encadré 1. Evolution du virus de la Septicémie hémorragique virale

Les études réalisées sur une grande diversité d'isolats de vSHV couvrant l'ensemble des génotypes ont permis d'établir que, pour le gène codant la glycoprotéine, le taux de substitution nucléotidique varie entre $1,72 \times 10^{-3}$ et $2,80 \times 10^{-4}$ substitution/site/an (Einer-Jensen *et al.*, 2004; Pierce and Stepien, 2012 ; He *et al.*, 2014). Pour un gène de la taille de la glycoprotéine virale, cela représente un nombre théorique de substitutions nucléotidiques de 0,43 et 2,62 par an. Des approches ciblées spécifiquement sur des souches de génotype la ont estimé le taux moyen de substitution de ce génotype entre $1,74 \times 10^{-3}$ et $6,01 \times 10^{-4}$ (soit 0,91 à 2,65 substitutions par an) (Einer-Jensen *et al.*, 2004 ; He *et al.*, 2014).

Début 2019, dans le département de la Meuse, un nouveau foyer a été observé. La caractérisation génétique de la souche isolée a démontré une identité très proche avec des isolats détectés en Belgique entre 2018 et 2019.

Enfin, en 2020, le virus de la SHV a été détecté dans une pisciculture du Doubs dans le cadre d'un programme d'acquisition de statut indemne et en l'absence de symptômes. Une pisciculture en lien hydrique a également été trouvée positive au vSHV.

La **figure 1** propose une illustration de la proximité génétique des souches de vSHV mises en évidence sur le territoire ces dernières années. Cette représentation met en évidence la forte identité nucléotidique entre les souches isolées dans l'Est de la France entre 2013 et 2020, avec un minimum d'identité de 98,4% sur le gène G de la glycoprotéine d'enveloppe (24 mutations ponctuelles au maximum sur une séquence de 1524 nucléotides).

Surveillance de la NHI

Neuf foyers de NHI ont été répertoriés sur la période. Mise à part la détection de vNHI sur les brochets de Moselle en 2016, tous ces foyers étaient localisés exclusivement en Normandie jusqu'en

2018. L'absence de désinfection de sites historiquement infectés et les transferts de poissons entre sites appartenant à un même propriétaire ont favorisé la circulation du virus sur plusieurs bassins versants. Les sites initialement infectés ont depuis tous subi des désinfections et des périodes de vides sanitaires avant d'être rempoissonnés avec des animaux de statut sanitaire contrôlé. Le dernier foyer en date a été détecté fin 2020, dans le département du Var, après observation d'une mortalité anormale dans une pisciculture. Ce phénomène a fait suite à des intempéries ayant entraîné une dégradation de la qualité des eaux alimentant les bassins de la structure. Le séquençage partiel de la souche isolée a permis de mettre en évidence une identité nucléotidique de plus de 97% avec des souches ayant circulé dans la région en 2003-2004. Ces données génétiques soutiennent l'hypothèse d'une résurgence, suite à une dégradation des conditions sanitaires de l'élevage, d'une souche de NHI présente dans l'environnement depuis de nombreuses années.

La **figure 2** représente les foyers de SHV et NHI identifiés entre 2016 et 2020 sur le territoire français.

