

Méthode d'analyse en santé animale

RÉFÉRENCE: ANSES/PPN/MA/8/Rev01

Ref ennov: PPN/INS/0951

Novembre 2024

Détection du virus de l'Anémie Infectieuse du Saumon (vAIS) par RT-PCR en temps réel

Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort Laboratoire National de Référence pour les maladies réglementées des poissons

Le présent document est, sous sa forme électronique, mis à la disposition des utilisateurs en tant que méthode d'analyse. Ce document est la propriété de l'Anses. Toute reproduction, qu'elle soit totale ou partielle, n'est autorisée qu'à la condition expresse que la source soit citée, par exemple en faisant mention de sa référence (incluant sa version et année) et de son titre.



Historique de la méthode

Une méthode est mise à jour afin de prendre en compte des modifications.

Une modification est qualifiée de majeure lorsqu'elle concerne le processus analytique, le domaine d'application ou des points critiques de la méthode, dont la prise en compte peut modifier les performances de la méthode d'analyse et/ou les résultats. Une modification majeure induit des adaptations. La méthode ainsi modifiée a fait l'objet d'une nouvelle validation, totale ou partielle.

Une modification est qualifiée de mineure si elle apporte des précisions utiles ou pratiques, reformule les propos pour les rendre plus clairs ou plus précis, rectifie des erreurs bénignes. Une modification mineure est sans influence sur les performances de la méthode et ne requiert pas une nouvelle validation.

Le tableau ci-dessous récapitule l'historique des versions de la présente méthode, incluant la qualification des modifications.

Version	Nature des modifications (majeure/mineure)	Date	Principales modifications	
V01	Mineures	Novembre 2024	Prise en compte des remarques de forme suite à audit interne et consultation	
V00	Création	Avril 2024	Version initiale	



Avant-propos

La présente méthode a été développée, validée et rédigée par le Laboratoire National de Référence pour les maladies réglementées des poissons :

Anses - Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort

Laboratoire National de Référence pour les maladies réglementées des poissons Unité Virologie, Immunologie et Ecotoxicologie des Poissons (VIMEP) CS 10070 – Site Ifremer 29280 PLOUZANÉ

Contact: 02 98 22 44 62

Adresse mail: lnr.poissons@anses.fr



Sommaire

Ava	nt-prop	OS	3
Son	nmaire		4
Tab	le des fig	gures	5
Tab	le des ta	bleaux	5
Intr	oduction	1	6
Δνο	rtissama	ents et précautions de sécurité	7
1	-	et domaine d'application	
2	Docum	ents de référence	8
3	Termes	s, sigles et définitions	8
4	Princip	e de la méthode	9
	•	Broyage des organes	
	4.2	Extraction des acides nucléiques	9
	4.3	Amplification par RT-qPCR et détection	10
5	Réactif	S	11
•		Tampon PBS et milieu de culture	
		Extraction des acides nucléiques	
	5.2.1	·	
	5.2.2	Témoins positifs de processus non-cibles externes exogènes	11
	5.2.3	Témoin positif de processus cible	12
	5.3	Réactifs pour la RT-qPCR	12
	5.3.1		
	5.3.2	,	
	5.3.3		
	5.4	Témoin positif de PCR	12
6	Appare	illage et matériels	13
		Matériels et consommables utilisés pour le broyage de l'échantillon	
		Matériels et consommables utilisés pour l'extraction des acides nucléiques	
	6.3	Matériels et consommables utilisés pour la RT-qPCR	13
7		illons	
		Modalités d'échantillonnage et de transfert des échantillons	
		Conservation des échantillons avant analyse	
	7.3	Conservation des échantillons ou reliquats après analyse	14
8	Mode o	ppératoire	15
	8.1	Broyage des organes	
	8.1.1	-,-9,-9	
	8.1.2	-7-5 7-5	
		Préparation des acides nucléiques	
	8.2.1		
	8.2.2		
		Amplification par PCR	
	8.3.1 8.3.2	in the second se	





	8.3.3	Témoins	17
	8.3.4	Programme d'amplification RT-qPCR	18
9	Résultat	.s	18
		alculs et expression des résultats	
		ontrôle de la validité des résultats	
	9.2.1	Vérification des témoins	
	9.2.2	Analyse du statut des échantillons	
10	Caracté	ristiques de performance de la méthode	21
Ann	exe 1		23
Ann	exe 2		24
	•		
Tex	tes règler	nentaires	27
	re 1: Strate	s figures Égie de diagnostic du vAIS par RT-qPCR à partir de surnageant de broyat d'organes, en incluant le des contrôles qualité	10
		s tableaux nomination utilisée pour les différents échantillons et témoins	9
		érence des kits d'extraction utilisés	
		actifs utilisés pour la RT-qPCR	
		scription des amorces et sondes	
Tabl	eau 5 : Coi	mposition des mélanges réactionnels pour la RT-qPCR	17
Tabl	eau 6 : Pro	gramme d'amplification RT-qPCR pour les cibles vAIS et MS2	18
Tabl	eau 7 : Rés	sultats attendus des différents témoins	19



Introduction

Le virus de l'Anémie Infectieuse du Saumon (vAIS), qui appartient à la famille des Orthomyxoviridae, et au genre Isavirus peut être responsable de très importantes mortalités sur saumon atlantique (Salmo salar), induisant des symptômes de type anémie sévère et hémorragies de plusieurs organes. Ce virus peut également être isolé à partir de truites fario (Salmo trutta), et de truites arc-en-ciel (Oncorhynchus mykiss) (espèces sensibles listées par l'OMSA et par l'Union Européenne (UE, 2024)). Il fait l'objet d'une inscription sur la liste des maladies aquatiques de l'OMSA (Code Sanitaire pour les animaux aquatiques, chapitre 1.3., 2022) (WOAH, 2022a) et est réglementé par l'Union Européenne (Loi de Santé Animale règlement 2016/429, catégorie C+D+E telle que spécifié dans le règlement 2018/1882 (UE, 2018)). Le vAIS est un virus à ARN négatif, au génome segmenté (8 segments), codant au moins 10 protéines. Le segment 6, qui code l'hémaggutinine estérase (HE), contient une zone hautement polymorphique (HPR: highly polymorphic region). Cette région est caractérisée par la présence de délétions larges (gaps). Le vAIS circule sous sa forme HPRO, forme ne présentant pas de délétions dans cette région et non pathogène, ou HPR-deleted (HPRA) – présentant des délétions, pathogène. Le virus est présent au Canada, aux Etats-Unis, en Islande et sur le continent Européen, notamment en Norvège, aux îles Féroé et en Ecosse. La France est reconnue indemne de ce virus. Comme indiqué dans le manuel aquatique de l'OMSA chapitre 2.3.4 (WOAH, 2022b), diverses méthodes de diagnostic sont disponibles. Néanmoins, dans le cadre d'opérations de surveillance de populations apparemment saines, seules les méthodes de PCR en temps réel et conventionnelles sont recommandées. Dans le cadre de la confirmation de suspicions d'AlS, il convient de réaliser, en complément des méthodes de détection, un séquençage permettant de discriminer les souches HPRdeleted (pathogènes) des souches HPRO (non-pathogènes), tel qu'indiqué dans le manuel du LRUE, selon la méthode décrite par l'OMSA (EURL, 2022).

