

# Informe de la reunión del Grupo *ad hoc* de la OMSA sobre la susceptibilidad de las especies de peces a la infección por las enfermedades de la lista de la OMSA



Original: Inglés (EN)  
Abril y noviembre/diciembre  
de 2022

## Índice

1. Introducción .....	2
2. Metodología .....	2
2.1. Etapa 1: Criterios para determinar si la vía de transmisión es coherente con las vías naturales de la transmisión de la infección (tal y como se describe en el Artículo 1.5.4.) .....	3
2.2. Etapa 2: Criterios para determinar si el agente patógeno se ha identificado adecuadamente (tal y como se describe en el Artículo 1.5.5.) .....	3
2.3. Etapa 3: Criterios para determinar si las pruebas indican que la presencia del agente patógeno constituye una infección (tal y como se describe en el Artículo 1.5.6.) .....	4
3. Resultados .....	6
4. Evaluaciones .....	11
5. Convención de denominación para las especies susceptibles .....	28
6. Comentarios generales .....	28
7. Lista de especies susceptibles en un rango taxonómico de Género o superior .....	28
8. Referencias .....	31

## Lista de anexos

Anexo I. Lista de participantes .....	40
Anexo II. Mandato .....	41



Organización Mundial  
de Sanidad Animal  
Fundada como OIE

Departamento de Normas  
AAC.secretariat@woah.org

12, rue de Prony  
75017 Paris, France

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

---

## 1. Introducción

Este informe abarca la labor del Grupo *ad hoc* de la OMSA sobre la susceptibilidad de las especies de peces a la infección por las enfermedades de la lista de la OMSA (el grupo *ad hoc*), reunido por vía electrónica en abril y en noviembre/diciembre de 2022.

La lista de participantes y el mandato figuran en el [Anexo I](#) y [Anexo II](#), respectivamente.

### **Recomendaciones del grupo *ad hoc*, justificación y toma de decisiones de la Comisión de Normas Sanitarias para los Animales Acuáticos (Comisión para los Animales Acuáticos)**

Tras revisar las referencias, el grupo *ad hoc* observó que no era posible identificar los virus a nivel de genogrupo (es decir, los genogrupos del iridovirus de la dorada japonesa –RSIV–, del virus de la necrosis infecciosa del bazo y del riñón –ISKNV– y del iridovirus del cuerpo rojizo del rodaballo –TRBIV–) para numerosas especies hospedadoras susceptibles. La distinción por genogrupos requiere un análisis de las secuencias de ácidos nucleicos y/o de árboles filogenéticos; y las metodologías para este nivel de diferenciación taxonómica son variadas (sin normalizar por el momento) y sólo están disponibles para publicaciones recientes. Los miembros del grupo *ad hoc* confiaron en su capacidad para identificar las especies hospedadoras susceptibles al ISKNV a nivel de la especie de virus (que incluye los genogrupos de los virus RSIV, ISKNV y TRBIV), pero destacaron que, sin pruebas adicionales de secuenciación, no podían elaborar una lista completa de especies hospedadoras susceptibles a cada genogrupo de virus.

El grupo *ad hoc* tomó nota de que la infección por los tres genogrupos (RSIV, ISKNV y TRBIV) de la especie ISKNV presenta los mismos signos clínicos, histopatología e información epidemiológica y la única diferencia entre los genogrupos es la información que hace referencia a la secuenciación.

El grupo *ad hoc* recomendó que el título del capítulo propuesto sea “Infección por *Megalocytivirus*” en lugar de “Infección por el virus de la necrosis infecciosa del bazo y del riñón (ISKNV)”, ya que podía prestarse a una confusión entre las especies del ISKNV y el genogrupo del ISKNV. Recomendó que tanto el Artículo 10.8.1. del Capítulo 10.8. del *Código Sanitario para los Animales Acuáticos* de la OMSA (el *Código Acuático*) como la Sección 1. del Capítulo 2.3.7. del *Manual de las Pruebas de Diagnóstico para los Animales Acuáticos* de la OMSA (*Manual Acuático*) se actualicen para reflejar los tres genogrupos específicos (RSIV, ISKNV y TRBIV) que se incluirían en un capítulo sobre la infección por *Megalocytivirus*.

La evaluación de las especies de peces susceptibles a la infección por *Megalocytivirus* a nivel de la especie de virus facilita la inclusión de estudios previos en los que se había recurrido al anticuerpo monoclonal M10 para identificar las especies de peces con infecciones por el genogrupo RSIV/ISKNV. Dado que muchas de estas especies de peces son importantes en la producción acuícola (intercambios comerciales), no reconocerlas como susceptibles al *Megalocytivirus* podría tener importantes repercusiones en la transmisión de la enfermedad. Además, es probable que el anticuerpo monoclonal M10 tenga una reacción cruzada con el TRBIV, pero no con el virus de la enfermedad de la caída de escamas o descamación (SDDV). De confirmarse esta información (Takano *et al.*, 2020), el anticuerpo monoclonal M10 podría convertirse en una de las principales herramientas de diagnóstico.

Al formular esta recomendación a la Comisión para los Animales Acuáticos, el grupo *ad hoc* consideró que la prueba específica de PCR (Kawato *et al.*, 2021a) podía constituir una de las pruebas aconsejadas en el marco de una infección por *Megalocytivirus* del capítulo del *Manual Acuático*, puesto que detecta los tres genogrupos de interés (RSIV, ISKNV y TRBIV). Esta prueba no detecta el SDDV y no tiene ninguna reacción cruzada con los ranavirus. El grupo *ad hoc* observó que, si bien la PCR está aprobada para los casos de RSIV o ISKNV, no lo está para el TRBIV. Se requiere completar esta validación si la Comisión para los Animales Acuáticos decide incluir los tres genotipos en la lista de infecciones por *Megalocytivirus*.

## 2. Metodología

El grupo *ad hoc* aplicó los criterios del Capítulo 1.5. “Criterios para la inclusión de especies susceptibles de infección por un agente patógeno específico” del *Código Acuático* a las especies hospedadoras potenciales, con miras a determinar la susceptibilidad a la infección por RSIV (genogrupo), la infección por ISKNV

(genogrupo), la infección por TRBIV (genogrupo) o la infección por *Megalocytivirus* (especies del virus de la necrosis infecciosa del bazo y del riñón). RSIV, ISKNV y TRBIV son todos genogrupos distintos del *Megalocytivirus* (salvo el SDDV) ([https://talk.ictvonline.org/ictv-reports/ictv\\_online\\_report/dsdnaviruses/w/iridoviridae/615/genus-megalocytivirus](https://talk.ictvonline.org/ictv-reports/ictv_online_report/dsdnaviruses/w/iridoviridae/615/genus-megalocytivirus)).

Las evaluaciones se realizaron según un procedimiento en tres etapas, tal y como se indica en el Artículo 1.5.3. del Capítulo 1.5. A continuación, se describen otros aspectos.

**2.1. Etapa 1: Criterios para determinar si la vía de transmisión es coherente con las vías naturales de la transmisión de la infección (tal y como se describe en el Artículo 1.5.4.)**

En el Cuadro 1, se describen las vías de infección aceptadas por el grupo *ad hoc* para las evaluaciones, así como algunas consideraciones al aplicar los criterios de la Etapa 1 a efectos de evaluar la susceptibilidad a una de las siguientes infecciones: RSIV (genogrupo), ISKNV (genogrupo), TRBIV (genogrupo) o infección por *Megalocytivirus* (salvo el SDDV). Cuando eran experimentales, se verificó si los procedimientos imitaban las vías naturales de transmisión de la enfermedad. Además, se analizaron los factores de estrés del hospedador, por ejemplo, los factores ambientales o las coinfecciones, capaces de modificar la respuesta del hospedador, su virulencia y transmisión.

**Cuadro 1: Vía de transmisión**

Vía de transmisión	Comentarios
1. La aparición natural agrupa las situaciones en que la infección se ha producido sin intervención experimental (por ejemplo, infección en poblaciones silvestres o de cría).	Las referencias que notificaron procedimientos experimentales invasivos como vía de transmisión no se utilizaron como prueba de infección (Artículo 1.5.4.).
<b>O</b> 2. Procedimientos experimentales no invasivos: por ejemplo, cohabitación con heces u hospedadores infectados, o por ingesta.	Se señalaron las referencias que indicaban coinfecciones, interpretándolas con precaución.

**2.2. Etapa 2: Criterios para determinar si el agente patógeno se ha identificado adecuadamente (tal y como se describe en el Artículo 1.5.5.)**

El Cuadro 2 describe los métodos de identificación de los agentes patógenos aceptados por el grupo *ad hoc* para las evaluaciones, así como algunas consideraciones al aplicar la Etapa 2 para evaluar la susceptibilidad a una de las siguientes infecciones: RSIV (genogrupo), ISKNV (genogrupo), TRBIV (genogrupo) o infección por *Megalocytivirus* (salvo el SDDV).

**Cuadro 2: Identificación del patógeno**

Identificación del patógeno al nivel del género <i>Megalocytivirus</i> salvo el SDDV (es decir, solo los genogrupos RSIV, ISKNV y TRBIV)	Identificación del patógeno a nivel del genogrupo (RSIV, ISKNV y TRBIV)	Comentarios
<p>Métodos inmunológicos (por ejemplo, prueba de la inmunofluorescencia indirecta - IFAT- o prueba inmunohistoquímica -IHC-) (Kurita &amp; Nakajima, 2012)</p> <p><b>O</b></p> <p>PCR (e.g. Mohr <i>et al.</i>, 2015)</p>	<p>PCR</p> <p><b>Y</b></p> <p>Análisis de secuencia (Kurita &amp; Nakajima, 2012)</p>	<p>Los anticuerpos contra el RSIV reaccionan de forma cruzada con los genogrupos RSIV, ISKNV y TRBIV y no pueden utilizarse para diferenciarlos entre sí (la prueba IFAT no basta para diferenciar a los tres virus). Por tanto, son adecuados para identificar el ISKNV a nivel de la especie (pero no del genogrupo).</p> <p>El anticuerpo monoclonal (M10) provisto por el laboratorio de referencia de la OMSA se puede utilizar para indicar la infección por los tres genogrupos de <i>Megalocytivirus</i> (RSIV, ISKNV y TRBIV). Cabe indicar que no reacciona con el SDDV.</p> <p>La prueba PCR y el análisis de secuencias pueden dirigirse a una o varias regiones del genoma (por ejemplo, genes MCP, ATPase, gen de la proteína de membrana mirisilada, K2, proteína similar a la laminina y fosfatasa). Se utilizaron principalmente análisis de “MCP o ATPase loci o multi-loci”, pero no se excluyeron otras regiones cuando el análisis filogenético demostró una fuerte homología con las cepas de referencia. La falta de medidas de discriminación estandarizadas o validadas aporta incertidumbre a la diferenciación de los genogrupos.</p>

**2.3. Etapa 3: Criterios para determinar si las pruebas indican que la presencia del agente patógeno constituye una infección (tal y como se describe en el Artículo 1.5.6.)**

Se utilizaron los criterios A a D, descritos en el Artículo 1.5.6. y presentados a continuación, para determinar la existencia de pruebas suficientes correspondientes a las siguientes infecciones: RSIV (genogrupo), ISKNV (genogrupo), TRBIV (genogrupo) o infección por *Megalocytivirus* (salvo el SDDV) en la especie hospedadora sospechosa:

- A. El agente patógeno se multiplica o se encuentra en el estadio de desarrollo en el hospedador <sup>1</sup>;
- B. Un agente patógeno viable se ha aislado en las especies susceptibles propuestas, o se ha demostrado su infecciosidad por medio de la transmisión a individuos inmunológicamente desprotegidos;
- C. Los cambios clínicos o patológicos están asociados con la infección;
- D. La localización específica del agente patógeno se constata en los tejidos diana esperados.

Las pruebas que respaldaban el criterio A por sí solas fueron suficientes para determinar la infección. En ausencia de pruebas para cumplir el criterio A, se requería satisfacer al menos dos de los criterios B, C o D para determinar la infección.

En el Cuadro 3, se describen los criterios de evaluación de la Etapa 3 para apoyar la susceptibilidad a la infección por RSIV (genogrupo), la infección por ISKNV (genogrupo), la infección por TRBIV (genogrupo) y la infección por *Megalocytivirus* (excluido el SDDV).

**Cuadro 3: Evidencia de infección (este criterio es el mismo para todas las evaluaciones)**

Evidencia de infección			
A: Replicación	B: Viabilidad / Infectividad	C: Patología / Signos clínicos*	D: Localización
1. Valoración secuencial del virus a lo largo del tiempo <input type="radio"/>	1. Aislamiento mediante cultivo celular. <input type="radio"/>	1. Branquias pálidas, natación errática, letargo y bazo agrandado. <input type="radio"/>	1. Infección en las láminas branquiales o en el intestino**. <input type="radio"/>
2. Demostración del aumento del número de copias a lo largo del tiempo mediante qPCR con prueba PCR y secuenciación confirmatorias. <input type="radio"/>	2. Cohabitación con paso a un hospedador susceptible <input type="radio"/>	2. Presencia de células anormalmente grandes en la impresión tisular o en secciones histológicas del bazo, corazón, riñón, hígado, intestino o branquias. <input type="radio"/>	2. Identificación en órganos viscerales como el bazo, el corazón, el riñón o el hígado.
3. TEM mostrando viriones en células hospedadoras. <input type="radio"/>	3. Cohabitación con paso a un hospedador susceptible	3. Mortalidad en el grupo expuesto experimentalmente al virus, pero no en el grupo de control	
4. Productos detectados (por ejemplo, antígenos) de la replicación del virus.			

\* Patología/signos clínicos pueden ser no específicos, ser variables e incluir algunas o todas las características enumeradas.

\*\* Como lo demuestran la histología, la inmunohistoquímica (IHC) o la hibridación in situ (ISH).

<sup>1</sup> A efectos de las evaluaciones de la susceptibilidad a la infección por RSIV y la infección por ISKNV, no se consideró aplicable la replicación "en el hospedador".

### 3. Resultados

Si bien el Capítulo 10.8. del *Código Acuático* y el Capítulo 2.3.7. del *Manual Acuático* conservan la infección por RSIV, las especies propuestas para figurar en los artículos respectivos se incluyen a continuación. Sin embargo, el informe del grupo *ad hoc* también muestra el impacto en la lista de especies susceptibles en el *Código Acuático* y la lista de especies susceptibles y especies con pruebas incompletas en el *Manual Acuático* si el capítulo se modificara a Infección por *Megalocytivirus*. En el caso de las especies evaluadas para la infección por *Megalocytivirus* (salvo el SDDV), el informe del grupo *ad hoc* también incluye el genogrupo específico evaluado (si es posible), lo que coincide con el enfoque adoptado para la infección por septicemia hemorrágica viral.

#### Infección por el iridovirus de la dorada japonesa (RSIV)

El grupo *ad hoc* convino en que cinco de las especies actualmente incluidas en el Artículo 10.8.2. como susceptibles a la infección por el iridovirus de la dorada japonesa (genogrupo) y nueve especies adicionales, no incluidas anteriormente, cumplen los criterios para figurar en la lista de especies susceptibles a la infección por el iridovirus de la dorada japonesa, de conformidad con el Capítulo 1.5. del *Código Acuático*. Se propone incluirlas en el Artículo 10.8.2. del Capítulo 10.8. Infección por el iridovirus de la dorada japonesa.

