

MYCOVIR: Etude de la diversité et des interactions des communautés virales et fongiques associées aux maladies du bois de vigne

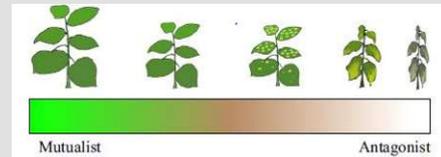
❑ **Cible d'étude:** Parmi les manifestations du dépérissement de la vigne, MYCOVIR cible les **maladies du bois (MDB)**



❑ **Contexte:** 13% des surfaces viticoles affectées par les MDB – Pas de traitement curatif – Implication de facteurs biotiques et abiotiques – **Rôle des communautés virales et de leurs interactions avec les communautés fongiques non exploré**



Interactions virus-hôte: continuum



Selon Roossinck 2015

❑ **Démarche:** Caractériser les communautés fongiques et les communautés virales dans des plants avec des symptômes de MDB ou non – **Communautés virales = virus de la vigne + virus des champignons infectant la vigne (Mycovirus)**

❑ **Hypothèses:** La composition des communautés virales pourrait avoir un rôle dans les MDB : **Réduction du pouvoir pathogène fongique, et/ou priming des défenses de la plante par des phytovirus**

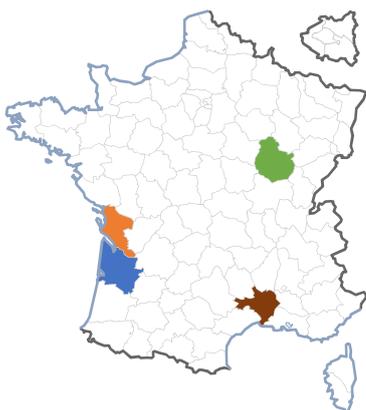
>>> Identification d'interactions positives entre communautés fongiques et communautés virales au service de la santé de la vigne

Le projet **MYCOVIR** veut décrire la **diversité et les interactions** des communautés virales et fongiques associées aux **maladies du bois de la vigne**, et répondre à l'hypothèse selon laquelle la composition du **virome** serait un des facteurs expliquant l'évolution du cep de vigne vers la maladie, au travers de **3 actions**:

1. Décrire les **communautés virales et fongiques** dans 3 catégories de ceps (malades, sains, résilients), et analyser les **réseaux d'association** entre ces communautés
2. Caractériser les **viromes** à partir de bois de vigne
3. Explorer le **rôle des mycovirus** dans la modulation de l'agressivité des **Botryosphaeriaceae** associés aux maladies du bois de la vigne

Cette première fiche technique présente certains des résultats obtenus.

Le dispositif



- ✓ 4 régions viticoles: Bordelais, Charente, Bourgogne, Languedoc-Roussillon
- ✓ 4 cépages: Chardonnay, Cabernet-Sauvignon, Ugni-Blanc, Cabernet-Franc
- ✓ 7 parcelles suivies sur le long terme : 2 Bordelais, 1 Charente, 1 Bourgogne, 3 Languedoc-Roussillon (âge, suivi maladies, antécédents, ...)
- ✓ 3 types de plants: Malade (M), Sain (S), Résilient (MS = S année n, M, année n-1)
- ✓ 10 Rameaux pour chaque statut (M, MS, S) pour 7 parcelles >> 210 échantillons
- ✓ 2 années consécutives: 2019 et 2020

