



HAL
open science

Typologie des virus de plantes en bâtonnet d'après la composition en acides aminés de leur protéine de capsid

Dominique Desbois, Georges Vidal, Claude Fauquet, Denis Fargette

► **To cite this version:**

Dominique Desbois, Georges Vidal, Claude Fauquet, Denis Fargette. Typologie des virus de plantes en bâtonnet d'après la composition en acides aminés de leur protéine de capsid. Les Cahiers de l'Analyse des Données, 1989, 14 (4), pp.385-392. <hal-04545869>

HAL Id: hal-04545869

<https://hal.inrae.fr/hal-04545869v1>

Submitted on 14 Apr 2024

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.



Copyright - All rights reserved

D. DESBOIS

G. VIDAL

D. FARGETTE

C. FAUQUET

**Typologie des virus de plantes en bâtonnet
d'après la composition en acides aminés
de leur protéine de capside**

Les cahiers de l'analyse des données, tome 14, n° 4 (1989),
p. 385-392

http://www.numdam.org/item?id=CAD_1989__14_4_385_0

© Les cahiers de l'analyse des données, Dunod, 1989, tous droits réservés.

L'accès aux archives de la revue « Les cahiers de l'analyse des données » implique l'accord avec les conditions générales d'utilisation (<http://www.numdam.org/conditions>). Toute utilisation commerciale ou impression systématique est constitutive d'une infraction pénale. Toute copie ou impression de ce fichier doit contenir la présente mention de copyright.

NUMDAM

Article numérisé dans le cadre du programme
Numérisation de documents anciens mathématiques

<http://www.numdam.org/>

TYPOLOGIE DES VIRUS DE PLANTES EN BÂTONNET D'APRÈS LA COMPOSITION EN ACIDES AMINÉS DE LEUR PROTÉINE DE CAPSIDE

[VIRUS]

*D. DESBOIS**, *G. VIDAL**
*D. FARGETTE***, *C. FAUQUET***

1 Aperçu de la taxinomie des phytovirus en bâtonnet

La nomenclature du CITV (Comité International pour la Taxinomie des Virus) reconnaît, dans l'ensemble des virus en bâtonnet rigides (RSV), trois groupes caractérisés par le nombre de molécules d'ARN que comporte le génome: les **tobamovirus** (9 virus à génome monopartite), les **tobravirus** (2 virus à génome bipartite) et les **hordeivirus** (3 virus à génome tripartite).

D'autres caractères devant être pris en compte pour s'assurer que l'on constitue des groupes homogènes, cette nomenclature laisse de nombreux virus non classés (au moins 21). On a donc récemment proposé de créer un nouveau groupe: les **furovirus**, ou virus en bâtonnet transmis par les champignons du sol. Le type en serait le SBMV (soil-born wheat mosaic virus), virus de la mosaïque du blé transmis par le sol; lequel, bien que doté d'un génome bipartite, n'a pu être rangé avec les tobravirus.

D'ailleurs, le mode de transmission apparaît comme un critère de bon rendement; car les tobamovirus sont tous transmis par contact; tandis que les tobravirus le sont par des nématodes; le mode de transmission des hordeivirus restant seul inconnu.

Cependant, la composition en acides aminés de la protéine de la capsid du virion est un autre critère que la taxinomie virale utilise depuis plus de 20 ans, avec des succès divers. Grâce à l'analyse des correspondances et à la classification ascendante hiérarchique, nous avons pu tirer de ce critère des schémas taxinomiques s'accordant, sur un vaste corpus, avec ceux adoptés par

(*) Assistants techniques au C.U.T.I., Université Nationale de Côte d'Ivoire.

(**) Chargés de recherche à l'ORSTOM.

le CITV (cf. Fauquet et coll., 1986 et 1987): l'objet de la présente étude est d'appliquer cette méthode aux données disponibles relatives aux RSV.

