



**HAL**  
open science

# La sélection positive au niveau de la capsidie du virus Y de la pomme de terre est liée à des compromis pour l'adaptation à ses différents hôtes et à la vection par pucerons

Benoît Moury, Vincent Simon

## ► To cite this version:

Benoît Moury, Vincent Simon. La sélection positive au niveau de la capsidie du virus Y de la pomme de terre est liée à des compromis pour l'adaptation à ses différents hôtes et à la vection par pucerons. 13. Rencontres de Virologie Végétale, Jan 2011, Aussois, France. hal-02746617

**HAL Id: hal-02746617**

**<https://hal.inrae.fr/hal-02746617>**

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.

**La sélection positive au niveau de la capsid du virus Y de la pomme de terre est liée à des compromis pour l'adaptation à ses différents hôtes et à la vection par pucerons.**

Benoît MOURY et Vincent SIMON

INRA Avignon, Unité de Pathologie Végétale, Domaine St Maurice, BP94, 84143 Montfavet Cedex.

Afin d'évaluer l'efficacité des méthodes bioinformatiques visant à détecter des codons soumis à sélection positive à l'aide du ratio entre les taux de substitution non synonymes et synonymes (logiciels PAML [Yang et al. 2000] et HyPhy [Kosakovsky Pond and Frost 2005]), nous les avons appliquées à la région codant pour la capsid du virus Y de la pomme de terre (PVY; genre *Potyvirus*, famille Potyviridae). Pour l'un des clades de PVY (clade "N"), les 25<sup>ème</sup> et 68<sup>ème</sup> codons de la région codant pour la capsid ont été ainsi détectés. A chacune de ces positions, la mutation la plus fréquemment observée chez les isolats de PVY a été introduite dans un clone infectieux de PVY. La mutation introduite en position 25 (asparagine mutée en isoleucine) a augmenté la compétitivité du PVY par rapport au virus d'origine chez le tabac mais a diminué sa compétitivité chez la pomme de terre. La mutation introduite en position 68 (acide glutamique muté en lysine) a augmenté l'efficacité de transmission du PVY par puceron (*Myzus persicae* et *Aphis gossypii*) mais a diminué sa compétitivité chez la pomme de terre. Ces résultats suggèrent que les méthodes bioinformatiques appliquées sont particulièrement efficaces pour détecter des mutations impliquées dans de tels compromis adaptatifs.

Kosakovsky Pond, S. L. and Frost, S. D. W. (2005). Datamonkey: rapid detection of selective pressure on individual sites of codon alignments. *Bioinformatics* 21:2531–2533.

Yang, Z., Nielsen, R., Goldman, N. and Pedersen, A. M. K. (2000). Codon-substitution models for heterogeneous selection pressure at amino acid sites. *Genetics* 155:431–449.