



Etat des lieux virus de la JNO

Thierry Candresse

UMR 1332 Biologie du Fruit et Pathologie

thierry.candresse@inrae.fr

BFP

université
de **BORDEAUX**


**RÉPUBLIQUE
FRANÇAISE**
*Liberté
Égalité
Fraternité*

INRAE

- **Viro Team Bordeaux**

- Armelle Marais
- Laurence Svanella-Dumas
- Bernard Bergey
- Aijun Huang



- **Collaborateurs ViroCAP**

- Nathalie Robin (Arvalis)
- Robin Comte (Arvalis)
- Romain Valade (Arvalis)
- Jean Baptiste Thibord (Arvalis)
- Cindy Vitry (Arvalis)
- Manu Jacquot (INRAE PHIM)

- **Collaborateurs Deep Impact**

- une situation considérée comme gérée au début des années 2000 >>> **désinvestissement en virologie des céréales** en France mais aussi à l'étranger
- des données de surveillance souvent anciennes ou s'appuyant sur des méthodes de diagnostic/typage de spécificité et de polyvalence mal connues
- beaucoup de recherches arrêtées avant le boom des travaux utilisant les approches HTS pour la caractérisation sans *a priori* des viromes
- des viroses pas nécessairement simples à manipuler (pb de transmission expérimentale, besoin de maîtrise des vecteurs...)

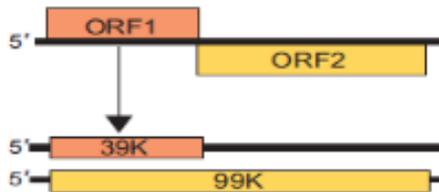
- **Arthropodes**
 - **Pucerons** : *Tombusviridae* et *Solemoviridae* (ex *Luteoviridae*, jaunisse nanisante)
 - **Cicadelles** : *Mastrevirus* (wheat dwarf virus, WDV), *Rhabdoviridae*
 - **Acariens** : *Tritimovirus* (wheat streak mosaic virus, WSMV), *Poacevirus*, *Emaravirus*
- **Plasmodiophorides du sol** (*Polymyxa graminis*)
 - *Furovirus* : soil-borne wheat mosaic virus, soil-borne cereal mosaic virus (SBCMV)...
 - *Bymovirus* : wheat spindle streak mosaic virus (WSSMV)...

- Maladie virale globalement la plus grave
- Dégâts pouvant être importants, toutes céréales (moyenne -10 à -30%, jusqu'à -80%)
- Un complexe d'espèces des familles *Tombusviridae* et *Solemoviridae* (ex *Luteoviridae*) : **B/CYDV**
- Transmis (mode persistant) par plusieurs espèces de pucerons des céréales, spécificité différente selon les virus
- Réservoirs: repousses CAP, Maïs et *Poaceae* sauvages (?)
- **Importance renouvelée**
 - Interdiction Néonicotinoïdes
 - Changement climatique/vecteurs

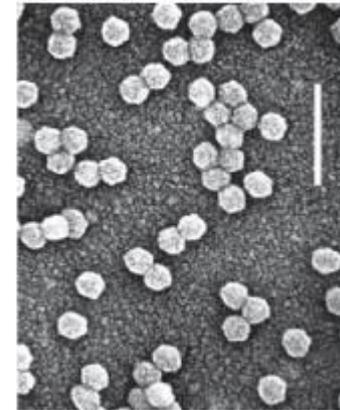
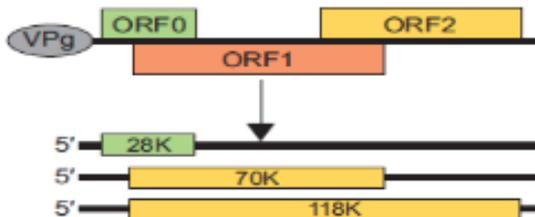


- Deux genres, **Luteovirus** et **Polerovirus**
moitié 5' du génome (réplication) d'origine différente
- Moitié 3' confère propriétés biologiques : limitation au phloème, capsid et transmission par pucerons

Luteovirus, BYDV-PAV (5,677 nts)



Polerovirus, PLRV (5,882 nts)