2 Tableau des données et enchaînement des analyses

Nous avons rassemblé, en un tableau 61×18 , l'ensemble des données publiées sur la composition en acides aminés de la protéine capsulaire des phytovirus RSV, en y adjoignant certaines compositions nouvelles obtenues sur des isolats de Côte d'Ivoire. Il importe de souligner le terme d'*isolats*: pour ce que l'on considère comme un même virus, on peut disposer de plusieurs profils, déterminés sur des souches distinctes, et légèrement différents entre eux. Ainsi, les 9 tobamovirus fournissent 39 lignes à notre tableau; le BSMV (barley stripe mosaic virus), type des hordeivirus, est dans 3 lignes.

Sans entrer dans des détails qui ne concernent pas le statisticien, il faut expliquer les sigles adoptés pour les 61 éléments de l'ensemble I . Chaque sigle est formé d'un nombre précédé d'un caractère relatif au mode de transmission: 'C', contact, pour les tobamovirus; 'N', nématodes, pour les tobavirus; 'F', pour la transmission fongique, caractère suggéré pour un éventuel groupe des furovirus; '?', pour les hordeivirus dont le mode de transmission est inconnu; 'f', enfin, pour le CCV (*Chara corallina* virus), virus non classé.

Sur le tableau de dépouillement de la classification automatique, on a, outre nos sigles, rappelé ceux par lesquels les spécialistes désignent les espèces, (généralement des abréviations de locutions anglaises: e.g. PCV pour "peanut clump virus").

L'ensemble J est formé des acides aminés, constituants des protéines animales et végétales, désignés par leurs sigles usuels (GLY pour glycine, ALA pour alanine, etc...). Il faut seulement noter que les diacides ne sont pas distingués de leurs monoamides: ASX désigne le cumul de l'acide aspartique avec l'aspartine; et GLX, celui de l'acide glutamique avec la glutamine.

Ceci posé, on a dans notre tableau, à l'intersection de la ligne i et de la colonne j , le nombre $k(i,j)$ de résidus acides aminés j de la protéine de capsule du virus i . Par exemple, $k(?182, VAL) = 10$, parce que, pour la souche 182 (de l'hordeivirus BSMV dont le mode de transmission est inconnu), le nombre de molécules de *valine* trouvées dans la protéine de la capsule est 10.

On a d'abord soumis le tableau $I \times J$, (61×18), tel quel, à l'analyse des correspondances. Puis on a effectué une classification ascendante hiérarchique (CAH) sur chacun des deux ensembles I et J . De la classification sur I , on a extrait une partition de l'ensemble des souches de virus en 9 classes. Afin d'interpréter cette partition (en terme de composition de la capsule), on a, d'une part, projeté les centres des classes sur les axes issus de l'analyse factorielle; et, d'autre part, considéré les profils moyens des classes sur l'ensemble des acides

aminés, ou plus précisément sur une partition en 7 classes adoptée pour cet ensemble.

3 Résultats des analyses

3.1 Analyse factorielle

3.1.1 Tableau des valeurs propres et taux

trace :	1.097e-1										
rang :	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
lambda :	416	206	135	114	61	39	27	23	15	14	e-4
taux :	3789	1875	1232	1037	552	353	248	213	140	124	e-4
cumul :	3789	5664	6897	7933	8486	8839	9086	9299	9440	9564	e-4

3.1.2 Représentation de l'ensemble J des acides aminés

SIGJ	QLT	PDS	INR	F 1	CO2	CTR	F 2	CO2	CTR	F 3	CO2	CTR	F 4	CO2	CTR
ASX	163	117	17	-29	53	2	16	17	1	-14	12	2	36	81	13
THR	908	79	103	299	628	171	20	3	2	11	1	1	199	277	275
SER	678	89	68	111	147	26	-143	242	88	-151	270	149	40	19	12
GLX	746	103	44	38	31	4	87	161	38	143	431	156	-77	123	53
PRO	473	54	26	21	9	1	-123	285	40	25	12	3	-94	167	42
GLY	980	57	199	-559	821	430	122	39	41	-56	8	13	207	112	215
ALA	451	99	29	2	0	0	-68	146	22	-1	0	0	-99	305	85
CYS	293	5	16	76	17	1	39	5	0	258	193	25	164	79	12
VAL	670	72	31	49	50	4	138	399	67	-102	215	55	-17	6	2
MET	875	8	87	240	48	11	-469	185	86	829	578	408	276	64	54
ILE	703	43	26	93	132	9	191	550	76	-37	21	4	8	1	0
LEU	96	81	14	17	16	1	14	10	1	25	33	4	-27	38	5
TYR	374	32	26	4	0	0	27	8	1	138	215	45	115	151	38
PHE	790	45	34	143	243	22	-133	208	38	-167	328	91	-30	10	3
HIS	895	8	86	-946	809	183	191	33	15	208	39	27	-127	15	12
LYS	929	28	138	-434	354	129	-552	572	421	-5	0	0	-47	4	5
ARG	779	65	31	-39	29	2	127	307	51	-4	0	0	-152	442	132
TRP	411	15	25	108	64	4	126	87	11	126	86	17	-179	174	41

