**New Clostero Yam (Contig 6)**

MID-Genco03 (Yam VV567)

930548 paired reads, average length 193,5nt

188067 reads mapped on assembled genome (20,2% of reads), average length 214,2nt, average coverage 2596x (pas de région <8X)

Toutes les ORF sauf deux conserves. L’ORF P14 qui chez le LChV2 est exprimée par RT du stop de la Pol ou par un start non canonique n’est pas conservée. La dernière ORF (ORF9, P26) serait initiée sur un codon plus en aval que celui annoté pour le LChV2. Mais un start existe à cette position dans le LChV2, donc c’est peut être plutôt un problème d’annotation.

En prot, la P1b (Pol avec GDD) est homologue à 71% avec le LChV2. Nettement plus loin on trouve le BlVBaV (41%) et le GLRaV1 et 3 (39-40% sur une bonne part de la prot). On est clairement sur un **Ampelovirus nouveau**, à nommer.

**Cordyline virus 1 isolate (Contigs 20+111)**

MID-Genco03 (Yam VV567)

930548 paired reads, average length 193,5nt

32701 reads mapped on the assembled genome (3,5% of reads), average length 215,1nt, average coverage 406x (pas de région <8X)

Toutes les ORF validées, à l’exception de la petite ORF p6 entre la P70 et la P61, qui contient un frameshift (très nombreux reads couvrant la région, pas d’ambiguité) du fait d’une base en moins par rapport à la séquence du CoV1 de référence et est donc fortement tronquée. Est-ce une vraie ORF ou une vue de l’esprit dans la séquence de référence CoV1 ?

Sur la séquence nt disponible (génome quasi complet) on est a 83% d’identité avec le CoV1 de référence et donc bien sur **une souche diverente appartenant à l’espèce CoV1 dans le nouveau genre Velarivirus**.

**MID-Genco08 (Yam VV579)**

Contains the same two agents, with a coverage of 36x (new clostero) to 49x (Cordyline 1) coverage with many gaps.

The Cordyline 1 is present as a single isolate with is very slightly divergent from the one in VV567.

The new Clostero appears to be present as two closely related isolates, both closely related to the one in VV567.