

AUDREY SCHIRMER
Virologist
ADRINORD
INRA – 28 rue de Herrlisheim
68021 COLMAR - FRANCE

Original language: French

PHYLOGENETIC ANALYSIS OF ISOLATES OF BEET NECROTIC YELLOW VEIN VIRUS COLLECTED WORLDWIDE

Abstract:

Variability is a key factor for RNA virus pathogenicity, where adaptation to changing situations must preserve their genetic robustness and maintain their fitness despite the presence of mutations in their genome. A molecular diversity study was conducted upon 136 worldwide collected sugar beets infected with *Beet necrotic yellow vein virus* (BNYVV, *Benyvirus*), the causal agent of sugar beet rhizomania. This study was based on the nucleotide sequences of RNA-2-encoded CP, RNA-3-encoded P25 and RNA-5-encoded P26. The distribution of synonymous and non-synonymous substitutions rates (ω) in these three coding regions was also analysed. The results suggest that selection pressure is exerted differently on these ORFs. The RNA-2-encoded CP is the most constrained with average ω value ranging from 0.12 to 0.15 and showing a high proportion (approximately 80 %) of invariable amino acids and around 20 % of slowly evolving amino acids but no codon subjected to positive selection. The RNA-5-encoded P26 is less constrained with average ω value ranging from 0.21 to 0.33. A quite strong selection ($\omega=5$) was observed for three codons. The RNA-3-encoded P25 has the highest ω values (0.36 to 1.10) with strong positive selection ($\omega=4.7$ to 54.7) observed on fourteen codons including codons within an important four amino acid tetrad motif (residues 67 to 70), and particularly on amino acid 68, where the ω value is the highest encountered in plant viruses and is in the range of selective ratios detected during the evolution of animal viruses. The phylogenetic trees based on the CP, P25 and P26 sequences have enabled the re-classification of BNYVV isolates into groups allowing correlations between the clusters and the geographic origins.

ANALYSE PHYLOGENETIQUE DES ISOLATS DU BEET NECROTIC YELLOW VEIN VIRUS COLLECTES A TRAVERS LE MONDE

Abrégé :

La variabilité des virus à RNA est un facteur clé pour leur pathogénicité où l'adaptation aux changements de situation doit préserver leur robustesse génétique et maintenir leur fitness malgré la présence de mutation dans leur génome. Une étude d'épidémiologie moléculaire à l'échelle mondiale a été réalisée, collectant 136 échantillons de betteraves infectées par le *Beet Necrotic Yellow Vein Virus* (BNYVV, *Benyvirus*), l'agent causal de la rhizomanie. Cette étude s'est basée sur l'analyse de séquence des protéines virales de capsid CP codée par l'ARN 2, P25 codée par l'ARN 3 et P26 codée par l'ARN 5. La distribution des taux de substitutions synonymes et non synonymes (ω) sur ces 3 ORFs a également été analysée. Les résultats montrent que la pression de sélection exercée sur ces dernières suit un schéma d'évolution très contrasté. Le gène codant pour la CP subit le plus de contraintes évolutives avec un ω moyen variant entre 0.12 et 0.15 montrant une large proportion (environ 80 %) d'acides aminés invariables et environ 20 % d'acides aminés présentant une lente évolution mais aucun codon sujet à une sélection positive. L'ARN 5 codant pour la P26

subit moins de contraintes, avec un ω moyen compris entre 0,21 et 0,33. Une sélection assez forte ($\omega = 5$) a été observée au niveau de 3 codons. L'ARN 3 codant pour la P25 présente les valeurs ω les plus fortes (0,36 à 1,10) avec une forte sélection positive ($\omega = 4,7$ à 54,7) observée au niveau de 14 codons dont une série de 4 acides aminés (tétrade) situés en positions 67 à 70. En particulier l'acide aminé 68 présente la valeur ω la plus haute détectée chez les virus de plantes et se situe dans la gamme des taux de sélection trouvée chez les virus animaux. Des arbres phylogénétiques basés sur les séquences de la CP, de la P25 et de la P26 ont été construits afin de re-évaluer la classification du BNYVV en groupes, permettant de faire un lien entre les clusters et l'origine géographique des isolats.

PHYLOGENETISCHE ANALYSE VON WELTWEIT GESAMMELTEN RIZOMANIVIRUS ISOLATEN

Kurzfassung:

Variabilität ist ein Schlüsselfaktor für RNA Virus Pathogenizität, wobei die Anpassung an veränderte Situationen den gleichzeitigen Erhalt der genetischen Widerstandskraft und Aufrechterhaltung der Fitness gewährleisten muss, und dies trotz der Präsenz von Mutationen im Genom. Eine Untersuchung zur molekularen Diversität wurde mit 136 Weltweit gesammelten und mit dem Rhizomania Virus infizierten Zuckerrüben (BNYVV, *Benyvirus*), durchgeführt. Die Untersuchung wurde auf den Nucleotidsequenzen des Kapsidproteins (codiert durch RNA-2, von P25, codiert durch RNA-3- und von P26, codiert durch RNA-5) basiert. Die Verteilung von synonymen und nicht synonymen Substitutionsraten (ω) wurde ebenfalls in den drei Codierungsregionen analysiert. Die Resultate zeigen auf, dass der Selektionsdruck in den verschiedenen ORFs verschieden ausgeübt wird. Das durch RNA-2 codierte Kapsidprotein unterliegt den grössten Beschränkungen mit einem mittleren ω Wert von 0.12 bis 0.15 und zeigt eine hohe Proportion (annähernd 80 %) von nicht variablen Aminosäuren und etwa 20 % von langsam verändernden Aminosäuren, aber kein Codon, das einer positiven Selektion unterworfen wäre. Das durch RNA-5 codierte P26 ist weniger stark gebunden mit einem mittleren ω Wert von 0.21 bis 0.33. Eine relativ starke Selektion ($\omega=5$) wurde für drei Codons beobachtet. Das durch RNA-3-codierte P25 hatte die höchsten ω Werte (0.36 bis 1.10) mit einer starken positiven Selektion ($\omega=4.7$ bis 54.7), die auf 14 Codons, darunter eine Serie von 4 Aminosäuren (Tetrade) die in den Positionen 67 bis 70 aufzufinden waren. Insbesondere zeigte die Aminosäure 68 den höchsten ω Wert der bei einem Pflanzenvirus detektiert worden war und der sich bei den Selektionsraten für tierische Viren ansiedelt. Die auf das Kapsidprotein, P25 und P26 aufgebauten phylogenetischen Bäume erlaubten die neue Klassifizierung von BNYVV Isolaten in Gruppen und ermöglichten Korrelationen zwischen den Klustern und Herkünften.
