

➤ Origines, conservation et exploitation de la diversité intra-variétale

Olivier YOBRÉGAT

IFV Sud-Ouest, V'Innopôle,
1920 Route de Lisle sur Tarn, 81310 PEYROLE
Tel. : 06 14 77 53 90
e-Mail : olivier.yobregat@vignevin.com

Loïc LE CUNFF

IFV – UMT GENO-VIGNE®
Bâtiment 3 bureau 112,
CIRAD UMR AGAP, TA A 108/03,
Avenue Agropolis, 34398 MONTPELLIER CEDEX 5

RÉSUMÉ

La multiplication végétative, destinée initialement à la propagation à l'identique de géotypes choisis à partir d'un unique semis, permet l'émergence de diversité au sein de variétés par l'accumulation de mutations. Les clones représentant une même variété, bien qu'issus d'un géotype commun, peuvent ainsi présenter des différences notables valorisables au niveau agronomique par la sélection.

Les mutations génétiques responsables de cette diversité sont de nature différente, et peuvent aussi se cumuler avec des phénomènes épigénétiques, susceptibles de moduler l'expression des gènes et parfois partiellement transmissibles par multiplication végétative.

La sélection humaine a structuré et amplifié cette diversité, pour la mettre au service d'objectifs de production. Pour préserver et continuer à diversifier l'offre de matériel végétal à la viticulture, la France a constitué un réseau de conservation exceptionnel, organisé autour de conservatoires nationaux et formé d'un tissu de 40 acteurs régionaux. Plus de 20 000 accessions y sont conservées dans plus de 180 parcelles, permettant une exploitation durable de la diversité intravariétale. En plus de 50 ans, près de 1 400 clones ont été agréés, dont plus de 1 000 toujours disponibles. Malgré la durée importante des procédures, ce système collectif garantit fiabilité, stabilité et enrichissement continu du matériel végétal destiné à la filière viticole.

MOTS CLÉS

Diversité intravariétale
Mutations somatiques
Sélection clonale
Conservatoires
Matériel végétal



Depuis les épisodes de primo-domestication de l'espèce *Vitis vinifera*, la multiplication végétative a été utilisée par les Hommes pour propager à l'identique les variétés issues d'un unique semis dont les comportements leur apparaissaient favorables. Durant environ 11 millénaires, tirant partie de la grande aptitude des individus de cette espèce au bouturage (qui se traduit par une capacité remarquable à émettre des racines à partir d'un fragment d'organe, le plus souvent un sarment), les Hommes ont ainsi fait voyager les variétés sur de grandes distances, et ont maintenu certaines de ces mêmes variétés sur de très longues périodes (potentiellement des millénaires !).

La répétition de cycles de multiplication végétative, le maintien en vie d'un même génotype, son exposition à de nombreuses conditions et stress sont des facteurs qui ont favorisé l'émergence de la diversité intravariétale (clonale) au sein de variétés initialement « fixées », c'est-à-dire destinées à être reproduite à l'identique après leur sélection par les cultivateurs.

I. Origine de la diversité clonale

Bien que les individus d'une même variété partagent une origine génétique commune, les clones sélectionnés aujourd'hui montrent des différences parfois importantes dans leur comportement agronomique, leur morphologie, leur physiologie, leur tolérance aux stress ou encore leur profil aromatique.

Comme toute plante pérenne multipliée sans phase de recombinaison liée à la multiplication sexuée, la vigne connaît des modifications génétiques (et épigénétiques ?) qui peuvent s'accumuler au fil du temps.

À chaque cycle de multiplication, lors de la division cellulaire dans les méristèmes, siège d'un processus intense de divisions cellulaires, peuvent survenir des mutations spontanées. Leur accumulation progressive aboutit à une variabilité entre les individus, potentiellement proportionnelle à l'ancienneté et à la diffusion géographique d'un génotype. Ces mutations somatiques représentent la principale source de variation intravariétale.

Plusieurs mécanismes aboutissant à des mutations peuvent être distingués :

II.

2.1. Les mutations ponctuelles

Ce sont des modifications d'une ou quelques bases dans l'ADN, issues principalement d'erreurs de réplication ou de réparations imparfaites. Généralement neutres, elles peuvent néanmoins affecter un gène impliqué dans la définition d'un caractère (couleur des baies, vigueur, fertilité, réponses à l'environnement, ...), leur accumulation au cours du temps accentuant leur impact dans les génotypes très anciennement multipliés.

une fraction importante du génome de la vigne. Dans différentes conditions (stress par exemple), ils peuvent s'insérer dans des gènes et en bloquer le fonctionnement, modifier des systèmes de régulation ou impacter l'architecture tridimensionnelle du génome.

