

**Diversité génétique des bégomovirus responsables de la mosaïque du manioc dans les archipels des Comores et des Seychelles : évidence d'une nouvelle espèce, fruit d'une recombinaison interspécifique ancestrale**

Emilie Villar<sup>1</sup>, Pierre Lefeuvre<sup>1</sup>, Hélène Delatte<sup>1</sup>, Darren Martin<sup>2</sup>, Bernard Reynaud<sup>1</sup> et Jean-Michel Lett<sup>1</sup>

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

<sup>2</sup>Institute of Infectious Diseases and Molecular Medicine, Cape Town University, South Africa

Une épidémie très sévère de la maladie de la mosaïque du manioc (CMD) a conduit ces dernières années à de grandes pertes de récolte en Afrique de l'Est, avec un impact humain et économique très important. Cette maladie est causée par plusieurs espèces de bégomovirus appelées *Cassava mosaic virus* (CMVs). Les analyses moléculaires ont permis de montrer que cette épidémie très sévère est liée à l'existence d'un virus variant issu de la recombinaison entre deux espèces de CMVs. La description récente de plusieurs espèces de CMVs à Madagascar (Ranomenjanahary et al., 2002) et la recrudescence de symptômes sévères de la CMD à Mayotte nous a conduit à réaliser une étude de la diversité génétique des CMVs présents dans les îles des archipels des Comores et des Seychelles, dans le cadre d'un programme d'épidémiologie-surveillance de la zone du sud-ouest de l'océan Indien.

A partir de prélèvements d'échantillons foliaires de manioc présentant des symptômes de CMD, des travaux de détection par PCR, de clonage et de séquençage ont été réalisés. Le séquençage partiel de deux régions distinctes du génome des bégomovirus a permis de déterminer l'existence de trois principaux groupes génétiques. Le premier groupe est formé par les isolats des îles de l'archipel des Seychelles. Le second regroupe les échantillons de Mayotte et d'Anjouan. Enfin, le dernier groupe est composé des isolats de l'île de Grande Comore. Le séquençage complet du composant génomique A d'isolats représentatifs de la diversité génétique en présence a permis de montrer que les isolats de CMVs trouvés aux Seychelles, à Mayotte, à Anjouan et en Grande Comore appartiennent à l'*East African cassava mosaic virus* (EACMV). Cependant, un deuxième type viral principalement apparenté à l'*East African cassava mosaic Zanzibar virus* et au *South African cassava mosaic virus* (SACMV) a été identifié en Grande Comore et à Mohéli. L'analyse de recombinaison suggère qu'il est le fruit d'une recombinaison interspécifique entre les EACMVs et le SACMV. L'absence *a priori* du SACMV dans ces archipels suggère l'existence d'un événement de recombinaison interspécifique ancestral et extérieur à ces îles. Nous proposons d'élever ce bégomovirus au rang de nouvelle espèce et de le nommer provisoirement South East African cassava mosaic virus (SEACMV).