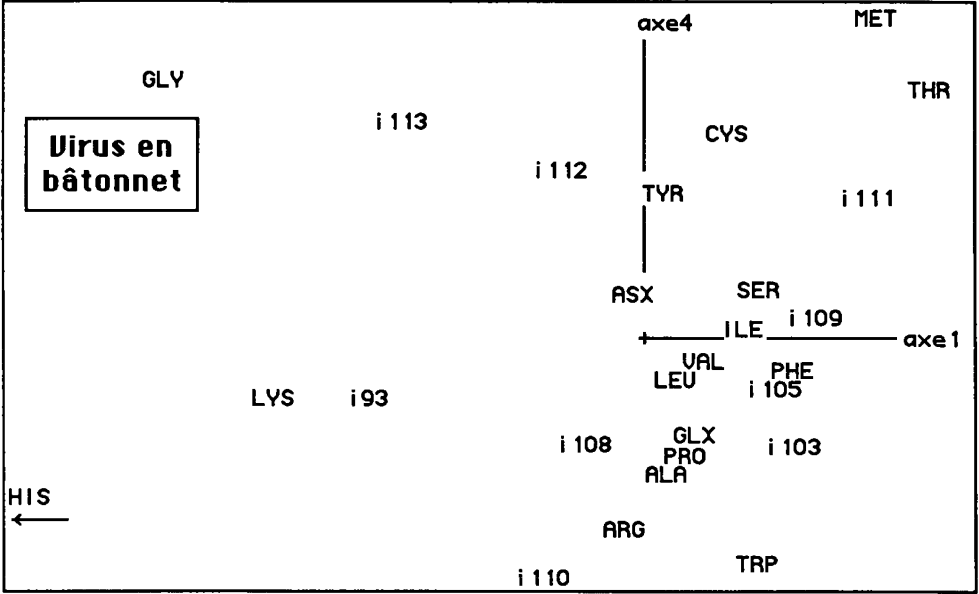
Nous publions ce listage afin de montrer avec précision comment les divers acides aminés contribuent à créer les 4 premiers axes.

L'axe 1 est créé par {GLY, HIS, LYS}, situés du côté (F1<0); la contribution principale vient de la GLYcine (CTR1 = 430‰); mais le point le plus écarté est l'HIStidine (F1 = -.946) qui, malgré sa rareté (PDS = 8‰), apporte une contribution de 183‰.

Sur le demi-axe (F2<0) on trouve la LYSine associée à la MÉThionine.

Mais c'est sur l'axe 3 que MET est le mieux représenté (CO2 = .578); et l'axe est créé par l'association de MET et de quelques souches de tobamovirus que la CAH range dans la classe i103 (cf. *infra*, §3.2.2).

On notera que deux acides aminés peu fréquents (PDS = 8‰), la MÉThionine et l'HIStidine contribuent notablement à l'inertie globale (INR = 87 et 86‰, respectivement).

