

In : Atelier Diversité évolution des agents pathogènes CIRAD 2010/12/02-03, Montpellier, France.

Stochasticité et sélection dans l'émergence de génomes recombinants chez les begomovirus

Cica Urbino⁽¹⁾, Florence Vuillaume⁽¹⁾, Gaël Thébaud⁽²⁾, Anna Antolik⁽¹⁾, Martine Granier⁽¹⁾, Rémy Froissart⁽²⁾, Stéphane Blanc⁽²⁾ et Michel Peterschmitt⁽¹⁾.

CIRAD⁽¹⁾ INRA⁽²⁾ /UMR BGPI TA A54/K Campus International de Baillarguet F-34398 Montpellier Cedex 5

Cica.urbino@cirad.fr

Les Begomovirus (Famille des Geminiviridae) ont un génome à ADN simple brin circulaire (2800 nt) et sont transmis par l'aleurode *Bemisia tabaci*. Ils sont répliqués par des polymérasés de l'hôte selon des mécanismes qui impliquent la recombinaison : la réplication par cercle roulant et la réplication recombinaison dépendante. Des génomes recombinants ont été fréquemment détectés chez les begomovirus et certains ont été associés à des maladies émergentes. Les points de recombinaisons détectés sont préférentiellement groupés dans certaines régions du génome (hot-spots ; Lefeuvre et *al.*, 2007) mais on ne sait pas exactement ce qui engendre une telle distribution, la sélection et/ou contrainte mécanique lors de la génération des recombinants. Pour mieux comprendre cette distribution nous avons analysé deux populations de recombinants, l'une produite *in vitro* en l'absence de sélection, et l'autre en condition naturelle par coinfection d'une plante. Les virus parentaux sont des begomovirus infectant la tomate, le Tomato yellow leaf curl virus (TYLCV), virus invasif originaire du Moyen Orient, et le Tomato leaf curl Mayotte virus (ToLCYTV), un virus de l'hémisphère sud.

Une banque de centaines de recombinants a été produite par DNA-shuffling entre le TYLCV et ToLCYTV (Protéus, Nîmes) La fitness de 47 de ces recombinants choisis aléatoirement a été estimée en mesurant leur accumulation virale intra-hôte par PCR quantitative. Tous les génomes sont infectieux et s'accumulent de façon similaire ou intermédiaire aux deux parents ce qui révèle que les effets délétères ou létaux de la recombinaison aléatoire sont rares. Sur la base de ces résultats la sélection ne semblait pas expliquer les hot spots de recombinaison. Il était donc possible que certains recombinants soient rarement voire jamais produits ou au contraire favorisés du fait de contraintes mécanistiques. Une banque de recombinants naturels générés dans des plantes coinfectées avec les même virus parentaux a été utilisée pour vérifier si les points de recombinaison pouvaient se produire tout au long du génome

Des génomes recombinants ont été isolés à 30, 60, 150 et 330 jours après coinfection de plusieurs plantes de tomate avec le TYLCV et le ToLCYTV. Un total de 123 points de recombinaison ont été détectés sur l'ensemble du génome ce qui semble indiquer que la recombinaison n'est pas limitée aux hot spots décrits dans la littérature. Sur la base de cette distribution, les contraintes mécanistiques ne semblent pas expliquer les hot spots de recombinaison décrits. Les effets de la sélection ou de la dérive ont pu être mis en évidence dans plusieurs plantes où un même recombinant a été isolé plusieurs fois et tout particulièrement sur les prélèvements tardifs. Selon les plantes, les recombinants qui deviennent majoritaires n'ont pas forcément les même profils ce qui pointe vers des effets stochastiques intervenant à la fois lors de la génération des recombinants et lors du

mouvement des populations virales dans la plante. La génération des hot spots de recombinaison des begomovirus sera discutée à la lumière des ces résultats.

Lefeuvre et al, 2007, PLoS Pathog 3(11) e181 doi 10.1371