

➤ Analyse de la diversité intra-variétale au niveau du génome entier, que peut-on en tirer ? Cas du Chenin et du Merlot

Patrice THIS

UMR AGAP INRAE, UMT Geno-Vigne®

Tel. : 04 67 61 56 51

e-Mail : patrice.this@inrae.fr

RÉSUMÉ

La vigne évolue à la fois par reproduction sexuée, via les pépins et par multiplication végétative via bouturage et greffage. La reproduction sexuée produit des variétés différentes des parents, tandis que la multiplication végétative reproduit quasiment à l'identique les cépages parentaux. Via la multiplication végétative apparaissent malgré tout des différences qui donne lieu à des clones différents. Les méthodes récentes de séquençage du génome entier des plantes permettent de différencier cépages et clones d'un même cépage. La diversité entre clones est cependant beaucoup plus faible que celle entre cépages. La communication présentera les travaux réalisés sur deux cépages, le 'Chenin blanc', et le 'Merlot'. L'étude de 55 clones de Merlot, dans un dispositif expérimental bien adapté, permet d'identifier des différences significatives de la concentration de sucre entre clones, correspondant à l'équivalent d'un degré d'alcool entre les clones les plus extrêmes pour ce caractère. Le clone peut donc être un levier intéressant contre le changement climatique. Enfin, l'étude de 27 clones de Chenin blanc, français et sud-africains permet de démontrer que les clones ont évolué différemment dans ces deux zones viticoles. Pour obtenir plus de diversité pour un cépage donné, il peut être intéressant de rechercher des clones dans des zones différentes du globe.

MOTS CLÉS

Diversité clonale
Identification
Génome
Changement climatique
Evolution

La vigne est une espèce pérenne à multiplication préférentiellement végétative, même si la reproduction sexuée est également possible. Un cépage nouveau, différents des parents est issue d'un pépin, résultat de la reproduction sexuée. Par multiplication végétative, un cépage est reproduit quasiment à l'identique par bouturage ou greffage. Après un nombre important de cycles de multiplication, peuvent apparaître des différences entre les vignes produites, qui représentent des clones différents (Figure 3). Ces variations peuvent toucher de nombreux caractères (rendement, sucres, port, ...). Bien que le niveau variation entre clones soit plus faible que la différence entre cépages, les clones peuvent cependant être un moyen de faire face de certains défis de la viticulture, notamment vis-à-vis du changement climatique, d'autant que l'identité du cépage est maintenue. Selon les cépages, la diversité clonale est plus ou moins importante. Certains clones agréés sont disponibles pour les viticulteurs, mais il existe aussi beaucoup de clones présents dans des collections, nationale ou privés, non agréés. On parle alors d'accessions. Par ailleurs, la vigne voyage beaucoup et est cultivée dans des régions différentes. Elle peut ainsi évoluer différemment selon les régions du monde dans laquelle elle est cultivée, et donc multipliée.

