

Fiche 2 : Les gènes de résistance au mildiou et à l'oïdium de la vigne au sein des *Vitis* et des genres apparentés

Rédaction : Didier Merdinoglu, UMR Santé de la Vigne et Qualité du Vin, INRA, Centre de Colmar ; **François Delmotte**, UMR Santé et Agroécologie du Vignoble, INRA, Centre de Bordeaux.

Même s'il est maintenant bien admis que la création de variétés de vigne résistantes constitue une voie majeure pour répondre à l'enjeu que constitue le contrôle des maladies et ravageurs, les variétés traditionnelles de vigne cultivée d'origine européenne (*Vitis vinifera*) sont dans leur grande majorité sensibles au mildiou et à l'oïdium.

En revanche, plusieurs sources naturelles présentant une résistance au mildiou et à l'oïdium ont été identifiées dès la fin du XIX^{ème} siècle et le début du XX^{ème} siècle chez des espèces de *Vitis* d'origine américaine, comme *V. rupestris*, *V. lincecumii* ou *V. berlandieri*. Des croisements complexes entre des vignes américaines et les cépages européens ont été réalisés dans l'objectif d'obtenir de nouvelles variétés, résistantes à la fois à l'oïdium, au mildiou et phylloxéra, trois maladies importées des Etats-Unis d'Amérique. Les recherches développées au cours du XX^{ème} siècle ont permis de compléter l'inventaire des sources de résistance en y ajoutant de nouvelles espèces de *Vitis* américaines mais également des espèces de *Vitis* d'origine asiatique, parmi lesquelles *V. amurensis*, et une espèce appartenant à un genre apparenté au genre *Vitis*, *Muscadinia rotundifolia*. Ces espèces sont interfertiles avec la vigne cultivée mais à des niveaux variables, les hybrides de première génération entre *M. rotundifolia* et *V. vinifera* étant particulièrement difficile à obtenir.

Depuis le début du XXI^{ème} siècle, les recherches visant à connaître le déterminisme génétique de ces résistances se multiplient, les principales questions étant le nombre de gènes de résistance en jeu, leur localisation chromosomique, le niveau de résistance conféré, leur spécificité et leur nature moléculaire. Ces travaux utilisent comme matériel végétal soit directement les espèces sauvages sources de la résistance, soit des variétés résistantes ayant, pour la plupart, probablement hérités de facteurs de résistance des espèces sauvages faisant partie de leur ascendance.

Les facteurs de résistance au mildiou ont été nommés *Rpv*, pour résistance à *Plasmopara viticola*, l'agent causal du mildiou de la vigne. Les facteurs identifiés à ce jour sont présentés dans le tableau ci-dessous.

Locus	Origine de la résistance	Localisation chromosomique	Niveau de résistance	Référence
<i>Rpv1</i> *	<i>M. rotundifolia</i>	12	Partielle élevée	Merdinoglu et al 2003
<i>Rpv2</i> **	<i>M. rotundifolia</i>	18	Totale	Wiedemann-Merdinoglu et al 2006
<i>Rpv3</i> *	<i>V. rupestris</i>	18	Partielle	Bellin et al 2009, Welter et al 2007
<i>Rpv4</i>	<i>Vitis</i> américain	4	Partielle faible	Welter et al 2007
<i>Rpv5</i>	<i>V. riparia</i>	9	Partielle faible	Marguerit et al 2009
<i>Rpv6</i>	<i>V. riparia</i>	12	Partielle faible	Marguerit et al 2009
<i>Rpv7</i>	<i>Vitis</i> américain	7	Partielle faible	Bellin et al 2009
<i>Rpv8</i> **	<i>V. amurensis</i>	14	Partielle élevée	Blasi et al 2011
<i>Rpv9</i>	<i>V. riparia</i>	7	Partielle faible	Moreira et al 2011
<i>Rpv10</i> *	<i>V. amurensis</i>	9	Partielle élevée	Schwander et al 2011
<i>Rpv11</i>	<i>Vitis</i> américain	5	Partielle faible	Fischer et al 2004
<i>Rpv12</i> *	<i>V. amurensis</i>	14	Partielle élevée	Venuti et al 2013
<i>Rpv13</i>	<i>V. riparia</i>	12	Partielle faible	Moreira et al 2011
<i>Rpv14</i>	<i>V. cinerea</i>	5	Non déterminé	Ochssner et al 2016

*connus pour être effectivement utilisés dans les programmes européens en sélection assistée par marqueurs ou ** spécifiques des programmes de sélection Inra

Pour la plupart, les facteurs identifiés à ce jour confèrent à la vigne qu'une résistance partielle au mildiou, mais parfois très élevée, hormis *Rpv2* qui apporte une résistance totale dans le contexte génétique de l'étude. Ils ont pour origine deux espèces d'origine asiatique (*V. amurensis* et *V. piasezkii*) et au moins quatre espèces d'origine américaine (*V. rupestris*, *V. riparia*, *V. cinerea* et *M. rotundifolia*) mais on ne peut exclure que certaines autres soient concernées. Les chromosomes 12 et 18 sont les mieux pourvus. Alors que *Rpv8* et *Rpv12* constituent probablement deux formes du même gène (dites "allèles"), *Rpv2* et *Rpv3* sont clairement distincts bien que situés dans la même région du chromosome 18.

