

PRE

SIONS

ET

MANCHE - MER DU NORD

IM

PACTS

PRESSIONS ET IMPACTS

MANCHE - MER DU NORD

JUIN 2012

PRESSIONS BIOLOGIQUES ET IMPACTS ASSOCIÉS

Introduction d'organismes microbiens pathogènes

Introduction d'organismes pathogènes pour les espèces exploitées

Tristan Renault
et Benjamin Guichard (Ifremer, La Tremblade),
Jeannette Castric (ANSES, Brest).



Selon les projections de la FAO, la consommation mondiale de poissons, mollusques et crustacés pour l'alimentation humaine et animale pourrait s'établir à 179 millions de tonnes en 2015, soit un relèvement de 47 millions de tonnes par rapport à 2002. L'essentiel de cette nouvelle demande devra être satisfait par l'aquaculture, qui pourrait assurer 39 % de la production halieutique en 2015 [1] [2].

Les maladies infectieuses peuvent influencer sur la survie, mais également sur la croissance et les performances zootechniques des animaux en élevage. Elles sont de ce fait des aléas qu'il est indispensable de prendre en compte et qu'il faut tenter de maîtriser. L'aquaculture, comme toutes les autres activités d'élevage, doit y faire face. La forte croissance, ces dernières décennies, des productions aquacoles, des espèces exploitées et de leurs échanges à des fins commerciales s'est accompagnée d'une augmentation du nombre et de la répartition des maladies infectieuses. En effet, la libre circulation des animaux et de leurs produits est un élément favorisant la dissémination et l'émergence d'agents infectieux.

Les risques induits par l'augmentation de l'activité économique globale en termes de maladies infectieuses, aussi bien pour les animaux en élevage que pour les stocks naturels de différentes espèces, sont bien identifiés et impliquent autant les transferts d'animaux vivants que les produits d'origine animale et les structures et matériels servant à leur transport. L'évolution des agents infectieux eux-mêmes et les effets des activités humaines sur l'environnement – pollution, changement global et réchauffement climatique – sont aussi des facteurs de première importance à prendre en considération. Par ailleurs, dans le milieu aquatique et marin en particulier, il est indispensable de prendre en compte la difficulté, voire l'impossibilité d'empêcher les déplacements des animaux sauvages. Dans ces conditions, il est important de mesurer les risques respectifs représentés par l'importation d'animaux vivants pour l'aquaculture ou le repeuplement d'une part, et par les mouvements des espèces sauvages d'autre part.

L'identification et la connaissance des agents infectieux sont les premières étapes indispensables pour initier une réflexion sur la maîtrise des maladies en aquaculture. Si le danger (les agents infectieux) n'est pas identifié et connu, il reste difficile de mettre en place des mesures de lutte. Si des agents infectieux sont identifiés et considérés comme pouvant perturber les productions aquacoles, il est nécessaire de surveiller les cheptels et de contrôler les transferts d'animaux et de produits animaux. La surveillance et les contrôles doivent être réalisés dans un cadre réglementaire dans un but d'efficacité et d'harmonisation nationale et internationale. Cependant, cette approche de surveillance et de contrôle est une approche « passive ». Elle a pour objectif majeur d'éviter la dissémination des maladies et de préserver ainsi des zones indemnes.

Les introductions d'animaux vivants peuvent en effet être associées à trois sortes majeures de risques :

- (1) le déplacement fortuit et simultané d'organismes nuisibles (agents infectieux en particulier) associés aux animaux transportés et pouvant porter préjudice au développement et à la croissance des ressources d'aquaculture et de pêche ;
- (2) l'impact écologique et environnemental des animaux transférés (effets sur les espèces indigènes et les écosystèmes) ;
- (3) l'impact génétique des animaux transférés par le biais de croisements entre populations.

Les activités d'aquaculture et d'exploitation des ressources naturelles dans le milieu marin concernent essentiellement les poissons et les mollusques en France métropolitaine, et sont très limitées pour les crustacés. De ce fait, alors que des données existent pour les agents pathogènes infectant les poissons et les mollusques marins, elles sont très peu nombreuses pour les crustacés. Dans ces conditions, il a été choisi dans le présent document de présenter uniquement des informations concernant les poissons et les mollusques.