Familia	Nombre científico	Nombre común
Butidae	<i>Oxyeleotris marmorata</i>	gobio de mármol
Carangidae	<i>Seriola quinqueradiata</i>	medregal del Japón <sup>2</sup>
	<i>Trachinotus carolinus</i>	pámpano amarillo
Centrarchidae	<i>Lepomis macrochirus</i>	mojarra oreja azul
Latidae	<i>Lates calcarifer</i>	perca gigante
Oplegnathidae	<i>Oplegnathus fasciatus</i>	pájaro loro del Japón
	<i>Oplegnathus punctatus</i>	[spotted knifejaw]
Osphronemidae	<i>Macropodus opercularis</i>	[paradise fish]
Paralichthyidae	<i>Paralichthys olivaceus</i>	falso halibut del Japón
Sciaenidae	<i>Larimichthys crocea</i>	corvina japonesa
Sinipercaidae	<i>Siniperca chuatsi</i>	pez mandarín
Sparidae	<i>Acanthopagrus schlegelii</i>	[blackhead seabream]
	<i>Pagrus major</i>	dorada del Japón
Synanceiidae	<i>Inimicus japonicus</i>	sin nombre común

<sup>2</sup> En base a FAOTERM y www.fishbase.se, el nombre común de *Seriola quinqueradiata* es "medregal del Japón".

Se evaluaron siete especies, atún rojo (*Thunnus thynnus*), mugil (*Mugil cephalus*), pez de limón (*Seriola dumerili*), *Epinephelus spp.*, corvinón ocelado (*Sciaenops ocellatus*), serránidos (*Lateolabrax sp.*) y jurel dentón (*Pseudocaranx dentex*), y no cumplen con los criterios y se propone suprimirlos del Artículo 10.8.2. del Capítulo 10.8. del *Manual Acuático*.

Cinco especies, sargo dorado (*Rhabdosargus sarba*), serránido japonés (*Lateolabrax japonicus*), gurami perla (*Trichopodus leerii*), gallineta (*Sebastes schlegelii*) y palometón platero (*Pampus argenteus*), fueron evaluadas con pruebas incompletas de susceptibilidad y se propuso su inclusión en la Sección 2.2.2., del Capítulo 2.3.7. del *Manual Acuático*.

Se notificaron resultados positivos de la PCR del patógeno específico en dos especies: *Leiognathus equulus* y mero gigante (*Epinephelus lanceolatus*), pero no se demostró una infección activa. Se propuso incluir estas especies en el segundo párrafo de la Sección 2.2.2. del Capítulo 2.3.7. del *Manual Acuático*.

#### Infección por *Megalocytivirus* (salvo el SDDV)

En la evaluación, se determinó que las siguientes especies cumplen los criterios para figurar en la lista de especies sensibles a la infección por *Megalocytivirus*, de conformidad con el Capítulo 1.5. El grupo *ad hoc* propuso que estas especies se incluyeran en el Artículo 10.8.2. del Capítulo revisado 10.8. Infección por *Megalocytivirus*. Estas especies figuran en el siguiente cuadro.

Familia	Nombre científico	Nombre común	Evaluable por:
Apogonidae	<i>Pterapogon kauderni</i>	cardenal de Banggai	ISKNV (genogrupo)
Butidae	<i>Oxyeleotris marmorata</i>	gobio de mármol	RSIV (genogrupo)
			ISKNV (genogrupo)
Carangidae	<i>Pseudocaranx dentex</i>	jurel dentón	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
	<i>Seriola dumerili</i>	pez de limón	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
	<i>Seriola lalandi</i>	medregal rabo amarillo	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
	<i>Seriola quinqueradiata</i>	medregal del Japón	RSIV (genogrupo)
	<i>Seriola quinqueradiata x Seriola lalandi</i>	[Buri-hira hybrid]	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
	<i>Trachinotus blochii</i>	[snubnose pompano]	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
	<i>Trachinotus carolinus</i>	pámpano amarillo	RSIV (genogrupo)
	<i>Trachurus japonicus</i>	jurel japonés	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
Centrarchidae	<i>Lepomis macrochirus</i>	mojarra ojera azul	RSIV (genogrupo)
Cichlidae	<i>Astronotus ocellatus</i>	acará	ISKNV (genogrupo) TRBIV (genogrupo)
	<i>Etroplus suratensis</i>	cromido verde	ISKNV (genogrupo)
	<i>Oreochromis niloticus</i>	tilapia del Nilo	ISKNV (genogrupo)
	<i>Pterophyllum altum</i>	pez ángel altum	ISKNV (genogrupo)
	<i>Pterophyllum scalare</i>	scalare	ISKNV (genogrupo)
Cyprinidae	<i>Epalzeorhynchus frenatum</i>	tiburón de aletas rojas	ISKNV (genogrupo)
Danionidae	<i>Danio rerio</i>	pez cebra	ISKNV (genogrupo)
Ephippidae	<i>Platax orbicularis</i>	dalapugán	ISKNV (genogrupo)
Girellidae	<i>Girella punctata</i>	[largescale blackfish]	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
Haemulidae	<i>Parapristipoma trilineatum</i>	[chicken grunt]	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
	<i>Plectorhinchus cinctus</i>	[crescent sweetlips]	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
Lutidae	<i>Lates calcarifer</i>	perca gigante	RSIV (genogrupo)
			ISKNV (genogrupo)
			TRBIV (genogrupo)
Lethrinidae	<i>Lethrinus haematopterus</i>	[Chinese emperor]	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
	<i>Lethrinus nebulosus</i>	[spangled emperor]	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
Mugilidae	<i>Mugil cephalus</i>	pardete	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
Nothobranchiidae	<i>Aphyosemion gardneri</i>	killi punteado	ISKNV (genogrupo)
Oplegnathidae	<i>Oplegnathus fasciatus</i>	pájaro loro del Japón	RSIV (genogrupo)
			ISKNV (genogrupo)
	<i>Oplegnathus punctatus</i>	[spotted knifejaw]	RSIV (genogrupo) ISKNV (genogrupo)
Osphronemidae	<i>Macropodus opercularis</i>	[paradise fish]	RSIV (genogrupo)
	<i>Osphronemus goramy</i>	gurami gigante	ISKNV (genogrupo)
	<i>Trichogaster lalius</i>	gurami enano	ISKNV (genogrupo) TRBIV (genogrupo)

Familia	Nombre científico	Nombre común	Evaluable por:
	<i>Trichopodus leerii</i>	gurami perla	ISKNV (genogrupo)
	<i>Trichopodus microlepis</i>	gurami luz de luna	ISKNV (genogrupo)
Paralichthyidae	<i>Paralichthys olivaceus</i>	falso halibut de Japón	RSIV (genogrupo)
			TRBIV (genogrupo)
			<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
Percichthyidae	<i>Maccullochella peelii</i>	bacalao del Murray	ISKNV (genogrupo)
Pleuronectidae	<i>Verasper variegatus</i>	[spotted halibut]	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
Poeciliidae	<i>Poecilia latipinna</i>	topote velo negro	ISKNV (genogrupo)
	<i>Poecilia reticulata</i>	gupi	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
	<i>Xiphophorus hellerii</i>	cola de espada	ISKNV (genogrupo)
	<i>Xiphophorus maculatus</i>	espada sureña	ISKNV (genogrupo)
Procatopodidae	<i>Poropanchax normani</i>	killi de ojos luminosos	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
Rachycentridae	<i>Rachycentron canadum</i>	cobia	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
Sciaenidae	<i>Larimichthys crocea</i>	corvina japonesa	RSIV (genogrupo)
	<i>Sciaenops ocellatus</i>	corvinón ocelado	ISKNV (genogrupo)
Scombridae	<i>Scomber japonicus</i>	estornino	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
	<i>Scomberomorus niphonius</i>	carite oriental	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
	<i>Thunnus orientalis</i>	atún aleta azul del Pacífico	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
Scophthalmidae	<i>Scophthalmus maximus</i>	rodaballo	TRBIV (genogrupo)
Serranidae	<i>Epinephelus akaara</i>	mero de pintas rojas	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
	<i>Epinephelus awoara</i>	[yellow grouper]	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
	<i>Epinephelus bruneus</i>	[longtooth grouper]	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
	<i>Epinephelus coioides</i>	[orange-spotted grouper]	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
	<i>Epinephelus fuscoguttatus</i>	[brown-marbled grouper]	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
	<i>Epinephelus fuscoguttatus</i> ♀ × ♂ <i>E. lanceolatus</i>	[pearl gentian grouper] (híbridos)	ISKNV (genogrupo)
	<i>Epinephelus malabaricus</i>	mero malabárico	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
	<i>Epinephelus septemfasciatus</i>	[convict grouper]	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
Sinipercaidae	<i>Siniperca chuatsi</i>	pez mandarín	RSIV (genogrupo)
			ISKNV (genogrupo)
Sparidae	<i>Acanthopagrus schlegelii</i>	[blackhead seabream]	RSIV (genogrupo)
	<i>Dentex tumifrons</i>	[yellowback seabream]	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
	<i>Pagrus major</i>	dorada del Japón	RSIV (genogrupo)
Stromateidae	<i>Pampus argenteus</i>	palometón platero	RSIV (genogrupo)
Synanceiidae	<i>Inimicus japonicus</i>	sin nombre común	RSIV (genogrupo)
Tetraodontidae	<i>Takifugu rubripes</i>	[tiger pufferfish]	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)

En la evaluación, las siguientes especies obtuvieron pruebas incompletas de susceptibilidad a la infección por *Megalocytivirus*, de acuerdo con el Capítulo 1.5. y el grupo *ad hoc* propuso que estas especies se incluyeran en la Sección 2.2.2. del Capítulo revisado 2.3.7. Infección por *Megalocytivirus* del *Manual Acuático*.

Familia	Nombre científico	Nombre común	Evaluado por:
Cichlidae	<i>Cleithracara maronii</i>	acara maroni	TRBIV (genogrupo)
	<i>Mikrogeophagus ramirezi</i>	pez ramirezi	ISKNV (genogrupo)
	<i>Pterophyllum scalare</i>	scalare	TRBIV (genogrupo)
Helostomatidae	<i>Helostoma temminckii</i>	gurami besador	ISKNV (genogrupo)
Lateolabracidae	<i>Lateolabrax japonicus</i>	serránido japonés	RSIV (genogrupo)
Oplegnathidae	<i>Oplegnathus fasciatus</i>	pájaro loro del Japón	TRBIV (genogrupo)
Osphronemidae	<i>Betta splendens</i>	[siamese fighting fish]	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
	<i>Trichopodus leerii</i>	gurami perla	RSIV (genogrupo)
	<i>Trichopodus trichopterus</i>	gurami azul	ISKNV (genogrupo) TRBIV (genogrupo)
Poeciliidae	<i>Poecilia sphenops</i>	topote mexicano	ISKNV (genogrupo)
	<i>Poecilia velifera</i>	topote aleta grande	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
	<i>Xiphophorus variatus</i>	espada de Valles	ISKNV (genogrupo)
Sebastidae	<i>Sebastes schlegeli</i>	gallineta	RSIV (genogrupo)
Sparidae	<i>Rhabdosargus sarba</i>	sargo dorado	RSIV (genogrupo)
			ISKNV (genogrupo)

Si bien se notificaron resultados de PCR específicos del patógeno para la infección por *Megalocytivirus* en las siguientes especies, no se demostró una infección activa. Se propuso incluir estas especies en el segundo párrafo de la Sección 2.2.2. del Capítulo revisado 2.3.7. Infección por *Megalocytivirus* en el *Manual Acuático*. Estas especies figuran en el cuadro a continuación.

Familia	Nombre científico	Nombre común	Evaluado por:
Carangidae	<i>Alepes djedaba</i>	[shrimp scad]	ISKNV (genogrupo)
	<i>Caranx sexfasciatus</i>	jurel voraz	ISKNV (genogrupo)
	<i>Decapterus maruadsi</i>	macarela japonesa	ISKNV (genogrupo)
	<i>Scomberoides lysan</i>	[doublespotted queenfish]	ISKNV (genogrupo)
	<i>Scomberoides tala</i>	jurel carsia	ISKNV (genogrupo)
	<i>Selaroides leptolepis</i>	chicharro banda dorada	ISKNV (genogrupo)
Characidae	<i>Moenkhausia costae</i>	tetra fortuna	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
Clupeidae	<i>Konosirus punctatus</i>	alosa manchada	ISKNV (genogrupo)
Cobitidae	<i>Misgurnus anguillicaudatus</i>	misgurno de Asia	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
Cynoglossidae	<i>Cynoglossus sinicus</i>	sin nombre común	ISKNV (genogrupo)
Cyprinidae	<i>Carassius auratus</i>	pez rojo	ISKNV (genogrupo)
	<i>Cyprinus carpio</i>	carpa común	ISKNV (genogrupo)
Danionidae	<i>Danio albolineatus</i>	[pearl danio]	ISKNV (genogrupo)
Engraulidae	<i>Thryssa mystax</i>	bocarte dompillón	ISKNV (genogrupo)
Haemulidae	<i>Plectorhinchus pictus</i>	burro trucha	ISKNV (genogrupo)
Hemiodontidae	<i>Hemiodus gracilis</i>	sin nombre común	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
Leiognathidae	<i>Deveximentum insidiator</i>	motambo boxeador	ISKNV (genogrupo)

Familia	Nombre científico	Nombre común	Evaluable por:
	<i>Leiognathus brevisrostris</i>	[shortnose ponyfish]	ISKNV (genogrupo)
	<i>Leiognathus equulus</i>	[common ponyfish]	RSIV (genogrupo)
	<i>Photopectoralis bindus</i>	motambo naranjón	ISKNV (genogrupo)
Loricariidae	<i>Hypostomus plecostomus</i>	corroncho	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
Lutjanidae	<i>Lutjanus argentimaculatus</i>	pargo de manglar	ISKNV (genogrupo)
	<i>Lutjanus johnii</i>	pargo jaspeado	ISKNV (genogrupo)
	<i>Lutjanus russelli</i>	pargo ojo de buey	ISKNV (genogrupo)
	<i>Lutjanus sanguineus</i>	pargo cabezón	ISKNV (genogrupo)
Monacanthidae	<i>Paramonacanthus japonicus</i>	[hair-finned leatherjacket]	ISKNV (genogrupo)
Osphronemidae	<i>Macropodus opercularis</i>	[paradise fish]	ISKNV (genogrupo)
	<i>Trichogaster labiosa</i>	[thick lipped gourami]	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
Osteoglossidae	<i>Arapaima gigas</i>	paiche	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
Pangasiidae	<i>Pangasianodon hypophthalmus</i>	panga	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
Polynemidae	<i>Eleutheronema tetradactylum</i>	barbudo de cuatro dedos	ISKNV (genogrupo)
Pomacanthidae	<i>Pomacanthus navarchus</i>	[bluegirdled anglefish]	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
Sciaenidae	<i>Dendrophysa russelii</i>	lambe chivato	ISKNV (genogrupo)
	<i>Otolithes ruber</i>	bombache tigre mayor	ISKNV (genogrupo)
	<i>Pennahia argentata</i>	Corvina plateada	ISKNV (genogrupo)
	<i>Pennahia macrocephalus</i>	[silver croaker]	ISKNV (genogrupo)
Scombridae	<i>Scomberomorus commerson</i>	carite estriado Indo-Pacífico	ISKNV (genogrupo)
Serranidae	<i>Cephalopholis boenak</i>	cherna chocolate	ISKNV (genogrupo)
	<i>Epinephelus bleekeri</i>	mero medioluto	ISKNV (genogrupo)
	<i>Epinephelus chlorostigma</i>	mero pintado	ISKNV (genogrupo)
	<i>Epinephelus fasciatus</i>	mero de las piedras	ISKNV (genogrupo)
	<i>Epinephelus lanceolatus</i>	mero lanceolado	RSIV (genogrupo)
	<i>Epinephelus merra</i>	mero panal	ISKNV (genogrupo)
Serrasalminae	<i>Pygocentrus nattereri</i>	piraña	ISKNV (genogrupo)
	<i>Serrasalmus gibbus</i>	sin nombre común	<i>Megalocytivirus</i> (salvo el SDDV)
Siganidae	<i>Siganus canaliculatus</i>	sigano pintado	ISKNV (genogrupo)
Stromateidae	<i>Pampus argenteus</i>	palometón platero	ISKNV (genogrupo)
Synodontidae	<i>Saurida elongata</i>	[slender lizardfish]	ISKNV (genogrupo)
Syphraenidae	<i>Sphyraena forsteri</i>	picuda de Forster	ISKNV (genogrupo)
Terapontidae	<i>Pelates quadrilineatus</i>	baraonga aurora	ISKNV (genogrupo)
	<i>Terapon jarbua</i>	baraonga jarbua	ISKNV (genogrupo)
Tetraodontidae	<i>Lagocephalus spadiceus</i>	[half-smooth golden pufferfish]	ISKNV (genogrupo)

Familia	Nombre científico	Nombre común	Evaluated por:
	<i>Takifugu alboplumbeus</i>	sin nombre común	ISKNV (genogrupo)
	<i>Takifugu xanthopterus</i>	[yellowfin pufferfish]	ISKNV (genogrupo)

#### 4. Evaluaciones

Se determinó que las especies hospedadoras eran susceptibles en base a la combinación de los resultados de las evaluaciones, como especificado en el Artículo 1.5.7.

