



**HAL**  
open science

# Etude de la prévalence et de la diversité moléculaire du Barley yellow dwarf virus dans les îles sub-Antarctiques Kerguelen

Laurence Svanella-Dumas, Armelle Marais, Maurice Hulle, Thierry T.  
Candresse

## ► To cite this version:

Laurence Svanella-Dumas, Armelle Marais, Maurice Hulle, Thierry T. Candresse. Etude de la prévalence et de la diversité moléculaire du Barley yellow dwarf virus dans les îles sub-Antarctiques Kerguelen. 13. Rencontres de virologie végétale, Jan 2011, Aussois, France. hal-02749934

**HAL Id: hal-02749934**

**<https://hal.inrae.fr/hal-02749934>**

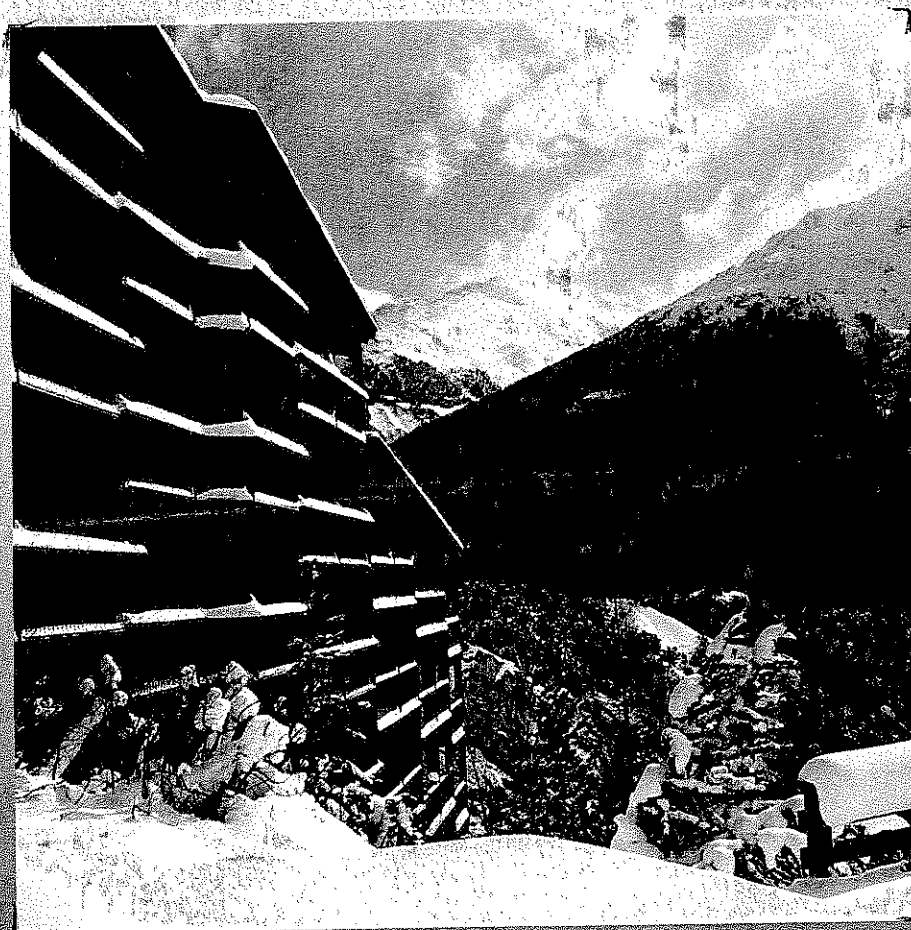
Submitted on 3 Jun 2020

**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.



# 13<sup>èmes</sup> rencontres de virologie végétale



Aussois du 16 au 20 janvier 2011



## 22- Etude de la prévalence et de la diversité moléculaire du *Barley yellow dwarf virus* dans les îles sub-Antarctiques Kerguelen

Laurence SVANELLA-DUMAS<sup>1</sup>, Armelle MARAIS<sup>1</sup>, Maurice HULLE<sup>2</sup> et Thierry CANDRESSE<sup>1</sup>.

