ANNEE 2005-2006

Rapport de Master

Mention « Biologie et Technologies du Végétal »
Spécialité Professionnelle
« Technologies du végétal et Productions spécialisées »

Etude de la prévalence et de la diversité des populations de virus de la mosaïque en tirets du bananier (BSV) et de virus X du bananier (BVX) en Guadeloupe.

Présenté par :

Frédéric Péréfarres
Le 19/09/2006

Stage encadré par :

Pierre-Yves Teycheney
CIRAD – UPR75
Station de Neufchateau - Sainte-Marie
97130 Capesterre Belle-Eau, Guadeloupe

MODELE DE FICHE STANDARDISEE

UNIVERSITE D'ANGERS UFR Sciences 2, Bd Lavoisier 49045 ANGERS Cedex 01	**INSTITUT NATIONAL d'HORTICULTURE** 2, rue Le Nôtre 49045 ANGERS Cedex

MASTER

Mention « Biologie et Technologie du Végétal », Spécialité Professionnelle« Technologies du végétal et Productions spécialisées »

PROMOTION: 2005/2006	DATE DE SOUTENANCE: 19/09/2006
AUTEUR: FREDERIC PEREFARRES	LIEU DE STAGE: CIRAD GUADELOUPE
MAITRE DE STAGE ENSEIGNANT: P. GLADIEUX	MAITRE DE STAGE PROFESSIONNEL: P.-Y. TEYCHENEY

TITRE: ETUDE DE LA PREVALENCE ET DE LA DIVERSITE DES POPULATIONS DE VIRUS DE LA MOSAÏQUE EN TIRETS DU BANANIER (BSV) ET DE VIRUS X DU BANANIER (BVX) EN GUADELOUPE.

MOTS CLES: *MUSA* ; AMELIORATION GENETIQUE ; VIRUS ; INDEXATION ; GESTION DU RISQUE.

RESUME:

Afin de lutter contre de nombreux pathogènes et ravageurs des bananiers et des plantains, plusieurs programmes d'amélioration génétique menés dans le monde ont pour objectif de créer et de sélectionner des variétés hybrides inter-spécifiques résistantes, à partir de parents *Musa acuminata* (A) et *Musa balbisiana* (B). Cependant, certains hybrides interspécifiques naturels ou créés, de génotype AAB ou AAAB, développent la maladie de la mosaïque en tirets (BSD), en l'absence de contamination extérieure par le virus responsable, le *Banana streak virus* (BSV). Ces infections résultent vraisemblablement de l'activation de séquences virales BSV intégrées au génome *Musa balbisiana* et appelées *endogenous pararetrovirus* (EPRV). Certains EPRV pathogènes, dont des EPRV BSV, sont exprimés sous l'action de facteurs de stress biotiques ou abiotiques, comme les différences de température. Il existe donc un risque d'activation des EPRV BSV pathogènes à l'échelle de la parcelle pour les hybrides interspécifiques AAB ou AAAB. Afin d'évaluer ce risque, une étude de la prévalence et de l'impact des différentes espèces de BSV sur bananiers et plantains a été conduite pour la première fois en Guadeloupe. Une campagne d'échantillonnage et d'indexation de masse a été effectuée. Elle a montré que l'impact de la maladie est très faible, caractérisé par un nombre limité de foyers et l'absence de symptômes dans la quasi-totalité des cas. L'analyse des données recueillies semble indiquer que la présence du BSV en Guadeloupe pourrait résulter de l'expression d'EPRV BSV pathogènes plutôt que d'une transmission par vecteur. Au cours de ce travail, la prévalence et la diversité moléculaire du virus X du bananier ont également été étudiées. Les résultats obtenus montrent que le BVX présente un très faible niveau de prévalence en Guadeloupe et que sa présence ne peut être associée à aucun symptôme. Par ailleurs, cette étude a confirmé le très faible niveau de diversité moléculaire du BVX et a permis de valider à grande échelle une méthode de détection par PCR basée sur l'utilisation d'amorces spécifiques.

ABSTRACT:

Several breeding programmes aim at developing improved pest- and disease-resistant interspecific banana and plantain hybrid species resulting from crosses between *Musa acuminata* (A) and *Musa balbisiana* (B) parents. Unfortunately, many of these hybrids are often infected by *Banana streak virus* (BSV), following stress-induced activation of infectious endogenous pararetrovirus sequences (EPRVs) that are present in the nuclear genome of *M. balbisiana*. In order to establish and implement risk-assessment strategies aimed at limiting the risk of spreading BSV through the deployment of *Musa* interspecific hybrids, a large scale study of the prevalence and impact of BSV on banana and plantain in Guadeloupe was carried out. This study shows that BSV has currently a very limited impact, with plantains being much more frequently infected than dessert banana. Our data suggest that the presence of BSV in Guadeloupe could result from the activation of pathogenic BSV EPRVs rather than from vector-borne diffusion. The prevalence and molecular variability of Banana virus X was also assessed. Our study shows that the prevalence of BVX in Guadeloupe is very low and that no symptom can be associated with the virus. This study also confirms that BVX displays a very low level of molecular diversity, therefore showing that PCR-based diagnosis using sequence-specific primers is accurate and appropriate.

Je soussigné Pierre-Yves Teycheney, maître de stage professionnel, de Frédéric Perefarres

AUTORISE ~~ou N'AUTORISE PAS~~ (1): la publication des sources bibliographiques, des résumés français, anglais

AUTORISE ~~ou N'AUTORISE PAS~~ (1) :le dépôt du mémoire dans une bibliothèque

date : 31/08/2006 Signature du maître de stage

Remerciements

Je tiens à remercier Pierre-Yves Teycheney pour m'avoir accueilli dans son unité au cours de ces 6 mois. Un grand merci à toi donc de m'avoir fait confiance pour réaliser cette étude. Merci également pour l'ensemble de tes conseils dans le cadre professionnel et extra-professionnel.

Merci à Christophe Jenny pour son aide dans l'identification des génotypes des plantes échantillonnées et à Thierry Candresse pour les analyses phylogéniques.

Un grand merci également à Isabelle, Didier et Olivier pour leur présence et leur aide au quotidien.

Enfin, je tiens à remercier l'ensemble du personnel de la station ainsi que les stagiaires, post-doc ou VCAT pour ces 6 mois passés avec eux.

Je retire de ce stage une expérience très enrichissante au niveau professionnel, où j'ai pu apprendre dans de nombreux domaines tels que la phytopathologie, la biologie moléculaire et la création variétale, et également personnel avec la découverte de la culture des petites Antilles.

Liste des abrévations

ADN : acide désoxyribonucléique
ARN : acide ribonucléique
BanMMV : virus de la mosaïque atténuée du bananier
BBrMV : virus de la mosaïque des bractées du bananier
BBTV : banana bunchy top virus
BSV : virus de la mosaïque en tirets du bananier
BVX : virus X du bananier
CMV : virus de la mosaïque du concombre
$_{C}$DNA : ADN complémentaire
DB-PDO-RT-nested PCR : direct binding polyvalent degenerate oligonucleotides reverse transcription nested PCR
dNTP : desoxynucléotide triphosphate
dsDNA : ADN double brin
EDTA : acide ethylene di-amino tetra acétique disodique
EPRV : Séquence pararetrovirale endogène
GPS : global positioning system
IgG : immunoglobuline G
IGN : Institut géographique national
IC-PCR : immunocapture polymerase chain reaction
IC-PDO-RT-nested PCR : immunocapture polyvalent degenerate oligonucleotide reverse transcription PCR
Kbp : kilo paire de bases
M-IC-PCR : multiplex immunocapture PCR
ORF : cadre ouvert de lecture
PCR : polymerase chain reaction
PBS : tampon phosphate salin
RdRp : ARN polymerase ARN dépendante
RT-PCR : reverse transciption PCR
Taq polymerase : ADN polymerase de *Thermophilus aquaticus*
TBE : Tris borate EDTA
UV : ultra violet

TABLE DES MATIERES

INTRODUCTION **1**

SYNTHESE BIBLIOGRAPHIQUE **3**

1. Taxonomie et zones d'origine des bananiers **3**

2. Cycle biologique et physiologie **3**

3. Importance économique **3**

4. Amélioration génétique **6**

5. Ravageurs et principales maladies bactériennes et fongiques **6**
5.1. Ravageurs 6
5.2.Maladies bactériennes 8
5.3. Maladies fongiques 8

6. Maladies virales **10**

7. Les virus associés à la maladie en tirets du bananier (banana streak disease, BSD) **12**
7.1. Historique 12
7.2 Symptômes 12
7.3. Biologie, taxonomie et organisation génétique 14
7.4. Transmission 14
7.4.1. Transmission horizontale 14
7.4.2. Transmission verticale 16

8. Le virus X du bananier (BVX) **17**
8.1. Historique 17
8.2 Symptômes 17
8.3 Biologie, taxonomie et organisation génétique 17
8.4. Transmission 17

MATERIEL ET METHODES **19**

1. Plantes **19**

2. Détection du BSV par multiplex-immunocapture-PCR (M-IC-PCR) **19**

3. Détection du BVX par reverse transcription nested PCR utilisant des amorces polyvalentes dégénérées (PDO-RT-nested PCR) **20**
3.1. IC-PDO-RT-nested PCR 20
3.2. DB-PDO-RT-nested PCR (direct binding polyvalent degenerate oligonucleotides reverse transcription nested PCR) 21

4. Analyse des séquences nucléotidiques **21**

RESULTATS **23**

1. Prévalence des principales espèces de BSV en Guadeloupe **23**
1.1. Détection des principales espèces de BSV 23
1.2. Prévalence du BSV en Guadeloupe 23
1.3. Etude de la diversité moléculaire du BSV en Guadeloupe 27

2. Prévalence et diversité moléculaire du BVX en Guadeloupe **27**
2.1. Détection du BVX 27
2.2. Prévalence du BVX en Guadeloupe 29
2.3. Diversité moléculaire du BVX en Guadeloupe 29

DISCUSSION **32**

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES **35**

ANNEXES : RESULTATS COMPLETS DES INDEXATIONS **38**

Introduction

Avec près de 100 millions de tonnes produits annuellement, la banane représente la quatrième culture vivrière mondiale (Loeillet, 2005) après le riz, la pomme de terre et le manioc (FAO, 2006). Quatre vingt dix pour cent de cette production sont destinés à la consommation locale, la banane à cuire, caractérisée par une chair riche en amidon, constituant la base de l'alimentation de 500 millions de personnes à travers le monde. Le reste, constitué principalement de banane dessert caractérisée par une chair sucrée, est exporté et constitue une source importante de devises pour les pays producteurs. Par ailleurs, le bananier est une véritable plante ressource. Toutes les parties de la plante sont exploitées : comme les fruits, le cœur de la tige et les bourgeons peuvent être consommés, le pseudo-tronc est utilisé pour la construction de barrages ou l'alimentation du bétail, les fibres pour la fabrication de vêtements, de filets de pêches ou de cordages, les feuilles pour la couverture de maisons ou la cuisson des aliments, et les graines de certaines variétés sauvages pour la confection de bijoux. Cette herbe géante fait donc partie intégrante du patrimoine tant culturel que cultural de nombreuses sociétés dans lesquelles elle sert parfois même de monnaie d'échange.

Comme la plupart des plantes cultivées, le bananier subit les attaques de nombreux agents pathogènes (virus, bactéries, champignons) et ravageurs (nématodes et charançons principalement). L'importance des dégâts qu'ils occasionnent varie selon la sensibilité variétale et les conditions environnementales, mais leur impact économique global peut être catastrophique. C'est pourquoi des programmes d'amélioration génétique ont été mis en place afin de créer des variétés hybrides conjuguant les qualités agronomiques et gustatives recherchées par les consommateurs et des caractères de résistance aux maladies et aux ravageurs. Ces variétés hybrides ont longtemps été créées par le croisement de parents appartenant à l'espèce *Musa acuminata*, dont le génome est noté A. A partir des années 1980, l'identification de caractères d'intérêt – robustesse, tolérance aux stress et résistance aux pathogènes- chez l'espèce *M.balbisiana*, dont le génome est noté B, a conduit à la création d'hybrides inter-spécifiques *M. acuminata* x *M. balbisiana*, dans l'objectif d'obtenir des variétés résistantes à *Mycosphaerella fijensis,* agent causal de la maladie des raies noires (MRN) et contrainte majeure de la production bananière.
Cependant, certains hybrides interspécifiques triploïdes AAB ainsi créés, bien qu'issus de parents sains, ont développé en l'absence de toute contamination extérieure la maladie de la mosaïque en tirets (*Banana streak disease* BSD), causée par le *Banana streak virus* (BSV) (Lheureux *et al*., 2003), un virus appartenant à la famille des *Pararetrovirus*. La maladie a également été observée à la suite de la multiplication par culture *in vitro* de variétés ou d'hybrides inter-spécifiques triploïdes AAB ou tétraploïdes AAAB sains (Dallot et al., 2001 ; Folliot et al., 2005). Dans le même temps, l'indexation par PCR de variétés de bananiers comportant le génome *M. balbisiana* a permis de mettre en évidence la présence dans ce génome de séquences virales BSV endogènes (Harper et al., 1999b). L'hypothèse selon laquelle les infections par le BSV observées dans les hybrides interspécifiques auraient pour origine l'expression de ces séquences a donc été avancée (Ndowora et al., 1999 ; Harper et

al., 1999a). De fait, des travaux récents ont permis la mise en évidence dans le génome de nombreuses plantes cultivées de séquences pararetrovirales endogènes (*endogenous pararetrovirus*, EPRV) correspondant à d'autres pararetrovirus (Jakowitsch et al., 1999; Lockhart et al., 2000; Mao et al., 2000; Budiman et al., 2000; Richert-Pöggeler et al., 2003; Gregor et al., 2004; Kunii et al., 2004; Hansen et al., 2005). Certains EPRV, notamment des EPRV BSV, sont qualifiés de pathogènes car ils sont susceptibles de produire des particules virales infectieuses à la suite de stress biotiques ou abiotiques, probablement via des processus de recombinaison (Harper et al., 1999a ; Staginnus et Richert-Poeggeler, 2006). Dans le cas du BSV, ce mode de transmission verticale à partir de séquences virales intégrées s'ajoute à un mode de transmission horizontal classique par vecteur biologique, en l'occurrence des cochenilles (Teycheney et Caruana, 2002 ; Caruana et al ., 2003).

Compte tenu de la découverte d'EPRV BSV pathogènes dans le génome de *M. balbisiana*, le BSV est devenu en quelques années la principale contrainte virale pour la création de variétés hybrides inter-spécifiques de bananiers et de plantains ainsi que pour la conservation et les mouvements de germplasm *Musa*. En outre, la possibilité d'une activation au champ des EPRV BSV dans des hybrides AB, AAB ou AAAB naturels ou créés est également une contrainte forte au déploiement de tels hybrides. Ce risque d'activation n'est toutefois actuellement pas quantifié. Il est donc important de l'évaluer précisément, de même que les risques de transmission du virus par vecteur à la suite de l'activation d'EPRV pathogènes. Ces données sont indispensables à la mise en place d'une politique de gestion du risque BSV lié au déploiement à grande échelle de variétés hybrides interspécifiques. Dans cette optique, l'objectif principal de mon travail a consisté à étudier la prévalence des principales espèces de BSV sur les bananiers et plantains en Guadeloupe, où aucune variété hybride interspécifique créée n'a été déployée. Les données générées permettront d'estimer le niveau de base de prévalence du BSV. Elles sont indispensables à l'évaluation du risque de diffusion du BSV qui serait pris si des variétés hybrides interspécifiques y étaient déployées.

Par ailleurs, un virus appartenant au genre *Flexiviridae*, le banana virus X (BVX), a été récemment décrit sur bananier en Guadeloupe (Teycheney, 2005a). La prévalence de ce virus sur bananiers et plantains est actuellement inconnue, de même que son impact en infection simple ou en association avec d'autres virus notamment celui de la mosaïque atténuée du bananier (BanMMV), qui appartient à la même famille. Le second objectif de mon travail a donc consisté à évaluer cette prévalence ainsi que la diversité moléculaire du BVX en Guadeloupe. Ces travaux ont pour but la validation et l'optimisation d'un test de détection du BVX par reverse transcription PCR (RT-PCR).

Synthèse bibliographique

1. Taxonomie et zones d'origine des bananiers

Les bananiers appartiennent au genre *Musa* de la famille des Musacées, qui est l'une des six familles de l'ordre des Zingibérales, lequel regroupe environ 1000 espèces. Outre le genre *Musa*, la famille des Musacées comprend également le genre *Ensete.* Elle est représentée dans l'ensemble de la zone intertropicale, et est vraisemblablement originaire d'Asie du Sud Est (Simmonds & Shepherd, 1955; Stover & Simmonds, 1987). Le genre *Musa* comprend des espèces normalement séminifères dont les aires géographiques d'origine peuvent globalement être limitées par la péninsule indienne, la péninsule indochinoise jusqu'au sud de la Chine, la Malaisie, les grands archipels indonésiens et philippins, l'extrême nord de l'Australie, et vers l'Est, les îles Samoa. Il est divisé en quatre sections : *Calimusa* (2n=20), *Australimusa* (2n=20), *Eumusa* (2n=22) et *Rhodochlamys* (2n=22).

Les espèces des sections *Calimusa, Australimusa et Rhodochlamys* ont un intérêt purement ornemental car elles ne produisent pas de fruits comestibles (Champion, 1967). En revanche, la section *Eumusa* rassemble pratiquement toutes les variétés cultivées de bananiers, notamment les variétés parthénocarpiques qui présentent la particularité de produire des fruits dépourvus de graines mais dans lesquels se développe une pulpe comestible. Cette section est la plus grande du genre *Musa* et la plus largement répandue au plan géographique, représentée de l'Inde jusqu'au Pacifique. Les bananes comestibles sont issues, pour l'essentiel, de deux espèces sauvages diploïdes, *Musa acuminata*, dont le génome est noté A, et *Musa balbisiana* dont le génome est noté B, et, dans une moindre mesure, de l'espèce *Musa schizocarpa* dont le génome est noté S. Les plantes de ces espèces produisent des fruits remplis de graines. Elles se reproduisent par voie sexuée ou par voie végétative à partir de rejets. Leur évolution et leur domestication par l'homme ont abouti par sélection à des variétés stériles et parthénocarpiques. En effet, la comestibilité des fruits mûrs de cultivars *M. acuminata* diploïdes (AA) est liée à la stérilité femelle et à la parthénocarpie. Les cultivars triploïdes AAA proviennent de ces diploïdes comestibles, probablement à la suite de croisements avec des espèces sauvages de *M. acuminata*. Dans la plupart des zones d'Asie du Sud Est, ces cultivars triploïdes, plus vigoureux que leurs homologues diploïdes, produisent des fruits plus gros et ont remplacé les cultivars diploïdes originels AA, même si certains de ces derniers présentent toujours un intérêt agricole significatif en Nouvelle Guinée (Daniells et al,. 2006). Les cultivars diploïdes et triploïdes de *M. acuminata* ont été introduits par l'homme dans les zones natives de *M. balbisiana*, à savoir l'Inde, la Thaïlande et les Philippines. Des hybridations naturelles y ont eu lieu, qui ont permis l'obtention et la sélection d'hybrides interspécifiques AB, AAB et ABB. *M. balbisiana* étant généralement plus résistant à la sécheresse et aux maladies que *M. acuminata*, ces caractéristiques se retrouvent souvent dans des hybrides contenant le génome B. La dispersion au delà de l'Asie des espèces de bananiers et plantains à fruits comestibles a été le fait de migrations humaines, si bien que l'histoire de la banane cultivée est étroitement liée aux déplacements de populations (Daniells et al,. 2006).

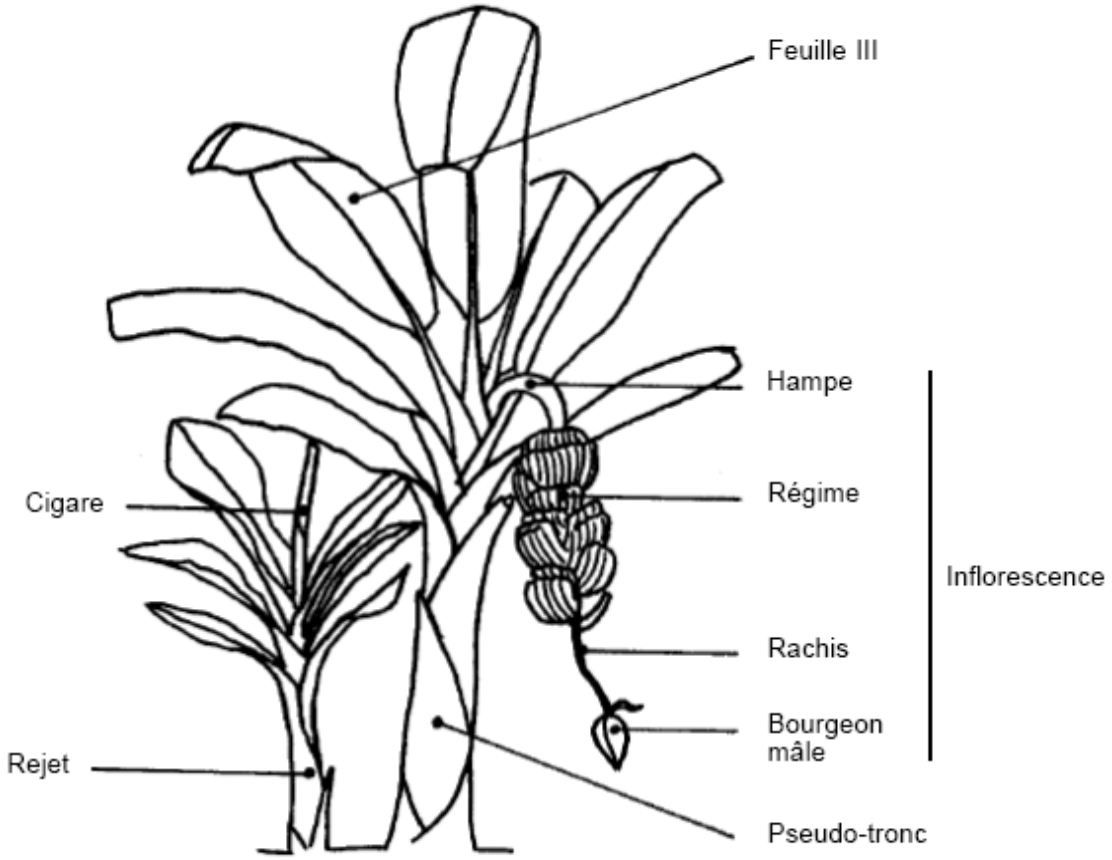

Figure 1 : Plant et rejet de bananier (Champion, 1963)

Tableau 1 : Production et commerce mondial de la banane (en tonnes ; Loeillet, 2005).