Depuis 2016 et l'évolution de la réglementation européenne (Décision d'exécution UE 2015/1554) ayant rendu les techniques moléculaires de RT-PCR en temps réel (RT-qPCR) ciblant les virus de la Nécrose Hématopoïétique Infectieuse (vNHI) et de la Septicémie Hémorragique Virale (vSHV) officielles, l'unité VIMEP a réalisé un travail de développement, d'optimisation et de validation de méthodes avec l'objectif de pouvoir transmettre, à moyen terme, ces techniques aux laboratoires agréés du réseau national de surveillance.

L'unité VIMEP a ainsi développé deux méthodes « One step » qualitatives de diagnostic par PCR en temps réel spécifiques du vNHI et du vSHV selon les recommandations émises par le LRUE dans son manuel de diagnostic. Afin de se conformer aux recommandations de la norme NF-U47-600-2 « Méthodes d'analyse en santé animale – PCR – Partie 2 : exigences et recommandations pour le développement et la validation de la PCR en santé animale », les méthodes ont été développées en utilisant des bactériophages (un phage à ARN (MS2) et un phage à ADN (T4)) comme contrôle de processus non cible exogène (Ninove et al., 2011) permettant de garantir la qualité des étapes d'extraction et d'amplification. Ces méthodes comprennent également un témoin de processus cible E+, constitué de broyat d'organes dopé avec du surnageant de culture positif des virus classiquement recherchés dans le cadre des contrôles sanitaires officiels, à savoir les vNHI, vSHV et le virus de la Nécrose Pancréatique Infectieuse (vNPI). L'unité VIMEP est accréditée pour la méthode ciblant le vSHV depuis janvier 2020 (ANSES/PLOU/MA/4 (ANSES, 2020)) et le vNHI depuis février 2023 (ANSES/PPN/MA/7 (ANSES, 2023)).

Concernant le vAIS, l'unité VIMEP a porté ses efforts de développement en se basant sur la technique de RT-qPCR spécifique publiée par Snow et al. (2006) ciblant le segment 8 et recommandée dans le manuel de diagnostic du LRUE. Un panel d'échantillon de vAIS reçu du laboratoire norvégien de référence (Norwegian Veterinary Institute (NVI)) a été utilisé pour la validation de la méthode. Des



échantillons français (ou plus généralement européens), considérés comme non porteurs du virus puisque la France (et la plupart des pays européen) est indemne, ont servi pour tester l'exclusivité. Cette méthode a été développée en suivant le processus employé pour les méthodes internes de RT-qPCR ciblant le vNHI et le vSHV en intégrant un contrôle de la qualité des étapes d'extraction et d'amplification au cours des analyses.

Remarque : Pour les laboratoires qui ne souhaitent réaliser qu'une recherche de vAIS ou d'un autre virus à ARN, l'ajout de phage T4 (phage à ADN) est optionnel. Il appartiendra au laboratoire, dans ce cas, de remplacer ce phage T4 par un volume équivalent de PBS.

Avertissements et précautions de sécurité

Il convient que l'utilisateur de la présente méthode connaisse bien les pratiques courantes de laboratoire. Il incombe à l'utilisateur d'établir des pratiques appropriées en matière d'hygiène et de sécurité et de s'assurer de la conformité à la réglementation en vigueur.

Il est essentiel que les manipulations conduites conformément à la présente méthode soient exécutées par du personnel ayant reçu une formation appropriée.

Le vAIS est un virus à ARN simple brin (environ 13,5 kb) de classe 1, pathogène pour un certain nombre d'espèces piscicoles mais non-pathogène pour l'homme.

Le laboratoire met en œuvre les mesures nécessaires à la maîtrise des risques en lien avec ce pathogène et notamment les moyens permettant de prévenir sa dissémination dans l'environnement.

Les acides nucléiques (ARN) étant fragiles, il est fortement recommandé de respecter des bonnes pratiques de laboratoire afin d'éliminer toute activité RNase.



1 Objet et domaine d'application

La présente méthode d'analyse spécifie une méthode de détection moléculaire du vAIS par RT-qPCR utilisant un couple d'amorces et une sonde d'hydrolyse de type TaqMan (méthode en une étape ou « one step »). Cette méthode est qualitative. Elle détecte la présence d'acides nucléiques spécifiques du virus et s'applique à l'analyse de prélèvements d'organes de poissons (rein, rate et cœur).

La méthode comprend deux témoins positifs de processus externes exogènes, cible et non cible, permettant de valider l'ensemble des étapes.

2 Documents de référence

NF U47-600-1 : Méthodes d'analyse en santé animale-PCR (réaction de polymérisation en chaîne) - partie 1 : Exigences et recommandations pour la mise en œuvre de la PCR en santé animale (version 2015-02-F) ;

NF U47-600-2 Méthodes d'analyse en santé animale-PCR (réaction de polymérisation en chaîne) - partie 1 : Exigences et recommandations pour le développement et la validation de la PCR en santé animale (version 2015-02-P) ;

Snow et al. (2006): Development, application and validation of a Taqman real-time RT-PCR assay for the detection of infectious salmon anaemia virus (ISAV) in Atlantic salmon (Salmo salar)

Ninove et al. (2011): RNA and DNA bacteriophages as molecular diagnosis controls in clinical virology: a comprehensive study of more than 45,000 routine PCR tests

3 Termes, sigles et définitions

ADN: Acide Désoxyribonucléique

ARN: Acide Ribonucléique

ECH: Echantillon

EMT: Ecart Maximal Toléré

LNR: Laboratoire National de Référence

NTC: No Template Control

P/V: Poids/Volume

PBS: Phosphate Buffer Saline

PCR : Réaction de polymérisation en chaîne

RT: Reverse Transcription

RT-qPCR : RT-PCR en temps réel

SVF: Sérum de Veau Fœtal

vAIS: Virus de l'Anémie Infectieuse du Saumon

vNHI : Virus de la Nécrose Hématopoïétique Infectieuse

vNPI : Virus de la Nécrose Pancréatique Infectieuse vSHV : Virus de la Septicémie Hémorragique Virale



Dénomination selon le Tableau 1 ci-après :

Tableau 1 : Dénomination utilisée pour les différents échantillons et témoins

Dénomination selon la norme NF U47-600 1	Nom dans les documents selon la cible		
Échantillon pour analyse :	4 ()		
• cible	• Échantillon (ECH) : ECH _{VAIS}		
 non cible 	• Témoin de processus intrinsèque à l'échantillon : ECH_{MS2}		
Témoin négatif de processus :			
 cible et non cible 	• E-		
Témoin positif de processus :			
• cible	• E+ _{vAIS}		
 non cible 	• E+ _{MS2}		
Témoin négatif de PCR	• NTC _{vAIS}		
Temom negatir de FCN	• NTC _{MS2}		
Témoin positif de PCR	Témoin positif d'amplification PCR T+AIS		

4 Principe de la méthode

La méthode s'appuie sur le manuel de diagnostic publié par le Laboratoire Européen de Référence (EURL, 2022) et comprend les étapes consécutives suivantes :

- 1) Broyage des organes de poissons en cas d'analyse directe ;
- 2) Extraction des acides nucléiques en intégrant le témoin positif de processus non-cible. Cette étape a été validée avec un kit semi automatisé avec billes magnétiques et un kit en colonne de silice ;
- 3) Amplification et détection d'une partie du segment 8 du vAIS et d'une partie du gène de la réplicase du phage MS2 par RT-qPCR en deux PCRs simplex.

Elle a été validée pour la matrice surnageant de broyat d'organes (BR) à 10% P/V.