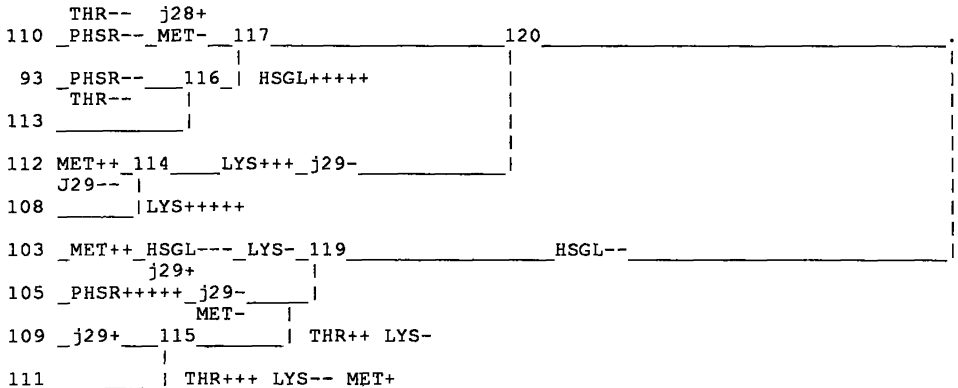


Pour étiqueter l'arbre des acides aminés, on a utilisé le listage Facor qui donne , sur les axes factoriels, les coordonnées des centres des classes. L'arbre des souches de virus sera étiqueté, d'après le listage Vacor, suivant une partition de *J* qui comprend deux acides aminés isolés, deux paires et deux classes

ASX	2125	28	30	34
LEU			=cdg	
TYR				
ALA	23			
PRO				
CYS	20	29		
GLX			F2++++	
TRP	2226			
ARG				
ILE	19			
VAL				
MET	F3++++	32		F1++
THR	F1++++	31		
PHE	24		(PHSR) F2-- F3--	
SER				
LYS	F2----	33		F1----
HIS	27		(HSGL) F1----	
GLY				

d'effectifs plus élevé:

{LYS, MET, HSGL, PHSR, j28, j29}.



ci-dessus, l'arbre de la partition des phytovirus en 9 classes
 ci-dessous, tableau du contenu des classes

=====											
c Partition en 9 classes : Sigles des individus de la classe numéro c											

110	?182	?311	?312	F251							hordeivirus & PCV India
93	F38	F34	F36	F37	F39	F35					PCV
113	F260	F262	F259	F261							RSNV

112	F46	f52	N328	N327							BNYVW CCV TRV
108	N310	N309	N331	N330							TRV

103	C321	C320	C322	C323	C317	C318	C51	C319	C53		HRV UMMV CRMV TOSNV
105	C55	C296	C58	C59	C295	C297					CV CGMMV
109	C315	C50	C67	C66	C48	C286	C60	C47	C291		TMV TOMV SOV FMV
		C65	C64	C63	C62	C49	C313	C314	C316		
111	C69	C54	C68	C292	C56	C293	C57				U2 O2 T2MV ORSV GTAMV
=====											

3.2.2 Classification de l'ensemble des souches de virus

Construite par voie ascendante (c'est-à-dire en agrégeant d'abord les individus le plus proches, puis les individus aux petites classes ainsi créées ou ces petites classes entre elles) une classification peut être lue aussi bien à partir du bas que du haut.

Au sommet de la hiérarchie, on a la dichotomie {i120 ≠ i119}, avec dans cette dernière classe l'ensemble des déterminations afférentes à des tobamovirus (virus transmis par contact, dont les sigles commencent par la lettre 'C').

La classe i120 se partage entre i114 et i117, elle-même subdivisée en i110 et i116. En bref, à des exceptions près sur lesquelles nous reviendrons, on peut poser: i114 = tobavirus = 'N', transmission par les nématodes; i116 = furovirus = 'F', transmission fongique; i110 = hordeivirus = '?', mode de transmission inconnu.

En partant de la base de la hiérarchie édifée sur *I*, on trouve, chacune agrégée à un niveau très bas, les 9 classes de la partition retenue. Chaque fois que l'on a dans notre corpus des déterminations multiples portant sur des souches de même nom ou reconnues pour très proches, les profils correspondants sont mis dans une même classe: le lecteur en pourra juger d'après les noms en lettres capitales qui accompagnent les sigles numériques sur les lignes du tableau du contenu des classes.

