

➤ Résistance qualitative : une génération de variétés résistantes aux maladies chez la vigne

Komlan AVIA – Chercheur – UMR SVQV INRAE Grand Est Colmar



Mildiou et oïdium de la vigne : deux maladies, l'essentiel des traitements



Mildiou - *Plasmopara viticola* (oomycète) : taches d'huile, feutrage blanc, rot gris/brun des grappes



Oïdium - *Erysiphe necator* (champignon) : feutrage grisâtre, éclatement des baies

Photos : © Bugaret, Cartolaro - INRAE

La vigne en France

- ≈ 3 %** de la surface agricole... mais ≈ 15-20 % des produits phytosanitaires
- ≈ 18** Nb moyen de traitements par an et par parcelle, dont ≈ 15 fongicides
- 7 à 8** passages anti-mildiou et autant anti-oïdium chaque saison
- IFT 15** indice de fréquence de traitement fongicide (≈ 80 % de l'IFT total)

Le levier génétique : aller chercher la résistance chez les *Vitis* sauvages



Espèces sauvages

- ✓ Résistantes à une ou plusieurs maladies
- ✗ Défauts culturels et œnologiques

x

Variétés cultivées

- ✓ Qualité et typicité
- ✗ Sensibles aux maladies



Nouvelles variétés résistantes

- ✓ Possédant une **résistance durable** au mildiou et à l'oïdium
- ✓ **Aptitudes culturelles** et **œnologiques** adaptées à une viticulture de haute qualité dans un **contexte de réchauffement global**



=> Exploitation de la diversité génétique du genre *Vitis*

Objectif : une variété « vinifera » par sa qualité, portant plusieurs facteurs de résistance au mildiou et à l'oïdium hérités d'espèces sauvages

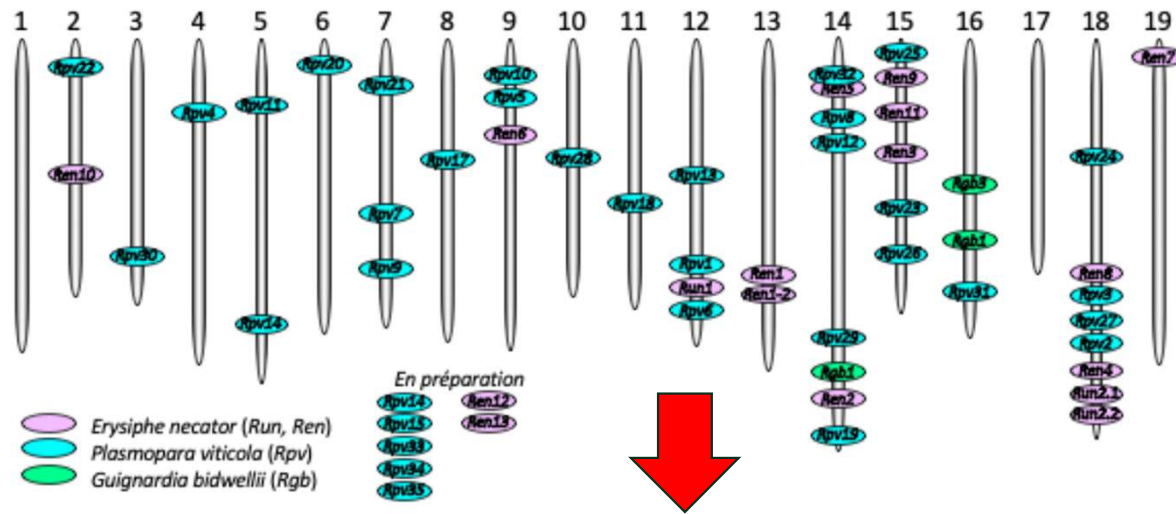
Le genre *Vitis*, un réservoir de résistances

- ▶ **Amérique du Nord :** *V. rupestris*, *V. riparia*, *V. aestivalis*, *Muscadinia rotundifolia*...
- ▶ **Asie :** *V. amurensis*, *V. piasezkii*...
- ▶ Toutes interfertiles avec la vigne cultivée : on peut les croiser

Résistance « qualitative » : de quoi parle-t-on ?

- ▶ **Un locus majeur** (gène ou groupe de gènes), effet fort, hérédité mendélienne
- ▶ Le plus souvent un récepteur immunitaire **NLR** qui reconnaît un effecteur (Avr) du pathogène : relation gène-pour-gène
- ▶ Facile à suivre avec un marqueur ADN → **sélection assistée par marqueurs**

Une boîte à outils de facteurs de résistance (QTL)



De nombreux QTL identifiés...