4.1 Broyage des organes

Le broyage des organes peut se faire selon la méthode utilisée classiquement pour la culture cellulaire, avec mortier et pilon, ou en tube à billes avec un broyeur mécanique. Le LRUE préconise de prélever préférentiellement les cœurs et reins sur les poissons destinés aux analyses par RT-PCR. Il est néanmoins possible d'y intégrer la rate dans le cas où les poissons seraient trop petits pour obtenir des prises d'essais de taille adéquate. Dans un soucis d'homogénéisation avec les méthodes de détection déjà en place des virus de la NHI et de la SHV, les organes préconisés par le LNR sont les reins, rates et cœurs.

Cette étape est détaillée dans le paragraphe 8.1.

4.2 <u>Extraction des acides nucléiques</u>

L'extraction des acides nucléiques est réalisée (voir 5.2.1).:

- soit à l'aide d'un kit commercial utilisant des colonnes de silice
- soit à l'aide d'un automate (KingFisher DuoPrime, Thermo Scientific) et d'un kit commercial utilisant des billes magnétiques

Ces kits sont recommandés pour l'extraction des acides nucléiques des virus à ARN et à ADN.



Afin d'avoir un contrôle de l'ensemble du processus (de la phase d'extraction à la RT-qPCR), un témoin de processus non-cible est ajouté à l'échantillon au démarrage de l'étape d'extraction (un phage à ARN (MS2) couplé éventuellement à un phage à ADN (T4)).

Cette étape est détaillée dans le paragraphe 8.2.

4.3 Amplification par RT-qPCR et détection

Deux amplifications distinctes (RT-qPCR simplex) sont prévues (voir 5.3) :

- L'une amplifie un fragment de 104pb dans le segment 8 du vAIS;
- L'autre amplifie un fragment de 101pb dans le gène de la réplicase du phage MS2. Le vAIS étant un virus à ARN, la détection du phage T4 n'est pas nécessaire.

Cette étape est détaillée dans le paragraphe 8.3.

Le principe de la méthode est présenté dans le schéma ci-dessous :

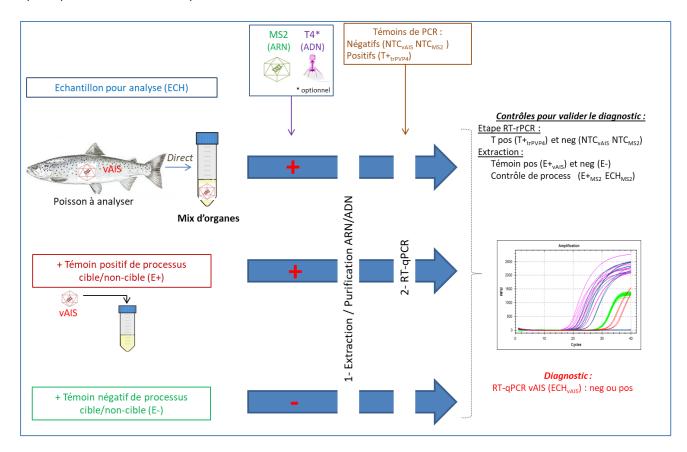


Figure 1: Stratégie de diagnostic du vAIS par RT-qPCR à partir de surnageant de broyat d'organes, en incluant l'ensemble des contrôles qualité.



5 Réactifs

<u>Avertissement</u>: Des appellations commerciales ou fournisseurs peuvent être mentionnées dans le descriptif des produits nécessaires à la mise en œuvre de la présente méthode. Ces informations sont données à l'intention des utilisateurs de la méthode et ne signifient nullement que l'Anses recommande l'emploi exclusif de ces produits. Des produits équivalents peuvent être utilisés s'il est démontré qu'ils conduisent aux mêmes résultats.

Pour l'ensemble des étapes, utiliser uniquement des réactifs de qualité analytique reconnue et des consommables adaptés aux applications de biologie moléculaire et certifiés exempts de RNases et DNases, tel que spécifié dans la norme NF U 47-600-1.

5.1 Tampon PBS et milieu de culture

Ces réactifs sont utilisés dans les phases de broyage et servent de témoin négatif de processus d'extraction « F- ».

Le pH du tampon PBS utilisé est compris entre 7,2 et 7,3. A titre d'exemple, le PBS peut avoir la composition suivante : Chlorure de sodium : 7,65g/l, Phosphate disodique : 0,724g/l et Phosphate monopotassique : 0,21g/l.

Les milieux de culture sont à utiliser de préférence sans SVF.

5.2 Extraction des acides nucléiques

5.2.1 Kit d'extraction

La référence du kit d'extraction utilisé au laboratoire est détaillée à titre indicatif dans le Tableau 2 :

Produit **Fabricant** Référence **Packaging** 740983.10 10 extractions Extraction en colonne NucleoSpin® Virus Macherey Nagel 740983.50 50 extractions avec membrane de silice 740983.250 250 extractions NADI003 200 réactions **Extraction avec automate** ADIAMAG™ BioX / Adiagène et billes magnétiques NADI003-XL 800 réactions

Tableau 2 : Référence des kits d'extraction utilisés

L'automate utilisé au laboratoire pour les extractions avec kits à billes magnétiques est le modèle KingFisher Duo Prime, de marque Thermo Scientific.

5.2.2 <u>Témoins positifs de processus non-cibles externes exogènes</u>

Les témoins positifs de processus non-cibles ajoutés à l'échantillon initial avant extraction proviennent de suspensions stocks de phages MS2 et T4 produites par infection de bactéries *E.coli* sensibles puis titrées par la technique des plages de lyse (titres infectieux). Les niveaux de charge de ces suspensions ont été déterminés par RT-qPCR.

Les phages ont été produits en suivant un protocole adapté de la norme NF EN ISO 10705-1 et des recommandations du fournisseur ATCC (ATCC, 2015; ATCC, 2016).

Les suspensions de phages sont conservées à 5°C ± 3°C.



5.2.3 <u>Témoin positif de processus cible</u>

Un témoin de processus contenant la cible (E+ $_{AIS}$) est intégré à chaque séance d'extraction. Ce témoin est constitué de la matrice broyat d'organes sains dopée par une quantité de surnageant de culture de vAIS (souche norvégienne HPR Δ 2022-70-326-1) comprise entre 1 et 100 fois la limite de détection de la méthode (LD_{méthode}).

Afin de pouvoir être utilisé pour d'autres systèmes RT-qPCR, le témoin « E+ » peut également contenir des quantités équivalentes de surnageant de culture du virus de la Nécrose Hématopoïétique Infectieuse (vNHI) et du virus de la Septicémie Hémorragique Virale (vSHV).

5.3 Réactifs pour la RT-qPCR

5.3.1 Eau

Il est fortement recommandé d'utiliser de l'eau exempte de RNase et DNase, type eau PPI ou eau ultrapure.