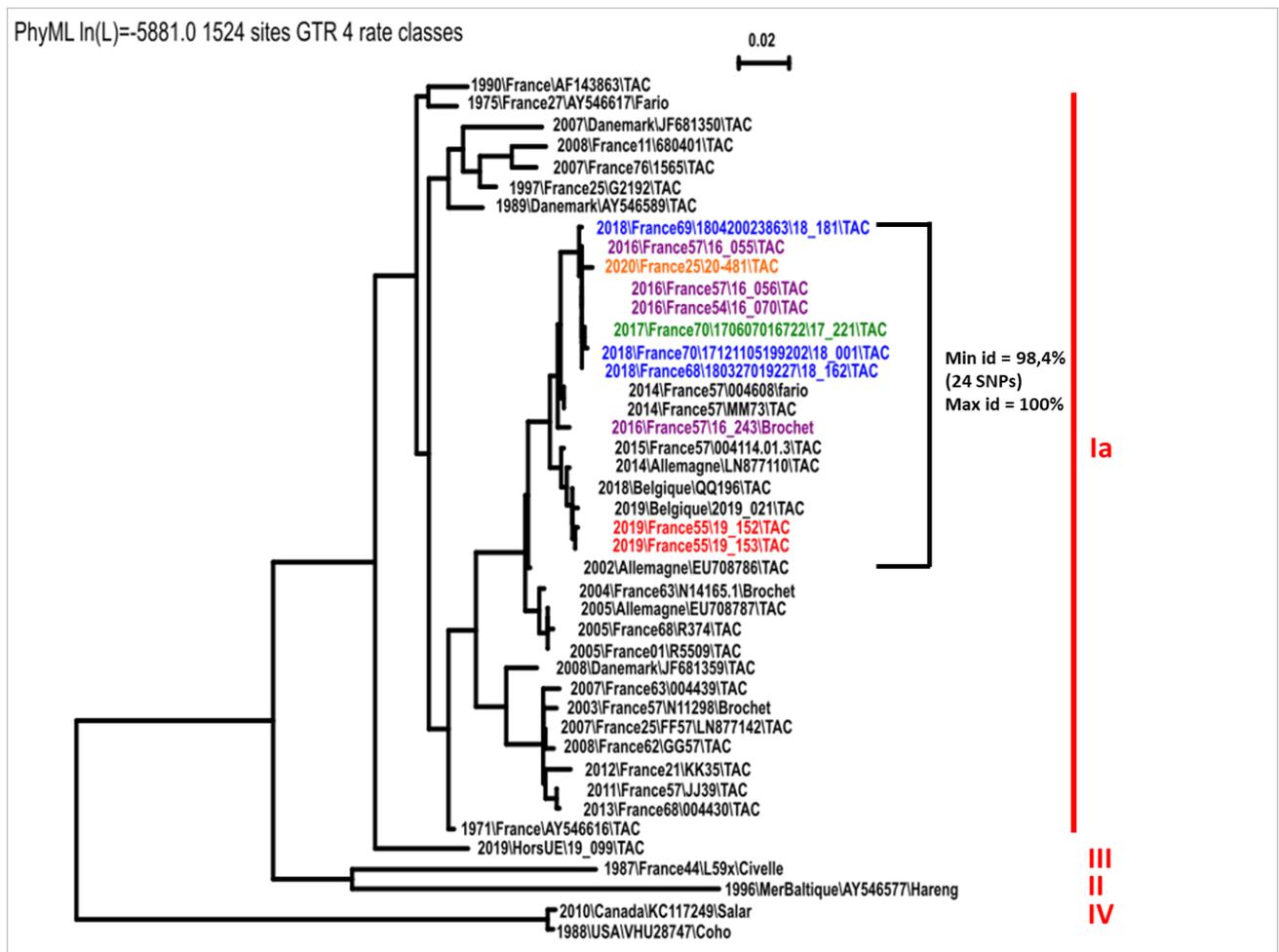


Figure 1. Représentation phylogénétique d'une sélection d'isolats de vSHV isolés en France et dans le monde entre 1971 et 2020, intégrant l'ensemble des souches isolées en France entre 2016 et 2020 caractérisées génétiquement au LNR. Phylogénie réalisée avec Seaview, en aLRT avec le modèle GTR, après alignements de séquences complètes du gène codant la glycoprotéine G (1524 nucléotides). Les isolats français de 2016 (en mauve), de 2017 (en vert), de 2018 (en bleu), de 2019 (en rouge), et de 2020 (en orange) présentent une identité nucléotidique d'au moins 98,4%, soit un maximum de 24 nucléotides différents sur une séquence de 1524 nucléotides. Les génotypes d'appartenance (Ia, II, III, et IV), apparaissent sur le côté droit de la figure, en rouge (selon classification Einer-Jensen et al. 2004).

