

Anne Sicard, Michel Yvon, Stéphane Blanc & Serafin Gutierrez

Dynamique des segments génomiques au cours du cycle d'un virus multipartite

L'émergence de nouveaux virus résulte en partie d'interactions entre les différentes particules virales infectant une cellule. Le nombre de génomes viraux qui infecte chaque cellule de l'hôte (ou multiplicité d'infection cellulaire) est donc un facteur déterminant dans l'évolution des populations virales. L'étude de ce paramètre est essentielle pour pouvoir à terme estimer, prédire et limiter l'émergence de virus. Quelques études ont été menées pour déterminer la multiplicité d'infection cellulaire (MOI) de virus monopartites. En revanche, ce paramètre reste totalement inconnu pour les virus multipartites, virus dont le génome est segmenté et dont chaque segment est encapsidé individuellement. Mon projet vise à étudier un aspect préliminaire mais nécessaire dans la détermination ultérieure de la multiplicité d'infection cellulaire d'un virus multipartites ; il s'agit des fréquences respectives des différents segments génomiques et de leurs possibles variations au cours du cycle d'infection. Le modèle biologique utilisé est un nanovirus, le Faba bean necrotic stunt virus, infectant la fève. Nos résultats révèlent des différences significatives entre les fréquences des différents segments, avec des valeurs situées entre 2 et 25% de l'ADN viral total. La constance du pattern des fréquences observé reflète probablement l'existence de régulations précises de la quantité de chaque segment. Le problème posé par la grande disproportion d'abondance des différents segments quant aux perspectives d'étude de la MOI sera discuté.

UMR BGPI Cirad TA A-54/K, Campus international de Baillarguet, 34398 Montpellier cedex 5

sicardan@supagro.inra.fr

Gael Thébaud, Marco J. Morelli, Sylvie Dallot, Gérard Labonne & Dan Haydon

Comment débusquer et éviter les pièges qui guettent les chasseurs de diversité intra-population ?

L'utilisation quantitative de données de séquençage à haut débit peut être affectée par des biais systématiques mal caractérisés et méconnus des utilisateurs. Au cours d'une étude par séquençage Illumina de la variabilité d'une population intra-feuille de Plum pox virus (PPV), nous avons identifié 4 biais et une stratégie permettant de s'en affranchir. Le premier biais consiste en une corrélation entre le taux de couverture d'une séquence et sa composition nucléotidique, ce qui pose problème pour quantifier des séquences différentes. Le deuxième biais, qui affecte surtout les inférences basées sur les séquences minoritaires, résulte de contaminations (même faibles) entre

échantillons. Les deux derniers biais induisent une surestimation du nombre de variants détectés au sein d'une population, à cause de la fréquence localement et globalement hétérogène des artefacts le long du génome. L'utilisation de témoins et d'analyses appropriés permet de remédier à ces biais.

INRA, UMR BGPI, Cirad TA A-54/K, Campus de Baillarguet, 34398 Montpellier Cedex 5, France.

thebaud@supagro.inra.fr

Cica Urbino

Is it possible to be better than wild type TYLCV?

Begomoviruses (Family Geminiviridae) are highly recombinogenic ssDNA viruses. Two begomovirus infectious clones of Tomato yellow leaf curl and Tomato leaf curl Mayotte viruses (Tyx, Tox; 18% nt divergence) were inoculated in 6 tomato plants. Recombinants were isolated from 30 days post inoculation (dpi). At 150 and 330 dpi more than 40% of the isolated genomes were recombinants. Unexpectedly, Tyx the most fit of the two parents tend to be eliminated at 330dpi. The most frequently isolated recombinant (R4) was prepared as an infectious clone and tested for its fitness in coinfection with Tyx and Tox. Its infectivity (% of infected plants) was significantly higher than Tox, the parent with the lowest infectivity, but similar to Tyx. Viral DNA accumulation of R4 was 10 times lower than Tyx, the parent which accumulated the most. It is proposed that complementation between several recombinants may eliminate TYLCV but possibly none of them individually may be better.

UMR BGPI Cirad TA A-54/K, Campus international de Baillarguet, 34398 Montpellier cedex 5

cica.urbino@cirad.fr