À cette interprétation de la CAH en termes de contenu des classes font seules exception 3 déterminations afférentes à des souches qu'on envisageait *a priori* de ranger dans le nouveau groupe des furovirus: F251 (PCV-India) se sépare des souches de PCV pour rejoindre les hordeivirus proches; F46, BNYVV (beet necrotic yellow vein virus), s'agrège aux tobravirus; en fait autant f52 (CCV), dont le mode de transmission est toutefois inconnu.

Reste à interpréter les classes en termes de proportions des divers acides aminés dans la protéine de la capsid. L'examen des plans issus de l'analyse factorielle suffit à suggérer les grandes lignes de l'interprétation; mais pour entrer dans les détails il faut recourir au listage Vacor qui a servi à l'étiquetage de l'arbre.

S'opposent d'abord sur l'axe 1 les classes i120 et i119; celle-ci est, dans toutes ses subdivisions retenues, caractérisée par des taux relativement faibles ou très faibles en HIStidine et GLYcine (HSGL). Les subdivisions de la classe i120, plus hétérogène, ont généralement des taux élevés en l'un ou l'autre des 3 acides aminés nettement situés du côté (F1<0): {HIS, GLY, LYS}.

Dans le quadrant (F1<0, F2<0), s'isole la classe i114 des tobravirus, associée à la LYSine, particulièrement dans sa subdivision i108.

L'autre subdivision, i117, de la classe i120, se partage sur l'axe 4, où se détache la classe i110, du côté (F4<0): l'étiquetage de i110 est complexe, faisant notamment intervenir, avec le signe +, les acides aminés de la classe j28 (TRiPtophane, ARGinine, ...).

Au sein de la classe i119 des tobamovirus, la classe i115 est principalement notée pour un taux élevé de THRéonine; tandis que les deux autres subdivisions, i103 et i105, s'opposent sur l'axe 3; celle-ci (F3<0), caractérisée par des taux particulièrement hauts en PHÉnylalanine et SÉRine (PHSR); et celle-là (F3>0), ainsi qu'on l'a dit, par les nombres élevés, dans leurs capsides, de molécules de MÉThionine; acide aminé qui, ainsi qu'on l'a vérifié sur le tableau des données est plutôt rare dans le reste de notre corpus (mis à part le cas de BNYVV, qui a le nombre maximum de 7 molécules, parmi les 198 que compte au total sa capsid).

Il conviendrait encore de mettre en rapport le mode de transmission des virus avec la structure spatiale de la capsid édifée par les acides aminés...

4 Conclusion taxinomique

Selon les normes du CITV, un virus n'est affecté à un groupe que s'il en possède toutes les propriétés caractéristiques; si l'une des propriétés manque, ou seulement si l'étude du virus n'est pas achevée, on donne à celui-ci le statut de "non classé" ou de membre "putatif" d'une classe. En outre, faute d'une représentation spatiale globale, la classification du CITV ne permet pas de mettre en évidence des relations entre les groupes, ni de proposer l'existence de groupes intermédiaires.

À l'inverse, notre typologie fondée sur la composition en acides aminés de la capside, utilise des calculs de distance entre virus, et permet de calculer des distances entre centres de classes ou entre virus et centre de classe. L'inconvénient est qu'il reste à intégrer dans la représentation multi-dimensionnelle les autres données disponibles relatives aux virus; cela n'est d'ailleurs pas impossible.

Il faut également noter que certains virus en bâtonnet sont très labiles et ne se trouvent dans les plantes infectées qu'à des concentrations très faibles. En pareil cas, il est cependant possible d'obtenir de petites quantités de protéine capsidaire purifiée. L'analyse de celle-ci apparaît susceptible de fournir des critères relativement sûrs pour classer les virus et identifier de nouveaux groupes.

Références bibliographiques

C. Fauquet, J. Dejardin, J.-C. Thouvenel: Evidence that the amino-acid composition of the particle proteins of plant viruses is characteristic of the virus group; in *Intervirology*, Vol XXV (1986); I, pp. 1-13, II, pp. 190-200.

C. Fauquet, D. Desbois, D. Fargette, G. Vidal: Classification des virus de plantes par la composition en acides aminés de leur protéine capsidaire; in *Résumé des Rencontres de Virologie*, p.9, 1-5 février 1987, Aussois, France.