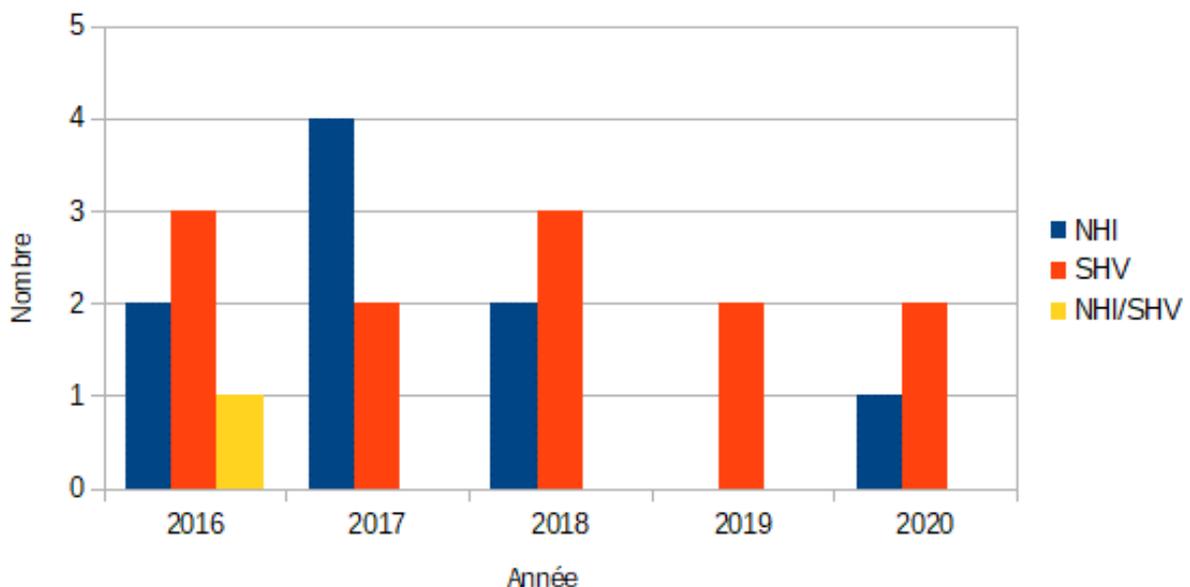


Figure 2. Évolution du nombre de foyers de SHV et NHI identifiés en France de 2016 à 2020

Surveillance de la HVC

La détection de foyers de HVC est relativement stable depuis quelques années, avec en moyenne 1 à 2 cas détectés par an, mais très probablement sous-évaluée. Il s'agit en règle générale de cas de mortalités survenant suite à l'introduction de poissons dans un environnement aquatique (bassins de particuliers, jardins publiques, aquariums, ...), poissons souvent importés (principalement depuis le Japon, en passant par des grossistes intermédiaires).

Au niveau Européen

Au niveau Européen, l'examen des données de surveillance sur la période 2016-2020 (données EURL¹) ne met pas en évidence d'augmentation significative des cas de SHV. L'Allemagne, qui dispose d'un très large réseau d'étangs, est le pays qui a rapporté le plus de foyers, et la Belgique a fait remonter quelques cas. Pour le reste des EM, la détection du virus reste globalement soit sporadique, soit stable. Pour la NHI, un premier foyer mis en évidence en Finlande (3 fermes touchées ainsi que 2 étangs de pêche récréative) est à noter. Le CyHV3 est, quant à lui, toujours très présent dans la filière étang en Allemagne, au Royaume-Uni et dans de nombreux pays d'Europe de l'Est.