	Production			Exportations		
	Autres bananes	**Cavendish**	**Total**	**Cavendish**	**Plantains**	**Total**
Amérique du nord et du sud	10 743 130	10 729 470	21 472 600	6 774 982	207 196	6 982 178
Amérique centrale	1 207 000	5 860 162	7 067 162	3 903 124	109 202	4 012 326
Caraïbes	1 658 272	1 310 097	2 968 369	549 667	17 801	567 468
Afrique de l'Ouest et du Centre	9 239 853	1 970 757	11 210 610	559 451	463	559 914
Afrique de l'Est	16 018 367	2 023 593	18 041 960	15 089	13	15 102
Afrique du Nord et Moyen Orient	4 095	1 471 568	1 475 663	189 259	0	189 259
Asie	16 201 145	20 728 071	36 929 216	1 826 981	9	1 826 990
Océanie	774 680	269 705	1 044 385	1 282	0	1 282
Europe	11	440 191	440 202	393 878	73 868	467 746
Total	**55 846 553**	**44 803 614**	**100 803 614**	**14 213 713**	**408 552**	**14 622 265**

Il existe donc actuellement de nombreux types différents de bananes comestibles, qui peuvent être classés en 6 groupes principaux selon leur génotype (Daniells et al,. 2006) :

AA : principalement de petites bananes sucrées (bananes gingo, bananes miniatures)
AAA- dessert : ex Cavendish, la principale banane exportée.
AAA- à cuire : groupe spécial des bananes d'altitude d'Afrique de l'Est
AAB- dessert : populaire au Brésil et en Inde
AAB-à cuire : véritables bananes plantains populaires en Amérique Latine et en Afrique
ABB-à cuire : répandues en Asie du Sud Est.

2. Cycle biologique et physiologie

Les espèces du genre *Musa* sont des herbes géantes possédant un pseudo-tronc de hauteur variable formé par l'imbrication des gaines foliaires (figure 1). Un axe ou tige vraie, très court et souterrain, subsiste pendant toute la période végétative pré-florale. Il en émerge des rejets capables de donner par propagation végétative une nouvelle plante et d'assurer la pérennité du bananier. A maturité apparaissent successivement les premiers groupes floraux composés de fleurs femelles ou hermaphrodites pourvues d'un ovaire de grande taille, puis le groupe de fleurs mâles. Le bourgeon terminal continue à former sans interruption des fleurs mâles jusqu'au plein développement des fruits. Contrairement aux fleurs mâles qui tombent rapidement, les fleurs femelles persistent et leur ovaire se développe en baie. Dans le cas des espèces séminifères, celle-ci contient des graines et une pulpe réduite. Dans le cas des variétés parthénocarpiques, elle contient en revanche une pulpe abondante riche en amidon, qui évolue selon les variétés après que le régime ait été récolté ou que la fanaison soit complète : pour certains cultivars, l'amidon se transforme rapidement en sucres solubles, pour d'autres, il n'y a pas d'évolution (Champion, 1967).

3. Importance économique

Les bananiers et les plantains comptent parmi les plantes alimentaires les plus importantes dans le monde. Un large éventail de variétés adaptées à des zones écologiques spécifiques et sélectionnées pour leurs qualités gustatives ou culinaires est cultivé dans le monde sur environ 10 millions d'hectares pour une production annuelle de 100 millions de tonnes (Tableau 1). Les bananes constituent une nourriture de base pour environ 500 millions de personnes dans la zone inter-tropicale. Elles sont cultivées en majorité par de petits producteurs à des fins d'autoconsommation ou de commercialisation sur les marchés locaux. C'est dans la région des hauts plateaux d'Afrique de l'Est que la banane joue son rôle le plus important comme aliment de base. En Ouganda, au Burundi ou au Rwanda, par exemple, la consommation annuelle par habitant est la plus élevée au monde : elle y est estimée à plus de 200 kg (INIBAP, 2006).

Les bananes cultivées pour l'exportation concernent presque exclusivement la banane dessert et représentent environ 15% de la production mondiale. Le commerce mondial de la banane dessert est estimé à 14 millions de tonnes, pour un chiffre d'affaires à l'exportation

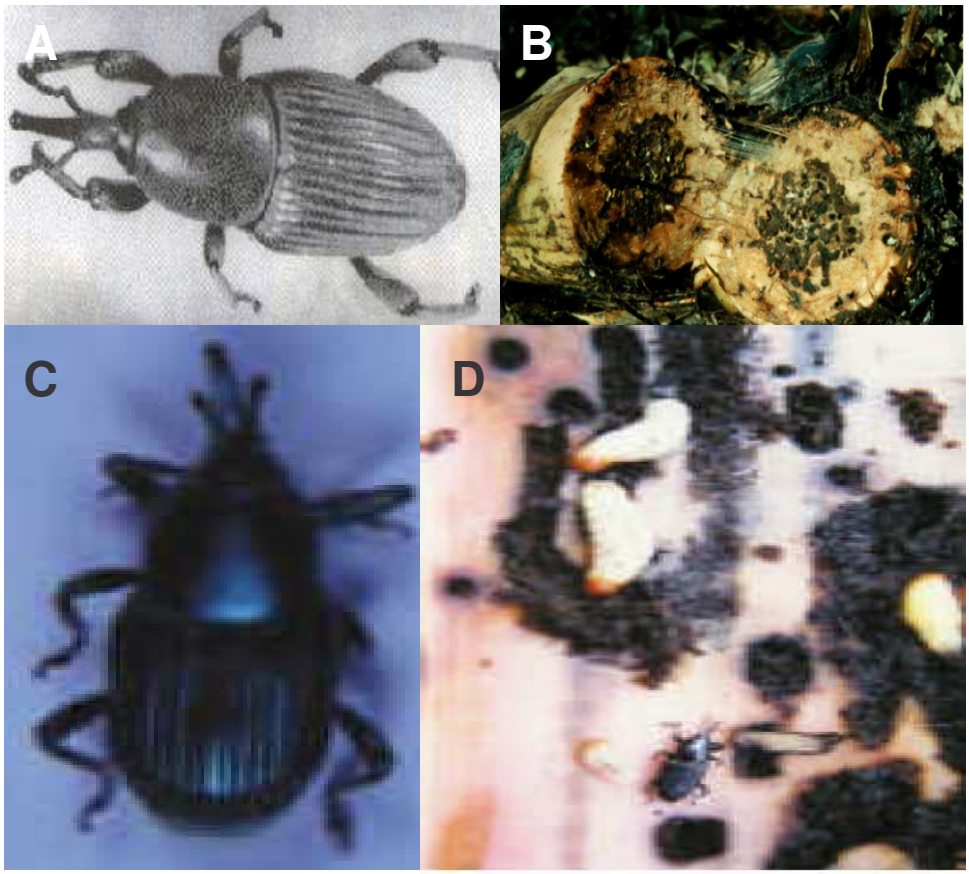

Figure 2 : Ravageurs des bananiers et plantains
Adulte de *Cosmopolites sordidus* (A) ; Galeries creusées dans le pseudo-tronc par des charançons (B) ; adulte *d'Odoiporus longicollis* (C) ; Charançons adultes et larves se nourrissant de gaine foliaire (D).

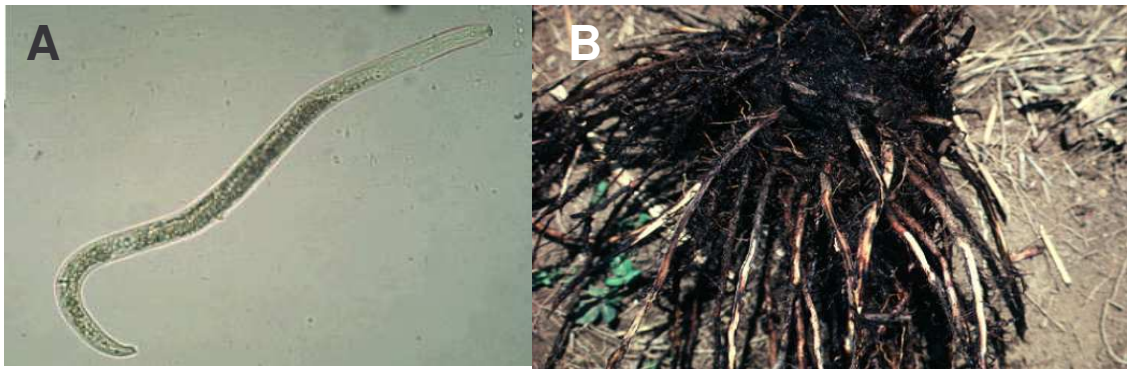

Figure 3 : Nématodes des bananiers et plantains
Adulte de *Pratylenchus coffeae* (A) et dégâts causés par les nématodes sur l'appareil racinaire (B).

de plus de 4 milliards d'euros (Loeillet, 2005). Ces exportations ont été multipliées par 3,5 au cours des quarante dernières années. En Europe comme aux Etats Unis, la banane est présente dans le trio de tête des fruits les plus consommés avec les pommes et les agrumes. Les principaux pays alimentant le marché mondial de la banane dessert sont situés en Amérique Latine, qui représente 80% des exportations mondiales. Les productions européennes (France, Espagne, Portugal) et africaines représentent pour leur part respectivement 6% et 3% de ces exportations (Loeillet, 2005). Contrairement à la plupart des productions fruitières, la production de banane dessert n'est pas segmentée. Elle repose en effet sur le seul groupe variétal Cavendish, qui fournit à lui seul 97% du marché international (Loeillet, 2005).

4. Amélioration génétique

La pression exercée par les ravageurs et les autres agents pathogènes sur la culture bananière est importante. Elle nécessite de nombreux traitements phytosanitaires, notamment nématicides et antifongiques. Leur utilisation est problématique en raison de leur fréquente toxicité, de l'émergence de résistances résultant de leur emploi systématique et non raisonné et de leur coût prohibitif pour les petites exploitations. En conséquence, plusieurs programmes d'amélioration génétique ont été initiés depuis les années 1920 afin de créer des variétés associant caractères de résistance aux maladies et ravageurs, qualités agronomiques et qualité des fruits. Les principaux programmes de création variétale sont conduits au Honduras par la *Fundacion Hondureña de Investigacion Agricola* (FHIA), au Nigeria par l'*International Institute of Tropical Agriculture* (IITA), dans les Antilles françaises par le Centre de Coopération en Recherche Agronomique pour le Développement (CIRAD) et au Cameroun par le Centre Africain de Recherche sur les Bananiers et Plantains (CARBAP). Les objectifs principaux de ces programmes sont l'obtention de variétés résistantes aux principales maladies fongiques (cercosporioses jaune et noire, fusarioses) ainsi qu'aux ravageurs (nématodes et charançons), nécessaires à l'établissement d'une culture bananière plus respectueuse de l'environnement. Les travaux du CIRAD visent également à créer de nouveaux hybrides triploïdes de type dessert afin de segmenter le marché et de diversifier l'offre faite aux consommateurs. Ces travaux de création variétale reposent sur la caractérisation, la sélection et parfois l'amélioration de parents appartenant aux espèces *M. acuminata* et *M. balbisiana*, leur utilisation dans des schémas de croisement puis la sélection des descendants.

5. Ravageurs et principales maladies bactériennes et fongiques

5.1. Ravageurs

Le principal ravageur des bananiers est le charançon *Cosmopolites sordidus* (Coléoptère : *Curculionidae*). Il se nourrit des racines existantes, limite donc le prélèvement de nutriments, réduit l'initiation racinaire, fragilise considérablement les bananiers en creusant des galeries dans le bulbe et provoque de fortes diminutions de rendement (diminution du poids des régimes, mort des plantes) (Gold et Messiaen, 2000 ; voir figure 2A et 2B). Le charançon du

Figure 4 : Maladie de Moko
Symptôme de rougissement du système vasculaire (A) ; symptômes foliaires (B).

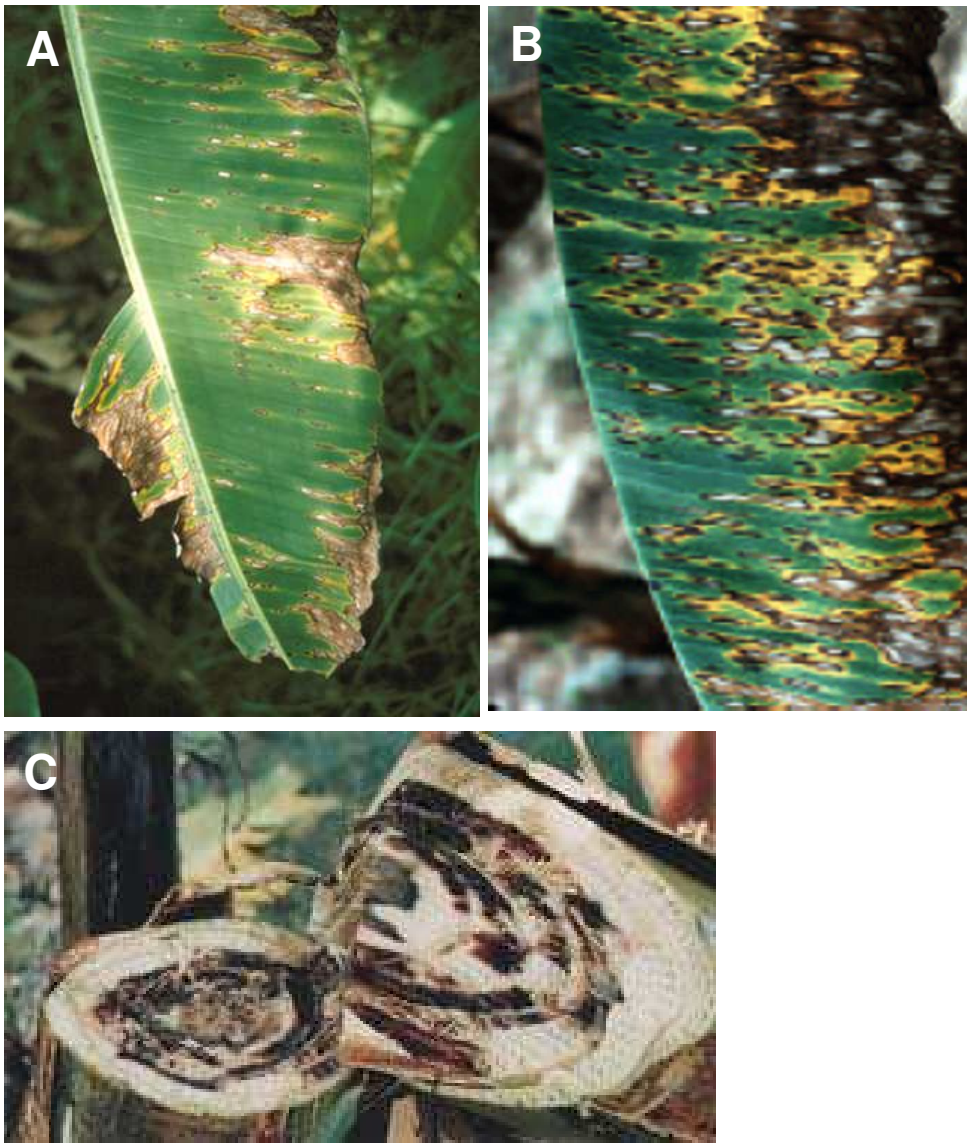

Figure 5 : Maladies fongiques des bananiers et plantains.
Symptômes caractéristiques de cercosporiose jaune (A) et noire (B) sur feuille de bananier. Lésions du système vasculaire associées à la maladie de Panama (C).

pseudo-tronc *Odoiporus longicollis* (Coléoptère : *Curculionidae*) creuse pour sa part des galeries dans le pseudo-tronc et perturbe le transfert d'eau et des nutriments, entraînant un retard de croissance et de développement ainsi qu'une augmentation des risques de chute des plantes exposées au vent (Padmanaban et Sathiamoorthy, 2001) (voir figure 2C et 2D).
Les nématodes provoquent également des dégâts considérables sur bananiers. *Pratylenchus coffeae* et *P. goodeyi* se développent dans les cellules du cortex racinaire, occasionnant des nécroses et réduisant ainsi l'appareil racinaire. Cette réduction entraîne une diminution du poids des régimes ainsi qu'une augmentation des risques de déchaussement des pieds (Jones, 2000). Les nématodes à galles *Meloidogyne incognita* et *M. javanica* sont également responsables d'attaques sur bananiers (Jones, 2000) (voir figure 3).
Le contrôle des ravageurs des bananiers repose principalement sur l'emploi de pesticides tels les organophosphorés contre les charançons et les carbamates contre les nématodes. Toutefois, la grande toxicité de ces produits a conduit à l'interdiction de beaucoup d'entre eux dans plusieurs pays, notamment dans les pays de l'Union Européenne. Des méthodes alternatives de lutte ont été développées : rotations culturales et jachères assainissantes, lutte biologique (utilisation de nématodes ou champignons entomopathogènes pour la lutte contre *C. sordidus* par exemple). Enfin, le criblage de ressources génétiques a permis d'identifier des sources de résistance naturelle qui pourraient être utilisées dans des schémas d'amélioration génétique (Padmanaban et Sathiamoorthy, 2001 ; Gold et Messiaen, 2000).

5.2.Maladies bactériennes

La maladie de Moko, provoquée par *Ralstonia solanacearum*, est caractérisée par des chloroses et éventuellement des nécroses foliaires, et par l'arrêt du développement des fruits (figure 4). Le développement systémique de la bactérie ne permet pas de détruire l'agent pathogène sans tuer la plante. Aussi, dans les zones affectées par cette maladie, le seul moyen de contrôle efficace consiste à éradiquer les plantes atteintes afin de limiter le dispersion de la bactérie vers d'autres parcelles. *Pseudomonas solanacearum*, *Erwinia carotovora ssp*. *Carotovora* ou encore *Erwinia chysanthemi pv. paradisaca* ont également le bananier comme hôte et sont responsables de dégâts parfois sérieux (Jones, 2000).

5.3. Maladies fongiques

La cercosporiose noire (ou maladie des raies noires, MRN) et la cercosporiose jaune sont les maladies d'origine cryptogamique les plus préoccupantes pour les bananiers et plantains. Elles sont provoquées respectivement par *Mycosphaerella fijensis* et *M. musicola,* et sont présentes dans la majorité des zones de production, à l'exception notable de certaines îles de l'arc antillais, dont la Martinique et la Guadeloupe qui sont à ce jour indemnes de MRN. Les premiers symptômes foliaires (tirets marron foncé sur la face inférieure des feuilles pour la MRN, tirets jaune clair sur la face supérieure pour la cercosporiose jaune) sont suivis de l'apparition de nécroses capables de détruire de grandes surfaces foliaires et de provoquer des baisses considérables de rendement (voir figure 5A et 5B). La lutte chimique représente le principal moyen de lutte face à ces deux champignons.

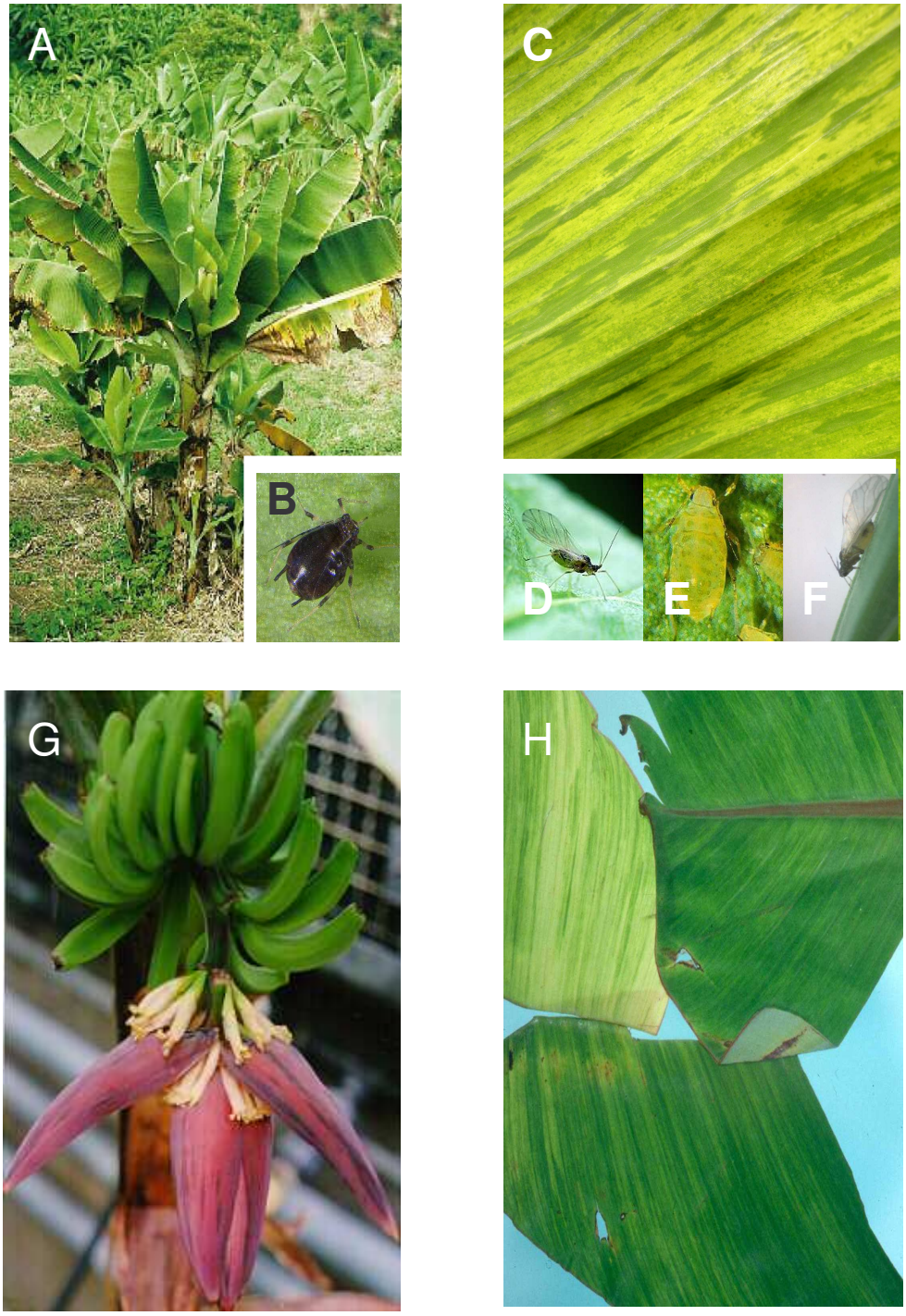

Figure 6 : Symptômes et vecteurs de maladies virales des bananiers et plantains.
Port buisssonnant caractéristique d'un bananier infecté par le BBTV (A) et puceron vecteur du BBTV, *P. Nigronervosa* (B) ; symptômes foliaires de mosaïque en plage caractéristiques d'une infection par le CMV (C) et pucerons vecteurs du CMV, *M. persicae* (D), *A. gossypii* (E) et *R. padi* (F) ; symptômes de mosaïque sur bractée caractéristiques d'une infection par le BBrMV (G) ; symptômes de mosaïque foliaire atténuée caractéristique d'une infection par le BanMMV sur une variété sensible (H ; ici cv Ducasse).