Un exemple emblématique est l'insertion d'un rétrotransposon dans le gène *VvMybA1*, bloquant la synthèse des anthocyanes et occasionnant le passage de baies noires à blanches.

2.2. Les insertions, délétions et réarrangements chromosomiques

Ce sont des pertes, des gains ou des déplacements de portions d'ADN. Plus rares mais plus impactantes, elles peuvent modifier durablement des traits morphologiques ou physiologiques.

2.4. Les chimères

La vigne présente un méristème organisé en couches : L1 (épiderme), L2 (mésophylle, gamètes) et parfois L3 (tissus internes).

Une mutation peut toucher une seule couche, entraînant des chimères périclinales (mutation affectant une couche entière, transmissible de façon stable), mériclinales (sur une partie d'une couche) ou sectorielles (sur une portion radiale d'un méristème, mutation plus instable).

2.3. Les éléments transposables

Les transposons (fragments d'ADN susceptibles de se déplacer d'un endroit du génome à un autre) représentent

III. Facteurs influençant l'apparition de diversité

3.1. Le rôle des stress et du vieillissement

Parce que la vigne est une plante pérenne souvent multipliée à partir d'individus âgés, le vieillissement physiologique de la souche-mère joue aussi un rôle dans la diversification clonale.

Les stress abiotiques (sécheresse, chaleur, rayonnement UV) sont susceptibles d'augmenter le taux de mutations ou d'induire des modifications épigénétiques.

Les stress biotiques (virus, phytoplasmes, bactéries, ...) peuvent également influencer l'expression de certains gènes ou la stabilité génomique. Au fil du temps durant lequel une variété est propagée, l'environnement contribue ainsi à façonner la diversité génétique au sein de cette même variété.

3.2 L'épigénétique : un niveau supplémentaire de variation

Outre les mutations génétiques, les variations épigénétiques — méthylation de l'ADN, modifications des histones — peuvent moduler l'expression des gènes sans en changer la séquence. Ces effets sont le plus souvent réversibles, mais la multiplication végétative peut conserver en partie certaines de ces marques, qui peuvent donc contribuer aux différences clonales. Ce sujet doit encore faire l'objet de travaux fondamentaux visant à préciser les conditions de stabilité de ces modifications épigénétiques.

IV. La sélection humaine : un amplificateur majeur

La diversité clonale s'accumule donc naturellement au fil du temps, mais c'est l'humain qui détermine son utilisation agronomique par diverses techniques de sélection, qui peuvent faire une large part à l'empirisme, ou au contraire s'appuyer sur des protocoles élaborés d'évaluations techniques.

À partir des années 1960, la sélection clonale moderne a systématisé de dernier processus : chaque clone officiellement reconnu correspond à une souche sélectionnée pour ses performances et testée en parcelle d'étude avant agrément et multiplication. La sélection sanitaire, visant à éliminer (ou

assainir) les clones porteurs de virus graves, a également orienté les choix.

Ce processus a eu deux effets :

- Amplifier les divergences clonales au sein du matériel sélectionné en isolant et multipliant des génotypes légèrement différents.
- Mettre en lumière l'importance de la conservation et de l'étude de la diversité intravariétale, précieuse source d'adaptation disponible au sein même des variétés largement connues et cultivées.

V. Le polymorphisme clonal observable

Une fois éliminés les facteurs de variation qui ne sont pas dus à des différences stables d'ordre génétique entre les individus (viroses et autres maladies, effets de l'environnement, stress...), le polymorphisme clonal peut potentiellement concerner tous les champs d'expression du phénotype :

- Caractères ampélographiques variés : intensité de la pigmentation anthocyanique des différents organes, découpeure des feuilles (nombre de lobes, profondeurs des sinus latéraux), forme du sinus pétiolaire, couleur, brillance, texture du limbe, villosité...
- Port, architecture, entre-cœurs, ramifications
- Vigueur, expression végétative
- Phénologie (notamment maturité)
- Baies : taux de nouaison, millerandage, forme, taille, épaisseur de la pellicule, pruine, pépins

- Grappes : fertilité, taille, architecture, compacité, grappillons
- Sensibilité au botrytis (compacité et architecture de la grappe, maturité)
- Potentiel technologique : teneur en sucres, acidité, couleur (pellicule, pulpe), composés phénoliques, précurseurs d'arômes, composés aromatiques...

