HAL open science

Utilisation de la diversité naturelle de la vigne pour l'étude des caractères d'adaptation

Agnes Doligez, Vincent Segura, Nicolas Saurin, Aude Coupel-Ledru, Charles Romieu, Loic Lecunff, Adrianus Johannes Westgeest, Eva Coindre, Laurine Chir, Flora Tavernier, et al.

To cite this version:

Agnes Doligez, Vincent Segura, Nicolas Saurin, Aude Coupel-Ledru, Charles Romieu, et al.. Utilisation de la diversité naturelle de la vigne pour l'étude des caractères d'adaptation. 14e Journée Scientifique Vigne-Vin (JSVV 2023), L'Institut Agro Montpellier; INRAE; Université de Montpellier, Mar 2023, Montpellier, France. pp.54-59. hal-04189361

HAL Id: hal-04189361

https://hal.inrae.fr/hal-04189361

Submitted on 28 Aug 2023

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.

Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial - NoDerivatives 4.0 International License

16 mars 2023 | L'Institut Agro Montpellier

2023

JOURNEE SCIENTIFIQUE VIGNE - VIN

MONTPELLIER VINE & WINE SCIENCES

LES ACTES SCIENTIFIQUES

LA BIODIVERSITE
en Viticulture & Œnologie

L'INSTITUT agro Montpellier

INRAE la science pour la vie, l'humain, la terre

UNIVERSITÉ DE MONTPELLIER

Utilisation de la diversité naturelle de la vigne pour l'étude des caractères d'adaptation

Agnès DOLIGEZ[1,2], Vincent SEGURA[1, 2], Nicolas SAURIN[3], Anne COUPEL-LEDRU[4], Charles ROMIEU[1, 2], Loic Le CUNFF[2, 5], AJ WESTGEEST[4], E. COINDRE[1, 4], L. CHIR[4], F. TAVERNIER[1, 2], Cécile MARCHAL[6], M. FALCON[1, 4], F. GAVANON[4], M. LIS[4], L. CABRERA-BOSQUET[4], Timothée FLUTRE[1, 2, 7], Florent PANTIN[4], Dominique THIS[1, 2], Roberto BACILIERI[1, 2], Laurent TORREGROSA[2, 3, 4], Thierry LACOMBE[1, 2, 6], Thierry SIMONNEAU[4], Patrice THIS[1]

[1] AGAP Institut, Univ. Montpellier, CIRAD, INRAE, Institut Agro Montpellier
[2] UMT Geno-Vigne®, IFV, INRAE, Institut Agro Montpellier, Montpellier
[3] UE Pech Rouge, Univ. Montpellier, INRAE, Gruissan
[4] LEPSE, Univ. Montpellier, INRAE, Institut Agro Montpellier, Montpellier
[5] Institut Français de la Vigne et du Vin, Montpellier
[6] Grapevine Biological Resources Center, INRAE, Unité Expérimentale Domaine de Vassal, Marseillan
[7] Université Paris-Saclay, INRAE, CNRS, AgroParisTech, GQE – Le Moulon, Gif-sur-Yvette

Contact : agnes.doligez@inrae.fr

Introduction

Pour garantir sa durabilité, la viticulture doit réduire sa dépendance vis-à-vis des fertilisants et produits phytosanitaires, tout en s'adaptant aux contraintes abiotiques imposées par le changement climatique (sécheresse, augmentation des températures, gels tardifs, canicules, etc.). La sélection variétale est l'une des voies les plus prometteuses pour répondre à ce double défi. La sélection assistée par marqueurs moléculaires a déjà permis de sélectionner relativement rapidement des nouvelles variétés cumulant plusieurs facteurs de résistance à l'oïdium et au mildiou, caractères au déterminisme génétique plutôt simple. Mais étant donné la nécessité de gérer l'équilibre pérennité/production et les multiples composantes de la qualité du raisin et du vin, les caractères d'adaptation aux contraintes abiotiques sont plus complexes à analyser et à prendre en compte dans les schémas de sélection. Il est donc indispensable de mieux connaître le déterminisme génétique et physiologique de ces caractères pour développer une création variétale plus rapide et efficace.