Cependant, l'émergence de résistances, comme celle aux strobilurines observée ces dernières années, a incité certains producteurs à alterner les applications de pesticides et d'huiles minérales et à mettre en place des pratiques culturales telles que l'élimination des feuilles atteintes. La lutte génétique semble être toutefois la meilleure solution en terme de durabilité et l'objectif principal des programmes de création variétale est l'obtention de variétés hybrides résistantes à *M. fijiensis* (Jones, 2000 ; Mourichon et al., 1997). Certaines équipes tentent également d'obtenir des variétés transgéniques résistantes, sans grand succès à ce jour.

La maladie de Panama, causée par *Fusarium oxysporum f. sp cubense*, est caractérisée par une colonisation du système vasculaire débutant au niveau des poils absorbants et s'étendant aux racines principales voire au pseudo-tronc. Le développement du champignon provoque une chlorose généralisée des feuilles et la mort de la plante (voir figure 5C et 5D). L'emploi de plants certifiés sains ainsi que la mise en quarantaine des parcelles contaminées permettent une lutte efficace contre ce champignon (Jones, 2000 ; Moore et al., 1995) .

Les fruits peuvent aussi être la cible d'attaques de champignons phytopathogènes. Ces champignons, tels *Colletotrichum musae* et *Deightoniella torulosa,* peuvent se développer avant ou après la récolte. Les dégâts occasionnés rendent les fruits difficilement commercialisables (Jones, 2000).

6. Maladies virales

A ce jour, six virus infectant bananiers et plantains ont été décrits et caractérisés. Tous constituent des contraintes importantes pour la multiplication et le mouvement de matériel végétal. Comme pour la plupart des infections virales, il n'existe aucun traitement curatif et les stratégies de contrôle sont donc basées essentiellement sur l'éradication des plantes malades et l'utilisation de matériel végétal certifié sain.

Le virus le plus dommageable économiquement est le *Banana bunchy top virus* (BBTV), qui appartient à la famille des *Nanoviridae*. Présent dans de nombreuses zones de production d'Afrique, d'Asie et du Pacifique, il y est devenu le principal facteur limitant de production. Sa transmission sur le mode non persistant par son vecteur naturel, le puceron *Pentalonia nigronervosa* (figure 6B), et par voie végétative est extrêmement efficace. Il est responsable de symptômes caractéristiques d'émergence de bouquets de feuilles courtes et étroites à partir du sommet du pseudo-tronc donnant aux plantes infectées un port buissonnant (figure 6A). A un stade avancé de la maladie, le bord du limbe se recourbe, la feuille jaunit puis se dessèche et la plante meurt (Jones, 2000).

La mosaïque du bananier est causée par le *Cucumber mosaic virus* (CMV), le virus de plante possédant la plus large gamme d'hôtes (environ 1100) et membre type du genre cucumovirus de la famille des *Bromiviridae*. Le CMV est présent dans la majeure partie des zones de culture du bananier ainsi que sur de nombreuses plantes herbacées adventives servant d'hôtes intermédiaires. Il est transmis sur le mode non persistant par un grand nombre d'espèces de pucerons dont *Myzus persicae* (figure 6C), *Aphis gossypii* (figure 6D) et *Ropalospihum padi* (figure 6E). Les symptômes foliaires observés sur bananier varient selon la souche virale et vont d'une mosaïque diffuse à des nécroses importantes pouvant affecter les tissus internes du pseudo-tronc (Jones, 2000 ; figure 6C).

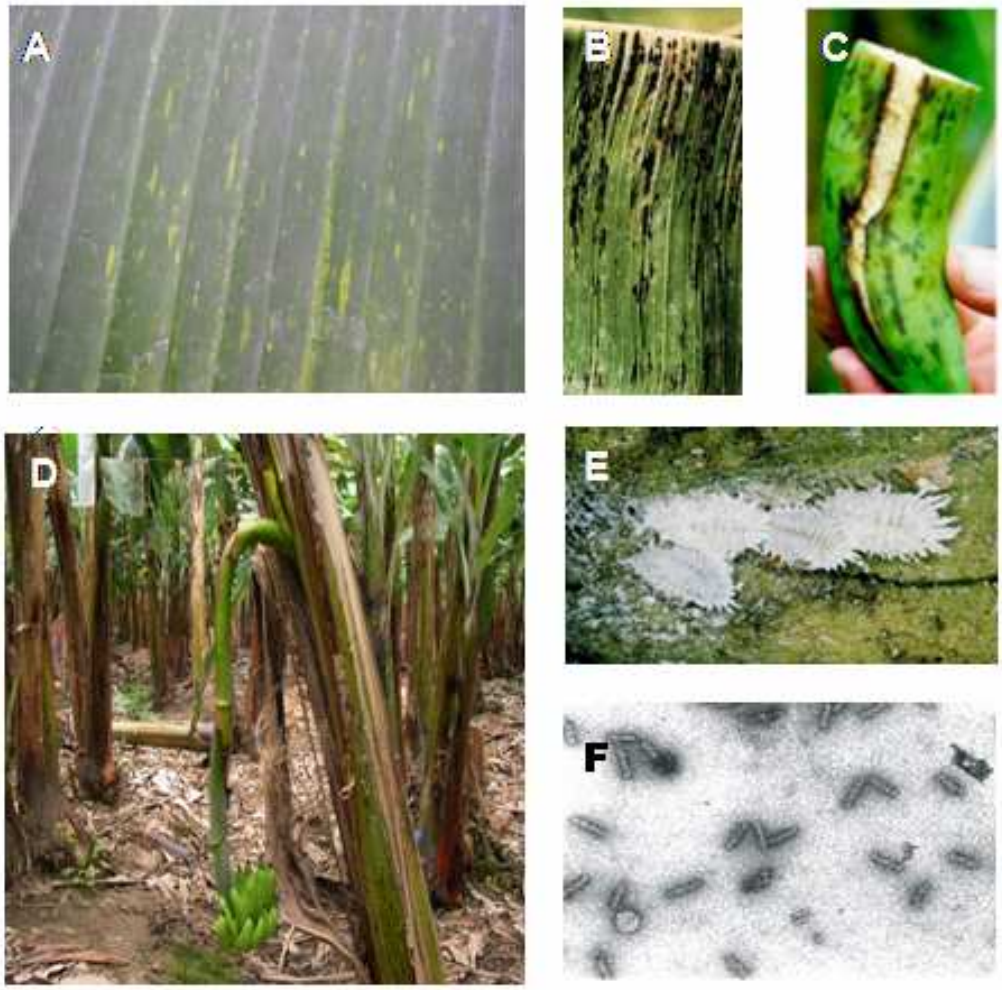

Figure 7 : Symptômes, vecteurs et particules virales de BSV.
Symptômes foliaires de tirets chlorotiques (A) ou nécrotiques (B) ; symptômes d'éclatement de l'épiderme d'un fruit (C) et d'émergence anormale d'un régime en milieu de pseudotronc (D) ; cochenilles vectrices de BSV, *P. citri* (E) ; particules virales de BSV observées en microscopie électronique (F).

Le virus de la mosaïque des bractées (*Banana bract mosaic virus*, BBrMV) est présent en Asie du Sud Est (Philippines, Inde, Sri Lanka, Vietnam) et dans le Pacifique. Il appartient à la plus grande famille de virus de plantes, les *Potyviridae*, et est transmis sur le mode non persistant par plusieurs espèces de pucerons dont *A. gossypii* (figure 6D), *P. nigronervosa* (figure 6B) et *R. maidis*. Le BBrMV provoque des symptômes typiques de mosaïque sur les bractées (figure 6G) et des symptômes très discrets de tirets sur le pseudo tronc des plantes infectées. Son impact économique est mal connu mais pourrait être important (Jones, 2000).
Le virus de la mosaïque atténuée du bananier (*Banana mild mosaic virus*, BanMMV) appartient pour sa part à la famille des *Flexiviridae*. Il provoque de légères mosaïques en infection simple sur les variétés les plus sensibles (Gambley et Thomas, 2001 ; figure 6H) mais aucun symptôme sur la plupart des autres variétés. Il est transmis par voie végétative et également de plante à plante (Teycheney et al., 2005b), sans qu'aucun vecteur n'ait à ce jour été identifié.
Deux autres virus ont également été décrits sur bananiers et plantains : le virus de la maladie en tirets (*Banana streak virus*, BSV) et le virus X du bananier (*Banana virus X*, BVX). Ces deux virus ont fait l'objet de mon travail de stage.

7. Les virus associés à la maladie en tirets du bananier (banana streak disease, BSD)

7.1. Historique

La mosaïque en tirets du bananier a été observée pour la première fois en Côte d'Ivoire dans la vallée Nieky en 1958 (Jones, 2000). A la suite d'une forte épidémie en 1964 dans cette même zone, les symptômes de la maladie ont été décrits par Yot-Dauthy et Bové (1966). Puis les effets de la mosaïque en tirets ont été décrits sur le cultivar Poyo (groupe AAA, sous-groupe Cavendish) par Lassoudière (1974), qui a rapporté que les symptômes n'étaient pas présents sur toutes les feuilles ni tout au long de l'année. Des pertes de rendement ont été corrélées à la sévérité des symptômes, les plantes présentant des infections sévères produisant peu ou pas de fruits exportables. La mosaïque en tirets a depuis été observée sur de nombreux cultivars dans 43 pays d'Afrique, d'Asie, d'Europe, d'Océanie et d'Amérique du Sud (Dahal et al, 2000). A la suite de l'observation de symptômes dans le sud du Maroc, le virus responsable de la maladie a été identifié et son rôle dans l'étiologie confirmé (Lockhart, 1986).

7.2 Symptômes

L'intensité des symptômes varie selon l'espèce virale, la sensibilité variétale de l'hôte et les conditions environnementales. Elle peut aller d'une absence totale de symptôme à la présence sur le limbe des feuilles de légères tâches chlorotiques ou de points nécrotiques. Cependant, les symptômes foliaires les plus courants sont des tirets étroits, discontinus ou parfois continus, chlorotiques ou jaunes qui progressent de la nervure centrale vers les bords de la feuille (figure 7A). Ces tirets peuvent devenir nécrotiques au niveau des nervures centrales ou des pétioles (figure 7B), notamment en cas de co-infection avec le CMV. Ces symptômes foliaires apparaissent de façon sporadique au cours de l'année. A des feuilles exprimant des symptômes peuvent succéder des feuilles en présentant peu ou pas.

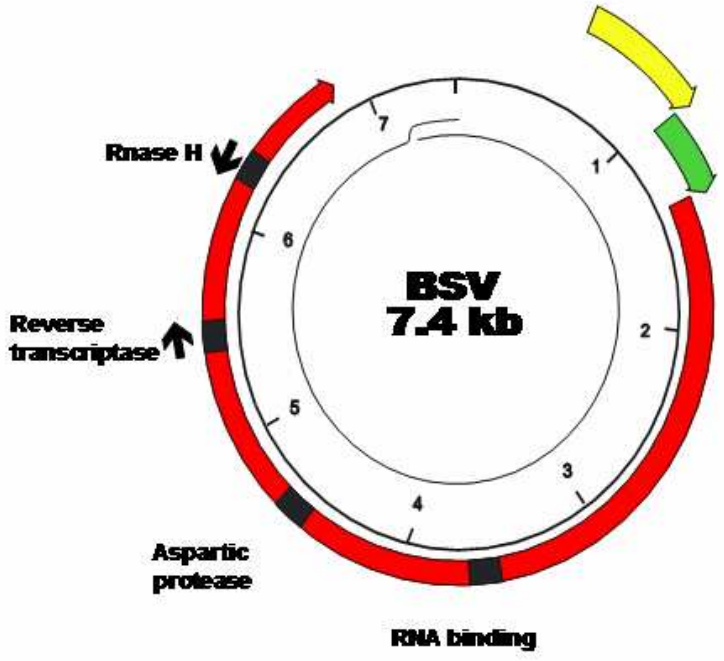

Figure 8 : Organisation génétique du BSV.
Les cadres ouverts de lecture sont représentés à l'aide de couleurs différentes (ORF1 : jaune, ORF2 : vert, ORF3 : rouge). Certains domaines catalytiques de l'ORF3 sont indiqués. La position des amorces utilisées pour les indexations est indiquée par des flèches de couleur.

Tableau 2 : Séquences nucléotidiques des amorces utilisées pour la détection du BSV par M-IC-PCR

Cible	Amorce	Séquence (5'->3')	Taille du produit PCR (pb)
BSOlV	RD-F1	ATCTGAAGGTGTGTTGATCAATGC	522
	RD-R1	GCTCACTCCGCATCTTATCAGTC	
BSGfV	GF-F1	ACGAACTATCACGACTTGTTCAAGC	476
	GF-R1	TCGGTGGAATAGTCCTGAGTCTTC	
BSMysV	Mys-F1	TAAAAGCACAGCTCAGAACAAACC	589
	Mys-R1	CTCCGTGATTTCTTCGTGGTC	
BSImV	Im-F1	TGCCAACGAATACTACATCAAC	383
	Im-R1	CACCCAGACTTTTCTTTCTAGC	
Badnavirus	BadnaFP2	ATGCCITTYGGIAARAAYGCICC	580
	BadnaRP	CCAYTTRCAIACISCICCCCAICC	
STMS	AGMI 025	TTAAAGGTGGGTTAGCATTAGG	248
	AGMI 026	TTTGATGTCACAATGGTGTTCC	

Il est rare que toutes les feuilles d'une plante infectée présentent des symptômes. La périodicité et la sévérité des symptômes sont fortement liées aux conditions environnementales, notamment aux différences de température (Dahal et al., 1998). L'expression de symptômes foliaires est ainsi plus régulière et sévère dans les zones d'altitude où l'amplitude thermique est importante.
D'autres symptômes tels que des tirets sur le pseudo-tronc ou des feuilles étroites et fines peuvent être associés au BSD. Des éclatements et des nécroses internes du pseudo-tronc, des régimes de taille réduite avec déformations et éclatement des fruits (figure 7C) ou encore une émergence du régime aberrante (figure 7D) peuvent également être observées en cas d'infection sévère (Jones, 2000).

7.3. Biologie, taxonomie et organisation génétique

Le *banana streak disease* est le nom donné à une maladie causée par un ensemble de pararetrovirus du genre badnavirus appartenant à la famille des *Caulimoviridae*, les *Banana streak viruses* (BSV ; Fauquet et al., 2005). Comme tous les badnavirus, les BSV ont une capside non enveloppée de type bacilliforme d'environ 30x130nm (Figure 7F). Leur gamme d'hôtes se limite exclusivement à des espèces du genre *Musa*. Leur génome est composé d'une molécule d'ADN double brin (dsDNA) circulaire de 7,5 kbp environ comportant 3 cadres ouverts de lecture codant les protéines virales (figure 8). Le génome des espèces virales Obino l'Ewaï (BSOLV), Goldfinger (BSGFV), Mysore (BSMysV), Imové (BSImV) et Acuminata Vietnam (BSAcVnV) a été entièrement séquencé (Harper et al., 1998; Geering et al., 2005a; Geering, comm. pers.; Caruana, comm. pers.). Ces séquences complètes ont permis de mettre en évidence une grande diversité moléculaire entre les espèces BSV. Celle-ci a été confirmée par le séquençage partiel du génome d'espèces de BSV présentes en Ouganda (Harper et al., 2005).
Le génome du BSV est constitué d'une molécule d'ADN double brin d'environ 7.5 kpb (figure 8). Celle-ci porte 3 cadres ouverts de lecture (ORF). Les ORF1 et 2 codent chacun une protéine de fonction inconnue, tandis que l'ORF3 code une polyprotéine portant des domaines fonctionnels correspondant à des fonctions protéine de mouvement, protéase, reverse transcriptase, ribonucléase H ainsi qu'à la protéine de capside.

7.4. Transmission

7.4.1. Transmission horizontale

Les virus associés au BSD sont naturellement transmis sur le mode semi-persistant par *Planococcus citri* et *Sacchariococcus sacchari*, deux espèces de cochenilles colonisant le bananier (Jones, 2000) (figure 7E). Des taux de transmission supérieurs à 90% ont pu être obtenus expérimentalement. Des essais de transmission mécanique ont échoué, même sur de jeunes plants issus de culture *in vitro*. Ceci est sans doute lié à la présence en quantités élevées dans les feuilles de bananiers de composés phénoliques, de latex et d'autres substances réputées inhibitrices de l'inoculation mécanique. La diffusion du BSD par des outils contaminés, lors de la taille ou de toute autre pratique culturale, apparaît donc très peu probable (Jones, 2000).

7.4.2. Transmission verticale

Outre une voie horizontale faisant intervenir la plupart du temps un vecteur, la transmission des virus de plantes peut se faire par voie verticale, végétative ou sexuée. C'est le cas du BSV, qui peut être transmis par voie végétative (mais pas par voie sexuée). En outre, dans le cas de certains *Pararetrovirus* de plantes, un mode de transmission original a récemment été mis en évidence : la transmission verticale à partir de séquences virales intégrées dans le génome des plantes hôtes, appelées pararetrovirus endogènes (*endogenous pararetroviruses*, EPRV ; voir Iskra-Caruana et al., 2003). En effet, l'étude des génomes végétaux a permis de mettre en évidence la présence de séquences virales, notamment de séquences de pararetrovirus, dans le génome de nombreuses plantes cultivées (Jakowitsch et al., 1999; Lockhart et al., 2000; Mao et al., 2000; Budiman et al., 2000; Richert-Pöggeler et al., 2003; Gregor et al., 2004; Kunii et al., 2004; Hansen et al., 2005). L'intégration de ces séquences n'est pas une étape nécessaire dans le cycle de réplication des pararetrovirus, contrairement à la situation rencontrée chez les retrovirus animaux. L'ADN génomique de certains pararetrovirus s'est donc probablement intégré dans le génome de son ou ses hôte(s) à la suite d'évènements de recombinaison illégitime intervenus au cours de la réplication virale (Ndowora et al, 1999). Toutefois, certains de ces EPRV, dits pathogènes, peuvent être activés par des stress biotiques ou abiotiques et générer des particules virales infectieuses (Teycheney et Caruana, 2002 ; Iskra Caruana et al., 2003 ; Richert Poeggeler et al., 2003).

Dans le cas du BSV, deux types de séquences endogènes ont été mises en évidence dans le génome des bananiers:

- des séquences partielles de type badnavirus présentes indistinctement chez *M. acuminata* et *M. balbisiana*, ainsi que chez d'autres espèces de *Musa* (Geering et al, 2005b). Ces séquences, tronquées et non fonctionnelles, sont incapables de générer des particules virales,
- des séquences de type EPRV pathogènes susceptibles quant à elles de générer des particules virales. Ces séquences, fortement réarrangées, comportent en effet la totalité du génome viral. Elles sont présentes exclusivement dans le génome de *M. balbisiana*. De fait, l'analyse du génome de *M. balbisiana* cv Pisang Klutuk Wulung (PKW) a révélé la présence d'EPRV potentiellement pathogènes correspondant à au moins 4 espèces virales distinctes : BSOLV, BSGFV, BSMysV et BSImV (Harper et al, 1999a ; Ndowora et al, 1999 ; Piffanelli et al., 2005).

Les mécanismes permettant l'expression de génome viraux à partir d'EPRV pathogènes ne sont pas élucidés. Cependant, des modèles ont été proposés pour expliquer cette expression soit par circularisation du génome viral à partir d'EPRV, consécutive à plusieurs évènements de recombinaison (Harper et al., 1999a) soit par un évènement de recombinaison suivi de la transcription de la séquence virale puis de la transcription inverse du transcrit, générant une copie infectieuse du génome viral (Ndowora et al, 1999).

8. Le virus X du bananier (BVX)

8.1. Historique

Une étude de la diversité moléculaire d'isolats de *Banana Mild Mosaic Virus* (BanMMV) en Guadeloupe (Teycheney et al., 2005b) a permis l'identification d'une courte séquence nucléotidique appartenant à une nouvelle espèce virale. Une partie du génome viral correspondant a été clonée et séquencée. L'analyse de la séquence nucléotidique a montré qu'elle appartient à la famille des *Flexiviridae*, pour laquelle le nom de *Banana virus X* (BVX) a été proposé (Teycheney et al., 2005a).

8.2 Symptômes

Les plantes infectées par le BVX ne présentent aucun symptôme particulier. Il n'y a donc pour le moment aucune évidence que ce virus provoque des symptômes visibles sur les espèces *Musa* (Teycheney et al, 2005a).

8.3 Biologie, taxonomie et organisation génétique

Le BVX n'a pour le moment été détecté qu'en Guadeloupe dans des échantillons foliaires de bananiers et de plantains. Des essais de transmission mécanique à différents hôtes herbacés (*Brassica napus*, *Lactuca sativa* cv Trocadéro, *Chenopodium quinoa*, *C. foetidum*, *C. album*, *C. murale*, *Vigna sinensis*, *Nicotiana benthamiana* et *N. tabacum* cv xanthi) se sont avérés infructueux (Teycheney et al, 2005a).

Une partie du génome du BVX, constitué d'une molécule d'ARN de polarité positive, a été séquencée. Ce génome porte 5 cadres ouverts de lecture (figure 9). Des fonctions ont été attribuées aux protéines correspondantes sur la base de comparaisons avec des séquences équivalentes disponibles dans les banques de données : l'ORF1 code une polyprotéine portant un domaine ARN polymérase ARN dépendante (RdRp) nécessaire à la réplication du génome viral ; les ORF 2, 3 et 4, organisés en *triple gene block*, codent des protéines impliquées dans le mouvement des particules virales ; l'ORF5 code la protéine de capside. Ces comparaisons de séquence n'ont pas permis de rapprocher le BVX d'aucun autre membre de la famille *Flexiviridae*. Il semble donc que le BVX définisse un nouveau genre viral au sein de cette famille.

