

Journées d'Aussois 2007. Rencontres de Virologie Végétale. 11, 2007-01-28/2007-02-01, Aussois, France.

Les bégomovirus des cultures maraîchères du Sud Ouest de l'Océan Indien : Un melting-pot viral

Pierre Lefeuvre¹, Florence Naze¹, Hélène Delatte¹, Darren Martin², Bernard Reynaud¹ et Jean-Michel Lett¹

¹CIRAD, UMR PVBMT, Cirad-Université de La Réunion, Pôle de Protection des Plantes, Ile de La Réunion, France

²Institute of Infectious Diseases and Molecular Medecine, Cape Town University, South Africa

Les bégomovirus, transmis par l'aleurode *Bemisia tabaci*, représentent un genre viral en pleine expansion, dont malgré l'importance économique on commence à peine à déterminer les contours de la diversité. Ces virus sont responsables de nombreuses maladies émergentes causant des dégâts majeurs aux cultures. Les bégomovirus présentent une très grande capacité d'évolution avec l'émergence de nouveaux variants plus agressifs dont la force évolutive principale semble être la recombinaison interspécifique (Paddidam et al., 1999). Dans un contexte de prédictions des risques épidémiques, la réalisation d'un état des lieux de la diversité des bégomovirus est primordiale pour estimer la pression parasitaire existante et les risques futurs. C'est dans cette optique qu'une campagne d'échantillonnage a été menée entre 2001 et 2006 dans les différentes îles du sud ouest de l'Océan Indien.

A partir de prélèvements d'échantillons de tomate, pois, tabac et piment présentant des symptômes d'enroulement foliaire typiques des maladies à bégomovirus, des travaux de détection par PCR, de clonage et de séquençage de l'ADN des bégomovirus ont été réalisés. Le séquençage partiel de l'ORF de la protéine de capsid, puis le séquençage complet d'une partie de ces virus ont été accomplis. Les analyses phylogénétiques et de recombinaison (logiciel RDP2) ont permis de montrer l'existence de plusieurs groupes de virus génétiquement différents, pour lesquels l'échange de matériel génétique semble avoir été un facteur clef dans leur évolution. En accord avec le seuil de distinction taxonomique des bégomovirus (< 89% identité), nous proposons l'existence de 13 nouvelles espèces virales.