2. SURVEILLANCE DES MALADIES EN AQUACULTURE

Devant les risques liés aux maladies infectieuses en aquaculture, un cadre réglementaire a été développé ces dernières décennies au niveau européen. En particulier, la directive 2006/88/CE¹ établit les obligations des États membres de l'Union européenne en matière de santé des animaux aquatiques.

2.1. MALADIES DES MOLLUSQUES

Au niveau français, ce cadre réglementaire s'est traduit par la mise en place d'un système de surveillance de la santé des mollusques marins. L'autorité compétente en la matière est aujourd'hui la Direction Générale de l'Alimentation (DGAL). Elle est représentée localement par des services déconcentrés, les Directions Départementales des Territoires et de la Mer (DDTM) et les Directions Départementales de la Protection des Populations (DDPP).

L'Ifremer est en charge de mettre en œuvre la surveillance de la santé des mollusques pour le compte de la DGAL. Dans cette optique, le Réseau de pathologie des mollusques (Repamo²) a été créé en 1992 par l'Ifremer et est chargé de cette mission de surveillance.

Des protocoles d'épidémiologie-surveillance sont ainsi mis en œuvre pour couvrir différents aspects de la surveillance des maladies des mollusques. Les résultats du système de surveillance sont mis à profit par l'État français dans un système de lutte à l'égard des maladies des mollusques. Il s'agit pour l'heure de mesures de contrôles aux frontières pour éviter l'introduction d'agents pathogènes exotiques et de mesures conservatoires pour éviter la dissémination d'agents infectieux détectés lors de mortalités anormales.

2.2. MALADIES DES POISSONS

Une quarantaine de sites de production de poissons marins se répartissent le long des côtes métropolitaines. Le tonnage produit en 2010 avoisine 8 500 tonnes avec respectivement : 4 300 tonnes de bar, 1 900 tonnes de daurade, 800 tonnes de turbot, 1 200 tonnes de salmonidés et 300 tonnes de maigre (données CIPA).

La surveillance de certaines maladies des poissons en France est régie par la directive 2006/88/CE, transcrite en droit français notamment par l'arrêté du 4 novembre 2008 modifié, relatif aux conditions de police sanitaire des animaux d'aquaculture. Parmi les quatre maladies virales endémiques en Europe et concernées par cette directive, seules la septicémie hémorragique virale (SHV) et la nécrose hématopoïétique infectieuse (NHI) seraient susceptibles d'avoir une incidence économique en aquaculture marine ; la SHV car certains salmonidés de même que le turbot y sont sensibles, la NHI car la maladie a été décrite chez le saumon atlantique. Il existe cependant d'autres agents pathogènes, non concernés par la réglementation, qui ont une incidence économique sur les productions piscicoles marines.

Il est peu probable que l'implantation de ces élevages marins soit à l'origine de l'introduction d'organismes pathogènes dans les zones où ils ont été établis. Ces organismes pathogènes existaient probablement chez les espèces sauvages, et c'est à la faveur de plusieurs paramètres réunis : espèce sensible, densité élevée et conditions environnementales favorables (température essentiellement) que leur existence a été révélée lors d'épisodes de mortalité anormale. Les échanges commerciaux de poissons marins vivants, entre éclosiers et sites de grossissement, contribuent à la dissémination des agents pathogènes sur les différents sites de production. Il faut toutefois signaler que ces transferts sont effectivement limités dans la plupart des cas (sauf pré-grossissement) à un par cycle de vie (écloserie vers ferme de grossissement) et que les alevins sont vaccinés et élevés dans des conditions qui garantissent le fait qu'ils sont indemnes de maladies.

¹ Directive 2006/88/CE du 24 octobre 2006 relative aux conditions de police sanitaire applicable 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.

² wwwz.ifremer.fr/repamo/

Contrairement à ce qui existe pour les mollusques avec le Repamo, il n'existe pas de réseau d'épidémiologie-surveillance des maladies des poissons en France. Cette absence se traduit par des données ponctuelles, très incomplètes, concernant la répartition des principaux pathogènes dans les piscicultures marines ou chez les espèces sauvages. Parmi les principales maladies diagnostiquées en élevage marin, les maladies bactériennes dues à *Listonella anguillarum* (vibrio) chez le bar, à *Photobacterium damsela* subsp. chez le bar, la daurade, le maigre et le turbot et à *Edwardsiella tarda* chez le turbot, sont régulièrement rapportées comme responsables de pertes économiques significatives. Parmi les parasites, ceux appartenant au genre *Trichodina* sont les plus fréquents chez le bar, la daurade et le turbot.