8.4. Transmission

A ce jour, il n'existe aucune donnée sur le mode de transmission du BVX.

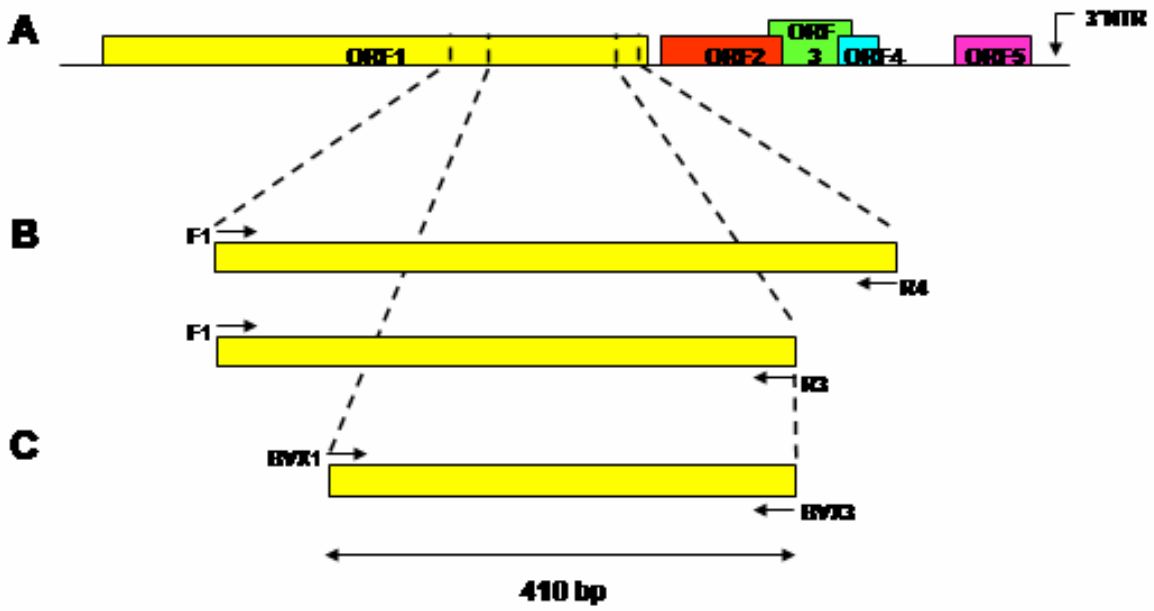

Figure 9 : organisation génétique du BVX.
Les cadres ouverts de lecture sont représentés à l'aide de couleurs différentes (A). La position des amorces utilisées et les produits d'amplification obtenus après RT-PCR (B) puis nested PCR (C) sont montrés.

Tableau 3 : Séquence nucléotidique des amorces utilisées pour l'indexation BVX par IC-RT-nested PCR et DB-RT-nested PCR.

Cible	Amorce	Séquence (5'-3')	Taille produit de PCR (pb)
BanMMV & BVX (RT-PCR)	PDO-F1i[a]	TiTTYATKAARWSiCARYWiTGiAC	
	PDO-R3i[a]	GCRCACATRTCRTCiCCiGCRAAiiA	
	PDO-R4i[a]	ARiYiCCATCCRCARAAMiTiGG	
BanMMV (nested PCR)	PDO-F2i[a]	GCYAARGCiGGiCARACiYTKGCiTG	362
	PDO-R1i[a]	TCHCCWGTRAAiCKSATiAiiGC	
BVX (nested PCR)	BVX3	CCATTCAATTTGTACCTCAAAA	410
	BVX1	GCCAAACTCTCGCTTGTTTC	

[a] : publiées par Foissac et al. (2005)
Codes de degeneration des bases: N (A, T, G, ou C); B (T, G, ou C); D (A, T, ou G); H (A, T, ou C); Y (C ou T); R (A ou G); S (G ou C); W (A ou T); K (G ou T); M (C ou A); i (inosine)

Matériel et méthodes

1. Plantes

Les échantillons foliaires utilisés pour ce travail ont été prélevés aléatoirement dans différentes zones de production bananière de Guadeloupe et conservés à –80°C avant leur analyse. Le génotype des plantes échantillonnées, la présence de cochenilles sur leurs feuilles ou leur pseudo-tronc et la présence éventuelle de symptômes liés au BSD ont été notés (voir tableau joint en annexe).

La position géographique des lieux d'échantillonnage a été déterminée avec un marge d'erreur moyenne de 15 mètres, au moyen d'un système GPS portable (E Trex Vista Garmin, Kansas City, Etats Unis). L'altitude des lieux d'échantillonnage a pour sa part été déterminée à partir des valeurs de longitude et latitude, à l'aide des cartes IGN au 1 :25000 couvrant l'ensemble de la Guadeloupe et du logiciel Antilles Carto Explorer 3 version 3.01 (Bayo, Auxerre, France).

2. Détection du BSV par multiplex-immunocapture-PCR (M-IC-PCR)

Pour la détection du BSV, 0,5g de feuille ont été broyés dans 5 mL de tampon de broyage (2% polyvinylpyrrolidone 40, 0,2% sodium sulfite et 0,2% serumalbumine bovine) préparé dans du PBS Tween (136mM NaCl, 1,4mM Kh_2PO_4 , 2,6mM KCl, 8mM Na_2HPO_4, 0,05% Tween-20, pH 7,4]), dans des sachets de broyage en plastique (Biorad Phytodiagnostics, Marnes-la-Coquette, France). Un mL d'extrait de plante a ensuite été transféré dans des microtubes et clarifié par centrifugation pendant 2 minutes à 21000 rpm à température ambiante. Des microtubes ou des microplaques de 96 puits en polypropylène ont été coatés durant une nuit à 4°C à l'aide de 25µl d'IgG purifiées à partir d'un antiserum anti-BSV polyclonal (Ndowora et al, 1998) et diluées à 2µg/mL dans un tampon carbonate (15mM de sodium carbonate, 34mM sodium bicarbonate, pH 9,6), puis lavés trois fois avec une solution de PBS Tween. Les particules virales présentes dans les échantillons infectés ont été piégées par immunocapture. Pour cela, 25µL d'extrait clarifié de plantes ont été incubés pendant 3 heures à température ambiante dans des microtubes ou des puits coatés. Après 4 lavages avec 100µL de PBS Tween et un lavage avec 100µL d'eau stérile, une PCR a été réalisée à l'aide d'amorces espèces spécifiques (voir tableau 2), afin d'amplifier la partie du génome viral encapsidé correspondant aux domaines RT/Rnase H de la polyprotéine codée par l'ORF3 (voir figure 8). Des amorces microsatellites spécifiques des génomes *Musa* (Lagoda et al, 1998) ont également été utilisées dans cette réaction de PCR (voir tableau 2), afin de détecter d'éventuelles contaminations par de l'ADN génomique de *M. balbisiana*, qui héberge des séquences EPRV susceptibles d'être amplifiées par les amorces espèce spécifiques BSV et de fausser le diagnostic (Le Provost et al., 2006). Le mélange réactionnel de PCR de 25µL contient 20mM Tris HCl (pH 8,4), 50mM KCl, 100mM de chaque dNTP, 1,5mM $MgCl_2$, 10pmol de chaque amorce et 1U de *Taq* DNA polymérase (Eurogentec, Seraing, Belgique). Les conditions d'amplification par PCR sont : une étape de dénaturation initiale de 94°C pendant 3min, puis 35 cycles (94°C pendant 30sec, 58°C pendant 30sec, 72°C pendant 1min) suivis d'une étape d'élongation finale de 5min à 72°C. 12µL de produits d'amplification ont ensuite été analysés par électrophorèse en gel d'agarose à 1,5% dans

0,5x TBE (45mM Tris-borate, 1mM, 1mM EDTA, pH 8,0) et visualisation sous lumière UV après coloration au bromure d'ethidium.

3. Détection du BVX par reverse transcription nested PCR utilisant des amorces polyvalentes dégénérées (PDO-RT-nested PCR)

Un test de détection du BVX par PDO RT-nested PCR à partir d'ARN total de plantes a été mis au point (Teycheney et al., manuscrit en préparation). Les amorces dégénérées PDO-F1i, PDO-R3i et PDO-R4i ciblant les domaines conservés I, VI et VII de l'ARN polymérase ARN dépendante (RdRp) codée par l'ORF1 des *Flexiviridae* et décrites par Foissac et al. (2005) ont été utilisées pour l'étape de RT-PCR, selon le protocole décrit par ces auteurs (figure 9B).

Deux amorces spécifiques du BVX, BVX1 et BVX3, ciblant les domaines II et VI de la RdRp codée par l'ORF1 du BVX ont été dessinées à partir de la séquence partielle de l'ARN génomique de ce virus (Teycheney et al., 2005a) et utilisées pour la réaction de nested PCR (figure 9C). Le mélange réactionnel contient 1µL du milieu réactionnel de PDO-RT-PCR dans 10mM Tris-HCl [pH 8,8], 50mM KCl, 0,19% TritonX-100, 4mM MgCl2, 200µM de chaque dNTP, 1µM de chaque amorce et 1 unité de *Taq* polymerase. Les conditions d'amplification PCR sont : une étape de dénaturation initiale de 3 min à 94°C, puis 30 cycles (95°C pendant 30s, 53°C pendant 30s et 72°C pendant 30s) suivis d'une phase d'élongation finale de 5min à 72°C. 12µL de produits d'amplification ont été analysés par électrophorèse en gel d'agarose comme décrit plus haut.

Afin d'éliminer l'étape de purification des ARN totaux, qui est longue et fastidieuse, des essais d'optimisation du protocole de détection ont été réalisées. Pour cela, les particules de BVX ont été piégées sur la paroi de microtubes ou de microplaques 96 puits par immunocapture ou par fixation directe, préalablement à la réaction de PDO-RT-nested PCR.

3.1. IC-PDO-RT-nested PCR

L'immunocapture a été réalisée à l'aide d'un antiserum polyclonal de lapin dirigé contre des particules purifiées de BanMMV. Ce sérum permet le piégeage de particules virales de BVX (Teycheney et al. 2005a), avec une efficacité qui n'a pas été déterminée. Des plaques de 96 puits stériles en polypropylène et garanties RNAse-free (Starlab, Paris, France) ont été coatées pendant 4h à 37°C ou toute une nuit à 4°C avec 50µL d'IgG purifiées à partir de cet antiserum anti-BanMMV et diluées à 1µg/mL dans le tampon coating décrit plus haut. Les puits ou les tubes ont ensuite été lavés trois fois avec 100µL de PBS Tween et une fois avec 100 µL d'eau distillée stérile RNAse-free, puis séchés. Les plaques coatées ont été utilisées directement ou stockées à –20°C pour une utilisation ultérieure.

Des extraits de plantes ont été préparés en broyant dans des sachets plastiques de broyage (Biorad Phytodiagnostics, Marnes-la-Coquette, France) 0,5g de feuilles dans 5mL de tampon de broyage (2% polyvinylpyrrolidone 40, 20mM d'acide diethyldithiocarbamique) préparé dans du PBS Tween. Les extraits ont été clarifiés comme décrit plus haut puis 50µL d'extraits clarifiés ont été déposés dans les plaques ou les tubes coatés, et incubés à 4°C durant une nuit. Les plaques ou les tubes ont ensuite été lavés quatre fois avec 100µL de PBS Tween et une fois avec 100µL d'eau distillée stérile RNAse-free puis séchés

brièvement. Les particules virales ont alors été dénaturées par la chaleur avant de réaliser la RT-PCR. Pour cela, 15µL d'eau stérile RNAse-free (Sigma, St Quentin Fallavier, France) ont été ajoutés à chaque puits ou tube, incubés pendant 2min à 95°C dans un thermocycleur (Hybaid, Royaume-Uni) puis placés immédiatement dans la glace pendant 1-2min.

3.2. DB-PDO-RT-nested PCR (direct binding polyvalent degenerate oligonucleotides reverse transcription nested PCR)

Pour la DB-PDO-RT-nested PCR, 50µL des extraits de plantes préparés pour l'IC-PDO-RT-nested PCR ont été déposé dans des plaques ou microtubes non coatés et incubés à 4°C pendant une nuit. Les lavages, réactions de PDO-RT-nested PCR et l'analyse des produits de nested PCR par électrophorèse en gel d'agarose ont été réalisés comme décrit précédemment.

4. Analyse des séquences nucléotidiques

Une sélection de produits d'amplification obtenus par PCR a été clonée dans le plasmide pGEM-T (Promega, Madison, USA). Ce plasmide possède un gène codant la β-lactamase conférant aux bactéries qui l'hébergent une résistance à l'ampicilline, ainsi qu'un gène codant la β-galactosidase utilisé pour sélectionner par α-complémentation les plasmides recombinants (figure 10). Une partie des mélanges réactionnels de ligation a été utilisée pour transformer des bactéries compétentes JM101, à l'aide d'un électroporateur Micropulser (BioRad, Marnes la Coquette, France). L'ADN plasmidique a été extrait par lyse alcaline (Sambrook et Russell, 2001) à partir de clones bactériens recombinants préalablement sélectionnés par PCR. En moyenne, les inserts de trois clones cDNA recombinants distincts ont été séquencés pour chaque produit de PCR. Le séquençage a été réalisé par Genome Express (Meylan, France). Chaque séquence a été vérifiée individuellement en utilisant l'electrophorégamme original. L'alignement des séquences et les reconstructions phylogéniques ont été réalisés en utilisant le programme CLUSTALX (Thompson et al, 1997). Les taux de diversité et les distances génétiques (distances p calculées selon l'identité des acides aminés ou des nucléotides) ont été calculés en utilisant le programme Mega 2 (Kumar et al, 2001).

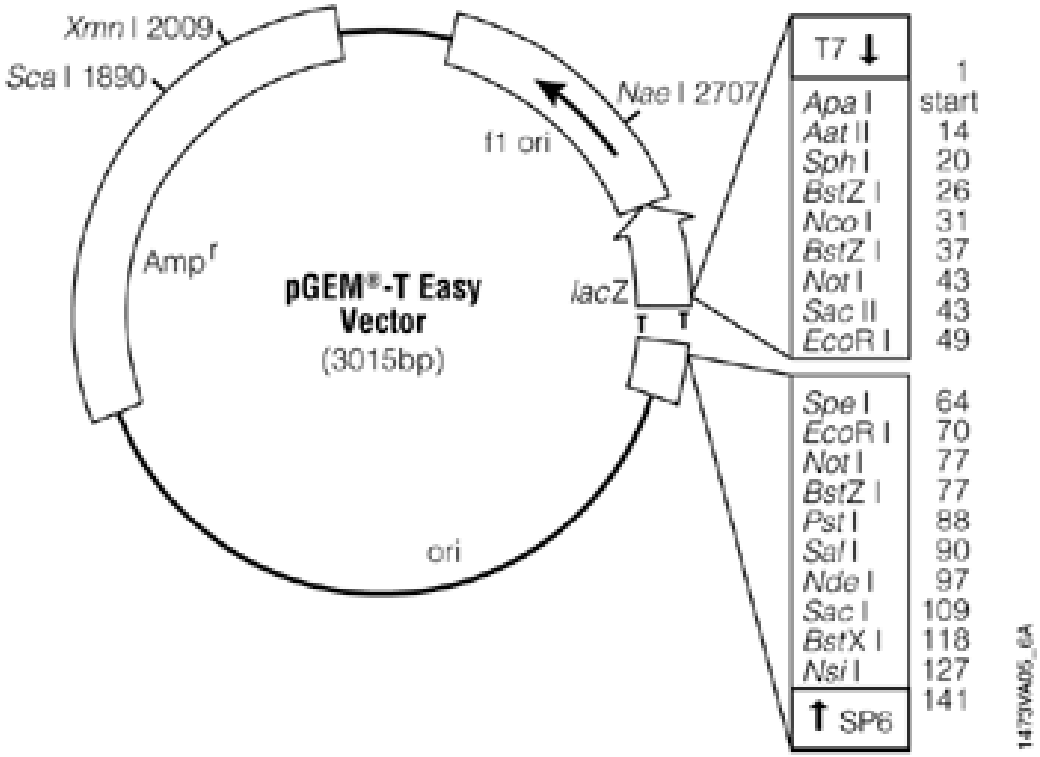

Figure 10 : carte génétique du vecteur de clonage pGEM-T easy.
Le gène de résistance à l'ampicilline (Amp^r) est indiqué, de même que la position du multi-site de clonage et des sites de restriction correspondants.
LacZ : gène codant la β-galactosidase.
F1 ori : origine de réplication.

Résultats

1. Prévalence des principales espèces de BSV en Guadeloupe

1.1. Détection des principales espèces de BSV

La présence d'EPRV BSV dans le génome de *M. balbisiana* rend difficile la détection des différentes espèces de BSV par IC-PCR. En effet, l'ADN génomique de bananier présent dans les extraits de feuilles utilisés lors de l'étape d'immunocapture peut se fixer de façon non spécifique sur les parois des tubes ou des plaques en polypropylène (Le Provost et al., 2006). Les EPRV BSV sont alors amplifiés lors de l'étape de PCR au même titre que les génomes viraux encapsidés, conduisant à des faux positifs. La mise au point d'un test de détection par multiplex immunocapture PCR (M-IC-PCR) a récemment permis de s'affranchir de ce problème (Le Provost et al., 2006). Ce test permet de détecter d'éventuels faux positifs, grâce à l'utilisation d'amorces microsatellites spécifiques de l'ADN génomique des espèces de *Musa* (voir tableau 2). Il permet également de supprimer ou de limiter la fixation aspécifique d'ADN génomique de bananier sur les parois des tubes ou des puits des plaques. En outre, l'utilisation de 4 couples d'amorces spécifiques des principales espèces de BSV (BSOLV, BSGFV, BSMysV et BSImV ; voir tableau 2) permet la détection de ces espèces. Plusieurs essais d'utilisation combinée de ces 4 couples d'amorces dans une même réaction de PCR, pour une détection simultanée des quatre espèces correspondantes de BSV, se sont avérés infructueux. Les échantillons récoltés ont donc fait l'objet d'indexations séparées par M-IC-PCR pour ces quatre espèces virales. La figure 11 montre que cette stratégie d'indexation séparée permet un diagnostic précis et spécifique pour chacune des espèces virales concernées.

1.2. Prévalence du BSV en Guadeloupe

Les campagnes d'échantillonnage effectuées en Guadeloupe entre mars et août 2006 ont permis de récolter 787 échantillons foliaires appartenant aux groupes suivants :

- Cavendish (AAA) : 301 échantillons
- Plantains (AAB -à cuire) : 271 échantillons
- Figue Pomme (AAB- dessert) : 193 échantillons
- Figue Sucrée (AAA) : 15 échantillons
- Balisier : 6 échantillons
- Bananier ornemental *Musa laterita* : 1 échantillon

L'ensemble de ces échantillons a fait l'objet d'une indexation séparée pour chacune des quatre espèces BVOLV, BSGFV, BSMysV et BSImV. Les résultats complets de ces indexations sont donnés en annexe et leur version synthétique dans le tableau 3.

Globalement, les résultats obtenus confirment la présence en Guadeloupe d'au moins trois espèces de BSV : BSGFV, BSOLV et BSMysV. Le nombre et la proportion d'échantillons indexés positifs s'élèvent à 118 et 14.9% respectivement. La plupart des échantillons

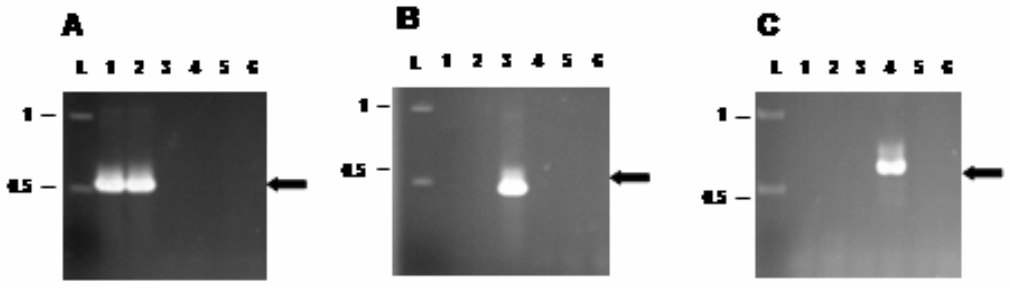

Figure 11 : Spécificité des amorces utilisées pour l'indexation BSV par M-IC-PCR
Cinq échantillons infectés par BSOLV (pistes 1 et 2), BSGFV (piste 3) ou BSMysV (piste 4) ainsi que deux échantillons sains (pistes 5 et 6) ont été indexés par M-IC-PCR à l'aide des couples d'amorces RD-F1 / RD-R1 (A), GF-F1 / GF-R1 (B) et Mys-F1 / Mys-R1 (C). La taille des marqueurs de poids moléculaire (L) est indiquée, de même que le produit d'amplification attendu (flèche pleine).

Tableau 3 : Bilan des indexations BSV réalisées par M-IC-PCR à l'aide d'amorces espèce-spécifiques.

Type de *Musa spp*	Echantillons analysés[1]	Positifs BSV							
		BSGFV[2]	BSOLV[2]	BSMysV[2]	BSImV	Infection mixte[2]			Total[2]
						BSGFV+ BSMysV	BSOL+ BSMysV	BSGFV+ BSOLV+ BSMysV	
Cavendish (AAA)	301 (38.2%)	0	2	0	0	0	0	0	**2 (1.7%)**
Plantains (AAB)	271 (34.4%)	85	2	7	0	10	0	2	**106 (89.8%)**
Figue Pomme (AAB)	193 (24.6%)	0	7	1	0	0	2	0	**10 (8.5%)**
Figue sucrée (AAA)	15 (1.9%)	0	0	0	0	0	0	0	**0**
Balisier	6 (0.8%)	0	0	0	0	0	0	0	**0**
Ornemental	1 (0.1%)	0	0	0	0	0	0	0	**0**
Total	**787**	**85 (72%)**	**11 (9.3%)**	**8 (6.8%)**	**0**	**10 (8.5%)**	**2 (1.7%)**	**2 (1.7%)**	**118**

[1] Les chiffres entre parenthèses représentent le pourcentage de plants indexés par rapport à la totalité des échantillons analysés.