El Cuadro 4 describe las diferentes puntuaciones atribuidas y los resultados de las evaluaciones realizadas por el grupo *ad hoc*.

#### Cuadro 4: Puntuación y resultado de las evaluaciones

Puntuación	Resultado
1	<p>Especies evaluadas como susceptibles (como se describe en el Artículo 1.5.7.).</p> <p><u>Infección por el iridovirus de la dorada japonesa (genogrupo)</u>: Estas especies se propusieron para inclusión en el Artículo 10.8.2. del Capítulo 10.8. <i>Infección por el iridovirus de la dorada japonesa</i> del Código Acuático y en la Sección 2.2.1. del Capítulo 2.3.7. <i>Infección por el iridovirus de la dorada japonesa</i> del Manual Acuático.</p> <p><u>Infección por el virus de la necrosis infecciosa del bazo y del riñón (genogrupo)</u>: Estas especies se propusieron para decisión de la Comisión.</p> <p><u>Infección por el iridovirus del cuerpo rojizo del rodaballo (genogrupo)</u>: Estas especies se propusieron para decisión de la Comisión.</p> <p><u>Infección por <i>Megalocytivirus</i> (salvo SDDV)</u>: Estas especies se propusieron para decisión de la Comisión.</p>
2	<p>Especies evaluadas con pruebas incompletas de susceptibilidad (como se describe en el artículo 1.5.8.).</p> <p><u>Infección por el iridovirus de la dorada japonesa (genogrupo)</u>: Estas especies para la infección por el iridovirus de la dorada japonesa se propusieron para su inclusión en la Sección 2.2.2. <i>Especies con pruebas incompletas de susceptibilidad</i> del Capítulo 2.3.7. <i>Infección por el iridovirus de la dorada japonesa</i> del Manual Acuático.</p> <p><u>Infección por el virus de la necrosis infecciosa del bazo y del riñón (genogrupo)</u>: Estas especies se propusieron para decisión de la Comisión.</p> <p><u>Infección por el iridovirus del cuerpo rojizo del rodaballo (genogrupo)</u>: Estas especies se propusieron para decisión de la Comisión.</p> <p><u>Infección por <i>Megalocytivirus</i> (salvo SDDV)</u>: Estas especies se propusieron para decisión de la Comisión.</p>

Puntuación	Resultado
3	<p>Especies evaluadas que no cumplen con los criterios de inclusión o para las que existía información no resuelta o contradictoria.</p> <p>Sin embargo, esta categoría también incluyó especies objeto de notificaciones con resultados positivos de la prueba PCR del patógeno específico, pero en las que no se demostró que había una infección activa. Estas especies se propusieron como se indica a continuación.</p> <p><u>Infección por el iridovirus de la dorada japonesa (genogrupo):</u> Se propuso incluir estas especies en un párrafo aparte de la Sección 2.2.2. <i>Especies con pruebas incompletas de susceptibilidad</i> del Capítulo 2.3.7. del <i>Manual Acuático</i>.</p> <p><u>Infección por el virus de la necrosis infecciosa del bazo y del riñón (genogrupo):</u> Estas especies se propusieron para decisión de la Comisión.</p> <p><u>Infección por el iridovirus del cuerpo rojizo del rodaballo (genogrupo):</u> Estas especies se propusieron para decisión de la Comisión</p> <p><u>Infección por <i>Megalocytivirus</i> (salvo SDDV):</u> Estas especies se propusieron para decisión de la Comisión.</p>
4	Especies evaluadas como no susceptibles.
SP	Especies sin puntuación debido a información irrelevante o insuficiente.

En los cuadros que siguen figuran las evaluaciones de la susceptibilidad de los hospedadores a la infección por el iridovirus de la dorada japonesa (genogrupo), el virus de la necrosis infecciosa del bazo y el riñón (genogrupo), el iridovirus del cuerpo rojizo del rodaballo (genogrupo) y el *Megalocytivirus* (salvo el SDDV), junto con los resultados y las referencias pertinentes.

**Cuadro 5: Evaluaciones para el genogrupo del RSIV**

Familia	Nombre científico	Nombre común	Etapa 1: Vía de transmisión	Etapa 2: Identificación del patógeno	Etapa 3: Pruebas de la infección				Resultado	Referencias
					A	B	C	D		
<b>Puntuación 1</b>										
Butidae	<i>Oxyeleotris marmorata</i>	gobio de mármol	N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	Sí	Sí	1	Chen <i>et al.</i> , 2013
			N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	2	Huang <i>et al.</i> , 2011
Carangidae	<i>Seriola quinqueradiata</i>	medregal del Japón	N	qPCR, PCR y análisis de secuencia	Sí	ND	ND	Sí	1	Kawato <i>et al.</i> , 2021a
			E	PCR y análisis de secuencia <sup>3</sup>	ND	Sí	Sí	Sí	1	Ito <i>et al.</i> , 2014
			N y E	PCR y análisis de secuencia <sup>3</sup>	Sí	Sí	Sí	Sí	1	Ito <i>et al.</i> , 2013
	<i>Trachinotus carolinus</i>	pámpano amarillo	N	PCR, secuencia y análisis filogenéticos	ND	ND	Sí	Sí	1	Koda <i>et al.</i> , 2019
			N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	Sí	Sí	1	Koda <i>et al.</i> , 2018
			N	PCR y análisis de secuencia	Sí	ND	Sí	Sí	1	Lopez-Porras <i>et al.</i> , 2018
Centrarchidae	<i>Lepomis macrochirus</i>	mojarra oreja azul	N	PCR y análisis de secuencia	Sí	Sí	Sí	Sí	1	Liu <i>et al.</i> , 2019
Latidae	<i>Lates calcarifer</i>	perca gigante	N	PCR y análisis de secuencia	Sí	ND	Sí	Sí	1	Sumithra <i>et al.</i> , 2022
			N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	Sí	Sí	2	Wang <i>et al.</i> , 2009
Oplegnathidae	<i>Oplegnathus fasciatus</i>	pájaro loro del Japón	N	PCR y análisis de secuencia <sup>4</sup>	ND	ND	Sí	Sí	1	Jeong <i>et al.</i> , 2008b
			N	PCR y análisis de secuencia	ND	Sí	Sí	ND	1	Do <i>et al.</i> , 2004
			N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	Sí	Sí	1	Jeong <i>et al.</i> , 2003

Familia	Nombre científico	Nombre común	Etapa 1: Vía de transmisión	Etapa 2: Identificación del patógeno	Etapa 3: Pruebas de la infección				Resultado	Referencias
					A	B	C	D		
	<i>Oplegnathus punctatus</i>	perico presidiario	N	PCR y análisis de secuencia	Sí	Sí	ND	Sí	1 <sup>5</sup>	Dong <i>et al.</i> , 2010
Osphronemidae	<i>Macropodus opercularis</i>	[paradise fish]	N	PCR y análisis de secuencia	Sí	Sí	Sí	Sí	1	Liu <i>et al.</i> , 2019
Paralichthyidae	<i>Paralichthys olivaceus</i>	falso halibut de Japón	N	PCR y análisis de secuencia	Sí	Sí	Sí	Sí	1	Jung <i>et al.</i> , 2016
Sciaenidae	<i>Larimichthys crocea</i>	corvina japonesa	N	PCR y análisis de secuencia	Sí	Sí	Sí	Sí	1	Chen <i>et al.</i> , 2003
Sinipercidae	<i>Siniperca chuatsi</i>	pez mandarín	N	PCR y análisis de secuencia	ND	Sí	Sí	Sí	1	Dong <i>et al.</i> , 2013
Sparidae	<i>Acanthopagrus schlegelii</i>	[blackhead seabream]	N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	Sí	Sí	1	Jeong <i>et al.</i> , 2003
	<i>Pagrus major</i>	dorada del Japón	N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	ND	1	Kurita <i>et al.</i> , 2002
			N	PCR, análisis de secuencia y qPCR	Sí	Sí	ND	Sí	1	Kawato <i>et al.</i> , 2021b
			N	VI <sup>6</sup>	Sí	Sí	Sí	Sí	1	Inouye <i>et al.</i> , 1992
Synanceiidae	<i>Inimicus japonicus</i> <sup>7</sup>	sin nombre común	N	qPCR, PCR y análisis de secuencia	Sí	Sí	Sí	Sí	1	Kawato <i>et al.</i> 2017c
<b>Puntuación 2</b>										
Lateolabracidae	<i>Lateolabrax japonicus</i>	serránido japonés	N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	2	Do <i>et al.</i> , 2005
			N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	NS	Matsuoka <i>et al.</i> , 1996
Osphronemidae	<i>Trichopodus leerii</i>	gurami perla	N y E	PCR y análisis de secuencia <sup>4</sup>	ND	ND	Sí	Sí	2 <sup>8</sup>	Jeong <i>et al.</i> , 2008b
Sebastidae	<i>Sebastes schlegelii</i>	gallineta	N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	Sí	Sí	2	Do <i>et al.</i> , 2005
			N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Kim <i>et al.</i> , 2002
Sparidae	<i>Rhabdosargus sarba</i>	sargo dorado	N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	Sí	Sí	2 <sup>8</sup>	Wang <i>et al.</i> , 2009

Familia	Nombre científico	Nombre común	Etapa 1: Vía de transmisión	Etapa 2: Identificación del patógeno	Etapa 3: Pruebas de la infección				Resultado	Referencias
					A	B	C	D		
Stromateidae	<i>Pampus argenteus</i>	palometón platero	N	PCR y análisis de secuencia	Sí	ND	Sí	Sí	2	Ni <i>et al.</i> , 2021
<b>Puntuación 3</b>										
Leiognathidae	<i>Leiognathus equulus</i>	[common ponyfish]	N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2009
Serranidae	<i>Epinephelus lanceolatus</i>	mero lanceolado	N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Huang <i>et al.</i> , 2011
			N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2009
<b>Sin puntuación (SP)</b>										
Moronidae	<i>Morone saxatilis</i> x <i>Morone chrysops</i>	híbrido de lubina estriada x tilo blanco americano	N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	ND	NS	Kurita & Nakajima, 2012
Serranidae	<i>Cromileptes altivel</i>	[humpback grouper]	EI	PCR	Sí	Sí	Sí	Sí	NS	Mahardika <i>et al.</i> , 2004
	<i>Epinephelus tauvina</i>	mero lutria	N	PCR y análisis de secuencia	ND	Sí	Sí	Sí	NS	Sudthongkong <i>et al.</i> , 2002a
Sparidae	<i>Acanthopagrus latus</i>	[yellowfin sea bream]	N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	ND	NS	Kurita & Nakajima, 2012

<sup>3</sup> La cepa aislada (RSIV KagYT-96) fue secuenciada e identificada como RSIV en el estudio de Kawato *et al.*, 2020.

<sup>4</sup> El análisis de secuencia es por extensión, ya que se basa en un análisis de secuencia previo utilizado (Jeong *et al.*, 2003).

<sup>5</sup> El Laboratorio de Referencia de OMSA sobre el RSIV aisló el genogrupo del RSIV de un *Oplegnathus punctatus*, lo que ofrece a este documento único una segunda línea de evidencia.

<sup>6</sup> El genoma completo del aislado del virus (Ehime-1) de Inouye *et al.*, 1992 fue secuenciado en el estudio de Kurita *et al.*, 2002.

<sup>7</sup> Ningún nombre común estaba disponible en las bases FAOTerm o www.fishbase.se.

<sup>8</sup> Sólo un estudio estaba disponible para la evaluación. El grupo *ad hoc* consideró que las pruebas aportadas cumplían los criterios de susceptibilidad y le otorgó una puntuación de "1". Sin embargo, no pudo encontrar ningún estudio adicional ni pruebas que lo corroborasen y determinó que este único estudio no bastaba para obtener una puntuación final de "1". Por consiguiente, el grupo *ad hoc* asignó a esta especie una puntuación global de "2".

