

Principaux virus du niébé (*Vigna unguiculata* L. Walp) au Togo

Mawuéna Yawovi Dieudonné Gumedzoe

Le niébé, *Vigna unguiculata* L. Walp, est une légumineuse à graine très sensible à un grand nombre de maladies et d'insectes. Parmi les agents qui réduisent les rendements de cette culture figurent plus d'une vingtaine de virus identifiés dans différentes régions d'Afrique [1-6]. Au Togo, plusieurs viroses du niébé ont été signalées [3, 5]. Cependant, aucune étude des isolats viraux ou d'identification de variétés résistantes à l'égard de ces virus n'a été effectuée. Nous avons entrepris des prospections phytosanitaires en vue d'inventorier les principaux virus du niébé dans les diverses régions productrices au Togo. Nous avons également recherché des variétés de niébé résistantes à l'égard d'isolats clonés de trois de ces virus.

L'identification des souches virales a été réalisée par des tests sérologiques, immunodiffusion dans l'agarose et test ELISA [7, 8] en utilisant des anticorps polyclonaux fournis par le laboratoire de virologie de l'Institut international d'agriculture tropicale (IITA, Ibadan, Nigeria). Les conditions de semis et de production des plants de niébé utilisés ont été décrites antérieurement [8].

La collecte des échantillons de feuilles de niébé virosées a été réalisée de 1987 à 1990 dans les champs de paysans, ainsi que dans les parcelles de certains organismes et institutions de recherche ou de production de semences dans le pays. Des feuilles présentant des symptômes de virose ont été récoltées,

tant dans des cultures pures que dans des cultures associées. Certains échantillons ont également été prélevés sur des plantes sauvages ou fourragères ainsi que sur des espèces cultivées n'appartenant pas au genre *Vigna*.

Nous avons procédé à l'inoculation mécanique de 38 cultivars de niébé avec les isolats clonés du CPMV, prélevés sur une variété locale de niébé, provenant de Kpélé Agbanon (Préfecture de Kloto) pour l'isolat 7-17 et sur le cultivar KVx 396-16 (Préfecture du Zio) pour l'isolat 21-50. Pour le CMeV, l'isolat cloné 1-43 collecté à Lomé (Préfecture du Golfe) sur le cultivar de niébé IT84S-2246-4 a été utilisé pour inoculer 23 cultivars de niébé. Cinquante-huit cultivars de niébé ont été ainsi inoculés avec les isolats clonés 10-19 et/ou 18-19 du SBMV provenant respectivement des localités Adza Yao (Préfecture de l'Ogou) et Vogan (Préfecture de Vo).

L'isolat 10-19 a été prélevé sur le cultivar de niébé IT86D-901 dans les parcelles expérimentales de la Société togolaise de coton (SOTOCO). La procédure d'inoculation a été précédemment décrite [8]. Les plantules de niébé ont été inoculées au stade de feuilles cotylédonnaires. Les plantes inoculées et les plantes témoins sont gardées séparément dans des cages grillagées à l'abri des insectes pendant quatre à six semaines. Les critères d'évaluation ont porté sur la présence ou l'absence de symptômes et le nombre de plants infectés, suivant une échelle de gravité de 1 à 5 [8]. Les plantes ne présentant pas de symptôme (note 1) et n'ayant pas montré de réaction à l'égard des antisérums lors des tests d'immunodiffusion dans l'agarose ont été considérées comme résistantes.

L'analyse de 705 échantillons, recueillis dans les différentes régions productrices du niébé, a conduit à identifier les virus suivants : le virus de la mosaïque du niébé transmis par puceon (CAMV) ; le virus de la marbrure (CMeV) ; le virus de la marbrure légère (CMMV) ; le virus de la mosaïque du niébé (CPMV) ; le virus de la mosaïque du haricot du sud (SBMV) ; le virus de la mosaïque de tabac-souche légumineuse (TMV-CS). Plus de la moitié des échantillons, soit 63,12 %, a réagi positivement aux antisérums de l'un au moins des six virus de niébé identifiés au Togo. Le CPMV est le plus fréquent des virus identifiés, avec un taux moyen de présence de 64 % dans les divers échantillons analysés. Suivent ensuite le CMeV, le CAMV, le SBMV et le CMMV. Le TMV-CS a été identifié de façon sporadique dans certains échantillons. Différentes plantes sauvages ont été trouvées infectées par cinq des six virus identifiés *Cassia hirsuta* par le SBMV, *Centrosema pubescens* Benth. par le CMMV et le CAMV et *Mucuna* sp. par le TMV-CS, *Nauclea latifolia* par le CMMV et le CAMV.