Jusqu'à présent, peu d'études ont exploré les bases génétiques de la réponse aux stress abiotiques chez la vigne (Marguerit *et al.*, 2012, Coupel-Ledru *et al.*, 2014, 2016, Trenti *et al.*, 2021). Seules quelques études sur le déficit hydrique et sur des caractères végétatifs ont été conduites, souvent à partir d'une diversité génétique très restreinte (descendants de croisements bi-parentaux). Notre connaissance approfondie de la diversité génétique de la vigne nous permet pourtant de développer des recherches plus exhaustives et plus précises sur le déterminisme génétique de la réponse de la vigne aux contraintes abiotiques

Taxonomie

Le genre *Vitis* est le seul des 21 genres de la famille des Vitacées qui soit utilisé en agriculture. Il contient environ 50 espèces asiatiques et 25 nord-américaines, et une seule espèce eurasiatique, *V. vinifera*, qui est la principale espèce cultivée. Cette dernière est composée de deux compartiments, un sauvage (sous-espèce *sylvestris*, ou lambrusques) et un cultivé (sous-espèce *vinifera*). Le nombre de variétés cultivées, ou cépages, est estimé à environ 6000.

Le CRB-Vigne de Vassal-Montpellier, une collection majeure de ressources génétiques de la vigne

Le Centre de Ressources Biologiques de la Vigne (CRB-Vigne) est situé au Domaine INRAE de Vassal, à Marseillan dans l'Hérault (**Figure 1**). Conservatoire de référence au niveau international, il assure la conservation *in situ* de plus de 8000 accessions de *Vitis*, dont environ : 6000 accessions de *V. vinifera* cultivées (cépages) en provenance de plus de 50 pays du monde (Bacilieri *et al.*, 2013), 1000 hybrides producteurs, 500 porte-greffes, 400 *V. vinifera* sauvages (lambrusques), et 300 représentants d'espèces sauvages de Vitacées. Chaque accession est représentée par une placette de cinq souches, sur une surface totale de 12 ha. Des prospections et des échanges sont régulièrement réalisés pour récupérer du nouveau matériel intéressant (Péros *et al.*, 2021).

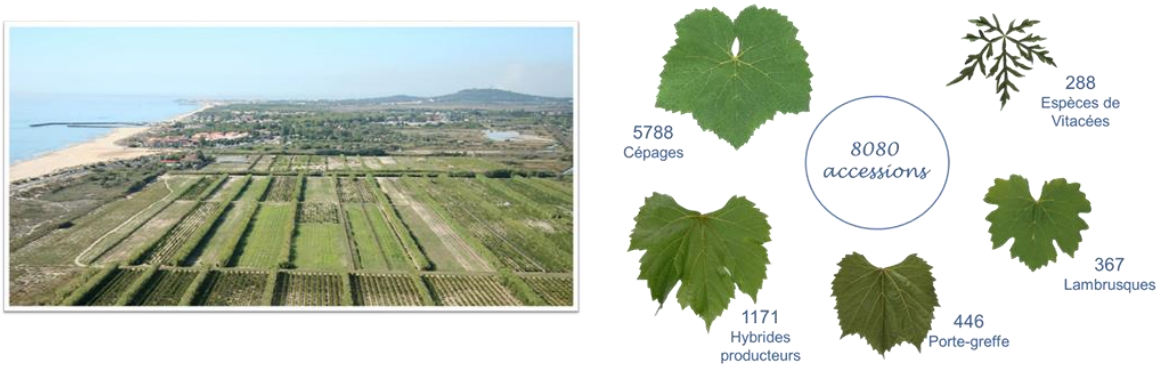
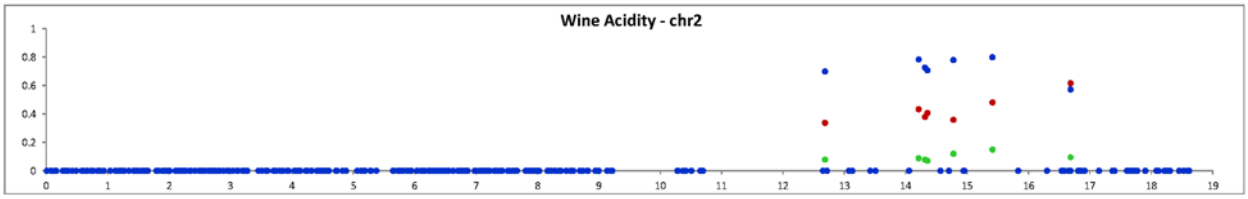


Figure 1. Le CRB-Vigne du Domaine de Vassal et le nombre d'accessions de vignes conservées.

