Virus et maladies des végétaux : un monde toujours à explorer

La recherche sur les virus responsables de maladies est en perpétuel renouvellement. Entre l'identification sur symptômes il y a cinquante ans et celle par séquençage haut débit depuis vingt ans, chaque nouvelle technologie permet de se repencher sur des sujets non élucidés, avec à la clé des avancées capitales tant en recherche qu'en matière de lutte. Entretien avec Thierry Candresse, virologue à l'Inrae de Bordeaux depuis près de quarante ans.

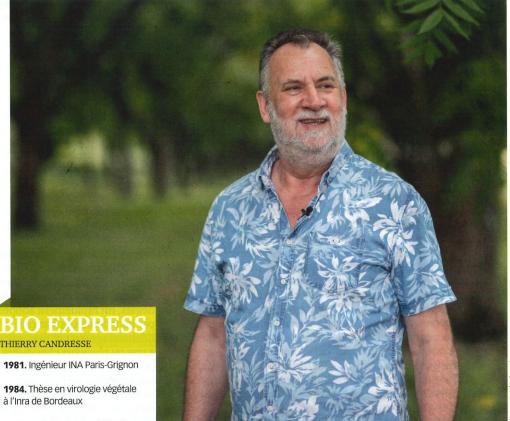
PAR CHANTAL URVOY

Bien que spécialiste des virus des arbres fruitiers, au fil de sa carrière, Thierry Candresse a travaillé sur bon nombre de productions : laitue, chou-fleur, artichaut, mâche, échalote... et plus récemment la vigne, les céréales, la betterave, le colza. Si on connaît relativement bien le monde des champignons responsables de maladies, celui des virus est beaucoup plus mystérieux. «Les étudier est plus compliqué notamment en raison de leur très petite taille, explique Thierry Candresse. Et faute de molécules anti-virales, on cherche à lutter contre le virus ou le vecteur du virus (si on le connaît) par d'autres approches.»

Des vecteurs pas toujours connus

Les virus sont quasiment tous des pathogènes systémiques : toutes les opérations de multiplication végétative vont donc les propager. 20% d'entre eux sont également transmis par la graine. « D'où des pans entiers de stratégie de lutte passant par le contrôle du matériel de plantation et la certification des semences pour fournir des plants indemnes. Pour beaucoup de viroses, cette stratégie est beaucoup plus importante que la lutte contre les vecteurs des virus. »

Même si beaucoup sont transmis par des insectes (majoritairement des pucerons en grandes cultures en milieu tempéré), certains sont véhiculés par des acariens (maladie de la rosette du rosier par exemple), des nématodes du sol (court-noué de la vigne)



1985. Post-doctorat en biologie moléculaire virale aux États-Unis

1986. Chargé de recherche à l'Inra de Bordeaux

1994. Directeur de recherches

1998. Chef adjoint du département Santé des plantes et environnement

2001. En parallèle, directeur de l'institut fédératif de recherche en biologie végétale intégrative

2009. Expert auprès de l'Efsa

2011. Directeur de l'UMR Biologie du fruit et pathologie

2021. Abandonne la direction de l'UMR pour se consacrer uniquement à la recherche

ou encore des champignons du sol (rhizomanie de la betterave). «Parallèlement, un grand nombre de virus n'ont pas de vecteur connu et ils n'en ont vraisemblablement pas. La transmission se réalise alors par les pratiques de multiplication. C'est le cas de nombreux virus des arbres fruitiers et de la vigne. Mais ce ne sont pas nécessairement les plus ennuyeux. »

Séquençage haut débit

Au cours de sa carrière, Thierry Candresse a vu les méthodes d'identification des virus évoluer de façon impressionnante. Pendant longtemps, ils ne pouvaient être étudiés qu'à partir de leurs symptômes. Aujourd'hui, on peut les identifier via leur ARN! Les années 1970 ont vu naître les techniques sérologiques. Puis, Thierry Candresse va participer à deux révolutions technologiques: la technique PCR au début des années 1990 et le séquençage haut débit allié à la bio-informatique à la fin des années 2000. La puissance du séquençage haut débit permet d'extraire tous les acides nucléiques d'un échantillon, de les séquencer en masse, puis

d'analyser toutes les séquences grâce à la bio-informatique pour rechercher (par comparaison à des banques de données) celles qui correspondent à des virus déjà identifiés ou nouveaux.

