



**HAL**  
open science

# La caractérisation des levures *Saccharomyces cerevisiae* de vin par les microsatellites suggère qu'elles se sont répandues à travers le monde avec l'extension de la vigne

Jean-Luc Legras, Didier Merdinoglu, Francis F. Karst

## ► To cite this version:

Jean-Luc Legras, Didier Merdinoglu, Francis F. Karst. La caractérisation des levures *Saccharomyces cerevisiae* de vin par les microsatellites suggère qu'elles se sont répandues à travers le monde avec l'extension de la vigne. 1. Rencontre du Nouveau Réseau Vigne et Vins Septentrional (RVVS), 2004, Colmar, France. hal-02826766

**HAL Id: hal-02826766**

**<https://hal.inrae.fr/hal-02826766>**

Submitted on 7 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.

# La caractérisation des levures *Saccharomyces cerevisiae* de vin par les microsatellites suggère qu'elles se sont répandues à travers le monde avec l'extension de la vigne

LEGRAS Jean-Luc, MERDINOGLU Didier et KARST Francis  
UMR 1131 INRA-ULP - Colmar, France

## Introduction :

Les levures ont été utilisées dans le monde pour la fermentation de toute sorte de substrats sucrés. Les historiens pensent que la viticulture a commencé dans le Caucase et en Mésopotamie en 6000 avt JC. Depuis cette période, la culture de la vigne s'est répandue dans le monde jusqu'au 19<sup>ème</sup> siècle. Pourtant, on ne sait pas dire aujourd'hui si les levures proviennent des vignes ou d'une population locale de *S. cerevisiae*. Parmi les outils génétiques développés récemment, les microsatellites ont montré leur utilité pour les études de structure de populations, en particulier pour des microorganismes comme *Candida albicans* pour *Coccidioides immitis*.

Ce travail présente l'analyse faite avec 12 loci microsatellites sur 420 souches, isolées dans différents vignobles, ou chais des différents continents, tout comme des levures provenant d'autres boissons, ou de panification. Nous présentons le niveau de ploïdie des différents souches, et ensuite le lien entre caractéristiques génétiques et origines technologiques.

## Matériels et Methodes :

- Souches: les souches de levures ont été obtenues de différentes collections françaises INRA : UMRVVA Colmar, UMR SPO Montpellier, SRC Rennes, URTPV Antilles, Clib INA-PG ; de collections de régionales vinicoles ITV Nantes, BNIC à Cognac, InterRhône à Avignon; de collections industrielles, et de plusieurs collections étrangères CBS, MUCL, NRIB Japan, D.W.I. Geisenheim, Université de Florence, Université de Taragonne... Elles ont été isolées dans différents milieux fermentaires en Asie, Afrique, Australie, Amérique, et Europe.
- Loci microsatellites : les différents loci testés ici ont été décrits précédemment (1 to 4) et récemment évalués pour leur polymorphisme. Six loci très polymorphes et six loci peu polymorphes ont été choisis.
- Analyses statistiques : Les distances génétiques entre individus et les dendrogrammes ont été calculées avec NTSYSPC v2.02. Les distances génétiques de Fst basées sur les fréquences alléliques ont été calculées avec le logiciel Microsat après 25000 bootstrap.

## Niveau de ploïdie révélé par l'analyse des microsatellites

Nous avons observé des niveaux de ploïdie différents suivant les groupes (tableau 1). De nombreuses souches de pain et de bière présentaient 3 ou 4 allèles pour plusieurs loci suggérant une tétraploïdie. En revanche, seulement 10% des souches de vin présentaient plus de 2 allèles par locus ce qui suggère une moins grande complexité de ces souches.

**Tableau 1** : Nombre maximal d'allèles détectés par souche en fonction de l'origine des levures

Origine	Nbre de souches testées	Souches avec			
		1 allèle max	2 allèles max	3 allèles max	4 allèles max
Vigne et Vin					
Alsace	56	16	33	1	4
Cognac	27	15	12	0	0
Nantes	19	9	8	2	0
Montpellier	21	9	12	0	0
Rhône	21	1	19	0	1
Italie	34	6	25	1	1
Autriche	17	2	11	3	1
Allemagne	13	1	12	0	0
Espagne	23	3	16	2	2
USA	10	2	8	0	0
autres origines	60	16	31	7	6
<b>Total vin</b>	<b>301</b>	<b>80</b>	<b>187</b>	<b>16</b>	<b>15</b>
Bière (Belgique et Royaume Uni)	4	75	25	0	0
Pain (divers)	27	1	8	5	13
Vin de palme (Nigéria)	12	2	8	1	2
Rhum (Antilles)	15	3	8	9	0
Distillerie (Brésil)	8	2	4	1	1
Diverses Chine	19	2	8	9	0
Saké (Japon)	10	5	4	1	0

