

Faculté des bioingénieurs

Développement d'une méthodologie pour appuyer l'analyse des risques des phytovirus en République démocratique du Congo.

Auteur : Elie NTALE YA MUSHAGALUSA

Promoteur : Pr Claude BRAGARD

Lectrices : Margaux GENARD, Lyna MUKWA

Année académique 2025-2026

Mémoire de fin d'études présenté en vue de l'obtention du diplôme de
Bioingénieur : Sciences Agronomiques

REMERCIEMENTS

L'aboutissement de ce travail est pour moi une expérience unique qui n'aurait pas pu prendre forme sans les conseils, les soutiens et les interventions d'un nombre de personnes que je tiens à remercier.

Je remercie tout particulièrement mon promoteur, le Professeur Claude Bragard, pour son encadrement, sa disponibilité, sa confiance en moi, son expertise et ses conseils avisés tout au long de ce travail mais aussi pour son accueil au sein du laboratoire avec la professeure Anne Legreve. Son accompagnement a été déterminant dans l'aboutissement de ce mémoire.

Je souhaite remercier également Chrispin Majaliwa pour son aide précieuse dans le développement et le design de la plateforme web MLINZI, ainsi que pour ses conseils techniques qui ont grandement contribué à la qualité de cet outil.

Mes remerciements s'adressent également aux membres du consortium scientifique mis en place dans le cadre de ce travail, réunissant des virologistes, notamment Yves Kwibuka Bisimwa, Lyna Mukwa, Godefroid Monde, Clérisse Casinga, Espoir Bisimwa Basengere, Ignace Murhububa, Honoré Muhindo et Olivier Likiti. Ayant contribué, par leurs échanges scientifiques, leurs conseils et la validation des informations collectées, à renforcer la qualité et la fiabilité de ce travail. Leur collaboration et leur engagement ont été précieux dans la construction de cette étude et dans le développement de la base de données.

Mes remerciements s'adressent également à l'ensemble des membres du laboratoire de santé végétale de l'UCLouvain pour leur accueil, leur disponibilité, les échanges enrichissants et les moments funs qui ont accompagné la réalisation de ce travail.

Je tiens à remercier aussi les membres de mon jury, la professeure Lyna Mukwa et l'Assistante Margaux Genard pour l'intérêt qu'elles portent à ce mémoire et pour le temps consacré à son évaluation.

Enfin, j'adresse mes remerciements les plus sincères à ma famille et à mes proches pour leur soutien indéfectible, leurs encouragements et leur confiance tout au long de mes études.

DÉCLARATION DES CONTRIBUTIONS (CrediT)

	Elie Ntale	Intelligence Artificielle (ChatGPT et Gemini)	Consortium scientifique / autres contributeurs
Conceptualisation	X	X	X (Promoteur)
Méthodologie	X	X	X (Chrispin Majaliwa)
Investigation	X		X (Consortium d'expert virologue)
Analyse formelle	X		X (Consortium d'expert virologue)
Validation	X		X (Consortium d'expert virologue et Promoteur)
Rédaction – version originale	X	X	X (Promoteur)
Rédaction – révision et édition	X	X	X (Promoteur)
Visualisation	X		X (Chrispin Majaliwa)
Supervision			X

Dans le cadre de la rédaction de ce mémoire, des échanges avec différents contributeurs ont permis de bénéficier de leurs expertises, leurs conseils et orientations. Par ailleurs, certains outils d'intelligence artificielle ont été utilisés de manière ponctuelle et réfléchie, exclusivement pour des tâches d'assistance rédactionnelle.

La conceptualisation du sujet de recherche et du mémoire, a été assurée par l'auteur, incluant la définition de la problématique, des objectifs et de la structure générale du travail, avec l'appui scientifique du promoteur. Il a également élaboré la méthodologie, réaliser la recherche bibliographique, collecté, compilé et organisé les données relatives aux phytovirus en République Démocratique du Congo et les pays voisins.

L'analyse, la synthèse et l'interprétation des données ont été réalisées par l'auteur avec le soutien du consortium d'experts virologistes, qui a également contribué à la validation scientifique des informations et des résultats présentés.

L'auteur a rédigé la première version du mémoire ainsi que les différentes révisions du manuscrit. Le promoteur a contribué à l'encadrement scientifique du projet, à la relecture critique du document et à la validation des différentes étapes du travail. Les tableaux, figures, annexes et autres éléments de visualisation ont été réalisés par l'auteur. Dans le cadre du développement du site web *Mlinzi*, Chrispin Majaliwa a contribué à la conception graphique et aux aspects techniques de sa réalisation.

Les outils d'intelligence artificielle générative ChatGPT (OpenAI) et Gemini (Google) ont été utilisés comme outils d'assistance à la rédaction. Leur utilisation a principalement concerné la reformulation de certains passages, l'amélioration du style rédactionnel, la correction linguistique, l'organisation de certaines sections du mémoire ainsi que des suggestions de présentation. Toutes les propositions générées ont été systématiquement vérifiées, adaptées et validées par l'auteur avant leur intégration dans le document final. Les analyses scientifiques, les résultats, les interprétations et les conclusions présentés dans ce mémoire relèvent exclusivement de la responsabilité de l'auteur.

RESUME

Les maladies virales des plantes représentent une des contraintes majeures pour la production agricole et la sécurité alimentaire en République Démocratique du Congo (RDC). Malgré leur importance économique et phytosanitaire, les données relatives aux virus phytopathogènes présents dans le pays demeurent fragmentées, anciennes et souvent basées sur des nomenclatures dépassées. Ce mémoire a eu pour objectif de contribuer à une meilleure connaissance et surveillance des maladies virales des plantes en RDC à travers le développement d'une base de données centralisée, normalisée et exploitable des informations collectées sur virus phytopathogènes rapportés dans le pays, qui relie l'ancienne nomenclature aux standards taxonomiques actuels définis par l'ICTV.

Une revue bibliographique approfondie a été réalisée à partir d'articles scientifiques, rapports ainsi que d'anciennes base des données virologiques a permis de recenser 71 virus phytopathogènes identifiés ou suspectés en RDC, répartie au sein de 19 familles virales et 30 genres distincts. Parmi ces virus, 70 espèces sont officiellement reconnues par l'ICTV tandis qu'une espèce récemment décrite, Cassava Congo cheravirus, demeurer en cours de validation taxonomique.

Les résultats montrent une prédominance des familles *Potyviridae* et *Geminiviridae*, reflétant l'importance des virus transmis par les insectes vecteurs dans les agroécosystèmes tropicaux. Les cultures les plus affectées sont principalement le manioc (*Manihot esculenta*), le bananier (*Musa spp.*) et le tabac (*Nicotiana tabacum*). L'analyse des vecteurs met en évidence le rôle majeur de *Bemisia tabaci* dans la dissémination des virus recensés. La transmission végétative constitue le principal mode de propagation observé, suivie par la transmission mécanique ce qui constitue un facteur clé de la propagation et de maintien des infections virales dans les systèmes de production, rendant leur gestion particulièrement complexe.

Dans le cadre de cette étude, une plateforme web dénommée « Mlinzi », accessible via www.mlinzidata.com, a été développée afin de centraliser et valoriser les données collectées. Cette plateforme permet la consultation des informations taxonomiques, biologiques et épidémiologiques relatives aux virus des plantes présents en RDC et dans les pays voisins.

Par ailleurs, une analyse régionale a permis d'identifier 45 virus phytopathogènes déjà signalés dans les pays voisins mais non encore rapportés officiellement en RDC. La présence de vecteurs communs, les échanges transfrontaliers de matériel végétal et les conditions agroécologiques favorables suggèrent un risque d'introduction de ces virus sur le territoire national.

Ce travail constitue ainsi une contribution importante à la surveillance phytosanitaire, à la connaissance de la diversité virale et au développement d'outils numériques de gestion des maladies virales des plantes en République Démocratique du Congo.

Mots-clés : Virologie végétale, base de données, facteurs des risques, surveillance phytosanitaire.

ABSTRACT

Plant viral diseases represent one of the major constraints to agricultural production and food security in the Democratic Republic of the Congo (DRC). Despite their economic and phytosanitary significance, data on plant viruses present in the country remain fragmented, outdated, and often based on obsolete nomenclatures. The objective of this thesis was to contribute to a better understanding and surveillance of plant viral diseases in the DRC through the development of a centralized, standardized, and usable database of information collected on plant pathogenic viruses reported in the country, linking the old nomenclature to current taxonomic standards defined by the ICTV.

A comprehensive literature review based on scientific articles, reports, and historical virological databases identified 71 plant pathogenic viruses either confirmed or suspected in the DRC, distributed across 19 viral families and 30 distinct genera. Among these viruses, 70 species are officially recognized by the ICTV, while one recently described species, Cassava Congo cheravirus, remains pending taxonomic validation.

The results show a predominance of the *Potyviridae* and *Geminiviridae* families, reflecting the importance of viruses transmitted by insect vectors in tropical agroecosystems. The most affected crops are primarily cassava (*Manihot esculenta*), banana (*Musa spp.*), and tobacco (*Nicotiana tabacum*). Analysis of the vectors highlights the major role of *Bemisia tabaci* in the dissemination of the identified viruses. Vegetative transmission is the primary mode of spread observed, followed by mechanical transmission, which is a key factor in the spread and persistence of viral infections in production systems, making their management particularly complex.

As part of this study, a web platform called “Mlinzi,” accessible via www.mlinzidata.com, was developed to centralize and make use of the collected data. This platform allows users to access taxonomic, biological, and epidemiological information regarding plant viruses present in the DRC and neighboring countries.

Furthermore, a regional analysis identified 45 phytopathogenic viruses already reported in neighboring countries but not yet officially reported in the DRC. The presence of common vectors, cross-border trade in plant material, and favorable agroecological conditions suggest a risk of these viruses being introduced into the country.

This work thus constitutes an important contribution to phytosanitary surveillance, to knowledge of viral diversity, and to the development of digital tools for managing plant viral diseases in the Democratic Republic of the Congo.

Keywords : Plant virology, database, risk factors, plant health surveillance.

TABLE DES MATIÈRES

REMERCIEMENTS	i
DÉCLARATION DES CONTRIBUTIONS (CrediT)	ii
RESUME	iii
ABSTRACT	iv
TABLE DES MATIÈRES	v
TABLE DES FIGURES	viii
TABLE DES TABLEAUX	viii
LISTE DES ACRONYMES	ix
I. INTRODUCTION	1
1. Contexte.....	1
2. Pertinence et intérêt du sujet.....	3
II. ETAT DE L'ART	4
2.1 Importance des virus phytopathogènes dans les systèmes agricoles.....	4
2.2 Caractéristique des virus de plantes.....	4
2.2.1 Caractéristique génomique et biologique.....	4
2.2.2 Classification et Nomenclature.....	6
2.2.3 Mode de transmission.....	8
2.3 Bases de données de référence.....	9
2.3.1 VIDE (Virus Identification Data Exchange).....	9
2.3.2 ICTV (International Committee on Taxonomy of Viruses).....	10
2.3.3 DPVweb (Descriptions of Plant Viruses).....	10
2.3.4 ViralZone (Université de Genève, Swiss Institute of Bioinformatics).....	10
2.3.5 PVDive - Plant virus diversity database.....	11
2.3.6 EPPO Global Database (European and Mediterranean Plant Protection Organization).....	11
2.4 Impact économique et agricole des virus des plantes.....	11
2.5 Gestion et surveillance des virus de plantes.....	11
2.6 Enjeux spécifiques pour la République Démocratique du Congo.....	12
2.6.1 Diversité des virus signalés en RDC.....	12
2.6.2 Problèmes liés à l'ancienne nomenclature dans la littérature congolaise.....	13
2.6.3 Facteurs de risque en RDC.....	13
2.7 Circulation régionale des virus des plantes en Afrique centrale.....	15
2.7.1 Dynamique régionale des virus phytopathogènes.....	15
2.7.2 Rôle des échanges transfrontaliers informels.....	15

2.7.3	Influence des réseaux transport agricoles et commerciaux	15
2.7.4	Interaction avec les vecteurs et les conditions environnementales	15
2.7.5	Limites de la coordination régionale en matière phytosanitaire	16
III.	OBJECTIFS.....	17
IV.	MATÉRIELS ET MÉTHODES.....	18
4.1	Approche méthodologique générale	18
4.2	Collecte et sélection des données	18
4.2.1	Recherche documentaire	18
4.2.2	Sources spécialisées et critères d'extraction	18
4.2.3	Intégration et harmonisation	19
4.3	Critères d'inclusion et d'exclusion	19
4.4	Mise en correspondance taxonomique.....	19
4.5	Traitement et normalisation des données	19
4.5.1	Correction taxonomique.....	19
4.5.2	Correspondance ancienne/nouvelle nomenclature.....	20
4.5.3	Standardisation sémantique	20
4.6	Structuration de la base de données	20
4.7	Analyse descriptive et visualisation.....	21
4.8	Développement d'un outil d'exploitation et de valorisation des données	21
4.9	Extension de la recherche aux pays voisins.....	22
4.10	Approche collaborative et validation scientifique des données.....	23
4.11	Limites méthodologiques.....	23
V.	RESULTATS.....	24
5.1	Diversité virale recensée en République Démocratique du Congo	24
5.2	Répartition taxonomique des familles virales	29
5.3	Répartition des virus par culture affectées	30
5.4	Importance des vecteurs dans l'épidémiologie virale	31
5.5	Modes de transmission	31
5.6	Développement d'une plateforme web pour la visualisation des données	32
5.7	Virus phytopathogènes signalés dans les pays voisins et implications pour la RDC ...	34
VI.	DISCUSSION.....	39
6.1	Diversité virale recensée en RDC	39
6.2	Répartition taxonomique des familles virales	39
6.3	Répartition des virus par cultures affectées	40
6.4	Importance des vecteurs dans l'épidémiologie virale	40
6.5	Mode transmission.....	41

6.6	Apport et limites de la plateforme web développée	42
6.7	Virus phytopathogènes signalés dans les pays voisins et implications pour la RDC ...	42
	CONCLUSION GENERALE	44
	REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES	46
	ANNEXES	61
	Annexe 1 : Fichier « Les virus présents dans les pays voisins.xls »	61
	Annexe 2 : Fichier « Les virus présents en RDC.xls »	61
	Annexe 3 et 4 : Réponses des experts consultés.....	61
	Annexe 5 : Synthèse des virus phytopathogènes recensés en RDC (tableau récapitulatif simplifié).	61

TABLE DES FIGURES

Figure 1 : Structure de l'interface de la base de données et de la plateforme web développée pour la gestion des informations sur les virus des plantes.	22
Figure 2 : La répartition des 71 espèces de virus recensées en RDC selon leur famille	29
Figure 3 : La répartition des virus recensés en RDC selon les cultures affectées	30
Figure 4 : la répartition des virus recensés en RDC selon les principaux vecteurs associés	31
Figure 5 : Page d'accueil de la plateforme web dédiée à l'étude des virus des plantes.	33
Figure 6 : Interface de visualisation des données d'un virus dans la plateforme web développée.	34

TABLE DES TABLEAUX

Tableau 1 : Correspondance entre l'ancienne nomenclature et la nomenclature binominale ICTV (réforme 2019) des certains virus des plantes en RDC	7
Tableau 2 : Synthèse des principaux virus des plantes en RDC, vecteurs associés et facteurs de risque	14
Tableau 3: La structurations des données dans la table Excel	21
Tableau 4 : Synthèse des virus phytopathogènes recensés en RDC	25
Tableau 5 Mode de transmission principal des virus.....	31
Tableau 6: Virus présent dans les pays voisins susceptibles de représenter un risque d'introduction en RDC.....	35
Tableau 7 : Liste des virus et viroïdes phytopathogènes recensés ou suspectés en République Démocratique du Congo avec leur nomenclature ICTV, hôtes, vecteurs et distribution géographique..	62

LISTE DES ACRONYMES

ADN: Acide désoxyribonucléique
ARN: Acide ribonucléique
DPV: Description of plant viruses
EPPO: European and Mediterranean Plant protection Organization
GarVD : Garlic virus D
PVX : Potato virus X
BBTsV : Banana bunchy top associated virus
CPsV : Citrus psorosis virus
PVS : Potato virus S
CPMMV : Cowpea mild mottle virus
CMV : Cucumber mosaic virus
BSGFV : Banana streak GF virus
BSIMV : Banana streak IM virus
BSOLV : Banana streak OL virus
BSUAV : Banana streak UA virus
BSULV : Banana streak UL virus
BSMYV : Banana streak MY virus
BSNVV : Banana streak NV virus
BSUIV : Banana streak UI virus
PMWaV2 : Pineapple mealybug wilt-associated virus 2
PMWaV3 : Pineapple mealybug wilt-associated virus 3
PMWaV1 : Pineapple mealybug wilt-associated virus 1
MEaV-1 : Manihot esculenta-associated virus 1
MEaV-2 : Manihot esculenta-associated virus 2
CTV : Citrus tristeza virus
SPCSV : Sweet potato chlorotic stunt virus
ACMV : African cassava mosaic virus
EACMV0 : East African cassava mosaic virus
ACMBV : African cassava mosaic Burkina Faso virus
EACMCV : East African cassava mosaic Cameroon virus
EACMKV : East African cassava mosaic Kenya virus
ACMMV : African cassava mosaic Madagascar virus
EACMMV : East African cassava mosaic Malawi virus
EACMZV : East African cassava mosaic Zanzibar virus
TLCCV : Tobacco leaf curl Comoros virus
TLCZV : Tobacco leaf curl Zimbabwe virus
SACMV : South African cassava mosaic virus
MSV : Maize streak virus
TYLCV : Tomato yellow leaf curl virus
BBTV : Banana bunchy top virus
MSPV : Maize stripe virus
CCCVd : Coconut cadang-cadang viroid
CBSV : Cassava brown streak virus

SPMMV : Sweet potato mild mottle virus
UCBSV : Ugandan cassava brown streak virus
PVA : Potato virus A
SPFMV : Sweet potato feathery mottle virus
MWMV : Moroccan watermelon mosaic virus
JGMV : Johnsongrass mosaic virus
TEV : Tobacco etch virus
BCMNV : Bean common mosaic necrosis virus
BYMV : Bean yellow mosaic virus
BCMV : Bean common mosaic virus
SCMV : Sugarcane mosaic virus
YMV : Yam mosaic virus
MDMV : Maize dwarf mosaic virus
PVY : Potato virus Y
TRSV : Tobacco ringspot virus
CCCHV : Cassava Congo cheravirus
GRaV : Groundnut rosette assistor virus
TDVV : Tobacco vein distorting virus
RYMV : Rice yellow mottle virus
SBMV : Southern bean mosaic virus
SCoMV : Southern cowpea mosaic virus
TLCbV : Tobacco leaf curl betasatellite
GRV : Groundnut rosette virus
TMoV : Tobacco mosaic virus
MLNV : Maize lethal necrosis virus
TMVsV : Satellite tobacco mosaic virus
TSWV : Tomato spotted wilt virus
PCV : Peanut clump virus
PMTV : Potato mop-top virus
TMV : Tobacco mosaic virus
TRV : Tobacco rattle virus
ICTV: International Committee on Taxonomy of Virus
RDC : République démocratique du Congo
VIDE : Virus Identification Data Exchange

I. INTRODUCTION

1. Contexte

Le secteur agricole est l'un de plus important de l'économie de la République démocratique du Congo (RDC), car elle occupe près de 70 % de la population active et représente entre 20 % et 25 % du PIB national (Mukwa et al., 2014; Mulimbi et al., 2019 ; FAO, 2026). Les principales cultures vivrières du pays telles que le manioc (*Manihot esculenta*), la banane (*Musa spp.*), la patate douce (*Ipomoea batatas*), le haricot (*Phaseolus vulgaris*) et le maïs (*Zea mays*) jouent un rôle crucial pour la sécurité alimentaire et les revenus des ménages (PNSA, 2010 ; Mulimbi et al., 2019).

En parallèle, d'autres cultures à vocation industrielle et commerciale occupent une place stratégique dans l'économie nationale, notamment le palmier à huile (*Elaeis guineensis*), le caféier (*Coffea spp.*), l'hévéa (*Hevea brasiliensis*) et le quinquina (*Cinchona spp.*). Ces cultures contribuent de manière significative aux exportations agricoles et à l'approvisionnement des industries agroalimentaires et pharmaceutiques (Madende et al., 1995).

Au-delà de ces systèmes de production, la RDC se distingue également par une richesse exceptionnelle en biodiversité, avec environ 10 000 à 11 000 espèces de plantes recensées, dont une proportion importante d'espèces endémiques (Madende et al., 1995; Mbuyi, 2025). Cette diversité constitue un réservoir génétique majeur, documenté notamment dans la Flore d'Afrique centrale dans la fascicule de 2016, bien que les connaissances restent encore incomplètes et en constante évolution (Geerinck & Sosef, 2016).

Cependant, la production est confrontée à de nombreuses contraintes biotiques, parmi lesquelles les maladies virales occupent une place croissante actuellement (Gergerich & Dolja, 2006; Kwibuka et al., 2026).

Les virus phytopathogènes, responsables de pertes de rendement considérables à l'échelle mondiale se manifestent souvent par une large gamme de symptômes tels que la mosaïque, la chlorose, le rabougrissement, la nécrose ou la déformation des organes (Gao & Lozano-Durán, 2025). Ils sont souvent considérés incurables et difficile à éradiquer une fois installées dans la plante, rendant la prévention, la détection précoce et la gestion intégrée essentielles (Gayard, 2022). Les virus de plantes peuvent être transmis par des vecteurs qui peuvent être des insectes (puçerons, aleurodes, cicadelles...), des acariens, les plasmodiophoromycètes ou encore les nématodes. Ils peuvent aussi être transmis par le pollen, la semence, par voie mécanique ou par des pratiques culturales comme la multiplication végétative (Singh et al., 2020 ; Casinga et al., 2022).

Les maladies causées par les virus chez les plantes représentent une contrainte majeure pour l'agriculture mondiale, avec des pertes économiques annuelles estimées à environ 30 milliards de dollars américains (Jones, 2021). De plus, près de la moitié (47 %) des agents pathogènes responsables des épidémies émergentes et réémergences de maladies végétales dans le monde sont des virus (Jones, 2021). Elles constituent ainsi une menace significative pour la sécurité alimentaire et économique à l'échelle mondiale (Gao & Lozano-Durán, 2025).

La grande diversité agroécologique de la RDC favorise la présence d'un large gamme des virus avec une prédominance des genres *Potyvirus* et des *Begomovirus*, cependant, le pays ne dispose pas encore d'un système de surveillance virologique national intégré (*ICTV*, s. d.; Mukwa et al., 2014 ; Bisimwa et al., 2015).

En RDC, plusieurs épidémies virales majeures touchant des cultures ont été documentées, soulignant ainsi l'amplitude et la persistance du risque phytosanitaire, compromettant les efforts de lutte contre l'insécurité alimentaire (Kabemba et al., 2017; Mulimbi et al., 2019).

La mosaïque africaine du manioc causée par un complexe de begomovirus (African cassava mosaic virus/ *Begomovirus Manihoti*, East African cassava mosaic virus/ *Begomovirus manihotisafricaense* et virus apparentés) qui est l'une des maladies virales les plus dévastatrices, entraînant des pertes de rendements pouvant atteindre 50 à 60% dans certaines régions de production (Bisimwa et al., 2015; Casinga et al., 2021) et souvent aggravée par la présence simultanée de la striure brune du manioc (Cassava brown streak disease) causée par des *Ipomovirus* (Cassava brown streak virus/ *Ipomovirus brunusmanihotis* et Ugandan cassava brown streak virus/ *Ipomovirus manihotis*) observée dans l'est du pays (Casinga et al., 2019).

Les bananeraies ne sont pas débarrassées de certaines de leurs menaces virales, notamment le Banana bunchy top virus (BBTV)/ *Babuvirus musae*, facteur de nanisme et de stérilité (L. F. T. Mukwa et al., 2016; Murhububa et al., 2021), et le Banana streak virus (BSV)/ *Badnavirus alphavirgamusae*, un virus largement répandu qui est le plus souvent mis en relation avec des infections latentes provoquées par des stress abiotiques ou des pratiques de culture inadaptées (Fidan & Koç, 2019).

L'absence de diagnostic systématique, la faiblesse du réseau d'infrastructures de laboratoire et l'absence de bases de données actualisées constituent des freins à la réponse face aux foyers épidémiques. Par ailleurs, la circulation régionale de virus à travers les frontières avec les pays voisins (Angola, Ouganda, Rwanda, ...) ainsi que la présence de vecteurs des maladies virales sur le territoire national accentuent sa vulnérabilité phytosanitaire (Bakelana et al., 2010 ; Murhububa et al., 2021 ; Casinga et al., 2022).

Bien que plusieurs virus de plantes connus ou soupçonnés en RDC, les documents recensés demeurent, pour la plupart, sporadiques, anciens ou encore exprimés via une terminologie non normalisée. Dans plusieurs bases historiques, le cas de V.I.D.E. (Virus Identification Data Exchange), les noms d'usage n'ont pas été mis à jour. Au sein de l'ICTV (International Committee on Taxonomy of Viruses), la taxonomie bien été mise à jour mais n'est parfois pas en phase avec les réalités du terrain (Siddell et al., 2023 ; Rubino et al., 2025).

Cette situation crée une confusion dans l'identification, le suivi, le renseignement sur les virus présents dans le pays. Il n'y a pas de référence nationale qui permette de relier les anciens noms utilisés dans les publications locales à la nouvelle nomenclature. Ceci est un problème qui rend bien difficile la tâche des chercheurs, des agronomes, phytopathologistes et institutions de régulation.

En effet, l'absence de métadonnées localisées et le manque d'échantillons géoréférencés mettent en échec la surveillance, rendant plus pressante l'urgence de construire des bases de données nationales ou régionales plus appropriées aux contextes agroécologiques congolais.

Dans ce contexte, le développement d'une base de données numérique apparaît aussi comme intéressant pour améliorer le système de surveillance, faciliter l'accès, la consultation et la valorisation des données sur les virus des plantes identifiés ou suspectés en République démocratique du Congo.

2. Pertinence et intérêt du sujet

Ce travail répond à un besoin urgent de normalisation et de centralisation des connaissances sur les virus des plantes en RDC. La base de données contribuera à renforcer le système de surveillance phytosanitaire et servir de références pour les chercheurs, les étudiants et les institutions agricoles.

De plus elle facilitera la détection précoce et la gestion des foyers de virus émergents, tout en soutenant la mise en place de stratégies de protection intégrées des cultures fondées sur des données fiables et actualisées. De même en reliant les données historiques aux données standards taxonomiques modernes de l'ICTV, le projet favorisera non seulement l'harmonisation scientifique des données virologique à l'échelle nationales et régionale mais contribuera également à la récupération et à la valorisation d'informations anciennes déjà oubliées ou en voie de disparition.

Par ailleurs, la création d'une telle ressource contribuera à la biosécurité agricole en Afrique centrale et en Afrique de l'Est, où les échanges de matériel végétal et de semences sont fréquents ce qui facilitera une coopération régionale, le partage des données normalisées, et soutiendra la mise en place des politiques de quarantaine et de surveillance adaptées au contexte local.

Ce mémoire s'articule autour de plusieurs questions de recherche essentielles visant à éclairer l'état actuel des connaissances virologiques agricoles en RDC. Cette étude cherche à répondre à trois principales questions :

- Quels sont les virus phytopathogènes historiquement rapportés en République Démocratique du Congo, et comment ceux-ci se rattachent-ils à la taxonomie actuelle de l'ICTV ?
- Quelle est la distribution de ces virus selon les principales cultures-hôtes et les régions agroécologiques du pays ?
- Quels sont les virus phytopathogènes non encore signalés en République démocratique du Congo, mais présents dans les pays voisins, et présentant un risque potentiel d'introduction ?
- Quelles sont les principales lacunes dans la documentation virologique nationale, et quelles priorités de recherche ou de surveillance en découlent ?

Ce travail est organisé en six chapitres. Après l'introduction, un état de l'art est intégré au chapitre II, suivie des objectifs de recherche au chapitre III, des matériels et méthodes au chapitre IV, des résultats au chapitre V et de leur discussion au chapitre VI. Une conclusion générale finalisera ce travail.

II. ETAT DE L'ART

2.1 Importance des virus phytopathogènes dans les systèmes agricoles

La virologie végétale est une discipline qui étudie les virus affectant les plantes, leur diversité, leur mécanisme d'infection ainsi que leur impact agronomique et écologique (DPV, s. d.). Les virus représentent l'un des principaux agents pathogènes des cultures et sont responsables des nombreuses maladies qui touchent la croissance, le développement et le rendement des cultures à travers le monde (Gergerich & Dolja, 2006).

L'histoire de la virologie végétale remonte à la fin du 19^{ème} siècle, avec la découverte du Tobacco mosaic virus (TMV)/ *Tobamovirus tabaci*, premier virus décrit comme agent causal de la mosaïque du tabac en 1898 (Roossinck, 2010; Wang *et al.*, 2020). Le microbiologiste néerlandais Martinus Beijerinck et le chercheur russe Dimitri Iwanowski enquêtaient sur la cause d'une mystérieuse maladie du tabac ce qui a marqué la naissance de la virologie en tant que discipline scientifique (Roossinck, 2010 ; Randles & Ogle, 2015). Depuis la virologie s'est considérablement développée et constitue aujourd'hui un domaine autonome de recherche et innovation (Sabanadzovic *et al.*, 2025).

Les infections virales se manifestent par une large gamme de symptômes tels que la mosaïque foliaire, la chlorose, le rabougrissement, la nécrose ou la déformation des organes végétatifs et reproducteurs (Gergerich & Dolja, 2006) causant des dégâts irréversibles chez les plantes cultivées beaucoup plus que les maladies bactériennes ou fongiques (Tatineni & Hein, 2023 ; Gao & Lozano-Durán, 2025). Les pertes économiques dues aux virus de plantes peuvent être majeures, touchant directement la sécurité alimentaire, les revenus agricoles et le commerce international (Tatineni & Hein, 2023). Près de 50 % des maladies émergentes des plantes seraient causées par des virus, qui sont inévitables ou ingérables (Dutta *et al.*, 2022).