Les maladies virales sont représentées par la nodaviriose ou encéphalopathie et rétinoopathie virale, à laquelle une quarantaine d'espèces sont sensibles. Anciennement listée par l'OIE (Office International des Épizooties), la nodaviriose a été déclassée du fait de l'omniprésence des nodavirus en milieu marin. Cette maladie a été à l'origine de mortalité élevée dans les éclosiers méditerranéennes dans les années 1990/2000, mais depuis quelques années son incidence est insignifiante, même si le virus reste présent dans les élevages. Des nodavirus ont également été isolés par le passé dans deux élevages de bar de la côte Atlantique. D'autres virus tels que celui responsable de la maladie lymphokystique ont été rapportés dans les élevages de daurade, avec une incidence économique négligeable. Des birnavirus ont également été isolés chez le maigre sans que des mortalités particulières aient pu leur être attribuées.

3. DÉTECTION D'AGENTS INFECTIEUX

L'objectif est de rapporter la détection récente de certains agents infectieux, plus particulièrement chez les mollusques marins, cette détection pouvant être liée à différents phénomènes :

- (1) émergence à partir d'une diversité existante, en particulier sous la pression de modifications des conditions d'environnement ;
- (2) introduction à partir de zones infectées ;
- (3) ou bien encore, évolution au travers de mutations des agents infectieux eux-mêmes.

À titre d'exemple, la production de l'huître plate, *Ostrea edulis*, déjà affectée par le parasite protozoaire, *Marteilia refringens*, est passée en quelques années de 20 000 tonnes à 1 800 tonnes, suite à l'apparition à la fin des années 1970 d'un autre parasite protozoaire, *Bonamia ostreae* [3]. Il est fortement suspecté que ce parasite ait été introduit en France au travers de l'introduction d'huîtres plates infectées en provenance des USA.

3.1. OSTREID HERPES VIRUS 1 (OSHV-1, FORME DE « RÉFÉRENCE ») CHEZ L'HUÎTRE CREUSE, *CRASSOSTREA GIGAS*

Lors des épisodes de mortalité observés entre 1991 et 1995 chez les huîtres creuses, *Crassostrea gigas*, un virus, ostreid herpesvirus 1, OsHV-1, interprété comme appartenant à la famille des *Malacoherpesviridae* a été détecté [4] [5].

Afin de mieux comprendre l'implication du virus OsHV-1 dans les phénomènes de mortalité observés, en particulier en période estivale, la recherche du virus a été systématiquement réalisée par la technique de Polymerase Chain Reaction (PCR, amplification d'un fragment ciblé de l'ADN viral) lors de cas de mortalité d'huîtres creuses déclarés par les professionnels ostréiculteurs, dans le cadre de la surveillance nationale des maladies des mollusques entre 1997 et 2007 [6].

Entre 1997 et 2007, 39 échantillons de naissain de *Crassostrea gigas* ont été collectés sur le terrain lors d'épisodes de mortalité anormale dans la sous-région marine Manche-mer du Nord (Tableau 1).

L'ADN du virus OsHV-1 a été régulièrement détecté lors d'épisodes de mortalité anormale aussi bien sur le terrain que dans les nurseries (Tableau 1). Les résultats obtenus renforcent le lien de causalité entre mortalité de naissain d'huître creuse et virus OsHV-1.

Année	Nombre d'échantillons	Nombre d'échantillons négatifs (ADN d'OsHV-1)	Nombre d'échantillons positifs (ADN d'OsHV-1)	Fréquence de détection d'AND d'OsHV-1 (%)
1997	7	5	2	28,6
1998	1	1	0	0
1999	1	1	0	0
2000	7	7	0	0
2001	3	3	0	0
2002	3	3	0	0
2003	0	-	-	-
2004	1	1	0	0
2005	4	1	3	75
2006	0	-	-	-
2007	12	10	2	17
Total	39	32	7	17,9

Tableau 1 : Échantillons de *Crassostrea gigas* collectés entre 1997 et 2007 durant un programme de surveillance passive (sous-région Manche-mer du Nord) : résultats de la détection d'ADN d'OsHV-1.

