PLAN NATIONAL DÉPÉRISSEMENT DU VIGNOBLE

VACCIVINE

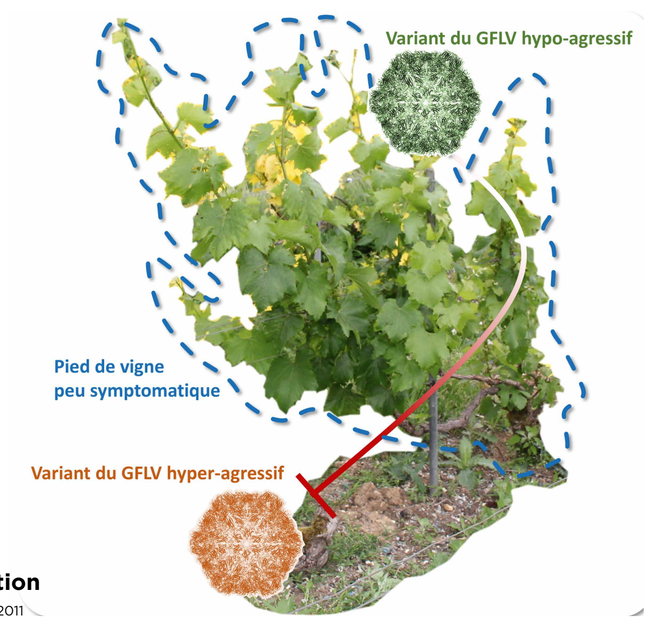
LA PRÉMUNITION POUR CONTRÔLER LE COURT-NOUÉ

DÉVELOPPEMENT D'UNE STRATÉGIE DE LUTTE DURABLE CONTRE LE VIRUS DU COURT-NOUÉ DE LA VIGNE (GFLV)

La **maladie du court-noué** est à l'origine de certains dépérissements dans le vignoble français engendrant des pertes économiques majeures.

Le principal virus responsable de cette maladie en France est le ***Grapevine fanleaf virus*** ou **GFLV**, un népovirus dont le génome est constitué de deux molécules d'ARN appelées ARN1 et ARN2. Dans certains cas un ARN satellite appelé ARN3 peut être associé au génome viral.

Rond de court-noué dans une parcelle champenoise



Le principe de prémunition

Capside virale : Schellenberger et al., 2011

L'objectif du projet **VACCIVINE** est de développer une alternative de **lutte antivirale durable** basée sur le principe de la prémunition. Il s'agit d'une méthode de **biocontrôle** qui consiste à inoculer une souche ou un variant viral sélectionné pour sa **faible pathogénicité.** Sa présence dans les plantes, alors dites « prémunies », protège les vignes d'une infection ultérieure par des variants fortement pathogènes du même virus.

L'efficacité et la durabilité de cette méthode dépend principalement de la **stabilité** génétique du **« variant protecteur »** et de sa capacité à contrer un **large spectre** de variants hyper-agressifs.

LE SÉQUENÇAGE À HAUT DÉBIT (HTS) POUR CARACTÉRISER LE VIROME

Afin de sélectionner différents variants de GFLV **hypo-agressifs et adaptés** aux différentes régions viticoles françaises nous étudions actuellement la variabilité génétique des **populations de GFLV.**

Le **réseau d'expérimentations** que nous avons mis en place en collaboration avec les acteurs de la filière est basé sur la collecte de **données traditionnelles** (agronomiques, sérologiques et moléculaires) et l'utilisation des nouvelles méthodes de séquençage à haut débit ou **HTS** (*high throughput sequencing*). Il nous permet d'étudier de façon exhaustive la nature du **« virome »** (ensemble des séquences génomiques complètes de virus) infectant les vignes et de le corréler avec leur état sanitaire.

CHAQUE PIED DE VIGNE POSSÈDE SON PROPRE VIROME

Nombre des différentes molécules d'ARN de virus et viroïdes retrouvées dans 20 vignes provenant de deux parcelles champenoises. Les ARN totaux des différents échantillons ont été extraits puis analysés par HTS. Le nombre des différentes molécules d'ARN 1, 2 ou 3 du GFLV assemblées par échantillon est indiqué en vert, celui des virus et viroïdes commensaux de la vigne GRSPaV, HSVd et GYSVd1 en bleu clair. Les séquences des *Tymoviridae* GFkV, GRVFV et GSyV1 sont en bleu foncé et celles du virus de l'enroulement GLRaV-2 en jaune. Enfin, la présence d'une molécule d'ARN du virus émergent GPGV est en orange.

Virus	Échantillons																			
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
GFLV ARN1	1	2	-	1	-	2	-	1	-	2	-	2	-	2	2	-	2	2	2	2
GFLV ARN2	1	1	-	1	-	1	-	1	-	2	-	2	-	2	2	-	2	1	2	1
GFLV ARN3	-	1	-	1	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-
GRSPaV	5	3	4	5	5	3	4	3	3	5	4	2	3	3	4	5	4	3+	3+	4+
HSVd	2	2	2	2	2	2	3	3	3	3	2	3	2	2	2	3	3	2	2	2
GYSVd1	2	2	2	2	2	2	2	1	2	2	4	2	2	3	3	2	3	4	4	2
GFkV	1+	-	-	-	1+	1+	1	1	1	1+	1+	1+	-	1+	-	1+	1	1+	-	1
GRVFV	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1	-	-	-	1	-	1+	-	-	1
GSyV1	1	1	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1+	-	-	-
GLRaV2	-	-	-	1	-	-	-	1	-	-	-	-	-	1	-	-	1	-	-	-
GPGV	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

GRSPaV : *Grapevine rupestris stem pitting-associated virus* ; HSVd : *Hop stunt viroid* ; GYSVd 1 : *Grapevine yellow speckle viroid 1* ; GFkV : *Grapevine fleck virus* ; GRVFV : *Grapevine rupestris vein feathering virus* ; GSyV 1 : *Grapevine Syrah virus 1* ; GLRaV 2 : *Grapevine leafroll-associated virus 2* ; GPGV : *Grapevine pinot gris virus*

Vigne et al. Frontiers in Microbiology, 2018

Olivier LEMAIRE , Julie KUBINA et Emmanuelle VIGNE
INRAE, Université de Strasbourg
olivier.lemaire@inra.fr et emmanuelle.vigne@inra.fr

L'université de Strasbourg, le Comité Champagne, le CIVA, le BIVB, l'IBMP, l'IFV, Moët et Chandon, les Chambres d'agriculture et la région Grand-Est sont partenaires et associés dans le projet Vaccivine.

INRAE

Projet réalisé avec le soutien financier du Ministère de l'Agriculture et de l'Alimentation, de FranceAgriMer et du CNIV (Comité National des Interprofessions des Vins à appellation d'origine et à indication géographique)