La lutte contre les virus repose donc principalement sur la prévention : utilisation de semences certifiées, destruction de matériel végétal infecté, contrôle des vecteurs et adoption de pratiques culturales adaptées (Gao & Lozano-Durán, 2025).

2.2 Caractéristique des virus de plantes

2.2.1 Caractéristique génomique et biologique

a. Structure du génome

La majorité des virus de plantes possèdent un génome à ARN simple brin (ssRNA), le plus souvent de polarité positive ou négative. Toutefois, on trouve aussi des génomes à ARN double brin (dsRNA), des génomes à ADN simple brin (ssDNA) et double brin (dsDNA), bien que ces derniers soient plus rares (Tatineni & Hein, 2023). Ils sont encapsidés dans une protéine protectrice formant des particules virales de formes variées ; filamenteuse (*Potyvirus*), icosaoédrique (*Tombusvirus*), bacilliforme (*Badnavirus*), ou encore isométrique (Gergerich & Dolja, 2006; Randles & Ogle, 2015).

Si la majorité des virus de plantes sont considérés comme des virus dits 'nus', certains sont dits 'enveloppés' par une enveloppe lipidique (par exemple les *Tospovirus*, *Rhabdovirus*). La taille

du génome des virus des plantes varie généralement de 3 à 20 kilobase ce qui limite le nombre de protéines codées (Gao & Lozano-Durán, 2025).

b. Spécificité des hôtes

Chaque virus possède une gamme d'hôte spécifique, allant de quelques espèces étroitement liés et apparentées à plusieurs familles botaniques (Moury & Desbiez, 2020 ; McLeish *et al.*, 2024). Certains virus présentent un spectre très large affectant aussi bien des plantes cultivées que des plantes sauvages, jouant ainsi un rôle dans la dynamique épidémiologique (Moury & Desbiez, 2020).

c. Symptômes typiques

Les différents virus végétaux entraînent des symptômes spécifiques, parmi lesquels : chlorose, mosaïque, nanisme, déformation foliaire, nécrose, stries (Gao & Lozano-Durán, 2025). Ces différentes manifestations sont en effet selon l'espèce de végétal hôte, son stade de développement et les conditions environnementales (Jiang & Zhou, 2023).

Parmi les manifestations les plus courantes, la mosaïque foliaire constitue un des symptômes emblématiques des infections virales. Elle se traduit par une alternance de zone vertes et chlorotiques sur les feuilles, résultant d'une perturbation de la synthèse de la chlorophylle (Zhao *et al.*, 2016 ; Gao & Lozano-Durán, 2025). Ce type de symptômes est notamment observé chez des virus tels que Tobacco mosaic virus / *Tobamovirus tabaci* ou l'African cassava mosaic virus / *Begomovirus manihoti*.

La chlorose, correspondant à un jaunissement des tissus végétaux, est également fréquente et traduit souvent une altération du métabolisme photosynthétique. Elle peut être localisée ou généralisée (Almási *et al.*, 2001).

Le nanisme constitue un autre symptôme majeur, résultant d'une perturbation de croissance liée à une altération des hormones végétales (Jiang & Zhou, 2023 ; Gao & Lozano-Durán, 2025). Les plantes infectées présentent alors une réduction significative de leur taille, une diminution de la biomasse et un retard de développement impactant le rendement agricole (Almási *et al.*, 2001; Zhao *et al.*, 2016).

Les virus peuvent induire des déformations morphologiques des feuilles et des organes, telles que l'enroulement foliaire ou encore des anomalies dans la formation des fruits qui sont souvent associées à des perturbations du développement cellulaire (Lecoq, 2012).

La nécrose, caractérisée par la mort localisée ou généralisée des tissus, peut apparaître sous forme de taches nécrotiques, de stries ou de lésions étendues pouvant conduire à la mort de la plante (Lukanda *et al.*, 2014 ; Isabirye *et al.*, 2016). Certains virus provoquent également des symptômes systémiques graves, notamment des flétrissements ou des dépérissements (Gao & Lozano-Durán, 2025).

D'autres symptômes spécifiques incluent la présence de stries, de marbrures ou encore des motifs annulaires (ringspots), souvent utilisés comme critère de diagnostics (Gao & Lozano-Durán, 2025). Par ailleurs, certaines infections virales peuvent rester asymptomatiques, chez des hôtes tolérants ou dans des conditions environnementales particulières, ce qui complique

leur détection et favorise leur dissémination (Jiang & Zhou, 2023 ; Gao & Lozano-Durán, 2025).

2.2.2 Classification et Nomenclature

Les virus des plantes sont classés selon des critères morphologiques, génomiques et phylogénétiques établis par le Comité International de Taxonomie des Virus (ICTV). Cette classification repose principalement sur la nature du génome viral (ARN ou ADN, simple ou double brin), la polarité, le mode de répllication et les relations évolutives entre virus (*ICTV*, s. d.; Lefkowitz et al., 2018; Simmonds et al., 2026).

Historiquement, la nomenclature des virus phytopathogènes reposait souvent sur des critères symptomatologiques ou sur la plante hôte (Ex : Cassava mosaic virus, Banana bunchy top virus) (Wang et al., 2020). Cependant, les avancées en biologie moléculaire ont conduit à une révision profonde de cette nomenclature, avec l'introduction des noms latinisés normalisés (Adams et al., 2017 ; Walker et al., 2021 ; Simmonds et al., 2026). Cette transition pose encore aujourd'hui des difficultés, notamment dans les pays où les données anciennes et les nouvelles coexistent sans harmonisation. La classification des virus de plantes a connu une évolution majeure au fil du temps.

a. Classification historique

Les premiers systèmes reposaient principalement sur l'observation des symptômes causés sur les plantes hôtes (mosaïque, jaunissement, rabougrissement), sur la morphologie des particules virales observées au microscope électronique (isométriques, filamenteuses, bacilliformes) et sur les propriétés biologiques comme le mode de transmission (mécanique, insectes vecteurs) (Walkey, 1991). Ces critères empiriques permettaient de distinguer les groupes de virus, mais manquaient de précision et entraînaient de nombreuses confusions (Simmonds *et al.*, 2017 ; Lefkowitz *et al.*, 2018).

b. Classification moderne

Avec l'avènement de la biologie moléculaire et du séquençage, la taxonomie des virus a été profondément révisée (DPV, s. d.). Aujourd'hui, le Comité international de taxonomie des virus (ICTV) encadre la nomenclature et la classification officielles (ICTV, s. d.). Les virus sont organisés en ordre, famille, sous-famille, genre et espèce, sur la base de critères phylogénétiques, de séquence génétique et de caractéristiques génomiques (Lefkowitz *et al.*, 2018).

c. Nomenclature binominale (réforme 2019 – actuelle)

Depuis 2019, l'ICTV a introduit une nomenclature binominale latine pour les espèces virales, calquée sur le système utilisé en biologie (*ICTV*, s. d.). Ainsi, chaque espèce virale est désormais désignée par un genre + épithète spécifique (Simmonds et al., 2026). Par exemple, l'African cassava mosaic virus (nom historique) est officiellement nommé *Begomovirus manihotis*, reflétant à la fois son appartenance au genre *Begomovirus* et son hôte de référence, le manioc (Siddell *et al.*, 2020; Zdenek, 2024).

Tableau 1 : Correspondance entre l'ancienne nomenclature et la nomenclature binominale ICTV (réforme 2019) des certains virus des plantes en RDC

	Genres	Nouveau nom	Ancien noms	Abréviation	Nouveau nom	Références
1	<i>Babuvirus</i>	<i>Babuvirus musae</i>	Banana bunchy top virus	BBTV	<i>Babuvirus musae</i>	Mukwa et al., 2014
8	<i>Badnavirus</i>	<i>Badnavirus alphavirgamusae</i>	Banana streak GF virus	BSGFV	<i>Badnavirus alphavirgamusae</i>	Mukwa et al., 2016 ; Fidan & Koç, 2019
2	<i>Begomovirus</i>	<i>Begomovirus manihotis</i>	African cassava mosaic virus	ACMV	<i>Begomovirus manihotis</i>	Bisimwa et al., 2012
4	<i>Crinivirus</i>	<i>Crinivirus ipomeae</i>	Sweet potato chlorotic stunt virus	SPCSV	<i>Crinivirus ipomeae</i>	Carey et al., 1998 ; Rubabura & Bisusa, 2011
6	<i>Ipomovirus</i>	<i>Ipomovirus brunusmanihotis</i>	Cassava brown streak virus	CBSV	<i>Ipomovirus brunusmanihotis</i>	Kwibuka, 2022
3	<i>Mastrevirus</i>	<i>Mastrevirus storeyi</i>	Maize streak virus	MSV	<i>Mastrevirus storeyi</i>	Thottappilly et al., 1998 ; Buyckx, 1962
7	<i>Potyvirus</i>	<i>Potyvirus phaseovulgaris</i>	Bean common mosaic virus	BCMV	<i>Potyvirus phaseovulgaris</i>	Barhahakana et al., 2014
5	<i>Sobemovirus</i>	<i>Sobemovirus RYMV</i>	Rice yellow mottle virus	RYMV	<i>Sobemovirus RYMV</i>	Hubert et al., 2013

2.2.3 Mode de transmission

Le mode de transmission et de dissémination des virus des végétaux repose sur divers mécanisme (Whitfield *et al.*, 2015). On distingue généralement deux grands types : la transmission horizontale, d'une plante à une autre au sein d'une population (vecteurs, outils, contact), et la transmission verticale, des plantes mères aux descendants via les graines ou le pollen (García-Ordóñez & Pagán, 2024).

a. Transmission par vecteurs biologiques

La majorité des virus de plantes sont transmis par des organismes vecteurs qui assurent le passage du virus d'un hôte à un autre (Whitfield *et al.*, 2015). Parmi ces vecteurs nous avons ;

Insectes piqueurs-suceurs : les pucerons (*Aphididae*), les aleurodes (*Aleyrodidae*) et les cicadelles (*Cicadellidae*) représentent les principaux vecteurs. Par exemple, le Banana bunchy top virus est transmis par le puceron *Pentalonia nigronervosa*, tandis que le Cassava mosaic virus/ *Begomovirus manihoti* est disséminé par les aleurodes du genre *Bemisia* (Legg *et al.*, 2014).

Les plasmodiophorides : certains champignons du sol jouent un rôle essentiel comme vecteurs de virus de plantes, en particulier dans les cultures de betteraves et de céréales. Ex *Polymyxa betae*, vecteur exclusif du Beet necrotic yellow vein virus (BNYVV) / *Benyvirus necrobetae*, agent causal de la rhizomanie, une des maladies les plus dévastatrices de la betterave (Decroës *et al.*, 2022) mais aussi *Polymyxa graminis* ; vecteur du Soil-borne cereal mosaic virus (SBCMV) / *Furovirus cerealis*, ainsi que d'autres virus affectant les céréales en Europe et en Afrique.

Acariens : certains virus comme les *Tospovirus* sont véhiculés par les thrips, tandis que d'autres, comme Wheat streak mosaic virus / *Tritimovirus tritici*, sont transmis par des acariens Eriophyidae (Jiang & Zhou, 2023).

Nématodes : des genres tels que *Xiphinema* ou *Longidorus* transmettent les *Nepovirus* et *Tobravirus*.

Les interactions virus-vecteur peuvent être :

Non persistantes, lorsque le virus est acquis et transmis en quelques secondes à minutes (ex. Potyvirus par pucerons), semi-persistantes quand le virus est retenu plus longtemps dans le vecteur, souvent au niveau du stylet avant de pouvoir être transmis par le vecteur ou encore persistantes : persistantes circulatives : le virus circule dans le corps du vecteur sans s'y multiplier ou encore persistantes propagatives : le virus se multiplie à l'intérieur du vecteur (Rao *et al.*, 2024).

b. Transmission mécanique

Certains virus sont disséminés par contact direct ou via des blessures mécaniques :

- Outils agricoles contaminés (sécateurs, machettes, couteaux de greffage).
- Manipulation des plants lors des travaux de désherbage ou de récolte.

- Contact feuille-feuille ou frottements par le vent, permettant l'entrée du virus à travers des micro-lésions cuticulaires.

c. Transmission par propagation végétative

La multiplication végétative joue un rôle crucial dans la dissémination des virus :

- Boutures et fragments de tiges : principale voie pour les virus du manioc (Cassava mosaic virus / *Begomovirus manihoti*).
- Tubercules et rhizomes : dissémination des virus de la pomme de terre (Potato virus Y / *Potyvirus yituberosi*) et de la patate douce.
- Greffage : utilisé parfois volontairement en expérimentation, mais responsable aussi de la diffusion accidentelle de virus dans les vergers.

d. Transmission par les semences et le pollen

- Semences : certains virus persistent dans l'embryon ou l'endosperme et infectent directement la plante issue de la germination (ex. Cowpea mosaic virus / *Comovirus vignae*).
- Pollen : des virus, comme le Prunus necrotic ringspot virus / *Ilavirus PNRSV*, sont capables d'être transmis par le pollen lors de la fécondation.

e. Facteurs influençant la transmission

- Conditions environnementales : humidité, température et densité de plantation influencent l'activité des vecteurs et la survie du virus.
- Pratiques agricoles : usage de semences certifiées, rotation des cultures, désinfection des outils.
- Diversité végétale : la présence de plantes sauvages réservoirs peut constituer une source continue d'inoculum.

2.3 Bases de données de référence

2.3.1 VIDE (Virus Identification Data Exchange)

VIDE est l'une des premières bases de données en ligne des virus (Brunt *et al.*, 1996). Il fournit des descriptions et synonymes des virus des plantes connus jusqu'aux années 2000, mais elle a disparu en ligne faute de suivi, de mise à jour et d'entretien (*Plant Viruses Online - Home Page*, 2009). Bien que non actualisée, elle reste utile pour retrouver les anciens noms encore présents dans la littérature et aussi dans des rapports ou des publications datant d'avant la réforme taxonomique de l'ICTV, mais surtout pour disposer d'un accès aux connaissances antérieures sur les virus de plantes qui n'ont pas nécessairement été reprises ultérieurement.

Cette disparition illustre la problématique de la perte des ressources scientifiques numériques non entretenues, entraînant avec elle une partie importante d'informations historiques et taxonomiques qui ne sont pas toujours reprises dans les bases de données récentes. VIDE constitue également une source importante d'accès à des connaissances historiques sur certains

virus des plantes, dont les informations n'ont pas toujours été reprises dans les bases de données modernes (Brunt et al., 1996).

Elle avait pour ambition de rassembler, sous une forme standardisée, les informations disponibles sur les virus connus à cette époque sur noms et synonymes, les descriptions des symptômes, les hôtes principaux et secondaires, les modes de transmission, références bibliographiques (Brunt et al., 1996; *Plant Viruses Online - Home Page*, 2009).

2.3.2 ICTV (International Committee on Taxonomy of Viruses)

L'ICTV est l'autorité mondiale en matière de classification et de nomenclature virale. Il définit officiellement la taxonomie des virus selon des critères phylogénétiques et moléculaires (ICTV, s. d. ; Simmonds *et al.*, 2017 ; Lefkowitz *et al.*, 2018). Ses contributions majeures incluent :

- La publication régulière d'une Master Species List (MSL), qui attribue un identifiant unique à chaque espèce virale ;
- La mise à jour annuelle des familles, genres et espèces, reflétant les progrès en génomique et phylogénie ;
- L'adoption, depuis 2019, d'une nomenclature binominale latine pour les espèces virales, alignée sur les conventions biologiques (par ex. African cassava mosaic virus → *Begomovirus manihotis*).

L'ICTV est ainsi la référence incontournable pour toute recherche en taxonomie et nomenclature virale (Lefkowitz *et al.*, 2018). Toutefois, si elle décrit et présente les espèces virales reconnues aujourd'hui, elle ne permet pas de faire facilement le lien avec les noms antérieurs de virus et les publications qui les concernent.

2.3.3 DPVweb (Descriptions of Plant Viruses)

DPVweb est une base développée par des virologistes anglais, qui souhaitaient mettre en ligne les descriptions de virus qui avaient été publiées au sein de l'Association of Applied Biologists (AAB). Elle reste régulièrement mise à jour et constitue aujourd'hui l'une des ressources les plus utilisées dans la recherche et l'enseignement (DPV, s. d.). Chaque virus y est décrit dans des fiches détaillées comprenant :

- Structure du génome et organisation des protéines,
- Vecteurs et modes de transmission,
- Symptômes typiques et spectre d'hôtes,
- Distribution géographique et impact agronomique.

DPVweb est particulièrement utile pour les chercheurs car elle combine rigueur scientifique et accessibilité pédagogique (DPV, s. d.).

2.3.4 ViralZone (Université de Genève, Swiss Institute of Bioinformatics)

ViralZone est une base interactive et didactique qui couvre l'ensemble des virus, qu'ils infectent les plantes, les animaux ou les bactéries (Hulo *et al.*, 2011). Ses points forts résident dans les schémas explicatifs (cycle viral, morphologie des particules, organisation génomique), les fiches par familles et genres, et des informations sur les hôtes, les vecteurs et les mécanismes de transmission.

Bien que généraliste, ViralZone consacre des sections spécifiques aux virus de plantes, ce qui en fait un excellent outil complémentaire pour la formation et la vulgarisation scientifique (Hulo *et al.*, 2011).

2.3.5 PVDive - Plant virus diversity database

La PVDive est une base de données mise au point au début de l'années 2026, par le laboratoire du Leibniz-Institut DSMZ (Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH). Conçue pour faciliter l'accès aux informations relatives aux virus des plantes, elle repose sur les données curées du DSMZ, issues de sa collection physique des virus des végétaux enrichies par des ressources externes constituant ainsi une source de référence fiable (*PVDive*, s. d.).

C'est une plateforme en ligne consolidée combinant des informations taxonomiques, biologiques, moléculaire et les ressources complémentaires externes référencées garantissant la traçabilité et la qualité des données mises à disposition.

2.3.6 EPPO Global Database (European and Mediterranean Plant Protection Organization)

La base de données mondiale de l'EPPO est une ressource de référence en matière de biosécurité et réglementation phytosanitaire (EPPO, 2026). Elle recense les organismes nuisibles (insectes, champignons, bactéries, virus) qui font l'objet d'un suivi ou de restrictions dans le commerce international (EPPO, 2026).

Pour les virus de plantes, l'EPPO fournit des informations essentielles comme le statut réglementaire (quarantaine, alerte, émergent), la distribution géographique par pays, les espèces hôtes connus et impact économique ainsi que des documents de référence pour la certification phytosanitaire (Buyckx, 1962).

2.4 Impact économique et agricole des virus des plantes

Les virus constituent une contrainte majeure pour la production agricole mondiale, entraînant des pertes de rendement pouvant dépasser 80 % dans certaines cultures stratégiques comme le manioc en Afrique subsaharienne (Muhindo *et al.*, 2020; Tatineni & Hein, 2023). Au-delà de la productivité, la qualité marchande est également affectée (fruits déformés, tubercules rabougris), avec des répercussions socio-économiques importantes, en particulier pour les petits exploitants (Venkataraman *et al.*, 2024 ; Kwibuka *et al.*, 2026). La présence de virus réglementés limite en outre les échanges internationaux de matériel végétal, freinant la diffusion de variétés améliorées (Venkataraman *et al.*, 2024).

2.5 Gestion et surveillance des virus de plantes

La gestion des maladies virales repose essentiellement sur l'immunisation, la prévention et la surveillance, puisqu'aucun traitement curatif direct n'existe pas pour les plantes infectées (Rubio *et al.*, 2020). Les mesures incluent l'utilisation de semences certifiées, la destruction du matériel infecté, le contrôle des vecteurs et l'adoption de pratiques culturales appropriées (Rubio *et al.*, 2020; Soni *et al.*, 2024).

Les outils de diagnostic moléculaires et sérologiques (ELISA, PCR/qPCR) ont considérablement renforcé la détection, tandis que le séquençage haut débit (NGS) permet aujourd'hui d'identifier de nouvelles espèces virales même en l'absence de symptômes (Cassedy *et al.*, s. d.; Datta *et al.*, 2015). Les bases de données et programmes de cartographie contribuent à suivre la distribution des virus et à orienter les stratégies phytosanitaires (EPPO, 2026).

Enfin, la recherche actuelle s'oriente vers la sélection de variétés résistantes, y compris par biotechnologie (ex. CRISPR/Cas9), et l'élaboration de méthodes intégrées adaptées aux contextes locaux (Chardès, 2018).

2.6 Enjeux spécifiques pour la République Démocratique du Congo

La RDC possède un potentiel agricole exceptionnel, mais ce potentiel demeure largement sous-exploité. L'agriculture, essentiellement familiale et pluviale, représente près de 70 % de l'emploi national et environ 20 % du PIB (Mulimbi *et al.*, 2019; Trade.gov, 2024). Sur les 80 millions d'hectares de terres arables disponibles, seuls 10 millions sont effectivement cultivés (ANAPI, s. d.; Mulimbi *et al.*, 2023). Les exploitations, de petite taille (en moyenne 1,5 ha), sont dispersées et peu mécanisées, reposant principalement sur des outils manuels. Les cultures vivrières dominent largement le paysage agricole, avec le manioc, le maïs, le riz, la banane plantain, la patate douce et le haricot comme principales denrées (Mulimbi *et al.*, 2019). À côté de ce vivrier, quelques cultures de rente comme le café, le cacao, l'huile de palme et le caoutchouc conservent une importance économique régionale mais peinent à retrouver leur dynamisme historique (Karume *et al.*, 2022).

Les conditions agroécologiques du pays, extrêmement variées, offrent des possibilités de production étendues. Le territoire s'étend sur plusieurs zones agro-écologiques ; équatoriale humide, tropicale humide, savanicole et montagnarde avec une température moyenne entre 24 et 25°C et des précipitations comprises entre 800 et 2 000 mm/an selon les régions (FAO, 2005; Karume *et al.*, 2022). Les sols, généralement ferralitiques ou latéritiques, présentent des contraintes de fertilité, notamment une faible teneur en matière organique et une acidité marquée (FAO, 2005). Malgré ces conditions naturelles favorables, la production nationale reste limitée par plusieurs facteurs : faible accès aux intrants, insuffisance d'infrastructures rurales, instabilité dans certaines régions, faible mécanisation, et déficit de formation technique (MinEDD, 2019 ; Karume *et al.*, 2022). Ces contraintes contribuent à maintenir une productivité faible et une dépendance accrue aux importations pour certaines denrées comme le maïs et le riz.

La RDC fait face à des défis particuliers en matière de virologie végétale, liés à sa diversité écologique, à ses systèmes agricoles et au manque d'infrastructures de surveillance (MinEDD, 2019).

2.6.1 Diversité des virus signalés en RDC

Récemment, plusieurs études, quoique dispersées, ont révélé la présence d'une grande diversité de virus qui affectent les cultures en RDC.

En ce qui concerne le manioc, on rencontre sur cette culture des virus de la mosaïque du manioc, à savoir le African cassava mosaic virus (ACMV) et l'East African cassava mosaic virus

(EACMV), responsables de la mosaïque africaine du manioc, une maladie largement répandue de ce tubercule, capable d'entraîner des pertes allant jusqu'à 90 % des rendements dans les zones fortement infectées (Bisimwa et al., 2012, 2015 ; Muhindo et al., 2020 ; Casinga et al., 2021). On y retrouve aussi le virus de la striure brune du manioc et de ses variantes le Cassava Brown Streak virus et Ugandan Cassava Brown Streak (Casinga et al., 2019). On y retrouve aussi des nouveaux virus récemment identifiés ; c'est le cas de deux ampelovirus (Manihot esculenta-associated virus 1 et Manihot esculenta-associated virus 2) (Kwibuka et al., 2021) et mais aussi le Cassava Congo cheravirus (Kwibuka et al., 2026)

Pour le bananier, les principales causes d'infections sont dues respectivement au Banana bunchy top virus (BBTV) avec les symptômes du rabougrissement et au Banana streak virus (BSV) correspondant au striage des feuilles (Mukwa et al., 2016 ; Fidan & Koç, 2019).

D'autres cultures d'intérêt alimentaire et économique sont touchées, notamment la patate douce qui héberge le Sweet potato feathery mottle virus (SPFMV) (Rubabura & Bisusa, 2011), ou d'autres espèces de complexes viraux, le haricot qui est sensible au Bean common mosaic virus (BCMV) et le maïs qui est exposé à des virus comme le Maize streak virus (MSV) ou le Maize lethal necrosis virus (MLNV) (Barhahakana et al., 2014; Lukanda et al., 2014; Mbega et al., 2016; Mhlanga et al., 2024; Ngombo, 2024).

Bien qu'il y ait une reconnaissance accrue de ces agents pathogènes, les données disponibles concernant leur distribution géographique, leurs vecteurs, leurs hôtes secondaires et leurs impacts en termes économiques sont lacunaires et vieillies (MinEDD, 2019).

2.6.2 Problèmes liés à l'ancienne nomenclature dans la littérature congolaise

Dans le domaine de la documentation et de l'analyse des virus végétaux en République Démocratique du Congo, un des principaux enjeux reste la coexistence de différents systèmes de nomenclature, souvent issus d'anciennes bases de données ou de publications non harmonisées, qui prennent une place prépondérante dans les travaux scientifiques.

De nombreuses espèces virales étaient encore désignées comme souche, avant la réforme de 2019, par des noms empiriques ou descriptifs (comme East African cassava mosaic Uganda variant), sans aucun lien apparent avec la nomenclature taxonomique officielle relevant de l'ICTV (Allado et al., 2024).

Or cette diversité de dénominations crée la confusion dans la littérature scientifique, rend difficile la comparaison entre études et contribue à rendre l'inventaire national d'espèces virales globalement incohérent (Lefkowitz et al., 2018).

De plus, plusieurs travaux antérieurs s'appuient sur des bases de données obsolètes, comme le VIDE qui ne correspond pas à la nomenclature binomiale latine en cours (Siddell et al., 2020 ; Aranda & Gibbs, 2022).

2.6.3 Facteurs de risque en RDC

La persistance et la propagation des virus phytopathogènes en République Démocratique du Congo (RDC) sont favorisées par différents facteurs, dont la diversité agroécologique du pays (ces zones tropicales humides, savanes, forêts denses, zones de hautes altitudes.) qui offrent des

conditions variées propices au développement d'une large gamme de pathosystèmes, et permettant ainsi la cohabitation de différents hôtes et vecteurs, facilitation l'adaptation et la diversification des virus végétaux (Muengula-Manyi et al., 2012 ; Monde et al., 2021).

Quant à présent, les échanges transfrontaliers avec les pays voisins (Ouganda, Rwanda, Burundi, Congo-Brazzaville, Angola, Zambie) sont un autre facteur aggravant, à travers la circulation du matériel végétal (notamment le manioc, la banane, le haricot, le maïs), souvent sans un contrôle phytosanitaire rigoureux (Mamba, 2019). Ces échanges non réglementés augmentent le risque d'introduction d'un nouveau virus ou d'une nouvelle souche exotique ou recombinante.

Les pratiques culturelles locales contribuent également à la dissémination des pathogènes. L'utilisation fréquente de boutures non certifiées, la polyculture traditionnelle et la faible mécanisation des exploitations agricoles font du terrain un milieu propice pour la transmission mécanique et végétative des virus (Bisimwa et al., 2012; 2019).

Notons qu'enfin, le manque de systèmes de surveillance phytosanitaire centralisés reste un obstacle majeur. Cela concerne non seulement l'absence de laboratoires spécialisés à grande échelle, mais aussi la faible coordination entre les structures nationales telles que l'Institut National pour l'Étude et la Recherche Agronomiques (INERA), le Service National de Semences (SENASA), et entre ces derniers et les organisations internationales. Ces aspects limitent donc considérablement la possibilité de détection, de suivi et de réponse rapide aux épidémies virales (Wahome, 2025).

Ainsi, l'ensemble de ces facteurs souligne la nécessité de développer un outil intégré, tel qu'une base de données centralisée et normalisée, permettant d'améliorer la connaissance, la surveillance et l'anticipation des risques liés aux virus phytopathogènes en RDC.

Tableau 2 : Synthèse des principaux virus des plantes en RDC, vecteurs associés et facteurs de risque

Virus	Culture hôte	Vecteur	Facteurs de risque liés à l'hôte	Facteurs agronomiques	Facteurs environnementaux	Facteurs anthropiques
African cassava mosaic virus (ACMV)	Manioc	<i>Bemisia tabaci</i>	Multiplication végétative (boutures), variétés sensibles	Monoculture, absence de rotation	Températures élevées favorisant les vecteurs	Échanges informels de boutures infectées, faible certification
Cassava brown streak virus (CBSV)	Manioc	<i>Bemisia tabaci</i>	Sensibilité variétale, propagation clonale	Gestion limitée des champs, présence de plantes infectées	Climat tropical humide favorable	Introduction via matériel importé, flux transfrontaliers
Banana bunchy top virus (BBTV)	Bananier	<i>Pentalonia nigronervosa</i>	Propagation par rejets infectés	Densité élevée de plantation	Conditions favorables aux pucerons	Échanges de rejets, absence de contrôle phytosanitaire
Banana streak virus (BSV)	Bananier	<i>Planococcus spp.</i>	Présence de séquences virales intégrées dans le génome (BSV endogène), sensibilité variétale (notamment hybrides issus de <i>Musa balbisiana</i>)	Utilisation de matériel végétal infecté, multiplication végétative (rejets)	Stress abiotiques (sécheresse, variations thermiques) favorisant l'activation des formes endogènes	Échanges de plants infectés, diffusion de matériel de plantation non certifié
Maize streak virus (MSV)	Maïs	<i>Cicadulina spp.</i>	Variétés sensibles	Cultures continues, mauvaise gestion des adventices	Conditions favorables aux vecteurs	Diffusion régionale via échanges agricoles
Sweet potato chlorotic stunt virus (SPCSV)	Sweet potato	<i>Bemisia tabaci</i>	Multiplication végétative, co-infections virales	Manque de rotation culturale	Climat favorable aux vecteurs	Distribution de matériel végétal infecté

Rice yellow mottle virus (RYMV)	Riz	<i>Sesselia pusilla</i>	Sensibilité variétale	Irrigation mal contrôlée	Environnements humides	Diffusion via pratiques agricoles et outils contaminés
Bean common mosaic virus (BCMV)	Haricot	<i>Acyrtosiphon pisum</i>	Semences infectées	Absence de sélection de semences saines	Conditions favorables aux pucerons	Échanges de semences non certifiées

2.7 Circulation régionale des virus des plantes en Afrique centrale

2.7.1 Dynamique régionale des virus phytopathogènes

En Afrique centrale, la circulation des virus des plantes ne se limite pas aux frontières nationales mais s'inscrit dans une dynamique régionale fortement interconnectée. Les systèmes agricoles des pays de la région, notamment la République Démocratique du Congo, l'Ouganda, le Rwanda, le Burundi, l'Angola, la Zambie et la République du Congo partagent des conditions agroécologiques similaires ainsi que des cultures communes, favorisant ainsi la propagation transfrontalière des virus phytopathogènes (Jalloh et al., 2012; Bulonza et al., 2024; Olivier et al., 2024).