Le CRB-Vigne est entièrement dédié à la conservation, la caractérisation et la valorisation des ressources génétiques de la vigne. De **nombreuses données** ont été accumulées depuis plus de 50 ans sur les accessions conservées : données passeport telles que provenance ou utilisation ; descripteurs ampélographiques ; données de génotypage à de nombreux marqueurs moléculaires (Laucou *et al.*, 2011, Laucou *et al*., 2018, Dong *et al*., 2023) ; données phénotypiques pour plusieurs caractères d'intérêt viticole (phénologie, composantes du rendement, vigueur, port des rameaux, composition des baies et des vins), notés sur plusieurs années.

Pour *V. vinifera*, l'**analyse des données** moléculaires a permis d'obtenir une identification fiable des accessions et de déterminer les liens d'apparentement entre les différents cépages (Lacombe *et al*. 2013). L'analyse des données phénotypiques, notamment pour quelques caractères viticoles importants tels que stabilité du rendement, phénologie, composition en sucres, acides, et composés phénoliques, a permis d'obtenir des premiers résultats sur la distribution de leur variabilité (Boursiquot *et al*., 1995), leurs corrélations, leur évolution dans le temps, et de trouver quelques régions du génome impliquées dans leur contrôle (Laucou *et al.*, 2018) (**Figure 2**). Ces données contribuent également à l'analyse fonctionnelle de gènes candidats par l'étude de leur diversité et de leur évolution.



Emplacement sur le chromosome (en Mb)

Figure 2. Zone du génome (QTL) impliqué dans le contrôle génétique de l'acidité du vin (Laucou et al 2018). Les points verts représentent le niveau d'association entre le génome et le caractère (r^2), et les points rouges et bleus l'effet de l'allèle mineur et majeur, respectivement**.**

Une caractérisation phénotypique plus exhaustive et plus précise est nécessaire pour étudier le déterminisme génétique des caractères d'intérêt pour l'adaptation (mesure de caractères supplémentaires, complexes, lourds à mesurer, avec plusieurs répétitions, dans différents environnements). Ceci n'est pas réalisable dans la collection, du fait de l'hétérogénéité du matériel végétal (variétés plantées sur différentes années) et de l'absence de répétitions expérimentales.

Panels de diversité pour l'étude des caractères d'adaptation

Les connaissances déjà accumulées au sein du CRB-Vigne, tant génotypiques que phénotypiques, ont permis de définir des panels d'étude de taille restreinte mais représentatifs de la diversité globale et/ou de ses extrêmes, qui peuvent ensuite être étudiés plus finement. Un premier panel (core-collection emboîtée) de 141 cépages a été défini (Le Cunff *et al.*, 2008) et utilisé pour l'étude des bases génétiques de la composition en anthocyanes (Fournier-Level *et al.*, 2009) et en tannins (Huang *et al.*, 2012). Ce focus sur un échantillon restreint a permis d'effectuer des mesures lourdes (dosages biochimiques), mais uniquement sur les plantes en collection à Vassal. Seuls des panels répliqués et plantés dans différents sites ou soumis à différents niveaux de stress abiotiques peuvent permettre d'obtenir des données précises sur des caractères plus directement liés à l'adaptation.

Deux panels spécifiques définis récemment (« 279 » et « SelGenVit ») ont été plantés en conditions viticoles près de Montpellier, avec comme objectifs i) de trouver les gènes impliqués dans la variabilité de la réponse aux stress abiotiques et ii) de pouvoir prédire cette réponse à partir d'informations génomiques ou phénomiques, le but final étant d'optimiser les programmes de sélection pour ces caractères.

D'autres échantillons, constitués de génotypes sauvages (« lambrusques ») ou de cépages extrêmes pour l'adaptation au changement climatique, notamment en lien avec la phénologie (« panel-C4 », Boursiquot *et al.*, 2018), ne sont pas implantés en conditions d'expérimentation viticole, mais les caractères d'adaptation naturelle ou historique aux conditions pédo-climatiques dans leur environnement d'origine peuvent être suivis par des méthodes de génétique des populations.