5.3.2 *Réactifs*

Les références des différents réactifs utilisés au laboratoire sont détaillées à titre indicatif dans le Tableau 3 :

Tableau 3 : Réactifs utilisés pour la RT-qPCR

Produit	Fabricant	Référence	Packaging
SuperScript III Platinium™ One-Step qRT-PCR	InVitrogen	11732-020	100 x 50μL reactions
Kit	iiivitrogeii	11732-088	500 x 50μL reactions

5.3.3 Amorces et sondes

Les séquences des amorces et des sondes employées pour la détection particulière du vAIS et du MS2 sont répertoriées dans le Tableau 4 :

Tableau 4: Description des amorces et sondes

Cible	Nom	Séquence	%GC	Longueur	Taille amplicon	Référence	Autre nom
	oPVP958	CTACACAGCAGGATGCAGATGT	50	22			Seg8 upstream
vAIS	oPVP959	CAGGATGCCGGAAGTCGAT	58	19	104 pb	Snow <i>et al.,</i> 2006	Seg8 downstream
	tqPVP43	FAM -CATCGTCGCTGCAGTTC - MGBNFQ	59	17			Seg8 Probe
	oPVP446	CTCTGAGAGCGGCTCTATTGGT	54	22			MS2F
MS2	MS2 oPVP447	GTTCCCTACAACGAGCCTAAATTC	46	24	101 pb	Ninove <i>et</i> <i>al.,</i> 2011	MS2R
	tqPVP25	[FAM] TCAGACACGCGGTCCGCTATAACGA [BHQ1]	56	25		,	MS2probe

5.4 <u>Témoin positif de PCR</u>

Un ARN (synthétique ou extrait à partir d'un surnageant de culture positif en vAIS) appelé « T+_{AIS} », calibré à environ 10 LD_{PCR} est utilisé comme témoin positif cible de PCR pour vérifier le bon déroulement des étapes de RT et d'amplification.

Une suspension calibrée à une concentration comprise entre 1 et 10 fois la limite de détection de la PCR (LD_{PCR}) peut être préparée en grande quantité, aliquotée et conservée à une température ≤-65°C.



6 Appareillage et matériels

<u>Avertissement</u>: Des appellations commerciales ou fournisseurs peuvent être mentionnées dans le descriptif des appareils et matériels nécessaires à la mise en œuvre de la présente méthode. Ces informations sont données à l'intention des utilisateurs de la méthode et ne signifient nullement que l'Anses recommande l'emploi exclusif de ces matériels. Des matériels équivalents peuvent être utilisés s'il est démontré qu'ils conduisent aux mêmes résultats.

Le matériel doit être approprié conformément à la norme NF U 47-600-1 et, en particulier, ce qui suit :

6.1 Matériels et consommables utilisés pour le broyage de l'échantillon

- Micropipettes et pointes à filtres, pour des volumes compris entre 5μL et 1000μL;
- Tubes de broyage à billes certifiés RNase free, de type « Lysing Matrix D » (MP Biomedicals) ;
- Broyeur mécanique de type « Fast Prep » ou ensemble mortier / pilon / sable stérile.

6.2 <u>Matériels et consommables utilisés pour l'extraction des acides nucléiques</u>

- Micropipettes et pointes à filtres, pour des volumes compris entre 5μL et 1000μL;
- Microtubes d'une capacité de 1,5 et 2mL;
- Mélangeur de type vortex ;
- Centrifugeuse pour des microtubes de 1,5 et 2mL.
- Automate de type Thermo Scientific KingFisher Duo Prime
- Consommables pour automates: plaques Deep Well 96, peignes, tubes (selon modèle automate)

6.3 <u>Matériels et consommables utilisés pour la RT-qPCR</u>

- Micropipettes et pointes à filtres, d'une capacité comprise entre 5μL et 1000μL;
- Distributeur pouvant délivrer des volumes de 20µL;
- Tubes pour centrifugeuse, d'une capacité de 1,5 et 2mL;
- Barrettes et bouchons pour PCR temps réel ;
- Mini-centrifugeuse pour barrettes;
- Thermocycleur temps réel avec des longueurs d'ondes permettant la lecture du fluorophore FAM et avec un EMT de ±2°C;
- Logiciel de détection et d'analyse approprié.



7 Échantillons

7.1 <u>Modalités d'échantillonnage et de transfert des échantillons</u>

Comme indiqué dans le règlement UE 2020/689, elles suivent les recommandations de la méthodes et procédure de diagnostic du vAIS publiée par le LRUE (https://www.eurl-fish-crustacean.eu/fish/diagnostic-manuals/isa), notamment concernant les tissus à prélever, qui ont été retranscrites en français ci-dessous :

Avant expédition ou transfert au laboratoire, les morceaux d'organes à examiner sont prélevés sur le poisson à l'aide d'outils de dissection stériles et transférés dans des tubes en plastique stériles contenant un milieu de transport. Les tissus/leur quantité doivent être adaptés à l'examen virologique sur culture cellulaire et à la RT-PCR temps réel et sont fonction de la taille des poissons. Lors de l'échantillonnage de poissons dont la taille est trop petite pour permettre la dissection de tissus individuels, les viscères, y compris les reins, doivent être prélevés ou les poissons entiers homogénéisés après enlèvement du corps derrière le pore anal. Pour les poissons de plus grande taille, le rein antérieur, la rate et le cœur, ainsi que le liquide ovarien et séminal des géniteurs au moment de la reproduction doivent être échantillonnés. Le liquide ovarien ou séminal ou les morceaux d'organes d'un maximum de 5 poissons peuvent être collectés dans un tube stérile contenant au moins 4 ml de milieu de transport et représenter un échantillon groupé. Le tissu de chaque échantillon doit peser au minimum 0,5 gramme (g).

Il est préférable que l'échantillon soit réfrigéré après prélèvement puis transféré au laboratoire sous le régime du froid en 48h, à sec ou dans du milieu de transport. Dans le cas où le transport de l'échantillon du site de récolte au laboratoire n'est pas consécutif au prélèvement, l'échantillon peut être congelé à une température égale ou inférieure à -16°C puis transporté sous régime du froid (dans ce dernier cas, les tissus ne doivent être congelés et décongelés qu'une seule fois avant l'examen).

7.2 Conservation des échantillons avant analyse

Avant mise en analyse, les échantillons doivent être conservés dans les conditions suivantes :

- En réfrigération à +5°C ± 3°C pendant 24 heures ;
- En congélation à une température inférieure à -16°C si l'analyse est différée.

La durée totale entre le prélèvement et la prise en charge par le laboratoire (début de l'analyse ou congélation du prélèvement) ne doit pas excéder 72 heures.

7.3 <u>Conservation des échantillons ou reliquats après analyse</u>

Les broyats des échantillons ainsi que les acides nucléiques extraits sont conservés à une température inférieure à -16°C pendant au minimum 1 mois, l'analyse devant pouvoir être reconduite en cas d'anomalie constatée à la lecture des résultats.



8 Mode opératoire

8.1 Broyage des organes

Le broyage s'effectue sur un pool d'organes (paragraphe 7.1) soit en tube à billes avec un broyeur, soit en mortier et pilon avec un ratio d'environ 10% P/V de PBS (broyage en tube à billes) ou de milieu de culture (broyage en mortier et pilon).

8.1.1 Broyage en tube à billes et centrifugation

Une quantité de 0,1g d'organes pour 1mL de tampon PBS est ajoutée dans un tube à billes de 2mL de type « Lysing Matrix D » (MP Biomedicals). Le tube est soumis à un broyage en « Fast Prep » à raison d'un cycle de 20 secondes à la vitesse 4 à température ambiante. Une centrifugation de 3 minutes à 5000g est effectuée avant de récupérer le surnageant.

8.1.2 Broyage en mortier et pilon et centrifugation

Une quantité connue d'organes est transférée dans un mortier, puis broyée à l'aide d'un pilon et de sable. L'homogénat est repris par du milieu de culture supplémenté en antibiotiques de façon à avoir un ratio d'environ 10% P/V. L'ensemble est homogénéisé, transféré dans un tube et centrifugé 15 minutes à une vitesse comprise entre 2000 et 4000g à une température inférieure à 14°C.

