

Caractérisation physiologique et génétique de la diversité intraspécifique chez *Oenococcus Oeni*

Vincent Renouf, Olivier Claisse, Aline Lonvaud-Funel

► **To cite this version:**

Vincent Renouf, Olivier Claisse, Aline Lonvaud-Funel. Caractérisation physiologique et génétique de la diversité intraspécifique chez *Oenococcus Oeni*. 8. Symposium International d'Œnologie "Œno 2007", Jun 2007, Talence, France. 1 p., 2007. hal-02824039

HAL Id: hal-02824039

<https://hal.inrae.fr/hal-02824039>

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.

CARACTERISATION DES SOUCHES D'*OENOCOCCUS OENI* EN FONCTION DE LA DIVERSITÉ INTRASPECIFIQUE CHEZ *OENOCOCCUS OENI*

Vincent RENOUF^(1,*), Olivier CLAISSE⁽¹⁾ et Aline LONVAUD-FUNEL⁽¹⁾

⁽¹⁾UMR 1219 oenologie; Université Victor Segalen Bordeaux2; INRA; ISVV, 351 cours de la libération, F-33405 Talence

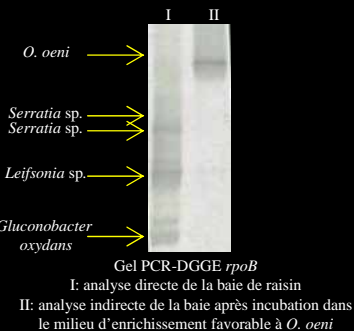
^(*) Adresse actuelle UMR 1287 Ecophysiologie et Génomique Fonctionnelle de la Vigne; ENITA de Bordeaux; ISVV, F-33175 Gradignan
v-renouf@enitab.fr



Introduction

Oenococcus oeni est l'espèce bactérienne d'intérêt œnologique. Elle assure la fermentation malolactique, étape clef de l'élaboration des vins. Anciennement *Leuconostoc oenos*, *O. oeni* a été classée dans le genre *Oenococcus* distinct des genres *Weissella* et *Leuconostoc* à la suite des analyses phylogénétiques basées sur la séquence du 16S rARN. Depuis de nombreux travaux sont réalisés pour mieux connaître cette espèce. Des progrès sont attendus pour améliorer l'efficacité des levains malolactiques utilisés par les vignerons.

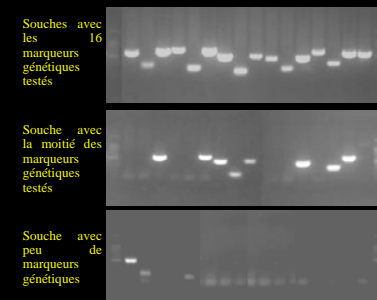
Origine des *O. oeni* du vin



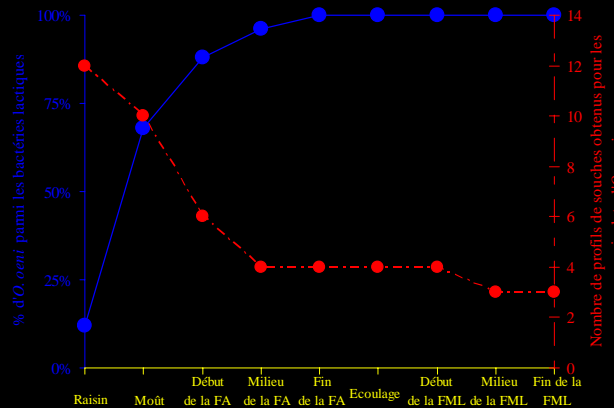
L'origine naturelle des *O. oeni* de la vinification est le raisin lui-même. L'utilisation d'un milieu d'enrichissement permet de détecter de façon quasi-systématique l'espèce *O. oeni* au vignoble. Bien qu'en faible population, *O. oeni* est déjà présente à la surface de la baie de raisin aux moments des vendanges.

Evolution de la diversité durant la vinification

Après le foulage des baies, *O. oeni* trouve des conditions plus favorables. Au sein de l'espèce, les capacités de survie et de croissance sont très variables selon les souches. Plus le vin devient toxique et carencé, plus la diversité intraspécifique diminue. La FML est réalisée par les souches les mieux adaptées qui survivent à l'effet sélectif de la fermentation alcoolique.

