

RESUME

La maladie des feuilles jaunes en cuillère causée par le virus TYLC est considérée comme l'une des maladies les plus graves qui touche la tomate. Les résultats obtenus pour les essais de détection du virus TYLC par PCR ont montré la présence du virus TYLC dans tous les échantillons de plantes collectés dans la région nord-est du Maroc et de la région sud ouest. Les amorces utilisées ont permis d'amplifier des fragments d'ADN de 348 pb pour le couple d'amorces MA13/MA17, 580 pb pour le couple d'amorces TY1/TY2, 666 pb pour le couple d'amorces Esp1/Esp2, et 2800 pb pour le couple d'amorces MA26/MA27. Les isolats du virus TYLC ont été identifiés au moyen de techniques de biologie moléculaire (multiplexe PCR, RFLP-PCR et séquençage). Deux isolats du virus TYLC ont été identifiés au Maroc, il s'agit d'un isolat de type Israel TYLCV, et un isolat de type Sardaigne TYLCSV. Les deux espèces du virus ont été détectées dans tous les sites prospectés au niveau du Maroc et ils sont répartis à l'échelle du bassin méditerranéen. La comparaison de nos séquences a été réalisée avec les autres séquences du groupe des géminivirus de la base de données (EMBL et GenBank). Les résultats montrent un pourcentage d'homologie supérieur à 98% avec le TYLCV identifié en Almeria (Espagne), en Palestine et en République Dominicaine. Tous ces virus appartiennent à l'espèce TYLCV. Nous avons obtenus la séquence nucléotidique complète de 2781 nucléotides du génome entier de TYLCV-Alm[Ma:Bk:02] (GenBank accession [EF060196]) isolé au niveau de Berkane. L'analyse de la séquence obtenue par le programme (*Vector NTI Advance*TM; *GeneDoc*) montre six phases ouvertes de lecture (ORF). Les phases de lecture ouvertes sur les deux brins d'ADN codent pour des protéines potentielles dont le poids moléculaire varie de 11 à 40KDa. Les uns sont colinéaires au brin complémentaire et permettent l'expression des ORF.C1 à C4 et les deux autres transcrits, sont colinéaires au brin viral, et permettent l'expression des ORF.V1 et V2. L'analyse de la séquence montre que les six phases de lecture ouvertes (ORF.V1; ORF.V2; ORF.C1; ORF.C2; ORF.C3; ORF.C4) sont analogues à ceux décrites chez d'autres géminivirus de type monopartite.

Nous avons recensé lors de cette étude dans la région nord-est du Maroc les plantes réservoirs du virus TYLC suivants: *Conyza canadensis*, *Sonchus oleraceus*, *Chenopodium murale*, *Malva parviflor*, *Solanum nigrum*, *Datura stramonium*, *Lantana camara*, *Datura aurea*).

L'étude de la diversité génétique des populations de *B. tabaci* par la RAPD-PCR implique la coexistence de deux biotypes à l'échelle du nord-est du Maroc à savoir le biotype B et le biotype Q. Nous avons mis en parallèle un nouveau biotype différent de ceux de référence B et Q. Nous avons remarqué que le biotype B est devenu majoritaire par rapport au biotype Q avec l'apparition d'un

nouveau biotype différent de ceux de référence B et Q. Il semble que ce biotype B tend à remplacer le biotype Q dans un avenir proche, bien qu'il soit introduit récemment dans la région. Un outil de diagnostic moléculaire rapide de biotypes B et Q de *B. tabaci* a été mis au point. D'abord, cinq marqueurs moléculaires de type RAPD-PCR spécifiques à des biotypes B et Q ont été repérés, lors de l'analyse RAPD-PCR, clonés et séquencés. Une série de couple d'amorces ont été désignées sur la base de ces séquences. Ces amorces sont par la suite testées sur les deux biotypes de référence B et Q. Quelques amorces parmi l'ensemble ont été jugé utile pour identifier le biotype B et le biotype Q. Ces amorces SCAR ont confirmé d'avantage la présence de biotype B et Q dans la région de l'oriental et le biotype Q au sud du Maroc. Nous concluons que la PCR est une méthode sûre et sensible pour détecter le virus TYLC dans les champs de tomate potentiellement infectés et dans les plantes hotes. En parallèle, nos résultats montrent que les deux techniques (RAPD-PCR et SCAR-PCR) décrites dans cette étude sont appropriées pour la caractérisation moléculaire des biotypes de *B. tabaci*. Les marqueurs SCAR sont donc plus pratiques que les marqueurs RAPD. Ils sont rapides faciles pour l'identification de biotypes B et Q de *B. tabaci* et facilement transférables.

Mots clés: multiplexe PCR, TYLCV, TYLCSV, RFLP-PCR, TYLCV-Alm[Ma:Bk:02], *Bemisia tabaci*, biotypes B et Q, RAPD-PCR, SCAR-PCR.