

## **Incidence des méthodes de sélection sur la biodiversité et l'état sanitaire du Riesling**

Guillaume Arnold, Stéphanie Vuillaumé, Roxane Hardy, Monique Beuve,  
Frederique Pelsy, Olivier Lemaire, Gerard Demangeat, Jean-Louis Vézien

► **To cite this version:**

Guillaume Arnold, Stéphanie Vuillaumé, Roxane Hardy, Monique Beuve, Frederique Pelsy, et al..  
Incidence des méthodes de sélection sur la biodiversité et l'état sanitaire du Riesling. 1ère Rencontre  
du Nouveau Réseau Vigne et Vins Septentrional, Jul 2013, Colmar, France. 2013. hal-02810689

**HAL Id: hal-02810689**

**<https://hal.inrae.fr/hal-02810689>**

Submitted on 6 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.

# Incidence des méthodes de sélection sur la diversité génétique et l'état sanitaire du RIESLING B



Guillaume ARNOLD<sup>1</sup>, Stéphanie VILLAUME<sup>1</sup>, Roxanne HARDY<sup>1</sup>, Monique BEUVE<sup>2</sup>, Frédérique PELS<sup>2</sup>, Olivier LEMAIRE<sup>2</sup>, Gérard DEMANGEAT<sup>2</sup>, Christophe SCHNEIDER<sup>2</sup>, Jean-Louis VEZIEN<sup>1</sup>

1 : Conseil Interprofessionnel des Vins d'Alsace - 12 avenue de la Foire-Aux-Vins-BP 11217 - 68012 Colmar Cedex

2 : INRA-Université de Strasbourg, UMR 1131 Santé de la Vigne et Qualité du Vin - Biopôle - 28, rue de Herrlisheim - 68000 Colmar

## Introduction

Le phénotype d'une variété est conservé par la multiplication végétative (greffage-bouturage). Cependant, au fil des multiplications, l'accumulation de mutations d'une part et la contamination par des virus d'autre part, sont à l'origine d'une diversité intra-variétale exploitée par les sélectionneurs.

Deux grands types de sélections sont appliqués en viticulture : la sélection clonale, couplée à la mise en place de collections « conservatoire » et la sélection massale, pratiquée par les pépiniéristes. Dans cette étude nous cherchons à évaluer l'influence de ces méthodes de sélection sur la diversité génétique et l'état sanitaire du cépage Riesling.

## Matériels et méthodes

Quatre-vingt-seize origines de Riesling ont été prélevées au vignoble :

- 8 clones agréés : 49, 1089, 1090, 1091, 1092, 1094, 1096, 1097 CTPS
- 60 individus provenant de 3 sélections massales de pépiniéristes différents : SM1, SM2 et SM3
- 28 accessions prélevées aléatoirement dans la collection conservatoire de l'INRA de Colmar

L'analyse de la variabilité génétique a été réalisée à l'aide de 58 marqueurs microsatellites (SSR) dispersés sur 17 des 19 groupes de liaison de la carte génétique de référence.

L'analyse de l'état sanitaire a porté sur 18 espèces virales :

- Par la technique **ELISA** pour la détection des népovirus (GFLV, ArMV, RRV, SLRV, et TBRV) et de la Marbrure GFKV
- Par **RT-PCR** pour la détection de :
  - 8 virus de l'Enroulement (GLRaV-1, -2, -3, -4, -5, -6, -7 et -9)
  - 4 virus du Complexe du Bois Strié (GVA, GVB, GVD et GRSPaV)

## Résultats

### Variabilité génétique

- 1 allèle amplifié pour 16 marqueurs
- 2 allèles amplifiés pour 34 marqueurs
- 3 allèles amplifiés pour 4 marqueurs
- 4 allèles amplifiés pour 2 marqueurs
- 2 marqueurs n'ont pu être amplifiés

### Taux d'hétérozygotie du Riesling évalué à 71%

- 3 marqueurs polymorphes / 58 marqueurs testés
- 4 génotypes distincts :
  - **94% des individus partagent le même génotype (A)**
  - 4 génotypes distincts en collection conservatoire
  - 2 génotypes distincts dans la SM3
  - Le même génotype A pour les 8 clones agréés et les 40 individus de SM1 et SM2

### Etat sanitaire

- **10 virus non détectés** : GLRaV-4, -5, -6, -7, -9, GVD, GFLV, RRV, SLRV et TBRV
- **8 virus détectés** à des taux variables :
  - 100% de GRSPaV
  - **Forte prévalence de GVA et GLRaV-1 dans les SM**
  - **Les 8 clones agréés sont indemnes de viroses graves**

Génotypes	LTR3460-3'	LTR3460-5'	VMC2b11	Nbr d'origines
A	351	285	175	90
B	351-339	285	175	4
C	351	285	169-175	1
D	351	285-289	175	1

Tableau 1 : Distinctions des génotypes par 3 marqueurs polymorphes

Origines	A	B	C	D
Conservatoire	89,5%	3,5%	3,5%	3,5%
Clones agréés	100,0%	-	-	-
SM1	100,0%	-	-	-
SM2	100,0%	-	-	-
SM3	85,0%	15,0%	-	-

Tableau 2 : Répartition des génotypes en fonction des origines

Espèces virales	Conservatoire	Clones Ag.	SM1	SM2	SM3
GLRaV-1	3,6%	-	26,3%	26,3%	55,0%
GLRaV-2	10,7%	-	-	-	15,0%
GLRaV-3	-	-	5,3%	-	-
GVA	-	-	63,2%	73,7%	-
GVB	3,6%	-	-	-	5,0%
ArMV	-	-	-	-	5,0%
GFKV	21,4%	-	5,3%	10,5%	15,0%
GRSPaV	100,0%	100,0%	100,0%	100,0%	100,0%

Tableau 3 : Répartition des espèces virales en fonction des origines : en rouge les viroses « graves »

## Discussion et conclusion

Les méthodes de sélection ont un réel impact sur la diversité génétique et sur l'état sanitaire du Riesling. La collection conservatoire permet de maintenir un maximum de diversité génétique. Celle-ci est valorisée par le biais de la sélection clonale qui garantit l'origine génétique et l'état sanitaire du matériel végétal diffusé. Les sélections massales présentent dans la majorité des cas une diversité génétique comparable aux clones agréés. Par contre, elles sont fortement contaminées par les virus, particulièrement par l'enroulement, transmis au vignoble par les cochenilles.