[2] Les chiffres entre parenthèses représentent le pourcentage de plants indexés positifs par rapport à la totalité des échantillons indexés positifs.

indexés positifs pour le BSV (104, soit 89% de ces échantillons) ont été récoltés dans un nombre très limité de parcelles :

- 25 échantillons dans la parcelle 8
- 26 échantillons dans la parcelle 11
- 8 échantillons dans la parcelle 13
- 45 échantillons dans les trois localisations très voisines de la parcelle 14.

L'espèce virale la plus largement représentée est de loin BSGFV : elle est présente dans 85 des 118 échantillons indexés positifs (72%). Les espèces BSOLV et BSMys sont pour leur part très peu représentées : l'espèce BSOLV est présente dans 11 des échantillons indexés positifs (9,3%) et l'espèce BSMysV dans 8 de ces échantillons (6.8%) (voir tableau 3). Par ailleurs, 14 échantillons (11,9%) présentent une infection mixte : 10 plantes sont infectées par BSGFV et BSMysV, 2 par BSOLV et BSMysV et enfin 2 par ces trois espèces à la fois (voir tableau 3).

Les échantillons indexés positifs proviennent majoritairement de plantains (106 échantillons, soit 89,8%), les autres provenant des groupes Figue Pomme (10 échantillons, soit 8,5%) et Cavendish (2 échantillons, soit 1,7%). Ainsi, 39% des échantillons de plantain analysés sont infectés alors que seulement 5,2% et 0,3% des échantillons de Figue Pomme et Cavendish respectivement le sont. De plus, la présence de BSV est majoritairement circonscrite à des parcelles de plantains et ne s'étend pas à d'éventuelles parcelles voisines. Cette situation est particulièrement bien illustrée par le cas des lots d'échantillons 8 et 11, dans lesquelles la présence de BSV est forte parmi les plantains alors que les prélèvements effectués sur les parcelles voisines, plantées en Cavendish ou en Figue Pomme, révèlent un niveau de prévalence du BSV très faible voire nul (voir tableau en annexe).

Les échantillons de plantain infectés par le BSV (106 au total) le sont principalement par l'espèce BSGFV en infection simple (85 échantillons, soit 80,2%) ou en infection mixte, en association avec l'espèce BSMysV (10 échantillons, soit 9,4%) ou avec les espèces BSMysV et BSOLV (2 échantillons, soit 1,9%). Les 9 autres échantillons de plantain infectés par le BSV le sont par les espèces BSMysV pour 7 échantillons (6,6%) ou BSOLV pour 2 échantillons (1,9%). Les échantillons de Figue Pomme indexés positifs pour le BSV (10 au total) sont infectés par l'espèce BSOLV seule (7 échantillons, soit 70%) ou en association avec l'espèce BSMysV (2 échantillons, soit 20%). Le dernier échantillon indexé positif est pour sa part infecté par l'espèce BSMysV. Les deux échantillons Cavendish indexés positifs sont infectés par l'espèce BSOLV.

Il est important de noter que lors des prélèvements, aucun symptôme n'a pu être relevé avec certitude. Seuls deux plantains présentant de possibles symptômes ont été échantillonnés : l'un, correspondant à l'échantillon 2.19, présentait des nécroses foliaires ainsi qu'un mauvais état général (figure 12A), l'autre, correspondant à l'échantillon 8.84, présentait pour sa part

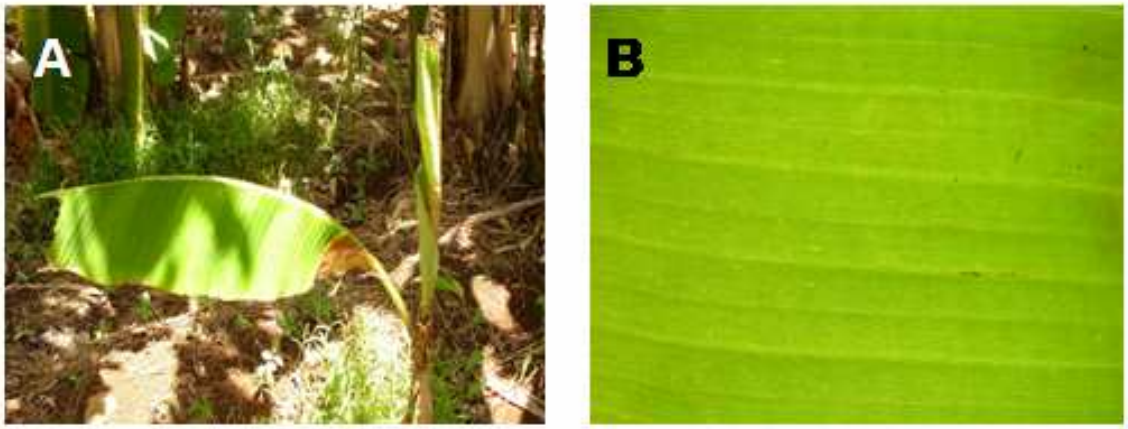

Figure 12 : symptômes foliaires observés sur des plantains indexés positifs pour l'espèce BSGFV.

Symptômes observés sur plante entière (échantillon 2.19, A) et sur limbe foliaire (échantillon 8.84, B)

des tirets chlorotiques sur une de ses feuilles (figure 12B). Ces deux plantains ont été indexés positifs pour l'espèce BSGFV.

1.3. Etude de la diversité moléculaire du BSV en Guadeloupe

Plusieurs amorces dégénérées permettant l'amplification pour de nombreux badnavirus d'une région de l'ORF3 identique à celle amplifiée par les amorces espèces spécifiques ont été obtenues, sur la base de comparaison de séquences (Yang et al., 2003 ; Harper et al., 2004). Leur utilisation a permis d'amplifier par IC-PCR des séquences correspondant à des espèces de BSV jusqu'alors inconnues et de mettre en évidence la très grande diversité moléculaire des espèces de BSV, notamment en Ouganda (Harper et al., 2005). Nous avons donc développé une approche similaire, à l'aide des amorces dégénérées Badna FP2 et Badna RP (Yang et al, modifié par S. Seal, comm. pers., voir tableau 2) afin d'étudier la diversité moléculaire des espèces de BSV en Guadeloupe et d'optimiser le cas échéant les méthodes de détection basées sur la PCR (Harper et al., 1998 ; Le Provost et al., 2006). Malheureusement, les indexations réalisées sur les 787 échantillons foliaires récoltés par M-IC-PCR à l'aide de ces amorces n'ont pas permis d'identifier de plante infectée autre que celles déjà détectées à l'aide des amorces espèces spécifiques.

2. Prévalence et diversité moléculaire du BVX en Guadeloupe

2.1. Détection du BVX

A la suite de la caractérisation du BVX (Teycheney et al., 2005a), il s'est avéré nécessaire de développer une méthode sensible et spécifique pour la détection de ce virus. Un protocole de détection par RT-nested PCR à partir d'ARN total de plantes a donc été mis au point (Teycheney et al., manuscrit en préparation) puis simplifié : l'adjonction d'une étape de piégeage des particules virales permet la détection directe du virus à partir d'extraits bruts, avec une sensibilité identique à celle obtenue par RT-nested PCR à partir d'ARN totaux purifiés. Cette modification évite l'étape pénible de purification des ARN totaux (Teycheney et al., manuscrit en préparation). Ce piégeage est effectué par immunocapture (IC) à l'aide d'un antisérum anti-BanMMV ou par fixation directe (*direct binding* ou DB) des particules virales aux parois des tubes ou des puits des microplaques. Des travaux récents ont montré que le DB permet un piégeage plus efficace que l'IC (Teycheney et al., manuscrit en préparation).

Les travaux préliminaires que j'ai réalisés ont permis de valider à petite échelle les techniques d'IC-PDO-RT-nested PCR et de DB-PDO-RT-nested PCR pour le diagnostic BVX (voir figure 13). La suite de mon travail a pour sa part permis de les valider à grande échelle, puisque toutes deux ont été utilisées en parallèle pour l'indexation de la totalité des échantillons foliaires récoltés : 6 échantillons foliaires ont été indexés positifs par DB-PDO-RT-nested PCR et 1 par IC-PDO-RT-nested PCR.

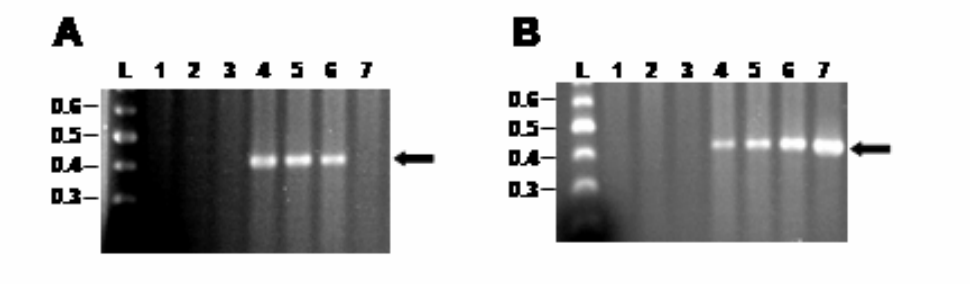

Figure 13 : Indexation BVX par IC-RT-nested PCR et DB-RT-nested PCR
Trois échantillons sains (pistes 1 à 3) et quatre échantillons infectés par le BVX (pistes 4 à 7) ont été indexés par IC-RT-nested PCR (A) ou DB-RT-nested PCR (B) à l'aide des amorces décrites dans le tableau 3. La taille des marqueurs de poids moléculaire (L) est indiquée, de même que le produit d'amplification attendu (flèche pleine).

Tableau 4 : Bilan des indexations BVX réalisées par IC-PDO-RT nested PCR et DB-IC-PDO-RT nested PCR.

Type de *Musa spp*	Echantillons analysés	Echantillons indexés positifs		
		par IC-PDO-RT nested PCR	par DB-PDO-RT nested PCR	Total
Cavendish (AAA)	301	0	1	**1**
Plantains (AAB)	271	1	2	**3**
Figue Pomme (AAB)	193	0	3	**3**
Figue sucrée (AAA)	15	0	0	**0**
Balisier	6	0	0	**0**
Ornemental	1	0	0	**0**
Total	**787**	**1**	**6**	**7**

2.2. Prévalence du BVX en Guadeloupe

La présence de BVX a été recherchée par IC-PDO-RT-nested PCR et DB-PDO-RT-nested PCR dans l'ensemble des échantillons foliaires décrits précédemment. Les résultats complets de ces indexations sont donnés en annexe et leur version résumée dans le tableau 4.

Les résultats obtenus confirment la présence en Guadeloupe du BVX. Le nombre et la proportion d'échantillons indexés positifs s'élèvent à 7 et 0,89% respectivement. Les échantillons infectés par le BVX ont été prélevés dans un nombre très limité de parcelles :

- 1 dans la parcelle 9
- 3 dans la parcelle 10
- 3 dans la parcelle 13

Trois des sept échantillons indexés positifs pour le BVX proviennent de Figue Pomme et 3 autres de plantains. Le dernier échantillon infecté est issu du groupe Cavendish.

Lors de la collecte des échantillons, aucune des plantes infectées par le BVX ne présentait de symptôme ou d'anomalie phénotypique particulière.

2.3. Diversité moléculaire du BVX en Guadeloupe

Des travaux récents ont montré que le BanMMV, membre de la famille des *Flexiviridae,* comme le BVX, présentait une grande variabilité moléculaire. Ces résultats ont conduit au développement d'un test de détection adapté à cette diversité, utilisant des amorces dégénérées contenant des bases modifiées (inosine) aux positions les moins conservées (Teycheney et al., manuscrit en préparation). Une partie de mon travail a consisté à étudier la diversité moléculaire du BVX en Guadeloupe, à des fins d'optimisation éventuelle de sa détection par des méthodes utilisant la PCR.

Les produits d'amplification générés lors de la nested PCR ont été clonées et séquencés. Les séquences générées ont été comparées entre elles et avec des séquences similaires déjà disponibles issues de précédentes prospections réalisées en Guadeloupe (Teycheney et al., 2005a ; Teycheney, résultats non publiés). L'arbre phylogénique construit à partir de ces comparaisons de séquences est montré dans la figure 14.

L'analyse des séquences obtenues dans le cadre de ce travail montre qu'elles présentent entre elles un taux de divergence moyen de 1.7%, le taux de divergence maximal obtenu pour les séquences les plus distantes étant de 3.6%. Ces chiffres sont identiques à ceux obtenus lors de précédentes prospections en Guadeloupe. Ces analyses montrent que la zone ciblée par les amorces utilisées est extrêmement conservée, à l'inverse de la situation

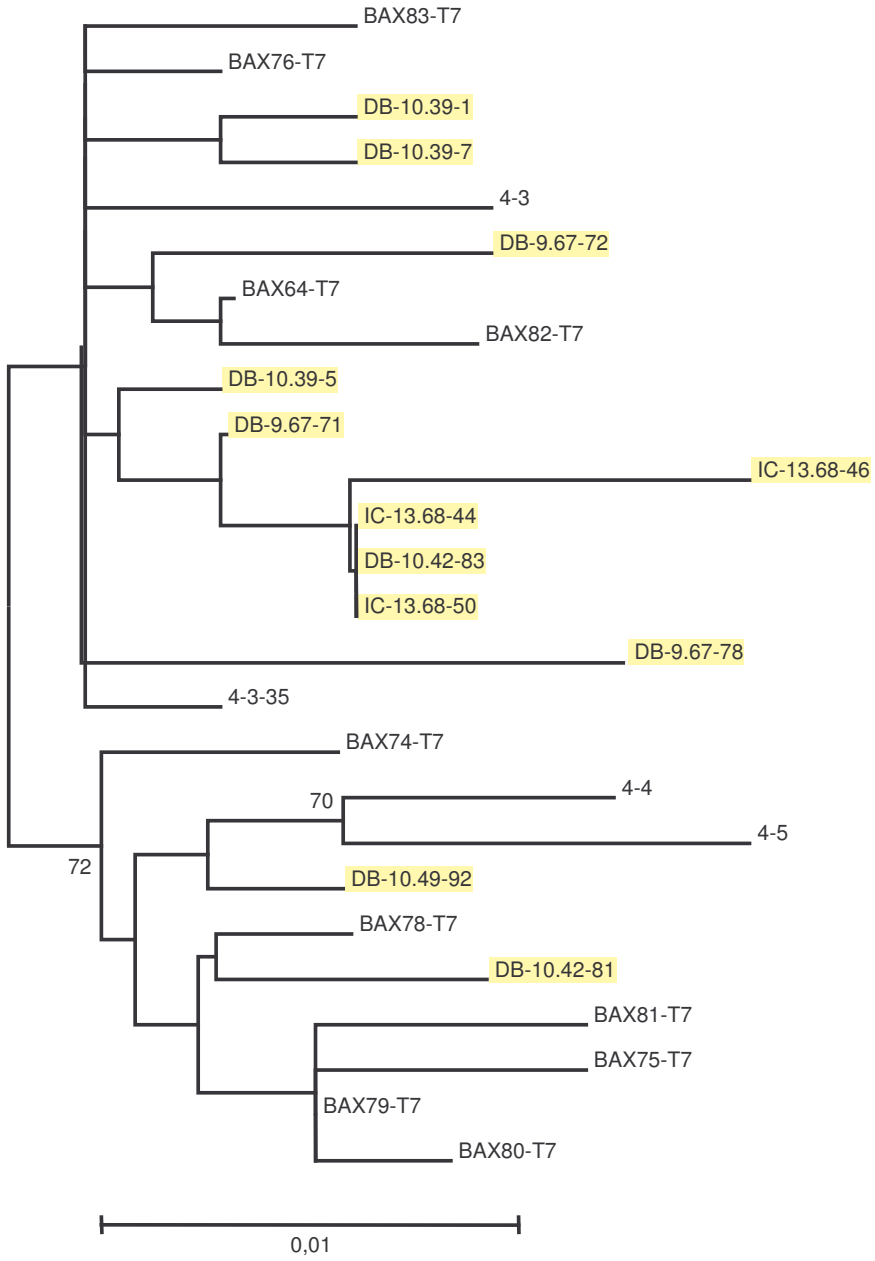

Figure 14 : Arbre phylogénique réalisé à l'aide des séquences nucléotidiques BVX.
Les séquences obtenues au cours de ce travail par IC-RT-nested PCR (IC) ou DB-RT-nested PCR (DB) sont surlignées en jaune. La longueur des branches de l'arbre est proportionnelle à la divergence entre les séquences.
Une échelle de distance (1% de divergence) est donnée.

rencontrée dans le cas du BanMMV pour lequel des taux de divergence supérieurs à 25%, c'est à dire à la limite supérieure retenue pour séparer des espèces virales distinctes, ont été observés dans la même région (Teycheney et al., 2005b). Ces résultats montrent donc que les amorces séquence spécifiques utilisées pour l'étape de nested PCR sont bien adaptées pour la détection de ce virus.

Discussion

Les campagnes d'échantillonnage et d'indexation réalisées en Guadeloupe entre mars et août 2006 ont montré la faible prévalence du BSV sur l'île. Globalement, 118 des 787 échantillons de *Musa spp* prélevés (soit 15%) ont été indexés positifs pour le BSV. Cependant, ces échantillons ont été pour la plupart prélevés dans seulement 3 des 11 zones ayant servi aux échantillonnages (voir tableau en annexe). De plus, aucun symptôme n'a pu être associé à la présence de BSV, à l'exception de deux plantains infectés qui présentaient de légers tirets chlorotiques ou des nécroses foliaires (voir figure 12). De même, aucune incidence de la présence du BSV sur la production bananière n'a été notée. Enfin, les échantillonnages réalisés sur les parcelles jouxtant celles dans lesquelles ont été prélevés des échantillons infectés n'ont pas permis de mettre en évidence de diffusion du BSV, notamment de plantain vers banane dessert de type Cavendish. Aucune des parcelles de plantain sur lesquelles ont été prélevés la plupart des échantillons indexés positifs ne semble donc jouer de rôle dans la diffusion du virus. Ceci s'explique vraisemblablement par l'absence ou la très faible présence de cochenilles dans les parcelles concernées. Les résultats obtenus au cours de ce travail indiquent donc que, malgré sa présence à un niveau important dans un nombre limité de parcelles de plantain, le BSV n'est pas un facteur limitant à la production de bananes en Guadeloupe et que l'île n'est pas en situation d'épidémie de BSV, comme cela peut être le cas dans certaines zones de production (Harper, 2005).

D'importants niveaux de diversité sont maintenus dans beaucoup de populations virales, malgré un coût évolutif important. Une des raisons de ce maintien pourrait être de favoriser un échappement à certains mécanismes de défense anti-viraux séquence-spécifiques, qui ont été découverts récemment (Dunoyer et al, 2004). Les populations de BanMMV caractérisées à ce jour en Guadeloupe, par exemple, présentent des niveaux de variabilité extrêmement importants, en l'absence de situation épidémique (Teycheney et al, 2005b). De même, une importante variabilité moléculaire existe dans le genre Badnavirus : elle a été mise en évidence notamment pour le BSV (Lockhart et Olszewski, 1993 ; Geering et al, 2000 ; Harper et al., 2005), pour le virus du gonflement des tiges du cacaoyer (*Cacao swollen shoot virus*, CSSV ; Brunt et al, 1996 ; Hoffmann et al, 1997 ; Muller et Sackey, 2005) et pour le virus bacillifforme de la canne à sucre (*Sugarcane bacilliform virus*, SCBV ; Geijskes et al, 2002). Cette variabilité pourrait résulter de mutations se produisant lors de la réplication, notamment lors de l'étape de reverse transcription (RT) effectuée par un enzyme dépourvu d'activité *proof reading*, comme cela est le cas pour d'autres éléments rétro-transcrits par RT (Harper et al, 2005). Des phénomènes de recombinaison entre séquences virales ou entre séquences virales et génome de l'hôte pourraient également intervenir, comme cela a déjà été rapporté pour d'autres virus (Gal et al, 1992 ; Schoelz et Wintermantel, 1993). Mon travail avait donc pour objectif de caractériser la variabilité des populations de BSV en Guadeloupe. L'utilisation d'amorces espèce-spécifiques a permis de confirmer la présence en Guadeloupe de 3 des principales espèces de BSV : BSGFV, BSOLV et BSMysV. L'espèce BSImV n'a pu être détectée dans les échantillons foliaires analysés, confirmant ainsi des données antérieures (Teycheney, comm. pers.). En revanche,

l'utilisation d'amorces dégénérées n'a pas permis de mettre en évidence de nouvelles espèces ou souches de BSV infectant les espèces *Musa* dans l'île. Il est possible que l'échantillonnage réalisé soit insuffisant ou que les outils utilisés ne permettent pas de mettre en évidence une diversité moléculaire du BSV en Guadeloupe.

Les plantains (AAB) représentent 89.8% des échantillons indexés positifs au cours de cette étude, alors que les Figue Pomme (AAB) et les Cavendish (AAA) ne représentent respectivement que 8,5% et 1.7% de ces échantillons (voir tableau 3). Compte tenu de la très faible présence de cochenilles observée dans les parcelles échantillonnées, il est probable que les génomes viraux détectés dans les groupes de génotype AAB ont pour origine l'activation d'EPRV BSV, qui sont présents dans le génome B des sous-groupes Plantain et Figue Pomme mais absents du génome A, donc des variétés Cavendish. Cette hypothèse est étayée par le fait que la quasi totalité des échantillons de plantains indexés positifs a été récoltée dans des parcelles situées en altitude (161- 344m) (voir tableau en annexe), c'est à dire dans des zones dans lesquelles l'amplitude thermique, qui est un des facteurs abiotiques activateurs des EPRV BSV, est importante. *A contrario*, aucun des 10 échantillons de plantains récoltés à altitude faible (55m) (série d'échantillons 15.84 à 15.95, voir tableau en annexe) n'a été indexé positif. Il est toutefois nécessaire d'effectuer un échantillonnage plus important dans cette zone de faible altitude afin de confirmer cette hypothèse.