2.7.2 Rôle des échanges transfrontaliers informels

Les échanges transfrontaliers informels représentent un facteur majeur dans la dissémination régionale des virus. Dans plusieurs zones frontalières d'Afrique centrale, les agriculteurs échangent régulièrement du matériel végétal (boutures de manioc, rejets de bananier, semences de haricot ou de maïs) sans contrôle phytosanitaire strict (FAO, 2013; Ministère de l'environnement, 2014).

Ce phénomène est particulièrement critique pour les cultures à multiplication végétative. Par exemple, la propagation de la Cassava brown streak disease (CBSD) de l'Afrique de l'Est vers l'Afrique centrale a été largement attribuée à des mouvements de matériel végétal infecté entre pays voisins (Legg, 1999; Casinga et al., 2025). De même, les virus de la mosaïque du manioc (ACMV et EACMV) circulent activement à travers les frontières, contribuant à des épidémies régionales (Bisimwa et al., 2012).

2.7.3 Influence des réseaux transport agricoles et commerciaux

Les réseaux commerciaux régionaux jouent également un rôle important dans la diffusion des virus des plantes. Les axes de transport reliant les zones rurales aux centres urbains, ainsi que les routes commerciales transnationales, facilitent le déplacement rapide de produits agricoles potentiellement infectés (Centre de Crise, s. d.).

Ces flux concernent non seulement les produits destinés à la consommation, mais aussi le matériel de plantation, souvent transporté sur de longues distances (Ministère de l'environnement, 2014; PNSA, 2010). En l'absence de mécanismes de contrôle efficaces, ces corridors deviennent des voies privilégiées de dissémination des virus.

2.7.4 Interaction avec les vecteurs et les conditions environnementales

La circulation régionale des virus est renforcée par la présence de vecteurs largement distribués en Afrique centrale. Des insectes tels que *Bemisia tabaci*, *Pentalonia nigronervosa*, *Aphis carcivora* et beaucoup d'autres sont présents dans plusieurs pays de la région et peuvent se

déplacer sur de courtes ou longues distances, contribuant à la dispersion des virus au-delà des frontières (Ryckebusch, 2020 ; Murhububa et al., 2021).

Les conditions climatiques homogènes (températures élevées, humidité importante) favorisent la survie des vecteurs et la transmission continue des virus (Malumphy et al., 2017 ; Koppert, 2025). Cette continuité écologique entre les pays rend les frontières géopolitiques peu pertinentes du point de vue épidémiologique (Casinga et al., 2022).

2.7.5 Limites de la coordination régionale en matière phytosanitaire

Malgré l'existence de certaines initiatives régionales tel que le Central and West Africa Virus Epidemiology (WAVE) regroupant les universités, les institutions nationales de recherches scientifiques et biotechnologiques de 10 pays d'Afrique du Centre et de l'Ouest (Bénin, Burkina Faso, Cameroun, Côte d'Ivoire, Gabon, Ghana, Nigeria, République Démocratique du Congo, Sierra Leone et Togo) (WAVE, s. d.), la coordination entre les pays d'Afrique centrale en matière de surveillance et de gestion des maladies virales reste limitée. Les différences dans les capacités techniques, les politiques phytosanitaires et les ressources disponibles compliquent la mise en place de stratégies harmonisées (IPPC, s. d.; WAVE, s. d.).

Le manque de partage de données, d'alertes précoces et de systèmes de surveillance intégrés réduit l'efficacité des réponses face aux épidémies virales. Cette situation favorise l'installation durable des virus dans la région et leur propagation continue.

III. OBJECTIFS

Ce mémoire a pour objectif de contribuer à une meilleure connaissance et surveillance des maladies virales des plantes en République démocratique du Congo à travers le développement d'une base de données centralisée, normalisée et exploitable des virus phytopathogènes rapportés dans le pays, qui relie l'ancienne nomenclature aux standards taxonomiques actuels définis par l'ICTV.

Spécifiquement il est question de :

- Recenser, documenter et valider taxonomiquement les virus de plantes présents ou suspectés en RDC à partir de bases de données scientifiques et de la littérature ;
- Structurer et organiser les informations virologiques pertinentes (famille, genre, hôtes, symptômes, vecteurs, distribution géographique, génome) ;
- Construire une base de données centralisé exploitable et évolutive permettant la consultation, l'analyse et la mise à jour des informations ;
- Développer un outil d'exploitation et de valorisation numérique de la base de données ;
- Identifier les virus phytopathogènes présents dans les pays voisins de la RDC susceptibles de représenter un risque d'introduction sur le territoire national,
- Analyser les principaux facteurs de risque liés à l'introduction, à l'établissement et à la dissémination des virus phytopathogènes en République Démocratique du Congo.

IV. MATÉRIELS ET MÉTHODES

4.1 Approche méthodologique générale

La méthodologie appliquée repose sur l'exploitation systématique des données secondaires : recensement documentaire, validation taxonomique, structuration normalisée et analyse descriptive. La finalité a été de constituer une base de données fiable reliant l'ancienne et la nouvelle nomenclature des virus phytopathogène aux standards actuels définis par l'ICTV.

La construction de la base de données s'est déroulée en plusieurs étapes complémentaires, combinant recherche documentaire, extraction d'information spécialisées et harmonisation taxonomique.

4.2 Collecte et sélection des données

4.2.1 Recherche documentaire

Une recherche bibliographique systématique a été réalisée afin d'identifier les virus, viroïde et virus satellite des plantes signalés ou suspectés en RDC et dans les pays voisins. Les principales sources des données académiques et moteurs de recherches utilisés ont été Google Scholar, PubMed, Scopus, CAB Abstracts, MyEBSCO et Research4Life. À cela se sont ajoutés des rapports nationaux et des publications académiques locales et internationales. Cette étape a permis de recenser les mentions documentées de virus associés aux principales cultures vivrières et industrielles de la RDC.

4.2.2 Sources spécialisées et critères d'extraction

Au cours de sa constitution de ce travail, les informations ont été complétées, vérifiées et normalisées à l'aide de plusieurs bases de données spécialisées, toutes sollicitées en fonction de leurs spécialisations respectives. Cette démarche a visé à garantir la fiabilité et la cohérence taxonomique des données, ainsi qu'à rendre la terminologie utilisée conforme aux standards internationaux en virologie végétale.

La base de données ICTV a été retenue comme référence officielle pour la classification taxonomique, la validation et la mise à jour de la nomenclature des virus, afin de renvoyer vers les anciennes appellations identifiables dans les données recueillies de sources plus anciennes comme la base VIDE, suivant la nomenclature latine adoptée, actuellement, par la communauté scientifique internationale, tout en se conformant aux nouvelles normes en vigueur.

De plus, les bases de données VIDE et DPVweb ont été mises à profit pour collecter les aspects biologiques et épidémiologiques des virus : symptômes observés sur les plantes hôtes, gammes d'hôtes concernés, vecteurs impliqués, principaux modes de transmission.

La base de données VIDE, partiellement inaccessible dans sa version actuelle, a été restaurée en recourant à des archives web, notamment la Wayback Machine, permettant l'accès à des versions historiques du site <https://web.archive.org/web/20090522132707/http://image.fs.uidaho.edu/vide/famindex.htm>.

Cette approche a permis de récupérer des informations virologiques devenues indisponibles en ligne et de les intégrer dans la base de données de l'étude, tout en assurant leur harmonisation avec la nomenclature actuelle de l'ICTV.

La base ViralZone a aussi été d'un intérêt indéniable, afin de préciser les caractéristiques génomiques des agents viraux recensés (nature de leur génome : ARN ou ADN, polarité, structure et mode de répllication) conduisant à l'émergence et à la consolidation des connaissances sur les particularités biologiques et taxonomiques des virus répertoriés.

Enfin, la base EPPO a fourni des données complémentaires sur la répartition géographique des virus ainsi que des références notamment dans les pays voisins de la République Démocratique du Congo, et des informations phytosanitaires intéressantes pour l'interprétation des résultats.

4.2.3 Intégration et harmonisation

Les informations disponibles dans les différentes sources ont été regroupées dans un même fichier, sous format Excel. Chaque donnée a été bien vérifiée et harmonisée de façon à éviter les doublons et assurer la cohérence des informations. Le précédent nom des virus est conservé pour la traçabilité, mais la nomenclature de l'ICTV est intégrée dans la base comme référence principale. La base regroupe ainsi pour chaque virus : sa classification taxonomique complète, son génome, ses hôtes, ses symptômes, ses vecteurs, ses modes de transmission, sa distribution en RDC et dans les pays limitrophes, enfin les références bibliographiques.

4.3 Critères d'inclusion et d'exclusion

Les virus ont été retenus s'ils étaient confirmés ou suspectés en RDC, à condition qu'un minimum d'informations soit disponible : nom (ancien ou actuel), hôte principal, symptômes ou vecteurs.

4.4 Mise en correspondance taxonomique

Chaque virus a été confronté à la classification officielle de l'ICTV pour validation du nom scientifique, de la famille, du genre et du statut. Les synonymes, appellations locales et noms obsolètes ont été référencés. Les espèces en attente de validation de l'ICTV ont été identifiées et incorporées dans la base de données.

4.5 Traitement et normalisation des données

Le travail sur le traitement des données a consisté à harmoniser la terminologie, la classification et les variables venues des différentes sources, ce qui a permis d'assurer la cohérence d'ensemble de la base. Ce travail a été mené autour de trois volets : la correction taxonomique, la mise en relation des anciennes nomenclatures et nouvelles, et la standardisation sémantique.

4.5.1 Correction taxonomique

Une première étape en a été la mise à jour des noms viraux au sens de la nomenclature latine binominale en vigueur selon l'ICTV (Siddell et al., 2020; Zerbini et al., 2025; Simmonds et al., 2026). Ce premier effort de réactualisation des dénominations juridiques a été conduit pour l'ensemble des espèces et a permis d'harmoniser leur appellation et de corriger pour les virus les noms obsolètes calqués par déformation sur les noms folklores qui leur sont donnés.

Parallèlement, les noms botaniques des plantes d'hôte ont été réédités conformément aux conventions taxonomiques internationales.

4.5.2 Correspondance ancienne/nouvelle nomenclature

La deuxième étape a été d'assurer une correspondance systématique entre l'ensemble des anciennes appellations de la base VIDE et la classification actualisée de l'ICTV. Pour chacun des virus, une vérification croisée a été effectuée pour explorer les synonymes, appellations vernaculaires ou noms historiques encore rencontrés dans la littérature, enregistrés dans des colonnes dédiées pour documenter le changement vers la terminologie scientifique moderne (Adams et al., 2015; Lefkowitz et al., 2018; Siddell et al., 2020).

4.5.3 Standardisation sémantique

Pour terminer, la phase finale de cette phase de traitement a consisté en la sémantisation standardisée des informations descriptives, où les noms de maladies ont été unifiés, comme l'expression « mosaïque du manioc » pour désigner toutes les variantes régionales. Les symptômes évoqués, (chlorose, mosaïque, rabougrissement, etc.) ont été précisés et regroupés au sein d'une terminologie commune. Les vecteurs ont également été perçus selon leur mode de transmission, qu'il soit biotique, mécanique, ou végétatif, afin de permettre les analyses comparatives et la compréhension épidémiologique des agents pathogènes retrouvés.

4.6 Structuration de la base de données

L'ensemble des informations collectées et harmonisées a été intégré dans un tableur conçu sous Microsoft Excel, chaque ligne représentant une espèce virale et chaque colonne correspondant à une variable descriptive. Cette structuration visait à faciliter la consultation, la mise à jour et l'analyse des données.

La base comprend pour chaque virus les éléments suivants : son nom scientifique actuel validé par l'ICTV, son ancien nom issu de la littérature ou des bases antérieures (notamment VIDE), ainsi que sa classification taxonomique (famille et genre). Les informations biologiques incluent l'hôte principal, les autres hôtes connus, les symptômes associés, le type de vecteur et le mode de transmission (Adams, 2006; Adams et al., 2017; Walker et al., 2022).

Des variables complémentaires précisent la nature du génome (ARN simple brin, ADN double brin, etc.), la distribution géographique du virus au sein des provinces de la République Démocratique du Congo, ainsi que sa présence éventuelle dans les pays limitrophes. Chaque enregistrement comporte également l'identifiant officiel ICTV et le statut taxonomique correspondant (espèce reconnue, provisoire ou non validée) (ICTV, s. d. ; Walker et al., 2021; Sabanadzovic et al., 2025) .

Cette organisation a permis d'obtenir une base de données complète, normalisée et directement exploitable pour les analyses descriptives et la mise en correspondance taxonomique.

Les données ont été structurées sous forme de tableur (Microsoft Excel), chaque ligne représentant un virus, chaque colonne une variable :

Tableau 3: La structurations des données dans la table Excel

Colonne	Contenu
Nom actuel	Espèce validée selon l'ICTV
Nom vernaculaire	Dénomination historique (VIDE, usage local)
Maladie	Dénomination de la maladie
Symptômes	Manifestations observées
Hôte principal	Culture principalement affectée
Autres hôtes	Plantes secondaires connues
Vecteurs	Insectes ou autres agents de transmission
Mode de transmission	Biotique, mécanique, végétatif
Culture affectée	La culture sur laquelle le virus a été découverte au Congo
Provinces	Présence géographique en RDC
Pays voisins	Signalements transfrontaliers
Génome	Type (ssRNA, dsDNA, etc.)
ICTV ID	Identifiant officiel
Lien ViralZone	Espèce reconnue, provisoire, non validée
Reference	

4.7 Analyse descriptive et visualisation

Les analyses descriptives ont été faites à partir de la base de données finalisée pour faire ressortir les grandes tendances et caractéristiques du corpus viral répertorié. Plusieurs aspects ont été abordés : fréquences des virus selon cultures hôtes, représentation des espèces par famille virale, répartition géographique à l'intérieur des provinces de la RDC, présence des vecteurs identifiés pour chaque agent pathogène.

Les résultats ont été synthétisés sous forme de représentations graphiques élaborées sous Microsoft Excel en diagrammes en barres et camemberts représentant notamment la répartition proportionnelle entre les différentes familles virales ou hôtes infectés.

Un tableau de correspondance entre les anciennes et les nouvelles dénominations ont été également produit pour visualiser les changements taxonomiques décidés.

Une attention particulière a été portée sur la mise en exergue des zones géographiques où les informations font défaut, et particulièrement sur les besoins prioritaires en matière de surveillance et de recherche virologique en République Démocratique du Congo.

4.8 Développement d'un outil d'exploitation et de valorisation des données

Afin de valoriser les données collectées et de faciliter leur accessibilité, une plateforme web a été développée dans le cadre de cette étude s'appuyant sur les informations issues de la littérature et des ressources de l'ICTV. Les données ont été structurées et organisées de manière à permettre leur exploitation dans un environnement numérique.

La plateforme web a été développée selon une architecture client–serveur, avec une interface en HTML, CSS et JavaScript et un back-end en Python basé sur le framework Tornado. Les échanges reposent sur le format JSON et les données sont stockées dans une base MySQL. L'application a été déployée sur un serveur distant fourni par LWS, utilisant Nginx pour la gestion des requêtes.

Les données collectées ont été organisées selon une structure standardisée permettant leur intégration dans une base de données exploitable dans un environnement numérique (Figure 1).

Cette structuration repose sur plusieurs catégories d'information, incluant la taxonomie virale, les plantes hôtes, la distribution géographique, les symptômes, les vecteurs, les modes de transmission ainsi que des informations complémentaires telles que l'identifiant ICTV et les caractéristiques génomiques (Brunt et al., 1996).

Taxonomy Realm: Subrealm: Kingdom: Subkingdom: Phylum: Class: Order: Genus: Subgenus: Species:	Geographic Distribution Neighboring countries: Provinces (DRC):
Hosts Main Host: Other Hosts: Host in DRC:	Disease Information Diseases: Symptoms:
	Transmission Modes: Vectors:
	Additional Information Common Name: ICTV ID: Genome: Status: ViralZone:
	References

Figure 1 : Structure de l'interface de la base de données et de la plateforme web développée pour la gestion des informations sur les virus des plantes.

Elle assure également une standardisation des informations, essentielle pour comparer les virus entre eux et pour établir des liens entre les différentes variables étudiées, notamment entre les hôtes, les vecteurs et la distribution géographique.

4.9 Extension de la recherche aux pays voisins

Afin de mieux contextualiser la présence des virus phytopathogènes en République Démocratique du Congo (RDC) et d'anticiper les risques d'émergence, la recherche documentaire a été étendue aux pays voisins (notamment l'Ouganda, le Rwanda, le Burundi, la Tanzanie, la Zambie, l'Angola et la République du Congo). Cette approche régionale vise à identifier les virus déjà signalés dans les zones limitrophes et susceptibles d'être introduits sur le territoire congolais.

Les données relatives à ces pays ont été collectées à partir des mêmes sources bibliographiques et bases de données spécialisées que celles utilisées pour la RDC (ICTV, EPPO, ViralZone, publications scientifiques). Une attention particulière a été accordée aux virus affectant les

cultures communes à la région (manioc, maïs, bananier, haricot, patate douce), ainsi qu'à leur distribution géographique et à leurs caractéristiques épidémiologiques.

Les informations recueillies ont été intégrées dans la base de données afin de permettre une analyse comparative entre la RDC et les pays voisins. Cette intégration a notamment permis d'identifier les virus déjà présents dans la région mais non encore signalés en RDC.

Cette approche méthodologique permet d'intégrer une dimension régionale à l'étude, essentielle pour comprendre la dynamique de propagation des virus des plantes et orienter les stratégies de surveillance et de gestion phytosanitaire en RDC.

4.10 Approche collaborative et validation scientifique des données

Une approche collaborative de validation scientifique est proposée afin de renforcer la fiabilité des données taxonomiques et épidémiologiques. Elle repose sur un cadre de concertation réunissant virologistes, phytopathologistes et taxonomistes pour harmoniser les sources et actualiser la nomenclature selon l'ICTV. Cette démarche permet de réduire les biais liés aux synonymies et aux changements taxonomiques.

Un consortium d'experts assurera la standardisation des critères d'inclusion, la vérification des signalements et la validation des mises à jour, garantissant ainsi la robustesse et la crédibilité de la base de données régionale.

4.11 Limites méthodologiques

Certaines sources sont anciennes ou incomplètes, la nomenclature régionale peut être empirique et non validée. Des biais géographiques sont possibles en raison de l'inégale couverture des données entre provinces. L'absence de données moléculaires (séquences génétiques) pour de nombreux virus a également limité la précision de la classification.

V. RESULTATS

5.1 Diversité virale recensée en République Démocratique du Congo

Le tableau 4 ci-dessous présente une synthèse des 71 virus phytopathogènes recensés dans la littérature en République Démocratique du Congo, incluant leur classification taxonomique, leur distribution géographique, leur statut de validation de l'ICTV ainsi que les références.

Tableau 4 : Synthèse des virus phytopathogènes recensés en RDC

	Famille	Genre	Ancien noms	Abréviation	Nouveau nom	Provinces (DRC)	Statut ICTV	Confirmer par	Références
1	<i>Alphaflexiviridae</i>	<i>Allexivirus</i>	Garlic virus D	GarVD	<i>Allexivirus deltallii</i>	Nord Kivu	Validé	Muhindo et Monde	Majumder et al., 2018
2	<i>Alphaflexiviridae</i>	<i>Potexvirus</i>	Potato virus X	PVX	<i>Potexvirus ecspotati</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	Buyckx, 1962
3	<i>Alphasatellitidae</i>	<i>Babusatellite</i>	Banana bunchy top satellitevirus	BBTsV	<i>Babusatellite musae</i>	Même distribution que le Banana bunchy top	Validé	Muhindo et Monde	Mukwa et al., 2014
4	<i>Aspiviridae</i>	<i>Ophiovirus</i>	Citrus psorosis virus	CPsV	<i>Ophiovirus citri</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	Buyckx, 1962
5	<i>Betaflexiviridae</i>	<i>Carlavirus</i>	Potato virus S	PVS	<i>Carlavirus sigmasolani</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	Buyckx, 1962
6	<i>Betaflexiviridae</i>	<i>Carlavirus</i>	Cowpea mild mottle virus	CPMMV	<i>Carlavirus vignae</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	Thottappilly & Rossel, 1992
7	<i>Bromoviridae</i>	<i>Cucumovirus</i>	Cucumber mosaic virus	CMV	<i>Cucumovirus CMV</i>	Kongo-Central, Équateur	Validé	Muhindo et Monde	Mukwa et al., 2016 ; Cabrera Mederos et al., 2018
8	<i>Caulimoviridae</i>	<i>Badnavirus</i>	Banana streak GF virus	BSGFV	<i>Badnavirus alphavirgamusae</i>	Kongo-Central	Validé	Muhindo et Monde	Mukwa et al., 2016 ; Fidan & Koç, 2019
9	<i>Caulimoviridae</i>	<i>Badnavirus</i>	Banana streak IM virus	BSIMV	<i>Badnavirus betavirgamusae</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	Mukwa et al., 2016 ; Fidan & Koç, 2019
10	<i>Caulimoviridae</i>	<i>Badnavirus</i>	Banana streak OL virus	BSOLV	<i>Badnavirus deltavirgamusae</i>	Kongo-Central	Validé	Muhindo et Monde	Mukwa et al., 2016 ; Fidan & Koç, 2019
11	<i>Caulimoviridae</i>	<i>Badnavirus</i>	Banana streak UA virus	BSUAV	<i>Badnavirus epsilonvirgamusae</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	Fidan & Koç, 2019
12	<i>Caulimoviridae</i>	<i>Badnavirus</i>	Banana streak UL virus	BSULV	<i>Badnavirus etavirgamusae</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	Fidan & Koç, 2019
13	<i>Caulimoviridae</i>	<i>Badnavirus</i>	Banana streak MY virus	BSMYV	<i>Badnavirus gammavirgamusae</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	Mukwa et al., 2016 ; Fidan & Koç, 2019
14	<i>Caulimoviridae</i>	<i>Badnavirus</i>	Banana streak NV virus	BSNVV	<i>Badnavirus iotavirgamusae</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	Fidan & Koç, 2019
15	<i>Caulimoviridae</i>	<i>Badnavirus</i>	Banana streak UI virus	BSUIV	<i>Badnavirus zetavirgamusae</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	Mukwa et al., 2016 ; Fidan & Koç, 2019
16	<i>Closteroviridae</i>	<i>Ampelovirus</i>	Pineapple mealybug wilt-associated virus 2	PMWaV2	<i>Ampelovirus duananas</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	Buyckx, 1962
17	<i>Closteroviridae</i>	<i>Ampelovirus</i>	Pineapple mealybug wilt-associated virus 3	PMWaV3	<i>Ampelovirus triananas</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	Buyckx, 1962
18	<i>Closteroviridae</i>	<i>Ampelovirus</i>	Pineapple mealybug wilt-associated virus 1	PMWaV1	<i>Ampelovirus unananas</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	Buyckx, 1962
19	<i>Closteroviridae</i>	<i>Ampelovirus</i>	Manihot esculenta-associated virus 1	MEaV-1	<i>Ampelovirus unesculentae</i>	Sud Kivu	Validé	Muhindo et Monde	Kwibuka et al., 2021
20	<i>Closteroviridae</i>	<i>Ampelovirus</i>	Manihot esculenta-associated virus 2	MEaV-2	<i>Ampelovirus duesculentae</i>	Sud Kivu	Validé	Muhindo et Monde	Kwibuka et al., 2021

21	<i>Closteroviridae</i>	<i>Closterovirus</i>	Citrus tristeza virus	CTV	<i>Closterovirus tristeza</i>	Kwilu	Validé	Muhindo et Monde	Buyckx, 1962 ; Brunt et al., 1996 ; Agadakani, 2018
22	<i>Closteroviridae</i>	<i>Crinivirus</i>	Sweet potato chlorotic stunt virus	SPCSV	<i>Crinivirus ipomeae</i>	Bas-Uélé, Haut-Katanga, Nord Kivu et Sud Kivu	Validé	Muhindo et Monde	Carey et al., 1998 ; Rubabura & Bisusa, 2011
23	<i>Geminiviridae</i>	<i>Begomovirus</i>	African cassava mosaic virus	ACMV	<i>Begomovirus manihotis</i>	Haut-Katanga, Ituri, Sud Kivu, Kwilu, Kasai oriental, Kongo central, Kinshasa, Tshopo, Mongala, Nord Ubangi et Sud Ubangi	Validé	Muhindo et Monde	Bisimwa et al., 2012
24	<i>Geminiviridae</i>	<i>Begomovirus</i>	East African cassava mosaic virus	EACMV0	<i>Begomovirus manihotisafrikaense</i>	Haut-Katanga, Ituri, Sud Kivu, Kwilu, Kasai oriental, Kongo central, Kinshasa, Tshopo, Mongala, Nord Ubangi et Sud Ubangi	Validé	Muhindo et Monde	Neuenschwander et al., 2002 ; Bisimwa et al., 2012
25	<i>Geminiviridae</i>	<i>Begomovirus</i>	African cassava mosaic virus Burkinafaso isolate	ACMBV	<i>Begomovirus manihotisburkinafasoense</i>	Haut-Katanga, Ituri, Sud Kivu, Kwilu, Kasai oriental, Kongo central, Kinshasa, Equateur, Tshopo	Validé	Muhindo et Monde	Muengula-Manyi, 2014
26	<i>Geminiviridae</i>	<i>Begomovirus</i>	East African cassava mosaic Cameroon virus	EACMCV	<i>Begomovirus manihotiscameroonense</i>	Haut-Katanga, Ituri, Sud Kivu, Kwilu, Kasai oriental, Kongo central, Kinshasa, Equateur, Tshopo	Validé	Muhindo et Monde	Muengula-Manyi, 2014
27	<i>Geminiviridae</i>	<i>Begomovirus</i>	Indian cassava mosaic virus	ICMV	<i>Begomovirus manihotisindianense</i>	Haut-Katanga, Ituri, Sud Kivu, Kwilu, Kasai oriental, Kongo central, Kinshasa, Equateur, Tshopo	Validé	Muhindo et Monde	Bisimwa et al., 2012 ; Muengula-Manyi, 2014
28	<i>Geminiviridae</i>	<i>Begomovirus</i>	East African cassava mosaic Kenya virus	EACMKV	<i>Begomovirus manihotiskenyaense</i>	Haut-Katanga, Ituri, Sud Kivu, Kwilu, Kasai oriental, Kongo central, Kinshasa, Equateur, Tshopo	Validé	Muhindo et Monde	Muengula-Manyi, 2014
29	<i>Geminiviridae</i>	<i>Begomovirus</i>	African cassava mosaic Madagascar virus	ACMMV	<i>Begomovirus manihotismadagascarensis</i>	Haut-Katanga, Ituri, Sud Kivu, Kwilu, Kasai oriental, Kongo central, Kinshasa, Equateur, Tshopo	Validé	Muhindo et Monde	Muengula-Manyi, 2014
30	<i>Geminiviridae</i>	<i>Begomovirus</i>	East African cassava mosaic Malawi virus	EACMMV	<i>Begomovirus manihotismalawiense</i>	Haut-Katanga, Ituri, Sud Kivu, Kwilu, Kasai oriental, Kongo central, Kinshasa, Equateur, Tshopo	Validé	Muhindo et Monde	Muengula-Manyi, 2014
31	<i>Geminiviridae</i>	<i>Begomovirus</i>	East African cassava mosaic Zanzibar virus	EACMZV	<i>Begomovirus manihotiszanzibarensis</i>	Haut-Katanga, Ituri, Sud Kivu, Kwilu, Kasai oriental, Kongo central, Kinshasa, Equateur, Tshopo	Validé	Muhindo et Monde	Muengula-Manyi, 2014
32	<i>Geminiviridae</i>	<i>Begomovirus</i>	Tobacco leaf curl Comoros virus	TLCCV	<i>Begomovirus nicotianacomorosense</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	Buyckx, 1962
33	<i>Geminiviridae</i>	<i>Begomovirus</i>	Tobacco leaf curl Zimbabwe virus	TLCZV	<i>Begomovirus nicotianazimbabwense</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	Buyckx, 1962
34	<i>Geminiviridae</i>	<i>Begomovirus</i>	South African cassava mosaic virus	SACMV	<i>Begomovirus warburgi</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	Were et al., 2004
35	<i>Geminiviridae</i>	<i>Mastrevirus</i>	Maize streak virus	MSV	<i>Mastrevirus storeyi</i>	Lomami, Tshopo	Validé	Muhindo et Monde	Thottappilly et al., 1998 ; Buyckx, 1962
36	<i>Geminiviridae</i>	<i>Begomovirus</i>	Tomato yellow leaf curl virus	TYLCV	<i>Begomovirus coheni</i>	Kinshasa	Validé	Mukwa	Mukwa et al., 2021
37	<i>Nanoviridae</i>	<i>Babuvirus</i>	Banana bunchy top virus	BBTV	<i>Babuvirus musae</i>	Kasai oriental et Kasai central, Kongo central, Kwilu, Sud Kivu, Haut-Katanga, Kwilu, Kinshasa, Tshopo, Equateur	Validé	Muhindo et Monde	Mukwa et al., 2014