**Cuadro 6: Evaluación para el genogrupo ISKNV**

Familia	Nombre científico	Nombre común	Etapa 1: Vía de transmisión	Etapa 2: Identificación del patógeno	Etapa 3: Pruebas de la infección				Resultado	Referencias
					A	B	C	D		
<b>Puntuación 1</b>										
Apogonidae	<i>Pterapogon kauderni</i>	cardenal de Banggai	N	PCR y análisis de secuencia	Sí	ND	Sí	Sí	1	Weber <i>et al.</i> , 2009
Butidae	<i>Oxyeleotris marmorata</i>	gobio de mármol	N	PCR y análisis de secuencia	Sí	SÍ	Sí	Sí	1	Wang <i>et al.</i> , 2011
Cichlidae	<i>Astronotus ocellatus</i>	acará	N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	Sí	Sí	1	Baoprasertkul & Kaenchan, 2019
			N	PCR y análisis de secuencia	Sí	ND	ND	Sí	1	Go <i>et al.</i> , 2016
	<i>Etroplus suratensis</i>	cromido verde	N	PCR y análisis de secuencia	Sí	Sí	Sí	Sí	1	Swaminathan <i>et al.</i> , 2022
	<i>Oreochromis niloticus</i>	tilapia del Nilo	N	PCR, secuencia y análisis filogenéticos	Sí	ND	Sí	Sí	1	Figueiredo <i>et al.</i> , 2021
			N	PCR y análisis de secuencia	Sí	Sí	Sí	Sí	1	Ramírez-Paredes <i>et al.</i> , 2020
			N	PCR y análisis de secuencia	Sí	ND	Sí	Sí	1	Subramaniam <i>et al.</i> , 2016
	<i>Pterophyllum scalare</i>	scalare	N	PCR y análisis de secuencia	ND	Sí	ND	Sí	1	Kawato <i>et al.</i> , 2020
			N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	2	Go <i>et al.</i> , 2016
Cyprinidae	<i>Epalzeorhynchus frenatum</i>	tiburón de aletas rojas	N	PCR, secuencia y análisis filogenéticos	ND	Sí	Sí	Sí	1	Koda <i>et al.</i> , 2021
Danionidae	<i>Danio rerio</i>	pez cebra	N	PCR, secuencia y análisis filogenéticos	Sí	ND	Sí	Sí	1	Bermudez <i>et al.</i> , 2018
			N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	2	Subramaniam <i>et al.</i> , 2014
Ephippidae	<i>Platax orbicularis</i>	dalapugán	N	PCR y análisis de secuencia	Sí	ND	Sí	Sí	1	Sriwanayos <i>et al.</i> , 2013

Familia	Nombre científico	Nombre común	Etapa 1: Vía de transmisión	Etapa 2: Identificación del patógeno	Etapa 3: Pruebas de la infección				Resultado	Referencias
					A	B	C	D		
Latidae	<i>Lates calcarifer</i>	perca gigante	N	PCR y análisis de secuencia	ND	Sí	Sí	Sí	1	Kerddee <i>et al.</i> , 2021
			N	PCR, secuencia y análisis filogenéticos	Sí	Sí	Sí	Sí	1	Zhu <i>et al.</i> , 2021
Nothobranchiidae	<i>Aphyosemion gardneri</i>	killi punteado	N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	Sí	Sí	1	Nolan <i>et al.</i> , 2015
Oplegnathidae	<i>Oplegnathus fasciatus</i>	pájaro loro del Japón	N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	Sí	Sí	1	Jeong <i>et al.</i> , 2008b
			N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	2	Song <i>et al.</i> , 2008
	<i>Oplegnathus punctatus</i>	[spotted knifejaw]	N	PCR y análisis de secuencia	ND	Sí	Sí	Sí	1	Huang <i>et al.</i> , 2021
Osphronemidae	<i>Osphronemus goramy</i>	gurami gigante	N	PCR y análisis de secuencia	Sí	Sí	Sí	Sí	1	Swaminathan <i>et al.</i> , 2021
	<i>Trichogaster lalius</i>	gurami enano	N	PCR y análisis de secuencia	Sí	Sí	ND	ND	1	Rimmer <i>et al.</i> , 2017
			N	PCR y análisis de secuencia	ND	Sí	Sí	Sí	1	Go & Whittington, 2006
			N	PCR y análisis de secuencia	ND	Sí	Sí	Sí	1	Sudthongkong <i>et al.</i> , 2002b
	<i>Trichopodus leerii</i>	gurami perla	N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	Sí	Sí	1	Jeong <i>et al.</i> , 2008a
			N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	Sí	Sí	1	Jeong <i>et al.</i> , 2008b
	<i>Trichopodus microlepis</i>	gurami luz de luna	N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	Sí	Sí	1	Jeong <i>et al.</i> , 2008a
Percichthyidae	<i>Maccullochella peelii</i>	bacalao del Murray	E	PCR y análisis de secuencia	Sí	ND	Sí	Sí	1	Go & Whittington, 2006
			N	PCR y análisis de secuencia	Sí	ND	Sí	Sí	1	Go <i>et al.</i> , 2006
Poeciliidae	<i>Poecilia latipinna</i>	topote velo negro	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	Sí	Sí	1	Nolan <i>et al.</i> , 2015

Familia	Nombre científico	Nombre común	Etapa 1: Vía de transmisión	Etapa 2: Identificación del patógeno	Etapa 3: Pruebas de la infección				Resultado	Referencias
					A	B	C	D		
			N	PCR anidada, qPCR y análisis de secuencia	ND	ND	Sí	Sí	1 <sup>9</sup>	Baoprasertkul & Kaenchan, 2019
	<i>Xiphophorus hellerii</i>	cola de espada	N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	2	Zainathan <i>et al.</i> , 2017
			N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	Sí	Sí	1	Nolan <i>et al.</i> , 2015
			N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	2	Subramaniam <i>et al.</i> , 2014
	<i>Xiphophorus maculatus</i>	espada sureña	N	PCR anidada, qPCR y análisis de secuencia	ND	ND	Sí	Sí	1	Baoprasertkul & Kaenchan, 2019
			N	PCR y análisis de secuencia	Sí	ND	Sí	Sí	1	Jung-Schroers <i>et al.</i> , 2016
			N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	Sí	Sí	1	Nolan <i>et al.</i> , 2015
Sciaenidae	<i>Sciaenops ocellatus</i>	corvinón ocelado	N	PCR y análisis de secuencia	Sí	ND	Sí	Sí	1	Oseko <i>et al.</i> , 2004
			N	PCR y análisis de secuencia	Sí	ND	Sí	Sí	1	Weng <i>et al.</i> , 2002
Serranidae	<i>Epinephelus fuscoguttatus</i> ♀ ×♂ <i>E. lanceolatus</i>	[pearl gentian grouper] (híbridos)	N	PCR y análisis de secuencia	Sí	Sí	Sí	Sí	1	Huang <i>et al.</i> , 2020
Sinipercaidae	<i>Siniperca chuatsi</i>	pez mandarín	N	PCR y análisis de secuencia	Sí	ND	Sí	Sí	1	Tanaka <i>et al.</i> , 2014
			N	análisis de secuencia <sup>10</sup>	Sí	Sí	Sí	Sí	1	He <i>et al.</i> , 2001
<b>Puntuación 2</b>										
Cichlidae	<i>Mikrogeophagus ramirezi</i>	pez ramirezi	N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	2	Subramaniam <i>et al.</i> , 2014
			N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	2	Zainathan <i>et al.</i> , 2019

Familia	Nombre científico	Nombre común	Etapa 1: Vía de transmisión	Etapa 2: Identificación del patógeno	Etapa 3: Pruebas de la infección				Resultado	Referencias
					A	B	C	D		
	<i>Pterophyllum altum</i>	pez ángel altum	N	PCR y análisis de secuencia	Sí	Sí	Sí	Sí	2 <sup>11</sup>	Jung-Schroers <i>et al.</i> , 2016
Helostomatidae	<i>Helostoma temminckii</i>	gurami besador	N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	2	Rimmer <i>et al.</i> , 2015
Osphronemidae	<i>Trichopodus trichopterus</i>	gurami azul	N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	2	Zainathan <i>et al.</i> , 2017
			N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Rimmer <i>et al.</i> , 2015
Poeciliidae	<i>Poecilia sphenops</i>	topote mexicano	N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	2	Zainathan <i>et al.</i> , 2017
			N	PCR	ND	ND	ND	Sí	3	Rimmer <i>et al.</i> , 2015
	<i>Xiphophorus variatus</i>	espada de Valles	N	PCR anidada, qPCR y análisis de secuencia	ND	ND	Sí	Sí	2 <sup>12</sup>	Baoprasertkul & Kaenchan, 2019
Sparidae	<i>Rhabdosargus sarba</i>	sargo dorado	N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	2	Huang <i>et al.</i> , 2011
<b>Puntuación 3</b>										
Carangidae	<i>Alepes djedaba</i>	[shrimp scad]	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
	<i>Caranx sexfasciatus</i>	jurel voraz	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
	<i>Decapterus maruadsi</i>	Macarela japonesa	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
	<i>Scomberoides lysan</i>	[doublespotted queenfish]	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
	<i>Scomberoides tala</i>	jurel carsia	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
	<i>Selaroides leptolepis</i>	chicharro banda dorada	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
Clupeidae	<i>Konosirus punctatus</i>	alosa manchada	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
Cynoglossidae	<i>Cynoglossus sinicus</i> <sup>13</sup>		N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007

Familia	Nombre científico	Nombre común	Etapa 1: Vía de transmisión	Etapa 2: Identificación del patógeno	Etapa 3: Pruebas de la infección				Resultado	Referencias
					A	B	C	D		
Cyprinidae	<i>Carassius auratus</i>	pez rojo	N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3 <sup>14</sup>	de Lucca Maganha <i>et al.</i> , 2018
	<i>Cyprinus carpio</i>	carpa común	N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3 <sup>14</sup>	de Lucca Maganha <i>et al.</i> , 2018
Danionidae	<i>Danio albolineatus</i>	[pearl danio]	N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3 <sup>14</sup>	de Lucca Maganha <i>et al.</i> , 2018
Engraulidae	<i>Thryssa mystax</i>	bocarte dompillón	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
Haemulidae	<i>Plectorhinchus pictus</i>	burro trucha	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
Leiognathidae	<i>Deveximentum insidiator</i>	motambo boxeador	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
	<i>Leiognathus brevisrostris</i>	[shortnose ponyfish]	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
	<i>Photopectoralis bindus</i>	motambo naranjón	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
Lutjanidae	<i>Lutjanus argentimaculatus</i>	pargo de manglar	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
	<i>Lutjanus johnii</i>	pargo jaspeado	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
	<i>Lutjanus russelli</i>	pargo ojo de buey	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
	<i>Lutjanus sanguineus</i>	pargo cabezón	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
Monacanthidae	<i>Paramonacanthus japonicus</i>	[hair-finned leatherjacket]	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
Osphronemidae	<i>Macropodus opercularis</i>	[paradise fish]	N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3 <sup>14</sup>	de Lucca Maganha <i>et al.</i> , 2018
			N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Kim <i>et al.</i> , 2010
Polynemidae	<i>Eleutheronema tetradactylum</i>	barbudo de cuatro dedos	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007

Familia	Nombre científico	Nombre común	Etapa 1: Vía de transmisión	Etapa 2: Identificación del patógeno	Etapa 3: Pruebas de la infección				Resultado	Referencias
					A	B	C	D		
Sciaenidae	<i>Dendrophysa russellii</i>	lambe chivato	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
	<i>Otolithes ruber</i>	bombache tigre mayor	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
	<i>Pennahia argentata</i>	Corvina plateada	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
	<i>Pennahia macrocephalus</i>	[big-head pennah croaker]	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
Scombridae	<i>Scomberomorus commerson</i>	carite estriado Indo-Pacífico	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
Serranidae	<i>Cephalopholis boenak</i>	cherna chocolate	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
	<i>Epinephelus bleekeri</i>	mero medioluto	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
	<i>Epinephelus chlorostigma</i>	mero pintado	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
	<i>Epinephelus fasciatus</i>	mero de las piedras	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
	<i>Epinephelus merra</i>	mero panal	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
Serrasalmidae	<i>Pygocentrus nattereri</i>	piraña	N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3 <sup>14</sup>	de Lucca Maganha <i>et al.</i> , 2018
Siganidae	<i>Siganus canaliculatus</i>	sigano pintado	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
Stromateidae	<i>Pampus argenteus</i>	palometón platero	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
Synodontidae	<i>Saurida elongata</i>	[slender lizardfish]	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
Syphraenidae	<i>Sphyraena forsteri</i>	Picuda de Forster	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
Terapontidae	<i>Pelates quadrilineatus</i>	baraonga aurora	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007

Familia	Nombre científico	Nombre común	Etapa 1: Vía de transmisión	Etapa 2: Identificación del patógeno	Etapa 3: Pruebas de la infección				Resultado	Referencias
					A	B	C	D		
	<i>Terapon jarbua</i>	baraonga jarbua	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
Tetraodontidae	<i>Lagocephalus spadiceus</i>	[half-smooth Golden pufferfish]	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
	<i>Takifugu alboplumbeus</i> <sup>13</sup>		N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
	<i>Takifugu xanthopterus</i>	[yellowfin pufferfish]	N	PCR anidada y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3	Wang <i>et al.</i> , 2007
<b>Sin puntuación (SP)</b>										
Centrarchidae	<i>Micropterus salmoides</i>	perca atruchada	EI	N	ND	Sí	Sí	ND	SP	He <i>et al.</i> , 2002
Xenocypridae	<i>Ctenopharyngodon idella</i>	carpa herbívora	EI	N	ND	ND	ND	ND	SP	He <i>et al.</i> , 2002

<sup>9</sup> La identificación del patógeno no se completó al nivel de genogrupo para esta especie. El grupo *ad hoc* incluyó este estudio como prueba.

<sup>10</sup> En este estudio no se realizó ninguna prueba PCR. Los autores clonaron fragmentos de ADN para su secuenciación.

<sup>11</sup> El estudio evaluado incluía dos especies diferentes de peces ángel y el análisis molecular se realizó en tejidos que incluían tejido branquial. Como resultado, el grupo *ad hoc* determinó que las pruebas no eran suficientes para una puntuación final de "1" y evaluó esta especie con una puntuación global de "2".

<sup>12</sup> Sólo se disponía de un estudio para la evaluación y sólo un pez de ese estudio presentó signos clínicos. El grupo *ad hoc* determinó que las pruebas obtenidas de ese único pez no eran suficientes para una puntuación final de "1". Por consiguiente, asignó a esta especie una puntuación global de "2".

<sup>13</sup> No se encontró ningún nombre común disponible en las bases FAOTerm o [www.fishbase.se](http://www.fishbase.se).

<sup>14</sup> Los resultados de este estudio se obtuvieron a partir de estudios con múltiples especies de peces silvestres. El grupo *ad hoc* le preocupó la posible contaminación cruzada resultante de esta metodología de muestreo. Por lo tanto, evaluó las pruebas aportadas por este estudio con una puntuación de "3".

**Cuadro 7: Evaluaciones para el genogrupo del TRBIV**

Familia	Nombre científico	Nombre común	Etapa 1: Vía de transmisión	Etapa 2: Identificación del patógeno	Etapa 3: Pruebas de la infección				Resultado	Referencias
					A	B	C	D		
<b>Puntuación 1</b>										
Cichlidae	<i>Astronotus ocellatus</i>	acará	N	PCR y análisis de secuencia	ND	SÍ	SÍ	SÍ	1	Koda <i>et al.</i> , 2018
Latidae	<i>Lates calcarifer</i>	perca gigante	N	PCR y análisis de secuencia	SÍ	ND	SÍ	SÍ	1	Tsai <i>et al.</i> , 2020
Osphronemidae	<i>Trichogaster lalius</i>	gurami enano	N	PCR y análisis de secuencia	SÍ	ND	SÍ	SÍ	1	Go <i>et al.</i> , 2016
			N	PCR y análisis de secuencia	SÍ	SÍ	ND	ND	1	Rimmer <i>et al.</i> , 2015
Paralichthyidae	<i>Paralichthys olivaceus</i>	falso halibut de Japón	N	PCR y análisis de secuencia	SÍ	SÍ	SÍ	SÍ	1	Jung <i>et al.</i> , 2016
Scophthalmidae	<i>Scophthalmus maximus</i>	rodaballo	N	PCR y análisis de secuencia <sup>15</sup>	ND	ND	SÍ	SÍ	1	Shi <i>et al.</i> , 2010
			N	N <sup>16</sup>	SÍ	ND	SÍ	SÍ	NS	Shi <i>et al.</i> , 2004
<b>Puntuación 2</b>										
Cichlidae	<i>Cleithracara maronii</i>	acara maroni	N	PCR y análisis de secuencia	ND	SÍ	ND	ND	2	Koda <i>et al.</i> , 2018
	<i>Pterophyllum scalare</i>	scalare	N	PCR, secuencia y análisis filogenéticos	ND	ND	SÍ	SÍ	1 <sup>17</sup>	Go <i>et al.</i> , 2016
Olegnathidae	<i>Oplegnathus fasciatus</i>	pájaro loro del Japón	N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	SÍ	2	Song <i>et al.</i> , 2008
Osphronemidae	<i>Trichopodus trichopterus</i>	gurami azul	N	PCR y análisis de secuencia	ND	SÍ	ND	ND	2	Koda <i>et al.</i> , 2018

<sup>15</sup> Virus aislado y secuenciado por Shi *et al.*, 2010.