Au-delà des caractères qualitatifs et quantitatifs potentiellement valorisables dans des sélections agronomiques, on trouve également dans la diversité des individus présentant des mutations « spectaculaires » non souhaitables pour la production agricole, mais utiles pour étudier par exemple le déterminisme génétique de différents caractères : quasi-stérilité due à des malformations des pièces florales, absence de pulpe dans les baies, rabougrissements, ...

VI. L'état de la conservation de la diversité intravariétale en France

Structuré autour du conservatoire de l'INRAE de Vassal-Marseillan (34), héritier d'une longue lignée de collections dont l'histoire remonte à la fin du XVIII^e siècle (un ouvrage est en cours de rédaction sur ce sujet) et de celui du Pôle National Matériel Végétal de l'IFV (Le Grau du roi, 30), le réseau des Partenaires de la Sélection (ou CTNSP) compte aujourd'hui 40 membres. Formellement constitué en 2001, et partiellement financé par un retour de la diffusion de matériel végétal français à l'étranger sous la marque ENTAV by INRAE-IFV, le réseau compte aujourd'hui plus de 180 parcelles regroupant plus de 20 000 accessions représentant la diversité des cépages français.

Ce réservoir sert de base aux travaux de sélection toujours menés sur le territoire, et qui visent à enrichir la palette de

diversité mise à disposition des vignerons. En parallèle, des prospections sont toujours organisées chaque année en différents points du vignoble, dans le but de continuer à alimenter les conservatoires, tant que perdurent des parcelles ou d'anciennes implantations ensauvagées susceptibles de renfermer une part de diversité non encore rassemblée.

Deux sites internet permettent de visualiser les réalisations et les différents travaux menés par les Partenaires de la Sélection :

<https://partenaires-selection-vigne.fr/>

https://bioweb.supagro.inra.fr/collections_vigne/Home.php

VII. L'exploitation de la diversité : la sélection

En France, la sélection institutionnelle s'est d'abord effectuée au sortir de la dernière guerre sous la forme de sélection massale, visant à assurer la conformité et la pureté variétale des variétés greffons et porte-greffes, et à éliminer de la multiplication le matériel végétal virosé (notamment par le court-noué, qui s'était très largement répandu depuis la reconstitution post-phyloxérique). La sélection clonale telle que nous la connaissons aujourd'hui France a concrètement débuté en 1962 (avec la création de l'ANTAV dans les sables du Domaine de l'Espiguette, aujourd'hui le Pôle Matériel Végétal de l'IFV).

Les premiers clones ont été agréés en 1971. Progressivement, le processus de sélection s'est amélioré. Les méthodes de détection des agents pathogènes, basées au tout début sur de l'observation visuelle, ont bénéficié de l'apport des analyses sérologiques (tests ELISA) puis génétiques, en complément de l'indexage sur un génotype sensible, qui reste la méthode de référence.

En plus de 50 ans de travaux, le processus de sélection a connu 3 grandes phases :

- Sélection de clones réguliers, souvent parmi les plus productifs d'un cépage donné, sains vis-à-vis des viroses graves. Le Cabernet-Sauvignon 15, ou les Chardonnay 76 et 96 en sont des illustrations
- Sélection de clones qualitatifs destinés principalement aux appellations, à potentiel de production plus limité et aptitude élevée à accumuler les sucres. On peut citer le Cabernet-Sauvignon 412, le Chardonnay 548, les Pinot noir 828 ou 943
- Sélection de clones de diversification, visant à compléter et élargir une gamme existante. Parmi eux, les clones de Syrah 1140, 1141 ou 1188 non-sujets au dépérissement, les Chardonnay 1066, 1067 et 1068, les Cabernet-Sauvignon 1124 et 1125 (issus de familles sanitaires ou d'assainissements de clones porteurs de viroses et considérés comme qualitatifs). La diversité disponible s'enrichit ainsi régulièrement dans les différentes régions, afin d'approcher l'objectif de la sélection française : rassembler, étudier et sélectionner la diversité, de façon à la représenter au mieux dans le matériel végétal diffusé à la filière.