8.2 Préparation des acides nucléiques

Un mode opératoire d'extraction des acides nucléiques approprié pour les virus à ARN doit être utilisé.

8.2.1 Kit d'extraction en colonne avec membrane de silice

L'extraction d'ARN est réalisée avec le kit NucleoSpin® Virus (Macherey Nagel) selon les recommandations du fournisseur et quelques modifications. Le mode opératoire utilisé est brièvement rappelé ci-dessous.

Le tampon de lyse VL est réparti dans des microtubes de 2mL à raison de 200 μ L par tube. Sont ajoutés l'ARN carrier (5,6 μ L), la protéinase K (5 μ L), le phage MS2 (10 μ L) et le phage T4 ou PBS* (10 μ L). Un volume de 180 μ L d'échantillon (ECH) (broyat d'organes centrifugé ou surnageant de culture) est ensuite déposé dans chacun des tubes. L'ensemble est mélangé (vortex léger) puis mis à incuber 15 minutes à 70°C. Un tube « E+ » (contenant la matrice broyat d'organes dopée par du surnageant viral) est traité en parallèle. Un tube « E- » (contenant uniquement le tampon VL, l'ARN carrier, la protéinase K et 200 μ L de PBS) est également préparé.

Le lysat est centrifugé quelques secondes puis un volume de 200μL d'éthanol absolu est ajouté et mélangé (vortex léger). Après 5 minutes à température ambiante et une courte centrifugation, les 610μL sont déposés sur la colonne. Une centrifugation de 3 minutes à 4000g est effectuée pour fixer les acides nucléiques sur la membrane. Ils sont ensuite purifiés en ajoutant 400μL de tampon VW1 puis de tampon VW2 avec des étapes de centrifugation de 30 secondes à 11 000g. Un 3ème lavage est réalisé en ajoutant 200μL de tampon VW2 sur la colonne puis en centrifugeant 5 minutes à 20 000g.

A l'issue de cette étape, le tube de collecte est éliminé et la colonne est transférée dans un nouveau microtube de 1,5mL qui est placé pendant 5 minutes à 56°C (avec le couvercle de la colonne ouverte pour améliorer le séchage).

Les acides nucléiques sont finalement élués en ajoutant sur la colonne 200µL d'eau exempte de RNase/DNase préchauffée à 70°C. Après 3 minutes d'incubation à température ambiante, celle-ci est centrifugée 3 minutes à 20 000g. La colonne est ensuite éliminée et l'éluat conservé (voir ci-dessous).

Un schéma récapitulatif des différentes phases d'extraction des acides nucléiques est présenté en Annexe 1.



8.2.2 <u>Kit d'extraction en billes magnétiques avec automate</u>

L'extraction d'ARN est réalisée avec l'automate KingFisher Duo Prime et le kit ADIAMAG™ (Bio-X diagnostics) (kit compatible avec les appareils KingFisher ML et 96/Flex ; se référer à la notice du fournisseur).

Le mode opératoire utilisé est brièvement rappelé ci-dessous.

Une plaque Deep Well 96 puits est préparée en fonction du nombre d'échantillons à extraire, avec 350µL de tampon de lavage W3 par puit de la rangée C, 350µL de tampon de lavage W4 par puit de la rangée D, 350µL d'éthanol à 80% par puit de la rangée E, et 100µL de tampon d'élution par puit de la rangée F. Un peigne (protection des aimants) est également placé dans la rangée A.

Le tampon de lyse LB1 est réparti dans des microtubes de 2mL à raison de $100\mu L$ par tube (ou dans les puits de la rangée B de la plaque Deep Well). Sont ajoutés (par tube de 2mL ou par puit de la rangée B de la plaque) la protéinase K ($10\mu L$) ainsi que les phages MS2 ($5\mu L$) et T4 ou PBS* ($5\mu L$) (il est possible de préparer extemporanément un mix contenant le tampon LB1, la protéinase K et les phages pour le nombre total d'échantillon). Un volume de $90\mu L$ d'échantillon (ECH) (broyat d'organes centrifugé) est ensuite déposé dans chacun des tubes (ou des puits de la rangée B de la plaque). L'ensemble est mélangé (vortex léger ou homogénéisé à la pipette) puis incubé 15 minutes à température ambiante. Un tube « E+ » (contenant la matrice broyat d'organes dopée par du surnageant viral) est traité en parallèle. Un tube « E- » (contenant uniquement le tampon LB1, la protéinase K et $100\mu L$ de PBS) est également préparé.

Il est conseillé de préparer le tampon de capture extemporanément avant de lancer le programme. Préparer un mélange avec 600μ L de tampon B2 et 13μ L de billes magnétiques ADIAMAG Beads (bien mélanger la solution) par échantillon. Un volume de 600μ L de ce tampon de capture est déposé dans chaque puit de la rangée B de la plaque.

Si la lyse des échantillons a été effectuée en microtubes de 2mL, la totalité du volume est transférée dans le puit contenant le tampon de capture de la rangée B de la plaque. En revanche, si la lyse a été effectuée dans la plaque, le tampon de capture est ajouté directement à l'échantillon. Une homogénéisation par pipetage est effectuée.

La plaque Deep Well est prête à être chargée dans l'automate. Le programme adapté est lancé selon les recommandations du fournisseur. En fin de programme, les acides nucléiques extraits (rangée F) sont transférés dans des tubes Eppendorf ou des barrettes et sont conservés comme indiqué ci-dessous.

Un schéma récapitulatif des différentes phases d'extraction des acides nucléiques est présenté en Annexe 2.

Les acides nucléiques extraits doivent être transférés à une température de 5°C ± 3°C et peuvent être soumis directement à la RT-qPCR. Ils doivent être conservés au froid négatif (≤-16°C ou ≤-65°C) pour une conservation de longue durée.

* Comme indiqué dans l'introduction, les laboratoires ne ciblant qu'exclusivement le virus à ARN vAIS, l'ajout de phage T4 (phage à ADN) est optionnel. Il conviendra au laboratoire de remplacer ce phage T4 par un volume équivalent de PBS.

8.3 Amplification par PCR

Toutes les exigences concernant l'amplification par PCR sont spécifiées dans la NF U 47-600-1.



8.3.1 Préparation des mélanges réactionnels de la PCR en temps réel.

La méthode est décrite pour un volume final de 25 μ L par réaction de RT-qPCR en utilisant les réactifs répertoriés dans le Tableau 5. Un volume de 5 μ L d'échantillon, ou de témoins négatifs ou positifs, ainsi que 20 μ L de mélange réactionnel, sont déposés dans chaque puits.

La feuille de mix utilisée en routine est annexée à titre d'exemple à ce document (Annexe 3).

Tableau 5 : Composition des mélanges réactionnels pour la RT-qPCR.

	Détecti	on vAIS	Détecti	on MS2	
Réactif Concentration initiale	Concentration finale	Volume par échantillon (μL)	Concentration finale	Volume par échantillon (μL)	
2x Reaction Mix InVitrogen	1X	12,50	1X	12,50	
SSIII RT / Platinium Taq Mix		0,50		0,50	
Amorce F (20μM)	900nM	1,13	400nM	0,50	
Amorce R (20μM)	900nM	1,13	400nM	0,50	
Sonde (20μM)	250nM	0,31	100nM	0,125	
Eau		4,44		5,875	
Volume du mix :		20μL		20μL	
Ajout échantillon (ECH)		5μL		5μL	
Volume final		25μL		25μL	

8.3.2 Échantillons

Chaque échantillon est testé en simplicat ou en duplicat à la convenance du laboratoire*, pour chacune des cibles vAIS et MS2. Le résultat de la cible vAIS (ECH_{vAIS}) correspond au statut de l'échantillon, et celui de la cible MS2 (ECH_{MS2}) au témoin de processus intrinsèque à l'échantillon. A minima, les valeurs de Ct minimales et maximales obtenues pour la cible MS2 de la série sont enregistrées dans une carte de contrôle (ECH_{MS2}) et permettent de valider le bon déroulement du processus de la série.

