Caractérisation des parasites dans les produits de la pêche : prévalence et développement de méthodes d'identification

SEESAO Yuwalee ¹⁻², GAY Mélanie ¹, DEI-CAS Eduardo ² AUDEBERT Christophe ^{3,8}, THEBAULT Anne ⁴, VERREZ-BAGNIS Véronique ⁵, LEFUR Bruno ⁶, DUPOUY-CAMET Jean ⁷ ALIOUAT-DENIS² Cécile-Marie et les membres du réseau 'Fish-Parasites'

¹ANSES-Agence Nationale de sécurité Sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail,
Boulogne-sur-Mer, France;

²IPL-CIIL-BDPEE, Univ Lille Nord de France, Lille, France

³Gènes Diffusion, Douai, France

⁴ANSES-DER-UMA-MSA, Maisons-Alfort, France

⁵IFREMER-BRM-STBM, Nantes, France

⁶ Plateforme d'innovation Nouvelles Vagues, Boulogne-sur-Mer, France

⁷Hôpital Cochin, Paris, France

⁸ PEGASE-Biosciences, Institut Pasteur de Lille, France

Yuwalee.seesao@anses.fr, www.anses.fr, www.pasteur-lille.fr

De nombreux parasites infestent fréquemment les poissons comestibles sous toutes les latitudes. Parmi eux, les genres Anisakis, Contracaecum et Pseudoterranova, membres de la famille des Anisakidae, sont des nématodes dont les larves sont présentes chez de nombreuses espèces de poissons et céphalopodes. Ces larves peuvent induire chez l'homme des pathologies digestives et/ou allergiques. Malgré les règlementations européenne et nationales, des poissons parasités sont assez fréquemment retrouvés commercialisés sur le territoire européen. Le plan d'échantillonnage a été établi suite à une analyse de type risk-ranking exploitant les données de consommation, l'origine géographique, la prévalence des Anisakidae et la période de reproduction des principales espèces de poissons consommées en France. L'identification moléculaire est basée sur un locus génétique polymorphe constitutif du gène COX2. Mille six cent poissons de 15 espèces ont été analysés. Les nématodes ont été isolés et regroupés par organe et selon la tendance de consommation : filet, cavité corporelle, foie et tube digestif (comprenant la bouche, l'estomac et intestin). Un arbre de décision permettant de rationaliser les étapes d'identification a été établi. Lorsqu'il s'agit d'un échantillon de moins de onze nématodes, l'identification est réalisée en combinant l'observation morphologique associée à une PCR suivie d'un séquençage Sanger. Les échantillons constitués de plus de onze individus ont été mélangés, broyés pour subir une extraction d'ADN. Une PCR réalisé à l'aide d'un nouveau couple d'amorces universelles permet d'obtenir une librairie qui sera séquencée à haut-débit sur la plateforme PGM de lon Torrent (Life Technologies). Cette seconde méthode d'identification moléculaire permet de déterminer la fréquence des taxons de nématodes contaminant un échantillon. Les données de fréquences obtenues seront associées à des covariables afin d'analyser le poids de celles-ci quant à la distribution des Anisakidae dans les poissons afin d'envisager au mieux les moyens d'en prévenir le risque.