



■ LA PROBLÉMATIQUE

Problèmes et pertes dus aux maladies des jaunissements de la vigne dans le monde

La culture de la vigne et les filières viticole et vinicole mondiales sont gravement menacées par plusieurs jaunissements associées aux phytoplasmes, qui sont présents avec des fréquences variables dans tous les pays viticoles. Les dégâts sur la vigne associés à la présence de jaunissements vont d'une réduction du rendement en baies, à la mort des plantes. Les stratégies de gestion disponibles sont principalement basées sur l'arrachage des plantes symptomatiques et infectées et sur l'utilisation d'insecticides pour réduire l'abondance des insectes vecteurs. Toutefois, dans l'objectif d'une agriculture plus durable, ces méthodes devraient être accompagnées par le développement de variétés de vigne résistantes. L'identification des régions candidates à une résistance serait donc d'une grande aide dans le développement d'outils de gestion pour la lutte contre les jaunissements de la vigne et contribuera à réduire à la fois les dommages économiques et les traitements insecticides à l'échelle mondiale.



• Symptômes de jaunissements de la vigne dans la grappe d'un cépage rouge au début de l'été.

■ DERNIERS RÉSULTATS DE LA RECHERCHE

Données disponibles sur la résistance de la vigne aux jaunissements

La variabilité intraspécifique de la sensibilité de *Vitis vinifera* aux jaunissements de la vigne est bien connue par l'expérience du terrain, alors que seules quelques données ont été obtenues dans des conditions d'inoculation contrôlées (Eveillard *et al.*, 2016). Sur la base de ces observations, certaines études moléculaires visant à identifier les traits génétiques de la vigne impliqués dans la réponse à l'infection par les jaunissements de la vigne ont été réalisées ces dernières années. Des changements qualitatifs et quantitatifs dans les profils des protéines, de l'expression des gènes et des miARN ont été étudiés chez le Chardonnay et quelques autres variétés (Albertazzi *et al.*, 2009; Hren *et al.*, 2009; Margaria *et al.*, 2014; Snyman *et al.*, 2017). Ces analyses ont été effectuées sur des plantes saines et



• Les descendants de la vigne (Chardonnay x Tocai friulano) plantés au champ.



infectées en plein champ, révélant ainsi les effets de la maladie sur les différentes variétés ayant des différences de sensibilité à la maladie. L'un des derniers travaux publiés dans la littérature a signalé la présence d'une réponse transcriptomique précoce de la plante à l'infection et à l'insecte vecteur, ce qui suggère l'existence de mécanismes de défense passive exprimés de manière constitutive et de réactions de défense active d'une variété très peu sensible, la Tocai friulano ou Sauvignonasse (Bertazzon *et al.*, 2019). Le projet TROPICSAFE vise à identifier les déterminants génétiques de la résistance dans cette variété.

■ L'ACTIVITÉ RECHERCHE ET DÉVELOPPEMENT TROPICSAFE

Caractérisation d'une population F1 de plants de vigne en ségrégation pour la résistance aux jaunissements de la vigne