Les résultats des tests de comportement sont repris dans les tableaux. En fonction de la sévérité des symptômes induits par les deux isolats clonés du CPMV (isolats 7-17 et 21-50) sur 38 cultivars de niébé, ceux-ci ont été classés en cultivars très sensibles (notes 4 à 5), moyennement sensibles (notes 2 à 3) et résistants (note 1). Les cultivars sont déclarés résistants lorsque les tests de rétro-inoculation sur des cultivars de niébé sensibles et d'immunodiffusion dans l'agarose sont négatifs.

Sur 23 cultivars évalués, sept se sont

Tableau 1

Réactions de 23 et 30 cultivars de niébé à l'égard respectivement des isolats 7-17 et 21-50 du CPMV

Cultivars très sensibles (notes 4 à 5)	Cultivars moyennement sensibles (notes 2 à 3)	Cultivars résistants (note 1)
Isolat 7-17 du CPMV		
1) IT81D-985* 2) IT82D-703 3) IT82E-9* 4) IT83S-962* 5) TVx3236-01G* 6) TVx3671-7C-02D 7) TVx3671-14C-01D 8) Vita 5* 9) 58-146* 10) Locale Blanche* 11) Locale Niamtougou 12) Locale Tsédédzi 13) Locale Gléi* 14) lfe Brown*	1) IT82D-786 2) IT2945-01D	1) IT82D-812 2) IT82D-885* 3) IT82E-16* 4) IT83S-818* 5) TVx1193-9F 6) TVx1850-01E* 7) IT81D-1007*
Isolat 21-50 du CPMV		
1) IT83S-962* 2) IT82E-9* 3) IT82D-699 4) IT85D-3516-2 5) TVx3236-01G* 6) KN1 7) 58-146* 8) lfe Brown* 9) Locale Gléi* 10) Locale Blanche* 11) Diapaga 12) IT81D-985*	1) IT82D-789 2) IT82E-60 3) IT82D-812* 4) TVx1193-9F 5) TVu 19 6) Vita 3 7) Ketchei	1) IT82E-18 2) IT81D-889 3) IT81D-1007* 4) IT82E-16* 5) IT85F-2805 6) IT83S-818* 7) IT82D-885* 8) TVx1850-01E* 9) TVu 645 10) TVu 410 11) Locale Afagnagan

Les cultivars marqués d'un astérisque ont été inoculés avec les deux isolats viraux.

Reactions of 23 and 30 cowpea cultivars to CPMV isolates 7-17 and 21-50, respectively

Tableau 2

Réactions de 23 cultivars de niébé à l'égard de l'isolat 1-43 du CMeV

Cultivars très sensibles (notes 4 à 5)	Cultivars moyennement sensibles (notes 2 à 3)	Cultivars résistants (note 1)
1) IT81D-985 2) IT81D-1007 3) IT82D-786 4) IT82E-9 5) IT83S-818 6) IT83S-962 7) IT2945-01D 8) TVx3236-01G 9) TVx3671-7C-02D 10) TVx3671-14C-01D 11) Vita 5 12) Locale Niamtougou 13) Locale Tsédédzi 14) Locale Gléi	1) IT82D-703 2) IT82D-812 3) IT82D-885 4) IT82E-16 5) TVx1193-9F 6) Locale Blanche 7) lfe Brown	1) TVx1850-01E 2) 58-146

Reactions of 23 cowpea cultivars to CMeV isolate 1-43

révélés résistants à l'égard de l'isolat 7-17 du CPMV : IT81D-1007, IT82D-812 ; IT82D-885 ; IT82E-16 ; IT83S-818 ; TVx1193-9F ; TVx1850-01E. Pour l'isolat 21-50 du CPMV, sur 30 cultivars testés, onze se sont révélés résistants : IT82E-18, IT81D-889 ; IT81D-1007, IT82D-885, IT82E-16, IT85F-2805, IT83S-818, TVx1850-01E, TVu645 et TVu410 Locale Afagnagan. Les cultivars suivants sont résistants aux deux isolats viraux du CPMV : IT81D-1007, IT82E-16, IT83S-818, IT82D-885 et TVx1850-01E. Les accessions de niébé de l'IITA (TVu410 et TVu 645) sont résistants à l'égard de l'isolat 21-50 du CPMV (tableau 1).