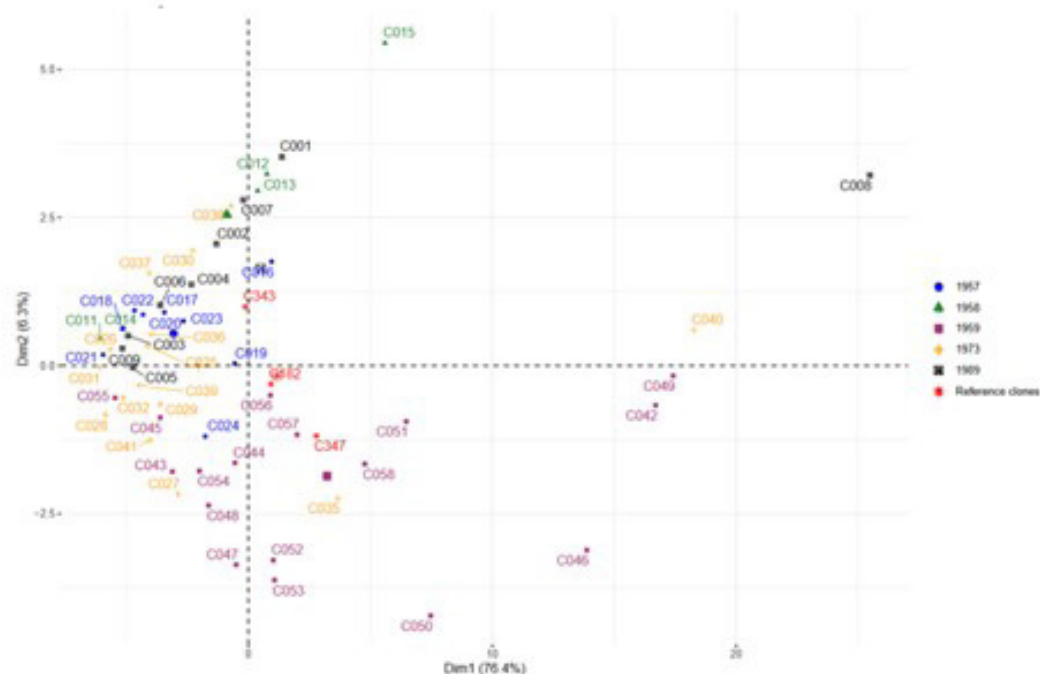


Figure 3 : Analyse en composantes principales des 55 accessions et 3 clones agréés ENTAV-INRA® de « Merlot ». L'analyse en composantes principales a été réalisée à partir de la matrice des distances calculée à partir des données moléculaires. Les accessions sont colorées en fonction de l'année de plantation de la plante mère. Les 3 clones agréés, servant de référence sont colorés en rouge

Les méthodes de séquençage du génome permettent-elles de différencier des clones d'une même variété ?

Séquencer le génome d'une plante c'est lire l'ensemble des lettres du code génétique (A, T, G, C correspondant aux 4 bases formant la molécule de l'ADN). Chez la vigne, l'ensemble du génome comprend environ 480 millions de paires de bases répartis dans les 19 chromosomes de la vigne. Diverses méthodes permettent de lire les bases composant le génome, on parle de méthodes de séquençage. Si l'on compare le génome de différentes variétés, il est possible d'identifier des différences entre les génomes : si on compare le génome de « Cabernet franc », de « Merlot » et de « Magdeleine noire des Charentes » par exemple, il est possible d'identifier jusqu'à 4,9 millions de base différentes sur les 480 millions du génome (Tableau 4, Sichel et al, 2023). De la même manière, il est possible de comparer le génome de deux clones et d'identifier des variants entre les clones. Dans le cas des clones, on peut identifier quelques milliers de bases différentes donc considérablement moins qu'entre variétés (Tableau 4, Sichel, 2023). Ces différences permettent cependant de distinguer les clones comme cela a été obtenu avec les clones de 'Merlot' (Figure 3).

COMPARAISON ENTRE	NOMBRE DE VARIANTS	% DE SNPs DANS LES VARIANTS	% DES VARIANTS DANS LES GÈNES	% des variants dans les séquences codantes
2 haplotypes de « Merlot »	3 561 942 ¹	89%	29%	4%
« Merlot » et « Cabernet franc »	2 730 140 ¹	86%	36%	5%
« Merlot » et « Magdeleine noire des Charentes »	4 987 693 ¹	89%	31%	5%
Entre clones de « Merlot »	7 565 ²	Non déterminé	Non déterminé	Non déterminé

Tableau 4 : Nombre de variant (SNPs ou insertion/deletions) identifié entre les deux haplotypes de « Merlot », entre un des haplotypes de « Merlot » et « Cabernet franc », ou entre un des haplotypes de « Merlot » et « Magdeleine noire des Charentes » ou entre clones de « Merlot »

1 : D'après Sichel et al, 2023 ; 2 : d'après Sichel, 2023.



Crédit photo : Novatech

La diversité clonale peut-elle réellement apporter une réponse vis-à-vis du changement climatique ?

La diversité au sein d'une collection privée de « Merlot » a été caractérisée à la fois au niveau de l'ADN à l'aide de méthodes de séquençage du génome et pour quelques caractères de la vigne, notamment la concentration en sucre des baies. Ce travail a été rendu possible grâce à un dispositif expérimental de bonne qualité, avec des répétitions (2 blocs avec une répartition aléatoire des 55 clones). L'analyse moléculaire des clones a permis de distinguer les 55 clones de Merlot (Figure 3). Sur la base des données de concentration de sucre du raisin de ces clones, les deux clones les plus extrêmes sur ce caractère ont présenté des concentrations de sucre significativement différentes, représentant l'équivalent d'un degré d'alcool dans les vins finaux. Il s'agit d'une faible variation, mais tout de même importante pour les vigneron Bordelais, et ce levier peut également être associé à d'autres leviers.

Des clones d'un même cépage issus de deux régions différentes du monde, après multiplication, ont-ils évolué ?