Exploration sans limite

« Pour la première fois, on a pu réaliser une identification exhaustive de l'ensemble des virus d'un échantillon. Autre

« LE SÉQUENÇAGE HAUT DÉBIT LÈVE LES LIMITES DES TECHNOLOGIES PRÉCÉDENTES. »

intérêt majeur : auparavant, nous avions besoin de connaître le ou les virus recherchés pour produire des anticorps (tests Elisa) ou des amorces (test PCR) afin de voir s'ils étaient présents dans l'échantillon à analyser. Aujourd'hui, nous avons seulement besoin de bases de données sur les différents virus. Cela permet de travailler sur tout type de virus et même d'identifier des virus encore jamais caractérisés. Le séquençage haut débit lève les limites des technologies précédentes. C'est une très grande avancée!»

C'est ainsi que le virus responsable de la mosaïque du châ-

taignier, maladie décrite soixante ans auparavant, a pu être identifié alors que toutes les techniques précédentes avaient échoué. Du côté du dia-

gnostic terrain,

beaucoup sont encore réalisés avec des tests Elisa car ils sont robustes, simples et peu coûteux. D'autres comme le virus de la sharka sont maintenant diagnostiqués par test PCR. Le séquençage haut débit a quant à lui un bel avenir pour contribuer à la certification des plants indemnes de virus ou encore à l'efficacité des mesures de quarantaine.

Les jaunisses réétudiées

Depuis 2021, Thierry Candresse a laissé la direction de l'UMR Biologie du fruit et pathologie pour se consacrer uniquement à sa passion, la recherche, pour les quelques années qui le séparent de la retraite. Et les projets ne manquent pas, de l'écologie virale à l'exploration des virus de champignons pathogènes de la vigne en passant par ceux responsables des jaunisses de la betterave et des céréales à paille qui ont vu leur impact resurgir à la suite de l'interdiction des néonicotinoïdes. Ces insecticides ayant été très efficaces, les recherches ont été abandonnées ces vingt dernières années. « Sur céréales,

nous réétudions avec Arvalis le génome des virus responsables par séquençage haut débit pour voir quels sont les plus importants et si cela a évolué. » Sur betterave, Thierry Candresse collabore avec l'Inrae de Colmar et l'ITB notamment pour comprendre où se situent les réservoirs des virus des jaunisses en hiver. « Cela permettrait peut-être de réduire l'inoculum. »

Nouveau terrain de jeu

Notre chercheur s'intéresse également aux microbiomes (ensemble des micro-organismes) du colza et du blé avec l'Inrae de Rennes. « Nous espérons que la compréhension des interactions entre ces micro-organismes pourra ouvrir de nouvelles voies en matière de lutte contre les maladies et de réduction des pesticides. » Là encore, les chercheurs sont peut-être à l'aube d'une nouvelle dimension à explorer!



BULLETIN D'ABONNEMENT À renvoyer accompagné de votre règlement dans une enveloppe <u>sans affranchir à</u> : Groupe France Agricole Libre Réponse 45318 - 60647 Chantilly Cedex OUI, je m'abonne à PHYTOMA et je choisis la formule: ☐ 1 an : 9 numéros au prix de 159 € au lieu de 171 € (prix de vente au numéro). 2 ans : 18 numéros au prix de 284 € au lieu de 342 € (prix de vente au numéro). Je règle mon abonnement : □ par chèque bancaire □ à réception de la facture Je recevrai mon abonnement à cette adresse : Société : Nom: Prénom: Adresse Tél.: E-mail: Conformément à la loi informatique et Libertés du 6/01/1978 modifiée, vous pouvez exercer votre droit d'accès aux données vous concernant et les faire rectifier ou supprimer, en nous contactant par mail : abos@qfa_fr. Notre politique de confidentialité des données est accessible sur notre site www.abonnements-gfa.com. Offre valable jusqu'au 30/06/2024 en France Métropolitaine. 60643 Chantilly Cedex - 01 40 22 79 85 **APH2324** S.A.S au capital de 10 479 460 Euros - RCS Paris 479 989 188 Profitez de cette offre sur 80 www.abonnements-gfa.com/phytoma