

P47. La Plateforme de biotechnologie de la vigne

Carine Schmitt¹, Mireille Perrin¹, Lydie Naegely¹, Isabelle Soustre-Gacougnolle², Jean E. Masson¹

¹ INRA Colmar, UMR 1131 Santé de la Vigne et Qualité du Vin, INRA-UDS, 28 rue de Herrlisheim, 68000 Colmar

² Université de Haute Alsace, Laboratoire Vigne, Biotechnologies et Environnement, (LVBE, EA3991), 33 rue de Herrlisheim, 68000 Colmar

carine.schmitt@colmar.inra.fr, mireille.perrin@colmar.inra.fr

Suite au séquençage du génome de la vigne, une forte demande en analyse fonctionnelle a émergé chez cette espèce. Une enquête réalisée auprès des différents acteurs (2008-2009) a permis d'estimer les besoins et de co-définir le mode de fonctionnement attendu par les laboratoires. La plateforme est fonctionnelle depuis le printemps 2010. Elle fait appel à une méthode de transformation génétique/régénération de la vigne optimisée adaptée notamment à la lignée de Pinot Noir (P.N.) 40024. La transformation est réalisée sur des cals embryogènes obtenus à partir du filet des anthères. De l'anthère jusqu'à l'obtention d'une plantule régénérée conforme à la plante d'origine, 8 mois sont nécessaires. Les cultures de cellules doivent être renouvelées tous les deux ans. La transformation par *Agrobacterium tumefaciens* est réalisée avec comme marqueurs de sélection soit la *Green Fluorescent Protein* (GFP), soit la résistance aux antibiotiques (hygromycine, kanamycine). La plateforme produit des plantes transgéniques indépendantes caractérisées par analyses moléculaires (RT-PCR) 10-12 mois environ après réception du gène à tester pour le laboratoire requérant. Nous présenterons la méthodologie de transformation, des résultats obtenus sur une analyse fonctionnelle de promoteur, un bilan des plantes déjà livrées aux laboratoires requérants ainsi que les autres savoir-faire, notamment sur l'introduction *in vitro* de génotypes venant de parcelles ou de conservatoires, la production de boutures à façons ou la réalisation d'assemblages par greffages *in vitro*.

Jaillon O et al. (2007) The grapevine genome sequence suggests ancestral hexaploidization in major angiosperm phyla. *Nature*. 449(7161):463-7.

Perrin M, Martin D, Joly, Demangeat G, This P, Masson JE (2001) Medium-dependent response of grapevine somatic embryogenic cells. *Plant Science*, Volume 161, Issue 1, 107-116.

Perrin M, Gertz C, Masson JE (2004) High efficiency initiation of regenerable embryogenic callus from anther filaments of 19-grapevine genotypes grown worldwide. *Plant Science*, Volume 167, Issue 6, 1343-1349.