* Le LNR laisse la possibilité aux laboratoires utilisateurs de déposer les échantillons et témoins en simplicat ou duplicat (l'étude rétrospective sur plusieurs dizaines d'échantillons menée par le LNR a mis en évidence des écarts de Ct inférieurs à 1 entre 2 dépôts d'un duplicat).

8.3.3 <u>Témoins</u>

8.3.3.1 Témoin négatif de processus « E- »

A chaque séance d'extraction, un témoin négatif « E- » ne contenant ni l'organisme cible, ni les phages, est ajouté à la série. Il sert de témoin négatif de processus pour les cibles vAIS et MS2.

8.3.3.2 Témoin positif de processus cible « E+ »

A chaque séance d'extraction, un témoin positif « E+_{AIS} » contenant l'organisme cible et les phages est ajouté à la série. Il sert de témoin positif de processus pour les cibles vAIS et MS2. Les valeurs de Ct obtenues pour les 2 cibles sont des valeurs de référence et sont enregistrées dans une carte de contrôle (E+_{VAIS} et E+_{MS2}).



8.3.3.3 Témoin négatif de PCR (NTC)

De l'eau exempte de RNase et DNase est utilisée en tant que témoin négatif (No Template Control ou NTC). Un volume de 5µL est déposé dans le mélange réactionnel.

8.3.3.4 *Témoin positif de PCR*

Le témoin positif de PCR (T+_{AIS}) est inséré à chaque série de RT-qPCR. (voir 5.4). Un volume de 5μL est déposé dans le mélange réactionnel. Les valeurs de Ct obtenues sont des valeurs de référence et sont enregistrées dans une carte de contrôle.

8.3.4 Programme d'amplification RT-qPCR

Le programme d'amplification (températures, durées) est décrit dans le Tableau 6. Ce programme est le même que celui utilisé pour les amplifications des virus vNHI, vSHV et vNPI par les méthodes ANSES.

Tableau 6 : Programme d'amplification RT-qPCR pour les cibles vAIS et MS2

Transcription inverse	30 minutes à 50°C	
Activation et dénaturation initiale	15 minutes à 95°C	
Nombre de cycles (amplification)	40	
	15 secondes à 94°C	
Amplification	60 secondes à 60°C	
	Mesure de la fluorescence FAM	

9 Résultats

9.1 Calculs et expression des résultats

Les résultats sont analysés à l'aide du logiciel associé au thermocycleur utilisé, selon les recommandations des fournisseurs.

La ligne de seuil doit être positionnée de telle sorte qu'elle croise la courbe de fluorescence de chaque contrôle positif durant la phase d'accroissement exponentielle de l'amplification, généralement le milieu de la zone de linéarité lorsque les valeurs de fluorescence sont représentées en échelle logarithmique.

Pour chaque signal observé et pour chacune des cibles, sont à prendre en considération les éléments suivants :

- L'absence ou la présence de courbes d'amplification ;
- Leurs aspects et leurs caractéristiques ;
- La cohérence entre les duplicats (sauf pour les dépôts en simplicat) (variation tolérée ≤ 1 Ct) ;
- Le nombre de cycles nécessaires pour que les fluorescences émises se distinguent du bruit de fond (valeurs de Ct);

9.2 Contrôle de la validité des résultats

Un arbre décisionnel résumant les modalités d'interprétation des résultats est présenté en Annexe 4.



9.2.1 Vérification des témoins

Les résultats des témoins analysés en parallèle des échantillons doivent être conformes aux résultats attendus selon le Tableau 7 ci-dessous :

Tableau 7 : Résultats attendus des différents témoins

	Nom dans les documents selon la cible	Résultats attendus	
Témoins de PCR	NTC _{vAIS} NTC _{MS2}	Absence d'amplification en vAIS Absence d'amplification en MS2	
	Témoin positif de PCR (T+ _{AIS})	Amplification en vAIS soumis à carte de contrôle	
	Témoin négatif de processus « E- »	Absence d'amplification en vAIS Absence d'amplification en MS2	
Témoins de	Témoin positif de processus « E+ »	Amplification en vAIS soumis à carte de contrôle Amplification en MS2 soumis à carte de contrôle	
processus	Echantillon (ECH) : Témoin de processus intrinsèque à l'échantillon : ECH _{MS2}	Amplification en MS2 soumis à carte de contrôle (à minima valeurs minimales et maximales de la série)	

Si certains contrôles ne sont pas validés, l'étape d'extraction et/ou d'amplification devra être réitérée.

9.2.2 Analyse du statut des échantillons

Tous les contrôles doivent être validés (NTC, E-, E+ $_{VAIS}$, E+ $_{MS2}$ et T+ $_{AIS}$) avant l'analyse du statut de l'échantillon. Les valeurs du témoin de processus intrinsèque à l'échantillon (ECH $_{MS2}$) doivent être conformes aux valeurs attendues. Le signal obtenu pour la cible vAIS est alors analysé, et la valeur du Ct obtenu est vérifiée.

Un signal tardif se définit par une valeur de Ct supérieure à celle du Ct correspondant à la $LD_{méthode}$ alors qu'un signal précoce correspond à une valeur de Ct inférieure.

Plusieurs cas peuvent se présenter (Schéma décisionnel en Annexe 2) :

- ECH positifs en vAIS avec signal précoce : le virus est détecté dans l'échantillon, et cela, quelle que soit la valeur de l'ECH_{MS2};
- ECH positifs en vAIS avec signal tardif non caractéristique :
 - → si l'ECH_{MS2} est validé, alors le résultat est ininterprétable,
 - si l'ECH_{MS2} n'est pas validé, il est nécessaire de refaire la RT-qPCR en diluant l'échantillon au 1/10^{ème} et/ou de refaire une extraction;
- ECH négatifs en vAIS :
 - si l'ECH_{MS2} est validé, alors le virus n'est pas détecté dans l'échantillon,
 - si l'ECH_{MS2} n'est pas validé, il est nécessaire de refaire la RT-qPCR en diluant l'échantillon au 1/10 ème et/ou refaire une extraction.



Remarque:

En cas de détection de virus par RT-qPCR, et aussi en cas de détection de signal atypique, une RT-cPCR doit être effectuée afin de confirmer et de caractériser l'échantillon (HPRO ou HPRΔ).

Le résultat final pour la présence de génome de vAIS dans l'échantillon analysé est exprimé de l'une des façons suivantes :

- Virus responsable de l'Anémie Infectieuse du Saumon <u>non détecté</u> par RT-PCR temps réel dans l'échantillon analysé;
- Virus responsable de l'Anémie Infectieuse du Saumon <u>détecté</u> par RT-PCR temps réel dans l'échantillon analysé;
- Résultat <u>ininterprétable</u> pour la recherche du génome du virus de l'Anémie Infectieuse du Saumon par RT-PCR temps réel dans l'échantillon analysé.