Plus de 700 plants de vigne ont été obtenus par croisement de Chardonnay (sensible) avec Tocai friulano (peu sensible). Une partie de la descendance a déjà été multipliée par greffage sur le porte-greffe SO4 et plantée dans un vignoble expérimental (20 plants par génotype), tandis qu'une autre partie est actuellement en cours de multiplication en pépinière. Les travaux ultérieurs comprennent: le phénotypage des descendances, le génotypage pour obtenir une carte génétique dense basée sur des marqueurs moléculaires SNP ("Single Nucleotide Polymorphism"), et l'assemblage des données pour déduire les QTL ("Quantitative Trait Loci") associés à la résistance de la vigne aux jaunissements. Le phénotypage est obtenu au moyen d'une infection contrôlée sur le terrain par l'insecte vecteur spécifique. Des cages ont été placées sur chaque plante, contenant 20 insectes vecteurs collectés dans des vignobles très infectés. Les symptômes (gravité, prévalence) et la concentration du pathogène seront évalués en 2020 puis en 2021. L'ADN a été extrait des plantes F1 et un dépistage préliminaire a été effectué pour vérifier l'origine parentale des plants (par exemple pour éliminer ceux qui sont issus d'auto-fécondations) par analyse SSR ("Simple Sequence Repeats") avec dix marqueurs moléculaires. Le génotypage des plantes sélectionnées est en cours par GBS ("Genotyping By Sequencing") pour les appels SNPs ultérieurs. Une carte génétique sera produite à partir de ces données. Les informations phénotypiques et moléculaires seront utilisées pour trouver les QTL associés à la résistance de la vigne aux jaunissements. De plus, l'intégration des données avec les profils transcriptomiques obtenus par analyse RNAseq de variétés peu et très sensibles, obtenus précédemment (Bertazzon *et al.*, 2019), et le génome complet par séquençage de nouvelle génération (NGS) d'environ 20 variétés de vigne présentant des comportements contrastés face à la maladie, seront à la base de l'identification des gènes candidats associés à la résistance aux jaunissements de la vigne.



- Mise en place de cages à insectes sur les plantes individuelles dans le champ (à gauche), et détail d'une cage (à droite). Une cage contenant 20 insectes vecteurs a été placée sur chaque plante, afin d'infecter tous les plants de vigne.

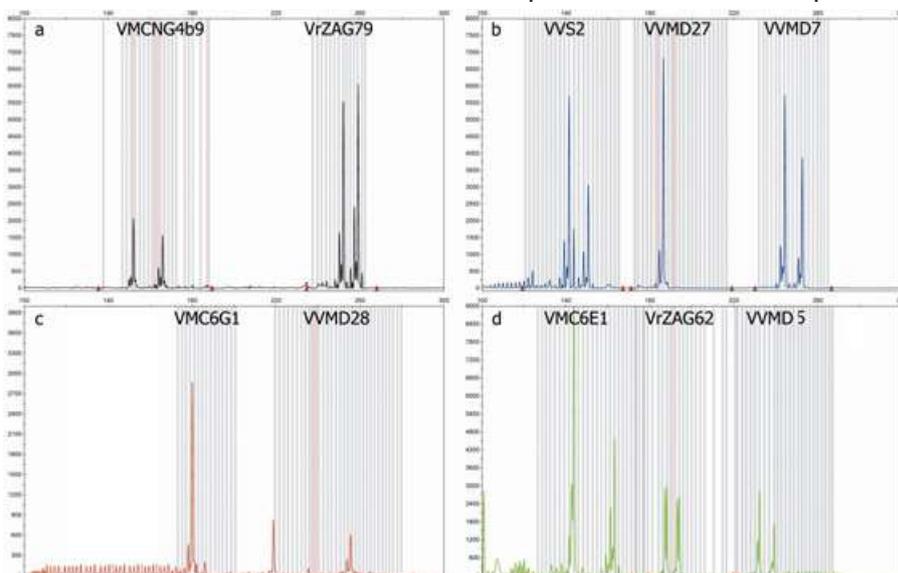


■ DONNÉES SCIENTIFIQUES ET PREMIERS RÉSULTATS

Premiers résultats et perspectives

L'obtention d'un nombre suffisant de descendants par croisement et leur multiplication et plantation en quantité sur le terrain ont été les premiers résultats. L'ADN a été extrait de plus de 300 génotypes, puis criblé avec dix marqueurs SSR pour distinguer les descendants issus d'un croisement de ceux issus d'auto-fécondations (auto-croisement). Les résultats ont montré qu'environ 20% de la descendance était auto-croisée, et ces plantes ont donc été rejetées.

