



Résumé de la thèse

Les cultures des cucurbitacées sont freinées par une panoplie de ravageurs, de maladies cryptogamiques et d'attaques virales qui affectent leurs qualités et quantités. La gestion des maladies virales est très compliquée aussi les méthodes de lutte disponible ne donnent pas des résultats satisfaisants vue qu'elles dépendent surtout de la bonne gestion de leurs vecteurs. L'amélioration de nos connaissances des espèces virales responsables des attaques, de leur diversité, des caractères principaux de leur multiplication, leurs occurrences et de leurs évolutions est indispensable pour une gestion fiable et durable. Nos travaux de recherches ont porté sur l'identification et la caractérisation des phytovirus causant des dégâts importants sur la culture des cucurbitacées. Les échantillons ont été collectés de différents champs depuis plusieurs régions marocaines sur des échantillons présentant différents symptômes d'attaques virales (Jaunissement, enroulement, taches nécrotiques... etc.). 1469 échantillons ont été collectés durant les investigations effectuées. Les analyses moléculaires et sérologiques ont montré la présence de ToLCNDV pour la première fois au Maroc affectant les cultures de la courgette, de la tomate et celles du melon ainsi que l'association de virus CpCDV pour la première fois à la culture de la pastèque et celle de la courge. Nos investigations ont aussi montré en se basant sur l'identification sérologique et moléculaire par l'outil de la PCR et la RT-PCR que les principaux agents virales responsables des infections sur les cucurbitacées au Maroc sont principalement ToLCNDV (Famille : Geminiviridae), CMV (Famille : Bromoviridae), CABYV (Famille : Luteoviridae), WMV (Famille : Potyviridae), ZYMV (Famille : Potyviridae), PRSV (Famille : Potyviridae) et CpCDV (Famille : Geminiviridae). La caractérisation moléculaire des deux virus ToLCNDV et CpCDV a montré qu'il existe une variabilité génétique importante entre les isolats marocains. Pour ToLCNDV une similitude génétique de nos isolats a été observé avec les isolats déclarés en Espagne et en Italie. Cependant, le CpCDV est génétiquement différent par rapport aux deux isolats signalés dans la région Méditerranéen notamment la Tunisie et l'Égypte, ce qui a été validé par l'analyse de phylogénie des séquences. L'analyse de recombinaison des isolats marocains pour le virus de ToLCNDV a identifié des souches recombinantes avec des parents majeurs variables. La propagation de ces deux géminivirus représente une menace pour la production de différentes cultures. Pour le développement des outils d'identification fiables des deux virus récemment détectés au Maroc, le développement de protocole de PCR en temps réel a été développé. les résultats de la présente étude pourraient être utilisés dans la détection des deux virus avec un gain du temps, de la main-d'œuvre et des coûts lors des tests de masse. De plus, la capacité du FTIR à révéler les changements de la composition chimique de la plante attaquée par le virus avant l'apparition des symptômes de la maladie pourrait conduire à l'essor de l'analyse FTIR en tant que méthode puissante pour la discrimination des feuilles des plantes et la prédiction de l'infection. Ce travail a permis d'offrir des informations profondes sur l'identité et la distribution des agents virales associés aux cultures de cucurbitacées et solanacées. Des outils de détection fiable des virus émergent et le suivie de l'évolution des attaques au cours de temps ouvrent des pistes prometteuses pour la compréhension des conditions favorisant leur développement et les méthodes efficaces de lutte.

Mots clés : Géminivirus, maladies virales, cucurbitacées, CpCDV, ToLCNDV, phytovirus, identification moléculaire, identification sérologique, phylogénie