38	<i>Phenuiviridae</i>	<i>Tenuivirus</i>	Maize stripe virus	MSpV	<i>Tenuivirus zaeae</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	Thottappilly et al., 1993
39	<i>Pospiviroidae</i>	<i>Cocadviroid</i>	Coconut cadang-cadang viroid	CCCVD	<i>Cocadviroid cadangi</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	DPVweb, s.d
40	<i>Potyviridae</i>	<i>Ipomovirus</i>	Cassava brown streak virus	CBSV	<i>Ipomovirus brunusmanihotis</i>	Haut-Katanga, Ituri, Sud Kivu	Validé	Muhindo et Monde	Kwibuka, 2022
41	<i>Potyviridae</i>	<i>Ipomovirus</i>	Sweet potato mild mottle virus	SPMMV	<i>Ipomovirus lenisbatatae</i>	Kwilu, Kwango, Nord kivu et Sud Kivu	Validé	Muhindo et Monde	Rubabura & Bisusa, 2011
42	<i>Potyviridae</i>	<i>Ipomovirus</i>	Ugandan cassava brown streak virus	UCBSV	<i>Ipomovirus manihotis</i>	Ituri, Sud Kivu	Validé	Muhindo et Monde	Mulimbi et al., 2012 ; Casinga et al., 2019, 2021
43	<i>Potyviridae</i>	<i>Potyvirus</i>	Potato virus A	PVA	<i>Potyvirus atuberosi</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	Buyckx, 1962
44	<i>Potyviridae</i>	<i>Potyvirus</i>	Sweet potato feathery mottle virus	SPFMV	<i>Potyvirus batataplumei</i>	Kasai central, Kasai central, Kwilu, Kongo-Central	Validé	Muhindo et Monde	CABI & EPPO, 2021; Carey et al., 1998
45	<i>Potyviridae</i>	<i>Potyvirus</i>	Moroccan watermelon mosaic virus	MWMV	<i>Potyvirus citrullimoroccense</i>	Nord Kivu	Validé	Muhindo et Monde	Arocha et al., 2008
46	<i>Potyviridae</i>	<i>Potyvirus</i>	Johnsongrass mosaic virus	JGMV	<i>Potyvirus halapensis</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	Stewart et al., 2017 ; Asimwe et al., 2019
47	<i>Potyviridae</i>	<i>Potyvirus</i>	Tobacco etch virus	TEV	<i>Potyvirus nicotianainsculpentis</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	Buyckx, 1962
48	<i>Potyviridae</i>	<i>Potyvirus</i>	Bean common mosaic necrosis virus	BCMN	<i>Potyvirus phaseoli</i>	Nord Kivu et Sud Kivu, Ituri, Haut-Katanga	Validé	Muhindo et Monde	Ngombo, 2024
49	<i>Potyviridae</i>	<i>Potyvirus</i>	Bean yellow mosaic virus	BYMV	<i>Potyvirus phaseoliteum</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	Barhahakana et al., 2014
50	<i>Potyviridae</i>	<i>Potyvirus</i>	Bean common mosaic virus	BCMV	<i>Potyvirus phaseovulgaris</i>	Nord Kivu et Sud Kivu, Ituri, Haut-Katanga	Validé	Muhindo et Monde	Barhahakana et al., 2014
51	<i>Potyviridae</i>	<i>Potyvirus</i>	Sugarcane mosaic virus	SCMV	<i>Potyvirus sacchari</i>	Nord Kivu et Sud Kivu	Validé	Muhindo et Monde	Alegria et al., 2003
52	<i>Potyviridae</i>	<i>Potyvirus</i>	Yam mosaic virus	YMV	<i>Potyvirus yamtessellati</i>	Tshopo	Validé	Muhindo et Monde	Adejumobi et al., 2022; Adjei et al., 2022
53	<i>Potyviridae</i>	<i>Potyvirus</i>	Maize dwarf mosaic virus	MDMV	<i>Potyvirus zeae</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	Buyckx, 1962
54	<i>Potyviridae</i>	<i>Potyvirus</i>	Potato virus Y	PVY	<i>Potyvirus yituberosi</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	Buyckx, 1962
55	<i>Secoviridae</i>	<i>Nepovirus</i>	Tobacco ringspot virus	TRSV	<i>Nepovirus nicotianae</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	Buyckx, 1962 ; Bragard et al., 2020
56	<i>Secoviridae</i>	<i>Cheravirus</i>	Cassava Congo cheravirus	CCChV		Kongo Central, Sud kivu	Non-Validé	Mukwa, Muhindo et Monde	Kwibuka et al., 2026
57	<i>Solemoviridae</i>	<i>Polerovirus</i>	Groundnut rosette assistor virus	GRaV	<i>Polerovirus GRAV</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	Sreenivasulu et al., s. d.; Tshite et al., 2015
58	<i>Solemoviridae</i>	<i>Polerovirus</i>	Tobacco vein distorting virus	TVDV	<i>Polerovirus TVDV</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	Buyckx, 1962
59	<i>Solemoviridae</i>	<i>Sobemovirus</i>	Rice yellow mottle virus	RYMV	<i>Sobemovirus RYMV</i>	Sud Kivu	Validé	Muhindo et Monde	Hubert et al., 2013
60	<i>Solemoviridae</i>	<i>Sobemovirus</i>	Southern bean mosaic virus	SBMV	<i>Sobemovirus SBMV</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	Barhahakana et al., 2014
61	<i>Solemoviridae</i>	<i>Sobemovirus</i>	Southern cowpea mosaic virus	SCoMV	<i>Sobemovirus SCoMV</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	Barhahakana et al., 2014

62	<i>Tolecusatellitidae</i>	<i>Betasatellite</i>	Tobacco leaf curl betasatellite	TLCbV	<i>Betasatellite nicotianinvolutionis</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	Buyckx, 1962
63	<i>Tombusviridae</i>	<i>Umbravirus</i>	Groundnut rosette virus	GRV	<i>Umbravirus arachidis</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	Sreenivasulu et al., s. d.; Tshite et al., 2015
64	<i>Tombusviridae</i>	<i>Umbravirus</i>	Tobacco mottle virus	TMoV	<i>Umbravirus maculae</i>	Aucun détails	Validé	Muhindo et Monde	Buyckx, 1962
65	<i>Tombusviridae</i>	<i>Machlomovirus</i>	Maize chlorotic mottle virus	MLNV	<i>Machlomovirus zea</i>	Kasai central, Kasai oriental, Kongo Central, Tshopo, Nord Kivu	Validé	Muhindo et Monde	Lukanda et al., 2014
66	<i>Tomosaviridae</i>	<i>Virtovirus</i>	Satellite tobacco mosaic virus	TMVsV	<i>Virtovirus tabaci</i>	Aucun détail	Validé	Muhindo et Monde	Buyckx, 1962
67	<i>Tospoviridae</i>	<i>Orthospovirus</i>	Tomato spotted wilt virus	TSWV	<i>Orthospovirus tomatomaculae</i>	Aucun détail	Validé	Muhindo et Monde	CABI & EPPO, 2018
68	<i>Virgaviridae</i>	<i>Pecluvirus</i>	Peanut clump virus	PCV	<i>Pecluvirus arachidis</i>	Aucun détail	Validé	Muhindo et Monde	EPPO, 2026
69	<i>Virgaviridae</i>	<i>Pomovirus</i>	Potato mop-top virus	PMTV	<i>Pomovirus solani</i>	Aucun détail	Validé	Muhindo et Monde	Buyckx, 1962
70	<i>Virgaviridae</i>	<i>Tobamovirus</i>	Tobacco mosaic virus	TMV	<i>Tobamovirus tabaci</i>	Aucun détail	Validé	Muhindo et Monde	Buyckx, 1962
71	<i>Virgaviridae</i>	<i>Tobravirus</i>	Tobacco rattle virus	TRV	<i>Tobravirus tabaci</i>	Aucun détail	Validé	Muhindo et Monde	Buyckx, 1962; EPPO, 2026

Le présent travail a permis de recenser 71 virus phytopathogènes, identifié ou suspecté en République Démocratique du Congo. Après vérification et harmonisation taxonomique selon les standards de l'ICTV, ces virus se répartissent au sein de 19 familles virales et 30 genres distincts illustrant une diversité taxonomique importante des virus affectant les cultures dans le pays.

Parmi les 71 virus recensés ; 70 espèces virales sont officiellement reconnues et validées par l'ICTV tandis qu'une seule (*Cassava Congo cheravirus*) espèce demeure encore en cours de validation du fait qu'elle a été décrite pour la première fois en 2026.

Cette répartition met en évidence un niveau élevé de conformité avec la nomenclature taxonomique internationale, tout en soulignant l'existence de certaines entités virales nécessitant une validation ou une clarification taxonomique ultérieure.

5.2 Répartition taxonomique des familles virales

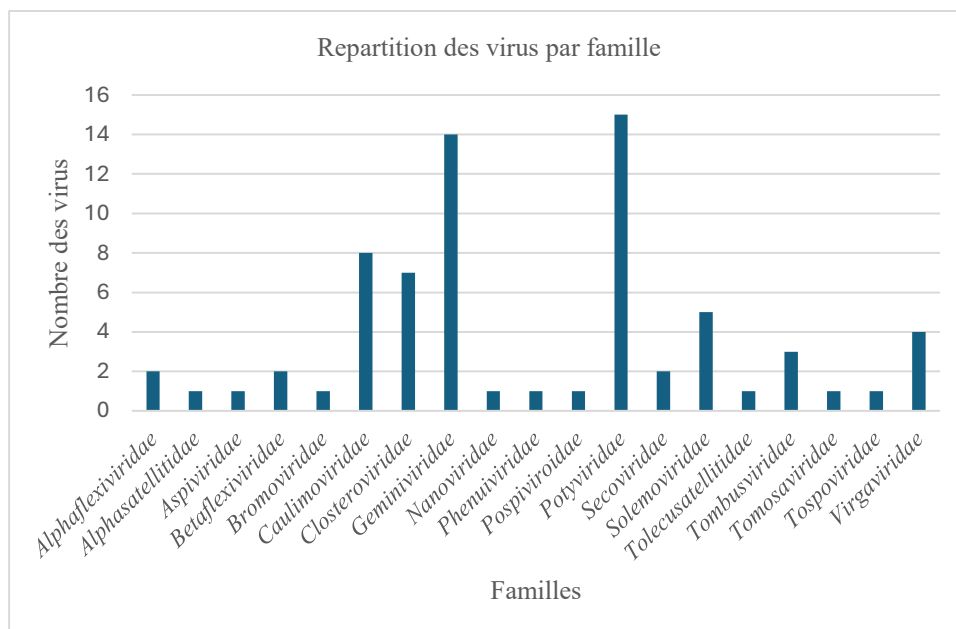


Figure 2 : La répartition des 71 espèces de virus recensées en RDC selon leur famille

La distribution des virus par famille virale révèle une prédominance marquée des *Potyviridae* (15 espèces) et des *Geminiviridae* (14 espèces), reflétant l'importance des virus transmis par les insectes vecteurs dans les systèmes agricoles tropicaux.

D'autres familles virales telles que les *Closteroviridae* (sept espèces), *Caulimoviridae* (six espèces) et *Solemoviridae* (cinq espèces) présentent également une représentation notable, bien que moins importante. À l'inverse, plusieurs familles, notamment les *Alphaflexiviridae*, *Bromoviridae*, *Nanoviridae*, *Secoviridae*, *Tombusviridae* et *Tospoviridae*, ne comptent qu'un nombre limité d'espèces.

Cette structure taxonomique met en évidence une forte diversité virale, bien que distribuée de manière hétérogène entre les familles, suggérant à la fois des réalités épidémiologiques et d'éventuels biais liés à l'intensité des recherches menées sur certaines cultures d'intérêt économique.

5.3 Répartition des virus par culture affectées

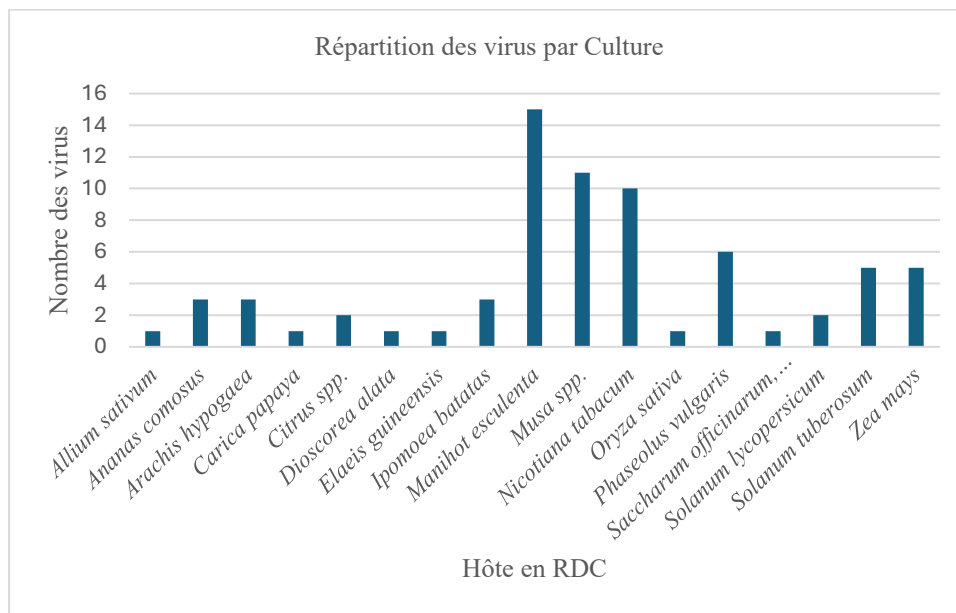


Figure 3 : La répartition des virus recensés en RDC selon les cultures affectées

La répartition des virus selon la culture affectée en RDC met en évidence une distribution hétérogène des infections virales, avec une concentration particulièrement élevée chez *Manihot esculenta*, suivie de *Musa spp.* et *Nicotiana tabacum*. Cette prédominance s'explique probablement par l'importance socio-économique de ces cultures, leur large diffusion géographique ainsi que l'intensité des travaux de surveillance et de recherche dont elles font l'objet.

À l'opposé, les autres cultures telles qu'*Allium sativum*, *Carica papaya*, *Dioscorea alata* ou *Arachis hypogaea* présentent un nombre moins important de virus recensés ce qui pourrait aussi bien correspondre à une véritable moindre diversité virale ou à un manque de prospection et de caractérisation moléculaire.

On peut donc suggérer que les observations de diversité virale sont d'une part contrôlée par des facteurs biologiques (mode de transmission, culture par voie végétative, pression vectorielle) et d'autre part par des facteurs anthropiques (valeur économique des cultures, intensité de recherche et disponibilité des outils diagnostiques).

5.4 Importance des vecteurs dans l'épidémiologie virale

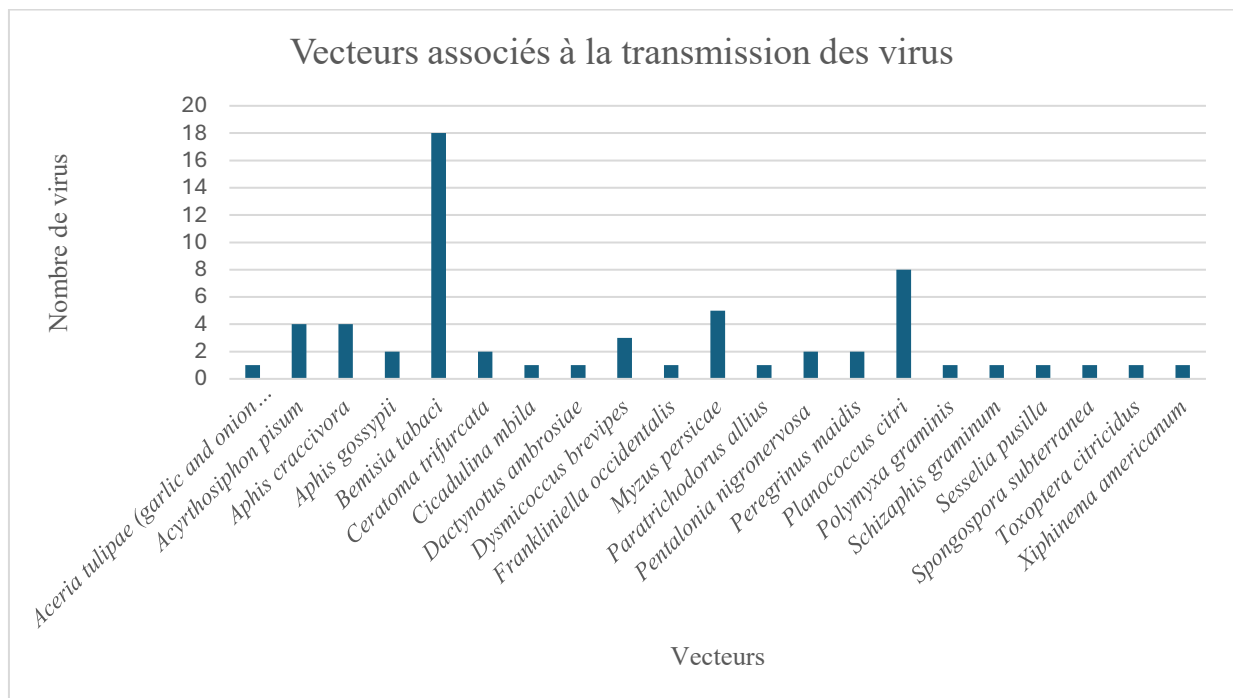


Figure 4 : la répartition des virus recensés en RDC selon les principaux vecteurs associés

Cette figure illustre, une prédominance de *Bemisia tabaci* (dix-huit virus) comme vecteur majeur en RDC contrairement aux autres vecteurs recensés, ce qui reflète l'importance épidémiologique des virus transmis par les aleurodes dans les systèmes agricoles tropicaux, favorisée par des conditions climatiques propices et une forte densité de plantes hôtes.

Des insectes vecteurs comme *Planococcus citri* (huit Virus), *Myzus persicae* (cinq Virus), *Aphis craccivora* (quatre virus) et *Acyrtosiphon pisum* (quatre virus) participent également à la dissémination des virus, mais à un degré moyen tandis que d'autre y participent à des degrés moindre (inférieur à trois virus).

D'autre part, on notera qu'une part non négligeable des virus n'a pas encore de vecteur identifié (« No vector » : quatre virus), de même que ceux dans la catégorie « No details » (cinq virus) où l'on ne sait pas encore comment sont transférés les virus considérés. Ces deux catégories révèlent d'importantes lacunes dans l'ensemble de la connaissance et la nécessité de recherches supplémentaires pour mieux connaître l'écologie et l'épidémiologie des virus des plantes en RDC.

5.5 Modes de transmission

Tableau 5 Mode de transmission principal des virus

Mode de transmission principal	Nombre de virus	Pourcentage (%)
Végétative (bouture, greffe, vitroplants)	34	48.6
Mécanique (contact des feuilles, les outils, inoculation mécanique)	22	31.0
Semences	12	17.0
Autres (pollen, sol, plantes infectées)	4	5.6
Aucun détails	3	4.2

Le tableau 5 sur l'analyse du mode de transmission des virus des plantes en République Démocratique du Congo montre que la transmission végétative est la plus fréquente, représentant 48,6% des virus (34 virus). Elle est suivie par la transmission mécanique avec 31% des virus (22 virus), puis par la transmission par les semences qui concerne 17% des virus (12 virus).

Les autres modes de transmission, incluant le pollen, le sol ou les plantes infectées, représentent 5,6% des cas. Enfin, pour 4,2% des virus, aucune information sur le mode de transmission n'a été mentionné dans la littérature.

5.6 Développement d'une plateforme web pour la visualisation des données

Dans le but de valoriser et de rendre accessible la base de données, une plateforme web dédiée à l'identification et à la consultation des virus des plantes en RDC a été développée.

La plateforme s'appelle « Mlinzi » qui veut dire « Protecteur » en swahili disponible sur www.mlinzidata.com. Elle permet aux utilisateurs d'accéder facilement aux informations taxonomiques, biologiques et épidémiologiques des virus recensés.

Elle intègre notamment des données relatives aux hôtes, aux vecteurs, aux symptômes ainsi qu'à la distribution géographique des virus en République Démocratique du Congo et dans les pays voisins.

Cette approche numérique constitue un outil innovant pour la diffusion des connaissances en virologie végétale et peut servir de support à la recherche, à l'enseignement ainsi qu'à la gestion des maladies des plantes.

La plateforme web développée dans le cadre de cette étude comprend une interface d'accueil permettant d'introduire l'utilisateur aux objectifs du site et de faciliter la navigation vers les différentes sections (Figure 5).

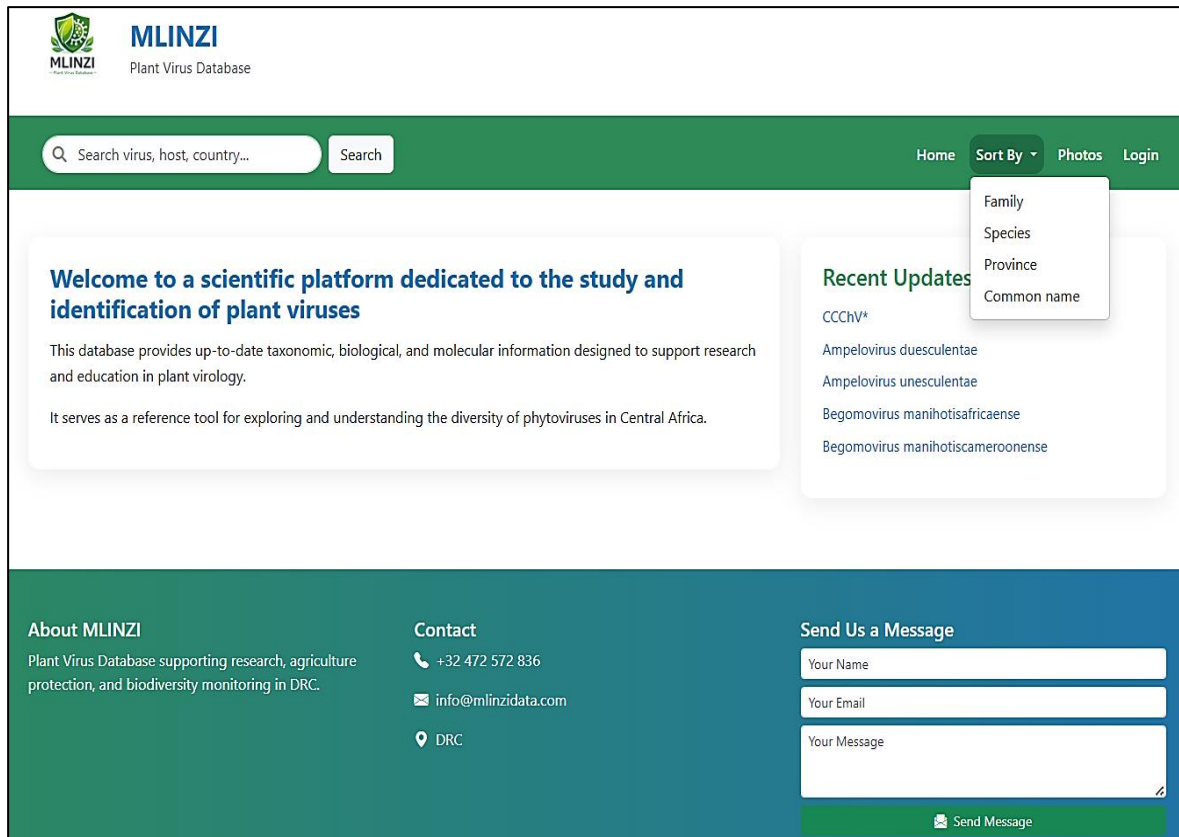


Figure 5 : Page d'accueil de la plateforme web dédiée à l'étude des virus des plantes.

La page d'accueil a été conçue de manière à être intuitive et accessible, avec une organisation claire des informations. Elle facilite l'orientation de l'utilisateur et constitue un élément clé pour l'exploitation efficace de la plateforme.

Cette plateforme offre aussi une interface structurée facilitant l'accès aux différentes catégories de données, notamment la taxonomie, les hôtes, la distribution géographique, les symptômes et les modes de transmission (Figure 6).

Begomovirus manihotis	
Taxonomy	Geographic Distribution
Realm: Floreoviria	Neighboring countries: Tanzania, Rwanda, Uganda, Congo-Brazza, Central African Republic, Burundi
Subrealm: -	Provinces (DRC): Haut-Katanga, Ituri, Kasai-Oriental, Kinshasa, Kongo-Central, Kwilu, Mongala, North Ubangi, South Kivu, South Ubangi, Tshopo
Kingdom: Shotokuvirae	
Subkingdom: -	
Phylum: Cressdnaviricota	
Class: Repensiviricetes	
Order: Geplafuvirales	
Genus: Begomovirus	
Subgenus: -	
Species: Begomovirus manihotis	
Hosts	Disease Information
Main Host: Manihot esculenta	Diseases: Cassava Mosaic Disease (CMD), Sina uruma
Other Hosts: Datura ferox, Datura stramonium, Hewittia sublobata, Jatropha multifida, Laportea aestuans, Manihot glaziovii, Nicandra physalodes, Nicotiana benthamiana, Nicotiana clevelandii, Nicotiana debneyi, Nicotiana glutinosa, Nicotiana rustica, Nicotiana tabacum, Solanum nigrum	Symptoms: Leaf mosaic, dwarfism, deformed leaves, reduced yield
Host in DRC: Manihot esculenta	
	Transmission
	Modes: Mechanical inoculation ; transmitted by grafting
	Vectors: Aleyrodidae = Bemisia tabaci (persistent)
	Additional Information
	Common Name: African cassava mosaic virus (ACMV)
	ICTV ID: ICTV19790994
	Genome: ssDNA(+/-)
	Status: Present
	ViralZone: View
	References
	Bisimwa et al., 2012

Figure 6 : Interface de visualisation des données d'un virus dans la plateforme web développée.

Ex : African Cassava Mosaic Virus/ *Begomovirus manihoti*

Cette interface met en évidence la structuration efficace des données et leur accessibilité à travers un outil numérique interactif. Elle permet une consultation rapide et intuitive des informations, facilitant ainsi l'analyse et la compréhension des caractéristiques des virus étudiés.

L'intégration de ces données dans une plateforme web constitue un résultat important de cette étude, en offrant un support de diffusion et de valorisation des connaissances en virologie végétale.

5.7 Virus phytopathogènes signalés dans les pays voisins et implications pour la RDC

L'analyse documentaire étendue aux pays voisins de la République Démocratique du Congo a permis d'identifier quarante et un virus phytopathogènes déjà signalés dans la région Est-Africaine et centrale, susceptibles de représenter un risque d'introduction en RDC qui sont repris dans le tableau 6. Cette approche régionale permet de mieux comprendre la dynamique transfrontalière des maladies virales des plantes dans un contexte de forte connectivité agricole, commerciale et écologique.