- **Luteovirus**

- Barley yellow dwarf virus **PAV** (*Rhopalosiphum padi*, *Sitobion avenae*, d'autres espèces moins efficaces)
- Barley yellow dwarf virus **MAV** (*S. avenae*)
- Barley yellow dwarf virus **PAS** (*R. padi*, *S. avenae*, **sévère**)
- Barley yellow dwarf virus **GAV** (*Schizaphis graminum*, *S. avenae*)
- Barley yellow dwarf virus **SGV** (*R. padi*, *S. avenae*, *R. maidis*)
- Barley yellow dwarf virus **OYV** (**NEW**, Estonie-Suède, vecteur inconnu)
- Barley yellow dwarf virus **kerII** (chez céréales ??)
- Barley yellow dwarf virus **kerIII** (chez céréales ??)

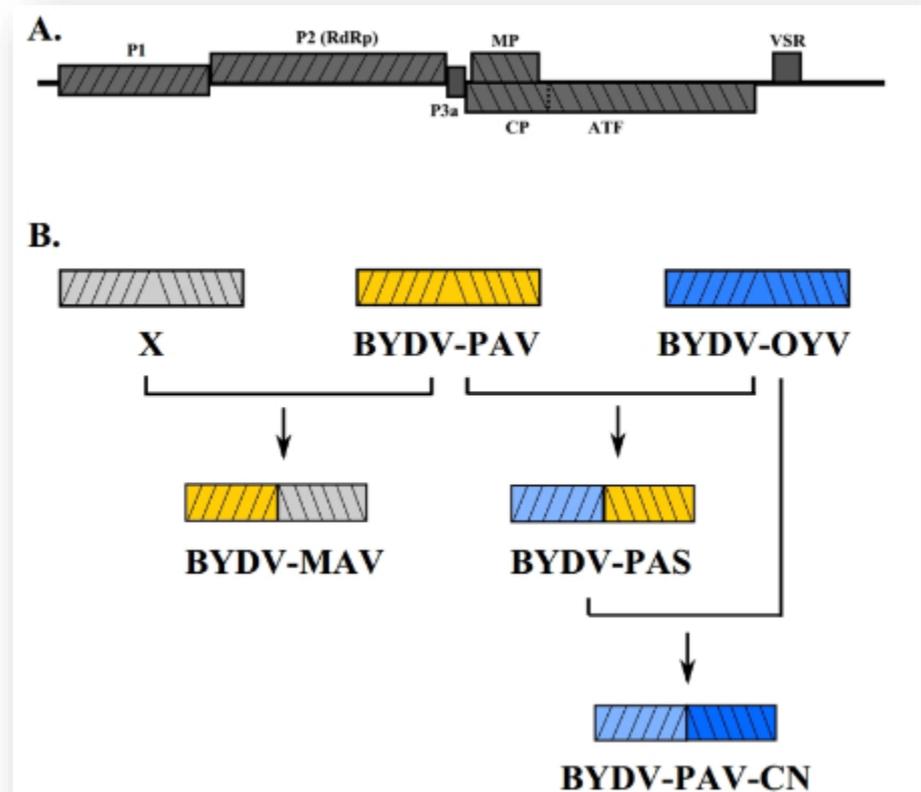
- **Polerovirus**

- Cereal yellow dwarf virus **RPV** (*R. padi*, *S. graminum*)
- Cereal yellow dwarf virus **RPS** (*R. padi*)
- Maize yellow dwarf virus **RMV** (*R. maidis*)
- Maize yellow mosaic virus (syn. CYDV-RMV2) (vecteur ?)
- Barley virus G (syn. BYDV-RMV) (**NEW**, Corée, Allemagne, **France**...vecteur ?)
- Wheat leaf yellowing-associated virus (vecteur ?)
- Wheat yellow dwarf virus-**GPV** (*S. graminum*, *R. padi*)

Des virus complexes à étudier

- non mécaniquement transmissibles. Inoculation des plantes uniquement par pucerons virulifères
- Clones complets infectieux difficiles à obtenir
- Hétéroencapsidation et complémentation pour la vection lors d'infections mixtes entre virus

- Plusieurs de ces virus sont des **recombinants** ce qui complique fortement la mise au point de tests de typage fiables



Quels virus circulent en France ?