Un ensemble de 27 clones de Chenin blanc a été analysé. Il s'agit de 14 clones français agréés conservés par l'IFV au domaine de l'Espiguette (clones 220, 278, 416, 417, 624, 880, 982, 1018, 1206, 1207, 1208, 1209, 1286 et 1348), ainsi que 13 clones venant d'Afrique du Sud (clones 9, 24, 220, 426, 481, 550, 624, 737, 880, 1018, 1061, 1064). Certains clones provenant d'Afrique du Sud sont issus des clones français, mais ayant été multipliés plusieurs décennies en Afrique du Sud. La multiplication du matériel végétal en Afrique du Sud a également conduit à la création de

nouveaux clones. L'ensemble de ce matériel a été séquencé puis comparé grâce à une stratégie dite de « k-mers » afin de déterminer si le matériel français est distinct du matériel d'Afrique du Sud. L'analyse en composante principale des données moléculaires permet de bien distinguer le matériel français du matériel sud-africain (Figure 4). Cela démontre donc que les clones peuvent évoluer différemment selon les environnements. Si l'on cherche de la diversité originale dans une variété, il est donc intéressant d'aller chercher du matériel végétal issu de différentes régions du globe.

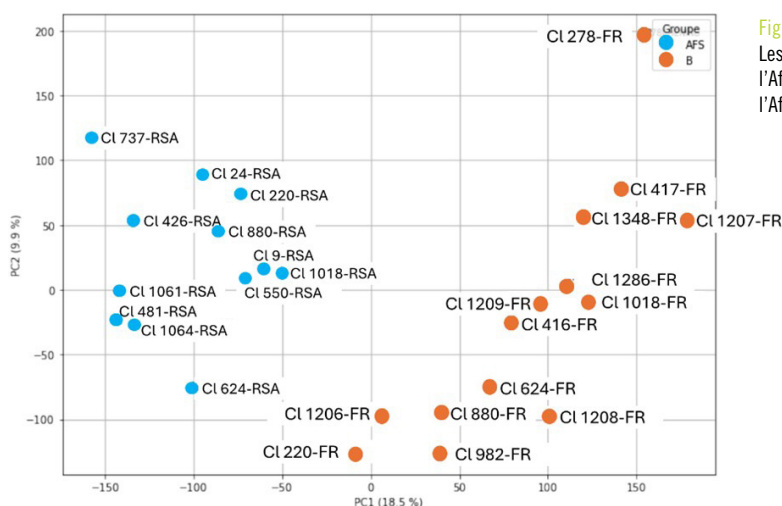


Figure 4 : Analyse en composantes principales de 26 clones de « Chenin blanc ». Les clones sont identifiés par leur nom + un suffixe : FR pour la France ou RSA pour l'Afrique du Sud. La couleur des symboles correspond à l'origine des clones : bleu pour l'Afrique du Sud et orange pour la France

CONCLUSION

Grâce à des méthodes de séquençage du génome entier, il est donc possible de caractériser et différencier les clones d'un même cépage. La comparaison des séquences des génomes des clones permet de répondre à des questions académiques, mais aussi plus appliquées ayant des répercussions pour la filière.



A RETENIR

- Le séquençage du génome de la vigne permet de différencier les cépages comme clones d'un même cépage.
- La diversité entre clones est cependant beaucoup plus faible que celle entre variétés (d'un ratio de l'ordre de 1 sur 1 000).
- La diversité clonale est un levier contre le changement climatique mais qui doit être utilisée en combinaison avec d'autres leviers car le gain est assez limité. Un des avantages est que l'on maintient l'identité du cépage.
- Les clones français de « Chenin blanc » sont très différents des clones d'Afrique du Sud, démontrant que les clones évoluent différemment selon les environnements et que pour obtenir plus de diversité pour un cépage donné, il peut être intéressant de rechercher des clones dans des zones différentes du globe.

PERSPECTIVES

- Confirmer les différences entre clones, en répétant les analyses
- Eventuellement étendre le travail notamment sur Chenin blanc
- Aller vers l'identification des clones
- Comprendre les différences entre clones au niveau du génome
- Vérifier si certaines variations au niveau du génome sont associées à des différences du comportement des clones
- Comprendre mieux la différence entre clones français et sud-africain de Chenin blanc au moyen de données historiques

BIBLIOGRAPHIE

Sichel, V., Sarah, G., Girollet, N., Laucou, V., Roux, C., Roques, M., Mournet, P., Cunff, L.L., Bert, P.F., This, P., Lacombe, T. : 2023. Chimeras in Merlot grapevine revealed by phased assembly. BMC Genomics 24, 396. <https://doi.org/10.1186/s12864-023-09453-8>

Sichel, V.: 2023: Identification et sélection intra-variétale de la vigne à l'aide des outils génomiques actuels. Thèse de l'institut Agro Montpellier et de l'université de Montpellier, soutenue le 14 décembre 2023, Montpellier