Tableau 6: Virus présent dans les pays voisins susceptibles de représenter un risque d'introduction en RDC

N°	Nouveau nom	Ancien nom	Famille	Vecteurs	Mode de transmission	Hôte dans les pays voisins	Pays où le virus est présent	Références
1	<i>Alfamovirus AMV</i>	Alfalfa mosaic virus (AMV)	<i>Bromoviridae</i>	<i>Myzus persicae</i>	Transmission par la semence, Inoculation mécanique	<i>Nicotiana tabacum</i>	Zambia	Mayunga & Kapooria, 2003
2	<i>Begomovirus citrulli</i>	Watermelon chlorotic stunt virus (WmCSV)	<i>Geminiviridae</i>	<i>Bemisia tabaci</i>	Semis mécaniques (rares), infectés, greffe	<i>Cucumis sativum</i> , <i>Citrullus lanatus</i>	South Sudan	Desbiez et al., 2019
3	<i>Begomovirus gossypigeziraense</i>	Cotton leaf curl Gezira virus-Sudan (CLCuGV)	<i>Geminiviridae</i>	<i>Bemisia tabaci</i>	Matière végétale infectée, greffe	<i>Gossypium spp.</i>	South Sudan	Idris & Brown, 2002
4	<i>Begomovirus ipomoeae</i>	Sweet potato leaf curl virus (SPLCV)	<i>Geminiviridae</i>	<i>Bemisia tabaci</i>	Propagation végétative (boutures)	<i>Ipomea batatas</i>	Tanzania, Uganda, Rwanda, South Sudan	Wasswa et al., 2025
5	<i>Begomovirus ipomoeasaopauloense</i>	Sweet potato leaf curl Sao Paulo virus (SPLCSPV)	<i>Geminiviridae</i>	<i>Bemisia tabaci</i>	Propagation végétative	<i>Ipomea batatas</i>	Tanzania	Mbanzibwa et al., 2014; Mohammed et al., 2017
6	<i>Begomovirus solanumsudanense</i>	Tomato leaf curl Sudan virus-Gezira (TLCSDV)	<i>Geminiviridae</i>	<i>Bemisia tabaci</i>	Plants infectés, greffe	<i>Amaranthus cruentus</i> , <i>Solanum lycopersicum</i>	South Sudan	Sohrab, 2020
7	<i>Bromovirus BMV</i>	Brome mosaic virus (BMV)	<i>Bromoviridae</i>	No details	Inoculation mécanique	<i>Triticum aestivum</i>	Zambia	Kapooria & Ndunguru, 2004
8	<i>Bromovirus CCMV</i>	Cowpea chlorotic mottle virus (CCMV)	<i>Bromoviridae</i>	<i>Ceratoma ruficornis</i> , <i>Ceraton trifurcata</i> , <i>Diabrotica balteata</i>	Transmission par la semence, Inoculation mécanique	<i>Vigna unguiculata</i>	Uganda	Amayo et al., 2012
9	<i>Bymovirus tritici</i>	Wheat spindle streak mosaic virus (WSSMV)	<i>Potyviridae</i>	<i>Polymyxa graminis</i>	Sol, Inoculation mécanique	<i>Triticum aestivum</i>	Zambie	Kapooria & Ndunguru, 2004
10	<i>Carlavirus chloroipomoeae</i>	Sweet potato chlorotic fleck virus (SPCFV)	<i>Betaflexiviridae</i>	<i>Myzus persicae</i> , <i>Aphis gossypii</i>	Propagation végétative	<i>Ipomea batatas</i>	Tanzania, Uganda, Rwanda	Njeru et al., 2008
11	<i>Carlavirus misolani</i>	Potato virus M (PVM)	<i>Betaflexiviridae</i>	<i>Myzus persicae</i>	Inoculation mécanique, semence et greffe	<i>Solanum tuberosum</i>	Rwanda, Burundi, Uganda Tanzania	Okonya et al., 2019, 2021
12	<i>Cavemovirus collusipomeae</i>	Sweet potato caulimovirus (SPCaLV)	<i>Caulimoviridae</i>	No vector	Vegetative propagation	<i>Ipomea batatas</i>	Tanzania, Uganda, Rwanda, Angola	Njeru et al., 2008
13	<i>Comovirus severum</i>	cowpea severe mosaic virus (CPSMV)	<i>Secoviridae</i>	<i>Ceratoma arcuata</i> , <i>Ceratoma ruficornis</i> , <i>Chalcodermus bimaculatus</i> , <i>Diabrotica balteata</i> , <i>Diabrotica speciosa</i> ,	Inoculation mécanique, Semences	<i>vigna unguiculata</i>	Uganda	Amayo et al., 2012
14	<i>Crinivirus contagichlorosis</i>	Tomato infectious chlorosis virus (TICV)	<i>Closteroviridae</i>	<i>Trialeurodes vaporariorum</i>	No details	<i>Solanum lycopersicum</i>	South Sudan	Fiallo-Olivé et al., 2011
15	<i>Crinivirus tomatichlorosis</i>	Tomato chlorosis virus (ToCV)	<i>Closteroviridae</i>	<i>Bemisia tabaci</i> , <i>Trialeurodes vaporariorum</i>	No details	<i>Solanum lycopersicum</i>	South Sudan	Fiallo-Olivé et al., 2011
16	<i>Furovirus tritici</i>	Wheat soil-borne mosaic virus (SBWMV)	<i>Virgaviridae</i>	<i>Polymyxa graminis</i>	Sol, Inoculation mécanique	<i>Triticum aestivum</i>	Zambia	Kapooria & Ndunguru, 2004
17	<i>Gammacarmovirus vignae</i>	cowpea mottle virus (CPMoV)	<i>Tombusviridae</i>	<i>Ootheca mutabilis</i> , <i>Paraluperodes lineata</i>	Inoculation mécanique	<i>Vigna unguiculata</i>	Uganda	Amayo et al., 2012
18	<i>Hordeivirus hordei</i>	Barley stripe mosaic virus (BSMV)	<i>Virgaviridae</i>	No vector	Inoculation mécanique, semence et pollen	<i>Triticum aestivum</i>	Zambia	Kapooria & Ndunguru, 2004
19	<i>Ipomovirus cucumisvenafavi</i>	Cucumber vein yellowing virus (CVYV)	<i>Potyviridae</i>	<i>Bemisia tabaci</i>	Inoculation mécanique ; transmis par greffe	<i>Cucumis sativum</i> , <i>Citrullus lanatus</i>	South Sudan	Desbiez et al., 2019

20	<i>Luteovirus pavhordei</i>	Barley yellow dwarf virus PAV (BYDV-PAV)	<i>Tombusviridae</i>	<i>Amphorophora circumflexa</i> , <i>Macrosiphum circumflexa</i> , <i>Myzus circumflexus</i> .	Inoculation mécanique	<i>Triticum aestivum</i>	Zambia	Kapooria & Ndunguru, 2004
21	<i>Macluravirus dioscoreachinense</i>	Chinese yam necrotic mosaic virus (CYNMV)	<i>Potyviridae</i>	<i>Myzus persicae</i> , <i>Aphis gossypii</i>	Propagation végétative, Inoculation mécanique	<i>Dioscorea alata</i>	Uganda	Ogwok et al., 2025
22	<i>Mastrevirus cicerparvi</i>	Chickpea chlorotic dwarf virus	<i>Geminiviridae</i>	<i>Psammotettix alienus</i>	Inoculation mécanique	<i>Cicer arietinum</i>	South Sudan	Hamed & Makkouk, 2002
23	<i>Mastrevirus hordei</i>	Wheat dwarf virus (WDV)	<i>Geminiviridae</i>	<i>Psammotettix alienus</i>	Transmission par la semence, Inoculation mécanique	<i>Triticum aestivum</i>	Zambia	Kapooria & Ndunguru, 2004
24	<i>Polerovirus CABYV</i>	Cucurbit aphid borne yellows virus (CABYV)	<i>Solemoviridae</i>	<i>Myzus persicae</i> , <i>Aphis gossypii</i>	No details	<i>Citrus lanatus</i> , <i>Cucurbita maxima</i> , <i>Cicer arietinum</i> L	Uganda, South Sudan	Masika et al., 2017
25	<i>Polerovirus PEVYV1</i>	Pepper vein yellows virus 1 (PeVYV1)	<i>Solemoviridae</i>	<i>Aphis gossypii</i>	No details	<i>Capsicum spp.</i>	Rwanda	Waweru et al., 2021
26	<i>Polerovirus PEVYV10</i>	Pepper vein yellows virus 10 (PeVYV10)	<i>Solemoviridae</i>	<i>Aphis gossypii</i>	No details	<i>Capsicum spp.</i>	Rwanda	Waweru et al., 2021
27	<i>Polerovirus PEVYV2</i>	Pepper vein yellows virus 2 (PeVYV2)	<i>Solemoviridae</i>	<i>Aphis gossypii</i>	No details	<i>Capsicum spp.</i>	Rwanda	Waweru et al., 2021
28	<i>Polerovirus PEVYV3</i>	Pepper vein yellows virus 3 (PeVYV3)	<i>Solemoviridae</i>	<i>Aphis gossypii</i>	No details	<i>Capsicum spp.</i>	Rwanda	Waweru et al., 2021
29	<i>Polerovirus PEVYV4</i>	Pepper vein yellows virus 4 (PeVYV4)	<i>Solemoviridae</i>	<i>Aphis gossypii</i>	No details	<i>Capsicum spp.</i>	Rwanda	Waweru et al., 2021
30	<i>Polerovirus PEVYV5</i>	Pepper vein yellows virus 5 (PeVYV5)	<i>Solemoviridae</i>	<i>Aphis gossypii</i>	No details	<i>Capsicum spp.</i>	Rwanda	Waweru et al., 2021
31	<i>Polerovirus PEVYV6</i>	Pepper vein yellows virus 6 (PeVYV6)	<i>Solemoviridae</i>	<i>Aphis gossypii</i>	No details	<i>Capsicum spp.</i>	Rwanda	Waweru et al., 2021
32	<i>Polerovirus PLRV</i>	Potato leafroll virus (PLRV)	<i>Solemoviridae</i>	<i>Myzus persicae</i>	No details	<i>Solanum tuberosum</i>	Rwanda, Burundi, Uganda Tanzania	Okonya et al., 2021
33	<i>Polerovirus PPEVYV</i>	Pod Pepper vein yellows virus (PeVYV)	<i>Solemoviridae</i>	<i>Myzus persicae</i>	No details	<i>Capsicum spp.</i>	Rwanda	Waweru et al., 2021
34	<i>Potyvirus arachidis</i>	Peanut mottle virus (PMV)	<i>Potyviridae</i>	<i>Aphis craccivora</i> , <i>Aphis gossypii</i> , <i>Hyperomyzus lactucae</i> , <i>Myzus persicae</i> , <i>Rhopalosiphum padi</i>	Inoculation mécanique	<i>Phaseolus vulgaris</i>	Zambia	Mulenga et al., 2022
35	<i>Potyvirus batatalentis</i>	Sweet potato latent virus (SwPLV)	<i>Potyviridae</i>	No vector	Propagation végétative, Inoculation mécanique	<i>Ipomea batatas</i>	Tanzania, Uganda, Rwanda	Njeru et al., 2008
36	<i>Potyvirus capsivenae</i>	Pepper veinal mottle virus (PVMV)	<i>Potyviridae</i>	<i>Aphis gossypii</i> , <i>Myzus persicae</i> , <i>Toxoptera citricidus</i>	Inoculation mécanique	<i>Capsicum spp.</i>	Rwanda	Waweru et al., 2021
37	<i>Potyvirus cucurbitaflavittessellati</i>	Zucchini yellow mosaic virus (ZYMV)	<i>Potyviridae</i>	<i>Aphis citricola</i> , <i>Aphis gossypii</i> , <i>Myzus persicae</i>	Inoculation mécanique	<i>Citrus lanatus</i> , <i>Cucurbita maxima</i>	Uganda	Masika et al., 2017
38	<i>Potyvirus papayanuli</i>	Papaya ringspot virus	<i>Potyviridae</i>	<i>Myzus persicae</i> , <i>Aphis gossypii</i>	Inoculation mécanique	<i>Carica papaya</i>	South Sudan	Lecoq et al., 2017
39	<i>Potyvirus passiflorae</i>	Passionfruit woodiness virus (PWV)	<i>Potyviridae</i>	<i>Aphis gossypii</i> , <i>Myzus persicae</i>	Inoculation mécanique	<i>Passiflora edulis</i>	Uganda	Ochwo-Ssemakula et al., 2012
40	<i>Potyvirus vignae</i>	cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV)	<i>Potyviridae</i>	<i>Myzus persicae</i>	Mechanical inoculation, seed	<i>Vigna unguiculata</i> , <i>Passiflora edulis</i> , <i>phaseolus vulgaris</i>	Uganda, Zambia	Amayo et al., 2012
41	<i>Potyvirus yamplacidum</i>	yam mild mosaic virus (YMMV)	<i>Potyviridae</i>	No details	Vegetative propagation	<i>Dioscorea alata</i>	Uganda	Ogwok et al., 2025

42	<i>Tobamovirus capsici</i>	Pepper mild mottle virus (PMMoV)	<i>Virgaviridae</i>	<i>No vector</i>	Inoculation mécanique, greffe, contact entre plantes, graines	<i>Capsicum spp.</i>	Rwanda, Zambia	Waweru et al., 2021
43	<i>Tobamovirus tomatotessellati</i>	Tomato mosaic virus (ToMV)	<i>Virgaviridae</i>	<i>No vector</i>	Inoculation mécanique, semences	<i>Solanum lycopersicum</i>	Uganda	Arinaitwe et al., 2018
44	<i>Tritimovirus tritici</i>	Wheat streak mosaic virus (WSMV)	<i>Potyviridae</i>	<i>Aceria tosichella</i>	Vegetative propagation	<i>Triticum aestivum</i>	Zambia	Kapooria & Ndunguru, 2004
45	<i>Umbravirus ethiopiaense</i>	Ethiopian tobacco bushy top virus (ETBTv)	<i>Tombusviridae</i>	<i>Myzus persicae</i>	Inoculation mécanique	<i>Phaseolus vulgaris</i>	Zambia	Mulenga et al., 2020, 2022

L'analyse des données régionales a permis de recenser quarante-cinq virus (45) signalés dans les pays voisins de la République Démocratique du Congo. Les résultats montrent une forte représentation des familles *Potyviridae* (douze virus), *Solemoviridae* (dix virus) et *Geminiviridae* (sept virus) dans la région. Ces familles regroupent plusieurs virus majeurs affectant des cultures vivrières et maraichères stratégiques telles que le manioc, la patate douce, le maïs, la tomate, le poivron et les cucurbitacées.

Les résultats mettent également en évidence l'importance épidémiologique des insectes vecteurs dans la dissémination régionale des virus phytopathogènes. Parmi les principaux vecteurs identifiés, *Aphis gossypii* est associé à quinze virus recensés dans les pays voisins. De même, *Myzus persicae* intervient dans la transmission de quatorze virus, tandis que *Bemisia tabaci* est impliqué dans la transmission de sept virus, principalement des Begomovirus et des Crinivirus recensés dans les pays voisins. Enfin, *Polymyxa graminis* a été identifié comme vecteur de deux virus affectant principalement les céréales.

La transmission des virus repose aussi sur les échanges de matériel végétal infecté et la transmission mécanique. Plusieurs virus sont transmis par boutures, semences, plants infectés ou par contact mécanique entre plantes.

Certains virus présentent des modes de transmission plus spécifiques, notamment la transmission par le sol via *Polymyxa graminis*. L'ensemble de ces mécanismes favorise la circulation transfrontalière des virus phytopathogènes et représente un risque d'introduction et de dissémination en RDC.

Les cultures les plus fréquemment associées aux virus recensés dans les pays voisins sont la patate douce, la tomate, les cucurbitacées, le poivron et les légumineuses. Ces cultures, largement cultivées en RDC, constituent des hôtes potentiels favorisant l'établissement et la dissémination des virus phytopathogènes dans les systèmes agricoles régionaux.

VI. DISCUSSION

6.1 Diversité virale recensée en RDC

Le recensement de 71 virus phytopathogènes, identifiés ou suspectés en République Démocratique du Congo, révèle une diversité virale significative affectant les cultures. La validation selon les standards de l'ICTV a permis de confirmer 70 espèces virales, tandis que 1 reste en attente de validation, soulignant que certaines entités nécessitent encore des investigations supplémentaires (ICTV, s. d.; Hull & Rima, 2020; Siddell et al., 2023).

De plus, la présence d'une espèce récemment décrite par Kwibuka et al., (2026), *Cassava Congo cheravirus*, encore en cours de validation, met en évidence le caractère dynamique de la taxonomie virale ainsi que l'émergence continue de nouveaux virus.

La présence des 19 familles virales et 30 genres distincts illustre non seulement la richesse taxonomique, mais aussi la complexité des interactions virus-hôtes dans les agrosystèmes congolais (Roberto, 2020 ; Monde et al., 2021; Casinga et al., 2022).

De plus selon Kwibuka et al., (2026), cette diversité reflète la coexistence de différents modes de propagation, vecteurs et stratégies de survie des virus, ainsi que la variété des cultures cultivées dans le pays. Elle met également en lumière l'importance de disposer d'une base de données centralisées et harmonisée, garantissant la cohérence des informations scientifiques et facilitant la comparaison avec des données internationales (ICTV, s. d. ; Brunt et al., 1996 ; Kitajima, 2020; Wu et al., 2022).

6.2 Répartition taxonomique des familles virales

La répartition des virus par famille, montre une prédominance des *Potyviridae* et *Geminiviridae*, deux familles dont les espèces sont majoritairement transmis par des insectes. Cette prédominance suggère que la dynamique épidémiologique dans les systèmes agricoles tropicaux de la RDC est fortement influencée par les interactions plantes-virus en particulier dans des cultures à forte valeur économique comme le manioc, le maïs ou le bananier (Bakelana et al., 2019; Casinga et al., 2022).

La distribution hétérogène des virus entre les familles peut également refléter des biais de détection et de recherche, les études étant souvent concentrées sur les cultures les plus importantes économiquement (Alabi et al., 2008; Bisimwa et al., 2019; Mulimbi et al., 2023). Ainsi, certaines familles virales pourraient être sous-estimées, en raison d'un manque d'investigations dans des cultures moins étudiées ou des régions moins accessibles (He & Krainer, 2020; Jones, 2021).

Cette structuration taxonomique a des implications pratiques pour la gestion intégrée des maladies : la connaissance des familles virales dominantes permet de cibler les stratégies de contrôle, notamment en privilégiant la lutte contre les vecteurs en améliorant les pratiques de production de matériel végétal sain (Jones, 2021).

6.3 Répartition des virus par cultures affectées

La distribution des virus par culture en République Démocratique du Congo révèle une hétérogénéité marquée, avec une concentration particulièrement élevée chez *Manihot esculenta* (Manioc) suivi de *Musa spp.* (Bananier) et *Nicotiana tabacum* (Tabac).

Cette prédominance s'explique par plusieurs facteurs biologiques et socio-économiques ;

Premièrement, des facteurs biologiques interviennent dans la dynamique de transmission des virus. Certaines cultures, notamment le manioc et la banane, sont majoritairement multipliées par voie végétative, ce qui favorise la transmission verticale des virus d'une génération à l'autre par le matériel de plantation infecté (Bakelana et al., 2019; Kwibuka, 2022 ; Bulonza et al., 2024 ; Murhububa et al., 2024). Cette propagation constitue un facteur majeur de dissémination des virus dans les systèmes agricoles tropicaux (Kumar et al., 2011 ; Blomme et al., 2020). Par ailleurs, la plus forte densité des plantes hôtes et la présence des vecteurs efficaces, notamment les insectes piqueurs-suceurs tels que les aleurodes, les pucerons ou certaines cicadelles, favorisent la transmission horizontale et contribuent à amplifier les épidémies virales dans les cultures (Murhububa et al., 2021 ; Casinga et al., 2022 ; Bulonza et al., 2024).

Deuxièmement, les facteurs socio-économiques et anthropiques jouent également un rôle déterminant (Bisimwa et al., 2019). Les cultures telles que le manioc et la banane, occupent une place essentielle dans le système agricole et alimentaire en Afrique et en RDC (PNSA, 2010 ; FAO, 2026). En raison de leur importance stratégique pour la sécurité alimentaire et l'économie agricole, elles font l'objet d'un effort de recherche, de surveillance phytosanitaire et de caractérisation virologique plus soutenu, ce qui augmente la probabilité de détection et de signalement des virus associés à ces cultures (Bisimwa et al., 2019 ; Balimwacha et al., 2021 ; Mangaza et al., 2021).

A l'inverse, certaines cultures comme l'ail, la papaye, l'igname et l'arachide pour lesquelles le nombre limité des virus recensés peut soit refléter soit une diversité intrinsèque faible, soit, plus probablement, un déficit de prospection virologique traduisant un biais lié à l'intensité des activités de recherches selon les cultures (Roossinck, 2010; Roossinck & García-Arenal, 2015 ; Rao et al., 2024).

Ainsi la diversité virale observée dans les principales cultures de la RDC résulte d'une interaction entre les facteurs biologiques, écologiques et anthropiques, qui influence à la fois à l'émergence, la diffusion et la détection des virus dans les systèmes agricoles (Roossinck & García-Arenal, 2015).

6.4 Importance des vecteurs dans l'épidémiologie virale

La répartition des virus selon les vecteurs met en évidence une prédominance marquée de *Bemisia tabaci* comme vecteur principal des virus recensés en RDC. Cette observation souligne le rôle central des aleurodes dans l'épidémiologie des plantes dans les agroécosystèmes tropicaux (Malumphy et al., 2017 ; Koppert, 2025). En effet, *Bemisia tabaci* est reconnu comme l'un des vecteurs les plus efficaces pour la transmission des virus, en particulier ceux appartenant aux *Geminiviridae* et *Potyviridae*, dont plusieurs affectent des cultures majeures du pays telles que le manioc, la tomate ou encore des légumineuses (Kumar et al., 2021 ; Casinga et al., 2022; Koppert, 2025).

La dominance de ce vecteur dans le système agricole de la RDC peut être expliquée par plusieurs facteurs écologiques et agronomiques (Buyckx, 1962). Tout d'abord les conditions climatiques tropicales caractérisée par des températures relativement élevées et une humidité favorable au développement et à la reproduction (Malumphy et al., 2017 ; Koppert, 2025) ; Mais aussi une forte densité des cultures hôtes sensibles, notamment le manioc et la banane ce qui crée un environnement propice pour la multiplication du vecteurs (Casinga et al., 2022).

Ces observations soulignent que la dynamique épidémiologique des virus des plantes en RDC est étroitement liée à l'écologie des vecteurs. Par conséquent, les stratégies de gestion phytosanitaire devraient intégrer des mesures visant à réduire les populations des vecteurs, leurs surveillances et l'utilisation des variétés résistantes (Buyckx, 1962).

6.5 Mode transmission

L'analyse des modes de transmission des virus des plantes recensés en république Démocratique du Congo met en évidence une dominance claire de la transmission végétative, qui concerne 48,6% des virus. Ce résultat reflète l'importance des système de multiplication végétative dans les agroécosystèmes tropicaux (Roger, 2015; Murhububa et al., 2021 ; Bulonza et al., 2024, 2024).

En effet, de nombreuses cultures majeures cultivées en RDC, notamment le manioc, la patate douce, le bananier ou encore la pomme de terre, sont propagées par boutures, greffon ou plants issus de multiplication végétative (Bisimwa et al., 2015 ; Zeyimo et al., 2019; Murhububa et al., 2021). Dans ce conditions, tout matériel végétal infecté constitue un vecteur direct de transmission du virus vers la génération suivante. Ce mécanisme favorise ainsi la persistance et l'accumulation des infections virales au fil des cycles cultureux, particulièrement en l'absence de systèmes efficaces de production de matériel végétal certifié (Grumelec, s. d.; FAO, 2005 ; PNSA, 2010).

La transmission mécanique représente le deuxième mode de transmission le plus le plus fréquent, avec 31% des virus recensés. Ce mode de transmission peut se produire lors du contact direct entre tissus végétaux, mais également par l'intermédiaire d'outils agricole contaminés ou de manipulations culturelles telles que la taille, la transplantation ou la récolte (Geering & Randles, 2012; Glenn Laney, 2025). La fréquence relativement élevée de ce mode de transmission suggère que les pratiques culturelles jouent un rôle non négligeable dans la propagation des virus, notamment dans les systèmes agricoles où les mesures d'hygiène phytosanitaire sont limitées (Casinga et al., 2021).

La transmission par les semences (17 %) ou encore les autres modes, incluant la transmission par le pollen, le sol ou la présence de plantes infectées dans l'environnement (5,6 %), constitue un mécanisme important pour la dispersion à longue distance des virus. Ce mode de transmission est particulièrement préoccupant dans les contextes où les semences circulent largement entre agriculteurs ou entre régions, sans contrôle phytosanitaire systématique (Geering & Randles, 2012).

Enfin, pour 4,2 % des virus recensés, aucune information sur le mode de transmission n'a été identifiée dans la littérature scientifique. Cette absence de données met en évidence des lacunes importantes dans la connaissance de la biologie et de l'épidémiologie de certains virus des

plantes présents en RDC, ce qui souligne la nécessité de renforcer les travaux de recherche et de caractérisation virologique dans la région (Buyckx, 1962; FAO, 2026; Mulimbi et al., 2023).

Dans l'ensemble, ces résultats indiquent que la propagation des virus des plantes en RDC est fortement influencée par une combinaison des facteurs anthropiques, incluant les modes de propagation des cultures, les pratiques agricoles et la présence des vecteurs biologique efficaces. Ils mettent également en évidence l'importance de développer des stratégies de gestion intégrée des maladies virales, reposant notamment sur la production et la diffusion de matériel végétal sain, la mise en œuvre de pratiques culturelles hygiéniques et le contrôle des populations des vecteurs.

6.6 Apport et limites de la plateforme web développée

Le développement de la plateforme web constitue un prolongement direct des résultats obtenus dans cette étude. En effet, la structuration des données relatives aux virus des plantes en République Démocratique du Congo a permis leur intégration dans un outil numérique facilitant leur consultation et leur diffusion (Siddell et al., 2023; Peters et al., 2024; LitvinUlad et al., 2025).

Contrairement aux bases de données internationales, souvent généralistes et peu contextualisées, la plateforme développée dans ce travail se distingue par son orientation régionale d'Afrique centrale en général et plus particulièrement en République Démocratique du Congo. Elle offre ainsi un accès simplifié à des informations pertinentes pour les chercheurs, les étudiants et les acteurs du secteur agricole (Fletcher et al., 2009).

L'intégration de la double nomenclature (ancienne et nouvelle classification ICTV) constitue également un apport majeur, en facilitant la transition entre les systèmes de classification et en améliorant la compréhension des évolutions taxonomiques (Fletcher et al., 2009; Wu et al., 2022).

Par ailleurs, le caractère multilingue de la plateforme (anglais, français et swahili) renforce son accessibilité et son potentiel d'utilisation dans des contextes variés, notamment dans des zones où l'accès à l'information scientifique est limité (Cordingley, 2019).

Toutefois, certaines limites doivent être soulignées. La plateforme repose sur les données actuellement disponibles, qui peuvent être incomplètes ou évoluer avec les avancées de la recherche (Brunt et al., 1996). De plus, l'absence de mise à jour automatique constitue une contrainte pour la pérennité de l'outil (Fletcher et al., 2009; Kitajima, 2020; Phadke et al., 2021).

Dans une perspective, l'intégration de fonctionnalités supplémentaires, telles que des outils d'aide au diagnostic ou des systèmes de mise à jour dynamique, pourrait renforcer l'impact de cet outil dans la gestion des maladies virales des plantes (Brunt et al., 1996; Buyckx, 1962).

6.7 Virus phytopathogènes signalés dans les pays voisins et implications pour la RDC

L'analyse régionale des 45 virus phytopathogènes présents dans les pays voisins de la République Démocratique du Congo a mis en évidence une forte diversité virale en Afrique centrale et orientale. La prédominance des familles *Solemoviridae*, *Potyviridae* et *Geminiviridae*, qui sont parmi les familles virales les plus répandue en systèmes agricoles tropicaux ce qui confirme l'importance agronomique et épidémiologique de ces groupes viraux

(Casinga et al., 2022; Tatineni & Hein, 2023). Ces familles regroupent plusieurs virus majeurs responsables de pertes importantes sur des cultures stratégiques telles que la patate douce, la tomate, les cucurbitacées, le poivron, les légumineuses et les céréales, cultures largement cultivées en RDC (CABI & EPPO, 2003; Legg & Fauquet, 2004; Worrall et al., 2015). Le fait que ces cultures soient également largement cultivées en RDC augmente le risque d'établissement et de dissémination de ces agents pathogènes sur le territoire national.

La forte représentation des virus transmis par *Bemisia tabaci*, *Myzus persicae* et *Aphis gossypii* souligne le rôle central des insectes vecteurs dans la circulation régionale des agents phytopathogènes (Malumphy et al., 2017; Waweru et al., 2020). Ces vecteurs sont largement distribués en Afrique subsaharienne et sont favorisés par les conditions climatiques tropicales ainsi que par l'intensification des systèmes de culture (Kumar et al., 2021; Rabo et al., 2024). La présence de plusieurs virus associés aux mêmes vecteurs suggère une circulation transfrontalière active des virus phytopathogènes entre les pays voisins et la RDC.

Les résultats mettent également en évidence l'importance des échanges de matériel végétal infecté dans la dissémination des virus. Plusieurs agents pathogènes recensés sont transmis par boutures, semences, plants infectés ou greffage, notamment chez la patate douce, la pomme de terre et les cucurbitacées (Chiunga & Valkonen, 2013; Okonya et al., 2019; Zinga et al., 2016). Dans le contexte agricole de la RDC, où les échanges informels de semences et de matériel végétatif entre agriculteurs restent fréquents, ces pratiques pourraient favoriser l'introduction et l'établissement de nouveaux virus phytopathogènes sur le territoire national (FAO, 2013; Ministère de l'environnement, 2014).

La présence de certains virus dans plusieurs pays voisins sans signalement officiel en RDC pourrait refléter soit une absence réelle, soit des insuffisances de surveillance phytosanitaire et de capacités diagnostiques. Cette situation souligne l'importance de mettre en place un système renforcé de surveillance et de suivi phytosanitaire en RDC, intégrant des prospections régulières, des capacités de diagnostic modernes, une veille taxonomique continue et une meilleure coordination régionale des données phytosanitaires et les systèmes de contrôle phytosanitaire aux frontières. Une meilleure connaissance de la diversité virale régionale constitue ainsi un outil essentiel pour anticiper les risques d'émergence et améliorer la gestion des maladies virales des plantes en République Démocratique du Congo.

CONCLUSION GENERALE

La présente, avec comme objectif de contribuer à une meilleure connaissance et surveillance des maladies virales des plantes en République Démocratique du Congo à travers le développement d'une base de données centralisée, normalisée et exploitable des virus phytopathogènes rapportés dans le pays, reliant l'ancienne nomenclature aux standards taxonomiques actuels définis par l'ICTV a permis de mettre en évidence l'importance des virus phytopathogènes en RDC, où ils présentent une contrainte majeure à la productivité agricole et à la sécurité alimentaire. À travers une démarche de recensement, de compilation d'analyse et de structuration des données disponibles, ce travail a permis de recenser 71 virus et viroïdes, dont 70 validés selon la nomenclature actuelle de l'ICTV, affectant un éventail des cultures d'intérêt agronomique.

Les résultats obtenus révèlent une forte diversité virale, associée à une grande variabilité des plantes hôtes et des symptômes observés. Parmi les cultures étudiées, le manioc apparaît comme particulièrement affecté, ce qui souligne son importance dans les dynamiques épidémiologiques et les enjeux agricoles du pays. Cette vulnérabilité est d'autant plus préoccupante que cette culture constitue une source alimentaire essentielle pour une plus grande partie de la population de la RDC.

Le travail met également en évidence le rôle central des vecteurs dans la dissémination des virus, avec une prédominance marquée de *Bemisia tabaci*, identifié comme vecteur majeur impliqué dans la transmission de nombreux virus d'importance économique. En parallèle, la transmission des nombreux virus par voie végétative, notamment l'utilisation des boutures ou matériel de plantation infecté, constitue un facteur clé de la propagation et de maintien des infections virales dans les systèmes de production, rendant leur gestion particulièrement complexe.

Un apport important de ce travail réside dans l'harmonisation des données virologiques, notamment à travers l'intégration de la nomenclature actualisée de l'ICTV, permettant de lever les ambiguïtés liées aux anciennes classifications et renforce la fiabilité et l'exploitabilité des données compilées. Dans cette optique, le développement d'une plateforme web « MLINZI » constitue une contribution innovante, en proposant un outil numérique interactif dédié à la centralisation, à la visualisation et à la diffusion des connaissances en virologies végétale.

De plus l'analyse des virus phytopathogènes recensés dans les pays voisins de la RDC met en évidence une forte diversité virale dominée par les familles *Solemoviridae*, *Potyviridae* et *Geminiviridae*. La présence de vecteurs communs tels que *Bemisia tabaci*, *Myzus persicae* et *Aphis gossypii*, associée aux échanges transfrontaliers de matériel végétal et aux similitudes agroécologiques régionales, favorise la circulation et le risque d'introduction de nouveaux virus phytopathogènes en RDC. Ces résultats soulignent l'importance de renforcer la surveillance phytosanitaire et les capacités diagnostiques dans le pays.