Des travaux récents ont montré que le génome B d'une variété diploïde BB sauvage, Pisang Klutuk Wulung (PKW), comporte des EPRV BSV correspondant aux 4 espèces principales de BSV (BSGFV, BSOLV, BSMysV et BSImV; Piffanelli et al., 2005), mais aucune donnée disponible n'indique que tous ces EPRV BSV sont infectieux. L'origine des génomes B des plantains et Figue Pomme échantillonnés au cours de ce travail n'est pas connue, et il est possible qu'elle ne soit pas unique (Jenny, comm. pers.). En conséquence, il est impossible de statuer sur la présence dans le génome de ces variétés d'un ou plusieurs types d'EPRV BSV, *a fortiori* d'EPRV pathogènes. La forte prévalence de BSGFV épisomal dans les plantains échantillonnés incite cependant à émettre l'hypothèse de la présence dans leur génome d'EPRV BSGFV pathogène(s). A l'opposé, la faible prévalence de BSV épisomal dans les Figue Pomme échantillonnées, de génotype AAB elles aussi, pourrait s'expliquer par la présence de génome(s) B différent(s) de celui (ou ceux) présent(s) chez les plantains, ou d'un fond génétique *M. acuminata* différent de celui des plantains (Carrel et al., 2002). Il a en effet été proposé que le génome *M. acuminata* joue un rôle dans la levée de la répression des EPRV BSV pathogènes présents dans le génome B (Lheureux et al., 2003). La caractérisation moléculaire des EPRV BSV présents dans ces variétés pourrait permettre de comprendre les différences observées.

Nos données indiquent que la présence de BSV en Guadeloupe est fortement inféodée aux plantains, qui y sont pourtant marginaux en terme de surfaces cultivées. Elles montrent également que la diffusion du BSV à partir des parcelles de plantains comportant des plantes contaminées vers des parcelles de Cavendish avoisinantes est nulle. Ces données

sont capitales pour la gestion du risque BSV lié au déploiement d'hybrides interspécifiques de bananiers, notamment de variétés triploïdes AAB de même génotype que les plantains et Figue Pomme étudiées au cours de ce travail. De tels hybrides pourraient en effet représenter une source potentielle de BSV dans l'île à la suite de l'activation d'EPRV BSV contenus dans le génome de *M.balbisiana*. Le faible rôle apparent des plantains et des Figue Pomme dans l'étiologie du BSV en Guadeloupe ne doit cependant pas occulter un risque potentiel de diffusion du BSV à grande échelle par des cochenilles vectrices. A ce titre, une des suites à donner à ce travail pourrait consister à identifier les espèces de cochenilles présentes en Guadeloupe et l'importance de leurs populations sur bananiers et plantains.

Mon travail avait également pour but d'étudier la prévalence du BVX ainsi que son impact sur la production bananière en Guadeloupe. Globalement, 7 des échantillons récoltés (0,89%) ont été indexés positifs pour le BVX ce qui représente un niveau de prévalence très faible. Par ailleurs, tous les échantillons infectés ont été prélevés dans seulement 3 parcelles et aucun symptôme n'a été relevé sur les plantes infectées, confirmant des données antérieures (Teycheney et al, 2005a). Les données recueillies ont donc permis de confirmer la présence du BVX à un niveau très faible en Guadeloupe ainsi que l'absence d'incidence de ce virus sur la production.

Les études de diversité moléculaire réalisées sur les 7 échantillons positifs ont confirmé la très faible variabilité moléculaire existant dans la partie du génome ciblée par la nested PCR (voir figure 14) : un taux de divergence moyen de 1,7% entre chaque séquence nucléotidique a été calculé, le taux maximal de divergence s'établissant à 3,6%. Ces très faibles niveaux de diversité montrent que l'emploi d'amorces spécifiques est particulièrement indiqué pour la détection du BVX. Cette situation diffère sensiblement de celle rencontrée pour le BanMMV, autre *Flexiviridae* infectant les espèces *Musa*. Celui-ci présente pour sa part de forts taux de variabilité dans la même région du génome viral (Teycheney et al., 2005b) et l'utilisation d'amorces fortement dégénérées est nécessaire à sa détection (Teycheney et al, manuscrit en préparation).
En outre, les données générées au cours de ce travail ont permis de comparer à grande échelle la détection du BVX par DB-PDO-RT-nested PCR et par IC-PDO-RT-nested PCR. Elles ont montré qu'un l'antisérum polyclonal anti-BanMMV peut reconnaitre certains épitopes du BVX de façon très sensible mais pas pour tous les échantillons infectés. Le piégeage direct (direct binding) s'est avéré pour sa part plus efficace, et tout aussi sensible. Ces travaux ont donc permis la validation du test de détection du BVX par DB-PDO-RT-nested PCR.

Références bibliographiques

Brunt, A.-A, Crabtree, K., Dallwitz, M.-J, Gibbs, A.-J, Watson, L., Zurcher, E.-J., eds, 1996. Plant virus online : Description and lists from the VIDE database.

Budiman, M. A., Mao, L., Wood, T. C., Wing, R. A., 2000. A deep-coverage tomato BAC library and prospects towards development of an ATC framework for genome sequencing. Genome Res 10, 129-136.

Carreel, F., Gonzalez de Leon, D., Lagoda, P., Lanaud, C., Jenny, C., Horry, J.-P., Tezenas du Montcel, H., 2002. Ascertaining maternal and paternal lineage within Musa by chloroplast and mitochondrial DNA RFLP analyses. Genome 45 : 679-692.

Champion J. (1967) Les bananiers et leur culture. Tome 1 : botanique et génétique. SETCO ed, Paris, 214p.

Dahal, G., d'A. Hugues, J., Thottapilly, G., Lockhart, B.E.L., 1998. Effect of temperature on symptom expression and reliability of *Banana streak badnavirus* detection from naturally-infected plantain and banana (*Musa* spp.). Plant Dis. 82, 16-21.

Dahal, G., Ortiz, R., Tenkouano, A., d'A. Hugues, J., Thottappilly, G., Vuylsteke, D., Lockhart, B.E.L., 2000. Relationship between natural occurrence of banana streak badnavirus and symtom expression, relative concentration of viral antigen, and yield characteristics of some micropropagated *Musa* spp. Plant pathology 49, 68-79.

Dallot, S., Acuna, P, Rivera, C., Ramirez, P., Côte, F., Lockhart, B.E.L., Caruana, M.L., 2001. Evidence that the proliferation stage of micropropagation procedure is determinant in the expression of *Banana streak virus* integrated into the genome of FHIA 21 hybrid (*Musa* AAAB). Arch. Virol. 146, 2179-2190.

Dunoyer, P., Lecellier, C.-H., Parizotto, E.-A., Himber, C., Voinnet, O., 2004. Probing the MicroRNA and Small Interfering RNA Pathways with Virus-Encoded Suppressor of RNA Silencing. The Plant. Cell. Vol 16, 1235-1250.

Fauquet, C.M., Mayo, M.A., Maniloff, J., Desselberger, U., Ball, L.A., 2005. Virus taxonomy: 8th report of the International Committee of the Taxonomy of Viruses. Elsevier Academic Press, Amsterdam.

Foissac, X., Svanella-Dumas, L., Gentit, P., Dulucq, M.-J., Marais, A., Candresse, T., 2005. Polyvalent Degenerate Oligonucleotides Reverse Transcription Polymerase Chain Reaction : a polyvalent detection and characterization tool for Trichoviruses, Capilloviruses and Foveaviruses. Phytopathology 95, 617-625.

Folliot, M., Galzi, S., Laboureau,N., Caruana, M.-L, Teycheney, P.-Y., & Côte, F.-X.(2005). Risk assessment of spreading *Banana streak virus* (BSV) through *in vitro* culture. Abst. 12th Intl Congress of virology, San Francisco, USA.

Gal, S., Pisan, B., Hohn, T., Grimsley, N., Hohn, B., 1992. Agroinfection of transgenic plants leads to viable Cauliflower mosaic virus by intermolecular recombination. Virology 187, 525-533.

Gambley, C. F. & Thomas, J. E. (2001). Molecular characterization of *Banana mild mosaic virus*, a new filamentous virus in *Musa* spp. *Arch Virol* 146, 1369-1379.

Geering, A.D.W., McMichael, L.A., Dietzgen, R.G., and Thomas, J.E., 2000, Genetic diversity among *Banana streak virus* isolates from Australia. Phytopathology 90, 921-927.

Geering, A.D.W., Pooggin, M., Olszewski, N.E., Lockhart, B.E.L., Hohn, T., 2005a. Characterization of *Banana streak mysore virus* and evidence that its DNA is integrated in the B genome of cultivated *Musa.* Arch. Virol. 150, 787-796.

Geering A. D. W., Olszewski, N. E., Harper, G., Lockhart, B. E., Hull, R., Thomas, J. E., 2005b. Banana contains a diverse array of endogenous badnaviruses. J. Gen. Virol. 86, 511-520.

Gregor, W., Mette, M.-F., Staginnus, C., Matzke, M.-A., Matzke, A. J. M., 2004. A distinct endogenous pararetrovirus family in *Nicotiana tomentosiformis*, a diploid progenitor of polyploid tobacco. Plant Physiol. 134, 1191–1199.

Geijskes, R.-J., Braithwaite, K.-S., Dale, J.-L., Harding, R-.M., Smith, G.-R., 2002. Sequence analysis of an Australian isolate of surgarcane bacilliform badnavirus. Arch Virol 147, 2393-2404.

Hansen, C. N., Harper, G., Heslop-Harrison, J. S., 2005. Characterisation of pararetrovirus-like sequences in the genome of potato (*Solanum tuberosum*). Cytogenet. Genome Res. 110, 559-565.

Harper, G., Hull, R., 1998. Cloning and sequence analysis of *Banana streak virus* DNA. Virus Genes 17, 271-278.

Harper, G., Osuji, J. O., Heslop-Harrison, J. S., Hull, R., 1999a. Integration of *Banana streak badnavirus* into the *Musa* genome: molecular and cytogenetic evidence. Virology 255, 207-213.

Harper, G., Ganesh, D., Thottappilly, G., Hull, R., 1999b. Detection of episomal *Banana streak virus* by IC-PCR. J. Virol. Methods 79, 1-8.
Harper, G., Hart, D., Moult, S., Hull, R., 2004. Banana streak virus is very diverse in Uganda. Virus research. 100, 51-56.
Harper, G., Hart, D., Moult, S., Hull, R., Geering, A., Thomas, J., 2005. The diversity of *Banana streak virus* isolates in Uganda. Arch. Virol. 150, 2407-2420.
Hoffmann, K., Sackey, S.-T, Maiss, E., Adomako, D., Vetten, H.-J., 1997. Immunocapture polymerase chain reaction for the detection and characterization of cacao swollen shoot virus 1 A isolates. J Phytopathology 145, 205-212.
Iskra-Caruana, M.-L., Lheureux, F., Teycheney, P.-Y., 2003. Les pararetrovirus endogènes (EPRV), voie nouvelle de transmission des virus de plantes. *Virologie* 7, 255-265.
Jakowitsch, J., Mette, M. F., van der Winden, G., Matzke, M.A., Matzke, A.J.M, 1999. Integrated pararetroviral sequences define a unique class of dispersed repetitive DNA in plants. Proc. Natl. Acad. Sci. 96, 13241-13246.
Jones, D.-R., (2000) Diseases of banana, abacá and enset. CABI publishing. Wallingford, Royaume Uni, 544p.
Kumar, S., Koichiro, T., Jakobsen, I.-B., Nei, M., 2001. MEGA2 : molecular evolutionary genetics analysis software. Bioinformatics 17: 1244-1245.
Kunii, M., Kanda, M., Nagano, H., Uyeda, I., Kishima, Y., Sano, Y., 2004. Reconstruction of putative DNA virus from endogenous *Rice tungro bacilliform virus*-like sequences in the rice genome: implications for integration and evolution. BMC Genomics 5 , 80.
Lagoda, P.J.L., Noyer, J.-L., Dambier, D., Baurens, F.-C., Grapin, A., Lanaud, C., 1998. Sequence tagged microsatellite site (STMS) markers in *Musacae*. Mol. Ecol. 7, 657-666.
Lassoudière, A., 1974. La mosaïque dite à tirets du bananier 'Poyo' en Côte d'Ivoire. Fruits 29, 349-357.
Le Provost, G., Caruana, M.-L, Acina, I., Teycheney, P.-Y. (2006). Improved detection of episomal *Banana streak viruses* by multiplex immunocapture PCR. J. Virol. Meth. 137: 7-13.
Lheureux, F., Carreel, F., Jenny C , Lockhart B.E.L., Iskra-Caruana, M.L., 2003. Identification of genetic markers linked to banana streak disease expression in inter-specific *Musa* hybrids. *Theor. Appl. Genet*. 106, 594-598.
Lockhart, B.E.L., 1986. Purification and serology of a bacilliform virus associated with a streak disease of banana. Phytopathology 76, 995-999.
Lockhart, B.E.L., Olszewski, N. E., 1993. Serological and genomic heterogeneity of *Banana streak badnavirus*: implications for virus detection in *Musa* germplasm. In: Ganry, J. (Ed.). Breeding banana and plantain for resistance to diseases and pests. CIRAD/INIBAP, Montpellier, France, pp 105-113.
Lockhart, B.E.L., Menke, J., Dahal, G., Olszewski, N.E., 2000. Characterisation and genome analysis of *Tobacco vein clearing virus*, a plant pararetrovirus that is transmitted vertically and related to sequences integrated in the host genome. J. Gen. Virol. 81, 1579-1585.
Loeillet, D., 2005. Le commerce international de la banane. Fruit Trop. 129, 3-19.
Mao, L., Wood, T.C., Yu, Y., Budiman, M.A, Tomkins, J., Woo, S.S., Sasinowski, M., Presting, G., Frisch, D., Goff, S., Dean, R.A., Wing, R.A., 2000. Rice transposable elements: a survey of 73,000 sequence tags connectors. Genome Res. 10, 982-990.
Muller, E., Sackey, S., 2005. Molecular variability analysis of five nex complete cacao swollen shoot virus genomic sequences. Arch Virol 150 : 53-66.
Ndowora, T.C., 1998. Development of an enzyme immunoassay to detect serologically diverse isolates of *Banana streak virus* and characterisation of viral sequences integrated into the *Musa* genome. PhD thesis, University of Minnesota, 90 pp.
Ndowora, T.C., Dahal, G., Lafleur, D., Harper, G., Hull, R., Olszewski, N.E., Lockhart, B.E.L., 1999. Evidence that badnavirus infection in *Musa* can originate from integrated pararetroviral sequences. Virology 255, 214-220.
Piffanelli, P., Noa-Carrazana, J-C., Lescot, M., Benabdelmouna, A., Dolezel, J., Matsumoto, T., Silva-Rosales, L., Lheureux, F., Teycheney, P.-Y., Geering, A.D., D'Hont, A., Glaszmann, J.-C., Sasaki, T. Caruana, M.-L. 2005. Molecular analysis of *Banana streak virus* (BSV) « integrants » into the nuclear genome of *Musa balbisiana*. Abst. 12th Intl. Congress of virology, San Francisco.
Richert-Pöggeler, KR, Noreen, F, Schwarzacher, T, Harper, G, Hohn, T., 2003. Induction of infectious *Petunia vein clearing* (pararetro) *virus* from endogenous provirus in petunia. EMBO J. 22, 4836-45.

Sambrook J, Russell DW, 2001. Molecular Cloning: A Laboratory Manual. Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York
Schoelz, J.-E., Wintermantel, W.-M., 1993. Expansion of viral host-range through complementation and recombination in transgenics plants. Plant Cell 5, 669-679.
Simmonds, N.W., Shepherd, K. (1955). The taxonomy and origins of the cultivated bananas. J Linn Soc Bot 55, 302-312.
Staginnus, C. , Richert-Poeggeler, K. (2006). Endogenous pararetroviruses: two-faced travellers in the plant genome. Trends Plant. Sci. (sous presse).
Stover, R.H., Simmonds, N.W. (1987). Bananas. 3rd edition. Longman Scientific and Technical. New York, N.Y.
Teycheney, P.-Y., Caruana, M.-L. (2002). Bananier : l'ennemi intérieur. La recherche 353, 34-38.
Teycheney, P.-Y., Marais, A., Svanella-Dumas, L., Dulucq, M.-J., Candresse, T. (2005a). Molecular characterization of banana vairus X (BVX), a novel member of the *Flexiviridae* family. Arch. Virol. 150, 1715-1727.
Teycheney, P.-Y., Laboureau, N., Iskra-Caruana, M.-L., Candresse, T. (2005b). High genetic variability and evidence for plant-to-plant transfer of Banana mild mosaic virus. J. Gen. Virol. 88, 3179-3187.
Thompson, J.-D., Gibson, T.-J., Plewniak, F., Jeanmougin, F., Higgins, D.-G., 1997. The clustal X windows interface : flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. Nucleic Acid Res 24, 4876-4882.
Yang, I. C. , Hafner, G. J., Revill, P. A., Dale, J. L., Harding, R. M., 2003. Sequence diversity of South Pacific isolates of *Taro bacilliform virus* and the development of a PCR-based diagnostic test. Arch Virol 148, 1957–1968.
Yot-Dauthy, D., Bové, J.-M., 1966. Mosaïque du bananier. Identification et purification de diverses souches du virus. Fruits 21, 449-466.

Articles dicponibles sur internet :

Daniells, J., Jenny, C., Karamura, D., Tomekpe, K., 2006. Diversity in the genus
<URL : http://www.inibap.org/pdf/IN010189_en.pdf

Gold, C.-S., Messiaen, S., (2000) Le charançon du bananier *Cosmopolites sordidus*
<URL : http://www.inibap.org/pdf/IN010181_fr.pdf

International Network for the improvement of banana and plantain, 2006. Un fruit à l'importance méconnue.
<URL : http://www.inibap.org/index.php?page=home->bp->importance&lang=fr&langue=FR

Moore, N.-Y., Bentley, S., Pegg, K.-J., Jones, D.-R., 1995. La fusariose du bananier.
<URL : http://www.inibap.org/pdf/IN010259_fr.pdf

Mourichon, X., Carlier, J., Fouré, E., 1997. Les cercosporioses.
<URL : http://www.inibap.org/pdf/IN980040_fr.pdf

Organisation des nations unies pour l'alimentation et l'agriculture, Faostat, 2005.
<URL : http://faostat.fao.org/?alias=faostatclassic

Padmanaban, B., Sathiamoorthy, S., 2001. Le charançon du pseudo-tronc du bananier *Odoiporus longicollis*.
<URL : http://www.inibap.org/pdf/IN010258_fr.pdf

Annexes : résultats complets des indexations

CMV : présence ou absence de symptômes foliaires d'infection par le CMV

Cerco : présence ou absence de symptômes foliaires de cercosporiose jaune

Cochenilles : présence ou absence de cochenilles sur les feuilles ou le pseudo tronc

Echantillon	lieu de prélèvement	Longitude (ouest)	Latitude (nord)	Altitude	variété	Génotype	CMV	cerco	cochenilles	Symptômes	Observations	Indexation BSV				Indexations BVX	
												BSOLV	BSGFV	BSMysV	BSImV	DB	IC
1,01	Temple	**0,61°33,877**	**16°04,151**	**8m**	Cav	AAA	-	+	-	-		-	-	-	-	-	-
1,02	Temple				Cav	AAA	-	+	+	-		-	-	-	-	-	-
1,03	Temple				Cav	AAA	-	+	+	-	meme touffe que 1,05	-	-	-	-	-	-
1,04	Temple				Cav	AAA	-	+	-	-	meme touffe que 1,06	-	-	-	-	-	-
1,05	Temple				Cav	AAA	-	+	-	-		-	-	-	-	-	-
1,06	Temple				Cav	AAA	-	+	-	-		-	-	-	-	-	-
1,07	Temple				Cav	AAA	-	+	-	-	meme touffe que 1,08	-	-	-	-	-	-
1,08	Temple				Cav	AAA	-	+	-	-		-	-	-	-	-	-
1,09	Jardin face temple				Cav	AAA	-	+	-	-		-	-	-	-	-	-
1,10	Jardin face temple				Balisier		-	+	-	-		-	-	-	-	-	-
1,11	Jardin face temple				Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
1,12	Jardin face temple				Cav	AAA	-	-	+	-		-	-	-	-	-	-
1,13	Jardin face temple				Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
1,14	Jardin face temple				Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
1,15	Jardin face temple				Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
1,16	Resto morpho rte temple				Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
1,17	Resto morpho rte temple				Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
1,18	Resto morpho rte temple				Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
1,19	Resto morpho rte temple				Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
1,20	Resto morpho rte temple				Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
	BILAN : 0 plante postive																
Echantillon	**lieu de prélèvement**	**Longitude (ouest)**	**Latitude (nord)**	**Altitude**	**variété**	**Génotype**	**CMV**	**cerco**	**cochenilles**	**Symptômes**	**Observations**	**Indexation BSV**				**Indexations BVX**	
												BSOLV	**BSGFV**	**BSMysV**	**BSImV**	**DB**	**IC**
2,01	Bord Rte Cirad (maison isolée	**0,61°34,301**	**16°05,160**	65m	Balisier		-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
2,02					Cav	AAA	-	-	+	-		-	-	-	-	-	-
2,03					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
2,04					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
2,05					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
2,06					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
2,07					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
2,08					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
2,09					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
2,10					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
2,11					Cav	AAA	-	-	+	-		-	-	-	-	-	-
2,12					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
2,13					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
2,14		**0,61°34,439**	**16°05,363**	60m	Cav	AAA	-	-	+	-	à coté de plantain	-	-	-	-	-	-
2,15					Cav	AAA	-	-	+	-	à coté de plantain	-	-	-	-	-	-
2,16					Cav	AAA	-	-	-	-	à coté de plantain	-	-	-	-	-	-
2,17					plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
2,18					plantain	AAB	-	-	+	-		-	-	-	-	-	-
2,19					plantain	AAB	-	-	-	-	sale état	-	+	-	-	-	-
2,20					plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
2,21		**0,61°34,564**	**16°05.379**	74m	poyo	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
2,22					grande nair	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
2,23					plantain banane b	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
2,24					plantain banane b	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
2,25					plantain banane b	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
2,26					plantain banane b	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
2,27					plantain banane b	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
	BILAN : 1 plantain positif BSGFV																
Echantillon	**lieu de prélèvement**	**Longitude (ouest)**	**Latitude (nord)**	**Altitude**	**variété**	**Génotype**	**CMV**	**cerco**	**cochenilles**	**Symptômes**	**Observations**	**Indexations BSV**				**Indexations BVX**	
												BSOLV	**BSGFV**	**BSMysV**	**BSImV**	**DB**	**IC**
3,01	Collection CIRAD	**0,61°34,564**	**16°04,869**	250m	Nselouka	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
3,02					Mkono wa ter	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
3,03					3 verts	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
3,04					Big ebang	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
3,05					Moto ebang	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
3,06					Orishele	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
3,07					Curare enar	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
3,08					Terrinha	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
3,09					Njombe 2	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
3,10					Mbindi	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
3,12					Fench clai	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
3,13					Amou	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
3,14					Bungaoisa	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-