<sup>16</sup> Virus de genoma completo aislado por Shi *et al.*, 2004.

<sup>17</sup> Sólo se disponía de un estudio para la evaluación y sólo un pez de ese estudio presentó signos clínicos. El grupo *ad hoc* determinó que las pruebas de ese único pez no eran suficientes para una puntuación final de "1". Por consiguiente, asignó a esta especie una puntuación global de "2".

**Cuadro 8: Evaluación de *Megalocytivirus* (salvo el SDDV)**

Familia	Nombre científico	Nombre común	Etapa 1: Vía de transmisión	Etapa 2: Identificación del patógeno	Etapa 3: Pruebas de la infección				Resultado	Referencias
					A	B	C	D		
<b>Puntuación 1</b>										
Carangidae	<i>Pseudocaranx dentex</i>	jurel dentón	N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Kawakami & Nakajima, 2002
			N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Matsuoka <i>et al.</i> , 1996
			N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Nakajima <i>et al.</i> , 1995b
	<i>Seriola dumerili</i>	pez de limón	N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Kawakami & Nakajima, 2002
			N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Matsuoka <i>et al.</i> , 1996
			N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Nakajima <i>et al.</i> , 1995b
	<i>Seriola lalandi</i>	medregal rabo amarillo	N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Kawakami & Nakajima, 2002
			N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Matsuoka <i>et al.</i> , 1996
			N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Nakajima <i>et al.</i> , 1995b
	<i>Seriola quinqueradiata x Seriola lalandi</i>	[Buri-hira hybrid]	N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Kawakami & Nakajima, 2002
	<i>Trachinotus blochii</i>	[snubnose pompano]	N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Kawakami & Nakajima, 2002
			N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Matsuoka <i>et al.</i> , 1996
N			IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Kawakami & Nakajima, 2002	
<i>Trachurus japonicus</i>	jurel japonés	N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Matsuoka <i>et al.</i> , 1996	
		N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Kawakami & Nakajima, 2002	
Girellidae	<i>Girella punctata</i>	[largescale blackfish]	N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Kawakami & Nakajima, 2002
			N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Matsuoka <i>et al.</i> , 1996
Haemulidae	<i>Parapristipoma trilineatum</i>	[chicken grunt]	N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Kawakami & Nakajima, 2002
			N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Matsuoka <i>et al.</i> , 1996
Lethrinidae	<i>Plectorhinchus cinctus</i>	[crescent sweetlips]	N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Kawakami & Nakajima, 2002
			N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Kawakami & Nakajima, 2002
Lethrinidae	<i>Lethrinus haematopterus</i>	[Chinese emperor]	N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Kawakami & Nakajima, 2002
			N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Kawakami & Nakajima, 2002
Mugilidae	<i>Lethrinus nebulosus</i>	[spangled emperor]	N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Kawakami & Nakajima, 2002
Mugilidae	<i>Mugil cephalus</i>	pardete	N	PCR, TEM y IFAT	Sí	Sí	Sí	Sí	1	Gibson-Kueh <i>et al.</i> , 2004
Paralichthyidae	<i>Paralichthys olivaceus</i>	falso halibut de Japón	N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Kawakami & Nakajima 2002
			N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Matsuoka <i>et al.</i> , 1996

Familia	Nombre científico	Nombre común	Etapa 1: Vía de transmisión	Etapa 2: Identificación del patógeno	Etapa 3: Pruebas de la infección				Resultado	Referencias
					A	B	C	D		
Pleuronectidae	<i>Verasper variegatus</i>	[spotted halibut]	N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Kawakami & Nakajima, 2002
Poeciliidae	<i>Poecilia reticulata</i>	gupi o pez millón	N	PCR anidada, qPCR	ND	ND	Sí	Sí	1 <sup>18</sup>	Baoprasertkul & Kaenchan, 2019
			N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	2 <sup>19</sup>	Zainathan <i>et al.</i> , 2019
			N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	3 <sup>19</sup>	de Lucca Maganha <i>et al.</i> , 2018
Procatopodidae	<i>Poropanchax normani</i>	killi de ojos luminosos	N	PCR y análisis de secuencia	Sí	Sí	Sí	Sí	1	Sudthongkong <i>et al.</i> , 2002b
Rachycentridae	<i>Rachycentron canadum</i>	cobia	N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Kawakami & Nakajima, 2002
Scombridae	<i>Scomber japonicus</i>	estornino	N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Kawakami & Nakajima, 2002
	<i>Scomberomorus niphonius</i>	carite oriental	N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Kawakami & Nakajima, 2002
	<i>Thunnus orientalis</i> <sup>21</sup>	atún aleta azul del Pacífico	N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Kawakami & Nakajima, 2002
			N	IFAT	Sí	Sí	ND	ND	1	Nakajima <i>et al.</i> , 1998c
			N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Matsuoka <i>et al.</i> , 1996
Serranidae	<i>Epinephelus akaara</i>	mero de pintas rojas	N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Kawakami & Nakajima, 2002
			N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Matsuoka <i>et al.</i> , 1996
	<i>Epinephelus awoara</i>	[yellow grouper]	N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Kawakami & Nakajima, 2002
			N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Matsuoka <i>et al.</i> , 1996
	<i>Epinephelus bruneus</i>	[longtooth grouper]	N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Kawakami & Nakajima, 2002
	<i>Epinephelus coioides</i>	[orange-spotted grouper]	N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Kawakami & Nakajima, 2002
			N	PCR y análisis de secuencia	ND	Sí	Sí	ND	2 <sup>20</sup>	Ma <i>et al.</i> , 2012
			N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	2 <sup>19</sup>	Huang <i>et al.</i> , 2011
			N y E	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	ND	Sí	2 <sup>19</sup>	Lu <i>et al.</i> , 2005
	<i>Epinephelus fuscoguttatus</i>	[brown-marbled grouper]	N	PCR e IFAT	Sí	Sí	Sí	Sí	1	Gibson-Kueh <i>et al.</i> , 2004

Familia	Nombre científico	Nombre común	Etapa 1: Vía de transmisión	Etapa 2: Identificación del patógeno	Etapa 3: Pruebas de la infección				Resultado	Referencias
					A	B	C	D		
	<i>Epinephelus malabaricus</i>	mero malabárico	N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Kawakami & Nakajima, 2002
			N	PCR	Sí	Sí	Sí	Sí	1	Danayadol <i>et al.</i> , 1997
	<i>Epinephelus septemfasciatus</i>	[convict grouper]	N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Kawakami & Nakajima, 2002
			N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Matsuoka <i>et al.</i> , 1996
Sparidae	<i>Dentex tumifrons</i> <sup>22</sup>	[yellowback seabream]	N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Kawakami & Nakajima, 2002
			N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Matsuoka <i>et al.</i> , 1996
			N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Nakajima <i>et al.</i> , 1995b
Tetraodontidae	<i>Takifugu rubripes</i>	[tiger pufferfish]	N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Kawakami & Nakajima, 2002
			N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Matsuoka <i>et al.</i> , 1996
			N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	Nakajima <i>et al.</i> , 1995b
<b>Puntuación 2</b>										
Osphronemidae	<i>Betta splendens</i>	[siamese fighting fish]	N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	Sí	Sí	2 <sup>23</sup>	Baoprasertkul & Kaenchan, 2019
Poeciliidae	<i>Poecilia velifera</i>	topote aleta grande	N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	Sí	Sí	2 <sup>23</sup>	Baoprasertkul & Kaenchan, 2019
<b>Puntuación 3</b>										
Characidae	<i>Moenkhausia costae</i>	tetra fortuna	N	PCR	ND	ND	ND	Sí	3	de Lucca Maganha <i>et al.</i> , 2018
Cobitidae	<i>Misgurnus anguillicaudatus</i>	misgurno de Asia	N	PCR	ND	ND	ND	Sí	3	de Lucca Maganha <i>et al.</i> , 2018
Hemiodontidae	<i>Hemiodus gracilis</i> <sup>24</sup>		N	PCR	ND	ND	ND	Sí	3	de Lucca Maganha <i>et al.</i> , 2018
Loricariidae	<i>Hypostomus plecostomus</i>	corroncho	N	PCR	ND	ND	ND	Sí	3	de Lucca Maganha <i>et al.</i> , 2018
Osphronemidae	<i>Trichogaster labiosa</i>	[thick lipped gourami]	N	PCR	ND	ND	ND	Sí	3	Rimmer <i>et al.</i> , 2015
Osteoglossidae	<i>Arapaima gigas</i>	paiche	N	PCR	ND	ND	ND	Sí	3	de Lucca Maganha <i>et al.</i> , 2018
Pangasiidae	<i>Pangasianodon hypophthalmus</i>	panga	N	PCR	ND	ND	ND	Sí	3	de Lucca Maganha <i>et al.</i> , 2018
Pomacanthidae	<i>Pomacanthus navarchus</i>	[bluegirdled anglefish]	N	PCR	ND	ND	ND	Sí	3	de Lucca Maganha <i>et al.</i> , 2018

Familia	Nombre científico	Nombre común	Etapa 1: Vía de transmisión	Etapa 2: Identificación del patógeno	Etapa 3: Pruebas de la infección				Resultado	Referencias
					A	B	C	D		
Serrasalmidae	<i>Serrasalmus gibbus</i> <sup>25</sup>		N	PCR	ND	ND	ND	Sí	3	de Lucca Maganha <i>et al.</i> , 2018
<b>Sin puntuación (SP)</b>										
Cichlidae	<i>Apistogramma cactuoides</i>	[cockatoo cichlid]	N	N <sup>25</sup>	ND	ND	Sí	ND	SP	Nolan <i>et al.</i> , 2015
Serranidae	<i>Cromileptes altivelis</i>	[humpback grouper]	EI	N <sup>26</sup>	Sí	Sí	Sí	Sí	SP	Mahardika <i>et al.</i> , 2004

<sup>18</sup> La identificación del patógeno no se completó al nivel del genogrupo para esta especie.

<sup>19</sup> Este estudio se evaluó a nivel del genogrupo ISKNV, pero el grupo *ad hoc* determinó que las pruebas apoyaban la susceptibilidad a nivel de la infección por *Megalocytivirus*. Por consiguiente, las evaluaciones a nivel del genogrupo se incluyen en el cuadro de evaluación de la infección por *Megalocytivirus*.

<sup>20</sup> Este estudio se evaluó a nivel del genogrupo RSIV, pero el grupo *ad hoc* determinó que las pruebas apoyaban la susceptibilidad a nivel de la infección por *Megalocytivirus*. Por consiguiente, las evaluaciones a nivel del genogrupo se incluyen en el cuadro de evaluación de la infección por *Megalocytivirus*.

<sup>21</sup> Antes de 1999, *Thunnus thynnus* y *Thunnus orientalis* se consideraban una sola especie, denominada colectivamente *Thunnus thynnus*. Collette *et al.*, 1999 sugirieron la separación de las especies y así se reconoce en [www.fishbase.se](http://www.fishbase.se). Nakajima *et al.*, 1998c y Matsuoka *et al.*, 1996 se publicaron antes de 1999, y Kawakami & Nakajima, 2002 se publicó cuando la especie acababa de ser propuesta. Basándose en los lugares de muestreo de estos tres estudios y en la distribución geográfica del *Thunnus orientalis*, el grupo *ad hoc* determinó que la especie incluida en estos estudios era *Thunnus orientalis*.

<sup>22</sup> En [www.fishbase.se](http://www.fishbase.se), *Dentex tumifrons* es la taxonomía aceptada. *Evynnis japonica* se considera un sinónimo no válido..

<sup>23</sup> Sólo se disponía de un estudio para la evaluación y sólo un pez de ese estudio presentaba signos clínicos. El grupo *ad hoc* determinó que las pruebas de ese único pez no eran suficientes para una puntuación final de "1". Por consiguiente, asignó a esta especie una puntuación global de "2".

<sup>24</sup> Ningún nombre común está registrado en las bases FAOTerm o [www.fishbase.se](http://www.fishbase.se).

<sup>25</sup> Sólo se utilizó la histología para la identificación del patógeno.

<sup>26</sup> Los peces infectados resultaron positivos en la prueba PCR, pero no se realizó el análisis de secuencia para confirmar la identificación del virus.

### Indicadores clave para el cuadro de evaluación

N: Infección por vía natural

E: Procedimientos experimentales (no invasivos)

EI: Procedimientos experimentales invasivos

Sí: Demuestra que se cumple el criterio

N: El criterio no se cumple

ND: No se determina

SP: Sin puntuación

---

## 5. Convención de denominación para las especies susceptibles

La mayoría de los nombres científicos de las especies están armonizados con [www.fishbase.se](http://www.fishbase.se).

Los nombres comunes de las especies están armonizados con FAOTERM (<http://www.fao.org/faoterm/collection/faoterm/en/>). Cuando los nombres comunes no se encuentran en FAOTERM, las especies se designaron de acuerdo con [www.fishbase.se](http://www.fishbase.se).

## 6. Comentarios generales

El grupo *ad hoc* decidió centrarse en los estudios publicados a partir del año 2000, cuando se disponía de pruebas moleculares. Se consultaron documentos publicados en años anteriores cuando fue necesario aumentar la fiabilidad de los resultados de la evaluación o en caso de ausencia de documentos recientes para la evaluación de una especie hospedadora específica o evaluar la susceptibilidad a la infección por los virus de la especie ISKNV (genogrupos RSIV, ISKNV y TRBIV). Cuando fue necesario para corroborar la identificación de patógenos, el grupo *ad hoc*:

- a) contactó con los autores de los estudios o con los expertos del laboratorio de referencia para que describieran con más detalle los métodos de identificación de patógenos; o
- b) utilizó información molecular de estudios paralelos o posteriores sobre la misma población de origen.

El grupo *ad hoc* acordó que, si bien la situación ideal era la de disponer de dos publicaciones con una puntuación de "1", un único estudio con una puntuación de "1" con pruebas corroborantes también era suficiente para concluir la susceptibilidad de una especie en ausencia de pruebas contradictorias. Cuando la estrategia de muestreo se distribuyó entre estaciones o localizaciones, y/o cuando un solo artículo proporcionó todas las pruebas (moleculares con las correspondientes pruebas histológicas dentro de los mismos animales), el grupo *ad hoc* consideró que un artículo con sólidos fundamentos bastaba para indicar la susceptibilidad de una especie. Se revisaron estudios adicionales para comprobar la existencia de pruebas de apoyo o contradictorias. Cuando se identificaron informes adicionales, pero que el grupo *ad hoc* consideró que no era necesario evaluarlos porque la especie ya había sido determinada como susceptible por otros estudios, estos documentos se incluyeron en la lista de referencias.

## 7. Lista de especies susceptibles en un rango taxonómico de Género o superior

El grupo *ad hoc* finalizó las evaluaciones de las especies susceptibles, pero no tuvo tiempo suficiente para determinar si el Artículo 1.5.9. se aplicaba a la infección por *Megalocytivirus*. Observó que ninguna especie había sido evaluada con una puntuación de "4" en base a pruebas de no susceptibilidad.

El grupo *ad hoc* decidió solicitar la opinión de la Comisión para los Animales Acuáticos para revisar la inclusión de especies susceptibles en la clasificación taxonómica de Género o superior.

