

Fiche 4 : Le paysage des variétés européennes : quels gènes et quel déploiement?

Rédaction : Didier Merdinoglu et Christophe Schneider, UMR Santé de la Vigne et Qualité du Vin, INRA, Centre de Colmar.

Malgré le nombre de sources et de gènes de résistance au mildiou et à l'oïdium localisés relativement important, le nombre de facteurs connus utilisés et suivis dans les programmes de sélection est beaucoup plus restreint.

A ce jour, quatre locus de résistance au mildiou, localisés sur quatre chromosomes différents, sont connus pour être utilisés dans les programmes européens :

- *Rpv1* (Merdinoglu et al 2003) confère une résistance partielle élevée à spectre large et a été introgressé à partir de l'espèce américaine *Vitis rotundifolia* (Bouquet 2009) ;
- *Rpv3*, décrit la première fois dans la variété Bianca (Bellin et al 2009), confère une résistance partielle intermédiaire mais ne permet pas de contrôler tous les isolats de mildiou (Peressotti et al 2010) ; il est issu de l'espèce américaine *Vitis rupestris* (Di Gaspero et al 2012) utilisée à la fin du 19^{ème} siècle dans les premiers hybrides réalisés pour faire face à la crise provoquée par l'introduction du phylloxéra, du mildiou et de l'oïdium en Europe ;
- *Rpv8* (Blasi et al 2011 ; *Rpv12* décrit par la suite par Venuti et al 2013 est probablement le même gène), confère une résistance très élevée à spectre large et est originaire de l'espèce asiatique *Vitis amurensis* qui a été largement utilisée dans les programmes de sélection russes et de la sphère soviétique dès la première moitié du 20^{ème} siècle, essentiellement pour sa résistance au froid ;
- *Rpv10* (Blasi 2010, Schwander et al 2012), confère une résistance élevée à spectre large et est également originaire de l'espèce asiatique *Vitis amurensis* ; il a été largement utilisé dans les programmes de sélection des instituts de recherche allemands (Geisenheim University, Staatliches Weinbauinstitut Freiburg) et décrit dans les variétés Bronner et Solaris.

Concernant la résistance à l'oïdium, les trois locus sont, à ce jour, probablement présent dans le matériel de sélection européen :

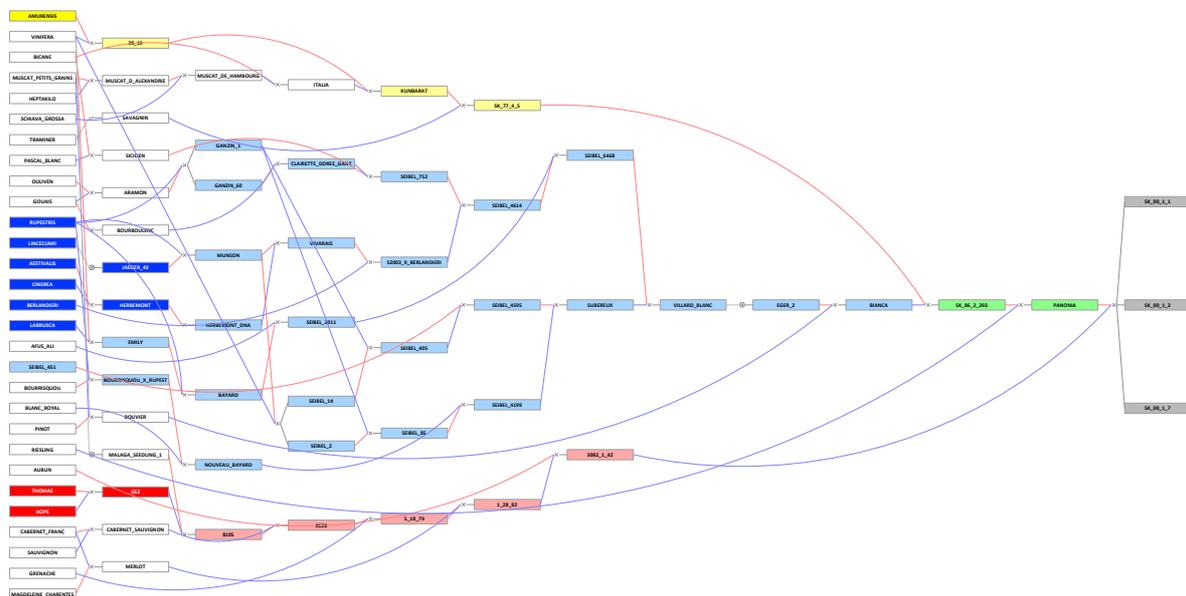
- *Run1* (Pauquet et al 2001) confère une résistance totale et a été introgressé à partir de l'espèce américaine *Vitis rotundifolia* simultanément à *Rpv1* avec lequel il co-ségrège ;
- *Ren1*, décrit la première fois dans la variété Kishmish Vatkana (Hoffmann et al 2008), confère une résistance partielle élevée ;
- *Ren3* (Welter al 2007) confère une résistance partielle intermédiaire et est très probablement issu d'une espèce de *Vitis* américaine.