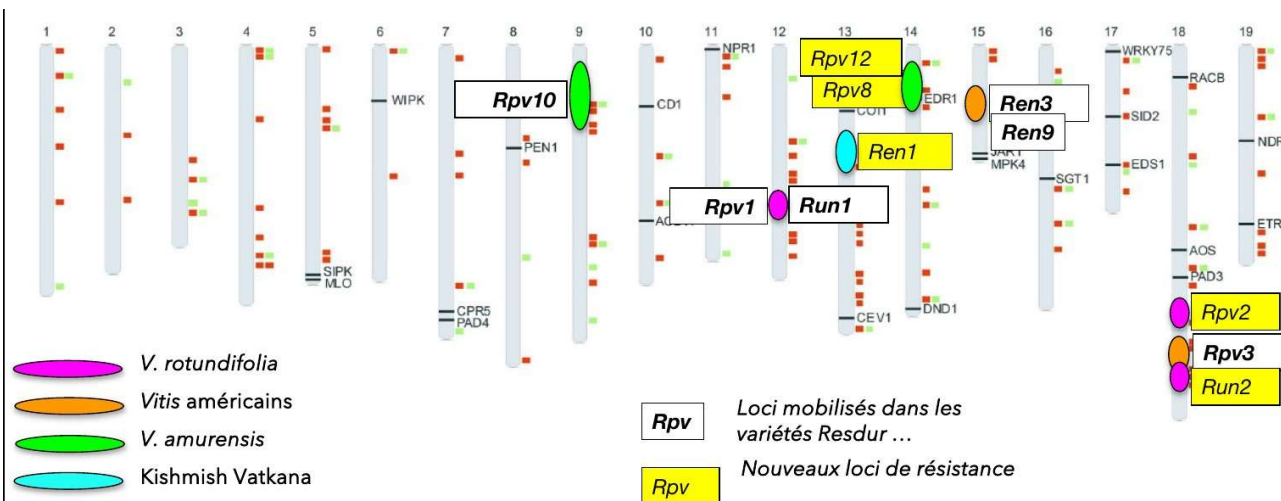
- ▶ Mildiou (*Rpv*) : ~ 40 facteurs identifiés
- ▶ Oïdium (*Run* / *Ren*) : ~ 20 facteurs identifiés



Photos : © UMR SVQV, INRAE Colmar

... mais une partie seulement effectivement utilisée

- ▶ Efficacité et effets variables

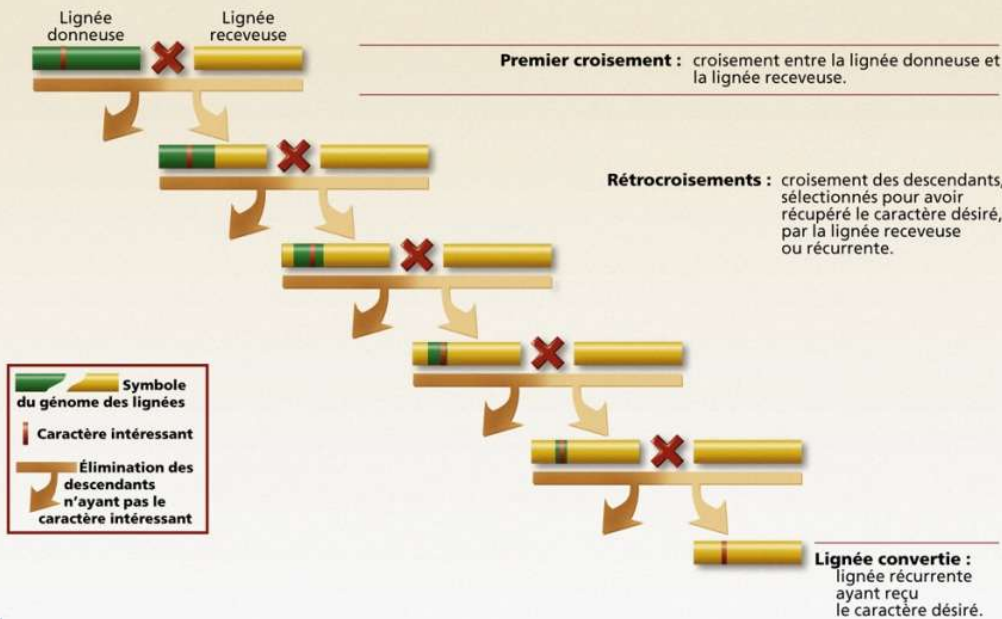


Sélection assistée par marqueurs (SAM) : trier dès la plantule, pyramider les facteurs