Le Programme National d'Eradication et de Surveillance (PNES)

Définition

Le programme national d'éradication et de surveillance (PNES) de la SHV et de la NHI a été initié en vue d'obtenir la qualification indemne pour ces maladies de l'ensemble du territoire métropolitain. La démarche, initiée par les professionnels, a été rendue possible grâce une meilleure indemnisation des foyers depuis fin 2016, dans des conditions équivalentes aux autres espèces. Le PNES est mis en œuvre en application de l'arrêté du 27 juin 2018. Il conduit à l'amélioration du niveau sanitaire global des piscicultures et au renforcement des mesures de biosécurité. Il permettra de réduire les risques d'introduction de maladies dans les élevages ainsi que dans le milieu naturel. A terme, ce programme sécurisera et diminuera les contraintes liées aux mouvements de poissons et garantira un statut

sanitaire favorable pour les échanges et les exportations.

Statut sanitaire des fermes aquicoles

Le PNES a permis d'accélérer la mise en œuvre de programmes d'acquisition de statut indemne, qui durent 2 ou 4 ans, et la reconnaissance des statuts sanitaires selon la procédure particulière aux animaux aquatiques impliquant une déclaration à la Commission européenne, aux Etats-membres et aux pays de l'Espace économique européen. Alors que, de 2016 à 2019, le statut indemne pour la SHV et la NHI était reconnu pour 6 établissements en moyenne annuelle, ce nombre s'est accru à 23 établissements pour l'année 2020.

Le statut sanitaire des zones et compartiments est publié sur la page suivante :

<https://agriculture.gouv.fr/maladies-des-animaux-aquatiques>

Problématique de la filière étang

En France, la filière étang constitue l'une des 3 branches de la pisciculture et la deuxième production, après la salmoniculture et avant la pisciculture marine. La pisciculture extensive en étang a tendance à décroître en raison des contraintes environnementales (vidange des étangs, sécheresses, protection contre les espèces prédatrices comme les cormorans). La production et le négoce de poissons blancs, tels que le brochet, reposent donc en partie sur des importations de poissons de statut indéterminé en provenance majoritairement d'Europe de l'Est. Des discussions ont été engagées avec les fournisseurs concernés et leurs administrations afin d'explorer les possibilités de mise en œuvre d'un programme d'acquisition de statut indemne pour lequel ils pourraient bénéficier de l'expérience acquise en France.

Circulation des virus non réglementés et émergents en France et en Europe

En complément des virus responsables de maladies réglementées, le LNR et son réseau de laboratoires ont été amenés à détecter divers autres virus sur la période écoulée.

La filière salmonidés est particulièrement affectée par le virus de la nécrose pancréatique infectieuse (vNPI), qui touche plus particulièrement les stades précoces de développement (inférieurs à 1500 degrés-jour). Outre les contrôles en virologie

¹ <https://www.eurl-fish-crustacean.eu/fish/survey-and-diagnosis>

cellulaire réalisés par les laboratoires agréés, le LNR a été régulièrement sollicité pour rechercher des anticorps anti-vNPI par séroneutralisation (selon méthode interne accréditée MO.VIMEP.ESS.MS8), la mise en évidence d'anticorps spécifiques de ce virus étant un moyen efficace de sélection de géniteurs indemnes au sein d'une population.

Un pathogène émergent, le piscine réovirus (PRV), est devenu ces dernières années un sujet d'inquiétude pour les éleveurs de truites et de saumons. Ce virus est responsable du syndrome HSMI (Heart and Skeletal Muscle Inflammation). Les premiers cas de HSMI en France, associés à des souches PRV de type 3, ont été détectés sur des truites farios et Arc-en-ciel, avec une propagation sur deux sites en Aquitaine. Ce virus a également été mis en évidence sur saumons d'élevage en 2016 en France (PRV de type 1), puis sur saumons sauvages en 2017 (Bigarré *et al.*, 2018). L'émergence en France de plusieurs génotypes de PRV, identifiés sur diverses espèces de salmonidés dont la TAC, et parfois associée à des pathologies sévères, est très préoccupante.

