



HAL
open science

Découverte d'un nouveau groupe d'isolats du Cucumber mosaic virus dans des romarins sauvages en Provence

Lucie Fénéant, Hana Ben Tamarzizt, Gregory Girardot, Benoît Moury,
Mireille Jacquemond

► To cite this version:

Lucie Fénéant, Hana Ben Tamarzizt, Gregory Girardot, Benoît Moury, Mireille Jacquemond. Découverte d'un nouveau groupe d'isolats du Cucumber mosaic virus dans des romarins sauvages en Provence. 13. Rencontres de Virologie Végétale, Jan 2011, Aussois, France. hal-02746317

HAL Id: hal-02746317

<https://hal.inrae.fr/hal-02746317>

Submitted on 3 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Découverte d'un nouveau groupe d'isolats du *Cucumber mosaic virus* dans des romarins sauvages en Provence

Lucie Fénéant, Hana Ben Tamarzizt, Grégory Girardot, Benoît Moury & Mireille Jacquemond

INRA, UR407, Pathologie Végétale, Domaine Saint Maurice, 84143 Montfavet Cedex

La recherche de virus de plantes herbacées dans des échantillons de plantes aromatiques (essentiellement lavande et romarin) avait permis de détecter, par des méthodes immunoenzymatiques, le *Cucumber mosaic virus* (CMV) dans un romarin sauvage collecté dans les Alpilles en 2000. Dans le cadre d'une recherche plus large de virus dans des plantes sauvages, le CMV a de nouveau été détecté dans plusieurs romarins sauvages en 2010 en Provence. Aucune de ces plantes ne présentait de symptômes de maladie. L'isolat 2000 et les isolats 2010 présentent les mêmes caractéristiques qui permettent de les considérer comme un groupe nouveau et très singulier de souches de CMV.

Inoculés à une gamme d'hôtes sensibles au CMV, incluant plusieurs Solanacées (tabac, tomate, poivron, pétunia, *Nicotiana benthamiana*, *N. clevelandii*) et Cucurbitacées (melon, concombre, courgette, pastèque), ainsi que d'autres hôtes classiques du virus (basilic, différents haricots, etc.), ces isolats n'ont infecté que *N. benthamiana*.

La purification d'ARN viral et d'ARN double brin à partir de *N. benthamiana* expérimentalement inoculés, indique la présence de quatre composants présentant des caractéristiques de migration sur gel d'agarose non dénaturant similaires à celles des ARN du CMV.

Des amorces permettant d'amplifier la moitié 3' de l'ARN-3 du CMV ont pu être utilisées avec succès. Par contre, plusieurs amorces couramment exploitées pour amplifier d'autres régions du génome viral (ARN-1 et -2) n'ont pas permis d'aboutir. Pour pallier cette difficulté, de nouvelles amorces dégénérées ont été dessinées, à partir de l'alignement des séquences des ARN génomiques des divers groupes et sous-groupes de souches de CMV (II, IA et IB) ou d'autres cucumovirus (2 groupes de souches de PSV, TAV). Un fragment de la taille attendue a pu être obtenu dans tous les cas. Les séquences du gène de capsid virale complet et de régions de l'ordre de 650 nucléotides des gènes 1a et 2a indiquent une appartenance de ces isolats au genre *Cucumovirus*. Par contre, chaque région présente environ 80% d'identité de séquence protéique avec leurs homologues des groupes I ou II. Sur la base de ces résultats, nous proposons que les isolats collectés sur romarin correspondent à un nouveau groupe – groupe III – de souches du CMV adaptées au romarin.