3,16					Banane serp	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
3,17					Pakang end	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
3,18					Nothing but gr	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
3,19					Diby	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
3,20					Red ebang	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
3,21					Corne 5	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
3,22					Mbouroukou	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
3,23					Congo 2	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
3,24					Domenico Harbo	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
3,25					Madre del pla	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
3,26					Njock kon	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
3,27					Red Yade	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
3,28					Ndingo liko	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
3,29					Kwa	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
3,30					Kelong Meki	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
3,31					Mbi egome	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
3,32					Hands plan	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
3,33					Long tavoy	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
	BILAN : 3 plantains positifs BSGFV																

Echantillon	lieu de prélèvement	Longitude (ouest)	Latitude (nord)	Altitude	variété	Génotype	CMV	cerco	cochenilles	Symptômes	Observations	Indexations BSV				Indexations BVX	
												BSOLV	BSGFV	BSMysV	BSImV	DB	IC
4,01	Rte de Carangaise	**0,61°36,036**	**16°04,616**	**252m**	rande nair	AAA	-	+	+	-		-	-	-	-	-	-
4,02	Rte de Carangaise				grande nair	AAA	-	+	-	-		-	-	-	-	-	-
4,03	Rte de Carangaise				grande nair	AAA	-	+	+	-		-	-	-	-	-	-
4,04	Rte de Carangaise				grande nair	AAA	-	+	+	-		-	-	-	-	-	-
4,05	Rte de Carangaise	**0,61°35,973**	**16°04,602**	**243m**	Cav	AAA	-	+	-	-		-	-	-	-	-	-
4,06	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
4,07	Rte de Carangaise				Cav	AAA	+	+	+	-		-	-	-	-	-	-
4,08	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	+	+	-		-	-	-	-	-	-
4,09	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	+	-	-		-	-	-	-	-	-
4,10	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	+	-	-		-	-	-	-	-	-
4,11	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	-	-	-	régime bizarre	-	-	-	-	-	-
4,12	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	-	-	-	Face parcelle de canne	-	-	-	-	-	-
4,13	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	-	-	-	Face parcelle de canne	-	-	-	-	-	-
4,14	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	-	-	-	Face parcelle de canne	-	-	-	-	-	-
4,15	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	-	+	-	Face parcelle de canne	-	-	-	-	-	-
4,16	Rte de Carangaise				Cav	AAA	?	-	-	-	Face parcelle de canne	-	-	-	-	-	-
4,17	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	-	+	-	Face parcelle de canne	-	-	-	-	-	-
4,18	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	-	-	-	Face parcelle de canne	-	-	-	-	-	-
4,19	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	-	-	-	Face parcelle de canne	-	-	-	-	-	-
4,20	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	-	-	-	Face parcelle de canne	-	-	-	-	-	-
	BILAN : 0 plante positive																

Echantillon	lieu de prélèvement	Longitude (ouest)	Latitude (nord)	Altitude	variété	Génotype	CMV	cerco	cochenilles	Symptômes	Observations	Indexations BSV				Indexations BVX	
												BSOLV	BSGFV	BSMysV	BSImV	DB	IC
5,01	de Carangaise après croisen	**0,61°35,707**	**16°04,566**	**210m**	Cav	AAA	-	+	-	-	Face parcelle de canne	-	-	-	-	-	-
5,02	de Carangaise après croisement				Cav	AAA	-	+	-	-	Face parcelle de canne	-	-	-	-	-	-
5,03	de Carangaise après croisement				Cav	AAA	-	+	-	-	Face parcelle de canne	-	-	-	-	-	-
5,04	de Carangaise après croisement				Cav	AAA	-	+	-	-	Face parcelle de canne	-	-	-	-	-	-
5,05	de Carangaise après croisement				Cav	AAA	-	+	+	-	Face parcelle de canne	-	-	-	-	-	-
5,06	de Carangaise après croisement				Cav	AAA	-	+	+	-	Face parcelle de canne	-	-	-	-	-	-
5,07	de Carangaise après croisement				Cav	AAA	-	+	+	-	Face parcelle de canne	-	-	-	-	-	-
5,08	de Carangaise après croisement				Cav	AAA	-	+	-	-	Face parcelle de canne	-	-	-	-	-	-
5,09	de Carangaise après croisement				Cav	AAA	-	-	+	-	Face parcelle de canne	-	-	-	-	-	-
5,10	de Carangaise après croisement				Cav	AAA	-	-	-	-	Face parcelle de canne	-	-	-	-	-	-
5,11	Rte de Carangaise	**0,61°35,642**	**16°04,681**	**200m**	Cav	AAA	-	+	+	-		-	-	-	-	-	-
5,12	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	+	+	-	Feuilles gaufrées	-	-	-	-	-	-
5,13	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	+	-	-		-	-	-	-	-	-
5,14	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	+	-	-		-	-	-	-	-	-
5,15	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	+	-	-		-	-	-	-	-	-
5,16	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	+	-	-	parcelle autre coté	-	-	-	-	-	-
5,17	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	-	-	-	parcelle autre coté	-	-	-	-	-	-
5,18	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	-	-	-	parcelle autre coté	-	-	-	-	-	-
5,19	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	-	-	-	parcelle autre coté	-	-	-	-	-	-
5,20	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	-	-	-	parcelle autre coté	-	-	-	-	-	-
	BILAN : 0 plante positive																

Echantillon	lieu de prélèvement	Longitude (ouest)	Latitude (nord)	Altitude	variété	Génotype	CMV	cerco	cochenilles	Symptômes	Observations	Indexations BSV				Indexations BVX	
												BSOLV	BSGFV	BSMysV	BSImV	DB	IC
6,01	Rte de Carangaise	**0,61°35.491**	**16°04,655**	**202m**	Cav	AAA	-	+	-	-	parcelle abandonnée	-	-	-	-	-	-
6,02	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	+	-	-	parcelle abandonnée	-	-	-	-	-	-
6,03	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	+	-	-	parcelle abandonnée	-	-	-	-	-	-
6,04	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	+	-	-	parcelle abandonnée	-	-	-	-	-	-
6,05	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	+	-	-	parcelle abandonnée	-	-	-	-	-	-
6,06	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	+	-	-	parcelle abandonnée	-	-	-	-	-	-
6,07	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	+	-	-	parcelle abandonnée	-	-	-	-	-	-
6,08	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	+	-	-	parcelle abandonnée	-	-	-	-	-	-
6,09	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	+	+	-	parcelle abandonnée	-	-	-	-	-	-
6,10	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	+	-	-	parcelle abandonnée	-	-	-	-	-	-
6,11	Rte de Carangaise	**0,61°35,296**	**16°04,671**	**164m**	Cav	AAA	-	-	-	-	elle abandonnée face an	-	-	-	-	-	-
6,12	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	-	-	-	elle abandonnée face an	-	-	-	-	-	-
6,13	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	-	-	-	elle abandonnée face an	-	-	-	-	-	-
6,14	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	-	-	-	elle abandonnée face an	-	-	-	-	-	-
6,15	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	-	-	-	elle abandonnée face an	-	-	-	-	-	-
6,16	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	-	-	-	elle abandonnée face an	-	-	-	-	-	-
6,17	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	-	-	-	elle abandonnée face an	-	-	-	-	-	-
6,18	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	-	-	-	elle abandonnée face an	-	-	-	-	-	-
6,19	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	-	-	-	elle abandonnée face an	-	-	-	-	-	-
6,20	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	-	-	-	elle abandonnée face an	-	-	-	-	-	-
6,21	Rte de Carangaise	**0,61°35,097**	**16°04,846**	**141m**	Cav	AAA	-	-	-	-	bord de rte	-	-	-	-	-	-
6,22	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	-	-	-	rejet de 6,23	-	-	-	-	-	-
6,23	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
6,24	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
6,25	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	-	+	-		-	-	-	-	-	-
6,26	Rte de Carangaise	**0,61°35,031**	**16°04,874**	**137m**	Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
6,27	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
6,28	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
6,29	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
6,30	Rte de Carangaise				Cav	AAA	-	-	-	-		+	-	-	-	-	-

Bilan : 1 Cavendish positif BSOIV

Echantillon	lieu de prélèvement	Longitude (ouest)	Latitude (nord)	Altitude	variété	Génotype	CMV	cerco	cochenilles	Symptômes	Observations	Indexations BSV				Indexations BVX	
												BSOLV	BSGFV	BSMysV	BSImV	DB	IC
7,01	Carangaise	**0,61°34,609**	**16°04,847**	**85m**	Cav	AAA	-	-	+	-	touffe 1	-	-	-	-	-	-
7,02					Cav	AAA	-	-	+	-	touffe 1	-	-	-	-	-	-
7,03					Cav	AAA	-	-	+	-	touffe 1	-	-	-	-	-	-
7,04					Cav	AAA	-	-	-	-	touffe 1	-	-	-	-	-	-
7,05					Cav	AAA	-	-	+	-	touffe 1	-	-	-	-	-	-
7,06					Cav	AAA	-	-	+	-	touffe 2	-	-	-	-	-	-
7,07					Cav	AAA	-	-	+	-	touffe 2	-	-	-	-	-	-
7,08					Cav	AAA	-	-	+	-	touffe 2	-	-	-	-	-	-
7,09					Cav	AAA	-	-	+	-	touffe 2	-	-	-	-	-	-
7,10					Cav	AAA	-	-	+	-	touffe 2	-	-	-	-	-	-
7,11		**0,61°34,383**	**16°04,809**	**61m**	Cav	AAA	-	-	-	-	touffe 3	-	-	-	-	-	-
7,12					Cav	AAA	-	-	-	-	touffe 3	-	-	-	-	-	-
7,13					Cav	AAA	-	-	+	-	touffe 3	-	-	-	-	-	-
7,14		**0,61°33,680**	**16°04,822**	**6m**	Cav	AAA	-	-	+	-	touffe 4	-	-	-	-	-	-
7,15					Cav	AAA	-	-	+	-	touffe 4	-	-	-	-	-	-
7,16					Cav	AAA	-	-	+	-	touffe 4	-	-	-	-	-	-
7,17					Cav	AAA	-	-	+	-		-	-	-	-	-	-
7,18					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
7,19					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
7,20					Cav	AAA	-	-	+	-		-	-	-	-	-	-

BILAN : 0 plante postive

Echantillon	lieu de prélèvement	Longitude (ouest)	Latitude (nord)	Altitude	variété	Génotype	CMV	cerco	cochenilles	Symptômes	Observations	Indexations BSV				Indexations BVX	
												BSOLV	BSGFV	BSMysV	BSImV	DB	IC
8,01	Rte Féfé	**0,61°36,976**	**16°04,113**	**393m**	Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,02					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,03					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,04					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,05					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,06	Rte féfé	**0,61°37,112**	**16°04,123**	**400m**	Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,07					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,08					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,09					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-

8,10					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,11	Bord de rte	**0,61°37,225**	**16°04,067**	**418m**	Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,12					Cav	AAA	-	+	-	-		-	-	-	-	-	-
8,13					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,14					Balisier		-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,15					Balisier		-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,16	Bord de rte	**0,61°37,167**	**16°03,905**	**416m**	Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,17					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,18					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,19					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,20					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,21	Bord de rte	**0,61°36,939**	**16°03,803**	369m	CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,22					CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,23					CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,24					CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,25					CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,26	Parcelle abandonnée	**0,61°36,762**	**16°03,776**	**343m**	CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,27					CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,28					CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,29					CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,30					CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,31	face parcelle abandonnée				CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,32					CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,33					CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,34					CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,35					CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,36	Parcelle abandonnée	**0,61°36,474**	**16°03,657**	**296m**	CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,37					CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,38					CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,39					CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,40					CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,41	face parcelle abandonnée				CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,42					CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,43					CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,44					CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,45					CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,46	Parcelle abandonnée	**0,61°36,296**	**16°03,611**	**288m**	CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,47					CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,48					CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,49					CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,50					CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,51	à coté parcelle abandonnée				PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
8,52					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
8,53					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
8,54					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
8,55					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
8,56					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
8,57					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
8,58					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
8,59					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
8,60					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
8,61					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
8,62					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
8,63					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
8,64					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
8,65	IDEM				PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,66					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
8,67					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
8,68					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
8,69					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
8,70					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
8,71					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,72					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,73					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,74					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,75					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,76					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
8,77					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,78					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
8,79					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
8,80					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,81					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,82					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
8,83					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,84					PLANTAIN	AAB	-	-	-	??		-	+	-	-	-	-

8,85					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,86					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,87					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
8,88					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,89					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,90					PLANTAIN	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,91	Face plantain				Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,92					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,93					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,94					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,95					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,96	Bord de rte				Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,97					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,98					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8,99	Bord de rte	**0,61°35,791**	**16°03,577**	**231m**	Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8-100					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8-101					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8-102					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8-103					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8-104					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8-105					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8-106	Bord de rte	**0,61°35,701**	**16°03,575**	**218m**	Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8-107					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8-108					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8-109					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8-110					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8-111	Parcelle abandonnée				Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8-112					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8-113					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8-114					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8-115					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8-116	Bord de rte	**0,61°35,08**	**16°03,538**	**94m**	Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8-117					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8-118					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8-119					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
8-120					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
	Bilan : 25 Plantains positifs BSGfV																
Echantillon	**lieu de prélèvement**	**Longitude (ouest)**	**Latitude (nord)**	**Altitude**	**variété**	**Génotype**	**CMV**	**cerco**	**cochenilles**	**Symptômes**	**Observations**	**Indexations BSV**				**Indexations BVX**	
												BSOLV	**BSGFV**	**BSMysV**	**BSImV**	**DB**	**IC**
9,01	Soufrière Bains Jaunes				Balisier		-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,02	Aire Pique Nique	**0,61°40,846**	**16°01,871**	**747m**	Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,03	Aire Pique Nique				Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,04	Aire Pique Nique				Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,05	Aire Pique Nique				Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,06	Aire Pique Nique				Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,07	Aire Pique Nique				Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,08	Aire Pique Nique				Balisier		-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,09	Hangar vert	**0,61°40,900**	**16°01,953**	**730m**	CAV	AAA	-	+	-	-		-	-	-	-	-	-
9,10	Hangar vert				CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,11	Hangar vert				CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,12	Hangar vert				CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,13	Hangar vert				CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,14	Hangar vert				CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,15	Hangar vert				CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,16	Jardin créole	**0,61°40,900**	**16°01,929**	**733m**	gue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,17	Jardin créole				Figue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,18	Jardin créole				Figue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,19	Jardin créole				Figue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,20	Jardin créole				Figue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,21	Jardin créole				Figue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,22	Jardin créole				Figue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,23	Jardin créole				Figue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,24	Jardin créole				Figue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,25	Jardin créole				Figue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,26	Jardin créole				Figue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,27	Jardin créole				Figue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,28	Jardin créole				Figue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,29	Jardin créole				Figue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,30	Jardin créole				Figue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,31	Jardin créole				Figue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,32	Jardin créole				Figue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-

9,33	Jardin créole				Figue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,34	Jardin créole				Figue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,35	Jardin créole				Figue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,36	Parnasse	**0,61°41,198**	**16°01,483**	**639m**	CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,37	Parnasse				CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,38	Parnasse				CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,39	Parnasse				CAV	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,40	Parnasse	**0,61°41,149**	**16°01,782**	**629m**	anal type	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,41	Parnasse					AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,42	Parnasse					AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,43	Parnasse					AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,44	Parnasse					AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,45	Bord de rte Parnasse	**0,61°41,285**	**16°01,782**	**615m**		AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,46	Bord de rte Parnasse					AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,47	Bord de rte Parnasse					AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,48	Bord de rte Parnasse					AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,49	Bord de rte Parnasse					AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,50	Bord de rte Parnasse					AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,51	Bord de rte Parnasse	**0,61°41,472**	**16°03,409**	**795m**	anal type	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,52	Bord de rte Parnasse				canal type	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,53	Bord de rte Parnasse	**0,61°41,487**	**16°03,457**	**790m**		AAB	-	-	-	??		-	-	-	-	-	-
9,54	Bord de rte Parnasse					AAB	-	-	-	??		-	-	-	-	-	-
9,55	Bord de rte Parnasse					AAB	-	-	-	??		-	-	-	-	-	-
9,56	Bord de rte Parnasse					AAB	-	-	-	??		-	-	-	-	-	-
9,57	Bord de rte Parnasse					AAB	-	-	-	??		-	-	-	-	-	-
9,58	Bord de rte Parnasse					AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,59	Bord de rte Parnasse					AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,60	Bord de rte Parnasse	**0,61°41,635**	**16°03,208**	**707m**		AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,61	Bord de rte Parnasse				canal type	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,62	Bord de rte Parnasse					AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,63	Bord de rte Parnasse					AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,64	Bord de rte Parnasse					AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,65	Bord de rte Parnasse					AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,66	Bord de rte Parnasse	**0,61°41,622**	**16°03,039**	**685m**		AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,67	Bord de rte Parnasse					AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	+	-
9,68	Bord de rte Parnasse					AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,69	Bord de rte Parnasse					AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,70	Bord de rte Parnasse					AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,71	Rte de Joséphine	**0,61°42,128**	**16°02,673**	**532m**		AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,72	Rte de Joséphine					AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,73	Rte de Joséphine					AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,74	Rte de Joséphine					AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,75	Rte de Joséphine					AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,76	Rte de Joséphine	**0,61°41,781**	**16°02,538**	**610m**		AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,77	Rte de Joséphine					AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,78	Rte de Joséphine					AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,79	Rte de Joséphine					AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,80	Rte de Joséphine					AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,81	Rte de Joséphine				ornemental		-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
9,82	Rte de Joséphine	**0,61°41,982**	**16°02,069**	**502m**	gue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
	Bilan : 1 cavendish positif BVX																
Echantillon	**lieu de prélèvement**	**Longitude (ouest)**	**Latitude (nord)**	**Altitude**	**variété**	**Génotype**	**CMV**	**cerco**	**cochenilles**	**Symptômes**	**Observations**	**Indexations BSV**				**Indexations BVX**	
												BSOLV	**BSGFV**	**BSMysV**	**BSImV**	**DB**	**IC**
10,01	Féfé	**0,61°37,248**	**16°04,115**	**399m**	gue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 1	-	-	-	-	-	-
10,02	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 1	-	-	-	-	-	-
10,03	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 1	-	-	-	-	-	-
10,04	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 1	-	-	-	-	-	-
10,05	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 2	-	-	-	-	-	-
10,06	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 2	-	-	-	-	-	-
10,07	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 2	-	-	-	-	-	-
10,08	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 2	-	-	-	-	-	-
10,09	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 3	-	-	-	-	-	-
10,10	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 3	-	-	-	-	-	-
10,11	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 3	-	-	-	-	-	-
10,12	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 3	-	-	-	-	-	-
10,13	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 4	-	-	-	-	-	-
10,14	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 4	-	-	-	-	-	-
10,15	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 4	-	-	-	-	-	-
10,16	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 4	-	-	-	-	-	-
10,17	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	toufe 5	-	-	-	-	-	-
10,18	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 5	-	-	-	-	-	-
10,19	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 5	-	-	-	-	-	-

10,20	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 5	-	-	-	-	-	-
10,21	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 6	-	-	-	-	-	-
10,22	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 6	-	-	-	-	-	-
10,23	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 6	-	-	-	-	-	-
10,24	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 6	-	-	-	-	-	-
10,25	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 6	-	-	-	-	-	-
10,26	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 7	-	-	-	-	-	-
10,27	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 7	-	-	-	-	-	-
10,28	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 8	-	-	-	-	-	-
10,29	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 8	-	-	-	-	-	-
10,30	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 8	-	-	-	-	-	-
10,31	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 8	-	-	-	-	-	-
10,32	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 8	-	-	-	-	-	-
10,33	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 8	-	-	-	-	-	-
10,34	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 8	-	-	-	-	-	-
10,35	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 8	-	-	-	-	-	-
10,36	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 8	-	-	-	-	-	-
10,37	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 9	-	-	-	-	-	-
10,38	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 9	-	-	-	-	-	-
10,39	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 10	-	-	-	-	+	-
10,40	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 10	-	-	-	-	-	-
10,41	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 10	-	-	-	-	-	-
10,42	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 10	-	-	-	-	+	-
10,43	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 11	-	-	-	-	-	-
10,44	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 11	-	-	-	-	-	-
10,45	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 11	-	-	-	-	-	-
10,46	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 12	-	-	-	-	-	-
10,47	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 12	-	-	-	-	-	-
10,48	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 13	-	-	-	-	-	-
10,49	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 13	-	-	-	-	+	-
10,50	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 13	-	-	-	-	-	-
10,51	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
10,52	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
10,53	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
10,54	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 14	-	-	-	-	-	-
10,55	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 14	-	-	-	-	-	-
10,56	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 14	-	-	-	-	-	-
10,57	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 14	-	-	-	-	-	-
10,58	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
10,59	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
10,60	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
	Bilan : 3 Figue pomme postifs BVX																
Echantillon	**lieu de prélèvement**	**Longitude (ouest)**	**Latitude (nord)**	**Altitude**	**variété**	**Génotype**	**CMV**	**cerco**	**cochenilles**	**Symptômes**	**Observations**	**Indexations BSV**				**Indexations BVX**	
												BSOLV	**BSGFV**	**BSMysV**	**BSImV**	**DB**	**IC**
11,01	Féfé	**0,61°37,029**	**16°03,695**	**344m**	gue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 1	-	-	-	-	-	-
11,02	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 1	+	-	-	-	-	-
11,03	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 1	-	-	-	-	-	-
11,04	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 1	-	-	-	-	-	-
11,05	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 1	-	-	-	-	-	-
11,06	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 1	-	-	-	-	-	-
11,07	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
11,08	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 2	-	-	-	-	-	-
11,09	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 2	-	-	-	-	-	-
11,10	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 2	-	-	-	-	-	-
11,11	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 2	-	-	-	-	-	-
11,12	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 3	-	-	-	-	-	-
11,13	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 3	-	-	-	-	-	-
11,14	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 4	-	-	-	-	-	-
11,15	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 4	-	-	-	-	-	-
11,16	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 4	-	-	-	-	-	-
11,17	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 4	-	-	-	-	-	-
11,18	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 5	-	-	-	-	-	-
11,19	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 5	-	-	-	-	-	-
11,20	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 5	-	-	-	-	-	-
11,21	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 6	-	-	-	-	-	-
11,22	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 6	-	-	-	-	-	-
11,23	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 6	-	-	-	-	-	-
11,24	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 6	-	-	-	-	-	-
11,25	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 6	-	-	-	-	-	-
11,26	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 7	-	-	-	-	-	-
11,27	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 7	-	-	-	-	-	-

