



HAL
open science

Caractérisation biologique et moléculaire des isolats de Cucumber mosaic virus (CMV) dans les cultures de piments en Tunisie

Hana Ben Tamarzizt, Gregory Girardot, Hatem Fakhfakh, Mireille
Jacquemond

► To cite this version:

Hana Ben Tamarzizt, Gregory Girardot, Hatem Fakhfakh, Mireille Jacquemond. Caractérisation biologique et moléculaire des isolats de Cucumber mosaic virus (CMV) dans les cultures de piments en Tunisie. 13. Rencontres de Virologie Végétale, Societe Francaise de Phytopathologie (SFP). FRA., Jan 2011, Aussois, France. hal-02747308

HAL Id: hal-02747308

<https://hal.inrae.fr/hal-02747308>

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.

Caractérisation biologique et moléculaire des isolats de *Cucumber mosaic virus* (CMV) dans les cultures de piments en Tunisie

Hana Ben Tamarzizt^{1,2}, Grégory Girardot¹, Hatem Fakhfakh² & Mireille Jacquemond¹

¹ INRA, UR407, Pathologie Végétale, Domaine Saint Maurice, BP 94, 84143 Montfavet Cedex, France

² Laboratoire de génétique moléculaire, immunologie et biotechnologie. Faculté des Sciences de Tunis, 2092 Elmanar Tunis, Tunisie

En Tunisie, les principales zones de production du piment de plein champ sont les régions du centre (Kairouan et Sidi-Bouزيد), du Sahel (Monastir), du Cap-Bon et du Nord. Le CMV et le PVY (*Potato virus Y*) sont considérés comme les virus les plus dommageables pour ces cultures et se retrouvent fréquemment en situation de co-infection. Face à cette situation, plusieurs collectes de piment ont été réalisées sur plusieurs années, du nord au centre du pays afin, d'une part, de géotyper les isolats de CMV en culture et, d'autre part, de déterminer leur virulence vis à vis d'une résistance polygénique du piment opposable au virus.

Des amorces, si possible consensus, ont été dessinées sur la base de l'alignement d'une trentaine de séquences de génomes viraux complets, représentant les deux groupes de souches du virus (II, IA et IB). Les régions ont été déterminées de manière à distinguer les différents groupes ou sous-groupes sur la base des profils de restriction des produits RT-PCR amplifiés. Des régions correspondant à une partie du gène de capsid virale et la région 3'-UTR contigüe (ARN-3), une partie du gène codant la protéine 2b et la région 3'-UTR contigüe (ARN-2) et la moitié de l'ARN-1 ont ainsi été amplifiées à partir d'environ 270 isolats naturels. Les profils RFLP ont été déterminés et les séquences de la moitié des produits amplifiés établies. En parallèle, les propriétés de virulence d'une trentaine d'isolats vis à vis de la résistance polygénique portée par la variété Milord ont été établies. Cette résistance, qui contrôle la migration du virus sur longue distance, est quantitative et le facteur d'avirulence viral est localisé sur la moitié 5' de l'ARN-1.

La comparaison des approches RFLP et séquençage a montré la validité de la stratégie RFLP dans la majorité des cas. Le géotypage d'isolats naturels a montré la présence de deux populations majoritaires correspondant à des virus pseudo-recombinants (ou ré-assortants) dont l'ARN-1 représente le sous-groupe IB, l'ARN-2 le sous-groupe IA et l'ARN-3 l'un de ces deux sous-groupes. Des isolats dont les 3 ARN représentent le même sous-groupe de souches n'ont été identifiés que dans très peu de cas (5). Les isolats collectés à la fin des années 90 présentaient déjà un profil recombinant. Par ailleurs, l'alignement des séquences de chaque région montre une très faible variabilité intra-groupe et ne semble pas indiquer de structuration géographique. Par ailleurs, la majorité des isolats testés se sont avérés virulents ainsi que le laissait prévoir la séquence de leur ARN-1.

La prédominance d'isolats pseudo-recombinants et la faible variabilité intra-groupe suggèrent qu'il s'agit de souches adaptées à leur hôte et de populations stabilisées. La prévalence de souches virulentes vis à vis d'une des principales sources de résistance au virus ne permet malheureusement pas d'envisager l'exploitation de cette résistance pour réduire l'impact du virus. Nos travaux illustrent également la nécessité d'analyser tous les segments génomiques de virus dont le génome est divisé dans le cadre de travaux de géotypage d'isolats naturels.