

whereas subgroup I geminiviruses, for instance, WDV, express both an M_r 30 kDa and, *via* differential splicing, an M_r 41 kDa Rep protein, whose amino-terminal domain comprises most of the M_r 30 kDa polypeptide sequence. Rep proteins cleave the nonanucleotide after base 7 and become covalently linked to the 5'-phosphate of the cleaved strand until one round of replication is completed. Rep then catalyzes the cleavage of the newly synthesized strand and concomitantly transfers and ligates the DNA linked to it with the cleaved nonanucleotide sequence generating one circular single-stranded genomic DNA molecule.

Details of geminivirus replication, movement and transmission will be discussed.

Sequence du génome d'un clone infectieux de maize streak virus (MSV) de la Réunion, génétiquement distinct des isolats africains.

M Peterschmitt ¹, M Granier ¹, R Frutos ¹, M Isnard ¹, B Reynaud ² (¹ CIRAD-CA, IGEPAM, BP 5035, F-34032 Montpellier cedex 1; ² CIRAD-CA, 7, chemin de l'IRAT, F-97410 Saint-Pierre, France)

Le génome d'un isolat de *maize streak virus* provenant de l'île de la Réunion (MSV-R) a été cloné et séquencé. Son pouvoir infectieux a été démontré sur des plantes de maïs à l'aide d'*Agrobacterium tumefaciens* par la technique d'agro-inoculation. À partir de ces plantes, le virus est transmissible par cicadelle, *Cicadulina mbila*. Il provoque des symptômes graves, comparables à ceux causés par l'isolat qui a servi pour le clonage.

D'après la séquence de ce génome de 2 685 nucléotides et des séquences peptidiques qui en sont déduites, le MSV-R diffère des 3 isolats africains de MSV dont les séquences génomiques sont connues : l'isolat du Nigéria (MSV-N), du Kenya (MSV-K), et l'isolat d'Afrique du Sud (MSV-S). Le génome de MSV-R est plus long que celui de MSV-K de 4 nucléotides mais plus court que celui de MSV-N et celui de MSV-S de 2 et 5 nucléotides respectivement. Les cadres ouverts de lecture (ORFs) sont portés par les 2 brins de l'ADN génomique. Les ORFs du brin viral sont identiques en position et en taille avec ceux des 3 souches africaines. Par homologie de séquence avec MSV-N, l'ORF qui code potentiellement pour une protéine de 27,0 kDa, correspond au gène de la protéine de capsid. Les ORFs du brin complémentaire sont identiques en taille et en position avec ceux de l'isolat MSV-N

mais différent de ceux des 2 autres isolats. MSV-R contient 2 régions intergéniques comparables à celles des isolats africains.

Les homologies de séquences nucléotidiques calculées entre les génomes des différents isolats révèlent que l'isolat réunionnais (MSV-R) diffère des isolats africains qui forment entre eux un groupe distinct. Cette distinction de MSV-R est confirmée en comparant uniquement la séquence intergénique contenant les régions promotrices, et en comparant les séquences d'acides aminés des protéines potentielles de 10,9 kDa et de 31,4 kDa. En revanche, on observe une certaine homogénéité de la protéine de capsid.

D'autres isolats réunionnais sont en cours d'analyse. Un isolat a été sélectionné pour sa forte pathogénie par passage récurrent sur une lignée partiellement résistante. À partir de cet isolat, 40 clones ont pu être obtenus et classés en 4 groupes RFLP. Les séquences partielles de ces clones confirment la distinction moléculaire des isolats réunionnais par rapport à ceux d'Afrique. Des plantes de maïs ont été inoculées par agro-infection avec un clone de chaque groupe RFLP. Les 4 isolats ainsi obtenus sont transmis par *C. mbila* à des lignées de maïs présentant différents niveaux de résistance. D'après la gravité des symptômes observés, la pathogénie des isolats n'est pas homogène, mais toujours inférieure à celle de l'isolat d'origine.

Geminivirus replication: analysis of Rep protein functions.

F Heyraud-Nitschke ¹, J Laufs ², S Schumacher ², S Schaefer ¹, J Schell ¹, B Gronenborn ² (¹ Max-Planck-Institut fuer Zuechtungsforschung, Carl-von-Linné-Weg 10, D-50829 Cologne, Germany; ² Institut des sciences végétales, CNRS, avenue de la Terrasse, F-91198 Gif-sur-Yvette cedex, France)

Geminiviruses are the agents of plant diseases which are of agronomic importance in many parts of the world. They are transmitted by either leafhoppers or whiteflies and are characterized by twinned icosahedral particles that contain circular single-stranded DNA. Geminiviruses multiply in the nucleus of infected cells *via* a double-stranded DNA intermediate that is subsequently used as template for rolling-circle replication of the viral-strand DNA. Apart from a single viral encoded protein (thereafter referred to as the Rep protein), geminivirus DNA multiplication entirely relies on the DNA replication apparatus from the host cell. In order to study the molecular