Toutefois, certaines limites ont été identifiées, notamment la présence de données non géoréférencées ainsi que l'utilisation d'anciennes divisions administratives, ce qui restreint la précision de l'analyse spatiale de la distribution des virus. Ces contraintes mettent en évidence la nécessité d'améliorer la qualité, la précision et la standardisation des données, en particulier en ce qui concerne les informations géographiques. De plus, pour certains virus, la confirmation

repose uniquement sur des observations symptomatiques, faute de validation moléculaire, ce qui souligne la nécessité de compléter les données existantes par des analyses expérimentales et moléculaires pour renforcer la fiabilité des informations.

En perspective ;

Au regard des résultats obtenus et des limites identifiées, plusieurs perspectives de recherche et de développement se dégagent. Tout d'abord, l'enrichissement continu de la base de données MLINZI apparaît essentiel, notamment par l'intégration de nouvelles données issues des travaux récents, ainsi que par l'actualisation régulière de la nomenclature virale en fonction des évolutions de l'ICTV.

Par ailleurs, l'intégration de données géospatiales précises constitue une priorité afin d'améliorer la cartographie et la compréhension de la distribution des virus à l'échelle du territoire. Cela pourrait inclure l'utilisation d'outils de géolocalisation et de système d'information géographique (SIG), permettant une meilleure analyse des dynamiques épidémiologiques.

Des perspectives expérimentales pourraient également être envisagées, notamment à travers la caractérisation moléculaire des virus recensés, l'étude de leurs interactions avec les plantes hôtes, ainsi que l'analyse du rôle des vecteurs dans différents contextes agroécologiques. Le développement d'approches bio-informatiques, incluant l'analyse des génomes viraux, représenterait également un axe promoteur.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Adams, M. J. (2006). DPVweb : A comprehensive database of plant and fungal virus genes and genomes. *Nucleic Acids Research*, 34(90001), D382-D385. <https://doi.org/10.1093/nar/gkj023>
- Adams, M. J., Hendrickson, R. C., Dempsey, D. M., & Lefkowitz, E. J. (2015). Tracking the changes in virus taxonomy. *Archives of Virology*, 160(5), 1375-1383. <https://doi.org/10.1007/s00705-015-2376-4>
- Adams, M. J., Lefkowitz, E. J., King, A. M. Q., Harrach, B., Harrison, R. L., Knowles, N. J., Kropinski, A. M., Krupovic, M., Kuhn, J. H., Mushegian, A. R., Nibert, M. L., Sabanadzovic, S., Sanfaçon, H., Siddell, S. G., Simmonds, P., Varsani, A., Zerbini, F. M., Orton, R. J., Smith, D. B., ... Davison, A. J. (2017). 50 years of the International Committee on Taxonomy of Viruses : Progress and prospects. *Archives of Virology*, 162(5), 1441-1446. <https://doi.org/10.1007/s00705-016-3215-y>
- Adejumobi, I. I., Agre, P. A., Onautshu, D. O., Adheka, J. G., Cipriano, I. M., Monzenga, J.-C. L., & Komoy, J. L. (2022). Assessment of the Yam Landraces (*Dioscorea* spp.) of DR Congo for Reactions to Pathological Diseases, Yield Potential, and Tuber Quality Characteristics. *Agriculture*, 12(5), 599. <https://doi.org/10.3390/agriculture12050599>
- Adjei, E. A., Esuma, W., Alicai, T., Chamba, E. B., Edema, R., Dramadri, I. O., Ozimati, A. A., Agaba, R., & Odong, T. L. (2022). Genotype-by-Environment Interaction of Yam (*Dioscorea* species) for Yam Mosaic Virus Resistance, Dry Matter Content and Yield in Uganda. *Agronomy*, 12(9), 1984. <https://doi.org/10.3390/agronomy12091984>
- Agadakani, C. M. (2018). *Dynamique des populations des principales espèces de cochenilles d'agrumes (Citrus sp.) dans la ville de Kikwit, Province du Kwilu, République Démocratique du Congo* [Mémoire de fin d'étude]. Université de Kikwiti.
- Alabi, O. J., Kumar, P. L., & Naidu, R. A. (2008). Multiplex PCR for the detection of African cassava mosaic virus and East African cassava mosaic Cameroon virus in cassava. *Journal of Virological Methods*, 154(1-2), 111-120. <https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2008.08.008>
- Alegria, O. M., Royer, M., Bousalem, M., Chatenet, M., Peterschmitt, M., Girard, J.-C., & Rott, P. (2003). Genetic diversity in the coat protein coding region of eighty-six sugarcane mosaic virus isolates from eight countries, particularly from Cameroon and Congo. *Archives of Virology*, 148(2), 357-372. <https://doi.org/10.1007/s00705-002-0916-1>
- Allado, S. S., Adjata, K. D., Pita, J. S., Atass, K., Dansou-Kodjo, A., & Mivedor, T. (2024). East African Cassava Mosaic Virus and East African Cassava Mosaic Cameroon Virus : Two Species Emerging in Togo. *Agricultural Sciences*, 15(8), 864-876. <https://doi.org/10.4236/as.2024.158048>
- Almási, A., Harsányi, A., & Gáborjányi, R. (2001). Photosynthetic Alterations of Virus Infected Plants. *Acta Phytopathologica et Entomologica Hungarica*, 36(1-2), 15-29. <https://doi.org/10.1556/APhyt.36.2001.1-2.3>
- Amayo, R., Arinaitwe, A. B., Mukasa, S. B., Tusiime, G., Kyamanywa, S., Rubaihayo, P. R., & Edema, R. (2012). Prevalence of viruses infecting cowpea in Uganda and their molecular detection. *African Journal of Biotechnology*, 11(77), 14132-14139. <https://doi.org/10.5897/AJB11.398>
- ANAPI. (s. d.). *Potentialités – ANAPI*. Consulté 22 octobre 2025, à l'adresse <https://anapi.cd/potentialites>

- Aranda, M. A., & Gibbs, A. J. (2022). A new section on description of plant viruses, same spirit, new looks. *Association of Applied Biologist*, 310-311. <https://doi.org/10.1111/aab.12753>
- Arinaitwe, W., Ochwo-Ssemakula, M., Mbewe, W. K., Sseruwagi, P., Kyamanywa, S., Erbaugh, M., Miller, S., & Qu, F. (2018). Molecular characteristics of tomato mosaic virus infecting tomato in Uganda. *African Crop Science Journal*, 26(3), 433-445. <https://doi.org/10.4314/acsj.v26i3.8>
- Arocha, Y., Almeida, R., Vigheri, N., Betts, P., Monger, W. A., Harju, V., Mumford, R. A., Bekele, B., Tadesse, D., & Jones, P. (2008). *UNVEILING THE AETIOLOGY OF PAPAYA DISEASES IN CUBA, DEMOCRATIC REPUBLIC OF CONGO (DRC) AND ETHIOPIA*. 23(1).
- Asiimwe, T., Stewart, L. R., Willie, K., Massawe, D. P., Kamatenesi, J., & Redinbaugh, M. G. (2019). *Maize lethal necrosis viruses and other maize viruses in Rwanda*. 69(68), 585-597. <https://doi.org/https://doi.org/10.1111/ppa.13134>
- Bakelana, Z., Laura, M. B., Mahungu, N., Mavila, N., Matondo, M., Nlandu, N., Lunfuankenda, M., Tevo, N., Monde, G., Pita, J., Lema, K. M., & Kanana, T. (2019). *First report and preliminary evaluation of cassava root necrosis in Angola*. <https://doi.org/10.35410/ijaeb.2019.3746>
- Bakelana, Z., Legg, J., Lema, K. M., Hauser, S., & Mahungu, N. (2010). *Les facteurs determinant l'abondance du vecteur mouche blanche (Bemisia tabaci, Homoptera : Aleyrodidae) et les types des virus distribues sur le manioc en R.D. Congo*.
- Balimwacha, M. E., Kambale, M. M., & Katembo, V. P. (2021). Constraints to banana (*Musa* spp) production in Beni territory of North-Kivu, Democratic Republic of Congo. *African Journal of Agricultural Research*, 17(5), 697-704. <https://doi.org/10.5897/AJAR2021.15453>
- Barhahakana, C., Kituta, R., Mutuga, B., Rukoza, B., Bajope, B., & Masamba, W. (2014). Evaluation of the current situation of Black Aphids (*Aphis fabae*) Bean in the region Bugorhe, rural are, West cost of lake Kivu, South Kivu, Democratic Republic of Congo. *International Journal of Innovation and Applied Studies*, 7(1), 366-375. <http://www.ijias.issr-journals.org/abstract.php?article=IJIAS-14-177-09>
- Bisimwa, E. B., Birindwa, D. R., Yomeni, M. O., Rudahaba, N., Byamungu, K., & Bragard, C. (2019). Multiple Cassava Viruses' Co-Infections and Resurgence of Pests Are Leading to Severe Symptoms and Yield Losses on Cassava in the South-Kivu Region, Democratic Republic of Congo. *American Journal of Plant Sciences*, 10(11), Article 11. <https://doi.org/10.4236/ajps.2019.1011138>
- Bisimwa, E., Walangululu, J., & Bragard, C. (2012). Occurrence and Distribution of Cassava Mosaic Begomovirus Related to Agro-ecosystems in the Sud-kivu Province, Democratic Republic of Congo. *Asian Journal of Plant Pathology*, 6(1), 1-12. <https://doi.org/10.17311/ajppaj.2012.1.12>
- Bisimwa, E., Walangululu, J., & Bragard, C. (2015). *Cassava Mosaic Disease Yield Loss Assessment under Various Altitude Agro ecosystems in the Sud Kivu Region, Democratic Republic of Congo*.
- Blomme, G., Ocimati, W., Amato, S., Felde, A. zum, Kamira, M., Bumba, M., Bahati, L., Amini, D., & Ntamwira, J. (2020). Banana pest risk assessment along banana trade axes running from low to high altitude sites, in the Eastern DR Congo and in Burundi. *African*

- Journal of Agricultural Research*, 16(9), 1253-1269.
<https://doi.org/10.5897/AJAR2020.15023>
- Bragard, C., Dehnen-Schmutz, K., Gonthier, P., Jacques, M., Jaques Miret, J. A., Justesen, A. F., MacLeod, A., Magnusson, C. S., Milonas, P., Navas-Cortes, J. A., Parnell, S., Potting, R., Reignault, P. L., Thulke, H., Van der Werf, W., Vicent Civera, A., Yuen, J., Zappalà, L., Candresse, T., ... Rubino, L. (2020). Pest categorisation of non-EU viruses of *Rubus* L. *EFSA Journal*, 18(1), e05928. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2020.5928>
- Brunt, A., Crabtree, K., Dallwitz, M., Gibbs, A., & Watson, L. (1996). *Viruses of plants :descriptions and lists from the VIDE database*. <https://www.semanticscholar.org/paper/Viruses-of-plants-%3Adescriptions-and-lists-from-the-Brunt-Crabtree/491af63a06b3ea4be85ae90aafa3e927eedd911b>
- Bulonza, J. C., Yasenge, S., Empata, L., Likiti, O., Muhindo, H., Dowiya, B., & Monde, G. (2024). Evolution des parametres epidemiques associes a la mosaïque Africaine du manioc au Sud-Kivu en Republique Democratique du Congo : Evolution of epidemic parameters associated with the African cassava mosaic disease in South Kivu, Democratic Republic Of Congo. *Agronomie Africaine*, 35(3), 441-451. <https://www.ajol.info/index.php/aga/article/view/274690>
- Bulonza, J.-C., Ugencan, P., Muvirirwa, R., Empata, L., Bakelana, T., Muhindo, H., Dowiya, B., & Monde, G. (2024). Incidence moleculaire et distribution des virus associes a la Mosaïque Africaine du Manioc au Sud-Kivu en Republique Democratique du Congo. *African Crop Science Journal*, 32(3), Article 3. <https://doi.org/10.4314/acsj.v32i3.1>
- Buyckx, E. J. E. (1962). *Précis des maladies et insectes nuisibles rencontrés sur les plantes cultivées au congo, au Rwanda et au Burundi*.
- CABI & EPPO. (2003). Sweet potato feathery mottle virus. [Distribution map]. *Distribution Maps of Plant Diseases*. <https://doi.org/10.1079/DMPD/20066500892>
- CABI, & EPPO. (2018). *Tomato spotted wilt orthotospovirus*. [Distribution map]. *Distribution Maps of Plant Diseases*. <https://www.cabidigitallibrary.org/doi/10.1079/DMPD/20183337989>
- Cabrera Mederos, D., Jaramillo Zapata, M., Villarreal Filipovich, J., Nome, C., Torres, C., Portal, O., & Giolitti, F. (2018). Cucumber mosaic virus infecting ‘Cavendish’ banana in Argentina. *Australasian Plant Disease Notes*, 13(1), 36. <https://doi.org/10.1007/s13314-018-0322-5>
- Carey, E. E., Gibson, R. W., Fuentes, S., Machmud, M., Mwanga, R. O. M., Turyamureeba, G., Zhang, L., Ma, D., EL-Abbas, F. A., EL-Bedewy, R., & Salazar, L. F. (1998). *The Causes and Control of Virus Diseases of Sweetpotato in Developing Countries : Is Sweetpotato Virus Disease the Main Problem?* 241-248.
- Casinga, C. M., Monde, G., Shirima, R. R., & Legg, J. P. (2019). First Report of Mixed Infection of Cassava Brown Streak Virus and Ugandan Cassava Brown Streak Virus on Cassava in North-eastern Democratic Republic of Congo. *Plant Disease*, 103(1), 166. <https://doi.org/10.1094/PDIS-05-18-0836-PDN>
- Casinga, C. M., Shirima, R. R., Kangelana, A., Wosula, E. N., Bashizi, B., Ugentho, H. U., Nabahungu, L. N., Monde, G., Bamba, Z., Kumar, P. L., & Legg, J. P. (2025). Effects of Cassava Brown Streak Disease and Harvest Time on Two Cassava Mosaic Disease-Resistant Varieties in Eastern Democratic Republic of the Congo. *Agronomy*, 15(12), 2891. <https://doi.org/10.3390/agronomy15122891>

- Casinga, C. M., Shirima, R. R., Mahungu, N. M., Tata-Hangy, W., Bashizi, K. B., Munyerenkana, C. M., Ughento, H., Enene, J., Sikirou, M., Dhed'a, B., Monde, G., Kumar, P. L., & Legg, J. P. (2021). Expansion of the Cassava Brown Streak Disease Epidemic in Eastern Democratic Republic of Congo. *Plant Disease*, 105(8), 2177-2188. <https://doi.org/10.1094/PDIS-05-20-1135-RE>
- Casinga, C. M., Wosula, E. N., Sikirou, M., Shirima, R. R., Munyerenkana, C. M., Nabahungu, L. N., Bashizi, B. K., Ugentho, H., Monde, G., & Legg, J. P. (2022). Diversity and Distribution of Whiteflies Colonizing Cassava in Eastern Democratic Republic of Congo. *Insects*, 13(9), Article 9. <https://doi.org/10.3390/insects13090849>
- Cassedy, A., Parle-McDermott, A., & O'Kennedy, R. (s. d.). Virus Detection : A Review of the Current and Emerging Molecular and Immunological Methods. *Front. Mol. Biosci.*, 8, 21. <https://doi.org/https://doi.org/10.3389/fmolb.2021.637559>
- Centre de Crise. (s. d.). *Maladies des plantes agricoles & pestes—Centre de Crise*. Consulté 14 avril 2026, à l'adresse <https://centredecrise.be/fr/risques-en-belgique/risques-sanitaires/maladies-des-plantes-agricoles-pestes>
- Chardès, B. (2018). *Édition du génome par l'outil CRISPR/Cas, nouvel horizon de la thérapie génique*.
- Chiunga, E., & Valkonen, J. P. T. (2013). First Report of Five Viruses Infecting Potatoes in Tanzania. *Plant Disease*, 97(9), 1260-1260. <https://doi.org/10.1094/PDIS-02-13-0143-PDN>
- Cordingley, J. (2019, octobre 24). *An Introduction To Plant Viruses—Cropnuts*. <https://cropnuts.com/an-introduction-to-plant-viruses/>
- Datta, S., Budhauhiya, R., Das, B., Chatterjee, S., Vanlalhmuka, & Veer, V. (2015). Next-generation sequencing in clinical virology : Discovery of new viruses. *World Journal of Virology*, 4(3), 265-276. <https://doi.org/10.5501/wjv.v4.i3.265>
- Decroës, A., Mahillon, M., Genard, M., Lienard, C., Lima-Mendez, G., Gilmer, D., Bragard, C., & Legrève, A. (2022). Rhizomania : Hide and Seek of Polymyxa betae and the Beet Necrotic Yellow Vein Virus with Beta vulgaris. *Molecular Plant-Microbe Interactions*. (world). <https://doi.org/10.1094/MPMI-03-22-0063-R>
- Desbiez, C., Caciagli, P., Wipf-Scheibel, C., Millot, P., Ruiz, L., Marian, D., Dafalla, G., & Lecoq, H. (2019). Evidence for long-term prevalence of cucumber vein yellowing virus in Sudan and genetic variation of the virus in Sudan and the Mediterranean Basin. *Plant Pathology*, 68(7), 1268-1275. <https://doi.org/10.1111/ppa.13055>
- DPV. (s. d.). *DPV - Database of Plant Viruses*. Consulté 19 septembre 2025, à l'adresse <https://dpvweb.net/>
- Dutta, P., Kumari, A., Mahanta, M., Biswas, K. K., Dudkiewicz, A., Thakuria, D., Abdelrhim, A. S., Singh, S. B., Muthukrishnan, G., Sabarinathan, K. G., Mandal, M. K., & Mazumdar, N. (2022). Advances in Nanotechnology as a Potential Alternative for Plant Viral Disease Management. *Frontiers in Microbiology*, 13. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.935193>
- E. Isabirye, B., Association for Strengthening Agricultural Research in Eastern and Central Africa (ASARECA), Entebbe, Uganda., Rwomushana, I., & African Insect Science for Food and Health (ICIPE), Nairobi, Kenya. (2016). Current and future potential distribution of maize chlorotic mottle virus and risk of maize lethal necrosis disease in

- Africa. *Journal of Crop Protection*, 5(2), 215-228. <https://doi.org/10.18869/modares.jcp.5.2.215>
- Emeraghi, M., Achigan-Dako, E. G., Nwaoguala, C. N. C., & Oselebe, H. (2021). Maize streak virus research in Africa : An end or a crossroad. *Theoretical and Applied Genetics*, 134(12), 3785-3803. <https://doi.org/10.1007/s00122-021-03914-y>
- EPPO. (2026). *EPPO Global Database*. EPPO Global Database. <https://gd.eppo.int/>
- FAO. (2005). *Profil de Pays – République démocratique du Congo* (AQUASTAT). Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture. <https://openknowledge.fao.org/server/api/core/bitstreams/8f6607aa-a17f-4aa3-8be1-029f691c795e/content>
- FAO. (2013). *Gérer les maladies virales du manioc en afrique L'initiative régionale. Le pour Le manioc Burundi | Gabon | Ouganda | République Centrafricaine | République Démocratique du Congo | Rwanda | Tanzanie*. https://www.fao.org/fileadmin/user_upload/emergencies/docs/RCI%20Cassava%20brochure_FR_FINAL.pdf
- FAO. (2026). *Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture : Le pays en un coup d'œil | FAO en République démocratique du Congo | Food and Agriculture Organization of the United Nations*. FAO en République démocratique du Congo | Food and Agriculture Organization of the United Nations. <https://www.fao.org/republique-democratique-congo/fao-en-republique-democratique-du-congo/le-pays-en-un-coup-doeil/en/>
- Fiallo-Olivé, E., Hamed, A. A., Moriones, E., & Navas-Castillo, J. (2011). First Report of Tomato chlorosis virus Infecting Tomato in Sudan. *Plant Disease*, 95(12), 1592-1592. <https://doi.org/10.1094/PDIS-08-11-0631>
- Fidan, H., & Koç, G. (2019). Occurrence, ecology and phylogeny of banana streak badnavirus (BSV) and cucumber mosaic cucumovirus (CMV) in Musa sp. Production areas of the mediterranean coastline of turkey. *Applied Ecology and Environmental Research*, 17(3). https://doi.org/10.15666/aeer/1703_59355951
- Fletcher, J. D., Lister, R. A., Clover, G. R. G., Horner, M. B., Thomas, J. E., Vlugt, R. A. A. van der, & MacDiarmid, R. M. (2009). Development of a New Zealand database of plant virus and virus-like organisms. *Australasian Plant Pathology*, 38(6), 571-575. <https://doi.org/10.1071/AP09041>
- Gao, M., & Lozano-Durán, R. (2025). Symptom Development in Plant Viral Diseases : What, How, and Why? *Annual Review of Phytopathology*, 63(Volume 63, 2025), 431-450. <https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-121323-021434>
- García-Ordóñez, L., & Pagán, I. (2024). Vertical and horizontal transmission of plant viruses : Two extremes of a continuum ? | npj Viruses. *Npj Viruses* ., 2(1), 18. <https://doi.org/doi:%2010.1038/s44298-024-00030-8>.
- Gayrard, M. (2022). *Virus phytopathogènes et Protection intégrée des cultures | Ecophytopic*. Ecophytopic. <https://ecophytopic.fr/pic/pour-aller-plus-loin/virus-phytopathogenes-et-protection-integree-des-cultures>
- Geerinck, D. J. L., & Sosef, M. S. M. (2016). *Flore d'Afrique centrale*. <https://www.tela-botanica.org/2017/01/article7822/>
- Geering, A., & Randles, J. (2012). *Virus Diseases of Tropical Crops*. <https://doi.org/10.1002/9780470015902.a0000767.pub2>

- Gergerich, R. C., & Dolja, V. V. (2006). Introduction to Plant Viruses, the Invisible Foe. *Introduction to Plant Viruses, the Invisible Foe*. <https://doi.org/DOI:%2010.1094/PHI-I-2006-0414-01>
- Glenn Laney, A. (2025). *Plant Virology for a Non-Virologist*. The American Phytopathological Society (APS). Plant Virology for a Non-Virologist. <https://doi.org/10.1094/PHI-L-2024-02-0003>
- Grumelec, S. L. (2019). *Gestion des virus sur plants de pomme de terre en Agriculture Biologique* (p. 30). Ecole Supérieure d'Agricultures.
- Hamed, A. A., & Makkouk, K. M. (2002). Occurrence and management of Chickpea chlorotic dwarf virus in chickpea fields in northern Sudan. *Phytopathologia Mediterranea*, 41(3), 193-198. <https://www.jstor.org/stable/26456627>
- He, S., & Krainer, K. M. C. (2020). Pandemics of People and Plants : Which Is the Greater Threat to Food Security? *Molecular Plant*, 13(7), 933. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2020.06.007>
- Hubert, J. G., Pinel Galzi, A., Dibwe, D., Cinyabuguma, E., Kaboré, A., Fargette, D., Silué, D., Hébrard, E., & Séré, Y. (2013). *First report of Rice yellow mottle virus on rice in the Democratic Republic of Congo*. <https://doi.org/10.1094/pdis-06-13-0650-pdn>
- Hull, R., & Rima, B. (2020). Virus taxonomy and classification : Naming of virus species. *Archives of Virology*, 165(11), 2733-2736. <https://doi.org/10.1007/s00705-020-04748-7>
- Hulo, C., De Castro, E., Masson, P., Bougueleret, L., Bairoch, A., Xenarios, I., & Le Mercier, P. (2011). ViralZone : A knowledge resource to understand virus diversity. *Nucleic Acids Research*, 39(suppl_1), D576-D582. <https://doi.org/10.1093/nar/gkq901>
- ICTV. (s. d.). Consulté 19 septembre 2025, à l'adresse https://ictv.global/sites/default/files/web-files/Binomial_Nomenclature/Requiring_Bionomial_Names.pdf
- Idris, A. M., & Brown, J. K. (2002). Molecular Analysis of Cotton Leaf Curl Virus-Sudan Reveals an Evolutionary History of Recombination. *Virus Genes*, 24(3), 249-256. <https://doi.org/10.1023/A:1015380600089>
- IPPC. (s. d.). International Plant Protection Convention. Consulté 15 avril 2026, à l'adresse <https://www.ippc.int/en/>
- Jalloh, A., Roy-Macauley, H., & Sereme, P. (2012). Major agro-ecosystems of West and Central Africa : Brief description, species richness, management, environmental limitations and concerns. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 157, 5-16. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2011.11.019>
- Jiang, T., & Zhou, T. (2023). Unraveling the Mechanisms of Virus-Induced Symptom Development in Plants. *Plants*, 12(15), 2830. <https://doi.org/10.3390/plants12152830>
- Jones, R. A. C. (2021). Global Plant Virus Disease Pandemics and Epidemics. *Plants*, 10(2), 233. <https://doi.org/10.3390/plants10020233>
- J.-Roger, B. M. (2015). A cassava mosaic disease epidemiologic factors analysis in the Bas-Congo (DR Congo) zone of savannah. case study : "Secteur de Boko". *International Journal of Biological Research*, 3(1), 56-63. <https://doi.org/10.14419/ijbr.v3i1.4069>
- Kabemba, N. K., Gikug, J. M., & Otono, F. B. (2017). Incidence et sévérité de la mosaïque africaine du manioc dans les champs et les jardins de case à Kinshasa (République Démocratique du Congo). *TROPICULTURA*, 35(3), 173-179. <https://doi.org/10.25518/2295-8010.1246>

- Kapooria, R. G., & Ndunguru, J. (2004). Occurrence of viruses in irrigated wheat in Zambia. *EPPO Bulletin*, 34(3), 413-419. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2338.2004.00771.x>
- Karume, K., Mondo, J. M., Chuma, G. B., Ibanda, A., Bagula, E. M., Aleke, A. L., Ndjadi, S., Ndusha, B., Ciza, P. A., Cizungu, N. C., Muhindo, D., Egeru, A., Nakayiwa, F. M., Majaliwa, J.-G. M., Mushagalusa, G. N., & Ayagirwe, R. B. B. (2022). Current Practices and Prospects of Climate-Smart Agriculture in Democratic Republic of Congo : A Review. *Land*, 11(10), 1850. <https://doi.org/10.3390/land11101850>
- Kitajima, E. W. (2020). An annotated list of plant viruses and viroids described in Brazil (1926-2018). *Biota Neotropica*, 20, e20190932. <https://doi.org/https://doi.org/10.1590/1676-0611-BN-2019-0932>
- Koppert. (2025). *Tobacco whitefly—Biocontrol, Damage and Life Cycle*. <https://www.koppert.co.za/plant-pests/whitefly/tobacco-whitefly/>
- Kumar, P. L., Hanna, R., Alabi, O. J., Soko, M. M., Oben, T. T., Vangu, G. H. P., & Naidu, R. A. (2011). *Banana bunchy top virus* in sub-Saharan Africa : Investigations on virus distribution and diversity. *Virus Research, Plant Viruses and Virus Vectors: Exploiting Agricultural and Natural Ecosystems*, 159(2), 171-182. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2011.04.021>
- Kumar, V., Ahmed, M. Z., Palmer, C., McKenzie, C. L., & Osborne, L. S. (2021). *Whitefly (Bemisia tabaci) Management Program for Ornamental Plants*. Ask IFAS - Powered by EDIS. <https://edis.ifas.ufl.edu/publication/IN1171>
- Kwibuka, B. Y. (2022). *An integrated approach to survey and manage the cassava brown streak disease (CBSD) epidemics and investigating the diversity of viruses infecting cassava (Manihot esculenta)* [Thèse de doctorat]. Université de Liège - Gembloux AgroBioTech.
- Kwibuka, Y. B., Winter, S., Bisimwa, E. B., Vasudevan, K., Sanfaçon, H., Vanderschuren, H., & Massart, S. (2026a). Genomic Organization of the Newly Discovered Cassava Congo Cheravirus Reveals a Unique Maf/HAM1 Motif in the C-Terminal Region of the RNA1 Polyprotein and Suggests the Presence of Two Protein Domains Upstream of the Putative Helicase Domain. *Viruses*, 18(1), 84. <https://doi.org/10.3390/v18010084>
- Kwibuka, Y. B., Winter, S., Bisimwa, E. B., Vasudevan, K., Sanfaçon, H., Vanderschuren, H., & Massart, S. (2026b). Genomic Organization of the Newly Discovered Cassava Congo Cheravirus Reveals a Unique Maf/HAM1 Motif in the C-Terminal Region of the RNA1 Polyprotein and Suggests the Presence of Two Protein Domains Upstream of the Putative Helicase Domain. *Viruses*, 18(1), 84. <https://doi.org/10.3390/v18010084>
- Kwibuka, Y., Bisimwa, E., Blouin, A. G., Bragard, C., Candresse, T., Faure, C., Filloux, D., Lett, J.-M., Maclot, F., Marais, A., Ravelomanantsoa, S., Shakir, S., Vanderschuren, H., & Massart, S. (2021). Novel Ampeloviruses Infecting Cassava in Central Africa and the South-West Indian Ocean Islands. *Viruses*, 13(6), Article 6. <https://doi.org/10.3390/v13061030>
- Lecoq, H. (2012). *Les virus de plantes, de redoutables ennemis des cultures*. AgriRéseau / INRA, 5.
- Lefkowitz, E. J., Dempsey, D. M., Hendrickson, R. C., Orton, R. J., Siddell, S. G., & Smith, D. B. (2018). Virus taxonomy : The database of the International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV). *Nucleic Acids Research*, 46(D1), D708-D717. <https://doi.org/10.1093/nar/gkx932>