Vision "historique" : BYDV-PAV virus principal suivi par –MAV

Mais des interrogations sur fiabilité des tests de typage....

>>> collaboration Arvalis – INRAE Bordeaux

Typage HTS de **32 échantillons** de céréales "jaunisse nanisante"
déjà typés par les test RT-PCR disponibles

>>> dans 32/32 cas, résultats PCR incomplets ou faux

- BYDV-PAV et **BYDV-PAS** dominants dans tous hôtes
- *Pas trace de BYDV-MAV*
- CYDV-RPS rare sur blé/orge, -RPV sur orge
- **Barley virus G** dans 4/9 O. Hiver, pas O. Printemps
- **Deux nouveaux Polerovirus** détecté dans 3/9 O. Hiver

Conclusions de la manip pilote

- Les outils de typage disponibles ne sont pas pertinents
- Besoin d'actualiser la vision des virus circulant en France
- Mise en œuvre d'une stratégie Virome non biaisée
 - Virome sur céréales symptomatiques pour identifier les virus présents (« qui circule ? »)
 - Assemblage de génomes complets (« quelle diversité » ?)
 - Utilisation des données HTS de diversité non biaisée pour développer de nouveaux outils de détection et de typage

alors quelle est la situation JNO ??

Projet CASDAR **ViroCAP** : *Connaitre le virome des céréales à paille pour améliorer le diagnostic, caractériser les risques de viroses et leurs évolutions avec les stress abiotiques*

Partenaires

- Arvalis
- Emmanuel Jacquot (PHIM Montpellier)
- Viro BFP Bordeaux

Focalisé jaunisse nanissante (complexe B/CYDV)

2 Workpackages

- *Virome et amélioration du diagnostic/typage*
- *Nuisibilité sous différentes conditions de stress abiotique*

Echantillons analysés par ViroCAP

- 59 échantillons 2021 / 60 échantillons 2022
- 29 Départements – 11 Régions
 - 64 Blé tendre d'hiver
 - 37 Orge d'hiver 6 rangs dont 13 Tolérantes BYDV
 - 5 Blé dur
 - 5 Orge d'hiver 2 rangs dont 2 Tolérantes BYDV
 - 3 Orge de printemps
 - 2 Avoine
 - 2 Triticale
 - 1 Seigle

Virus identifiés (1)

- >> **Hv Endornavirus** : nombreux Orges
- >> **WDV (3,4%)**
 - 1 OH 6 rg (Dpt 18)
 - 1 BD (Dpt 11)
 - 1 BD (Dpt 26)
 - 1 OH TOL (Dpt 91) *[avec Alphasatellite nouveau]*
- >> **BaYMV (0,8%)** : 1 OH 6 rg Tolérante (Dpt 36)
- >> **WSMV (0,8%)** : 1 BD (Dpt 34)
- >> **BYSMV (0,8%)** : 1 BTH (Dpt 32)
- >> **BVG (0,8%)** : 1 OH Tol (Dpt 78)
- >> **New Poleros #1 et #2 (0,8%)** : 1 OH Tol (Dpt 78)

Virus identifiés (2) : BYDV

- **57/119** plantes BYDV-PAS (**48,9%**)
- **55/119** plantes BYDV-PAV (**46,2%**)
- **32/119** plantes BYDV-PAS + BYDV-PAV (**26,9%**)
- **1/119 BYDV-GAV/MAV** (**1,2%**)
- Nombreux génomes reconstruits pour PAV, PAS et recombinants PAV-PAS

Infection BYDV (PAS+PAV) par année/hôte

	% infecté 2021	% infecté 2022
PAS	59%	40%
PAV	56%	38%
PAS+PAV	39%	17%

>>> effet année, 2021 > 2022

	BTH	OH-6	OH-6 TOL
PAS	47%	58%	69%
PAV	51%	33%	69%
PAS+PAV	28%	21%	54%

>>> effet hôte ? biais d'échantillonnage ?