10 Caractéristiques de performance de la méthode

	CARACTÉRISTIQUES DE LA MÉTHODE
Titre de la méthode	Détection du virus de l'Anémie Infectieuse du Saumon (vAIS) par RT-PCR en temps réel.
Type de méthode	Méthode qualitative
Principe	Cette méthode est à appliquer pour la détection du vAIS. Cette méthode intègre un témoin positif de processus non cible externe exogène (phages) permettant de contrôle les étapes d'extraction et d'amplification.
Matrice testée	Broyat d'organes 10% P/V
Espèce animale	Toutes espèces piscicoles.
Analytes	vAIS : segment 8
	Phage MS2 : gène de la réplicase
Témoin positif de processus non cible externe exogène	Phage MS2
Témoin positif cible de PCR	Transcrit produit à partir d'une souche de vAIS HPRΔ (souche de référence « Glesvaer »)
NEDs PCR	calibré à 3x LD _{PCR} (pour le NED) et entre 3 et 10x LD _{PCR} pour le T+
Etapes de la méthode	Broyage d'organes ;
	Extraction d'acides nucléiques par colonne de silice (kit NucleoSpin® Virus) ou méthode automatisée (kit Adiamag) ;
	Amplification par RT-PCR en temps réel.
Objectifs	Disposer d'une méthode qualitative rapide et fiable (intégration de contrôles qualité adaptés) de RT-PCR en temps réel permettant de détecter du génome de vAIS avec un niveau de sensibilité comparable à la méthode de RT-PCR conventionnelle, et facilement transférable aux laboratoires.
Documents de référence	Norme NF U 47-600-1 et 2 : Méthodes d'analyse en santé animale PCR.
Méthodes de référence	Snow et al. (2006)
	Ninove et al., 2011

CRITÈRES DE PERFORMANCES DE LA PCR			
Limite de détection de la PCR Résultats obtenus lors de 3 séances de RT-qPCR, 8 réplicats par niveau de dilution :			
La LD _{PCR} a été établie à la quantité de 2,5.10 ⁴ copies de transcrit trPVP4 par réaction PCR			



	CRITÈRES DE PERFORMANCE DE LA MÉTHODE COMPLÈTE
Sensibilité et spécificité diagnostique	Résultats obtenus à partir d'un panel de 29 échantillons de vAIS HPR∆ et HPRO, 24 autres virus ou échantillons négatifs ont été inclus dans l'étude.
	Echantillons de statuts connus (vAIS+ = provenance du laboratoire de référence norvégien, et vAIS- = provenant de pays indemnes de virus (dont la France)
	Sensibilité : 100%
	Spécificité : 100%
Limite de détection de la méthode LDméthode	Résultats obtenus lors de 6 séances d'extraction suivies de RT-qPCR, 4 réplicats par niveau de dilution pour 2 approches différentes (dopage avec transcrit et avec surnageant de culture), avec 2 kits d'extraction et sur 2 appareils PCR (uniquement pour le dopage transcrit) :
	La $LD_{méthode}$ a été établie à une quantité de 2,5x10 ⁵ copies de transcrit par réaction pour les surnageants de broyats d'organes.

CRITÈRES DE ROBUSTESSE DE LA PCR	
Variation de ± 20% d'amorces et sondes	Résultats obtenus à partir d'une amplification en 4 réplicats du NED _{PCR} 1X en faisant varier les concentrations en amorces et sonde de ±20% comparé à la condition normale.
	Détection de 12/12 réplicats, avec un Ct moyen de 32,74 ± 0,20 et un CV de 0,60
Variation de ± 10% de la prise d'essai	Résultats obtenus à partir d'une amplification en 4 réplicats du NED_{PCR} 1X en faisant varier la prise d'essai de $\pm 10\%$ comparé à la condition normale.
	Détection de 12/12 réplicats, avec un Ct moyen de 32,84 ± 0,32 et un CV de 0,96
Variation de ± 2°C des températures du thermoprogramme	Résultats obtenus à partir d'une amplification en 4 réplicats du NED _{PCR} 1X en faisant varier le thermoprogramme de $\pm 2^{\circ}$ C comparé à la condition normale.
	Détection de 12/12 réplicats, avec un Ct moyen de 32,63 ± 0,49 et un CV de 1,49



Schéma récapitulatif des étapes d'extraction des acides nucléiques avec le kit NucléoSpin Virus (Macherey Nagel)

Schéma récapitulatif des étapes d'extraction des acides nucléiques avec le kit NucléoSpin Virus (Macherey Nagel)

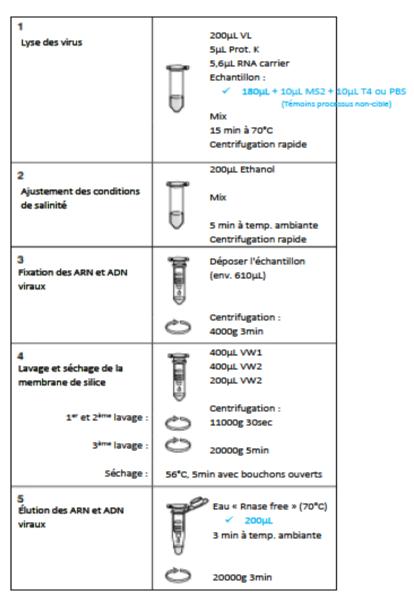
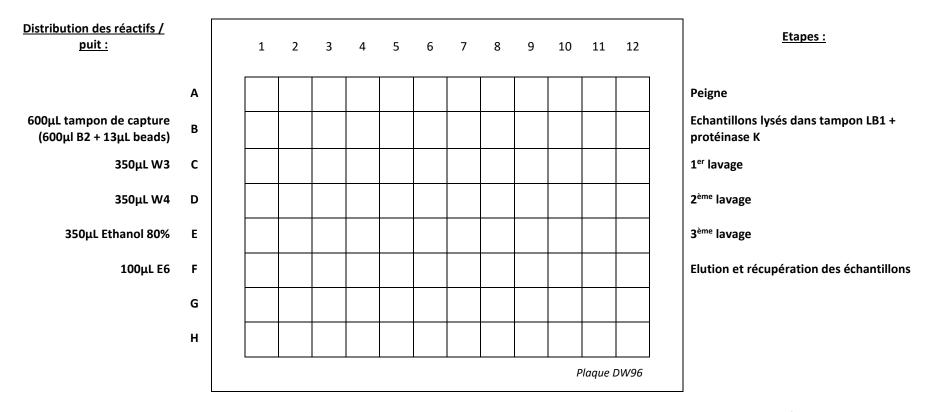




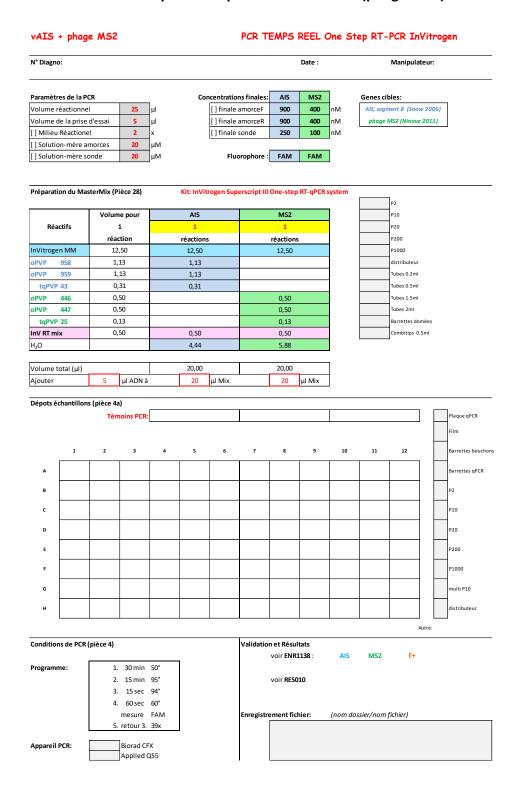
Schéma récapitulatif des étapes du protocole d'extraction des acides nucléiques sur KingFisher DuoPrime avec le kit « ADIAMAG » (Bio-X Diagnostic) et une plaque DeepWell (DW96) (selon les recommandations du fournisseur)