Les principaux acteurs européens de la sélection de variétés de raisin de cuve résistantes se trouvent en Allemagne, en Italie, en Hongrie, en Suisse et en France :

- en Allemagne, deux instituts se partagent la majorité de la création variétale : le Julius Kuhn Institut Geilweilerhof (JKI), institut fédéral situé en Rhénanie-Palatinat, et le Staatliches Weinbauinstitut (WBI), institut régional situé à Freiburg dans le Bade-Wurtemberg ;

- en Suisse, la sélection est assurée par l'Agroscope, institut confédéral situé à Changins dans le canton de Vaux, et par Valentin Blattner (VB), obtenteur privé dans le canton du Jura, en association avec le pépiniériste Philippe Borioli ;
- en Italie, l'Istituto di genomica applicata (IGA) situé à Udine développe des variétés dont la commercialisation est assurée par les pépinières VCR;
- en Hongrie, le Szőlészeti és Borászati Kutatóintézet (SZBKI) situé à Pécs est en charge de la sélection des variétés de cuve;
- en France, l'INRA, associé à sa filiale Agri Obtention, est l'opérateur historique de la création variétale, associé depuis 2012 à l'IFV, le matériel créé étant diffusé sous la marque ENTAV-INRA.

La connaissance des flux et de transferts de matériel végétal et, a fortiori, de gènes dans le paysage européen de la sélection variétale de la vigne est hétérogène, car les obtenteurs ne sont pas tenus de dévoiler l'architecture génétique de leurs variétés, et parfois même, ne la connaissent pas précisément. On peut donc rencontrer tous les cas de figures, allant de l'absence quasi-totale d'information sur les géniteurs utilisés dans les croisements jusqu'à la connaissance poussée de l'ascendance des variétés et des gènes de résistance qu'elles portent. Même dans ce dernier cas le plus favorable, l'on n'est pas à l'abri de situations, probablement fréquente, où des gènes de résistance sont présents mais non identifiés. Néanmoins, en croisant les données trouvées dans la bibliographie, dans les bases de données publiques ou des communications plus informelles, il est possible de reconstituer une grande partie du pédigré des variétés créées en Europe et avoir une idée assez précise des gènes de résistance connus utilisés par les différents obtenteurs. Par exemple, à partir de données publiées, nous avons, ci-dessous, reconstitué la généalogie de trois obtentions non encore inscrites de l'IGA (en gris), utilisant trois sources de résistance, *Vitis* asiatique (en jaune), *Vitis* américaine (en bleu) et *Muscadinia rotundifolia* (en rouge), bien entendu hybridées avec des variétés de vigne cultivée (en blanc).



L'utilisation d'une source ne signifie pas que les facteurs de résistance qu'elles portent sont automatiquement transmis à leur descendance. Mais on peut toutefois regrouper des informations sur les gènes utilisés par les différents obtenteurs. Il est probable que les facteurs *Rpv3* et *Ren3* soient partagés par l'ensemble des programmes de sélection. Concernant plus particulièrement la résistance au mildiou, le facteur *Rpv10* est présent dans les variétés Bronner et Solaris du WBI alors que le facteur *Rpv12* dans est porté par les variétés Merlot Khantus et Merlot Khorus récemment inscrites par l'IGA. Concernant la résistance à l'oïdium, la présence dans les futures obtentions

européennes de *Ren1* est très probable. De même, il est prévisible que le locus *Run1/Rpv1* sera présent dans les obtentions de l'IGA et du SZBKI.

Au-delà de ce schéma général, les associations dans les variétés de ces différents facteurs sont loin d'être toutes connues. Devant l'engouement que connaissent aujourd'hui les variétés résistantes et les possibilités de déploiement rapide qu'offre la procédure de classement nouvellement adoptée (une vingtaine de demandes de classement a été adressée en 2016 à France Agrimer), **le risque de voir apparaître dans le vignoble des variétés de vigne ne portant qu'un seul facteur de résistance vis à vis d'un pathogène est bien réelle, ce qui menace la durabilité de la résistance des gènes concernés.** Une approche conjuguant la connaissance du niveau de résistance, de la présence de marqueurs moléculaires liés aux gènes de résistance et de la généalogie permettrait de déterminer la composition en gènes de résistance des variétés de vigne et ainsi de renseigner le critère "Durabilité du mécanisme de résistance (via notamment le nombre de gènes impliqués)" que prévoit l'arrêté établissant les modalités de classement des variétés de cuve publié au J.O.R.F le 15 mai 2016.