



HAL
open science

Impact de la plante hôte sur la structure des populations virales du Potato virus Y (PVY)

Christelle Lacroix, Michel Tribodet, Jean-Louis Verrier, Camille Kerlan,
Emmanuel Jacquot, Laurent Glais

► **To cite this version:**

Christelle Lacroix, Michel Tribodet, Jean-Louis Verrier, Camille Kerlan, Emmanuel Jacquot, et al..
Impact de la plante hôte sur la structure des populations virales du Potato virus Y (PVY). 10.
Rencontres francophones de virologie végétale, Mar 2008, Paris, France. 2008. hal-02753595

HAL Id: hal-02753595

<https://hal.inrae.fr/hal-02753595v1>

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.

Impact de la plante hôte sur la structure des populations virales du *Potato virus Y* (PVY)

LACROIX C, GLAIS L, JACQUOT E, KERLAN C.

INRA/AGROCAMPUS UMR BiO3P (Biologie des Organismes et des Populations appliquée à la Protection des Plantes), F-35653 Le Rheu, France

Les virus sont des parasites obligatoires, détournant la machinerie cellulaire de leur hôte pour se multiplier. Ces microorganismes, essentiellement à ARN, se caractérisent par un temps de génération rapide et un taux d'erreurs élevé lors de leur réplication. Ces erreurs correspondent à des mutations ou à des recombinaisons. Ces événements génèrent un polymorphisme génétique pouvant conduire à l'émergence de variants présentant de nouvelles propriétés biologiques. Cependant, ce potentiel de plasticité génétique est contrôlé par diverses pressions de sélection et n'aboutit donc pas nécessairement à une haute diversité des populations virales. En effet, la viabilité et/ou l'émergence de tels variants sont dépendants des interactions entre ces virus et leurs environnements biotique et abiotique.

Le virus Y de la pomme de terre (PVY – *Potyvirus*) possède un génome constitué d'une molécule d'ARN simple brin de polarité positive d'environ 10Kb. La quasi-totalité du génome viral est composé de séquences codantes regroupées en un seul cadre de lecture codant pour une polyprotéine clivée en 10 protéines fonctionnelles. Le virus Y de la pomme de terre est un virus transmis par environ soixante-dix espèces de pucerons selon le mode non persistant à une très large gamme d'hôtes. Celle-ci inclut aussi bien des Solanacées d'intérêt agronomique (pomme de terre, tabac, tomate, piment), que des plantes ornementales ou adventices. Le PVY est par conséquent mondialement répandu et compte, au niveau économique, parmi les pathogènes viraux les plus importants. Compte tenu de sa riche gamme d'hôte, chaque espèce végétale infectée peut imposer des contraintes biologiques et/ou moléculaires différentes aux populations virales. En réponse à ses contraintes, les populations virales pourraient adopter différents profils de structuration. Les informations disponibles sur la structuration des populations virales de PVY par la plante hôte sont parcellaires et hétérogènes en fonction de l'espèce hôte concerné. Ainsi, si de nombreuses études ont été menées au cours des vingt dernières années sur les isolats de PVY au sein des cultures de pomme de terre, les isolats PVY d'origine tabac comptent parmi les moins bien caractérisés. L'objectif de ce travail est donc d'évaluer l'impact de la plante hôte sur les populations virales de PVY en conduisant une analyse comparative des structures de populations de PVY présentes dans les cultures de tabac et de pomme de terre, cultures majoritairement infectées par ce virus.