Le virus a été détecté de manière significative durant la période estivale, suggérant un lien de causalité entre la température de l'eau et le développement de l'infection virale. Au cours de l'année, le virus est généralement détecté d'abord en Méditerranée, puis ensuite le long du littoral français du sud au nord (de la Méditerranée à la Normandie) en fonction de l'augmentation des températures de l'eau [6].

3.2. OSTREID HERPES VIRUS 1 (VARIANT μ VAR) CHEZ L'HUÎTRE CREUSE, *CRASSOSTREA GIGAS*

Depuis 2008, des épisodes de mortalité massive d'huîtres creuses ont été observés en France avec une distribution géographique très large, mais également en Irlande et au Royaume Uni [7]. Le virus OsHV-1, notamment sous une forme particulière (variant μ Var) [8], apparaît comme jouant un rôle prépondérant dans les épisodes rapportés. Dans ce contexte, des protocoles de pathologie expérimentale ont été récemment développés et ont permis de montrer que le virus OsHV-1 (μ Var) induisait de fortes mortalités en conditions expérimentales [9] [10].

Année	Nombre d'échantillons	Nombre d'échantillons négatifs (ADN d'OsHV-1)	Nombre d'échantillons positifs (ADN d'OsHV-1)	Fréquence de détection d'ADN d'OsHV-1 (%)
2008	7	6	1	14
2009	17	0	17	100
2010	22	0	22	100
Total	46	6	40	86,9

Tableau 2 : Échantillons de *Crassostrea gigas* collectés entre 2008 et 2010 (sous-région Manche-mer du Nord) : résultats de la détection d'ADN d'OsHV-1 μ Var.

Alors qu'en 2008, au cours d'épisodes de mortalité massive, deux génotypes du virus OsHV-1 ont été détectés : OsHV-1 de « référence » et un génotype jusqu'alors non décrit et appelé μ Var, en 2009 et 2010, le génotype μ Var a été très majoritairement détecté (Tableau 2).

Par ailleurs, la recherche du génotype μ Var a été réalisée dans des échantillons d'huîtres creuses archivés (79). Alors que parmi les lots archivés collectés en France entre 1993 et 2007, aucun échantillon n'a montré un profil comparable au variant μ Var, il a été possible de détecter pour des isolats provenant du Japon et de Chine des profils proches du génotype μ Var, suggérant une possible introduction de ce génotype en Europe à partir de l'aire Pacifique.

Ces observations laissent suspecter un phénomène d'émergence et posent les questions du pouvoir pathogène du génotype nouvellement décrit et de son extension à d'autres États membres au sein de l'Union européenne.

3.3. VIBRIONS CHEZ L'HUÎTRE CREUSE, *CRASSOSTREA GIGAS*

Lors des épisodes de mortalité observés chez l'huître creuse *Crassostrea gigas* en France, des bactéries appartenant au genre *Vibrio* ont été détectées. Afin de mieux comprendre l'implication des vibrions dans ces épisodes, observés en particulier en période estivale, la recherche de bactéries a été systématiquement réalisée lors de cas de mortalité déclarés par les professionnels ostréiculteurs dans le cadre de la surveillance nationale des maladies des mollusques entre 2003 et 2006 [11]. Les bactéries majoritaires ont été identifiées par génotypage à partir de 92 cas de mortalité anormale. Cette étude a permis de confirmer la détection de *Vibrio splendidus* et *V. aestuarianus*, mais également d'identifier des souches bactériennes de type *V. harveyi*.

Année	Nombre d'échantillons analysés	Nombre d'échantillons positifs (<i>Vibrio splendidus</i>)	Nombre d'échantillons positifs (<i>Vibrio aestuarianus</i>)	Nombre d'échantillons positifs (<i>Vibrio harveyi</i>)
2008	11	11	1	0
2009	13	6	2	0
2010	24	23	1	0
Total	48	40	4	0

Tableau 3 : Échantillons de *Crassostrea gigas* collectés entre 2008 et 2010 (sous-région Manche-mer du Nord) : résultats de la détection de vibrions.

