

Caractérisation moléculaire des séquences intégrées du *Banana streak virus* (BSV) dans le génome du bananier.

**Matthieu CHABANNES<sup>1</sup>, Franc-Christophe BAURENS<sup>2</sup>, Philippe GAYRAL<sup>1</sup>, Nathalie Laboureau, Pierre-Olivier Duroy, Marie-Line ISKRA- CARUANA<sup>1</sup>.**

<sup>1</sup> CIRAD, UMR BGPI, F-34398 Montpellier Cedex 5.

<sup>2</sup> CIRAD, UMR DAP, F-34398 Montpellier Cedex 5.

Le génome de la banana (*Musa* sp.) possède des intégrations de plusieurs espèces du virus de la mosaïque en tiret du bananier (BSV), intégrations résultant probablement de recombinaison homologue entre le génome du bananier et celui du virus. De façon surprenante, ce pararétrovirus ne nécessite pas d'étape d'intégration pour effectuer son cycle de réplication. Certaines de ces intégrations, seulement présentes dans le génome *Musa balbisiana* (noté B) sont infectieuses c'est à dire qu'elles sont capables sous certaines conditions de stress de produire des particules virales circulaires fonctionnelles à l'origine de l'infection systémique de la plante. A ce jour, quatre espèces de BSV (Goldfinger -BSGFV, Imové - BSimV, Mysore - BSMysV and Obino l'Ewai - BSOLV) sont trouvées intégrées dans le génome B du bananier dont trois d'entre elles (BSGFV, BSimV et BSOLV) sont infectieuses (eBSV) (Gayral et al., 2008, Iskra-Caruana et al., 2010, Baurens et al., non publié). Afin d'étudier et de comprendre les mécanismes d'activation et d'expression de ces intégrations virales, nous avons entrepris leur caractérisation moléculaire via l'utilisation d'une banque BAC issue du bananier sauvage diploïde *M. balbisiana* cv. Pisang Klutuk Wulung (PKW) qui contient les quatre espèces de BSV décrites ci dessus. De plus, nous avons déterminé le nombre d'intégration de chacune de ces espèces et leur nature infectieuse grâce à l'utilisation d'une population F1 issue d'un croisement interspécifique utilisant PKW comme parent femelle. Nous avons ainsi pu démontrer récemment que les trois intégrations BSGFV, BSimV et BSOLV présentent une organisation assez similaire puisque chacune d'entre elles résultent d'un seul événement d'intégration avec deux allèles de structure très réarrangée mais dont l'un deux possèdent au moins une fois le génome viral en totalité. Contrairement aux trois autres espèces BSV, l'intégration BSMysV qui n'est pas infectieuse, présente deux intégrations différentes hemizygotes à deux loci indépendants. Dans un avenir proche, nous prévoyons de développer la technique de FISH (Fluorescence In Situ Hybridization) afin de pouvoir déterminer la localisation chromosomique de chacune des intégrations pour les différentes espèces de BSV.

Gayral P., Noa-Carrazana J.-C., Lescot M., Lheureux F., Lockhart B.E.L., Matsumoto T., Piffanelli P., Iskra-Caruana M.-L. (2008) - A Single *Banana Streak Virus* Integration Event in the Banana Genome as the Origin of Infectious Endogenous Pararetrovirus. *Journal of Virology*, 82: 6697-6710.

Iskra-Caruana M.-L., Baurens F.C., Gayral P. and Chabannes M. (2010) - A Four-Partner Plant Virus Interaction: Enemies Can Also Come from Within. *Molecular Plant Microbe Interaction*, 23(11):1394-402.