HAL
open science

Impact de différents allèles du gène de résistance "va" sur les populations du virus Y de la pomme de terre (PVY)

Christelle Lacroix, Camille Kerlan, Laurent Glais, Emmanuel Jacquot

To cite this version:

Christelle Lacroix, Camille Kerlan, Laurent Glais, Emmanuel Jacquot. Impact de différents allèles du gène de résistance "va" sur les populations du virus Y de la pomme de terre (PVY). 12. Rencontres de Virologie Végétale (RVV), Jan 2009, Aussois, France. hal-02756820

HAL Id: hal-02756820

https://hal.inrae.fr/hal-02756820

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.

XII. Rencontres de virologie végétale

Préférence: Présentation orale

Impact de différents allèles du gène de résistance "*va*" sur les populations du virus Y de la pomme de terre (PVY)

Lacroix Christelle[1,2], Kerlan Camille[1], Glais Laurent[3] et Jacquot Emmanuel[1].

[1]INRA-Agrocampus Ouest-Université Rennes1, UMR1099 Biologie des Organismes et des Populations appliquée à la Protection des Plantes, BP 35327, 35650 Le Rheu Cedex France
[2] ALTADIS - Institut du Tabac, 769, route de Sainte Alvère, 24100 Bergerac, France
[3] FNPPPT (Fédération Nationale des Producteurs de Plants de Pomme de Terre), 44 rue d'Alésia, 75014 Paris, France

Le virus Y de la pomme de terre (PVY, espèce-type du genre *Potyvirus*) est capable d'infecter une large gamme d'hôtes dont des Solanacées d'intérêt agronomique (pomme de terre, tabac, tomate et piment). Ce phytopathogène, mondialement répandu, est notamment le virus le plus fréquent sur cultures de tabac. Le PVY peut induire sur cet hôte des symptômes de nécroses foliaires, responsables d'importantes pertes de rendements. Toutefois, de nombreuses variétés de tabac, porteuses d'un des allèles du gène récessif de résistance "*va*" (0, 1 ou 2), sont capables de limiter l'expression de nécroses dues au PVY avec une efficacité variable en fonction de l'allèle en présence. L'utilisation de ces variétés tolérantes, n'empêchant pas la multiplication virale, peut conduire à l'émergence de variants plus agressifs et /ou plus virulents. Aussi, compte tenu de l'absence d'alternatives au gène "*va*" pour la lutte contre le PVY chez le tabac, il est important de déterminer l'impact respectif des différents allèles de ce gène sur le processus évolutif du PVY. Deux actions complémentaires visant i) à caractériser la variabilité naturelle du PVY sur tabac et ii) à étudier le processus d'adaptation du PVY aux pressions imposées par les allèles du gène "*va*" ont été réalisées.
Ainsi, la virulence (capacité d'infection) d'une collection de 56 isolats, issus d'une prospection effectuée en France en 2007, a été caractérisée en utilisant des génotypes hôtes indicateurs de tabac porteurs d'un allèle du gène "*va*". Les isolats testés se répartissent dans sept pathotypes. Les deux-tiers des isolats, étant capables d'infecter les trois génotypes porteurs d'un allèle du gène "*va*", appartiennent au pathotype le plus virulent. Afin d'analyser la dynamique d'adaptation du PVY au gène "*va*", un clone infectieux de PVY a été inoculé à deux variétés résistantes portant respectivement l'allèle 0 et 2 du gène "*va*". La descendance virale obtenue à été utilisée comme inoculum pour une nouvelle série d'inoculations de ces variétés résistantes. Les données de virulence associées à ces populations virales montrent qu'un seul passage du clone infectieux sur une variété porteuse de l'allèle 2 du gène "*va*" peut suffire pour augmenter la virulence de ce clone au point d'être capable de surmonter la résistance des deux allèles.
Ainsi, les résultats associés au pathotypage de la collection d'isolats de PVY et aux caractéristiques des populations virales issues des passages en série du clone infectieux sur des variétés résistantes contribuent à mieux caractériser l'interaction virus/plante hôte dans le cadre du pathosystème PVY/tabac. A terme, ces données pourront être utilisées dans le cadre du développement au sein du paysage agricole d'une gestion plus adéquate des allèles du gène "*va*" afin d'améliorer la lutte contre le PVY.