

Thèse de doctorat

Diversité génétique, Evolution et Dissémination des bégomovirus africains dans les îles du sud-ouest de l'océan Indien

Alexandre De Bruyn

Soutenance le 10 septembre 2014, 14H00 à l'IUT de Saint-Pierre

Composition du jury :

1- Rapporteur : Dr HDR **Stéphane Blanc** (Responsable de l'équipe Interactions Virus-Insecte-Plante (VIP), UMR BGPI INRA-CIRAD-SupAgro, blanc@supagro.inra.fr)

2- Rapporteur : Dr HDR **Thierry Candresse** (Responsable de l'équipe de Virologie et Directeur de l'UMR Biologie du Fruit et Pathologie INRA et Université de Bordeaux, candresse@bordeaux.inra.fr)

3- Examineur : Dr HDR **Claude Fauquet** (Directeur du GCP21, CIAT, Cali, Colombie, c.fauquet@cgiar.org)

4- Examineur : Dr **Jean-Michel Lett** (CIRAD, UMR PVBMT, Saint-Pierre, lett@cirad.fr)

5- Examineur : Prof. **Stéphane Poussier** (Université de la Réunion, UMR PVBMT, Saint-Denis, stephane.poussier@univ-reunion.fr)

6- Directeur de thèse : Dr HDR **Bernard Reynaud** (CIRAD, UMR PVBMT, Saint-Pierre, bernard.reynaud@cirad.fr)

Résumé :

L'impact des maladies virales émergentes sur le monde végétal représente depuis plusieurs décennies une menace importante pour la sécurité alimentaire mondiale et la biodiversité. A ce titre, le genre Begomovirus, de la famille des Geminiviridae, comporte le plus grand nombre d'espèces virales causant des maladies sur de nombreuses cultures d'importance économique majeures, comme le manioc, la tomate, ou encore le coton.

Paradoxalement, si l'on considère que la plupart des maladies émergentes causées par les bégomovirus sont liées à des virus infectant naturellement des plantes sauvages indigènes, et qui se seraient adapté aux plantes cultivées introduites, la diversité des populations virales dans les écosystèmes naturels reste très largement méconnue. De plus, le caractère non pérenne de la majorité des plantes cultivées suggèrent l'existence de plantes hôtes alternatives, ou « réservoirs », qui permettent aux populations virales de se maintenir lors des périodes d'indisponibilité de l'hôte cultivé. Il apparaît dès lors primordial d'acquérir une meilleure connaissance de la diversité virale infectant les plantes sauvages et adventices des cultures.

L'utilisation complémentaire de deux approches, d'une part le clonage de séquences complètes à l'aide de la technique RCA-RFLP, et d'autre part le séquençage à haut-débit d'une portion conservée du génome des bégomovirus nous a permis de confirmer la présence de bégomovirus dans les plantes sauvages, avec notamment la caractérisation d'une nouvelle espèce très divergente infectant *Asystasia gangetica*, ainsi que la présence de bégomovirus initialement caractérisés sur des plantes cultivées dans des plantes adventices. Associée à la découverte d'un bégomovirus vraisemblablement généraliste à Madagascar, l'ensemble de ces résultats permettent d'appréhender la complexité des interactions entre les bégomovirus et leurs plantes hôtes, notamment à l'interface entre espaces naturels et cultivés.

A une échelle plus large, l'étude de la dissémination spatiale semble être indispensable à la compréhension des mécanismes d'émergences ayant opérés lors des récentes pandémies liés aux bégomovirus. Ainsi, l'étude de la diversité et la reconstruction de l'histoire évolutive des bégomovirus inféodés au manioc (Cassava Mosaic Geminiviruses, CMGs) dans les îles du sud-ouest de l'océan Indien ont révélé la complexité des situations épidémiologiques des différentes espèces appartenant au complexe des CMGs. Il a ainsi pu être mis en évidence la coexistence de plusieurs espèces largement recombinantes entre elles, appelées EACMV-like, et ayant été indépendamment introduites plusieurs fois dans les îles, mais aussi la forte prévalence à Madagascar de deux espèces, le SACMV et l'ACMV, dont les populations actuelles semblent issues d'évènements d'introductions uniques et récents, suggérant des différences dans les processus de dissémination de ces espèces.

La complexité des relations entre les différents facteurs favorisant l'émergence des bégomovirus tels que leur potentiel évolutif ou les nombreuses interactions entre ces virus, leurs hôtes et l'insecte vecteur, souligne l'importance de remettre les données de séquences virales dans un contexte écologique, et d'intégrer ces différents facteurs dans l'étude des phénomènes d'émergence.