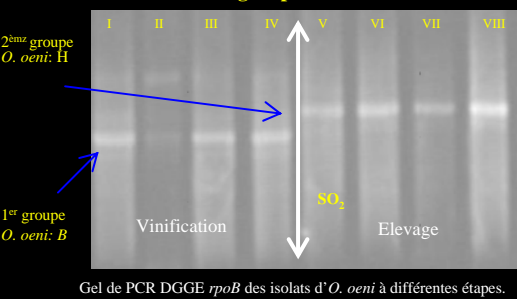


Tests de présence de 16 gènes d'intérêt par PCR

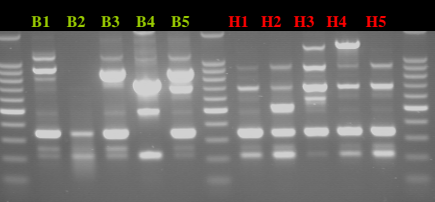


La sélection sous l'effet des changements du milieu reflète les différences génétiques entre les souches, comme le montre ci-contre les tests de présence par PCR de marqueurs génétiques. Parmi les gènes ciblés certains sont connus pour intervenir dans les situations de stress (*trxA*...)

Mise en évidence de deux groupes de souches d'*O. oeni*



Les souches B répondent favorablement aux changements subits lors des fermentations et les souches H sont plus résistantes durant l'élevage. D'autres différences vis-à-vis de composés inhibiteurs: antibiotiques, composés œnologiques de stabilisation... confirment des caractéristiques physiologiques propres à chaque groupe.



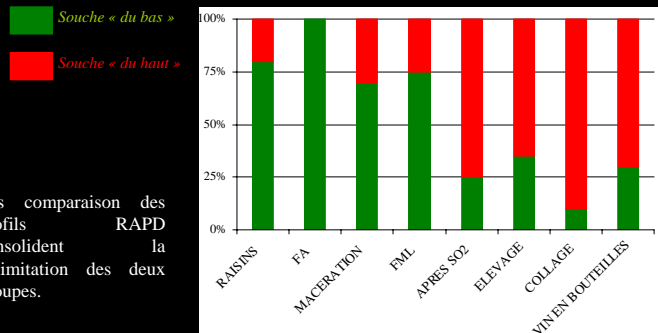
L'analyse MLST de certains gènes: *rpoC*, *ctsR*, *clpL*, *trxA*, *mleA*, *gyrB*, renforce les ressemblances entre les souches B d'un côté les souches H de l'autre. Ces séquences obtenues mises bout à bout permettent clairement de distinguer les souches B et les souches H comme le montre l'arbre phylogénétique des plus proches voisins.

Conclusion

Ces observations soulèvent la question de l'importance de la diversité intraspécifique chez *O. oeni*. Des gènes ou régions du génome mal caractérisées déterminent des différences physiologiques et de capacité d'adaptation. Ils sont distribués dans l'espèce de sorte que l'analyse intraspécifique fait apparaître deux grands groupes de souches pour lesquels l'analyse MLST, RAPD, *rpoB* et les tests phénotypiques concordent. Ces travaux d'étude de la diversité intraspécifique d'*O. oeni* devraient permettre de mieux appréhender la mise en œuvre de la FML des vins et d'améliorer la sélection des souches les plus efficaces. Il faut aussi à s'interroger sur les mécanismes moléculaires et les circonstances qui concourent à ces différences physiologiques et génétiques qui pourraient même aboutir à la division des souches *O. oeni* en plusieurs sous-espèces.

Lors des suivis par PCR-DGGE, la migration de l'amplifiat *rpoB* est différente pour les souches isolées avant et après sulfitage. Avant le sulfitage, les souches d'*O. oeni* majoritaires ont un front de migration plus bas que celles qui dominent ensuite. La différence porte sur un seul nucléotide.

La mutation n'est pas l'effet du SO₂ car les deux types de populations existent dès la vendange. Le graphique ci-dessous montre le suivi de plusieurs centaines d'isolats d'*O. oeni* par PCR Taqman® avec des sondes dirigées spécifiquement sur la mutation.



La comparaison des profils RAPD consolide la délimitation des deux groupes.