Le travail de séquençage nucléotidique a commencé par l'extraction de l'ADN à partir d'échantillons de feuilles de 208 plantes, dont les deux parents Tocai friulano et Chardonnay. Après évaluation de la qualité et de la quantité des extraits d'ADN, 188 échantillons au total ont été envoyés pour séquençage par GBS pour obtenir une carte génétique de haute densité. En 2019, un total de 140 plantes a été mis sous cage en présence d'insectes infectieux. À la fin des travaux, l'identification de traits génétiques associés à la résistance et à la sensibilité aux jaunissements de la vigne pourra être exploitée pour générer des plants de vigne résistants à cette maladie et pour augmenter ou éliciter la résistance chez les plants.



- Électrotraces de l'analyseur génétique. Exemple d'un profil moléculaire PCR de 10 *loci* SSR multiplex utilisé pour identifier la descendance croisée ou auto-croisée par marqueurs SSR. Les 10 paires d'amorces ont été marquées avec des fluorochromes NED (a), 6-FAM (b), PET (c), VIC (d). Les bandes grises représentent le profil témoin produit par le laboratoire à partir des variétés de référence.

MOTS CLÉS

Jaunissements de la vigne, résistance, tolérance, flavescence dorée, bois noir, sélection variétale, maladie

INFORMATIONS SUPPLEMENTAIRES

Albertazzi G., Milc J., Caffagni A., Francia E., Roncaglia E., Ferrari F., Tagliafico E., Stefani E., Pecchioni N. 2009. Gene expression in grapevine cultivars in response to "bois noir" phytoplasma infection. *Plant Science* 176, 792–804.

Bertazzon N., Bagnaresi P., Forte V., Mazzucotelli E., Filippin L., Guerra D., Zechini A., Cattivelli L., Angelini E. 2019. Grapevine comparative early transcriptomic profiling suggests that "flavescence dorée" phytoplasma represses plant responses induced by vector feeding in susceptible varieties. *Genomics* 20, 526.

Eveillard S., Jollard C., Labroussa F., Khalil D., Perrin M., Desqué D., Salar P., Razan F., Hévin C., Bordenave L., Foissac X., Masson J.E., Malembic-Maher S. 2016. Contrasting susceptibilities to "flavescence dorée" in *Vitis vinifera*, rootstocks and wild *Vitis* species. *Frontiers in Plant Science* 7, 1–12.

Hren M., Nikoli P., Rotter A., Blejec A., Terrier N., Ravnikar M., Dermastia M., Gruden K. 2009. "Bois noir" phytoplasma induces significant reprogramming of the leaf transcriptome in the field grown grapevine. *BMC Genomic* 10, 460.

Margarita P., Ferrandino A., Caciagli P., Kedrina O., Schubert A., Palmano S. 2014. Metabolic and transcript analysis of the flavonoid pathway in diseased and recovered Nebbiolo and Barbera grapevines (*Vitis vinifera* L.) following infection by "flavescence dorée" phytoplasma. *Plant, Cell and Environment* 37, 2183–200.

Snyman M.C., Solofoharivelo M.C., Souza-Richards R., Stephan D., Murray S., Burger J.T. 2017. The use of high-throughput small RNA sequencing reveals differentially expressed microRNAs in response to aster yellows phytoplasma-infection in *Vitis vinifera* cv. Chardonnay. *Plos One* 12, e0182629.

CRÉDITS

Elisa Angelini, Manna Crespan CREA Centre de viticulture et d'œnologie, Conegliano (Treviso), Italie
elisa.angelini@crea.gov.it et manna.crespan@crea.gov.it

Avril, 2020



Ce projet a reçu un financement du programme de recherche et d'innovation Horizon 2020 de l'Union européenne en vertu de la convention de subvention N° 727459

www.tropicsafe.eu

Cette fiche d'information est produite dans le cadre du projet TROPICSAFE. Bien que l'auteur ait travaillé sur la meilleure information disponible, ni l'auteur ni l'UE ne sont en aucun cas responsables des pertes, dommages ou préjudices subis directement ou indirectement en rapport avec le projet.