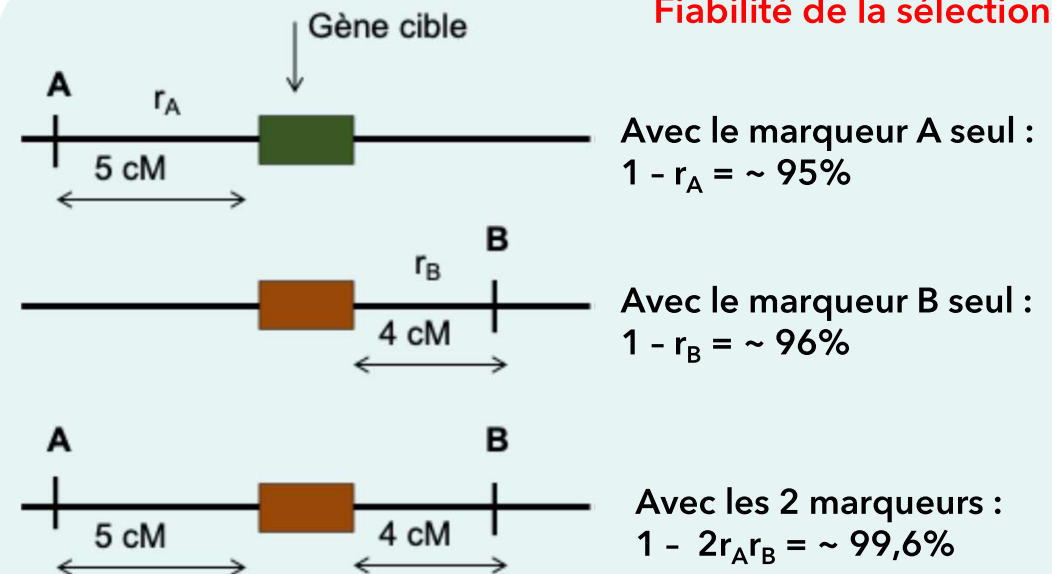


Le rétrocroisement

Introduction dans une lignée d'un caractère intéressant

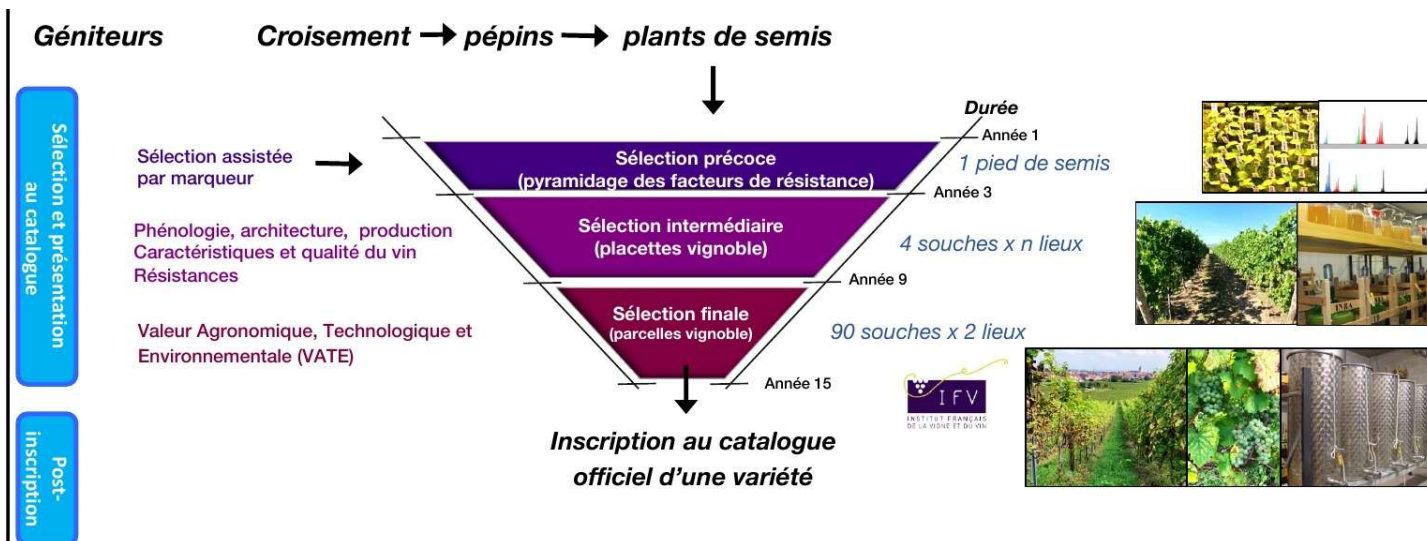


Fiabilité de la sélection



Limite : la SAM est taillée pour les gènes majeurs. Elle est inadaptée aux caractères polygéniques (rendement, tolérance aux stress abiotiques... et résistances quantitatives), qui relèvent d'autres approches (ex. prédiction génomique).