Infection BYDV (PAS+PAV) par Région

	nb plants	PAS	PAV	PAS+PAV
ARA	26	58%	54%	38%
BFC	3	33%	33%	33%
BRE	9	55%	55%	33%
CVL	21	57%	33%	24%
GES	6	33%	33%	17%
HDF	1	100%	100%	100%
IDF	6	83%	67%	67%
NAQ	22	41%	54%	27%
OCC	13	46%	31%	15%
PDL	12	25%	58%	0%

- >>> PAS et PAV dans chaque Région, fréquences assez comparables
- >>> Tendence quasi générale à PAS > PAV

➤ Deciphering plant-microbiota interactions to enhance crop defenses to pests – DEEP IMPACT

Coord. Christophe Mougel (Rennes)

WP1: Microbiota contribution to plant health and yield in crop fields



DEEP IMPACT



DEEP IMPACT microbiome analysis

Microbiome (incl. Virome) of wheat and rapeseed in a large number of fields in three contrasted pedo-climatic regions

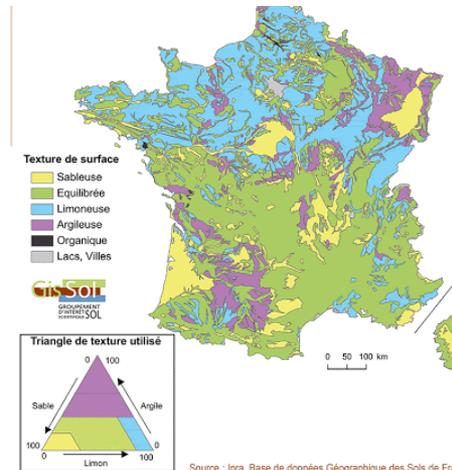


50 fields/year

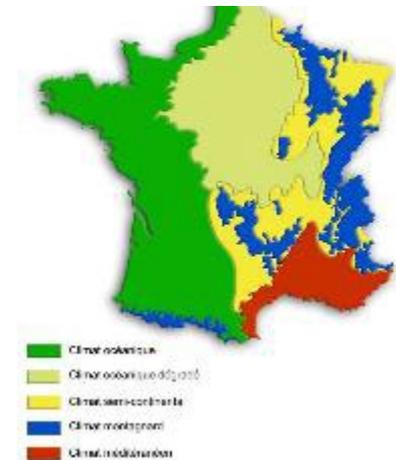
50 fields/year

Pool of 48 plants/field

French map of soil texture



French map of climate types



A large diversity of agricultural practices



DEEP IMPACT : virome blé (2022 & 2023)



	Bretagne 2022	Bourgogne 2022	Occitanie 2022		Bretagne 2023	Bourgogne 2023	Occitanie 2023
<i>Parcelles</i>	15	15	20		17	19	14
BYDV-PAV	9	0	2		6	1	0
BYDV-PAS	8	1	4		3	2	1
BYDV-MAV/GAV	1	0	0		0	0	0
CYDV	2?	0	0		1	0	0
WDV	0	3	0		0	1	1
WSMV	0	0	1		0	0	3
BYSMV	1	0	0		0	0	1
BVG	0	0	0		0	1	0
SBCMV	0	0	0		0	1	0
<i>New Polero 1</i>	0	0	0		0	1	1?
<i>New Furo</i>	1	1	0		0	0	0
<i>New Pomo</i>	0	0	0		0	1	0

- Même résultats sur échantillons symptomatiques ou non biaisés
- BYDV-PAV et BYDV-PAS de très loin les espèces dominantes, à prendre en compte dans les programmes de création variétale (*actuellement seul BYDV-PAV...*)
- PAV et PAS partagent ~50% de leur génome et faible diversité génétique >> favorable pour sélection/déploiement de résistances?
- Causes de l'évolution des populations virales?
 - Diminution MAV
 - Invasion PAS
- Durabilité des résistances déployées (*Ryd Orge, Bdv2 Blé*) ?
- Causes des différences entre pays (MAV++ en UK, Irlande, OYV dans les Etats Baltes)
- Conséquences de l'évolution des pratiques agricoles sur ces viroses?

A wide, flat green field, possibly a golf course or a large lawn, stretches across the foreground and middle ground. The grass is a vibrant green, with some lighter patches. In the distance, a line of trees and a few buildings are visible against a clear, light blue sky. The overall scene is peaceful and open.

Merci !!