

**SafePGR**  
**Videonference report 3/04/2013**

L. Bonheur, T. Candresse, M. Carvalho, S. Contreras, J. Daugrois, D. Filloux, M. Grisoni, C. Julian, A. Machado, A. Marais, D. Mendonça, C. Pavis, E. Silva, P.-Y. Teycheney, S. Theil

**WP 1**

Access to technical information on virus indexing works well thanks to the project's website and Dropbox file. Protocols and relevant bibliography are available and updated.

Partners activities progress according to plan. However, setting up or optimizing indexing techniques for Task 1 required more time than anticipated, therefore deadline for completing this task has been postponed to the end of August 2013. Timetable for Task 2 remains unchanged.

Task 1

- **Guadeloupe** : will generate sequence data on yam macluraviruses in order to fuel a study of the diversity of this genus; will test yam rhabdovirus primers; will provide partner 6 with BSV antisérum
- **Montpellier** : will refine mastrevirus primers based on this recently obtained sugarcane mastrevirus sequence, will screen 20 yam accessions with the new macluravirus primers; potentially, it may increase the number of sequences, and allow to have a better analysis of the diversity of this virus (origin, species...).
- **La Réunion** : will screen his yam accessions with the macluravirus primers; will screen his and Vanuatu's sweet potato accessions by RT-PCR for potyviruses; will complete garlic foveavirus sequence analyses
- **Azores** : will screen sweet potato accessions for crinivirus using both vitroplants and plants from the field for extracting TNAs and compare results
- **Madeira** : will screen sweet potato accessions for criniviruses and carlaviruses

Based on current results, we have decided to increase sequence data on yet undercharacterized or new virus species and genera such as yam macluraviruses, sugarcane mastrevirus and sweet potato rhabdovirus

Some methodological problems remain, such as differences in the quality of TNAs extracted from vitroplants and plants and its influence on PCR-based indexings. **Azores** will use TNAs extracted from sweet potato vitroplants and plants for indexing and compare results. A similar comparison will be undertaken for yam by **Guadeloupe**.

It seems possible to **publish a paper on Rhabdoviridae** (4/11 positive samples on sweetpotato in Azores), and on Closteroviridae (on sugarcane : **primers to design**, and on yam : 2/2 positive samples).

**WP2**

Il a été proposé de re-séquencer les siRNA par la société FASTERIS qui a participé à l'étude pionnière de Jan Kreuze et al (2009) et a donc un savoir faire en la matière.

La plateforme de Toulouse de séquençage (GeT-Place / Genopole Toulouse) nous a informé qu'elle abandonne la technologie Roche 454 à compter du 1er mai 2013, une demande de devis a donc été faite à Beckman Coulter Genomics et FASTERIS afin de séquencer les deux plaques 454 de l'étape méthodologique du WP2.

Une discussion a eu lieu entre Bordeaux et Montpellier concernant : (i) le nombre de reads minimaux à obtenir pour pouvoir détecter les phytovirus présents dans les plantes témoins des 6 modèles végétaux travaillés dans SafePGR (ii) la méthodologie à mettre en place pour choisir de façon rationnelle la technique ad hoc pour la deuxième phase du WP2 et (iii) le calendrier des travaux de laboratoire et de bioinformatique à effectuer.

Les réponses apportées lors de la visio sont les suivantes : (i) il a été conclu que le fait de comparer des multiplexages à 48 et 96 par 1/8 de plaque 454 (soit respectivement 2000-3000 et 1000-1500 reads attendus) pour chaque méthode d'extraction des acides nucléiques devrait permettre de répondre à la question concernant le nombre de reads minimaux à obtenir pour pouvoir détecter les phytovirus présents dans les plantes témoins des 6 modèles végétaux, (ii) une réflexion a été engagée par Bordeaux avec proposition d'un canevas méthodologique et (iii) Montpellier va essayer d'envoyer à séquencer la première plaque de 454 fin avril avec retour des séquences vers la mi-juin voire la fin juin et la deuxième plaque fin juin avec retour des séquences fin août. Les données seront traitées (finalisées) en septembre sur la base du canevas méthodologique établi en avril par Montpellier et Bordeaux, ce qui devrait permettre de proposer lors du 2ème meeting le choix de l'approche métagénomique à utiliser dans la deuxième phase du WP2.

BGPI asks to partners to check if they can take in charge the expenses linked with the sequences preparation for the second step of the WP 2. This is déterminant to decide whether the contract of Charlotte Julian may be extended. La Réunion is OK. Guadeloupe has to answer before the end of April.

#### WP Coordination

- The NetBiome steering committee met, and a solution seems to be found. Wait and see !
- The second meeting will be held in Montpellier at BGPI unit from 30/09 au 04/10 2013. The meeting room is reserved for the 5 days. It is proposed to book hotel rooms in the old city center, and to rent one or two cars. We will have lunches at the Baillarguet campus. The programme will be flexible, in order to be as effective as possible.
- **Mid-report : costs statements.** They have to be sent at the end of August to your funding agency, with copy to the coordinator. Please check the procedure in the contract you have signed with your agency. At least for Bordeaux, Montpellier, Guadeloupe, Réunion, the form is the following :

Give an indicative account of the grant budgets spent by the partners. Indicate how this complies with the forecasts and explain any significant divergences.

Name of partner	Grant budget spent (in %)	Comments (if necessary)

- **Mid-report : scientific report.** Probably due at the end of October. Planning :
  - o 15/05/13 Coordinator send instructions to Team leaders for writing the reports
  - o 15/09/13 Team leaders send their reports to WP leaders
  - o 10/10/13 WP leaders send their global report to coordinator
  - o 30/10/13 The coordinator send the global report to each Partner, and each Partner immediately send it to its funding agency, with copy to the coordinator.