Panel « 279 »

Cet échantillon de 279 variétés de *V. vinifera* a été défini à partir d'un petit nombre de marqueurs moléculaires très informatifs (Nicolas *et al.*, 2016). Il visait à mieux équilibrer la représentation des trois principaux groupes génétiques existant chez cette espèce (WW = Cuve Ouest, WE = Cuve Est, TE = Table Est) par rapport au premier panel défini (core collection) et à minimiser les apparentements au sein de ces groupes (**Figure 3**). Il capture une grande part de la variabilité phénotypique mesurée à Vassal pour plusieurs caractères liés au rendement, à la phénologie, ou à la composition des baies.

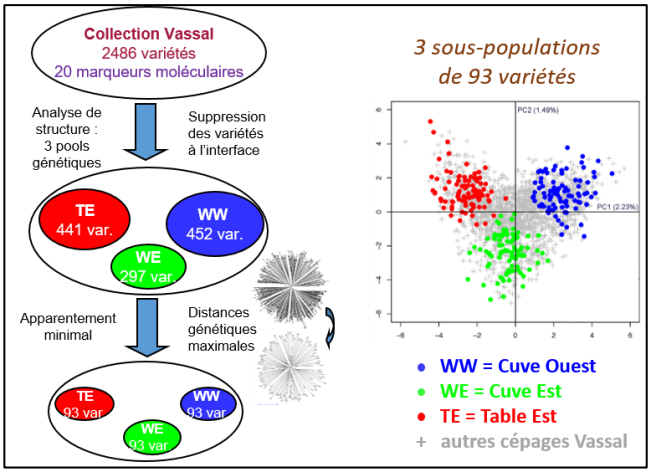


Figure 3. Définition du panel 279 à partir des variétés *V. vinifera* du CRB-Vigne (Nicolas et al. 2016).

Ce panel a ensuite été génotypé pour un très grand nombre de marqueurs moléculaires répartis sur l'ensemble du génome (63 000 SNP ; Flutre *et al.*, 2022). Plus d'un million de marqueurs SNP supplémentaires ont ensuite été obtenus par imputation à partir des données de séquençage du génome entier déjà disponibles sur 60 des 279 variétés du panel (Dong *et al.*, 2023).

Deux études de grande ampleur ont été menées sur ce panel, l'une au champ, l'autre en serre.
La première visait d'une part à démontrer l'intérêt de ce panel pour obtenir des informations sur le contrôle génétique de quelques caractères simples à mesurer, et d'autre part à décrire la variabilité et l'architecture génétique de la composition des baies en composés phénoliques (Pinasseau *et al.*, 2017, Flutre *et al.*, 2022) dans deux conditions hydriques. Le panel était sur-greffé au Domaine Expérimental Institut Agro du Chapître (Villeneuve-lès-Maguelone, Hérault), avec cinq répétitions de placettes d'une seule souche. De nombreuses zones du génome associées à la variabilité de ces caractères (QTL) et contenant des gènes candidats intéressants ont été trouvés, démontrant l'intérêt de ce panel pour les études génétiques. Par exemple, un nouveau QTL pour la concentration en acide malique a été trouvé sur le chromosome 12, et un autre pour le $\delta^{13}C$ des moûts (caractère intégrant le vécu hydrique de la vigne au cours de son cycle reproducteur) sur le chromosome 8. Des résultats préliminaires de prédiction génomique et phénomique utilisant ce panel pour entraîner des modèles sont également prometteurs (Flutre *et al.*, 2022 ; Brault *et al.*, 2022a,b).

La deuxième étude (ANR G2WAS) a pour objectif de trouver des déterminants génétiques, physiologiques, et moléculaires de la réponse au déficit hydrique, en particulier au niveau de l'allocation du carbone entre les différents organes. Trois niveaux hydriques (besoins en eau satisfaits, déficit modéré, déficit fort) ont été appliqués pendant la maturation des raisins sur deux répétitions des variétés du panel, plantées en pots et phénotypées sur la plateforme de phénotypage haut-débit PhenoArch (https://www6.montpellier.inrae.fr/lepse/Plateformes-de-phenotypage-M3P/Montpellier-Plant-Phenotyping-Platforms-M3P/PhenoArch). De nombreuses données ont été récoltées sur le fonctionnement foliaire, la biomasse des différents compartiments végétatifs et reproducteurs, et le développement des baies, confirmant la très grande variabilité génétique présente pour tous ces caractères au sein du panel et la sensibilité au déficit hydrique pour plusieurs d'entre eux (**Figure 4**). Ces données sont en cours d'analyse. Lors des années de préparation des plantes en pots à l'extérieur pour cette expérimentation, d'autres analyses ont permis la détection de QTL liés à la transpiration et aux brûlures foliaires induites par le pic de chaleur de juin 2019 (en préparation).