## Caractérisation des levures de différentes origines

Les distances génétiques mesurées entre 420 individus (coefficient de Dice) montrent une structure claire différenciant 95% des levures de vigne et de vin des autres isolats. La partie supérieure de l'arbre simplifié en figure 2 rassemble la plupart des souches de levure de vigne et de vin isolées en Turquie, Australie, France, Italie, Espagne, Afrique du Sud, aux USA ... Les souches de laboratoire sont regroupées dans la partie basse de cet arbre.

Le coefficient Fst calculé entre les groupes de souches de même origine confirme ce résultat qui est présenté sous forme d'un arbre (fig. 2). Les distances les plus élevées sont observées pour les souches japonaises de saké ou les souches nigériennes de vin de palme.

## Conclusion :

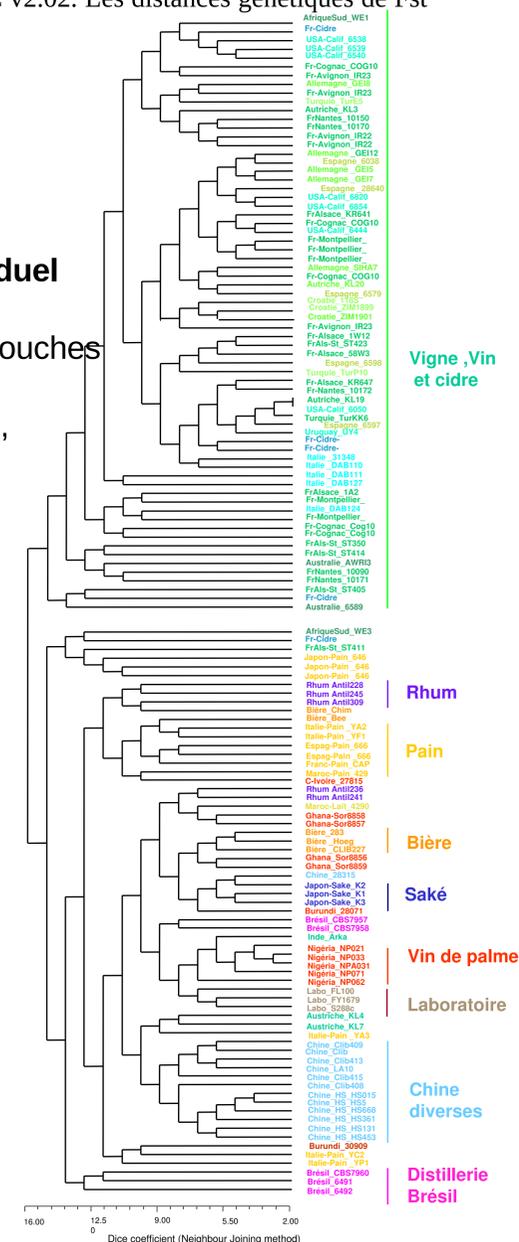
Nos données montrent que les souches de levure diffèrent du point de vue génétique en fonction de leur origine technologique. Certains aspects étaient déjà connus du point de vue de l'histoire des levures (similarité entre souches de pain et de bière). **Cependant pour les souches de vin, nos données suggèrent que les souches de levure ont une origine commune résultant de l'expansion de la culture de la vigne *Vitis vinifera*.**

**En conséquence, les données du génome de *S. cerevisiae* devraient être interprétées en ayant à l'esprit l'origine des souches.**

## Références :

- Hennequin, C., et al. (2001). J. Clin. Microbiol., (39) 551-559.
- Perez, M.A., Gallego, F.J., Martinez, I. & Hidalgo, P.; (2001). Letters Appl. Microbiol., (33) 461-466.
- Tecchera, A.G, Jubany, S., Carrau, F.M. et Gaggero, C.; (2001). Letters Appl. Microbiol., (33) 71-75.
- Legras J.L., Ruh O., Merdinoglu D., & Karst F. (2003). Int. J. Food Microbiol. soumis

**Fig 1**: Arbre individuel simplifié obtenu en caractérisant 120 souches avec 12 loci (coefficient de Dice, Neighbour joining)



**Fig. 2** : Arbre obtenu à partir du calcul des Fst entre les groupes de souches. (La taille des groupes est donnée dans le tableau 1 sauf pour l'Alsace : 2 groupes de 50 et 17souches)