Le programme INRAE-ResDur : un cycle de sélection long (au moins 15 ans)...



Raccourcir le cycle :
phénotypage haut débit,
prédiction génomique, cycles
accélérés

Année 1 → 3

Sélection précoce

Marqueurs (pyramidage) + tests
d'inoculation sur 1 pied de semis :
> 95 % des semis éliminés

Année 3 → 9

Sélection intermédiaire

Placettes de 4 souches x plusieurs
lieux : phénologie, production,
résistances au vignoble, micro-
vinifications

Année 9 → 15

Sélection finale & VATE

Parcelles de 90 souches x 2 lieux ;
évaluation officielle (VATE) avec
l'IFV → inscription au catalogue

... mais couronné de succès : 18 variétés résistantes inscrites au catalogue



Photos : © Vincent Dumas,
Christophe Schneider,
INRAE Colmar



Une adoption encore lente

3100 ha de variétés résistantes en France en 2025 (< 0,5 % du vignoble) : attachement aux cépages traditionnels, règles AOP/IGP, valorisation commerciale, crise de la filière

Mais un cadre qui s'ouvre

- **VIFA (2018)** : entrée possible dans les AOP, $\leq 5\%$ de l'encépagement et $\leq 10\%$ de l'assemblage

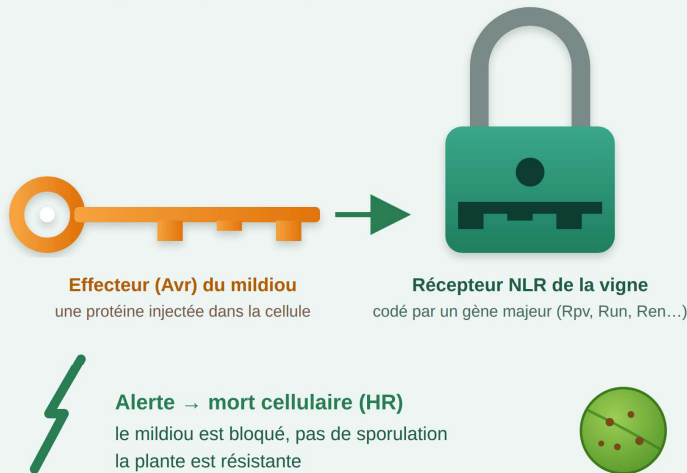
Et demain :

> 2 500 géotypes « résistance + typicité régionale » en sélection avec les partenaires des bassins ; premières inscriptions attendues vers 2030

Le revers de la médaille : des gènes majeurs déjà contournés



Résistance : la clé entre dans la serrure



Un gène de la plante « reconnaît » un gène du pathogène : relation gène-pour-gène

Contournement : la clé a changé de forme



Ex. Rpv3.1 : délétion de 14 à 96 kb emportant deux gènes d'effecteurs (Paineau, 2022)

Pourquoi le mildiou est un adversaire à haut risque évolutif ?

- **Populations immenses** : une mutation rare finit par apparaître
- **Sexualité chaque hiver** + 10 à 15 cycles asexués par saison : amplification rapide
- **Hôte pérenne** : mêmes gènes exposés 30 ans au même endroit
- **Résistance partielle** : un peu de sporulation subsiste, la sélection ne s'arrête jamais

Le contournement n'est pas une défaillance de la variété : c'est l'adaptation attendue d'un pathogène à forte capacité évolutive. La question n'est pas « si » mais « quand » – d'où l'importance de la façon dont on déploie et surveille ces gènes.

Ralentir le contournement : gérer la résistance comme une ressource



1. Pyramider

- ▶ **≥ 2 facteurs par maladie**, d'espèces et de mécanismes différents
- ▶ Une souche doit cumuler plusieurs mutations pour infecter : probabilité très réduite
- ▶ Une pyramide adossée à un facteur déjà érodé (*Rpv3.1*) ne protège plus son partenaire (*Rpv1*)

3. Surveiller

- ▶ **OSCAR** - Observatoire national du déploiement des cépages résistants (INRAE, IFV, chambres, CNIV, FFPV) : système d'alerte, note technique annuelle
- ▶ **Pathotypage standardisé** des populations de mildiou : détection précoce des virulences
- ▶ Réseau européen : projet GrapeBreed4IPM