El grupo *ad hoc* identificó varios estudios en los que la especie sólo se identificaba a nivel de género. En estos casos, evaluó la especie hasta el nivel de género en caso de que esta información sirviera de ayuda en el marco de la aplicación del Artículo 1.5.9. Esta información figura en el Cuadro 9.

**Cuadro 9: Infección por *Megalocytivirus* evaluados para huéspedes identificados solo en el nivel del género**

Familia	Nombre científico	Etapa 1: Vía de transmisión	Etapa 2: Identificación del patógeno	Etapa 3: Pruebas de la infección				Resultados	Evaluado por	Referencias
				A	B	C	D			
<b>Puntuación 1</b>										
Cichlidae	<i>Pterophyllum sp.</i>	N	PCR anidada, qPCR y análisis de secuencia	ND	ND	Sí	Sí	1	<i>Megalocytivirus</i> (salvo SDDV)	Baoprasertkul & Kaenchan, 2019
Lateolabracidae	<i>Lateolabrax sp.</i>	N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	<i>Megalocytivirus</i> (salvo SDDV)	Nakajima <i>et al.</i> , 1995b
		N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	<i>Megalocytivirus</i> (salvo SDDV)	Matsuoka <i>et al.</i> , 1996
		N	IFAT	Sí	ND	Sí	Sí	1	<i>Megalocytivirus</i> (salvo SDDV)	Kawakami & Nakajima, 2002
		N	PCR y análisis de secuencia	Sí	ND	Sí	Sí	1	RSIV (genogrupo)	Jeong <i>et al.</i> , 2003
Serranidae	<i>Epinephelus sp.</i>	N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	Sí	Sí	1	<i>Megalocytivirus</i> (salvo SDDV)	Fusianto <i>et al.</i> , 2021
		N	PCR y análisis de secuencia	Sí	Sí	Sí	Sí	1	ISKNV (genogrupo)	Chao <i>et al.</i> , 2004
<b>Puntuación 2</b>										
Cichlidae	<i>Cichlasoma sp.</i>	N	PCR anidada, qPCR y análisis de secuencia	ND	ND	Sí	Sí	2 <sup>27</sup>	<i>Megalocytivirus</i> (salvo SDDV)	Baoprasertkul & Kaenchan, 2019
	<i>Symphysodon sp.</i>	N	PCR	ND	ND	ND	Sí	2 <sup>27</sup>	<i>Megalocytivirus</i> (salvo SDDV)	Baoprasertkul & Kaenchan, 2019
Osphronemidae	<i>Trichogaster sp.</i>	N	PCR y análisis de secuencia	ND	ND	Sí	Sí	2 <sup>27</sup>	<i>Megalocytivirus</i> (salvo SDDV)	Baoprasertkul & Kaenchan, 2019

<sup>27</sup> Sólo se disponía de un estudio para la evaluación. El grupo *ad hoc* consideró que las pruebas aportadas cumplían los criterios de susceptibilidad y les otorgó una puntuación de "1". Sin embargo, no pudo encontrar ningún estudio adicional ni pruebas que lo corroborasen y determinó que este estudio por sí solo no era suficiente para una puntuación final de "1". Por consiguiente, le asignó a esta especie una puntuación global de "2".

---

**Indicadores clave para el cuadro de evaluación**

N: Infección por vía natural

E: Procedimientos experimentales (no invasivos)

EI: Procedimientos experimentales invasivos

Sí: Demuestra que se cumple el criterio

N: El criterio no se cumple

ND: No se determina

SP: Sin puntuación

---

## 8. Referencias

- BAOPRASERTKUL, P. & KAENCHAN, N. (2019). Distribution and detection of Megalocytivirus in ornamental fish in Thailand. *Journal of Fisheries and Environment*, **43(1)**, 11-24.
- BERMUDEZ, R., LOSADA, A.P., AZEVEDO, A.M., GUERRA-VARELA, J., PÉREZ-FERNÁNDEZ, D., SÁNCHEZ, L., PADRÓS, F., NOWAK, B. & QUIROGA, M.I. (2018). First description of a natural infection with spleen and kidney necrosis virus in zebrafish. *Journal of Fish Diseases*, **41(8)**, 1283-1294.
- CHAO, C-B., CHEN, C-Y., LAI, Y-Y., LIN, C-S. & HUANG, H-T. (2004). Histological, ultrastructural, and in situ hybridization study on enlarged cells in the grouper *Epinephelus hybrids* infected with grouper iridovirus in Taiwan (TGIV). *Diseases of Aquatic Organisms*, **58**, 127–142.
- CHEN, M.H., HUNG, S.W., CHANG, C.H., CHEN, P.Y., LIN, C.C., HSU, T.H., CHENG, C.F., LIN, S.L., TU, C.Y., TSANG, C.L., LIN, Y.H. & WANG, W.S. (2013). Red sea bream iridovirus infection in marble goby (Bleeker, *Oxyeleotris marmoratus*) in Taiwan. *African Journal of Microbiology Research*, **7(12)**, 1009-1014.
- CHEN, X.H., LIN, K.B. & WANG, X.W. (2003). Outbreaks of an iridovirus disease in maricultured large yellow croaker, *Larimichthys crocea* (Richardson), in China. *Journal of Fish Diseases*, **26**, 615-619.
- COLLETTE, B.B. (1999). Mackerels, molecules, and morphology. *French Ichthyological Society*, 149-164.
- DANAYADOL, Y., DIREKBUSARAKOM, S., BOONYARATPALIN, S., MIYAZAKI, T. & MIYATA, M. (1997). Iridovirus infection in brown-spotted grouper (*Epinephelus malabaricus*) cultured in Thailand. In: *Flegel TW, MacRae IH (eds). Diseases in Asian Aquaculture III, FHS/AFS, Manila*. pp. 67-72.
- DE LUCCA MAGANHA, S. R., CARDOSO, P.H.L., BALIAN, S. DE C., ALMEIDA-QUEIROZ, S. R., FERNANDES, A.M. & DE SOUSA, R. L. (2018). Molecular detection and phylogenetic analysis of megalocytivirus in Brazilian ornamental fish. *Archives of Virology*, **163**, 2225–2231.
- DO, J.W., CHA, S.J., KIM, J.S., AN, E.J., PARK, M.S., KIM, J.W., KIM, Y.C., PARK, M.A. & PARK, J.W. (2005). Sequence variation in the gene encoding the major capsid protein of Korean fish iridoviruses. *Archives of Virology*, **150**, 351-359.
- DO, J.W., MOON, C.H., KIM, H.J., KO, M.S., KIM, S.B., SON, J.H., KIM, J.S., AN, E.J., KIM, M.K., LEE, S.K., HAN, M.S., CHAS, J., PARK, M.S., PARK, M.A., KIM, Y.C., KIM, J.W. & PARK, J.W. (2004). Complete genomic DNA sequence of rock bream iridovirus. *Virology*, **325**, 351–363.
- DONG, Y., WENG, S., HE, J. & DONG, C. (2013). Field trial tests of FKC vaccines against RSIV genotype Megalocytivirus in cage-cultured mandarin fish (*Siniperca chuatsi*) in an inland reservoir. *Fish and Shellfish Immunology* **35**, 1598-1603.
- DONG, C., WENG, S., LUO, Y., HUANG, M., AI, H., YIN, Z. & HE, J. (2010). A new megalocytivirus from spotted knifejaw, *Oplegnathus punctatus*, and its pathogenicity to freshwater mandarin fish, *Siniperca chuatsi*. *Virus Research*, **147**, 98–106.
- FIGUEIREDO, H. C. P., TAVARES, G. C., DORELLA, F.A., ROSA, J. C. C., MARCELINO, S. A. C., PIEREZAN, F. & PEREIRA, F. L. (2021). First report of infectious spleen and kidney necrosis virus in Nile tilapia in Brazil. *Transboundary and Emerging Diseases*, **2021**, 1–8.
- FUSIANTO, C., HICK, P.M., MURWANTOKO, HERLAMBANG, A., WHITTINGTON, R.J. & BECKER, J.A. (2021). Outbreak investigation attributes Infectious spleen and kidney necrosis virus as a necessary cause of a mortality epidemic in farmed grouper (*Epinephelus spp.*) in Bali, Indonesia. *Aquaculture Reports*, **20**, 100723.
- GIBSON-KUEH, S., NGOH-LIM, G.H., NETTO, P., KURITA, J., NAKAJIMA, K. & NG, M.L. (2004). A systematic iridoviral disease in mullet, *Mugil cephalus* L. and tiger grouper, *Epinephelus fuscoguttatus* Forskal: a first report and study. *Journal of Fish Diseases*, **27**, 693–699.
- GO, J., WALTZEK, T.B., SUBRAMANIAM, K., YUN, S.C., GROFF, J.M., ANDERSON, I.G., CHONG, R., SHIRLEY, I., SCHUH, J.C.L., HANDLINGER, J.H., TWEEDIE, A. & WHITTINGTON, R.J. (2016). Complete genome analysis of the mandarin fish infectious spleen and kidney necrosis iridovirus. *Virology*, **291**, 126–139.
-

- 
- GO, J., LANCASTER, M., DEECE, K., DHUNGYEL, O. & WHITTINGTON, R.J. (2006). The molecular epidemiology of iridovirus in Murray cod (*Maccullochella peelii peelii*) and dwarf gourami (*Colisa lalia*) from distant biogeographical regions suggests a link between trade in ornamental fish and emerging iridoviral diseases. *Molecular and Cellular Probes*, **20**, 212–222.
- GO, J. & WHITTINGTON, R. (2006). Experimental transmission and virulence of a megalocytivirus (Family Iridoviridae) of dwarf gourami (*Colisa lalia*) from Asia in Murray cod (*Maccullochella peelii peelii*) in Australia. *Aquaculture*, **258**, 140-149.
- HE, J.G., ZENG, K., WENG, S.P. & CHAN, S-M. (2002). Experimental transmission, pathogenicity and physical-chemical properties of infectious spleen and kidney necrosis virus (ISKNV). *Aquaculture*, **204**, 11-24.
- HE, J.G., DENG, M.S., WENG, P., LI, Z., ZHOU, S.Y., LONG, Q.X., WANG, X.Z. & CHANG, S.M. (2001). Complete genome analysis of the mandarin fish infectious spleen and kidney necrosis iridovirus. *Virology*, **291**, 126–139.
- HUANG, X., WEI, J., ZHENG, Q., ZHANG, Y., ZHU, W., LIU, J., HOU, Y., QIN Q. & HUANG, Y. (2021). Isolation, identification and genomic analysis of an ISKNV-type megalocytivirus from spotted knifejaw (*Oplegnathus punctatus*). *Aquaculture*, **532**, 736032.
- HUANG, Y., CAI, S., JIAN, J., LIU G. & XU, L. (2020). Co-infection of infectious spleen and kidney necrosis virus and *Francisella* sp. in farmed pearl gentian grouper (♀*Epinephelus fuscoguttatus* × ♂*E. lanceolatus*) in China - A case report. *Aquaculture*, **526**, 735409.
- HUANG, S.M., TU, C., TSENG, C.H., HUANG, C.C., CHOU, C.C., KUO, H.C. & CHANG, S.K. (2011). Genetic analysis of fish iridoviruses isolated in Taiwan during 2001-2009. *Archives of Virology*, **156**, 1505-1515.
- INOUE, K., YAMANO, K., MAENO, Y., NAKAJIMA, K., MATSUOKA, M., WADA, Y. & SORIMACHI, M. (1992). Iridovirus infection of cultured red sea bream, *Pagrus major*. *Fish Pathology*, **27**, 19–27.
- ITO, T. & KAWATO, Y. (2014). Potential infectivity of the virus re-isolated from surviving Japanese amberjack (*Seriola quinqueradiata*) after experimental infection with red sea bream iridovirus. *Bulletin of the European Association of Fish Pathologists*, **34 (1)**, 17-24.
- ITO, T., YOSHIURA, Y., KAMAISHI, T., YOSHIDA, K. & NAKAJIMA, K. (2013). Prevalence of red sea bream iridovirus among organs of Japanese amberjack (*Seriola quinqueradiata*) exposed to cultured red sea bream iridovirus. *Journal of General Virology*, **94**, 2094-2101.
- JEONG, J.B., KIM, H.Y., JUN, L.J., LYU, J.H., PARK, N.G., KIM, J.K. & JEONG, H.D. (2008a). Outbreaks and risks of infectious spleen and kidney necrosis virus disease in freshwater ornamental fishes. *Diseases of Aquatic Organisms*, **78**, 209-215.
- JEONG, J., CHO, H., JUN, L., HONG, S., CHUNG, J. & JEONG, H. (2008b). Transmission of Iridovirus from freshwater ornamental fish (pearl gourami) to marine (rock bream). *Diseases of Aquatic Organisms*, **82(1)**, 27-36.
- JEONG, J.B., JUN, L.J., YOO, M.H., KIM, M.S., KOMISAR, J.L. & JEONG, H.D. (2003). Characterization of the DANA nucleotide sequences in the genome of red sea bream iridoviruses isolated in Korea. *Aquaculture*, **220(1-4)**, 119-133.
- JUNG, M. H., LEE, S. & JUNG, S. J. (2016). Low pathogenicity of flounder iridovirus (FLIV) and the absence of cross-protection between FLIV and rock bream iridovirus. *Journal of Fish Diseases*, **39(11)**, 1325-1333.
- JUNG-SCHROERS, V., ADAMEK, M., WOHLSEIN, P., WEDEKIND, J. W.H. & STEINHAGEN, D., (2016). First outbreak of an infection with infectious spleen and kidney necrosis virus (ISKNV) in ornamental fish in Germany. *Diseases of Aquatic Organisms*, **119**, 239–244.
- KAWAKAMI, H. & NAKAJIMA, K. (2002). Cultured fish species affected by red sea bream iridoviral disease from 1996-2000. *Fish Pathology*, **37(1)**, 45-47.
-