L'évaluation de 23 cultivars de niébé à l'égard d'un isolat cloné du CMeV (1-43), a révélé que les cultivars 58-146 et TVx1850-01E sont résistants au CMeV (tableau 2).

L'isolat cloné 10-19 du SBMV a été utilisé pour évaluer 23 cultivars de niébé et parmi lesquels cinq se sont révélés résistants : IT82D-703, IT82D-786, IT83S-818, TVx 1850-01E, TVx 3236-01G. De même l'isolat 18-10 du SBMV a servi à évaluer 36 cultivars de niébé dont 13 sont résistants à l'égard de cet isolat. Les cultivars suivants sont résistants aux isolats 10-19 et 18-10 du SBMV : IT82D-703, IT82-786, TVx 1850-01E, IT83S-818 (tableau 3).

Parmi les trois virus isométriques CMeV, CPMV et SBMV identifiés sur niébé au Togo au cours de nos études, le CPMV est le plus fréquent. Les résultats observés confirment ceux d'autres auteurs [3].

D'autres virus du niébé, régulièrement identifiés dans différentes régions productrices dans le monde [4], ont été également retrouvés au Togo. Ce sont le virus de la mosaïque du niébé transmis par puceron (CAMV), le virus de la marbrure légère du niébé (CMMV), le virus de la mosaïque du tabac souche légumineuse (TMV-CS).

Pour pouvoir recenser d'autres virus du niébé, éventuellement présents en concentration faible dans les plantes, il importerait d'améliorer les techniques actuelles d'identification de ces phyto-virus ou de développer de nouveaux tests plus sensibles grâce à l'émergence des biotechnologies et le développement du génie génétique qui ont con-

Tableau 3

Réactions de 23 et 36 cultivars de niébé à l'égard respectivement des isolats 10-19 et 18-10 du SBMV

Cultivars très sensibles (notes 4 à 5)	Cultivars moyennement sensibles (notes 2 à 3)	Cultivars résistants (note 1)
Isolat 10-19 du SBMV		
1) IT81D-985* 2) IT81D-1007* 3) IT2945-01D 4) TVX 1193-9F* 5) Locale Blanche* 6) Lacle Niamtougou 7) Locale Tsédédzi 8) Locale Gléi* 9) Ife Brown* 10) IT82D-812	1) IT82D-885* 2) IT82E-9* 3) IT82E-16* 4) IT83S-962* 5) TVx3671-7C-02D 6) TVx3671-14c-01D* 7) 58-146* 8) Vita 5	1) IT82D-703* 2) IT82D-786* 3) IT83S-818* 4) TVx 1850-01E* 5) TVx 3236-01G*
Isolat 18-10 du SBMV		
1) IT81D-1137 2) IT84S-2246-4 3) IT82E-18 4) IT83S-962* 5) TVx3236-01G* 6) IT85F-2805 7) KN1 8) Vita 5* 9) Ife Brown* 10) IT85D-3516-2 11) IT82D-699 12) 58-146* 13) IT81D-889	1) Vita 7 2) TVx3671-14C-01D* 3) IT82D-889 4) IT81D-1007* 5) IT85F-2085 6) IT81D-985* 7) IT82E-9* 8) IT82D-812 9) Locale Gléi* 10) IT86D-1056	1) TVx1193-9F* 2) IT82D-786* 3) IT82D-703* 4) Locale Blanche* 5) IT84E-124 6) IT82D-789 7) IT82E-16* 8) IT82E-60 9) IT83S-818* 10) IT82D-885* 11) TVx1850-01E* 12) TVu 645 13) TVu 410

Les cultivars marqués d'un astérisque ont été inoculés avec les deux isolats viraux.

Reactions of 23 and 36 cowpea cultivars to SBMV isolates 10-19 and 18-10, respectively

duit à une nette amélioration des tests de diagnostic en virologie végétale.

Lors de l'utilisation des anticorps polyclonaux, nous avons constaté certaines contraintes : pureté de l'antigène à injecter à l'animal pour obtenir les anticorps, variation de réponse d'un animal à l'autre, hétérogénéité des anticorps avec des affinités différentes pour le même épitope.