Pour la filière étang, le Carp Edema Virus (CEV) est un pathogène désormais notoire touchant les carpes communes et Koï. Il se caractérise par des états léthargiques, avec des poissons se couchant sur le flanc et pouvant reprendre une activité après stimuli. De très fortes mortalités (pouvant aller jusqu'à 100% d'un élevage) ont déjà été décrites pour cette infection. Le LNR, qui a mis en place une

analyse moléculaire ciblant ce pathogène, a pu révéler 63 échantillons positifs sur la période (Baud *et al.*, 2021). On constate que les propriétaires d'étang ne sont pas encore suffisamment sensibilisés à cette pathologie (la découverte de carpes mortes au printemps est historiquement souvent attribuée à la présence du rhabdovirus de la Virémie Printanière de la Carpe - VPC), et le nombre de cas détecté est donc probablement très peu représentatif de la prévalence réelle.

Les poissons marins sont également touchés par divers pathogènes, parmi lesquels le betanodavirus, détecté notamment chez des bars d'élevage et des mérous sauvages en Méditerranée en 2015 et 2019. L'impact du réchauffement climatique sur l'évolution épidémiologique de ce virus sera à surveiller ces prochaines années.

Dans le cadre du programme de repeuplement de l'anguille, le LNR a analysé plusieurs dizaines de lots de civelles avant déversement au niveau des estuaires. Le rhabdovirus de l'anguille, Eel Virus European X (EVEX), a été régulièrement retrouvé dans les échantillons testés.

Enfin, lorsque des virus inconnus sont isolés par culture cellulaire, ils sont généralement caractérisés par séquençage complet via la plateforme nationale de génomique de l'Anses (unité GVB - Anses Ploufragan). Plusieurs pathogènes potentiels sont ainsi en cours de caractérisation.

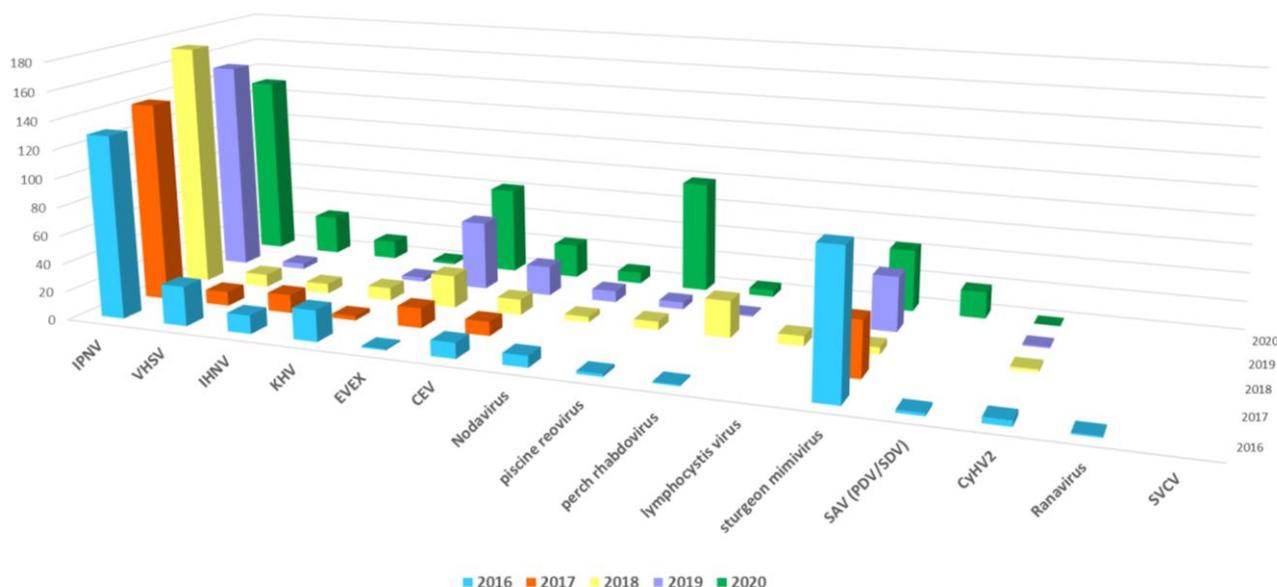


Figure 3. Répartition des analyses positives réalisées par le réseau des laboratoires agréés et le LNR en France sur la période 2016-2020. Le nombre d'échantillons positifs est représenté par année et par pathogène

Références bibliographiques

Agreste, 2011. Recensements 2008 de la salmoniculture et de la pisciculture marine et des élevages d'esturgeons. Agreste Les Dossiers. 11, 5.