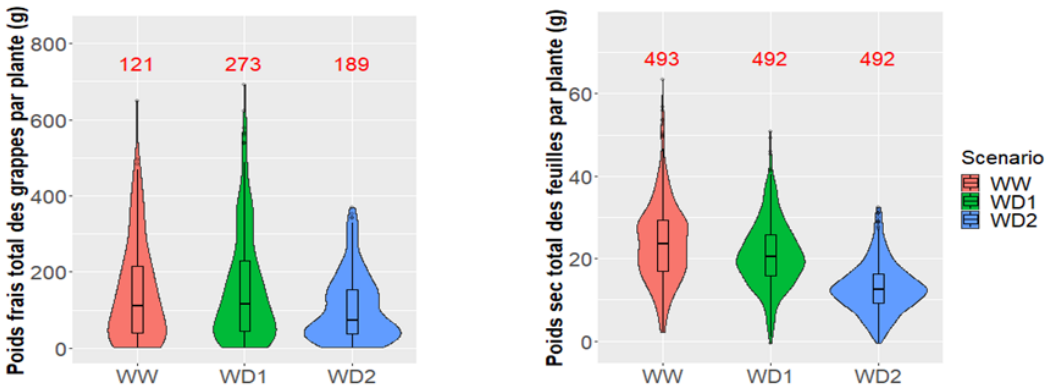


Figure 4. Distribution du poids frais total des grappes (A) et du poids sec total des feuilles (B) par plante, après application de 3 régimes hydriques pendant la maturation dans PhenoArch (scénario : WW = besoins en eau satisfaits, WD1 = déficit modéré, WD2 = déficit fort).

Ce panel est **implanté au champ à l'Unité Expérimentale INRAE de Pech-Rouge** depuis 2021 avec quatre répétitions de placettes de cinq souches, qui permettront d'appliquer deux niveaux hydriques différents tout en garantissant une bonne précision d'estimation des caractères ciblés (**Figure 5**). Il est aussi en cours d'implantation dans plusieurs autres sites de pays partenaires, aux conditions pédo-

climatiques variées (Espagne, Allemagne, Italie, Croatie, Israël, Chili). Ce **dispositif multi-sites** servira à étudier les interactions entre les génotypes et différents facteurs de l'environnement.

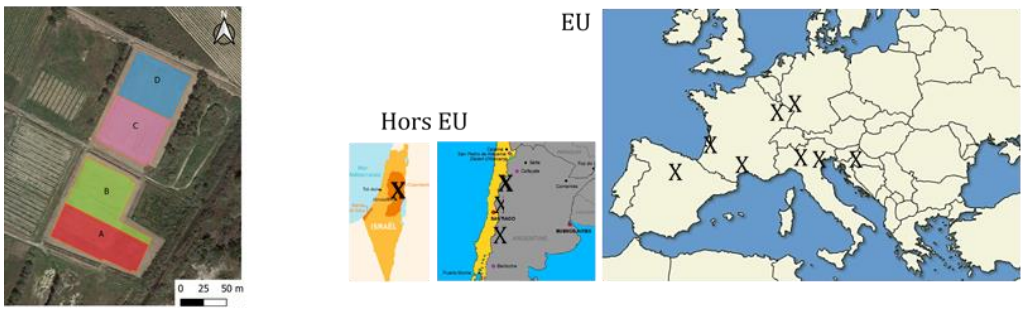


Figure 5. Implantation du panel 279 à l'Unité Expérimentale de Pech-Rouge (A) et réseau international multi-sites (B).