Diverses sources de résistance au CPMV et à d'autres virus du niébé ont été identifiées dans le germplasm de plusieurs accessions de niébé de l'IITA : ce sont TVu 393, TVu 493, TVu 1185, TVu 410, et TVu 616 [4, 5, 9]. Ces sources de résistance ont permis la sélection de variétés de niébé résistantes au CPMV et à d'autres virus attaquant cette légumineuse. Plusieurs cultivars de niébé (IT82E-16, IT83S-818,

TVx1850-01E) ont été identifiés comme résistants à l'égard du CPMV [9]. Certains de ceux-ci se sont également révélés résistants aux deux isolats du CPMV étudiés (7-17 et 21-50) et à l'un au moins des deux autres virus, le CPMV et le SBMV.

La variété de niébé 58-146, largement diffusée dans les régions productrices de cette légumineuse au Togo, est résistante au CMeV, mais très sensible à l'égard du CPMV. D'autres cultivars de niébé couramment utilisés (Vita 5, IT81D-985) sont très sensibles aux trois virus isométriques (CMeV, CPMV et SBMV) étudiés. Seul le cultivar TVx 1850-01E est résistant à ces trois virus ; compte tenu de son bon niveau de rendement (plus d'une tonne à l'hectare), ce cultivar pourrait être largement diffusé au niveau des paysans

si la couleur des grains en était acceptée dans certains milieux.

Considérant les risques d'effondrement de la résistance génétique [4], l'importance des viroses du niébé au Togo et dans plusieurs pays africains et les réductions importantes de rendement que peuvent entraîner ces virus, il est nécessaire de poursuivre les travaux d'inventaire des viroses du niébé et de rechercher les cultivars résistants au sein des nouvelles variétés mises au point ou en voie de création.

Dans le cadre de la lutte contre les virus du niébé, la recherche de variétés résistantes par des tests de criblage utilisant des souches et/ou isolats viraux locaux devra être poursuivie ■

Remerciements

L'auteur exprime sa profonde gratitude à la Fondation internationale pour la science (FIS, Stockholm, Suède) pour la bourse de recherche C/1143-2 qui lui a été octroyée ainsi qu'aux autorités de l'Université du Bénin et à l'Institut international d'agriculture tropicale (IITA, Ibadan, Nigeria) pour les ressources financières et matérielles mises à sa disposition.

Références

- Bozarth RF, Shoyinka SA. Cowpea mottle virus, CMI/AAB. *Descriptions of plant virus* 1979 ; 212 : 3.
- Givord L. Southern bean mosaic virus isolated from cowpea (*Vigna unguiculata*) in the Ivory Coast. *Plant Disease* 1981 ; 65 : 755-6.
- Gliem G. Viroses des plantes cultivées les plus importantes au Togo : expansion, reconnaissance, importance et possibilité de lutte. In : *Maladies des plantes cultivées au Togo : Recherches et observations*. Eschborn (Allemagne) : Deutsche Gesellschaft für Technische Zusammenarbeit (GTZ), 1984 ; 131-51.
- Gumedzoe MY, Sunu DY, Thottappilly G, Asselin A. Importance du virus de la marbrure du niébé et du virus de la mosaïque jaune du niébé au Togo. *Phytoprotection* 1990 ; 71 : 85-91.
- Rossel HW, Thottappilly G. Virus diseases of important food crops in tropical Africa. International Institute of Tropical Agriculture (IITA). Ibadan, Nigeria. 1985 ; 61 p.
- Shoyinka SA, Bozarth RF, Reese J, Rossel HW. Cowpea mottle virus : a seedborne virus distinctive properties infecting cowpea in Nigeria. *Phytopathology* 1978 ; 68 : 693-9.
- Clark MF, Adams AN. Characteristics of the microplate method of enzyme-linked immunosorbent assay for the detection of plant viruses. *Journal General Virology* 1977 ; 34 : 183.
- Thottappilly G, Rossel HW. Worldwide occurrence and distribution of virus diseases. In : Singh SR, Rachie KO, eds. *Cowpea research, production and utilization*. New York, John Wiley and Sons Ltd, 1985 : 155-71.
- Singh BB, Ntare BR. Development of improved cowpea varieties in Africa. In : Singh SR, Rachie KO, eds. *Cowpea research, production and utilization*. New York, John Wiley and Sons Ltd : 1985 : 105.

Summary

Major viruses of cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp) in Togo

M.Y.D. Gumedzoe

Surveys were conducted in various cowpea-producing areas of Togo to detect major cowpea viruses and identify cowpea varieties resistant to these viruses.