11,28	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 7	-	-	-	-	-	-
11,29	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 7	-	-	-	-	-	-
11,30	Féfé				Figue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
11,31	Féfé				Plantain	AAB	-	-	-	-	touffe 8	-	+	+	-	-	-
11,32	Féfé				Plantain	AAB	-	-	-	-	touffe 8	-	-	-	-	-	-
11,33	Féfé				Plantain	AAB	-	-	-	-	touffe 8	-	+	-	-	-	-
11,34	Féfé				Plantain	AAB	-	-	-	-	touffe 8	-	+	-	-	-	-
11,35	Féfé				Plantain	AAB	-	-	-	-	touffe 8	-	-	-	-	-	-
11,36	Féfé				Plantain	AAB	-	-	-	-	touffe 8	-	-	+	-	-	-
11,37	Féfé				Plantain	AAB	-	-	-	-	touffe 9	-	-	+	-	-	-
11,38	Féfé				Plantain	AAB	-	-	-	-	touffe 9	-	-	-	-	-	-
11,39	Féfé				Plantain	AAB	-	-	-	-	touffe 9	-	+	-	-	-	-
11,40	Féfé				Plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
11,41	Féfé				Plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	+	-	-	-
11,42	Féfé				Plantain	AAB	-	-	-	-		-	+	+	-	-	-
11,43	Féfé				Plantain	AAB	-	-	-	-		-	+	+	-	-	-
11,44	Féfé				Plantain	AAB	-	-	-	-		-	+	+	-	-	-
11,45	Féfé				Plantain	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
11,46	Féfé				Plantain	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
11,47	Féfé				Plantain	AAB	-	-	-	-	touffe 10	-	+	+	-	-	-
11,48	Féfé				Plantain	AAB	-	-	-	-	touffe 10	-	+	+	-	-	-
11,49	Féfé				Plantain	AAB	-	-	-	-	touffe 11	-	+	-	-	-	-
11,50	Féfé				Plantain	AAB	-	-	-	-	touffe 11	-	-	-	-	-	-
11,51	Féfé				Plantain	AAB	-	-	-	-	touffe 12	-	-	+	-	-	-
11,52	Féfé				Plantain	AAB	-	-	-	-	touffe 12	-	+	-	-	-	-
11,53	Féfé				Plantain	AAB	-	-	-	-	touffe 12	-	+	+	-	-	-
11,54	Féfé				Plantain	AAB	-	-	-	-		-	+	+	-	-	-
11,55	Féfé				Plantain	AAB	-	-	-	-	touffe 13	-	-	+	-	-	-
11,56	Féfé				Plantain	AAB	-	-	-	-	touffe 13	-	+	+	-	-	-
11,57	Féfé				Plantain	AAB	-	-	-	-	touffe 14	-	-	+	-	-	-
11,58	Féfé				Plantain	AAB	-	-	-	-	touffe 14	-	-	+	-	-	-
11,59	Féfé				Plantain	AAB	-	-	-	-	touffe 14	-	+	-	-	-	-
11,60	Féfé				Plantain	AAB	-	-	-	-	touffe 14	-	+	-	-	-	-
11,61	Féfé	**0,61°34,982**	**16°02,113**	**89m**	igue sucré	AAA	-	-	-	-	touffe 15	-	-	-	-	-	-
11,62	Féfé				Figue sucré	AAA	-	-	-	-	touffe 15	-	-	-	-	-	-
11,63	Féfé				Figue sucré	AAA	-	-	-	-	touffe 16	-	-	-	-	-	-
11,64	Féfé				Figue sucré	AAA	-	-	-	-	touffe 16	-	-	-	-	-	-
11,65	Féfé				Figue sucré	AAA	-	-	-	-	touffe 16	-	-	-	-	-	-
	Bilan	**9 plantains positifs BSGFV**															
		7 plantains positifs BSMysV															
		9 plantains positifs BSGFV+BSMysV															
		1 figue pomme postif BSOlV															

Echantillon	lieu de prélèvement	Longitude (ouest)	Latitude (nord)	Altitude	variété	Génotype	CMV	cerco	cochenilles	Symptômes	Observations	Indexations BSV				Indexations BVX	
												BSOLV	BSGFV	BSMysV	BSImV	DB	IC
12,01	Creole beach	**0,61°30,265**	**16°12,390**	**1m**	igue pomm	AAB	+	-	-	-	touffe 1 lot 1	+	-	-	-	-	-
12,02	Creole beach				Figue pomm	AAB	+	-	-	-	touffe 1 lot 1	+	-	+	-	-	-
12,03	Creole beach				Figue pomm	AAB	+	-	-	-	touffe 2 lot 1	+	-	+	-	-	-
12,04	Creole beach				Figue pomm	AAB	+	-	-	-	touffe 2 lot 1	-	-	+	-	-	-
12,05	Creole beach				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	à coté du lot 1	-	-	-	-	-	-
12,06	Creole beach				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	à coté du lot 1	+	-	-	-	-	-
12,07	Creole beach				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 3	-	-	-	-	-	-
12,08	Creole beach				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 3	-	-	-	-	-	-
12,09	Creole beach				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 3	-	-	-	-	-	-
12,10	Creole beach				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 3	-	-	-	-	-	-
12,11	Creole beach				Figue pomm	AAB	++	-	-	-	touffe 2 lot 1	+	-	-	-	-	-
12,12	Creole beach				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 2 lot 1	+	-	-	-	-	-
12,13	Creole beach				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 4	-	-	-	-	-	-
12,14	Creole beach				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 4	-	-	-	-	-	-
12,15	Creole beach				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 4	-	-	-	-	-	-
12,16	Creole beach				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 4	-	-	-	-	-	-
12,17	Creole beach				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 4	-	-	-	-	-	-
12,18	Creole beach				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 5	-	-	-	-	-	-
12,19	Creole beach				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 5	-	-	-	-	-	-
12,20	Creole beach				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 5	-	-	-	-	-	-
12,21	Creole beach				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 5	-	-	-	-	-	-
12,22	Creole beach				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 5	-	-	-	-	-	-
12,23	Creole beach				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 6	+	-	-	-	-	-
12,24	Creole beach				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 6	-	-	-	-	-	-
12,25	Creole beach				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 6	-	-	-	-	-	-
12,26	Creole beach				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 6	-	-	-	-	-	-
12,27	Creole beach				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 6	-	-	-	-	-	-

12,28	Creole beach				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 6	-	-	-	-	-	-
12,29	Creole beach				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 6	-	-	-	-	-	-
12,30	Creole beach				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 6	-	-	-	-	-	-
	Bilan	**5 Figue Pomme postifs BSOIV**															
		1 Figue Pomme positif BSMysV															
		2 Figue Pomme positifs BSOIV+BSMysV															
Echantillon	**lieu de prélèvement**	**Longitude (ouest)**	**Latitude (nord)**	**Altitude**	**variété**	**Génotype**	**CMV**	**cerco**	**cochenilles**	**Symptômes**	**Observations**	**Indexations BSV**				**Indexations BVX**	
												BSOLV	**BSGFV**	**BSMysV**	**BSImV**	**DB**	**IC**
13,01	Fonds cacao	**0,61°35,489**	**16°02 150**	**126m**	plantain	AAB	-	-	+	-	touffe 1	-	+	-	-		
13,02	Rte de bord bois				plantain	AAB	-	-	+	-	touffe 1	-	+	-	-		
13,03	Rte de bord bois				plantain	AAB	-	-	+	-	touffe 1	-	-	-	-		
13,04	Rte de bord bois				plantain	AAB	-	-	+	-	touffe 1	-	+	-	-		
13,05	Rte de bord bois				plantain	AAB	-	-	+	-	touffe 1	-	-	-	-		
13,06	Rte de bord bois				plantain	AAB	-	-	+	-	touffe 1	-	-	-	-		
13,07	Rte de bord bois				plantain	AAB	-	-	+	-	touffe 1	-	+	-	-		
13,08	Rte de bord bois				plantain	AAB	-	-	+	-	touffe 2 à coté de 1	-	-	-	-		
13,09	Rte de bord bois				plantain	AAB	-	-	+	-	touffe 2 à coté de 1	-	-	-	-		
13,10	Rte de bord bois				plantain	AAB	-	-	+	-	touffe 2 à coté de 1	-	-	-	-		
13,11	Rte de bord bois				plantain	AAB	-	-	+	-	touffe 2 à coté de 1	-	-	-	-		
13,12	Rte de bord bois				plantain	AAB	-	-	+	-	touffe 3 à coté	-	-	-	-		
13,13	Rte de bord bois				plantain	AAB	-	-	+	-	touffe 3 à coté	-	-	-	-		
13,14	Rte de bord bois				plantain	AAB	-	-	+	-	touffe 3 à coté	-	-	-	-		
13,15	Rte de bord bois				plantain	AAB	-	-	+	-		-	-	-	-		
13,16	Rte de bord bois				plantain	AAB	-	-	+	-		-	-	-	-		
13,17	Rte de bord bois				plantain	AAB	-	-	+	-		-	-	-	-		
13,18	Rte de bord bois				plantain	AAB	-	-	+	-		-	-	-	-		
13,19	Rte de bord bois				cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,20	Rte de bord bois				cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,21	Rte de bord bois				cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,22	Rte de bord bois				cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,23	Rte de bord bois				cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,24	Rte de bord bois				cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,25	Rte de bord bois				cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,26	Rte de bord bois				cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,27	Rte de bord bois				cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,28	Rte de bord bois				cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,29	Rte de bord bois				cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,30	Rte de bord bois				cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,31	Rte de bord bois				cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,32	Rte de bord bois				cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,33	Rte de bord bois				cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,34	Rte de bord bois				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,35	Rte de bord bois				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,36	Rte de bord bois				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,37	Rte de bord bois				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,38	Rue cacoville			161m	plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,39	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,40	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,41	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,42	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,43	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,44	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,45	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,46	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	+	
13,47	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,48	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,49	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,50	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,51	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,52	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	+	-	touffe 4	-	-	-	-		
13,53	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	+	-	touffe 4	-	-	-	-		
13,54	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	+	-	touffe 4	-	-	-	-	+	
13,55	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	+	-	touffe 4	-	-	-	-		
13,56	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	+	-	touffe 5 à coté	-	-	-	-		
13,57	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	+	-	touffe 5 à coté	-	-	-	-		
13,58	Rue cacoville				plantain	AAB	+	-	-	??	nt plus jeunes à coté de	-	-	-	-		
13,59	Rue cacoville				plantain	AAB	+	-	-	??		-	-	-	-		
13,60	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,61	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,62	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,63	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,64	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,65	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		

13,66	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-		
13,67	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-		
13,68	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		+
13,69	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,70	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,71	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,72	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		+	-	-	-		
13,73	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,74	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	+	+	-		
13,75	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,76	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,77	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,78	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,79	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,80	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,81	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,82	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,83	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,84	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,85	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,86	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,87	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,88	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,89	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
13,90	Rue cacoville				plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-		
	Bilan	**6 plantains positifs BSGFV**															
		1 plantain positif BSOL V															
		1 plantain positif BSGFV+BSOLV															
		3 plantains positifs BVX															
Echantillon	**lieu de prélèvement**	**Longitude (ouest)**	**Latitude (nord)**	**Altitude**	**variété**	**Génotype**	**CMV**	**cerco**	**cochenilles**	**Symptômes**	**Observations**	**Indexations BSV**				**Indexations BVX**	
												BSOLV	**BSGFV**	**BSMysV**	**BSImV**	**DB**	**IC**
14,01	Lafitte	**0,61°37,254**	**15°59,667**	**245m**	gue pomm	AAB	-	-	+	-	même touffe	-	-	-	-	-	-
14,02					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	même touffe	-	-	-	-	-	-
14,03					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	même touffe	-	-	-	-	-	-
14,04					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	même touffe	-	-	-	-	-	-
14,05					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	même touffe	-	-	-	-	-	-
14,06					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	même touffe	+	-	-	-	-	-
14,07					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	même touffe	-	-	-	-	-	-
14,08					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	même touffe	-	-	-	-	-	-
14,09					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	même touffe	-	-	-	-	-	-
14,10					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	même touffe	-	-	-	-	-	-
14,11					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	même touffe	-	-	-	-	-	-
14,12					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	même touffe	-	-	-	-	-	-
14,13					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	même touffe	-	-	-	-	-	-
14,14	Lafitte	**0,61°37,302**	**15°59,869**	**251m**	Plantain	AAB	-	-	-	-	Touffe 1	-	-	-	-	-	-
14,15					Plantain	AAB	-	-	-	-	Touffe 1	-	-	-	-	-	-
14,16					Plantain	AAB	-	-	-	-	Touffe1	-	-	-	-	-	-
14,17					Plantain	AAB	-	-	-	-	Touffe 1	+	+	+	-	-	-
14,18					Plantain	AAB	-	-	-	-	Touffe 2	-	-	-	-	-	-
14,19					Plantain	AAB	-	-	-	-	Touffe 2	-	-	-	-	-	-
14,20					Plantain	AAB	-	-	-	-	Touffe 2	-	+	-	-	-	-
14,21					Plantain	AAB	-	-	-	-	Touffe 2	-	+	-	-	-	-
14,22					Plantain	AAB	-	-	-	-	Touffe 3	-	+	-	-	-	-
14,23					Plantain	AAB	-	-	-	-	Touffe 3	-	+	-	-	-	-
14,24					Plantain	AAB	-	-	-	-	Touffe 3	-	+	-	-	-	-
14,25					Plantain	AAB	-	-	-	-	Touffe 3	-	+	-	-	-	-
14,26					Plantain	AAB	-	-	-	-	Touffe 3	-	+	-	-	-	-
14,27					Plantain	AAB	-	-	-	-	Touffe 3	-	+	-	-	-	-
14,28					Plantain	AAB	-	-	-	-	Touffe 3	-	+	-	-	-	-
14,29					Plantain	AAB	-	-	+	-	Touffe 4	-	+	-	-	-	-
14,30					Plantain	AAB	-	-	+	-	Touffe 4	-	+	-	-	-	-
14,31					Plantain	AAB	-	-	+	-	Touffe 4	-	-	-	-	-	-
14,32					Plantain	AAB	-	-	+	-	Touffe 4	-	+	-	-	-	-
14,33					Plantain	AAB	-	-	+	-	Touffe 4	-	+	-	-	-	-
14,34					Plantain	AAB	-	-	+	-	Touffe 5	-	+	-	-	-	-
14,35					Plantain	AAB	-	-	+	-	Touffe 5	+	-	-	-	-	-
14,36					Plantain	AAB	-	-	+	-	Touffe 6	-	+	-	-	-	-
14,37					Plantain	AAB	-	-	+	-	Touffe 6	-	+	-	-	-	-
14,38					Plantain	AAB	-	-	+	-	Touffe 6	-	+	-	-	-	-
14,39					Plantain	AAB	-	-	+	-	Touffe 6	-	-	-	-	-	-
14,40					Plantain	AAB	-	-	+	-	Touffe 6	-	-	-	-	-	-
14,41					Plantain	AAB	-	-	+	-	Touffe 7	-	+	-	-	-	-
14,42					Plantain	AAB	-	-	+	-	Touffe 7	-	+	-	-	-	-

14,43					Plantain	AAB	-	-	+	-	Touffe 8	-	+	-	-	-	-
14,44					Plantain	AAB	-	-	+	-	Touffe 8	-	+	-	-	-	-
14,45					Plantain	AAB	-	-	+	-	Touffe 8	-	+	-	-	-	-
14,47					Plantain	AAB	-	-	+	-	Touffe 9	-	-	-	-	-	-
14,48					Plantain	AAB	-	-	+	-	Touffe 9	-	-	-	-	-	-
14,49					Plantain	AAB	-	-	+	-	Touffe 9	-	-	-	-	-	-
14,50					Plantain	AAB	-	-	+	-	Touffe 10	-	+	-	-	-	-
14,51					Plantain	AAB	-	-	+	-	Touffe 10	-	+	-	-	-	-
14,52	Lafitte	**0,61°37,110**	**15°59,701**	**236m**	Plantain	AAB	-	-	+	-	Beaucoup de coch	-	+	-	-	-	-
14,53					Plantain	AAB	-	-	+	-		-	+	-	-	-	-
14,54					Plantain	AAB	-	-	+	-		-	+	-	-	-	-
14,55					Plantain	AAB	-	-	+	-		-	+	-	-	-	-
14,56					Plantain	AAB	-	-	+	-		-	+	-	-	-	-
14,57					Plantain	AAB	-	-	+	-		-	+	-	-	-	-
14,58					Plantain	AAB	-	-	+	-		-	+	-	-	-	-
14,59					Plantain	AAB	-	-	+	-		-	+	-	-	-	-
14,60					Plantain	AAB	-	-	+	-		-	+	-	-	-	-
14,61					Plantain	AAB	-	-	+	-		-	-	-	-	-	-
14,62					Plantain	AAB	-	-	+	-		-	+	-	-	-	-
14,63					Plantain	AAB	-	-	+	-		-	-	-	-	-	-
14,64					Plantain	AAB	-	-	+	-		-	+	-	-	-	-
14,65					Plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
14,66					Plantain	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
14,67					Plantain	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
14,68					Plantain	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
14,69					Plantain	AAB	-	-	-	-		+	+	+	-	-	-
14,70					Plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
14,71					Plantain	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
14,72					Plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
14,73					Plantain	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
14,74					Plantain	AAB	-	-	-	-		-	+	-	-	-	-
14,75					Plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
	Bilan	**41 plantains postifs BSGFV**															
		1 plantain positif BSOIV															
		2 plantains positifs BSGFV+BSOIV+BSMysV															
		1 Figue pomme positif BSOIV															

Echantillon	lieu de prélèvement	Longitude (ouest)	Latitude (nord)	Altitude	variété	Génotype	CMV	cerco	cochenilles	Symptômes	Observations	Indexation BSV				Indexations BVX	
												BSOLV	BSGFV	BSMysV	BSImV	DB	IC
15,01	Bord de rte	**0,61°27,202**	**16°20,767**	**4m**	gue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 1	-	-	-	-	-	-
15,02					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 1	-	-	-	-	-	-
15,03					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 1	-	-	-	-	-	-
15,04					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 1	-	-	-	-	-	-
15,05					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 1	-	-	-	-	-	-
15,06					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 1	-	-	-	-	-	-
15,07	Entre Bazin et Mangles	**0,61°27,381**	**16°21,169**	**8m**	gue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 2	-	-	-	-	-	-
15,08					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 2	-	-	-	-	-	-
15,09					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 2	-	-	-	-	-	-
15,10					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 2	-	-	-	-	-	-
15,11					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 3	-	-	-	-	-	-
15,12					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 3	-	-	-	-	-	-
15,13					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 3	-	-	-	-	-	-
15,14					Figue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,15					Figue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,16					Figue pomm	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,17	Entre Bazin et Mangles	**0,61°27,542**	**16°23,288**	**42m**	gue pomm	AAB	-	-	-	-	Touffe 4	-	-	-	-	-	-
15,18					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	Touffe 4	-	-	-	-	-	-
15,19					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	Touffe 4	-	-	-	-	-	-
15,20					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	Touffe 4	-	-	-	-	-	-
15,21					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	Touffe 4	-	-	-	-	-	-
15,22					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	Touffe 4	-	-	-	-	-	-
15,23					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	Touffe 4	-	-	-	-	-	-
15,24					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	Touffe 5	-	-	-	-	-	-
15,25					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	Touffe 5	-	-	-	-	-	-
15,26					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	Touffe 5	-	-	-	-	-	-
15,27	Beauplan	**0,61°27,868**	**16°24,490**	**26m**	Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,28					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,29					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,30					Cav	AAA	-	-	+	-		-	-	-	-	-	-
15,31					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,32					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,33					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,34					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,35					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-

15,36					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,37					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,38					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,39					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,40					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,41	Pelletan	**0,61°27,515**	**16°25,271**	**17m**	Cav	AAA	-	-	+	-		-	-	-	-	-	-
15,42					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,43					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,44					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,45					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,46					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,47					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,48					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,49					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,50					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,51	Pelletan	**0,61°27,403**	**16°25,429**	**16m**	igue pomm	AAB	-	-	-	-	Touffe 6	-	-	-	-	-	-
15,52					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	Touffe 6	-	-	-	-	-	-
15,53					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	Touffe 6	-	-	-	-	-	-
15,54					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	Touffe 6	-	-	-	-	-	-
15,55					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	Touffe 6	-	-	-	-	-	-
15,56	Rte de Ste Geneviève	**0,61°25,496**	**16°24,163**	**45m**	igue sucré	AAA	-	-	+	-		-	-	-	-	-	-
15,57					Figue sucré	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,58					Figue sucré	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,59					Figue sucré	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,60					Figue sucré	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,61	Ste Geneviève	**0,61°25,958**	**16°24,177**	**35m**	Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,62					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,63					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,64					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,65					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,66					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,67					Cav	AAA	-	-	-	-		+	-	-	-	-	-
15,68					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,69					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,70					Cav	AAA	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,71	Ste Geneviève	**0,61°26,316**	**16°24,037**	**28m**	igue sucré	AAA	-	-	-	-	parcelle irriguée	-	-	-	-	-	-
15,72					Figue sucré	AAA	-	-	-	-	parcelle irriguée	-	-	-	-	-	-
15,73					Figue sucré	AAA	-	-	-	-	parcelle irriguée	-	-	-	-	-	-
15,74					Figue sucré	AAA	-	-	-	-	parcelle irriguée	-	-	-	-	-	-
15,75					Figue sucré	AAA	-	-	-	-	parcelle irriguée	-	-	-	-	-	-
15,76	A coté de parcelle				Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 7	-	-	-	-	-	-
15,77					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 7	-	-	-	-	-	-
15,78					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 7	-	-	-	-	-	-
15,79					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 8	-	-	-	-	-	-
15,80					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 8	-	-	-	-	-	-
15,81					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 8	-	-	-	-	-	-
15,82					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 9	-	-	-	-	-	-
15,83					Figue pomm	AAB	-	-	-	-	touffe 9	-	-	-	-	-	-
15,84	Rte Neufchateau	**0,61°34,221**	**16°05,280**	**55m**	Plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,85					Plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,86					Plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,87					Plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,88					Plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,89					Plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,90					Plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,91					Plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,92					Plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,93					Plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,94					Plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
15,95					Plantain	AAB	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-
	BILAN	**1 cavendish positif BSOLV**															