



HAL
open science

Recherche de zones du génome impliquées dans la tolérance et/ou la résistance aux principaux pathogènes des maladies du bois au sein des variétés de vigne cultivées

Cedric Moisy, Timothée Flutre, Amandine Michon, Khadidiatou Fall, Gilles Berger, Yves Bertrand, Luc Bidel, Loic Le Cunff, Jean-Pierre Peros

► To cite this version:

Cedric Moisy, Timothée Flutre, Amandine Michon, Khadidiatou Fall, Gilles Berger, et al.. Recherche de zones du génome impliquées dans la tolérance et/ou la résistance aux principaux pathogènes des maladies du bois au sein des variétés de vigne cultivées. Journées Maladies du bois de la Vigne de l'Institut Français de la Vigne, Nov 2015, COLMAR, France. hal-02742085

HAL Id: hal-02742085

<https://hal.inrae.fr/hal-02742085>

Submitted on 3 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Recherche de zones du génome impliquées dans la tolérance et/ou la résistance aux principaux pathogènes des maladies du bois au sein des variétés de vigne cultivées

Cédric Moisy, T., Flutre, A. Michon, K. Fall, G. Berger, Y. Bertrand., Luc Bidel, Loïc Le Cunff et Jean-Pierre Péros

Equipe Diversité, Adaptation et Amélioration de la Vigne (DAAV), INRA, UMR AGAP, Montpellier SupAgro, Campus La Gaillarde, Bât 21, 4ème étage, 2 place Pierre Viala, 34060 Montpellier Cedex 1, France

Institut Français de la Vigne et du Vin, UMT Géno-Vigne®, Domaine de l’Espiguette - 30240 Le Grau du Roi, France

Contact : cedric.moisy@supagro.inra.fr

Plusieurs études et observations au vignoble ont révélé une variation de la réponse des vignes cultivées face aux maladies du bois. Cependant, l’intervention de facteurs génétiques dans cette variabilité reste à explorer. L’identification des bases génétiques et moléculaires de la tolérance aux pathogènes responsables de ces maladies apporterait des données précieuses pour les programmes d’amélioration variétale.

Notre projet vise donc à identifier des sources naturelles de tolérance ou résistance aux principaux pathogènes pionniers impliqués dans les maladies du bois chez la vigne. Il doit aussi permettre de développer des marqueurs moléculaires utilisables dans les futurs programmes de sélection ou dans ceux actuellement développés au sein de l’UMT Geno-vigne® et de l’INRA.

Pour cela, nous avons tout d’abord développé un test de phénotypage par PCR quantitative permettant de mesurer la biomasse des trois champignons pionniers *P. aleophilum* (PAL), *P. chlamydospora* (PCH) et *E. lata* (EL) dans le bois. Nous avons ensuite utilisé cet outil pour mesurer ce caractère sur un panel de diversité de 100 génotypes de vigne sélectionnés pour représenter la diversité génétique existante au sein de l’espèce *Vitis vinifera*. Dans le cas particulier d’EL, la corrélation entre le degré d’agressivité (mesure de symptômes sur bouture) et la quantité de champignon présente dans le bois (mesure par qPCR) après inoculation a été mesurée pour 24 souches précédemment identifiées comme présentant des caractères d’agressivité extrêmes. Le séquençage des génomes complets de ces souches doit nous permettre d’identifier les zones du génome responsables des différences d’agressivité chez EL.

Les résultats préliminaires obtenus sur le panel de diversité mettent en évidence une variation de la colonisation du bois par les champignons parmi les vignes testées. La part génétique de cette variation doit désormais être estimée afin de développer une approche de génétique d’association qui permettra d’identifier les zones du génome impliquées. Une fois ces régions génomiques localisées, d’autres approches complémentaires pourront être mises en œuvre afin d’étudier la fonction de ces zones d’intérêt et de développer des marqueurs pour la sélection variétale.