Antisera reacting with the six major cowpea viruses, and the chemicals required for the serological tests, were obtained from the Virology Unit of the International Institute of Tropical Agriculture (IITA, Ibadan, Nigeria). All plants were grown and maintained in insect-proof cages. Both cultivated fields and experimental plots in major cowpea-producing areas of Togo were surveyed, and trifoliolate leaves from plants showing viral symptoms (mosaic, mottling) were collected. Samples were also obtained from weeds or fodder plants. Serological tests (double diffusion in agarose gel and DAS-ELISA) were used for identifying the viruses.

From the 705 field samples examined, 63.12 % reacted positively to at least one of the six cowpea virus antisera studied. The following cowpea viruses were identified: cowpea aphid-borne mosaic virus (CAMV), cowpea mottle virus (CMeV), cowpea mosaic virus (CPMV), the southern bean mosaic virus (SBMV), cowpea mild mottle virus (CMMV) and

the cowpea strain of tobacco mosaic virus (TMV-CS). CPMV was the most widespread of the six viruses. Mixed infections were often recorded involving two or more viruses. Various wild plants were found to be infected with five of these six cowpea viruses, these included: *Cassia hirsuta* (SBMV), *Centrosema pubescens* (CMMV), *Nauclea latifolia* (CMMV, CAMV) and *Mucuna* Sp. (TMV-CS).

Cowpea cultivars were mechanically inoculated and screened, using cloned isolates of three isometric cowpea viruses: cowpea mottle virus (CMeV), cowpea mosaic virus (CPMV) and southern bean mosaic virus (SBMV). Symptoms were scored between seven and thirty days after inoculation by assessing the number of infected plants and the intensity of symptoms on a scale basis (1 = no symptom and 5 = severe symptoms).

Using cloned isolates of CMeV, CPMV and SBMV, several cowpea cultivars, including TVx 1850-01E, IT82E-16, IT83S-818, IT81D-1007, 58-146, IT82D-703, IT82D-786, TVx 3236-01G, were found to be resistant to at least one of these viral isolates.

Cahiers Agricultures 1993 ; 2 : 352-55.

Brève

LA CHASSE AU GÈNE BOORoola VA BON TRAIN

On sait depuis longtemps qu'une lignée de brebis australienne (Booroola) est douée d'une prolificité particulièrement élevée. Les généticiens ont pu déterminer que ce caractère est probablement monogénique même si la localisation du gène responsable de cette caractéristique génétique n'était pas encore définie. Les physiologistes ont de leur côté observé que les hormones gonadotropes étaient plus élevées chez les brebis Booroola que chez les races à prolificité normale. Toutes ces indications restent très insuffisantes pour permettre d'accéder au gène désormais appelé FecB. A l'aide de 319 femelles, les généticiens néo-zélandais ont pu se livrer à une analyse

de liaison de ce gène. L'examen de microsatellites dans le génome des brebis portant ou non le caractère Booroola a permis d'établir une corrélation entre ce caractère et deux de ces microsatellites. Par analogie avec le génome humain, beaucoup mieux connu que le génome ovin, il a été possible de localiser le gène FecB dans une région qui, dans le génome humain, est à un endroit précis du chromosome 4. Il reste sans doute encore un sérieux bout de chemin à parcourir avant que le gène FecB soit complètement localisé dans le génome ovin et surtout qu'il soit cloné. Ce résultat n'en marque pas moins une étape symbolique importante. Certains n'hésitent pas à y voir le début effectif d'une nouvelle ère dans l'étude des génomes des animaux domestiques et partant dans les métho-

des de sélection génétique. L'étude du gène lorsqu'il sera isolé apportera très vraisemblablement des informations essentielles sur un des mécanismes qui contrôlent la fécondité chez les mammifères. Il sera même possible de transférer ce gène, via la transgénèse, à d'autres espèces domestiques qui pourront peut-être aussi acquérir un degré de prolificité que la sélection génétique classique n'aurait pu leur apporter [1,2].

Louis-Marie Houdebine

[1. Hetzel J. Livestock genome research on the march. *Nature Genetics* 1993 ; 4 : 327-8.

2. Montgomery GW, Crawford AM, Penty JM, *et al.* The ovine Booroola fecundity gene (FecB) is linked to markers from a region of human chromosome 4 q. *Nature Genetics* 1993 ; 4 : 410-4.]