- Legg, J. P. (1999). Emergence, spread and strategies for controlling the pandemic of cassava mosaic virus disease in east and central Africa. *Crop Protection*, 18(10), 627-637. [https://doi.org/10.1016/S0261-2194\(99\)00062-9](https://doi.org/10.1016/S0261-2194(99)00062-9)
- Legg, J. P., & Fauquet, C. M. (2004). Cassava mosaic geminiviruses in Africa. *Plant Molecular Biology*, 56(4), 585-599. <https://doi.org/10.1007/s11103-004-1651-7>
- Legg, J. P., Sseruwagi, P., Boniface, S., Okao-Okuja, G., Shirima, R., Bigirimana, S., Gashaka, G., Herrmann, H.-W., Jeremiah, S., Obiero, H., Ndyetabula, I., Tata-Hangy, W., Masembe, C., & Brown, J. K. (2014). Spatio-temporal patterns of genetic change amongst populations of cassava Bemisia tabaci whiteflies driving virus pandemics in East and Central Africa. *Virus Research*, 186, 61-75. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2013.11.018>
- Likiti, K. O., Rosine, K. M., Guy-Roger, D. E., Jean-Claude, B. M., Tony, B. Z., Onésime, M. K., & Godefroid, M. te-Kazangba. (2024). Distribution of cassava mosaic begomoviruses in the North-Western provinces of Democratic Republic of Congo. *African Journal of Biotechnology*, 23(2), 77-83. <https://doi.org/10.5897/AJB2023.17634>
- LitvinUlada, LytrasSpyros, JackAlexander, L. R., HughesJoseph, & GroveJoe. (2025). Viro3D : A comprehensive database of virus protein structure predictions. *Molecular Systems Biology*. (London). <https://doi.org/10.1038/s44320-025-00147-9>
- Lukanda, M., Owati, A., Ogunsanya, P., Valimunzigha, K., Katsongo, K., Ndemere, H., & Kumar, P. L. (2014). First Report of Maize chlorotic mottle virus Infecting Maize in the Democratic Republic of the Congo. *Plant Disease*, 98(10), 1448-1448. <https://doi.org/10.1094/PDIS-05-14-0484-PDN>
- Madende, M., Nlandu, N., Ayingweu, L., Sodi, N. M., Mfundu, M., Mankangidila, Vinha, T., & Nkampa, B. W. (1995). *République Démocratique du Congo—Rapport de pays pour la conférence technique internationale de la FAO sur les ressources phytogénétique (Leipzig, 1996)*. <https://www.fao.org/fileadmin/templates/agphome/documents/PGR/SoW1/africa/CON GOREP.pdf>
- Majumder, S., Mbay, K., & Singh, J. (2018). First report of garlic virus D in garlic from D.R. Congo. *Journal of Plant Pathology*, 100(1), 143-143. <https://doi.org/10.1007/s42161-018-0033-y>
- Malumphy, C., Eyre, D., & Anderson, H. (2017). *Tobacco, Sweet potato or Silver leaf whitefly; Bemisia tabaci*. Defra. <https://planthealthportal.defra.gov.uk/assets/factsheets/Bemisia-tabaci-Defra-Plant-Pest-Factsheet-Feb-2017-2.pdf>
- Mamba, D. (2019). *Ippc high –level Symposium on Cooperation of the Phytosanitary Measures among the Chinese Initiative « One Belt » Countries*. https://assets.ippc.int/static/media/files/publication/en/2019/07/9._Country_Report_Democratic_Republic_of_Congo_7GrpDBx.pdf?utm_source=chatgpt.com
- Mangaza, L., Sonwa, D. J., Batsi, G., Ebuy, J., & Kahindo, J.-M. (2021). Building a framework towards climate-smart agriculture in the Yangambi landscape, Democratic Republic of Congo (DRC). *International Journal of Climate Change Strategies and Management*, 13(3), 320-338. <https://doi.org/10.1108/IJCCSM-08-2020-0084>

- Masika, F. B., Kisekka, R., Alicai, T., & Tugume, A. K. (2017). *Incidence of viruses and virus-like diseases of watermelons and pumpkins in Uganda, a hitherto none investigated pathosystem*. <https://nru.uncst.go.ug/xmlui/handle/123456789/2485>
- Mayunga, D. S., & Kapooria, R. G. (2003). Incidence and identification of virus diseases of tobacco in three provinces of Zambia. *EPPO Bulletin*, 33(2), 355-359. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2338.2003.00658.x>
- Mbanzibwa, D. r., Tugume, A. k., Chiunga, E., Mark, D., & Tairo, F. d. (2014). Small RNA deep sequencing-based detection and further evidence of DNA viruses infecting sweetpotato plants in Tanzania. *Annals of Applied Biology*, 165(3), 329-339. <https://doi.org/10.1111/aab.12136>
- Mbega, E. R., Ndakidemi, P. A., Mamiro, D. P., Mushongi, A. A., Kitenge, K. M., & Ndomba, O. A. (2016). Role of Potyviruses in Synergistic Interaction Leading to Maize Lethal Necrotic Disease on Maize. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 5(6), 85-96. <https://doi.org/10.20546/ijcmas.2016.506.011>
- Mbuyi, J. (2025). *Les Ressources Génétiques en RDC*. [prezi.com. https://prezi.com/p/ylwd0jbwhv4/les-ressources-genetiques-en-rdc/](https://prezi.com/p/ylwd0jbwhv4/les-ressources-genetiques-en-rdc/)
- McLeish, M., Peláez, A., Pagán, I., Gavilán, R., Fraile, A., & García-Arenal, F. (2024). Plant virus community structuring is shaped by habitat heterogeneity and traits for host plant resource utilisation. *New Phytologist*, 244, 1585-1596. <https://doi.org/10.1111/nph.20054>
- Mhlanga, N. M., Pate, A. E., Arinaitwe, W., Carr, J. P., & Murphy, A. M. (2024). Reduction in vertical transmission rate of bean common mosaic virus in bee-pollinated common bean plants. *Virology Journal*, 21, 147. <https://doi.org/10.1186/s12985-024-02407-w>
- MinEDD, M. de l'Environnement et du D. D. (2019). *Sixième rapport de la République Démocratique du Congo à la convention sur la diversité Biologique* (p. 428).
- Ministère de l'environnement. (2014). *Évaluation environnementale et sociale stratégique—Cadre de gestion des pestes et pesticides* (Évaluation environnementale et sociale stratégique, p. 38). Ministère de l'Environnement RDCongo. https://www.forestcarbonpartnership.org/sites/fcp/files/fcp-docs/2015/June/DRC_REDD%2B_Pest%20Management%20Framework_12%20May%202014.pdf
- Mohammed, H. S., El Siddig, M. A., El Hussein, A. A., Ibrahim, F. A., Navas-Castillo, J., & Fiallo-Olivé, E. (2017). First Report of Sweet potato leaf curl virus Infecting Sweet Potato in Sudan. *Plant Disease*, 101(5), 849. <https://doi.org/10.1094/PDIS-12-16-1705-PDN>
- Monde, G., Walangululu, J., Winter, S., & Bragard, C. (2021). Ecophylogeography of Cassava Mosaic Disease Viruses Reveals a Distribution Linked to the Agro-ecosystems of Yangambi Region in Democratic Republic of Congo. *American Journal of Agriculture and Forestry*, 9(1), 20-28. <https://doi.org/10.11648/j.ajaf.20210901.14>
- Moury, B., & Desbiez, C. (2020). Host Range Evolution of Potyviruses : A Global Phylogenetic Analysis. *Viruses*, 12(1), 111. <https://doi.org/10.3390/v12010111>
- Muengula-Manyi, M. (2014). Molecular Identification of Cassava Mosaic Begomoviruses Associated with Cassava Mosaic Disease in the DR-Congo Using Primer Pairs. *British Biotechnology Journal*, 4(5), 579-588. <https://doi.org/10.9734/BBJ/2014/8112>

- Muengula-Manyi, M., Nkongolo, K. K., Bragard, C., Tshilenge-Djim, P., Winter, S., & Kalonji-Mbuyi, A. (2012). Incidence, Severity and Gravity of Cassava Mosaic Disease in Savannah Agro-Ecological Region of DR-Congo : Analysis of Agro-Environmental Factors. *American Journal of Plant Sciences*, 03(04), 512-519. <https://doi.org/10.4236/ajps.2012.34061>
- Muhindo, H., Yasenge, S., Casinga, C., Songbo, M., Dhed'a, B., Alicai, T., Pita, J., & Monde, G. (2020). Incidence, severity and distribution of Cassava brown streak disease in northeastern Democratic Republic of Congo. *Cogent Food & Agriculture*, 6(1), 1789422. <https://doi.org/10.1080/23311932.2020.1789422>
- Mukwa, L. F. T., Gillis, A., Vanhesse, V., Romain, G., Galzi, S., Laboureaux, N., Kalonji Mbuyi, A., Iskra Caruana, M.-L., & Bragard, C. (2016). *Current status of occurrence, genetic diversity and epidemiology of banana (Musa spp.) viruses in democratic republic of Congo*. https://agris.fao.org/search/en/providers/122653/records/64745b9996fdec8b71b707e8?utm_source=chatgpt.com
- Mukwa, L. F. T., Muengula, M., Zinga, I., Kalonji, A., Iskra-Caruana, M. L., & Bragard, C. (2014). Occurrence and Distribution of Banana bunchy top virus Related Agro-Ecosystem in South Western, Democratic Republic of Congo. *American Journal of Plant Sciences*, 5(5), 647-658. <https://doi.org/10.4236/ajps.2014.55079>
- Mukwa, L., Mukendi, J., Adakate, F., Bugeme, D., Kalonji-Mbuyi, A., & Ghimire, S. (2021). First report of the South American tomato pinworm *Tuta absoluta* (Meyrick) (Lepidoptera : Gelechiidae) and its damage in the Democratic Republic of Congo. *BioInvasions Records*, 10(1), 33-44. <https://doi.org/10.3391/bir.2021.10.1.05>
- Mulenga, R. M., Miano, D. W., Al Rwahnih, M., Kaimoyo, E., Akello, J., Nzuve, F. M., Simulundu, E., Alabi, T., Chikoti, P. C., & Alabi, O. J. (2022). Survey for Virus Diversity in Common Bean (*Phaseolus vulgaris*) Fields and the Detection of a Novel Strain of Cowpea polerovirus 1 in Zambia. *Plant Disease*, 106(9), 2380-2391. <https://doi.org/10.1094/PDIS-11-21-2533-RE>
- Mulenga, R. M., Miano, D. W., Kaimoyo, E., Akello, J., Nzuve, F. M., Al Rwahnih, M., Chikoti, P. C., Chiona, M., Simulundu, E., & Alabi, O. J. (2020). First Report of Southern Bean Mosaic Virus Infecting Common Bean in Zambia. *Plant Disease*, 104(6), 1880-1880. <https://doi.org/10.1094/PDIS-11-19-2390-PDN>
- Mulimbi, W., Brye, K. R., Nalley, L. L., & Birindwa, D. R. (2023). Conservation agriculture assists smallholder farmers and their agroecosystem in the Democratic Republic of the Congo. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 355, 108597. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2023.108597>
- Mulimbi, W., Nalley, L., Dixon, B., Snell, H., & Huang, Q. (2019). Factors Influencing Adoption of Conservation Agriculture in the Democratic Republic of the Congo. *Journal of Agricultural and Applied Economics*, 51(4), 622-645. <https://doi.org/10.1017/aae.2019.25>
- Mulimbi, W., Phemba, X., Assumani, B., Kasereka, P., Muyisa, S., Ugentho, H., Reeder, R., Legg, J. P., Laurenson, L., Weekes, R., & Thom, F. E. F. (2012). First report of Ugandan cassava brown streak virus on cassava in Democratic Republic of Congo. *New Disease Reports*, 26(1), 11-11. <https://doi.org/10.5197/j.2044-0588.2012.026.011>

- Murhububa, I. S., Bragard, C., Tougeron, K., & Hance, T. (2024). Preference of *Pentalonia nigronervosa* for infected banana plants tends to reverse after Banana bunchy top virus acquisition. *Scientific Reports*, 14(1), 2993. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-53205-x>
- Murhububa, I. S., Tougeron, K., Bragard, C., Fauconnier, M.-L., Bisimwa Basengere, E., Walangululu Masamba, J., & Hance, T. (2021). Banana Tree Infected with Banana Bunchy Top Virus Attracts *Pentalonia nigronervosa* Aphids Through Increased Volatile Organic Compounds Emission. *Journal of Chemical Ecology*, 47(8), 755-767. <https://doi.org/10.1007/s10886-021-01298-3>
- Neuenschwander, P., Hughes, J. d'A., Ogbe, F., Ngatse, J. M., & Legg, J. P. (2002). Occurrence of the Uganda variant of East African cassava mosaic virus (EACMV-Ug) in western Democratic Republic of Congo and the Congo Republic defines the westernmost extent of the CMD pandemic in East/Central Africa. *Plant Pathology*, 51(3), 385-385. <https://doi.org/10.1046/j.1365-3059.2002.00698.x>
- Ngombo, N. A. (2024). *Evaluation et sélection des géotypes de haricot commun (Phaseolus vulgaris L.) biofortifié (HCB) au Kongo Central (République Démocratique du Congo) : Analyse comportementale et diagnostic phytosanitaire* [Thèse de doctorat, Université de Kinshasa]. <https://doi.org/10.13140/RG.2.2.18362.40642>
- Njeru, R. w., Bagabe, M. c., Nkezabahizi, D., Kayiranga, D., Kajuga, J., Butare, L., & Ndirigue, J. (2008). Viruses infecting sweet potato in Rwanda : Occurrence and distribution. *Annals of Applied Biology*, 153(2), 215-221. <https://doi.org/10.1111/j.1744-7348.2008.00252.x>
- Ochwo-Ssemakula, M., Sengooba, T., Hakiza, J. J., Adipala, E., Edema, R., Redinbaugh, M. G., Aritua, V., & Winter, S. (2012). Characterization and Distribution of a Potyvirus Associated with Passion Fruit Woodiness Disease in Uganda. *Plant Disease*, 96(5), 659-665. <https://doi.org/10.1094/PDIS-03-11-0263>
- Ogwok, E., Akol, J., & Patil, B. L. (2025). Next Generation Sequencing Reveals Infection of Yams (*Dioscorea* spp.) With Multiple Viruses in Uganda. *Journal of Phytopathology*, 173(6), e70210. <https://doi.org/10.1111/jph.70210>
- Okonya, J. S., Gamarra, H., Nduwayezu, A., Bararyenya, A., Kroschel, J., & Kreuze, J. (2021). Serological survey and metagenomic discovery of potato viruses in Rwanda and Burundi reveals absence of PVY in Burundi and first report of TRV in potatoes in sub-Saharan Africa. *Virus Research*, 302, 198487. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2021.198487>
- Okonya, J. S., Ocimati, W., Nduwayezu, A., Kantungeko, D., Niko, N., Blomme, G., Legg, J. P., & Kroschel, J. (2019). Farmer Reported Pest and Disease Impacts on Root, Tuber, and Banana Crops and Livelihoods in Rwanda and Burundi. *Sustainability*, 11(6), 1592. <https://doi.org/10.3390/su11061592>
- Peters†, D., Matsumura, E. E., van Vredendaal, P., & van der Vlugt, R. A. A. (2024). The plant virus transmissions database. *The Journal of General Virology*, 105(3), 001957. <https://doi.org/10.1099/jgv.0.001957>
- Phadke, S., Macherla, S., & Scheuermann, R. H. (2021). Database and Analytical Resources for Viral Research Community. *Encyclopedia of Virology*, 141-152. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-809633-8.20995-3>

- Plant Viruses Online—Home Page.* (2009, mai 12). <https://web.archive.org/web/20090512224125/http://image.fs.uidaho.edu/vide/refs.htm#authors>
- Programme National de Sécurité Alimentaire (P.N.S.A) (2010). <https://faolex.fao.org/docs/pdf/cng146626.pdf>
- PVDive. (s. d.). [Data Base]. Consulté 17 février 2026, à l'adresse <https://pvdive.dsmz.de/>
- Rabo, M., Oué, M., draogo, Coulibaly, O., Traoré, A., -Barro, Traoré, S., Batieno, T. B. J., Kaboré, C., -Zoungrana, Toguyeni, A., & Traoré, O. (2024). Reactions of Maruca Resistant Transgenic Cowpea to Cowpea Aphid-Borne Mosaic Virus. *Agricultural Sciences*, 15(7), 742-753. <https://doi.org/10.4236/as.2024.157041>
- Randles, J., & Ogle, H. (2015). *VIRUSES AND VIROIDS AS AGENTS OF PLANT DISEASE*.
- Rao, Y. D., Kumar, D., & Sharma, S. (2024). A comprehensive review on transmission mechanism of plant viruses by insects. *International Journal of Research in Agronomy*, 7(7S), 337-344. <https://doi.org/10.33545/2618060X.2024.v7.i7Se.1049>
- Roberto. (2020, juillet 6). What's the point of virus taxonomy? *International Science Council*. <https://council.science/current/blog/whats-the-point-of-virus-taxonomy/>
- Roossinck, M. J. (2010). Lifestyles of plant viruses. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*. (world). <https://doi.org/10.1098/rstb.2010.0057>
- Roossinck, M. J., & García-Arenal, F. (2015). Ecosystem simplification, biodiversity loss and plant virus emergence. *Current Opinion in Virology*, 10, 56-62. <https://doi.org/10.1016/j.coviro.2015.01.005>
- Rubabura, J. A. K., & Bisusa, M. A. (2011). Impact of Mosaic Disease on Varieties of Sweetpotato in Rural Sud-Kivu, Democratic Republic of Congo. In *Agricultural Innovations for Sustainable Development. Contributions from the Finalists of the 2009/2010 Africa-wide Women and Young Professionals in Science Competitions* (Vol. 3, p. 104-111).
- Rubino, L., Abrahamian, P., An, W., Aranda, M. A., Ascencio-Ibañez, J. T., Bejerman, N., Blouin, A. G., Candresse, T., Canto, T., Cao, M., Carr, J. P., Cho, W. K., Constable, F., Dasgupta, I., Debat, H., Dietzgen, R. G., Digiario, M., Donaire, L., Elbeaino, T., ... ICTV Taxonomy Summary Consortium. (2025). Summary of taxonomy changes ratified by the International Committee on Taxonomy of Viruses from the Plant Viruses Subcommittee, 2025. *Journal of General Virology*, 106(7). <https://doi.org/10.1099/jgv.0.002114>
- Rubio, L., Galipienso, L., & Ferriol, I. (2020). Detection of Plant Viruses and Disease Management : Relevance of Genetic Diversity and Evolution. *Frontiers in Plant Science*, 11. <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.01092>
- Ryckebusch, F. (2020). *Caractérisation de la transmission des capulavirus, des géminivirus d'un nouveau genre dont l'originalité est la transmission par puceron* [Thèse de doctorat, Université de Montpellier]. https://theses.hal.science/tel-04083436v1/file/20-0006_Ryckebusch_diffusion.pdf
- Sabanadzovic, S., Abergel, C., Claverie, J., Coutts, R. H. A., Daghino, S., Donaire, L., Forgia, M., Hejna, O., Jia, J., Jiang, D., Krupovic, M., Lang, A. S., Legendre, M., Marzano, Y. L., Mu, F., Neri, U., Nerva, L., Péntzes, J., Poimala, A., ... Xie, J. (2025). Summary of taxonomy changes ratified by the International Committee on Taxonomy of Viruses

- (ICTV) from the Fungal and Protist Viruses Subcommittee, 2025. *Journal of General Virology*. <https://doi.org/DOI%2010.1099/jgv.0.002115>
- Siddell, S. G., Smith, D. B., Adriaenssens, E., Alfenas-Zerbini, P., Dutilh, B. E., Garcia, M. L., Junglen, S., Krupovic, M., Kuhn, J. H., Lambert, A. J., Lefkowitz, E. J., Łobocka, M., Mushegian, A. R., Oksanen, H. M., Robertson, D. L., Rubino, L., Sabanadzovic, S., Simmonds, P., Suzuki, N., ... Zerbini, F. M. (2023). Virus taxonomy and the role of the International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV). *The Journal of General Virology*, 104(5), 001840. <https://doi.org/10.1099/jgv.0.001840>
- Siddell, S. G., Walker, P. J., Lefkowitz, E. J., Mushegian, A. R., Dutilh, B. E., Harrach, B., Harrison, R. L., Junglen, S., Knowles, N. J., Kropinski, A. M., Krupovic, M., Kuhn, J. H., Nibert, M. L., Rubino, L., Sabanadzovic, S., Simmonds, P., Varsani, A., Zerbini, F. M., & Davison, A. J. (2020). Binomial nomenclature for virus species : A consultation. *Archives of Virology*, 165(2), 519-525. <https://doi.org/10.1007/s00705-019-04477-6>
- Simmonds, P., Adams, M. J., Benkő, M., Breitbart, M., Brister, J. R., Carstens, E. B., Davison, A. J., Delwart, E., Gorbalenya, A. E., Harrach, B., Hull, R., King, A. M. Q., Koonin, E. V., Krupovic, M., Kuhn, J. H., Lefkowitz, E. J., Nibert, M. L., Orton, R., Roossinck, M. J., ... Zerbini, F. M. (2017). Virus taxonomy in the age of metagenomics. *Nature Reviews Microbiology*, 15(3), 161-168. <https://doi.org/10.1038/nrmicro.2016.177>
- Simmonds, P., Adriaenssens, E. M., Lefkowitz, E. J., Oksanen, H. M., Zerbini, F. M., Alfenas-Zerbini, P., Aylward, F. O., Dempsey, D. M., Freitas-Astúa, J., Hendrickson, R. C., Hughes, H. R., Krupovic, M., Kuhn, J. H., Łobocka, M., Mayne, R., Mushegian, A. R., Penzes, J. J., Reyes Muñoz, A., Robertson, D. L., ... Varsani, A. (2026). Changes to virus taxonomy, the international code of virus classification and nomenclature, and the ICTV statutes ratified by the International Committee on Taxonomy of Viruses (2025). *Archives of Virology*, 171(1), 23. <https://doi.org/10.1007/s00705-025-06485-1>
- Singh, S., Awasthi, L., & Jangre, A. (2020). *Transmission of plant viruses in fields through various vectors* (p. 313-334). <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-818654-1.00024-4>
- Sohrab, S. S. (2020). Tomato Leaf Curl Sudan Virus (TLCSDV) causing leaf curl disease on a new host « *Amaranthus cruentus* » L. *Plant Omics*, 10(1), 20-27. <https://doi.org/10.3316/informit.721019899567243>
- Soni, A., Kushvaha, R. P., & Snehi, Dr. S. K. (2024). Current Strategies for Management of Plant Viruses and Future Perspectives : Enhancing Crop Health, Yield and Productivity. *Asian Journal of Biochemistry, Genetics and Molecular Biology*, 16, 21-34. <https://doi.org/10.9734/ajbgmb/2024/v16i4368>
- Sreenivasulu, P., Reddy, C. V. S., Ramesh, B., & Kumar, P. L. (s. d.). *Virus Diseases of Groundnut*.
- Stewart, L. R., Willie, K. J., wijeratne, S., Redinbaugh, M. G., Massawe, D. P., Niblett, C., kiggundu, M., & Asiimwe, T. (2017). Johnsongrass mosaic virus Contributes to Maize Lethal Necrosis in East Africa. *Plant Disease*, 101(8). <https://doi.org/10.1094/PDIS-01-17-0136-RE>
- Tatineni, S., & Hein, G. L. (2023). Plant Viruses of Agricultural Importance : Current and Future Perspectives of Virus Disease Management Strategies. *Phytopathology*, 113, 117-141. <https://doi.org/DOI:%2010.1094/PHI-I-2006-0414-01>

- Thottappilly, G., Bosque-Pérez, N. A., & Rossel, H. W. (1993). Viruses and virus diseases of maize in tropical Africa. *Plant Pathology*, 42(4), 494-509. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.1993.tb01529.x>
- Thottappilly, G., & Rossel, H. W. (1992). Virus diseases of cowpea in tropical Africa. *International Journal of Pest Management*. (world). <https://doi.org/10.1080/09670879209371724>
- Thottappilly, G., Rossel, H. W., & Bosque-Pérez, N. A. (1998). *Les virus et les maladies virales du maïs en Afrique tropicale* (Guide de recherche de l'IITA N° 54; p. 38). Institut international d'Agriculture Tropicale (IITA).
- Trade.gov. (2024, mars 14). *Democratic Republic of the Congo—Agriculture*. <https://www.trade.gov/country-commercial-guides/democratic-republic-congo-agriculture>
- Tshite, F., Mudibu Wa Kabangu, J., Tshiombe Mulamba, V., & Masiala Muanda, G. (2015). Identification of adapted varieties of groundnuts (*Arachis hypogaea* L.) in SEKE BANZA area, Democratic Republic of the Congo (DRC). *International Journal of Biological and Chemical Sciences*, 9(2), 652. <https://doi.org/10.4314/ijbcs.v9i2.7>
- Venkataraman, S., Shahgolzari, M., Hefferon, K., Atri, E., & De Steur, H. (2024). *Economic Impacts of Viroids*. Biology and Life Sciences. <https://doi.org/10.20944/preprints202405.2134.v1>
- Wahome, T. (2025, octobre 2). A DRC cassava and grain milling project sows agro-industrialization. *Selina Wamucii | Food & Agriculture News*. <https://www.selinawamucii.com/news/2025/10/02/a-drc-cassava-and-grain-milling-project-sows-agro-industrialization/>
- Walker, P. J., Siddell, S. G., Lefkowitz, E. J., Mushegian, A. R., Adriaenssens, E. M., Alfenas-Zerbini, P., Davison, A. J., Dempsey, D. M., Dutilh, B. E., García, M. L., Harrach, B., Harrison, R. L., Hendrickson, R. C., Junglen, S., Knowles, N. J., Krupovic, M., Kuhn, J. H., Lambert, A. J., Łobocka, M., ... Zerbini, F. M. (2021). Changes to virus taxonomy and to the International Code of Virus Classification and Nomenclature ratified by the International Committee on Taxonomy of Viruses (2021). *Archives of Virology*, 166(9), 2633-2648. <https://doi.org/10.1007/s00705-021-05156-1>
- Walker, P. J., Siddell, S. G., Lefkowitz, E. J., Mushegian, A. R., Adriaenssens, E. M., Alfenas-Zerbini, P., Dempsey, D. M., Dutilh, B. E., García, M. L., Curtis Hendrickson, R., Junglen, S., Krupovic, M., Kuhn, J. H., Lambert, A. J., Łobocka, M., Oksanen, H. M., Orton, R. J., Robertson, D. L., Rubino, L., ... Zerbini, F. M. (2022). Recent changes to virus taxonomy ratified by the International Committee on Taxonomy of Viruses (2022). *Archives of Virology*, 167(11), 2429-2440. <https://doi.org/10.1007/s00705-022-05516-5>
- Walkey, D. G. A. (1991). Plant virology : An Introduction. In D. G. A. Walkey, *Applied Plant Virology* (p. 1-23). Springer Netherlands. https://doi.org/10.1007/978-94-011-3090-5_1
- Wang, M., Gao, S., Zeng, W., Yang, Y., Ma, J., & Wang, Y. (2020). Plant Virology Delivers Diverse Toolsets for Biotechnology. *Viruses*, 12(11), 1338. <https://doi.org/10.3390/v12111338>
- Wasswa, P., Okiror, A., Namara, M., Ssamula, A., & Ssengo, J. (2025). Assessment of the empowerment of sweetpotato farmers for on-farm virus detection and production of clean planting material in Uganda. *Makerere University Journal of Agricultural & Environmental Sciences*, 14(2). <https://doi.org/10.70060/mak-jaes-2025-179>

- WAVE. (s. d.). *Who We Are – CENTRAL AND WEST AFRICAN VIRUS EPIDEMIOLOGY*. Consulté 15 avril 2026, à l'adresse <https://wave-center.org/who-we-are/>
- Waweru, B. W., Kilalo, D. C., Kimenju, J. W., Rukundo, P., & Miano, D. W. (2020). Farmers' knowledge and perceptions of viral diseases of hot pepper (*Capsicum* sp.) and their management in Rwanda. *Fundamental and Applied Agriculture*, 5(3), 319-329. <https://doi.org/10.5455/faa.113641>
- Waweru, B. W., Miano, D. W., Kilalo, D. C., Rukundo, P., & Kimenju, J. W. (2021). Detection and distribution of viruses infecting hot pepper (*Capsicum* spp.) in Rwanda. *Journal of Plant Pathology*, 103(2), 573-585. <https://doi.org/10.1007/s42161-021-00811-7>
- Were, H. K., Winter, S., & Maiss, E. (2004). Variations and taxonomic status of begomoviruses causing severe epidemics of cassava mosaic disease in Kenya, Uganda, and Democratic Republic of the Congo. *Journal of General Plant Pathology*, 70(4), 243-248. <https://doi.org/10.1007/s10327-003-0119-y>
- Whitfield, A. E., Falk, B. W., & Rotenberg, D. (2015). Insect vector-mediated transmission of plant viruses. *Virology*, 479-480, 278-289. <https://doi.org/10.1016/j.virol.2015.03.026>
- Worrall, E., Wamonde, F., Mukeshimana, G., Harvey, J., Carr, J., & Mitter, N. (2015). Bean Common Mosaic Virus and Bean Common Mosaic Necrosis Virus : Relationships, Biology, and Prospects for Control. *Advances in virus research*, 93, 1-46. <https://doi.org/10.1016/bs.aivir.2015.04.002>
- Wu, H., Fu, P., Fu, Q., Zhang, Z., Zheng, H., Mao, L., Li, X., Yu, F., & Peng, Y. (2022). *Plant Virus Database : A resource for exploring the diversity of plant viruses and their interactions with hosts* (p. 2022.03.20.485054). bioRxiv. <https://doi.org/10.1101/2022.03.20.485054>
- Zdenek, H. (2024). Support for the use of Binomial Nomenclature in the Taxonomy of Viruses. *IgMin Research*, 2(10), 846-847. <https://doi.org/10.61927/igmin257>
- Zerbini, F. M., Simmonds, P., Adriaenssens, E. M., Lefkowitz, E. J., Oksanen, H. M., Alfenas-Zerbini, P., Aylward, F. O., Freitas-Astúa, J., Hughes, H. R., Łobocka, M., Krupovic, M., Kuhn, J. H., Mushegian, A., Penzes, J. J., Reyes, A., Robertson, D. L., Roux, S., Rubino, L., Sabanadzovic, S., ... Varsani, A. (2025). Virus species names have been standardized; virus names remain unchanged. *mSphere*, 10(5), e00020-25. <https://doi.org/10.1128/msphere.00020-25>
- Zeyimo, B., Eric, M., Boykin, L., Macharia, M., Nzola, M., Hangy, T., Diankenda, L., Godefroid, M., Harvey, J., Ndunguru, J., Kayuki, C., Pita, J., Munseki, L., & Kanana, T. (2019). Attempts to Identify Cassava Brown Streak Virus in Western Democratic Republic of Congo. *Journal of Agricultural Science*, 11(2), 31. <https://doi.org/10.5539/jas.v11n2p31>
- Zhao, J., Zhang, X., Hong, Y., & Liu, Y. (2016). Chloroplast in Plant-Virus Interaction. *Frontiers in Microbiology*, 7. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.01565>
- Zinga, I., Chiroleu, F., Valam Zango, A., Ballot, C. S. A., Harimalala, M., Kosh Komba, E., Yandia, P. S., Semballa, S., Reynaud, B., Lefeuvre, P., Lett, J.-M., & Dintinger, J. (2016). Evaluation of Cassava Cultivars for Resistance to Cassava Mosaic Disease and Yield Potential in Central African Republic. *Journal of Phytopathology*, 164(11-12), 913-923. <https://doi.org/10.1111/jph.12511>

ANNEXES

Au vu de leurs tailles, les annexes 1 à 4 sont disponibles sur le drive suivant :

https://drive.google.com/drive/folders/1Cz_i74RIO0DDEwzi5gNeo07WojShZKFw?fbclid=IwZXh0bgNhZW0CMTEAAR0u-bS1aG1lxWNVZth7aMKZ-Hjrqu5BP_jUNIlwtm-xKqcgew2uQ0epEw_aem_xOltmMpt8wAuERNfjcK3NA

Aussi le lien d'accès à la plateforme web développer dans le cadre de ce projet : www.mlinzidata.com **MLINZI - Plant Virus Database**

Annexe 1 : Fichier « Les virus présents en RDC.xls »

Ce fichier Excel regroupe l'ensemble des virus et viroïdes phytopathogènes recensés ou suspectés en République Démocratique du Congo. Il comprend notamment les informations relatives à la nomenclature taxonomique selon les standards de l'ICTV, les anciennes dénominations, les identifiants ICTV, les plantes hôtes, les vecteurs associés, les modes de transmission, la distribution géographique des virus ainsi que les références bibliographiques correspondantes. Cette base de données a servi de support principal pour l'analyse de la diversité virale réalisée dans le cadre de cette étude.