Les facteurs de résistance à l'oïdium ont été, quant à eux, nommés *Run* pour résistance à *Uncinula necator* puis *Ren* pour résistance à *Erysiphe necator*, les taxonomistes ayant changé le nom de l'oïdium de la vigne entre temps. Les facteurs identifiés à ce jour sont présentés dans le tableau ci-dessous.

Locus	Origine de la résistance	Localisation chromosomique	Niveau de résistance	Référence
<i>Run1</i> *	<i>M. rotundifolia</i>	12	Totale	Pauquet et al 2001
<i>Run 2.1</i>	<i>M. rotundifolia</i>	18	Partielle	Riaz et al 2011
<i>Run 2.2</i> **	<i>M. rotundifolia</i>	18	Partielle	Riaz et al 2011
<i>Ren1</i> *	<i>Vitis vinifera</i>	13	Partielle	Hoffmann et al 2008
<i>Ren2</i>	<i>Vitis cinerea</i>	14	Partielle	Dalbo et al 2001
<i>Ren3</i> *	<i>Vitis</i> américain	15	Partielle	Welter et al 2007
<i>Ren4</i>	<i>Vitis romanetii</i>	18	Partielle	Riaz et al 2011
<i>Ren5</i>	<i>M. rotundifolia</i>	14	Totale	Blanc et al 2012
<i>Ren6</i>	<i>V. piasezkii</i>	9	Totale	Pap et al 2016
<i>Ren7</i>	<i>V. piasezkii</i>	19	Partielle	Pap et al 2016
<i>Ren8</i>	<i>Vitis</i> américain	18	Partielle	Zyprian et al 2016

*connus pour être effectivement utilisés dans les programmes européens en sélection assistée par marqueurs ou ** spécifiques des programmes de sélection Inra

De même que pour la résistance au mildiou, les facteurs de résistance à l'oïdium ont pour origine les compartiments des *Vitis* américains, asiatiques et *M. rotundifolia*. Concernant leur localisation, le chromosome 18 est le mieux pourvu, les trois facteurs *Run 2.1*, *Run 2.2*, *Ren4* et *Ren8* étant situés dans la même région.

Ces espèces constituent ainsi un réservoir de ressources génétiques important pour améliorer la vigne cultivée pour sa résistance aux bio-agresseurs. La connaissance du génome de la vigne permet d'observer que les facteurs de résistance aujourd'hui identifiés sont situés dans des régions riches en analogues de gènes de résistance de type NBS-LRR (gène R). Ces gènes, constituant une famille de plus de 800 membres chez la vigne, ne sont pas répartis aléatoirement sur le génome mais regroupés dans des régions appelés clusters. Le clonage de *Rpv1* et *Run1* (Feechan et al 2013) a permis de confirmer ces observations qui permettent en partie d'expliquer pourquoi des facteurs de résistance, y compris vis à vis de différents pathogènes ou identifiés dans des sources distinctes, peuvent être très proches sur le génome.

Un premier **cas de contournement du facteur de résistance** au mildiou *Rpv3* par une souche appelée Lednice a été décrit en Europe chez le cultivar résistant 'Bianca' (Peressotti et al, 2010). Par ailleurs, des infections naturelles d'oïdium ont été décrites en Amérique du Nord sur des plantes porteuses du locus de résistance à l'oïdium *Run1* (Cadle-Davidson et al, 2011) et le contournement de *Run1* par

une souche d'oïdium Mus4 a été confirmé par des expériences utilisant des plantes portant *Run1* transgéniques (Feechan et al 2013) ou issues de croisements (Feechan et al 2015).

Même si ces gènes paraissent plutôt nombreux, ils constituent un patrimoine fragile, leur efficacité, et donc leur utilité, étant soumises aux risques d'évolution des populations de pathogènes. Par ailleurs, tous ne sont, de loin, pas utilisés ou utilisables en sélection, par exemple, du fait de leur effet trop faible, ou ne s'exprimant que dans un contexte génétique particulier, ou encore n'étant aujourd'hui disponible que dans un fond génétique sauvage, porteur de non-qualité. Il apparaît essentiel de préserver ce patrimoine commun à travers une utilisation et un déploiement dans les variétés, puis une gestion à l'échelle du vignoble, guidés par les principes d'une gestion durable qui mettent en œuvre, notamment, l'association dans une même obtention de plusieurs gènes de résistance vis à vis d'un pathogène, stratégie appelée pyramidage. Hormis la ressource rare que constituent les gènes de résistance, **leur passage du fond génétique sauvage d'origine à un fond génétique cultivé nécessite 5 à 7 générations, soit de 5 à 20 ans d'effort selon la réussite des croisements et la fertilité des descendants.** La sélection assistée par marqueur permettant de suivre la transmission et le pyramidage de gènes de résistance dans les descendance à l'aide de marqueurs moléculaires qui leur sont liés est un levier important de cette stratégie.