Bigarré, Laurent, P. M. Boitard, Sophie Labrut, and Mathieu Jamin. 2018. "SHORT ITEM. Emergence of HSMI syndrome on salmonids in France." *Bulletin Epidémiologique, Santé Animale et Alimentation*, 85 (Juillet 2018)

Baud, M., L. Pallandre, F. Almeras, L. Maillet, D. Stone, and L. Bigarré. 2021. "Genetic diversity of the carp oedema virus in France." *J Fish Dis*. doi: 10.1111/jfd.13474.

Cabon, J., F. Almeras, M. Baud, L. Pallandre, T. Morin, and L. Louboutin. 2020. "Susceptibility of pike *Esox lucius* to VHSV and IHNV and potential transmission to rainbow trout *Oncorhynchus mykiss*." *Dis Aquat Organ* 139: 175-187. <https://doi.org/10.3354/dao03474>.

Décision d'exécution (UE) 2015/1554 de la Commission du 11 septembre 2015 portant modalités d'application de la directive 2006/88/CE en ce qui concerne les exigences relatives à la surveillance et aux méthodes de diagnostic.

Directive d'exécution 2014/22/UE de la Commission du 13 février 2014 modifiant l'annexe IV de la Directive 2006/88/EC du Conseil en ce qui concerne l'anémie infectieuse du saumon (AIS). JOUE 14/02/2014 L44/45.

Einer-Jensen, K., P. Ahrens, R. Forsberg, and N. Lorenzen. 2004. "Evolution of the fish rhabdovirus viral haemorrhagic septicaemia virus." *J Gen Virol* 85 (Pt 5): 1167-1179. <https://doi.org/10.1099/vir.0.79820-0>.

He, M., X. C. Yan, Y. Liang, X. W. Sun, and C. B. Teng. 2014. "Evolution of the viral hemorrhagic septicemia virus: divergence, selection and origin." *Mol Phylogenet Evol* 77: 34-40. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2014.04.002>.

Instruction technique DGAL/SDSPA/2019-665 19/09/2019. Programme national de prévention, d'éradication et de surveillance (PNES) de la septicémie hémorragique virale (SHV) et la nécrose hématopoïétique infectieuse (NHI).

Pierce, Lindsey R., and Carol A. Stepien. 2012. "Evolution and biogeography of an emerging quasispecies: Diversity patterns of the fish Viral Hemorrhagic Septicemia virus (VHSV)." *Molecular Phylogenetics and Evolution* 63 (2): 327-341. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.ympev.2011.12.024>.

Pour citer cet article :

Baud M., Bigarré L., Cabon J., Morin T., Pallandre L., Guerry I., Louboutin L. 2021. « Surveillance des dangers sanitaires de première catégorie pour les poissons d'élevage et état des lieux de la détection de virus émergents sur la période 2016 – 2020 » *Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation* 94 (12) : 1-7

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

Directeur de publication : Roger Genet

Directeur associé : Bruno Ferreira

Directrice de rédaction : Emilie Gay

Rédacteur en chef : Julien Cauchard

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

Comité de rédaction : Anne Brisabois, Benoit

Durand, Françoise Gauchard, Guillaume

Gerbier, Pauline Kooch, Marion Laurent, Sophie

Le Bouquin Leneveu, Elisabeth Repérant,

Céline Richomme, Jackie Tapprest, Sylvain

Traynard

Secrétaire de rédaction : Isabelle Stubljar

Responsable d'édition :

Fabrice Coutureau Vicaire

Anses - www.anses.fr

14 rue Pierre et Marie Curie

94701 Maisons-Alfort Cedex

Courriel : bulletin.epidemiologie@anses.fr

Dépôt légal : parution/ISSN 1769-7166