

Recombinaison et Emergence Virale : Le modèle des *Begomovirus*

Pierre Lefeuvre¹, Jean-Michel Lett¹, Murielle Hoareau¹, Bernard Reynaud¹, Darren Martin²

¹CIRAD, UMR PVBMT Université de La Réunion - CIRAD, Pôle de Protection des Plantes, 7 chemin de l'IRAT, Ile de La Réunion, France

²Institute of Infectious Diseases and Molecular Medicine, University of Cape Town, Observatory 7925, South Africa

Parmi les phytovirus, le genre *Begomovirus* (ADN circulaire simple brin), transmis par l'aleurode *Bemisia tabaci*, est responsable de nombreuses maladies émergentes d'importances économiques majeures sur diverses cultures. Dans le contexte des îles du Sud-Ouest de l'océan Indien (SWIO), l'étude de la diversité génétique des bégomovirus a dévoilé l'existence d'une extraordinaire diversité virale. La reconstruction phylogénétique a montré que les virus des îles SWIO étaient associés au groupe « Africain Méditerranéen » des bégomovirus monopartites et bipartites, et qu'ils présentent une origine polyphylétique. L'analyse des facteurs évolutifs associés à la genèse de cette diversité, a permis (1) de montrer que la recombinaison avait pris une part prépondérante dans l'évolution de ces virus, et (2) de décrire l'existence de *hot spot* et de *cold spot* de recombinaison sur le génome des bégomovirus (Lefeuvre et al., JGV 2007).

La réalisation d'une analyse globale basée sur les séquences de bégomovirus disponibles dans les bases de données, a permis de suggérer l'intervention de facteurs mécanistiques et/ou sélectifs dans le façonnage des profils de recombinaison. Des raisons mécanistiques associées à des conflits entre les complexes de réplication et de transcription ont été avancées quant à l'origine de la création des recombinants. L'étude du niveau de perturbation des protéines après recombinaison (analyse SCHEMA) démontre qu'une fois créés, les recombinants sont soumis à une forte sélection purificatrice agissant sur les réarrangements délétères (Lefeuvre et al., PLoS Pathogens 2007). A terme, seuls devraient persister les virus recombinants pour lesquels la recombinaison n'aura pas perturbé les multiples réseaux d'interactions codés par le génome et responsables des fonctions biologiques du virus. L'élargissement de cette même analyse à l'ensemble des virus à ADN circulaire simple brin, présentant pourtant des gammes d'hôtes très variées (animaux, végétaux et bactéries), a permis de montrer encore une fois l'importance de la sélection purificatrice sur le « façonnage » des profils de recombinaison.

L'aptitude des bégomovirus à échanger du matériel génétique par recombinaison et l'existence de taux de mutation élevé semblent être de solides atouts pour s'adapter aux nouvelles niches écologiques offertes par leur vecteur et sa dissémination mondiale. L'ensemble de ces paramètres biologiques fait de ces virus des candidats très sérieux à l'émergence, domaine dans lequel ils ont déjà rencontré ces dernières années un certain succès.

Lefeuvre, P., Martin, D.P., Hoareau, M., Naze, F., Delatte, H., Thierry, M., Varsani, A., Becker, N., Reynaud, B. and Lett, J.M. (2007). Begomovirus 'melting pot' in the south-west Indian Ocean islands: molecular diversity and evolution through recombination. *J Gen Virol*, 88, 3458-68.

Lefeuvre, P., Lett, J.M., Reynaud, B. and Martin, D.P. (2007). Avoidance of protein fold disruption in natural virus recombinants. *PLoS Pathog*, 3, e181.