Métagénome phytoviral des Iles Kerguelen, vers un inventaire exhaustif des phytovirus dans un écosystème simplifié

Armelle Marais, Chantal Faure, Yec'Han Laizet, Laurence Svanella-Dumas, Salma Arous, Maurice Hulle, Thierry T. Candresse

▶ **To cite this version:**

Armelle Marais, Chantal Faure, Yec'Han Laizet, Laurence Svanella-Dumas, Salma Arous, et al.. Métagénome phytoviral des Iles Kerguelen, vers un inventaire exhaustif des phytovirus dans un écosystème simplifié. 13. Rencontres de virologie végétale, Jan 2011, Aussois, France. p. 34. hal-02748582

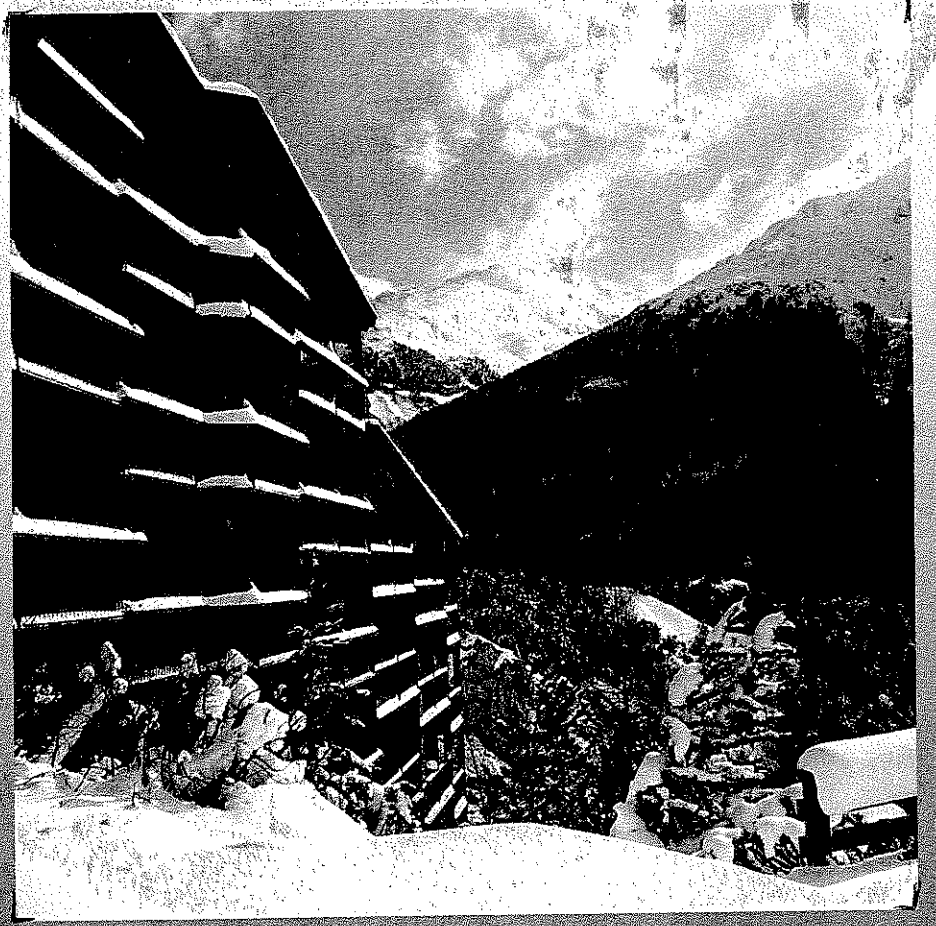
HAL Id: hal-02748582
https://hal.inrae.fr/hal-02748582

Submitted on 3 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

RVV 13èmes rencontres de virologie végétale



Aussois du 16 au 20 janvier 2011

SFP Société Française de Phytopathologie

INRA Institut National de la Recherche Agronomique

Métagénome phytoviral des Iles Kerguelen, vers un inventaire exhaustif des phytovirus dans un écosystème simplifié

Armelle MARAIS[1], Chantal FAURE[1], Yec'Han LAIZET[1], Laurence SVANELLA-DUMAS[1], Salma AROUS[1], Carole COUTURE[1], Maurice HULLE[2] et Thierry CANDRESSE[1]

[1] UMR GDPP, INRA, Université Bordeaux 2, BP 81, 33883 Villenave d'Ornon, France
[2] UMR BiO3P, INRA, Agrocampus Ouest - Université de Rennes 1, Le Rheu, France

Les études de métagénomique actuellement en cours concernent pour l'essentiel le monde bactérien. Parmi les études réalisées sur le métagénome viral, seules une ou deux concernent les virus de plantes, alors même que la connaissance de la diversité globale des virus phytopathogènes dans un milieu donné aurait des retombées importantes dans les domaines de la taxonomie, de l'écologie virale et, potentiellement, pour la compréhension de l'évolution virale et des maladies émergentes.

Dans le cadre du projet ANR EVINCE (Vulnerability of native communities to invasive insects and climate change in sub-Antarctic islands), nous avons entrepris la description du métagénome phytoviral des Iles Kerguelen, un écosystème contraignant, caractérisé par une faune et une flore paucispécifiques, et dans lequel les introductions liées à la fréquentation humaine (plantes, insectes…) sont limitées, inventoriées et suivies. Ce milieu apparaît en particulier comme un environnement modèle pour établir un « état de base » de la diversité virale dans un milieu simplifié, peu perturbé, ayant peu de contact avec l'agriculture, et pour estimer l'impact de l'introduction de plantes ou d'insectes vecteurs sur la diversité des populations virales.

Deux approches ont été suivies : l'une, généraliste, basée sur l'analyse par séquençage classique ou pyroséquençage des ARN double brin extraits de plantes natives ou introduites présentant ou non des symptômes; l'autre plus ciblée mettant en œuvre des tests de détection polyvalents, ciblant divers genres viraux.

Les résultats montrent la présence sur des espèces endémiques et/ou introduites, de virus connus et, majoritairement, de virus jusqu'alors inconnus. Ces données suggèrent de possibles introductions virales aux Iles Kerguelen mais aussi potentiellement une transmission entre plantes par des pucerons vecteurs (eux-mêmes introduits) d'au moins un virus introduit. Les données du pyroséquençage mettent en évidence la présence de très nombreux virus à ARN double brin (96% des contigs) dont le statut (virus de plantes ou virus de champignons contaminant les plantes analysées) n'est pas encore clarifié. Une sous-représentation des virus transmis par vecteurs aériens au profit de virus transmis par le sol pourrait représenter un impact sur le métagénome viral des particularités de l'écosystème des Iles Kerguelen.

Ces premières données montrent également qu'il est aujourd'hui envisageable de décrire la biodiversité phytovirale dans un écosystème, en préalable à l'étude de l'impact des phytovirus sur la structure et l'évolution des populations végétales.