



HAL
open science

Variation du nombre de copies des gènes lors du cycle de vie d'un virus multipartite

Stéphane Blanc

► **To cite this version:**

Stéphane Blanc. Variation du nombre de copies des gènes lors du cycle de vie d'un virus multipartite. 16. Journées Francophones de Virologie, Mar 2014, Paris, France. hal-02800993

HAL Id: hal-02800993

<https://hal.inrae.fr/hal-02800993v1>

Submitted on 5 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.

Variation du nombre de copies des gènes lors du cycle de vie d'un virus multipartite

Stéphane Blanc

INRA, UMR BGPI INRA-CIRAD-SupAgro, Cirad TA-A54/K, Campus International de Baillarguet, 34398 Montpellier cedex 05, France). blanc@supagro.inra.fr

Les virus multipartites ont un génome divisé en plusieurs segments d'acide nucléique, chacun isolé dans une particule individuelle. L'existence d'une telle organisation génomique pourrait reposer sur une plus grande stabilité des particules virales renfermant une courte molécule d'acide nucléique [1], ou encore sur une réplication plus rapide [2]. Toutefois, il est plus souvent proposé que les échanges de segments entre différents génomes apparentés sont facilités, illustrant un exemple de l'évolution du « sexe » chez les virus [3,4]. A l'inverse, la multi-compartimentation des génomes engendre un coût qui résulte de la difficulté à rassembler au moins une copie de chaque segment lors de l'infection d'une nouvelle cellule [5]. Ce coût augmente avec le nombre de segments pour un génome donné, et plus encore si la fréquence relative des segments n'est pas égale ; les segments rares ayant une probabilité très faible de participer à la colonisation initiale d'une cellule. En conséquence, en l'absence de contraintes spécifiques, les segments génomiques d'un virus multipartite devraient s'accumuler à fréquence égale afin de minimiser les coûts pour le système. Nous avons mesuré les quantités relatives des huit segments (huit gènes) qui composent le génome du *Faba bean necrotic stunt virus* (FBNSV, famille *Nanoviridae*) au cours de l'infection de plants de fève. Les segments se stabilisent à une fréquence relative différente, de 2% à 25% suivant le segment considéré. Dans chaque plante hôte, la population virale converge vers une composition génétique reproductible, dénommée la « formule génomique », où chaque segment s'ajuste à son nombre de copie spécifique [6]. Nous avons démontré que la formule génomique est hôte-spécifique et qu'elle change dans les pucerons qui transmettent le virus de plante à plante. Ces observations suggèrent que la plasticité de la formule génomique permet un ajustement du nombre de copies des gènes viraux à l'environnement.

Le contrôle du nombre de copies est décrit comme un mécanisme régulateur majeur de l'expression des gènes et de l'expression phénotypique dans la plupart des organismes vivants [7], et nous proposons que c'est ce phénomène qui impose une contrainte spécifique aux différents segments génomiques des virus multipartites. En contrepartie, cette situation engendre un coût maximum qui pose la question des mécanismes permettant une infection efficace sans perdre les gènes les moins représentés dans la population virales qui circulent au sein d'un hôte.

Références:

1. Ojosnegros S et al. (2011). PLoS Genet 7: e1001344.
2. Nee S (1987). J Mol Evol 25: 277-281.
3. Nee S (1989). J Theor Biol 138: 407-412.
4. Chao L (1991). J Theor Biol 153: 229-246.
5. Irazzo J, Manrubia SC (2012). Proc Biol Sci 279: 3812-3819.
6. Sicard A, Yvon M, Timchenko T, Gronenborn B, Michalakakis Y, et al. (2013). Nature Communications 4 doi:10.1038/ncomms3248
7. Mileyko Y, Joh RI, Weitz JS (2008). Proc Natl Acad Sci U S A 105: 16659-16664