<sup>1</sup> UMR GD2P, INRA, Université Bordeaux 2, 33883 Villenave d'Ornon cedex, France

<sup>2</sup> UMR Bio3P, INRA, 35653 Le Rheu cedex, France

Dans le cadre du projet ANR EVINCE (Vulnerability of native communities to invasive insects and climate change in sub-Antarctic islands), une caractérisation à grande échelle des virus présents sur plantes autochtones et introduites dans les îles Kerguelen, a été entreprise. Deux approches ont été menées, l'une est basée sur l'étude du métagénome viral et la seconde plus ciblée consiste à rechercher des genres viraux connus par des méthodes de détection PCR polyvalentes. Cette seconde approche a permis de mettre en évidence sur les échantillons collectés au cours de deux campagnes de prospection, quelques virus connus, dont le virus de la jaunisse nanisante de l'orge (*Barley yellow dwarf luteovirus*, BYDV). Plusieurs souches de ce virus ont été détectés sur les graminées introduites *Dactylis glomerata* et *Poa annua* et/ou sur plusieurs plantes autochtones, *Agrostis magellanica*, *Festuca contracta* et, avec une forte prévalence, *Poa cookii*. Afin de cartographier la répartition du BYDV sur *P. cookii*, une méthode de détection par immunopreinte, a été mise au point durant la campagne de prospection 2009/2010. Cette technique a permis de tester 314 échantillons de *P. cookii*, répartis sur 23 sites couvrant une part significative du territoire analysé. La prévalence moyenne du BYDV a pu être estimée à 28%, avec toutefois une forte variabilité entre sites. Dans le but de préciser la diversité génomique du BYDV, deux régions du génome ont été séquencées pour un certain nombre d'isolats. La première région correspond à l'ORF 3 (P3) qui code pour la protéine de capsid et dont la séquence est très conservée au sein du genre *Luteovirus*. La seconde région, couvrant l'ORF6 (P6), est la région génomique la plus divergente dans le genre. Les isolats appartenant au BYDV-PAV, majoritaires et très largement répandus sur 11 sites, appartiennent à un cluster regroupant aussi les isolats PAV de référence. La très faible diversité observée dans la région P6 (0,9%) suggère fortement une introduction récente. Un second groupe d'isolats n'est retrouvé que sur 4 sites et forme un cluster présentant une divergence moyenne en nucléotide de 0,7% dans la région P3. Ce cluster « Kerguelen » n'a pas d'équivalent très proche dans les bases de données et montre une divergence de 15,2% dans la zone étudiée par rapport aux deux isolats les plus proches (BYDV-MAV). Ces résultats laissent supposer que le BYDV a très vraisemblablement été introduit dans les îles Kerguelen par l'intermédiaire de plantes hôtes infectées et/ou du puceron vecteur, *Rhopalosiphum padi*, unique vecteur introduit dans la zone (Hullé *et al.*, 2003). L'étude de la variabilité de l'ORF3 a de plus permis de mettre en évidence un isolat viral très divergent, qui représente très vraisemblablement une nouvelle espèce de BYDV. Il montre en effet une divergence de la séquence de sa protéine de capsid de l'ordre de 30-40% avec toutes les séquences de BYDV présentes dans les bases de données. Il sera intéressant de déterminer si cet isolat divergent est spécifique du site de Chionis où il a été identifié, ce site étant par ailleurs colonisé par un clone original de *R. padi* (Lebouvier *et al.*, 2010). Des efforts de caractérisation génomique se poursuivent pour préciser la position taxonomique de cet isolat divergent ainsi que celle du cluster d'isolats « Kerguelen ». Ces données sur la diversité du BYDV et sur sa colonisation importante des populations d'une *Poaceae* autochtone posent la question de l'impact de l'introduction de ce virus sur le fonctionnement de cet écosystème.

Hullé *et al.* 2003. *Science* 15, 203-209; Lebouvier *et al.* 2010. *Biological invasions* (in press)