- 
- KAWATO, Y., CUMMINS, D.M., VALDETER, S., MOHR, P.G., ITO, T., MIZUNO, K., KAWAKAMI, H., WILLIAMS, L.M., CRANE, M.S.J., & MOODY, N.J.G. (2021a). Development of new real-time PCR assays for detecting Megalocytivirus across multiple genotypes. *Fish Pathology*, **56(4)**, 177-188.
- KAWATO, Y., MEKATA, T., INADA, M. & ITO, T. (2021b). Application of Environmental DNA for Monitoring Red Sea Bream Iridovirus at a Fish Farm. *Microbiology Spectrum*, **9(2)**, 1-11. <https://doi.org/10.1128/Spectrum.00796-21>
- KAWATO, Y., MOHR, P.G., CRANE, M.S.J., WILLIAMS, L.M., NEAVE, M.J., CUMMINS, D.M., DEARNLEY, M., CRAMERI, S., HOLMES, C., HOAD, J. & MOODY, N.J.G. (2020). Isolation and characterisation of an ISKNV-genotype megalocytivirus from imported angelfish *Pterophyllum scalare*. *Diseases of Aquatic Organisms*, **140**, 129–141.
- KAWATO, Y., KIRYU, I., KAWAMURA, Y., & NAKAJIMA, K. (2017c). Red Sea Bream Iridoviral Disease in Hatchery-Reared Devil Stinger *Inimicus japonicus*. *Fish Pathology*, **52(4)**, 206–209.
- KERDDEE, P., DINH-HUNG, N., THANH DONG, H., HIRONO, I., SOONTARA, C., AREECHON, N., SRISAPOOME, P. & KAYANSAMRUJ, P. (2021). Molecular evidence for homologous strains of infectious spleen and kidney necrosis virus (ISKNV) genotype I infecting inland freshwater cultured Asian sea bass (*Lates calcarifer*) in Thailand. *Archives of Virology*, **166**, 3061–3074.
- KIM, W.S., OH, M.J., KIM, J.O., KIM, D., JEON, C.H. & KIM, J.H. (2010). Detection of Megalocytivirus from imported tropical ornamental fish, paradise fish *Macropodus opercularis*. *Diseases of Aquatic Organisms*, **90**, 235-239.
- KIM, Y.J., JUNG, S.J., CHOI, T.J., KIM, H.R., RAJENDRAN, K.V. & OH, M.J. (2002). PCR amplification and sequence analysis of irido-like virus infecting fish in Korea. *Journal of Fish Diseases*, **25**, 121-124.
- KODA, S.A., SUBRAMANIAM, K., POUDEY, D.B., YANONG, R.P., FRASCA, JR, S., POPOV, V.L. & WALTZEK, T.B. (2021). Complete genome sequences of infectious spleen and kidney necrosis virus isolated from farmed albino rainbow sharks *Epalzeorhynchus frenatum* in the United States. *Virus Genes*, **57**, 448-452.
- KODA, S.A., SUBRAMANIAM, K., POUDEY D.B., YANONG, R.P. & WALTZEK, T.B. (2019). Phylogenomic characterization of red seabream iridovirus from Florida pompano *Trachinotus carolinus* maricultured in the Caribbean Sea. *Archives of Virology*, **164**, 1209-1212.
- KODA, S.A., SUBRAMANIAM, K., FRANCIS-FLOYD, R., YANONG, R.P., FRASCA, S. JR, GROFF, J.M., POPOV, V.L., FRASER, W.A., YAN, A., MOHAN, S. & WALTZEK, T.B. (2018). Phylogenomic characterization of two novel members of the genus Megalocytivirus from archived ornamental fish samples. *Diseases of Aquatic Organisms*, **130**, 11–24.
- KURITA, J. & NAKAJIMA, K. (2012). Megalocytiviruses. *Viruses*, **4**, 521–538.
- KURITA, J., NAKAJIMA, K., HIRONO, I. & AOKI, T. (2002). Complete genome sequencing of red sea bream iridovirus (RSIV). *Fisheries Sci.*, **68** (suppl. II), 1113–1115.
- LIU, L., LUJUN YUB, L., FUA, X., LINA, Q., LIANGA, H., NIUA, Y. & LIA, N. (2019). First report of megalocytivirus (*iridoviridae*) in cultured bluegill sunfish, *Lepomis macrochirus*, in China. *Microbial Pathogenesis*, **135**, 103617.
- LOPEZ-PORRAS, A., MORALES, J. A., ALVARADO, G., KODA, S.A., CAMUS, A., SUBRAMANIAM, K., WALTZEK, T. B. & SOTO, E. (2018). Red seabream iridovirus associated with cultured Florida pompano *Trachinotus carolinus* mortality in Central America. *Diseases of Aquatic Organisms*, **130**, 109–115.
- LU, L., ZHOU, S.Y., CHEN, C., WENG, S.P., CHAN, S.-M. & HE, J.G. (2005). Complete genome sequence analysis of an iridovirus isolated from the orange-spotted grouper, *Epinephelus coioides*. *Virology*, **339**, 81–100.
- MA, H., XIE, J., WENG, S., ZHOU, T. & HE, J. (2012). Co-infection of megalocytivirus and viral nervous necrosis virus in a very severe mass mortality of juvenile orange-spotted groupers (*Epinephelus coioides*). *Aquaculture*, **358-359**, 170-175.
-

- 
- MAHARDIKA, K., ZAFRAN, YAMAMOTO, A. & MIYAZAKI, T. (2004). Susceptibility of juvenile humpback grouper *Cromileptes Altivelis* to grouper sleepy disease iridovirus (GSDIV). *Diseases of Aquatic Organisms*, **59**, 1-9.
- MATSUOKA, S., INOUE, K. & NAKAJIMA, K. (1996). Cultured fish species affected by red sea bream iridoviruses to red sea bream. *Fish Pathology*, **31**, 143-144.
- MOHR, P.G., MOODY, N.J.G., WILLIAMS, L.M., HOAD, J., CUMMINS, D.M., DAVIES, K.R. & CRANE, M.S.J. (2015). Molecular confirmation of infectious spleen and kidney necrosis virus (ISKNV) in farmed and imported ornamental fish in Australia. *Diseases of Aquatic Organisms*, **116**, 103–110.
- NAKAJIMA, K., MAENO, Y., YOKOYAMA, K., KAJI, C. & MANABE, S. (1998c). Antigen analysis of red sea bream iridovirus and comparison with other fish iridoviruses. *Fish Pathology*, **33**, 73–78.
- NAKAJIMA, K., MAENO, Y., FUKUDOME, M., FUKUDA, Y., TANAKA, S., MATSUOKA, S. & SORIMACHI, M. (1995b). Immunofluorescence test for the rapid diagnosis of red sea bream iridovirus infection using monoclonal antibody. *Fish Pathology*, **30**, 115–119.
- NI, S.-Z., WANG, Y.-J., JIA-BAO HU, J.-B., SHI, J., XU, Y., ZHOU, S.-M., LI, J.-J., HONG, B.-H. & QIAN, D. (2021). Identification, histopathology, and phylogenetic analysis of an iridovirus from cultivated silver pomfret in Zhejiang Province, East China. *Aquaculture*, **530**, 735619.
- NOLAN, D., STEPHENS, F., CROCKFORD, M., JONES, J.B. & SNOW, M. (2015). Detection and characterization of viruses of the genus Megalocytivirus in ornamental fish imported into an Australian border quarantine premises an emerging risk to national biosecurity. *Journal of Fish Diseases*, **38**, 187-195.
- OSEKO, N., THYE, C.T., PALANISAMY, V., MAENO, Y. & KURITA, J. (2004). Iridovirus isolated from diseased sea bass *Lates calcarifer* and red drum *Sciaenops ocellatus* causing mass mortality in Malaysia. In: *7th Asian Fisheries Forum*, Penang 2004.
- RAMÍREZ-PAREDES, J.G., PALEY, R.K., HUNT, W., FEIST, S. W., STONE, D. M., FIELD, T. R., HAYDON, D. J., ZIDDAH, P. A., NKANSA, M., JAMES GUILDER, J., GRAY, J., DUODU, S., PECKU, E. K., AWUNI, J. A., WALLIS, T. S. & VERNER-JEFFREYS, D. W. (2020). First detection of infectious spleen and kidney necrosis virus (ISKNV) associated with massive mortalities in farmed tilapia in Africa. *Transboundary and Emerging Diseases*, **68**, 1550–1563.
- RIMMER, A.E., WHITTINGTON, R.J., TWEEDIE, A. & BECKER, J.A., (2017). Susceptibility of a number of Australian freshwater fishes to dwarf gourami Iridovirus (infectious spleen and kidney necrosis virus). *Journal of Fish Diseases*, **40**, 293-310.
- RIMMER, A.E., BECKER, J.A., TWEEDIE, A., LINTERMANS, M., LANDOS, M., STEPHENS, F. & WHITTINGTON, R.J. (2015). Detection of dwarf gourami Iridovirus (infectious spleen and kidney necrosis virus) in populations of ornamental fish prior to and after importation into Australia, with the first evidence of infection in domestically farmed platy (*Xiphophorus maculatus*). *Preventative Veterinary Medicine*, **122(1-2)**, 181-194.
- SHI, C.Y., JIA, K.T., YANG, B. & HUANG, J. (2010). Complete genome sequence analysis of a Megalocytivirus (family *Iridoviridae*) associated with turbot mortality in China. *Virology Journal*, **7**, 159.
- SHI, C.Y., WANG, Y.G., YANG, S.L., HUANG, J. & WANG, Q.Y. (2004). The first report of an iridovirus-like agent infection in farmed turbot, *Scophthalmus maximus*, in China. *Aquaculture*, **236**, 11–25.
- SONG, J-Y., KITAMURA, S-I., JUNG, S-J., MIYADAI, T., TANAKA, S., FUKUDA, Y., KIM, S-R. & OH, M-J. (2008). Genetic variation and geographic distribution of megalocytiviruses. *Journal of Microbiology*, **46**, 29-33.
- SRIWANAYOS, P., FRANCIS-FLOYD, R., STIDWORTHY, M.F., PETTY, B.D., KELLEY, K. & WALTZEK, T.B. (2013). Megalocytivirus infection in orbiculate batfish *Platax orbicularis*. *Diseases of Aquatic Organisms*, **105**, 1-8.
-

- 
- SUBRAMANIAM, K., GOTESMAN, M., SMITH, C. E., STECKLER, N. K., KELLEY, K. L., GROFF, J. M. & WALTZEK, T. B. (2016). Megalocytivirus infection in cultured Nile tilapia *Oreochromis niloticus*. *Diseases of Aquatic Organisms*, **119**, 253–258.
- SUBRAMANIAM, K., SHARIFF, M., A R OMAR, A.R., HAIR-BEJO, M. & ONG, B. (2014). Detection and molecular characterization of infectious spleen and kidney necrosis virus from major ornamental fish breeding states in Peninsular Malaysia. *Journal of Fish Diseases*, **37**, 609–618.
- SUDTHONGKONG, C., MIYATA, M. & MIYAZAKI, T. (2002a). Viral DNA sequences of genes encoding the ATPase and the major capsid protein of tropical iridovirus isolates which are pathogenic to fishes in Japan, South China Sea and Southeast Asian countries. *Archives of Virology*, **147**, 2089–2109.
- SUDTHONGKONG, C., MIYATA, M. & MIYAZAKI, T. (2002b). Iridovirus disease in two ornamental tropical freshwater fishes: African lampeye and dwarf gourami. *Diseases of Aquatic Organisms*, **48**, 163–173.
- SUMITHRA, T.G. T.G., SHARMA, S.R.K, NEELIMA, L., DHANUTHA, N.R., JOSHY, A., ANUSREE, V.N., GAYATHRI, S., RAGHU, R.K., PRAVEEN, N.D., THOMAS, S. & RAJESH, K.M. (2022). Red sea bream iridovirus infection in cage farmed Asian sea bass (*Lates calcarifer*): insights into the pathology, epizootiology and genetic diversity. *Aquaculture*, **548**, 737571.
- SWAMINATHAN, T.R., JOHNY, T.K., NITHIANANTHAM, S.R., SUDHAGAR, A., PRADHAN, P.K., RAMACHANDRA, K.S.S., RESHMA, R. NAIR, R.R. & SOOD, N. (2022). A natural outbreak of infectious spleen and kidney necrosis virus threatens wild pearlspot, *Etroplus suratensis* in Peechi Dam in the Western Ghats biodiversity hotspot, India. *Transboundary and Emerging Diseases*, **2022**, 1–11.
- SWAMINATHAN, T.R., RAJ, N.S., PREENA, P.G., PRADHAN, P.K., SOOD, N., KUMAR, R.G., ARUN SUDHAGAR, A. & SOOD, N.K. (2021). Infectious spleen and kidney necrosis virus-associated large scale mortality in farmed giant gourami, *Osphronemus goramy*, in India. *Journal of Fish Diseases*, **44**, 2043–2053.
- TAKANO, T., MATSUYAMA, T., KAWATO, Y., SAKAI, T., KURITA, J., MATSUURA, Y., TERASHIMA, S., NAKAJIMA, K. & NAKAYASU, C. (2020). Identification of the epitope recognized by the anti-red sea bream iridovirus (RSIV) monoclonal antibody M10 using a phage display RSIV peptide library. *Fish Pathology*, **54**, 83–92.
- TANAKA, N., IZAWA, T., KUWAMURA, M., HIGASHIGUCHI, N., KEZUKA, C., KURATA, O., WADA, S. & YAMATE, J. (2014). The first case of infectious spleen and kidney necrosis virus (ISKNV) infection in aquarium-maintained mandarin fish, *Siniperca chuatsi* (Basilewsky), in Japan. *Journal of Fish Diseases*, **37**, 401–405.
- TSAI, J.-M., HUANG, S.-L., & CHUNG-DA YANG, C.-D. (2020). PCR Detection and Phylogenetic Analysis of Megalocytivirus Isolates in Farmed Giant Sea Perch *Lates calcarifer* in Southern Taiwan. *Viruses*, **12**, 681.
- WANG, Q., ZENG, W.W., LI, K.B., CHANG, O.Q., LIU, C., WU, G.H., SHI, C.B. & WU, S.Q. (2011). Outbreaks of an iridovirus in marbled sleepy goby, *Oxyeleotris marmoratus* (Bleeker), cultured in southern China. *Journal of Fish Diseases*, **34**, 399–402.
- WANG, C.S., CHAO, S.Y., KU, C.C., WEN, C.M. & SHIH, H.H. (2009). PCR amplification and sequence analysis of the major capsid protein gene of megalocytiviruses isolated in Taiwan. *Journal of Fish Diseases*, **32**, 543–550.
- WANG, Y.Q., LÜ, L., WENG, S.P., HUANG, J.N., CHAN, S.M. & HE, J.G. (2007). Molecular epidemiology and phylogenetic analysis of a marine fish infectious spleen and kidney necrosis viruslike (ISKNV-like) virus. *Archives of Virology*, **152**, 763–773.
- WEBER, E.S. III, WALTZEK, T.B., YOUNG, D.A., TWITCHELL, E.L. GATES, A.E., BAGELLI, A., RISATTI, G.R., HEDRICK, R.P. & FRASCA JR., S. (2009). Systemic iridovirus infection in the Banggai cardinalfish (*Pterapogon kauderni* Koumans 1933). *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*, **21**, 306–320.
- WENG, S.P., WANG, Y.Q., HE, J.G., DENG, M., LU, L., GUAN, H.J., LIU, Y.J. & CHAN, S-M. (2002). Outbreaks of an iridovirus in red drum, *Sciaenops ocellata* (L.), cultured in southern China. *Journal of Fish Diseases*, **25**, 681–685.
-