- Lyse des échantillons : 100μl LB1 + 10μl PK + 5μl MS2 + 5μl T4
- Préparation tampon de capture (sur la base de 600μl B2 + 13μl beads)

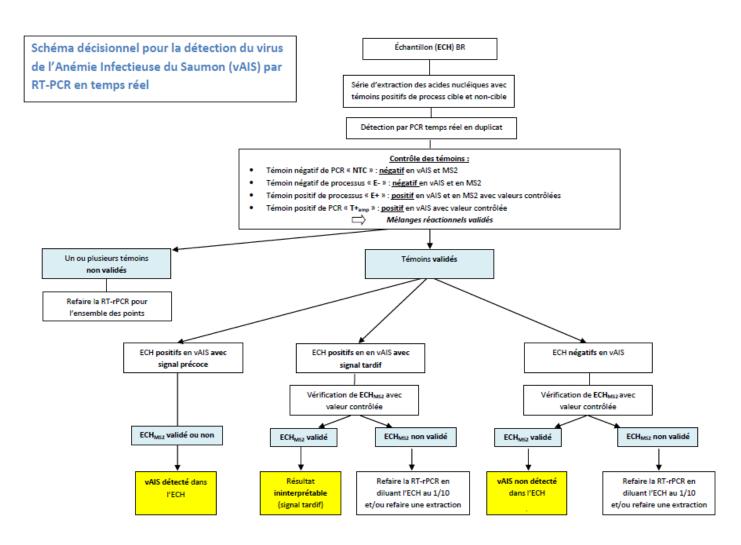




Feuille de préparation du mix de RT-qPCR pour la détection du vAIS et du témoin positif de processus non-cible (phage MS2)









Bibliographie

- ANSES. 2020. ANSES/PLOU/MA/4 : Détection du virus de la Septicémie Hémorragique Virale (vSHV) par RT-PCR en temps réel Révision 04. [En ligne]
 - https://www.anses.fr/fr/system/files/ANSES_PLOU_MA_4_rev04.pdf
- ANSES. 2023. ANSES/PPN/MA/7 : Détection du virus de la Nécrose Hématopoïétique Infectieuse (vNHI) par RT-PCR en temps réel "Hoferer" Révision 01. [En ligne] https://www.anses.fr/fr/system/files/ANSES_PPN_MA_7_rev01.pdf
- ATCC. 2015. Echerichia coli bacteriophage T4 (ATCC^{*} 11303-B40TM). [En ligne]; (Consulté le 26/03/2019). https://www.lgcstandards-atcc.org/~/ps/11303-B40.ashx
- ATCC. 2016. Echerichia coli bacteriophage MS2 (ATCC[®] 15597-B1TM). [En ligne]; (Consulté le 26/03/2019). https://www.atcc.org/~/ps/15597-B1.ashx
- EURL. 2022. Diagnostic methods for the surveillance and confirmation of infection with hpr-deleted infectious salmon anemia virus (isav). [En ligne]

 https://www.eurl-fish-crustacean.eu/fish/diagnostic-manuals/isa
- Ninove, L., Nougairede, A., Gazin, C., Thirion, L., Delogu, I., Zandotti, C., Charrel, R.N. and De Lamballerie, X. 2011. RNA and DNA bacteriophages as molecular diagnosis controls in clinical virology: a comprehensive study of more than 45,000 routine PCR tests. *PLoS One* 6, e16142, doi:
- Snow, M., McKay, P., McBeath, A.J., Black, J., Doig, F., Kerr, R., Cunningham, C.O., Nylund, A. and Devold, M. 2006. Development, application and validation of a Taqman real-time RT-PCR assay for the detection of infectious salmon anaemia virus (ISAV) in Atlantic salmon (Salmo salar). *Dev Biol (Basel)* 126, 133-45; discussion 325-6, doi:
- UE. 2018. RÈGLEMENT D'EXÉCUTION (UE) 2018/1882 DE LA COMMISSION du 3 décembre 2018 sur l'application de certaines dispositions en matière de prévention et de lutte contre les maladies à des catégories de maladies répertoriées et établissant une liste des espèces et des groupes d'espèces qui présentent un risque considérable du point de vue de la propagation de ces maladies répertoriées [En ligne]
 - https://eur-lex.europa.eu/legal-content/FR/TXT/PDF/?uri=CELEX:32018R1882&from=EN
- UE. 2024. RÈGLEMENT D'EXÉCUTION (UE) 2024/216 DE LA COMMISSION du 11 janvier 2024 modifiant l'annexe du règlement d'exécution (UE) 2018/1882 en ce qui concerne les maladies répertoriées d'animaux aquatiques et la liste des espèces et groupes d'espèces présentant un risque considérable du point de vue de la propagation de ces maladies répertoriées. [En ligne] https://eur-lex.europa.eu/legal-content/FR/TXT/PDF/?uri=OJ:L 202400216
- WOAH. 2022a. Code sanitaire pour les animaux aquatiques Maladies listées par l'OMSA. [En ligne] https://www.woah.org/fr/ce-que-nous-faisons/normes/codes-et-manuels/acces-en-ligne-au-code-aquatique/?id=169&L=1&htmfile=chapitre diseases listed.htm
- WOAH. 2022b. Manuel aquatique Infection with hpr-deleted or hpr0 Infectious Salmon Anaemia Virus. [En ligne]
 - https://www.woah.org/fileadmin/Home/fr/Health standards/aahm/current/2.3.04 ISA.pdf

Textes règlementaires

<u>Arrêté du 29 juillet 2013</u> relatif à la définition des dangers sanitaires de première et deuxième catégorie pour les espèces animales. Version consolidée au 16 mars 2017.



- <u>RÈGLEMENT (UE) 2016/429</u> DU PARLEMENT EUROPÉEN ET DU CONSEIL du 9 mars 2016 relatif aux maladies animales transmissibles et modifiant et abrogeant certains actes dans le domaine de la santé animale (« législation sur la santé animale »)
- NF U47-600-1 : « Méthodes d'analyse en santé animale PCR : exigences et recommandations pour la mise en œuvre de la PCR en santé animale » (version 2015-02-F).
- NF U47-600-2 : « Méthodes d'analyse en santé animale PCR Partie 2 : exigences et recommandations pour le développement et la validation de la PCR en santé animale » (version 2015-02-P).
- NF EN ISO 10705-1 Octobre 2001 Qualité de l'eau Détection et dénombrement des bactériophages Partie 1 : dénombrement des bactériophages ARN F spécifiques.

Textes abrogés

- <u>Directive 2006/88/CE</u> de conseil du 24 octobre 2006 relative aux conditions de police sanitaire applicables aux animaux et aux produits d'aquaculture, et relative à la prévention de certaines maladies chez les animaux aquatiques et aux mesures de lutte contre ces maladies.
- <u>Décision d'exécution (UE) 2015/1554</u> 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.