Christelle LACROIX

INRA-Agrocampus Ouest-Université Rennes1, UMR1099 BiO3P « Biologie des organismes et des Populations appliquée à la Protection des plantes », Equipe « Biologie et Evolution de Phytovirus à ARN », F-35653 Le Rheu, France

Impact du déploiement de variétés de tabac (*Nicotiana tabacum*) portant le gène récessif de résistance *va* sur la virulence de populations virales du virus Y de la pomme de terre (PVY)

L'identification des causes et des conséquences de la diversification de populations virales permet de déterminer l'impact de différents filtres sélectifs sur leur évolution. Différents allèles du gène récessif de résistance *va*, qui constitue la source de résistance la plus utilisée au niveau mondial pour contrôler les épidémies du virus Y de la pomme de terre (PVY, *Potyvirus*) en cultures de tabac, ont été introgressés dans le fond génétique de plusieurs variétés de tabac sans informations précises sur leur impact dans le processus évolutif du PVY. L'objectif de ce travail de thèse est de déterminer l'impact de la pression de sélection imposée par le gène *va* sur la structure et l'évolution de populations virales de PVY. Pour cela, la diversité de caractéristiques biologiques et sérologiques d'isolats viraux de PVY collectés au sein de deux environnements culturaux contrastés (France et Brésil) a été analysée. Les populations virales collectées en France sont caractérisées par une forte fréquence d'isolats virulents et par une hétérogénéité de la distribution des différents pathotypes au sein de variétés de tabac sensibles et résistantes. La structure de populations virales collectées au Brésil est similaire à celle décrite en France, suggérant que l'émergence de variants virulents sous la pression de sélection imposée par le gène *va* n'est pas influencée par des paramètres environnementaux. Le suivi du processus évolutif d'isolats viraux de PVY inoculés en conditions contrôlées au sein de plantes de lignées quasi-isogéniques sauf au locus du gène *va* a permis de montrer qu'un cycle d'infection sur des plantes portant l'allèle 2 du gène *va* génère des populations virales adaptées, dont la virulence vis-à-vis des deux allèles 0 et 2 est plus élevée que celle des isolats viraux initiaux. Enfin, l'acquisition de la virulence vis-à-vis de l'allèle 2 du gène *va* est associée à l'apparition d'une mutation ponctuelle dans la partie centrale de la séquence codant pour la protéine VPg. Les conséquences possibles de l'adaptation du PVY au gène *va* sur l'interaction entre ce virus et différents partenaires du pathosystème sont discutées dans le cadre du développement d'une stratégie durable d'utilisation de cette source de résistance et d'une compréhension globale de l'épidémiologie du PVY.

Mots clés : *Potyvirus*, pathotype, adaptation, émergence, mutation ponctuelle, durabilité

Impact of the introduction of resistant plants carrying the recessive resistance gene *va* in tobacco (*Nicotiana tabacum*) crops on the virulence of *Potato virus Y* (PVY) populations

The analysis of the causes and consequences of the diversification of viral populations reveals the impact of different selective pressures on their evolution. Different alleles of the recessive resistance gene *va*, which constitutes the most commonly used genetic resistance source worldwide to control *Potato virus Y* (PVY, *Potyvirus*) epidemics in tobacco crops, have been introduced into tobacco cultivars without precise information on their impact on PVY evolution. The objective of this research program was to analyse the impact of the selective pressure imposed by the *va* gene on the structure and evolution of PVY populations. Thus, the diversity of biological and serological properties of PVY isolates collected in two contrasting environments (France and Brazil) was analyzed. Viral populations collected in France were characterized by a high frequency of virulent isolates and by a heterogeneous distribution of pathotypes in susceptible and resistant tobacco cultivars. The structure of PVY populations collected in Brazil and in France was similar, suggesting that the emergence of virulent isolates under the *va* selection pressure did not depend on environmental parameters. The evolutionary process of PVY isolates inoculated in controlled conditions to quasi-isogenic tobacco plants for the allele 0 and 2 of the *va* gene was monitored. A single passage on plants carrying the allele 2 of the *va* gene led to the selection of virulent viral populations, able to overcome both the allele 0 and 2 of the *va* gene. The acquisition of the capacity to overcome the allele 2 of the *va* gene was associated with a single point mutation in the central part of the sequence of the VPg protein. The possible consequences of the adaptation process of PVY to the *va* gene for the interaction between this virus and different vector agents and hosts are discussed in the context of the development of a durable strategy to use the different *va* alleles and of a global understanding of PVY epidemiology.

Keywords: *Potyvirus*, pathotype, adaptation, emergence, point mutation, durability