Panel « SelGenVit »

Ce panel de 190 génotypes a été conçu comme un panel de référence pouvant servir pour prédire, à partir du génome ou de spectres dans le proche infra-rouge, la valeur des nouvelles plantes issues de croisement dans les programmes de sélection. Il inclut : i) tous les parents et des descendants des programmes INRAE ResDur et IFV de sélection de variétés résistantes à l'oïdium et au mildiou, ii) des cépages français emblématiques des différentes régions viticoles, et iii) des variétés parmi celles reconnues empiriquement comme étant les mieux adaptées aux climats chauds et secs dans l'aire de répartition de la vigne cultivée (une partie du panel-C4, Boursiquot *et al.*, 2018).
Le panel SelGenVit a été planté au champ en 2021 et 2022 avec trois répétitions de placettes de trois souches, dans quatre sites : au Domaine de Maspiquet (Grabels, Hérault), à la SICAREX Beaujolais (Villefranche sur Saône, Rhône), à l'Unité Expérimentale INRAE SEAV (Bergheim, Haut-Rhin), et à l'INRAE de Colmar (Haut-Rhin). Il a été génotypé par re-séquençage de génome entier. Son implantation multi-sites permettra également d'étudier les interactions génotype x environnement.

Conclusion et perspectives

La connaissance approfondie de la diversité génétique de la vigne a permis de définir plusieurs panels, dont deux plantés au champ qui permettront d'ici quelques années d'obtenir des données robustes sur le contrôle de certains caractères impliqués dans l'adaptation par étude de génétique d'association, et d'autres panels permettant la recherche de traces de sélection pour l'adaptation en lien avec leur implantation naturelle/géographique, en vue de guider la création des variétés de demain.
Un nouveau projet de séquençage du panel 279 et du panel-C4 permettra d'étendre le génotypage aux variations structurales, afin de déceler un plus grand nombre de polymorphismes du génome impliqués dans la réponse de la vigne aux stress abiotiques (projet PlastiVigne, défi clé Vinid'Occ, Région Occitanie). Un autre projet permettra de trouver des marqueurs d'adaptation des vignes sauvages aux conditions climatiques, qui pourront ensuite être testés chez la vigne cultivée (projet FruitRescue, fondation BNP). A plus long terme, des sources génétiques d'adaptation aux contraintes climatiques futures pourront également être recherchées chez d'autres espèces de Vitis moins bien connues aujourd'hui.

Remerciements

Merci à toutes les personnes des équipes DAAV de l'UMR AGAP institut, ETAP de l'UMR LEPSE, et du CRB-Vigne de Vassal-Montpellier, de la Chambre d'Agriculture de l'Aude ainsi qu'aux financeurs de ces

recherches (INRAE, Institut Agro Montpellier, ANR, Université de Montpellier-MUSE, Europe, ACTA, région Occitanie, fondation BNP).

Références

Bacilieri et al 2013 BMC Plant Biology 13:25
Boursiquot et al 1995 Vitis 34:31-35
Boursiquot et al 2018 12th International Conference on Grapevine Breeding and Genetics, Bordeaux ⟨hal-02733668⟩
Brault et al 2022a Horticulture Research Horticulture Research ⟨10.1093/hortre/uhac041⟩
Brault et al 2022b Plant Methods ⟨10.1186/s13007-022-00940-9⟩
Coupel-Ledru et al 2014 J Exp Bot ⟨10.1093/jxb/eru228⟩
Coupel-Ledru et al 2016 Proc Natl Acad Sci ⟨10.1073/pnas.1600826113⟩
Dong et al 2023 Science ⟨10.1126/science.add8655⟩
Flutre et al 2022 G3 ⟨10.1093/g3journal/jkac103⟩
Fournier-Level et al 2009 Genetics ⟨10.1534/genetics.109.103929⟩
Huang et al 2012 BMC Plant Biol ⟨10.1186/1471-2229-12-30⟩
Lacombe et al 2013 TAG ⟨10.1007/s00122-012-1988-2⟩
Laucou et al 2011 TAG ⟨10.1007/s00122-010-1527-y⟩
Laucou et al 2018 PLOS ONE ⟨10.1371/journal.pone.0192540⟩
Le Cunff et al 2008 BMC Plant Biol ⟨10.1186/1471-2229-8-31⟩
Marguerit et al 2012 New Phytol ⟨10.1111/j.1469-8137.2012.04059.x⟩
Nicolas et al 2016 BMC Plant Biol ⟨10.1186/s12870-016-0754-z⟩
Pinasseau et al 2017 Front Plant Sci ⟨10.3389/fpls.2017.01826⟩
Péros et al 2021 Mol Ecol ⟨10.1111/mec.15881⟩
Trenti et al 2021 BMC Plant Biol ⟨10.1186/s12870-020-02739-z⟩