

# Acte de conférences



10<sup>ème</sup> édition du congrès

**28 et 29 mai 2018**

## Étude de la diversité des virus des plantes conservés dans les herbiers

Romain Delattre, Charlotte Julian, Emmanuel Fernandez, Denis Filloux et Philippe Roumagnac

**BGPI**, INRA, Cirad, Montpellier SupAgro, Campus International de Baillarguet, 34398, Montpellier Cedex 5, France

*Mots-clés : Paléovirologie, Métagénomique, Herbarier*

Depuis 1960, les émergences des maladies de plantes ont drastiquement augmenté avec l'intensification de l'agriculture, du transport des humains et des plantes et les changements environnementaux. Dans ce nouveau contexte géo-économique et avec l'augmentation des populations mondiales, l'étude et la modélisation des paramètres d'émergence des maladies permettent de mieux comprendre les émergences contemporaines mais aussi d'anticiper de nouvelles émergences. Des études récentes ont montré que des acides nucléiques viraux plus ou moins intacts pouvaient être présents dans des échantillons issus de collections d'herbiers. L'identification de virus conservés dans ces collections d'herbiers apparaît donc primordiale afin d'estimer l'origine des virus contemporains en nous renseignant sur la diversité virale passée et en datant les événements de divergence des principaux groupes viraux isolés de nos jours. Notre travail de recherche s'appuiera sur des techniques moléculaire et bio-informatiques de métagénomique afin d'identifier sans a priori des acides nucléiques viraux « fossiles » à partir d'échantillons végétaux anciens conservés dans des herbiers, de reconstituer leur phylogénie et si possible, de reconstituer leurs génomes et de les corrélés avec les lignées virales actuelles.

Since 1960, the emergence of plant diseases has drastically increased with the intensification of agriculture, human and plant transportation and environmental change.

Within this new geo-economic context and with the increase of world populations, the study and the modeling of the disease emergence parameters make it possible to better understand the contemporary emergences but also to anticipate new emergences. While recent studies have revealed that viral nucleic acids can still be detectable from plant herbarium specimens, the identification of viruses preserved in these herbarium is doable, which will be the first step towards estimating the origin of contemporary viruses by informing us about past viral diversity and by dating today's main isolated viral groups' divergence. Our research work will be based on molecular and bioinformatic metagenomic techniques in order to identify "fossil" viral nucleic acids from old plant samples preserved in herbarium without a priori, to reconstitute their phylogeny and, if possible, reconstruct their genomes and correlate them with current viral lineages.