---

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

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

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

**Otras referencias revisadas por el grupo ad hoc, pero no referenciadas en el informe anterior:**

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

- 
- JUNG, S., MIYAZAKI, T., MIYATA, M., DANAYADOL, Y. & TANAKA, S. (1997). Pathogenicity of iridovirus from Japan and Thailand for the red sea bream *Pagrus major* in Japan, and histopathology of experimentally infected fish. *Fisheries Science*, **63**, 735–740.
- KASORNCHANDRA, J. & KHONGPRADIT, R. (1997). Isolation and preliminary characterization of a pathogenic iridovirus in nursing grouper, *Epinephelus marabarcicus*. *Diseases in Asian Aquaculture III*, Flegel T.W. & MacRae I.H., eds. Manila, Philippines, 61–66.
- KAWATO, Y., SUBRAMANIAM, K., NAKAJIMA, K., WALTZEK, T. & WHITTINGTON, R. (2017a). Iridoviral diseases: red sea bream iridovirus and white sturgeon iridovirus. In: *Fish Viruses and Bacteria: Pathobiology and Protection*, Woo P.T.K., Cipriano, R.C., eds. CABI Publishing, Wallingford, 147–159.
- KAWATO, Y., YAMASHITA, H., YUASA, K., MIWA, S. & NAKAJIMA, K. (2017b). Development of a highly permissive cell line from spotted knifejaw (*Oplegnathus punctatus*) for red sea bream iridovirus. *Aquaculture*, **473**, 291–298.
- KURITA, J., NGOH-LIM, G.H., GIBSON-KUEH, S., DE LA PENA, L., CHUAH, T.T., PALAMISAMY, V., SANO, M., OSEKO, N., MAENO, Y. & NAKAJIMA, K. (2004). Phylogenetic analysis of red sea bream iridovirus-like viruses in Southeast Asia. *7th Asian Fisheries Forum 04 Abstracts*, Penang, Malaysia, 381.
- KURITA, J., NAKAJIMA, K., HIRONO, I. & AOKI, T. (1998). Polymerase chain reaction (PCR) amplification of DNA of red sea bream iridovirus (RSIV). *Fish Pathology*, **33**, 17–23.
- KUSUDA, R., NAGATO, K. & KAWAI, K. (1994). Characteristics of an iridovirus isolated from red sea bream, *Pagrus major*. *Suisanzoshoku*, **42**, 151–156.
- LAI, Y.S., MURALI, S., JU, H.Y., WU, M.F., GUO, I.C., CHEN, S.C., FANG, K. & CHANG, C.Y. (2000). Two iridovirus-susceptible cell lines established from kidney and liver of grouper, *Epinephelus awoara* (Temminck & Schlegel), and partial characterization of grouper iridovirus. *Journal of Fish Disease*, **23(6)**, 379–388.
- MCGROGAN, D.G., OSTLAND, V.E., BYRNE, P.J. & FERGUSON, H.W. (1998). Systemic disease involving an iridovirus-like agent in cultured tilapia, *Oreochromis niloticus* L. — a case report. *Journal of Fish Diseases*, **21**, 149–152.
- MIYATA, M., MATSUNO, K., JUNG, S.J., DANAYADOL, Y. & MIYAZAKI, T. (1997). Molecular confirmation of infectious spleen and kidney necrosis virus (ISKNV) in farmed and imported ornamental fish in Australia. *Diseases of Aquatic Organisms*, **116**, 103–110.
- MURALI, S., WU, M.F., GUO, I.C., CHEN, S.C., YANG, H.W. & CHANG, C.Y. (2002). Molecular characterization and pathogenicity of a grouper iridovirus (GIV) isolated from yellow grouper, *Epinephelus awoara* (Temminck & Schlegel). *Journal of Fish Diseases*, **25**, 91–100.
- NAKAJIMA, K. & KURITA, J. (2005). Red sea bream iridoviral disease. *Uirusu*, **55**, 115–126.
- NAKAJIMA, K., MAENO, Y., HONDA, A., YOKOYAMA, K., TOORIYAMA, T. & MANABE, S. (1999). Effectiveness of a vaccine against red sea bream iridoviral disease in a field trial test. *Diseases of Aquatic Organisms*, **36**, 73–75.
- NAKAJIMA, K., INOUE, K. & SORIMACHI, M. (1998a). Viral diseases in cultured marine fish in Japan. *Fish Pathology*, **33(4)**, 181–188.
- NAKAJIMA, K. & MAENO, Y. (1998b). Pathogenicity of Red Sea Bream Iridovirus and Other Fish Iridoviruses to Red Sea Bream. *Fish Pathology*, **33(3)**, 143–144.
- NAKAJIMA, K., MAENO, Y., KURITA, J. & INUI, Y. (1997). Vaccination against red sea bream iridoviral disease in red sea bream. *Fish Pathology*, **32**, 205–209.
- NAKAJIMA, K. & SORIMACHI, M. (1995a). Production of monoclonal antibodies against red sea bream iridovirus. *Fish Pathology*, **30**, 47–52.
-

- 
- NAKAJIMA, K. & SORIMACHI, M. (1994). Biological and physico-chemical properties of the iridovirus isolated from cultured red sea bream, *Pagrus major*. *Fish Pathology*, **29**, 29–33.
- OSHIMA, S., HATA, J., HIRASAWA, N., OHTAKA, T., HIRONO, I., AOKI, T. & YAMASHITA, S. (1998). Rapid diagnosis of red sea bream iridovirus infection using the polymerase chain reaction. *Diseases of Aquatic Organisms*, **32**, 87–90.
- OSHIMA, S., HATA, J., SEGAWA, C., HIRASAWA, N. & YAMASHITA, S. (1996). A method for direct DNA amplification of uncharacterized DNA viruses and for development of a viral polymerase chain reaction assay: Application to the red sea bream iridovirus. *Analytical Biochemistry*, **242**, 15–19.
- PAPERNA, I., VILENKIN, M. & ALVES DE MATOS, A.P. (2001). Iridovirus infections in farm-reared tropical ornamental fish. *Diseases of Aquatic Organisms* **48**, 17–25.
- PETTY, B.D. & FRASER, W.A. (2005). Viruses of pet fish. *Veterinary Clinics of North America: Exotic Animal Practice*, **8(1)**, 67-84.
- QIN, Q.W., CHANG, S.F., NGOH-LIM, G.H., GIBSON-KUEH, S., SHI, C. & LAM, T.J. (2003). Characterization of a novel ranavirus isolated from grouper *Epinephelus tauvina*. *Diseases of Aquatic Organisms*, **53**, 1–9.
- QIN, Q.W., LAM, T.J., SHEN, H., CHANG, S.F., NGOH, G.H. & CHEN, C.L. (2001). Electron microscopic observations of a marine fish iridovirus isolated from brown-spotted grouper, *Epinephelus tauvina*. *Journal of Virological Methods*, **98**, 17–24.
- RAJA, K., AANAND, P., PADMAVATHY, S. & SAMPATHKUMAR, J.S. (2019). Present and future market trends of Indian ornamental fish sector. *International Journal of Fisheries and Aquatic Studies*, **7(2)**, 6-15.
- RIMMER, A.E., BECKER, J.A., TWEEDIE, A. & WHITTINGTON, R.J. (2012). Development of a quantitative polymerase chain reaction (qPCR) assay for the detection of dwarf gourami iridoviruses (DGIV) and other megalocytiviruses and comparison with the Office International des Epizooties (OIE) reference protocol. *Fish Pathology*, **36(1)**, 38-39.
- RODGER, H.D., KOBS, M., MACARTNEY, A. & FRERICHS, G.N. (1997). Systemic iridovirus infection in freshwater angelfish, *Pterophyllum scalare* (Lichtenstein). *Journal of Fish Diseases*, **20**, 69–72.
- SANO, M., MINAGAWA, M. & NAKAJIMA, K. (2002). Multiplication of red sea bream iridovirus (RSIV) in experimentally infected grouper (*Epinephelus malabaricus*). *Fish Pathology*, **37**, 163-168.
- SANO, M., MINAGAWA, M., SUGIYAMA, A. & NAKAJIMA, K. (2001). Susceptibility of Fish cultured in subtropical area of Japan to red sea bream iridovirus. *Fish Pathology*, **36(1)**, 38-39.
- SAWAYAMA, E., KITAMURA, S.-I., NAKAYAMA, K., OHTA, K., OKAMOTO, H., OZAKI, A. & TAKAGI, M. (2019). Development of a novel RSIVD-resistant strain of red sea bream (*Pagrus major*) by marker-assisted selection combined with DNA-based family selection. *Aquaculture*, **506**, 188-192.
- SHINMOTO, H., TANIJUCHI, K., IKAWA, T., KAWAI, K. & OSHIMA, S. (2009). Phenotypic diversity of infectious red sea bream iridovirus isolates from cultured fish in Japan. *Applied and Environmental Microbiology*, **75(11)**, 3535-3541.
- SHIU, J.-Y., HONG, J.-R., KU, C.-C. & WEN, C.-M. (2018). Complete genome sequence and phylogenetic analysis of megalocytivirus RSIV-Ku: A natural recombination infectious spleen and kidney necrosis virus. *Archives of Virology*, **163**, 1037-1042.
- SONG, W.J., QIN, Q.W., QIU, J., HUANG, C.H., WANG, F. & HEW, C.L. (2004). Functional genomic analysis of Singapore grouper iridovirus: Complete sequence determination and proteomic analysis. *Journal of Virology*, **78**, 12576–12590.
- SUBRAMANIAM, K., SHARIFF, M., OMAR, A.R. & HAIR-BEJO, M. (2012). Megalocytivirus infection in fish. *Reviews in Aquaculture*, **4**, 221-233.
-

---

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

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

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

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

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

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

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

---

.../Annexes

---

## Anexo I. Lista de participantes

### GRUPO *AD HOC* DE LA OMSA SOBRE LA SUSCEPTIBILIDAD DE LAS ESPECIES DE PECES A LA INFECCIÓN POR LAS ENFERMEDADES DE LA LISTA DE LA OMSA

Abril y noviembre/diciembre de 2022

---

#### MIEMBROS DEL GRUPO *AD HOC*

---

**Dr. Mark Crane (Chair)**

CSIRO Honorary Fellow  
Australian Centre for Disease Preparedness  
(ACDP) | CSIRO  
Geelong,  
AUSTRALIA

**Dr. Chuanfu Dong**

School of life sciences,  
Sun Yat-sen University  
Guangzhou  
CHINA (República Popular de)

**Dr. Niels Jørgen Olesen**

Technical University of  
Denmark,  
National Institute of Aquatic  
Resources,  
Lyngby,  
DINAMARCA

**Dra. Sophie St-Hilaire**

College of veterinary Medicine and Life  
Sciences  
City University of Hong Kong  
Hong Kong,  
CHINA (República Popular de)

**Dra. Lori Gustafson**

National Surveillance Unit  
USDA/APHIS/VS/CEAH  
Fort Collins,  
ESTADOS UNIDOS DE AMÉRICA

**Dr. Yasuhiko Kawato**

Fisheries Technology  
Institute  
Japan Fisheries Research  
and Education Agency  
Minamiise  
JAPÓN

#### REPRESENTANTE DE LA COMISIÓN DE NORMAS SANITARIAS PARA LOS ANIMALES ACUÁTICOS

---

**Dra. Prof. Hong Liu**

Animal and Plant Inspection and Quarantine  
Technical Center  
General Administration of Customs  
Shenzhen City  
CHINA (República Popular de)

#### SEDE DE LA OMSA

---

**Dra. Bernita Giffin**

Coordinadora Científica  
Departamento Normas  
[AAC.Secretariat@woah.org](mailto:AAC.Secretariat@woah.org)

**Dra. Kathleen Frisch**

Coordinadora Científica  
Departamento Normas  
[AAC.Secretariat@woah.org](mailto:AAC.Secretariat@woah.org)

---

## Anexo II: Mandato

### REUNIÓN DEL GRUPO *AD HOC* DE LA OMSA SOBRE LA SUSCEPTIBILIDAD DE LAS ESPECIES DE PECES A LA INFECCIÓN POR LAS ENFERMEDADES DE LA LISTA DE LA OMSA

París, abril y noviembre/diciembre de 2022

---

#### Mandato

##### Contexto

El Capítulo 1.5. *Criterios para la inclusión de las enfermedades susceptibles de infección por un agente patógeno específico* del Código Acuático, adoptado en 2014, proporciona criterios para determinar cuáles son las especies hospedadoras que figuran como susceptibles en el Artículo X.X.2. de cada capítulo específico de enfermedad del Código Acuático. La lista de especies susceptibles del Artículo X.X.2. de cada capítulo específicos de enfermedad se revisará de forma progresiva en función de los criterios indicados del Capítulo 1.5.

El Grupo *ad hoc* sobre la susceptibilidad de las especies de peces a la infección por las enfermedades de la lista de la OIE efectuó evaluaciones para todas las enfermedades de los peces de la lista, excepto para la infección por el iridovirus de la dorada japonesa, el virus del lago de la tilapia y la infección por *Aphanomyces invadans* (síndrome ulcerante epizoótico).

##### Objetivos

El Grupo *ad hoc* sobre la susceptibilidad de las especies de peces a la infección por las enfermedades de la lista de la OMSA llevará a cabo evaluaciones de acuerdo con los criterios descritos en el Capítulo 1.5. para la infección por iridovirus de la dorada japonesa.

Dado que el virus de la necrosis infecciosa del bazo y del riñón (ISKNV) es un virus estrechamente relacionado con el género *Megalocytivirus* y que es probable que exista una superposición con el RSIV en su epidemiología, patología y métodos de pruebas de diagnóstico, el grupo *ad hoc* también deberá llevar a cabo evaluaciones de las especies susceptibles al ISKNV en su labor.

##### Mandato

- 1) Considerar las pruebas necesarias para satisfacer los criterios de inclusión del Capítulo 1.5.
- 2) Revisar la bibliografía pertinente que documenta la susceptibilidad de las especies a la infección por el iridovirus de la dorada japonesa y a la infección por el virus de la necrosis infecciosa del bazo y del riñón.
- 3) Realizar evaluaciones de conformidad con el Artículo 1.5.3. para las especies hospedadoras potenciales, con el fin de determinar la susceptibilidad a la infección por el iridovirus de la dorada japonesa y a la infección por el virus de la necrosis infecciosa del bazo y del riñón.
- 4) A partir de las evaluaciones, proponer una lista de especies sensibles a la infección por el iridovirus de la dorada japonesa y a la infección por el virus de la necrosis infecciosa del bazo y del riñón, de conformidad con el Artículo 1.5.7.
- 5) En base a las evaluaciones, proponer una lista de especies con pruebas incompletas de susceptibilidad a la infección por el iridovirus de la dorada japonesa y a la infección por el virus de la necrosis infecciosa del bazo y del riñón, de conformidad con el Artículo 1.5.8.

##### Resultados esperados del grupo *ad hoc*

- 1) Proponer una lista de especies susceptibles para su inclusión en el Artículo 10.8.2. del Código Acuático.
-

- 
- 2) Proponer una lista de especies con pruebas incompletas de susceptibilidad para su inclusión en la Sección 2.2.2. del *Manual Acuático*.
  - 3) Proponer una lista de especies susceptibles y de especies con pruebas incompletas de susceptibilidad a la infección por ISKNV.
  - 4) Redactar un informe para someterlo a la consideración de la Comisión de Normas Sanitarias para los Animales Acuáticos en su reunión de septiembre de 2022.
-

---

**© Organización Mundial de Sanidad Animal (OMSA)**

El presente documento fue preparado por especialistas a solicitud de la Organización Mundial de Sanidad Animal (OMSA). Excepto en el caso de su adopción por la Asamblea Mundial de Delegados, lo expresado refleja únicamente las opiniones de dichos especialistas.

Todas las publicaciones de la OMSA están protegidas por un Copyright internacional. Se pueden copiar, reproducir, traducir, adaptar o publicar extractos en publicaciones periódicas, documentos, libros o medios electrónicos y en cualquier otro medio destinado al público, con intención informativa, didáctica o comercial, siempre y cuando se obtenga previamente una autorización escrita por parte de la OMSA.

Las designaciones y nombres utilizados y la presentación de los datos que figuran en esta publicación no constituyen de ningún modo el reflejo de cualquier opinión por parte de la OMSA sobre el estatuto legal de los países, territorios, ciudades o zonas ni de sus autoridades, fronteras o límites territoriales.

La responsabilidad de las opiniones profesadas en los artículos firmados incumbe exclusivamente a sus autores. La mención de empresas particulares o de productos manufacturados, sean o no patentados, no implica de ningún modo que estos se beneficien del apoyo o de la recomendación de la OMSA, en comparación con otros similares que no hayan sido mencionados

---