2. Déployer avec discernement

- ▶ **Conduite exemplaire** : 2 traitements fongicides minimum (recommandation INRAE / OSCAR), davantage en forte pression
- ▶ **Diversifier les facteurs embarqués**, pas seulement les noms de variétés

4. Diversifier les sources

- ▶ **Nouveaux loci majeurs** (*Rpv2*, *Ren1*, *Run2*, *Rpv8*...) et nouvelles espèces donneuses
- ▶ **Autres natures de résistance** : gènes de sensibilité (*MLO*, *DMR6*), résistances quantitatives
- ▶ **Combiner qualitatif + quantitatif** dans une même variété : la résistance « de fond » protège le gène majeur

La résistance quantitative ▶
Cyrille Saintenac

Les nouvelles techniques génomiques : outil supplémentaire pour l'innovation variétale

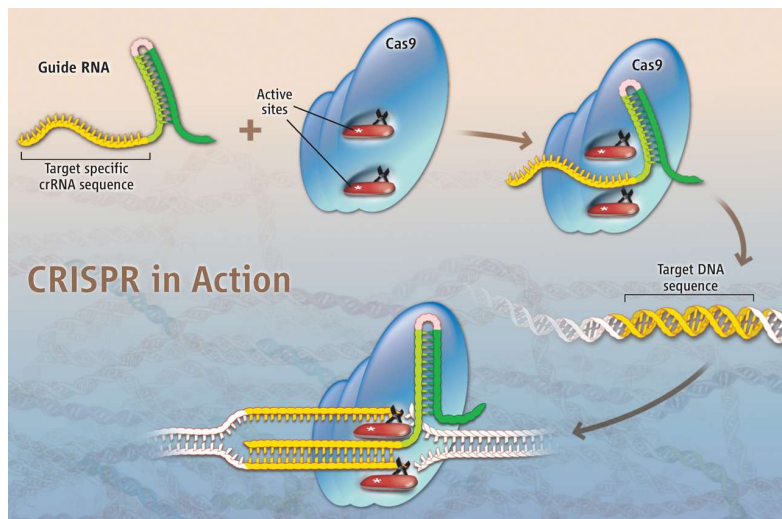


Modifications de type KO : interruption de la fonction d'un gène => **Créer des variétés résistantes en désactivant des gènes de sensibilité**

Exemples : désactivation de *DMR6* (résistance au mildiou) et de *MLO* (résistance à l'oïdium)

Simultaneous editing of two *DMR6* genes in grapevine results in reduced susceptibility to downy mildew

Lisa Giacomelli^{1*}, Tieme Zeilmaker², Oscar Giovannini¹, Umberto Salvagnin^{1†}, Domenico Masuero¹, Pietro Franceschi¹, Urska Vrhovsek¹, Simone Scintilla^{1†}, Jeroen Rouppe van der Voort² and Claudio Moser¹

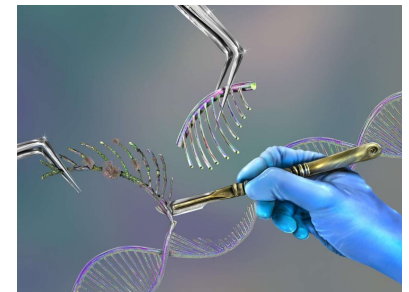


ARTICLE

Knockdown of *MLO* genes reduces susceptibility to powdery mildew in grapevine

Stefano Pessina^{1,2}, Luisa Lenzi^{1,3}, Michele Perazzolli¹, Manuela Campa¹, Lorenza Dalla Costa¹, Simona Urso^{4,5}, Giampiero Valè^{4,5}, Francesco Salamini¹, Riccardo Velasco¹ and Mickael Malnoy¹

<http://tecfa-bio-news.blogspot.com/2013/09/bio-tremplins-crispr-le-couteau-suisse.html>
KEITH CHAMBERS, Science Photo Library



À retenir



Un levier qui marche

1

Les facteurs de résistance des *Vitis* sauvages, identifiés par cartographie et suivis par marqueurs, ont donné 18 variétés INRAE pyramidées inscrites (2018-2026) et -80 % d'IFT fongicide au vignoble (OSCAR).

Une ressource à gérer

2

Les gènes majeurs sont spécifiques et susceptibles de contournement : pyramidage bien pensé, déploiement raisonné et surveillance sont indispensables.

Combiner pour durer

3

L'avenir est à la combinaison : [gènes majeurs pyramidés] + [gènes de sensibilité / résistance quantitative de fond] en raccourcissant le cycle de sélection.



Remerciements

Photo : © INRAE

