



HAL
open science

**Le cucumber vein yellowing virus, virus transmis par
l'aleurode Bemisia tabaci, est un membre des
Ipomovirus, Potyviridae**

Cecile Desbiez, Brigitte Delecolle, Catherine Wipf-Scheibel, Hervé Lecoq

► **To cite this version:**

Cecile Desbiez, Brigitte Delecolle, Catherine Wipf-Scheibel, Hervé Lecoq. Le cucumber vein yellowing virus, virus transmis par l'aleurode Bemisia tabaci, est un membre des Ipomovirus, Potyviridae. 8. Rencontres, Mar 2001, Aussois, France. hal-02763113

HAL Id: hal-02763113

<https://hal.inrae.fr/hal-02763113>

Submitted on 4 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.

LE CUCUMBER VEIN YELLOWING VIRUS, VIRUS TRANSMIS PAR L'ALEURODE BEMISIA TABACI, EST UN MEMBRE DES IPOMOVIRUS, POTYVIRIDAE

DESBIEZ Cécile, DELECOLLE Brigitte, WIPF-SCHEIBEL Catherine et LECOQ Hervé
INRA, Station de Pathologie Végétale, Domaine Saint Maurice, BP94, 84143 Montfavet Cedex.

Le cucumber vein yellowing virus (CVYV) est un virus des cucurbitacées fréquent au Moyen Orient (Israël, Jordanie...). Il vient d'être mis en évidence dans le Sud de l'Espagne et constitue donc une menace nouvelle pour les cultures françaises. Le CVYV présente des particules filamenteuses de 740-800 nm de long et 15-18 nm de diamètre. Le CVYV est transmis par l'aleurode *Bemisia tabaci* selon le mode semi-persistant. Les premières études avaient conduit à le considérer comme un virus à ADN double-brin, ne se rapprochant d'aucun genre ou famille viral connu. Des observations en microscopie électronique ont révélé de nombreuses inclusions de type 'pinwheels', semblables aux inclusions caractéristiques de la famille *Potyviriidae*, dans les cellules de plantes infectées par des isolats de CVYV d'Israël, de Jordanie et du Soudan. Des amorces permettant de détecter un grand nombre de *Potyviriidae* ont permis d'amplifier par RT-PCR, mais pas par PCR seule, un fragment d'ADN de 1,9 kb à partir d'acides nucléiques totaux extraits de plantes infectées. Le fragment séquencé a révélé de fortes similarités avec la région 3' du génome des potyvirus, incluant la partie codant pour la région C-terminale de la polymérase (NIb) et l'ensemble de la capsid (CP), ainsi que la région 3' non codante. Des comparaisons de séquences portant sur la partie centrale et C-terminale de la capsid ont montré que le virus le plus proche du CVYV est *le Sweetpotato mild mottle virus* (SPMMV), membre type du genre *Ipomovirus*, famille *Potyviriidae*. Les différences biologiques, sérologiques et moléculaires entre le CVYV et le SPMMV permettent toutefois de les considérer sans ambiguïté comme deux virus distincts. Nous proposons donc d'inclure le CVYV dans le genre *Ipomovirus*, qui regroupe pour l'instant les deux seuls potyviriidés transmis par aleurode.