Comme indiqué précédemment, depuis 2008, des épisodes de surmortalité d'huîtres creuses ont été observés en France avec une distribution géographique très large, mais également dans d'autres pays membres de l'Union européenne.

En France, des bactéries appartenant au groupe *Vibrio splendidus* ont été détectées dans 50 % des échantillons analysés en 2008 (50 lots), 45 % en 2009 (48 lots) et 89 % (78 lots) en 2010 (Tableau 3). Concernant *V. aestuarianus*, la bactérie a été retrouvée dans 32 % des échantillons analysés en 2008, 12 % en 2009 et 13 % en 2010. Des bactéries apparentées au groupe *Vibrio harveyi* ont également été détectées (29 % en 2008, 2 % en 2009 et 0 % en 2010).

4. CONCLUSION

En conclusion, il est possible de détecter des agents infectieux émergents ces dernières années, en particulier chez les mollusques marins. Dans ces conditions, les systèmes de surveillance sont indispensables, même si l'origine de ces agents et les raisons de leur émergence restent le plus souvent inconnues. Il est aussi important de constater qu'il est souvent difficile de mesurer les effets de l'introduction d'agents infectieux aussi bien sur les animaux en élevage que sur les stocks naturels (nécessité d'avoir des données de production fiables).

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- [1] FAO, 2006. State of world aquaculture. FAO Fisheries Technical Paper 500, 129 pp.
- [2] FAO, 2009. The state of world fisheries and aquaculture 2008. FAO Fisheries and Aquaculture Department, 176 pp.
- [3] Pichot Y., Comps M., Tigé G., Grizel H., Rabouin M.A., 1979. Recherche sur *Bonamia ostreae* gen. n. sp. n., parasite nouveau de l'huître plate, *Ostrea edulis* L. Revue des Travaux de l'Institut des Pêches Maritimes, 43, (1), 131-140.
- [4] Le Deuff R.-M., Renault T., 1999. Purification and partial genome characterization of a herpes-like virus infecting the Japanese oyster, *Crassostrea gigas*. Journal of General Virology, 80, 1317-1322.
- [5] Davison A.J., Trus B.L., Cheng N., Steven A.C., Watson M.S., Cunningham C., Le Deuff R.M., Renault T., 2005. A novel class of herpesvirus with bivalve hosts. Journal of General Virology, 86, 41-53.
- [6] Garcia C., Thébault A., Dégremont L., Arzul I., Miossec L., Robert M., Chollet B., François C., Joly J.-P., Ferrand S., Kerdudou N., Renault T., 2011. Ostreid herpesvirus 1 detection and relationship with *Crassostrea gigas* spat mortality in France between 1998 and 2006. Veterinary Research, 42, 73-84.
- [7] EFSA Panel on Animal Health and Welfare (AHAW), 2010. Scientific Opinion on the increased mortality events in Pacific oyster (*Crassostrea gigas*). EFSA Journal, 8(11), 1894. doi : 10.2903/j.esfa.2010.1894. www.efsa.europa.eu/efsajournal.htm
- [8] Segarra A., Pepin J.F., Arzul I., Morga B., Faury N., Renault T., 2010. Detection and description of a particular Ostreid herpesvirus 1 genotype associated with massive mortality outbreaks of Pacific oysters, *Crassostrea gigas*. Virus Research, 153, 92-95.
- [9] Schikorski D., Renault T., Saulnier D., Faury N., Moreau P., Pepin J.F., 2011a. Experimental infection of Pacific oyster *Crassostrea gigas* spat by ostreid herpesvirus 1 : demonstration of oyster spat susceptibility. Veterinary Research, 42, 27-40.
- [10] Schikorski D., Faury N., Pepin J.F., Saulnier D., Tourbiez D., Renault T., 2011b. Experimental ostreid herpesvirus 1 infection of the Pacific oyster *Crassostrea gigas* : kinetics of virus DNA detection by q-PCR in seawater and in oyster samples. Virus Research, 155 (1), 28-34.
- [11] Saulnier D., De Decker S., Haffner P., Cobret L., Robert M., Garcia C., 2010. A large-scale epidemiological study to identify bacteria pathogenic to Pacific oyster *Crassostrea gigas* and correlation between virulence and metalloprotease-like activity. Microbial Ecology, 59, 787-798.