Aujourd'hui, près de 1400 clones ont été sélectionnés depuis le début des années 1970, dont 1081 sont toujours maintenus et disponibles pour la multiplication.

CONCLUSION

Tel qu'il est réalisé en France, ce travail peut apparaître lourd, fastidieux et long (il faut environ 15 ans pour finaliser une sélection, à partir du repérage de souches candidates dans les vieilles parcelles). Cependant, cette durée et le fait que les travaux soient effectués par des organismes publics ou des structures collectives constituent indéniablement un gage de fiabilité des résultats. Sur le long terme, on peut souligner l'effet cumulatif de ce travail : sauf radiations ponctuelles justifiées par l'avancée des connaissances, toutes les sélections anciennes restent maintenues et disponibles, et la gamme de diversité sélectionnée et multipliable ne fait que s'étoffer au cours du temps. Pour certaines variétés emblématiques, la sélection peut apparaître aujourd'hui bien aboutie, mais pour de nombreux cépages un gros travail reste à poursuivre. Cette qualité des évaluations ainsi que la pérennité des suivis du matériel dans le temps ont d'ailleurs fortement contribué à la reconnaissance et au succès du matériel végétal français à l'étranger.

BIBLIOGRAPHIE

Audeguin, L., Boidron, R., Bloy, P., Grenan, S., Leclair, P., Boursiquot, J.-M. (2000). L'expérimentation des clones de vigne en France. État des lieux, méthodologie et perspectives. *Bulletin O.I.V.*, vol. 73, n° 829-830, pp. 181-190.

Bouquet, A. (2008). La vigne et sa diversité génétique (revue bibliographique). *Progrès Agricole et Viticole*, 125, n°6.

Boursiquot, J.-M., Lacombe, T., Bouquet, A. (1999). Une mémoire pour demain : le Domaine de Vassal, conservatoire génétique de la vigne. *Revue française d'œnologie*, n°177, juillet-août.

Branas, J., (1974). Viticulture. *Imp. Dehan, Montpellier*.

Carrier, G., Le Cunff, L., Dereeper, A., Legrand, D., Sabot, F., Bouchez, O., ... & This, P. (2012). Transposable elements are a major cause of somatic polymorphism in *Vitis vinifera* L. *PLoS one*, 7(3), e32973.

Dong, Y., Duan, S., Xia, Q., Liang, Z., Dong, X., Margaryan, K., ... & Chen, W. (2023). Dual domestications and origin of traits in grapevine evolution. *Science*, 379 (6635), 892-901.

Huglin, P., Guyot, R., Valat, C., Vuittenez, A. (1980). L'évaluation génétique et sanitaire du matériel clonal de la vigne. *Bulletin O.I.V.*, vol.53, n° 597.

Collectif, 2025. Catalogue des vignes cultivées en France. <https://www.plantgrape.fr>

Lacombe, T., Boursiquot, J.-M., Audeguin, L. (2004). Prospection, conservation et évaluation des clones de vigne en France. *Bulletin O.I.V.*, vol 77, 885-886.

Pelsy, F. (2010). Molecular and cellular mechanism of diversity within grapevine varieties. *Heredity*, 104: 331-340.

Robinson, H., Strack, T., Schmidt, M., Callipo, P., Nsibi, M., Schmid, J., ... & Voss-Fels, K. P. (2025). Exploring intra-varietal variation for complex traits in grapevine (*Vitis vinifera* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 138 (12), 305.

Schellenbaum, P., Mohler, V., Wenzel, G., & Walter, B. (2008). Variation in DNA methylation patterns of grapevine somaclones (*Vitis vinifera* L.). *BMC Plant Biology*, 8(1), 78

Valat, C. (1972). La sélection clonale de la vigne, facteur d'amélioration de la productivité du vignoble français. *Options Méditerranéennes*, n°12

Truel, P. (1990). Rôle des collections ampélographiques dans la sélection de la vigne. *Progrès Agricole et Viticole*, 107, n°11.

Leclair, P. (1989). Conservation de la variabilité génétique des cépages : exemple des cépages bordelais. *Connaissance de la Vigne et du Vin, hors série n° 15-16*.

Yobrégat, O., Sereno, C., Audeguin, L., Lacombe, T., & Boursiquot, J. M. (2011). Conservation de la diversité intravariétale de la vigne en France : situation générale en 2010, perspectives et priorités pour l'avenir. *Le Progrès agricole et viticole*, 10, 211-220.