Annexe 2 : Fichier « Les virus présents dans les pays voisins.xls »

Ce fichier Excel regroupe les virus phytopathogènes signalés dans les pays voisins de la République Démocratique du Congo et susceptibles de représenter un risque d'introduction sur le territoire national. Il comprend les informations relatives à la nomenclature taxonomique selon les standards de l'ICTV, les anciennes dénominations, les identifiants ICTV, les plantes hôtes, les vecteurs associés, les modes de transmission, les pays de signalement ainsi que les références bibliographiques correspondantes. Cette base de données a permis de réaliser l'analyse régionale des risques dans le cadre de cette étude.

Annexe 3 et 4 : Réponses des experts consultés

Cette annexe regroupe une partie des réponses obtenues auprès des experts consultés dans le cadre de cette étude. Ces contributions ont permis de compléter, vérifier et enrichir les informations relatives aux virus phytopathogènes recensés en République Démocratique du Congo, notamment concernant leur taxonomie, leur distribution géographique, leurs hôtes et leur importance phytosanitaire.

Annexe 5 : Synthèse des virus phytopathogènes recensés en RDC (tableau récapitulatif simplifié).

Le tableau 7 constitue une synthèse générale des données collectées et harmonisées au cours de cette étude et permet une consultation rapide des principales informations virologiques relatives aux cultures d'intérêt agricole en RDC.

Tableau 7 : Liste des virus et viroïdes phytopathogènes recensés ou suspectés en République Démocratique du Congo avec leur nomenclature ICTV, hôtes, vecteurs et distribution géographique

	Ancien noms	Abréviati on	Nouveau nom	Famille	Genre	Hôte au Congo	Vecteurs	Provinces (DRC)	Statut ICTV	References
1	Banana bunchy top virus (BBTV)	BBTV	<i>Babuvirus musae</i>	<i>Nanoviridae</i>	<i>Babuvirus</i>	<i>Musa spp.</i>	<i>Pentalonia nigronervosa</i>	Eastern and Central Kasai, Kongo central, Kwilu, South-Kivu, Haut-Katanga, Kwilu, Kinshasa, Tshopo, Equateur	ICTV19982654	Mukwa et al., 2014
2	African cassava mosaic virus (ACMV)	ACMV	<i>Begomovirus manihotis</i>	<i>Geminiviridae</i>	<i>Begomovirus</i>	<i>Manihot esculenta</i>	<i>Bemisia tabaci</i>	Haut-Katanga, Ituri, South Kivu, Kwilu, Eastern Kasai, Kongo central, Kinshasa, Tshopo, Mongala, Nord Ubangi, and Sud Ubangi	ICTV19790994	Bisimwa et al., 2012
3	East African cassava mosaic virus (EACMV0)	EACMV0	<i>Begomovirus manihotisafricaense</i>	<i>Geminiviridae</i>	<i>Begomovirus</i>	<i>Manihot esculenta</i>	<i>Bemisia tabaci</i>	Haut-Katanga, Ituri, South Kivu, Kwilu, Eastern Kasai, Kongo central, Kinshasa, Tshopo, Mongala, Nord Ubangi, and Sud Ubangi	ICTV19981390	Neuenschwander et al., 2002 ; Bisimwa et al., 2012
4	African cassava mosaic virus Burkinafaso isolate (ACMBV)	ACMBV	<i>Begomovirus manihotisburkinafasoense</i>	<i>Geminiviridae</i>	<i>Begomovirus</i>	<i>Manihot esculenta</i>	<i>Bemisia tabaci</i>	Haut-Katanga, Ituri, South Kivu, Kwilu, Eastern Kasai, Kongo central, Kinshasa, Equateur, Tshopo	ICTV201856693	Muengula-Manyi, 2014
5	East African cassava mosaic Cameroon virus (EACMCV)	EACMCV	<i>Begomovirus manihotiscameroonense</i>	<i>Geminiviridae</i>	<i>Begomovirus</i>	<i>Manihot esculenta</i>	<i>Bemisia tabaci</i>	Haut-Katanga, Ituri, South Kivu, Kwilu, Eastern Kasai, Kongo central, Kinshasa, Equateur, Tshopo	ICTV20041135	Muengula-Manyi, 2014
6	Indian cassava mosaic virus (ICMV)	ICMV	<i>Begomovirus manihotisindianense</i>	<i>Geminiviridae</i>	<i>Begomovirus</i>	<i>Manihot esculenta</i>	<i>Bemisia tabaci</i>	Haut-Katanga, Ituri, South Kivu, Kwilu, Eastern Kasai, Kongo central, Kinshasa, Equateur, Tshopo	ICTV19911646	Bisimwa et al., 2012 ; Muengula-Manyi, 2014
7	East African cassava mosaic Kenya virus (EACMKV)	EACMKV	<i>Begomovirus manihotiskenyanaense</i>	<i>Geminiviridae</i>	<i>Begomovirus</i>	<i>Manihot esculenta</i>	<i>Bemisia tabaci</i>	Haut-Katanga, Ituri, South Kivu, Kwilu, Eastern Kasai, Kongo central, Kinshasa, Equateur, Tshopo	ICTV20083861	Muengula-Manyi, 2014
8	African cassava mosaic Madagascar virus (ACMMV)	ACMMV	<i>Begomovirus manihotismadagascariense</i>	<i>Geminiviridae</i>	<i>Begomovirus</i>	<i>Manihot esculenta</i>	<i>Bemisia tabaci</i>	Haut-Katanga, Ituri, South Kivu, Kwilu, Eastern Kasai, Kongo central, Kinshasa, Equateur, Tshopo	ICTV20152813	Muengula-Manyi, 2014
9	East African cassava mosaic Malawi virus (EACMMV)	EACMMV	<i>Begomovirus manihotismalawiense</i>	<i>Geminiviridae</i>	<i>Begomovirus</i>	<i>Manihot esculenta</i>	<i>Bemisia tabaci</i>	Haut-Katanga, Ituri, South Kivu, Kwilu, Eastern Kasai, Kongo central, Kinshasa, Equateur, Tshopo	ICTV20041136	Muengula-Manyi, 2014
10	East African cassava mosaic Zanzibar virus (EACMZV)	EACMZV	<i>Begomovirus manihotiszanzibariense</i>	<i>Geminiviridae</i>	<i>Begomovirus</i>	<i>Manihot esculenta</i>	<i>Bemisia tabaci</i>	Haut-Katanga, Ituri, South Kivu, Kwilu, Eastern Kasai, Kongo central, Kinshasa, Equateur, Tshopo	ICTV20041138	Muengula-Manyi, 2014
11	Tobacco leaf curl Comoros virus (TVCCV)	TLCCV	<i>Begomovirus nicotianacomorose</i>	<i>Geminiviridae</i>	<i>Begomovirus</i>	<i>Nicotiana tabacum</i>	<i>Bemisia tabaci</i>	No details	ICTV20152853	Buyckx, 1962
12	Tobacco leaf curl Zimbabwe virus (TLCZV)	TLCZV	<i>Begomovirus nicotianazimbabwe</i>	<i>Geminiviridae</i>	<i>Begomovirus</i>	<i>Nicotiana tabacum</i>	<i>Bemisia tabaci</i>	No details	ICTV20073746	Buyckx, 1962

13	South African cassava mosaic virus (SACMV)	SACMV	<i>Begomovirus warburgi</i>	<i>Geminiviridae</i>	<i>Begomovirus</i>	<i>Manihot esculenta</i>	<i>Bemisia tabaci</i>	No details	ICTV19981419	Were et al., 2004
14	Maize streak virus (MSV)	MSV	<i>Mastrevirus storeyi</i>	<i>Geminiviridae</i>	<i>Mastrevirus</i>	<i>Zea mays</i>	<i>Cicadulina mbila</i>	Lomami, Tshopo	ICTV19780758	Thottappilly et al., 1998 ; Buyckx, 1962
15	Cucumber mosaic virus (CMV)	CMV	<i>Cucumovirus CMV</i>	<i>Bromoviridae</i>	<i>Cucumovirus</i>	<i>Musa spp.</i>	<i>Acyrtosiphon pisum</i>	Kongo-Central, Équateur	ICTV19710166	Mukwa et al., 2016 ; Cabrera Mederos et al., 2018
16	Pineapple mealybug wilt-associated virus 2 (PMWaV2)	PMWaV2	<i>Ampelovirus duananas</i>	<i>Closteroviridae</i>	<i>Ampelovirus</i>	<i>Ananas comosus</i>	<i>Dysmicoccus brevipes</i>	No details	ICTV20020797	Buyckx, 1962
17	Pineapple mealybug wilt-associated virus 3 (PMWaV3)	PMWaV3	<i>Ampelovirus triananas</i>	<i>Closteroviridae</i>	<i>Ampelovirus</i>	<i>Ananas comosus</i>	<i>Dysmicoccus brevipes</i>	No details	ICTV20093491	Buyckx, 1962
18	Pineapple mealybug wilt-associated virus 1 (PMWaV1)	PMWaV1	<i>Ampelovirus unananas</i>	<i>Closteroviridae</i>	<i>Ampelovirus</i>	<i>Ananas comosus</i>	<i>Dysmicoccus brevipes</i>	No details	ICTV20020796	Buyckx, 1962
19	Manihot esculenta-associated virus 1 (MEaV-1)	MEaV-1	<i>Ampelovirus unesculentae</i>	<i>Closteroviridae</i>	<i>Ampelovirus</i>	<i>Manihot esculenta</i>	No details	South Kivu	ICTV202522751	Kwibuka et al., 2021
20	Manihot esculenta-associated virus 2 (MEaV-2)	MEaV-2	<i>Ampelovirus duesculentae</i>	<i>Closteroviridae</i>	<i>Ampelovirus</i>	<i>Manihot esculenta</i>	No details	South Kivu	ICTV202522752	Kwibuka et al., 2021
21	Citrus tristeza virus (CTV)	CTV	<i>Closterovirus tristeza</i>	<i>Closteroviridae</i>	<i>Closterovirus</i>	<i>Citrus spp.</i>	<i>Toxoptera citricidus</i>	Kwilu	ICTV19760668	Buyckx, 1962 ; Brunt et al., 1996 ; Agadakani, 2018
22	Sweet potato chlorotic stunt virus	SPCSV	<i>Crinivirus ipomeae</i>	<i>Closteroviridae</i>	<i>Crinivirus</i>	<i>Ipomoea batatas</i>	<i>Bemisia tabaci</i>	Bas-Uélé, Haut-Katanga, North and South Kivu	ICTV19981257	Carey et al., 1998 ; Rubabura & Bisusa, 2011
23	Peanut clump virus	PCV	<i>Pecluvirus arachidis</i>	<i>Virgaviridae</i>	<i>Pechuvirus</i>	<i>Arachis hypogaea</i>	<i>Polymyxa graminis</i>	No details	ICTV19871296	EPPO, 2026
24	Potato Mop-Top Virus	PMTV	<i>Pomovirus solani</i>	<i>Virgaviridae</i>	<i>Pomovirus</i>	<i>Solanum tuberosum</i>	<i>Spongopora subterranea</i>	No details	ICTV19871297	Buyckx, 1962
25	Tobacco mosaic virus	TMV	<i>Tobamovirus tabaci</i>	<i>Virgaviridae</i>	<i>Tobamovirus</i>	<i>Nicotiana tabacum</i>	No vector	No details	ICTV19710322	Buyckx, 1962
26	Tobacco Rattle Virus	TRV	<i>Tobravirus tabaci</i>	<i>Virgaviridae</i>	<i>Tobravirus</i>	<i>Nicotiana tabacum</i>	<i>Paratrachodorus allius</i>	No details	ICTV19710327	Buyckx, 1962; EPPO, 2026
27	Garlic virus D	GarVD	<i>Allexivirus deltallii</i>	<i>Alphaflexiviridae</i>	<i>Allexivirus</i>	<i>Allium sativum</i>	<i>Aceria tulipae</i> (garlic and onion mite)	North Kivu	ICTV19982601	Majumder et al., 2018
28	Potato virus X	PVX	<i>Potexvirus espotati</i>	<i>Alphaflexiviridae</i>	<i>Potexvirus</i>	<i>Solanum tuberosum</i>	No vector	No details	ICTV19710248	Buyckx, 1962
29	Potato virus S	PVS	<i>Carlavirus sigmasolani</i>	<i>Betaflexiviridae</i>	<i>Carlavirus</i>	<i>Solanum tuberosum</i>	No vector	No details	ICTV19911545	Buyckx, 1962

30	Cowpea mild mottle virus	CPMMV	<i>Carlavirus vignae</i>	<i>Betaflexiviridae</i>	<i>Carlavirus</i>	<i>Phaseolus vulgaris</i>	<i>Bemisia tabaci</i>	No details	ICTV19991771	Thottappilly & Rossel, 1992
31	Groundnut rosette virus	GRV	<i>Umbravirus arachidis</i>	<i>Tombusviridae</i>	<i>Umbravirus</i>	<i>Arachis hypogaea</i>	<i>Aphis craccivora</i>	No details	ICTV19952482	Sreenivasulu et al., s. d.; Tshite et al., 2015
32	Tobacco Mottle Virus	TMoV	<i>Umbravirus maculae</i>	<i>Tombusviridae</i>	<i>Umbravirus</i>	<i>Nicotiana tabacum</i>	<i>Myzus persicae</i>	No details	ICTV19952484	Buyckx, 1962
33	Maize chlorotic mottle virus	MLNV	<i>Machlomovirus zeae</i>	<i>Tombusviridae</i>	<i>Machlomovirus</i>	<i>Zea mays</i>	<i>Peregrinus maidis</i>	Estern and Western Kasai, Kongo-Central, Tshopo, North Kivu	ICTV19931875	Lukanda et al., 2014
34	Citrus psorosis virus	CPsV	<i>Ophiovirus citri</i>	<i>Aspiviridae</i>	<i>Ophiovirus</i>	<i>Citrus spp.</i>	No details	No details	ICTV19982658	Buyckx, 1962
35	Tomato spotted wilt virus	TSWV	<i>Orthotospovirus tomatomaculae</i>	<i>Tospoviridae</i>	<i>Orthotospovirus</i>	<i>Solanum lycopersicum</i>	<i>Frankliniella occidentalis</i>	No details	ICTV19710332	CABI & EPPO, 2018
36	Maize stripe virus	MSpV	<i>Tenuivirus zeae</i>	<i>Phenuiviridae</i>	<i>Tenuivirus</i>	<i>Zea mays</i>	<i>Peregrinus maidis</i>	No details	ICTV19911838	Thottappilly et al., 1993
37	Tobacco Ringspot Virus	TRSV	<i>Nepovirus nicotianae</i>	<i>Secoviridae</i>	<i>Nepovirus</i>	<i>Nicotiana tabacum</i>	<i>Xiphinema americanum</i>	No details	ICTV19710221	Buyckx, 1962 ; Bragard et al., 2020
38	Cassava Congo Cheravirus	CCChV		<i>Secoviridae</i>	<i>Cheravirus</i>	<i>Manihot esculenta</i>	No details	Kongo-Central, South Kivu	Non-Validé	Kwibuka et al., 2026
39	Groundnut rosette assistor virus	GRaV	<i>Polerovirus GRAV</i>	<i>Solemoviridae</i>	<i>Polerovirus</i>	<i>Arachis hypogaea</i>	<i>Aphis craccivora</i>	No details	ICTV19911693	Sreenivasulu et al., s. d.; Tshite et al., 2015
40	Tobacco vein distorting virus	TVDV	<i>Polerovirus TVDV</i>	<i>Solemoviridae</i>	<i>Polerovirus</i>	<i>Nicotiana tabacum</i>	<i>Myzus persicae</i>	No details	ICTV20073960	Buyckx, 1962
41	Rice yellow mottle virus	RYMV	<i>Sobemovirus RYMV</i>	<i>Solemoviridae</i>	<i>Sobemovirus</i>	<i>Oryza sativa</i>	<i>Sesselia pusilla</i>	South Kivu (surroundings of Bukavu)	ICTV19911831	Hubert et al., 2013
42	Southern bean mosaic virus	SBMV	<i>Sobemovirus SBMV</i>	<i>Solemoviridae</i>	<i>Sobemovirus</i>	<i>Phaseolus vulgaris</i>	<i>Ceratoma trifurcata</i>	No details	ICTV19780836	EPPO, 2026
43	Southern cowpea mosaic virus	SCoMV	<i>Sobemovirus SCPMV</i>	<i>Solemoviridae</i>	<i>Sobemovirus</i>	<i>Phaseolus vulgaris</i>	<i>Ceratoma trifurcata</i>	No details	ICTV19982692	EPPO, 2026
44	Cassava brown streak virus	CBSV	<i>Ipomovirus brunusmanihotis</i>	<i>Potyviridae</i>	<i>Ipomovirus</i>	<i>Manihot esculenta</i>	<i>Bemisia tabaci</i>	Haut-Katanga, Ituri, South Kivu	ICTV20041718	Kwibuka, 2022
45	Sweet potato mild mottle virus	SPMMV	<i>Ipomovirus lenisbatatae</i>	<i>Potyviridae</i>	<i>Ipomovirus</i>	<i>Ipomoea batatas</i>	<i>Bemisia tabaci</i>	Kwilu, Kwango, North and South Kivu	ICTV19982236	Rubabura & Bisusa, 2011
46	Ugandan cassava brown streak virus	UCBSV	<i>Ipomovirus manihotis</i>	<i>Potyviridae</i>	<i>Ipomovirus</i>	<i>Manihot esculenta</i>	<i>Bemisia tabaci</i>	Ituri, South Kivu	ICTV20115387	Mulimbi et al., 2012 ; Casinga et al., 2019, 2021
47	Potato virus A	PVA	<i>Potyvirus atuberosi</i>	<i>Potyviridae</i>	<i>Potyvirus</i>	<i>Solanum tuberosum</i>	<i>Myzus persicae</i>	No details	ICTV20074395	Buyckx, 1962
48	Sweet potato feathery mottle virus	SPFMV	<i>Potyvirus batataplumei</i>	<i>Potyviridae</i>	<i>Potyvirus</i>	<i>Ipomoea batatas</i>	<i>Aphis gossypii</i>	Eastern and Western Kasai, Kwilu, Kongo-Central	ICTV19911813	CABI & EPPO, 2003; Carey et al., 1998
49	Moroccan watermelon mosaic virus	MWMV	<i>Potyvirus citrullimoroccensis</i>	<i>Potyviridae</i>	<i>Potyvirus</i>	<i>Carica papaya</i>	<i>Aphis gossypii</i>	North Kivu	ICTV19991406	Arocha et al., 2008
50	Johnsongrass mosaic virus	JGMV	<i>Potyvirus halapensis</i>	<i>Potyviridae</i>	<i>Potyvirus</i>	<i>Zea mays</i>	<i>Aphis craccivora</i>	No details	ICTV19911786	Stewart et al., 2017 ; Asiimwe et al., 2019

51	Tobacco etch virus	TEV	<i>Potyvirus nicotianainsculpe ntis</i>	<i>Potyviridae</i>	<i>Potyvirus</i>	<i>Nicotiana tabacum</i>	<i>Myzus persicae</i>	No details	ICTV19710261	Buyckx, 1962
52	Bean common mosaic necrosis virus	BCMN	<i>Potyvirus phaseoli</i>	<i>Potyviridae</i>	<i>Potyvirus</i>	<i>Phaseolus vulgaris</i>	<i>Acyrtosiphon pisum</i>	North and South Kivu, Ituri, Haut-Katanga	ICTV19951863	Ngombo, 2024
53	bean yellow mosaic virus	BYMV	<i>Potyvirus phaseololuteum</i>	<i>Potyviridae</i>	<i>Potyvirus</i>	<i>Phaseolus vulgaris</i>	<i>Acyrtosiphon pisum</i>	No details	ICTV19710251	Eppo, 1992
54	Bean common mosaic virus	BCMV	<i>Potyvirus phaseovulgaris</i>	<i>Potyviridae</i>	<i>Potyvirus</i>	<i>Phaseolus vulgaris</i>	<i>Acyrtosiphon pisum</i>	North and South Kivu, Ituri, Haut-Katanga	ICTV19991368	Barhahakana et al., 2014
55	Sugarcane mosaic virus	SCMV	<i>Potyvirus sacchari</i>	<i>Potyviridae</i>	<i>Potyvirus</i>	<i>Saccharum officinarum</i> , <i>Zea mays</i>	<i>Dactynotus ambrosiae</i>	South and North Kivu	ICTV19760782	Alegria et al., 2003
56	Yam mosaic virus	YMV	<i>Potyvirus yamteselati</i>	<i>Potyviridae</i>	<i>Potyvirus</i>	<i>Dioscorea alata</i>	<i>Aphis craccivora</i>	Tshopo	ICTV19911824	Adejumobi et al., 2022; Adjei et al., 2022
57	Maize dwarf mosaic virus	MDMV	<i>Potyvirus zeae</i>	<i>Potyviridae</i>	<i>Potyvirus</i>	<i>Zea mays</i>	<i>Schizaphis graminum</i>	No details	ICTV19911789	EPPO, 2026
58	Banana streak GF virus	BSGFV	<i>Badnavirus alphavirgamusae</i>	<i>Caulimoviridae</i>	<i>Badnavirus</i>	<i>Musa spp.</i>	<i>Planococcus citri</i>	Kongo-Central	ICTV20073386	Mukwa et al., 2016 ; Fidan & Koç, 2019
59	Banana streak IM virus	BSIMV	<i>Badnavirus betavirgamusae</i>	<i>Caulimoviridae</i>	<i>Badnavirus</i>	<i>Musa spp.</i>	<i>Planococcus citri</i>	No details	ICTV20141862	Mukwa et al., 2016 ; Fidan & Koç, 2019
60	Banana streak OL virus	BSOLV	<i>Badnavirus deltavirgamusae</i>	<i>Caulimoviridae</i>	<i>Badnavirus</i>	<i>Musa spp.</i>	<i>Planococcus citri</i>	Kongo-Central	ICTV20073388	Mukwa et al., 2016 ; Fidan & Koç, 2019
61	Banana streak UA virus	BSUAV	<i>Badnavirus epsilonvirgamusa e</i>	<i>Caulimoviridae</i>	<i>Badnavirus</i>	<i>Musa spp.</i>	<i>Planococcus citri</i>	No details	ICTV20141863	Fidan & Koç, 2019
62	Banana streak UL virus	BSULV	<i>Badnavirus etavirgamusae</i>	<i>Caulimoviridae</i>	<i>Badnavirus</i>	<i>Musa spp.</i>	<i>Planococcus citri</i>	No details	ICTV20141865	Fidan & Koç, 2019
63	Banana streak MY virus	BSMYV	<i>Badnavirus gammavirgamusa e</i>	<i>Caulimoviridae</i>	<i>Badnavirus</i>	<i>Musa spp.</i>	<i>Planococcus citri</i>	No details	ICTV20073387	Mukwa et al., 2016 ; Fidan & Koç, 2019
64	Banana streak NV virus	BSNVV	<i>Badnavirus iotavirgamusae</i>	<i>Caulimoviridae</i>	<i>Badnavirus</i>	<i>Musa spp.</i>	<i>Planococcus citri</i>	No details	ICTV20115414	Fidan & Koç, 2019
65	Banana streak UI virus	BSUIV	<i>Badnavirus zetavirgamusae</i>	<i>Caulimoviridae</i>	<i>Badnavirus</i>	<i>Musa spp.</i>	<i>Planococcus citri</i>	No details	ICTV20141864	Mukwa et al., 2016 ; Fidan & Koç, 2019
66	Satellite tobacco mosaic virus	TMVsV	<i>Virtovirus tabaci</i>	<i>Tomosaviridae</i>	<i>Virtovirus</i>	<i>Nicotiana tabacum</i>	No vector	No details	ICTV20154650	Buyckx, 1962
67	Banana bunchy top satellitevirus	BBTsV	<i>Babusatellite musae</i>	<i>Alphasatellitidae</i>	<i>Babusatellite</i>	<i>Musa spp.</i>	<i>Pentalonia nigronervosa</i>	Same distribution as BBTV	ICTV20175712	EPPO, 2026
68	Coconut cadang-cadang viroid	CCCVd	<i>Cocadviroid cadangi</i>	<i>Pospiviroidae</i>	<i>Cocadviroid</i>	<i>Elaeis guineensis</i>	No details	No details	ICTV19911894	DPVweb, s.d

69	Tobacco leaf curl betasatellite	TLCbV	<i>Betasatellite nicotianainvolutionis</i>	<i>Tolecusatelliti dae</i>	<i>Betasatellite</i>	<i>Nicotiana tabacum</i>	<i>Bemisia tabaci</i>	<i>No details</i>	ICTV20165465	Buyckx, 1962
70	Potato virus Y	PVY	<i>Potyvirus yituberosi</i>	<i>Potyviridae</i>	<i>Potyvirus</i>	<i>Solanum tuberosum</i>	<i>Myzus persicae</i>	<i>No details</i>	ICTV19710259	Buyckx, 1962
71	Tomato yellow leaf curl virus	<i>TYLCV</i>	<i>Begomovirus coheni</i>	<i>Geminiviridae</i>	<i>Begomovirus</i>	<i>Solanum lycopersicum</i>	<i>Bemisia tabaci</i>	<i>Kinshasa</i>	ICTV20073780	Mukwa et al., 2021

Développement d'une méthodologie pour appuyer l'analyse des risques des phytovirus en République démocratique du Congo.

Elie NTALE YA MUSHAGALUSA

Les maladies virales des plantes représentent une des contraintes majeures pour la production agricole et la sécurité alimentaire en République Démocratique du Congo (RDC). Malgré leur importance économique et phytosanitaire, les données relatives aux virus phytopathogènes présents dans le pays demeurent fragmentées, anciennes et souvent basées sur des nomenclatures dépassées. Ce mémoire a eu pour objectif de contribuer à une meilleure connaissance et surveillance des maladies virales des plantes en RDC à travers le développement d'une base de données centralisée, normalisée et exploitable des informations collectées sur virus phytopathogènes rapportés dans le pays, qui relie l'ancienne nomenclature aux standards taxonomiques actuels définis par l'ICTV.

Une revue bibliographique approfondie a été réalisée à partir d'articles scientifiques, rapports ainsi que d'anciennes bases de données virologiques a permis de recenser 71 virus phytopathogènes identifiés ou suspectés en RDC, répartie au sein de 19 familles virales et 30 genres distincts. Parmi ces virus, 70 espèces sont officiellement reconnues par l'ICTV tandis qu'une espèce récemment décrite, Cassava Congo chervavirus, demeure en cours de validation taxonomique.

Les résultats montrent une prédominance des familles *Potyviridae* et *Geminiviridae*, reflétant l'importance des virus transmis par les insectes vecteurs dans les agroécosystèmes tropicaux. Les cultures les plus affectées sont principalement le manioc (*Manihot esculenta*), le bananier (*Musa spp.*) et le tabac (*Nicotiana tabacum*). L'analyse des vecteurs met en évidence le rôle majeur de *Bemisia tabaci* dans la dissémination des virus recensés. La transmission végétative constitue le principal mode de propagation observé, suivie par la transmission mécanique ce qui constitue un facteur clé de la propagation et de maintien des infections virales dans les systèmes de production, rendant leur gestion particulièrement complexe.

Dans le cadre de cette étude, une plateforme web dénommée « Mlinzi », accessible via www.mlinzidata.com, a été développée afin de centraliser et valoriser les données collectées. Cette plateforme permet la consultation des informations taxonomiques, biologiques et épidémiologiques relatives aux virus des plantes présents en RDC et dans les pays voisins.

Par ailleurs, une analyse régionale a permis d'identifier 45 virus phytopathogènes déjà signalés dans les pays voisins mais non encore rapportés officiellement en RDC. La présence de vecteurs communs, les échanges transfrontaliers de matériel végétal et les conditions agroécologiques favorables suggèrent un risque d'introduction de ces virus sur le territoire national.

Ce travail constitue ainsi une contribution importante à la surveillance phytosanitaire, à la connaissance de la diversité virale et au développement d'outils numériques de gestion des maladies virales des plantes en République Démocratique du Congo.