

ManiVir: Host and vector manipulation following multi-infection of aphid-transmitted viruses in sugar beet (*Beta vulgaris*)

- Financeur : Projet International ANR-DFG
- Durée : 2024-2027
- Contact : Martin Drucker

Summary

In sugar beet (*Beta vulgaris*), virus yellows disease (VY) is caused by a complex of different aphid-transmitted virus species, with *Myzus persicae* being the most important vector. In Europe, beet yellows virus, beet mild yellowing virus, beet chlorosis virus and beet mosaic virus are the main causatives and impact sugar beet cultivation not only in single but also in co- and multi-infection. Co-infection can enhance replication, tissue spread, vector transmission and other fitness components of at least one of the viruses involved and influence host range, cellular tropism and vector preference. Furthermore, multi-infection of closely related viruses is the starting point for RNA recombination initiating the formation of new, often more virulent strains. As natural multi-virus resistance cannot be expected to be available in the Beta gene pool and conventional virus control by reducing vector populations through insecticide treatment was banned, alternative solutions controlling the disease are urgently required. Having this in mind, our project aims to understand viral interactions during host co-colonization as well as vector interactions that are altered by multi-infections and might exacerbate impact on plants and increase transmission, respectively. On the virus-plant level, we aim to decipher putative synergistic interactions, identify by transcriptomics plant factors involved and characterize metabolic pathways that are manipulated by VY in single-compared to selected co-/multi-infections. On the level of vector manipulation by the virus infection, effects on aphid behaviour as well as virus transmission preferences in co-infections shall be characterized. The aim of this project is a better understanding of the tight interactions between the three components of the pathosystem (plant-virus-vector) in a multi-infection context, which is a biological reality. Ultimately, this project could identify targets for future safe and sustainable control measures.

Résumé

La jaunisse de la betterave à sucre (*Beta vulgaris*) est provoquée par un complexe des différents virus transmis par pucerons, en particulier par *Myzus persicae*. En Europe, les virus beet yellows, beet mild yellowing, beet chlorosis et le beet mosaic virus sont les auteurs principaux et endommagent la culture des betteraves lors de l'infection avec un seul virus, mais aussi lors des co- et multi-infections. Lors de la co-infection, souvent un des virus augmente sa réPLICATION, son taux de transmission, sa distribution et/ou autres paramètres, avec des répercussions sur la gamme d'hôte, le tropisme cellulaire et la préférence des vecteurs. De plus, la multi-infection par des virus apparentés peut provoquer la recombinaison et initier la formation des nouveaux isolats, souvent plus virulents. Parce que des multi-résistances virales ne sont pas attendues dans le gène pool de Beta, et après le ban des insecticides utilisés jusqu'à présent pour réduire vecteurs et virus, des solutions de contrôle alternatives sont requises de toute urgence. Dans cette optique, ce projet vise à comprendre les interactions virales lors de la co-colonisation de l'hôte et les interactions avec le vecteur qui sont altérées par les multi-infections et peuvent exacerber les symptômes et augmenter la transmission. Côté plante, nous identifierons des interactions synergiques, par transcriptomique les facteurs de la plante y impliqués, et les voies métaboliques manipulées par les virus en infection simple et multiple. Au niveau de la manipulation du vecteur, les effets de l'infection multiple sur le

comportement des vecteurs et la transmission seront étudiés. L'objectif majeur de ce projet est mieux comprendre les interactions fines entre les trois composés de notre pathosystème (plante-virus-vecteur) dans le contexte de l'infection multiple, une réalité biologique. Au final, ce projet pourrait identifier des cibles pour un meilleur contrôle des virus par des méthodes plus sûres et durables.