

## A NEXT GENERATION SEQUENCING APPROACH TO ELUCIDATE CSSV SPECIES PROFILES

Emmanuelle MULLER

Andrew Wetten, Joel Allainguillaume, Francis Abrokwah, Koffié Kouakou, Henry K. Dzahini-Obiatey  
Centre de coopération International en Recherche Agronomique pour le Développement (CIRAD)

### Abstract

Cacao swollen shoot virus (CSSV) is a member of the family Caulimoviridae, genus Badnavirus and is naturally transmitted to *Theobroma cacao* by several mealybug species. The virus is restricted to West Africa, while the cacao tree originates from the Americas, and has therefore most probably an indigenous origin on the West African subcontinent. The resultant disease has caused enormous economic damage in Ghana since the 1930's but was restricted to small areas in Togo and Côte d'Ivoire until recently. Now, renewed outbreaks in the main producing areas in Côte d'Ivoire, Ghana and Togo, cause serious yield losses and tree death. CSSV populations in West African countries are genetically structured into several different groups according to the diversity in the first part of ORF3 corresponding to the movement protein. To unravel the extent of isolate diversity we used Illumina HiSeq technology and reconstructed 21 new complete genomes corresponding to the different groups of CSSV sequences. In this way we were able to compare the partial sequences of the RTase region (recognised as the taxonomical region by ICTV using a 20% threshold of nucleotide divergence to denote separate species), and thereby identifying nine different CSSV species. These results will now be used to improve the detection of all badnaviruses present in cacao leaf samples, a vital tool in efforts to halt the spread of the disease and confirm the healthy status of new plantations.

### Résumé

Le virus de la tige enflammée du cacao (CSSV par ses sigles en anglais) est un membre de la famille Caulimoviridae, genre Badnavirus et est transmis naturellement au cacao *Theobroma* par plusieurs espèces de cochenilles. Le virus est restreint en Afrique occidentale, tandis que l'arbre du cacao est originaire des Amériques, pouvant donc trouver ses origines dans les tribus indigènes du sous-continent d'Afrique occidentale. La maladie qui en résulte a causé de grands dommages économiques au Ghana depuis la décennie de 1930, mais s'est limitée jusqu'à récemment à de petites zones au Togo et en Côte d'Ivoire. Aujourd'hui, les nouveaux accès dans les principales zones productrices de Côte d'Ivoire, Ghana et Togo causent de graves pertes de rendement et la mort des arbres. Les populations de CSSV dans les pays d'Afrique occidentale sont génétiquement structurées dans plusieurs groupes différents selon la diversité dans la première partie d'ORF3 correspondante à la protéine du mouvement. Pour élucider l'extension de la diversité d'isolats, nous avons utilisé la technologie Illumina HiSeq et nous avons reconstruit 21 nouveaux génomes complets correspondant aux différents types de séquences de CSSV. Ainsi, nous avons pu comparer les séquences partielles de la région de RTase (reconnue comme la région taxonomique par ICTV en utilisant un seuil de 20% de divergence de nucléotides pour indiquer des espèces séparées) et par conséquent, repérer neuf nouvelles espèces différentes de CSSV. Ces résultats seront maintenant utilisés afin d'améliorer la détection de tous les badnavirus présents dans les échantillons de feuilles de cacao, un outil vital dans les efforts pour arrêter la propagation de la maladie et confirmer l'état sain des nouvelles plantations.

### Resumen

El virus del tallo inflamado de cacao (CSSV por sus siglas en inglés) es un miembro de la familia Caulimoviridae, género Badnavirus y es transmitido naturalmente a *Theobroma cacao* por varias especies de cochinilla. El virus está restringido a África occidental, mientras

que el árbol de cacao se origina en las Américas y, por lo tanto, es muy probable que tenga un origen indígena en el subcontinente de África occidental. La enfermedad resultante ha causado un enorme daño económico en Ghana desde la década de 1930, pero se limitó a áreas pequeñas en Togo y Costa de Marfil hasta hace poco. Ahora, los nuevos brotes en las principales áreas productoras de Costa de Marfil, Ghana y Togo causan graves pérdidas de rendimiento y la muerte de los árboles. Las poblaciones de CSSV en los países de África occidental están genéticamente estructuradas en varios grupos diferentes según la diversidad en la primera parte de ORF3 correspondiente a la proteína del movimiento. Para desentrañar la extensión de la diversidad de aislamientos, utilizamos la tecnología Illumina HiSeq y reconstruimos 21 nuevos genomas completos correspondientes a los diferentes grupos de secuencias de CSSV. De esta forma, pudimos comparar las secuencias parciales de la región de RTase (reconocida como la región taxonómica por ICTV usando un umbral del 20% de divergencia de nucleótidos para indicar especies separadas), y por lo tanto identificar nueve especies diferentes de CSSV. Estos resultados se usarán ahora para mejorar la detección de todos los badnavirus presentes en las muestras de hojas de cacao, una herramienta vital en los esfuerzos por detener la propagación de la enfermedad y confirmar el estado saludable de las nuevas plantaciones.



**MARS**



**PERÚ**

Ministerio  
de Agricultura y Riego

**International  
Symposium**  
on Cocoa  
Research

2017

**BOOKLET  
OF ABSTRACTS**



**LIVRET  
DES RÉSUMÉS**



**FOLLETO  
DE RESUMENES**

**13-17 November 2017, Swissôtel, Lima, Peru**



INTERNATIONAL COCOA ORGANIZATION



[icco.org/iscr2017](http://icco.org/iscr2017)



 [icco.org/iscr2017](http://icco.org/iscr2017)