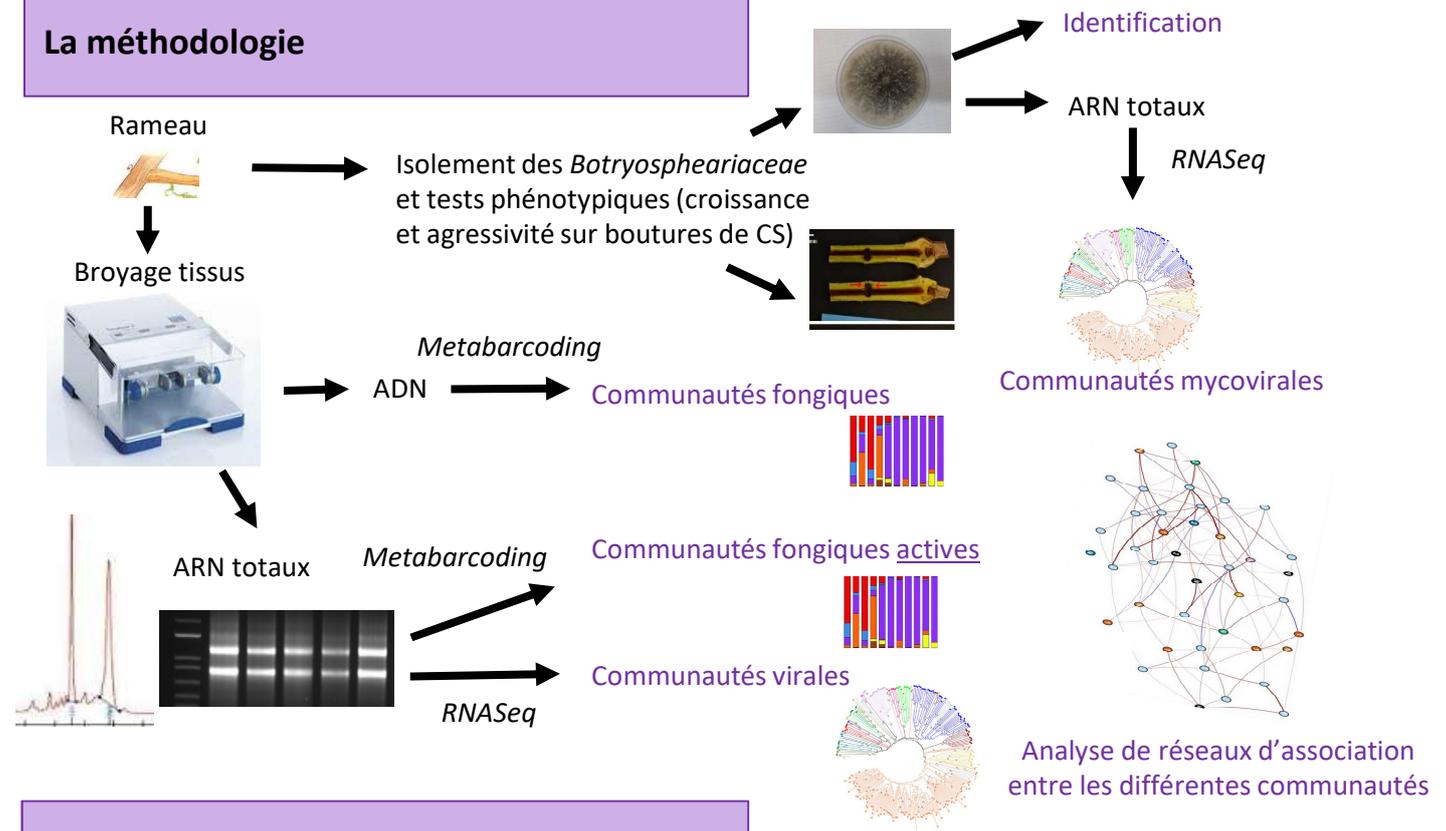


S: sain

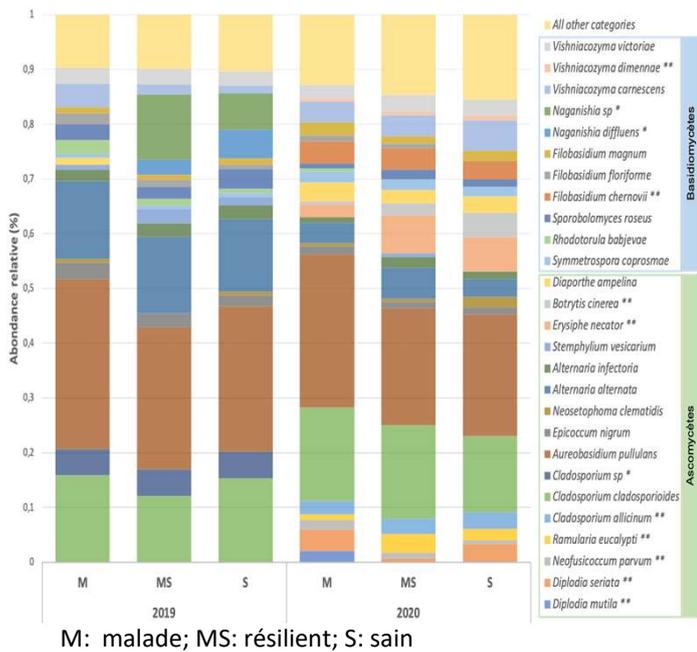


M: malade

La méthodologie



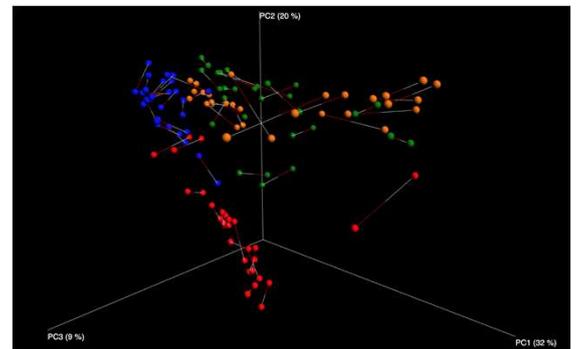
Diversité des communautés fongiques



Profils taxonomiques fongiques de rameaux de vigne (au niveau de l'espèce, pour des OTUs > 1%)

- *OTU détectée uniquement en 2019
- **OTU détectée uniquement en 2020

Comparaison des résultats de beta-diversité de matrices ADN et ARN (n=60) par analyse Procrustes.



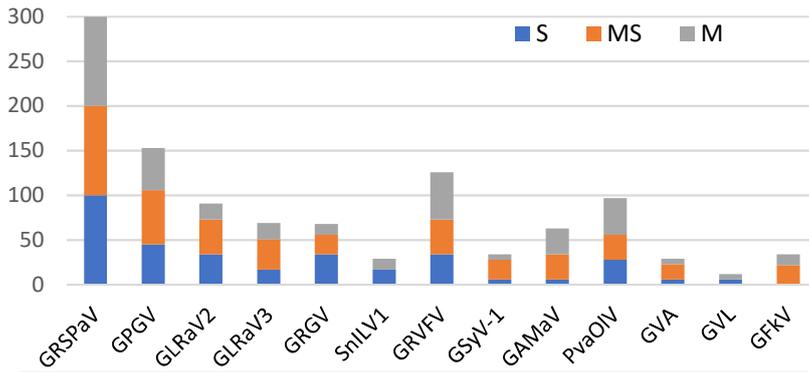
- Cabernet Franc
- Chardonnay
- Cabernet Sauvignon
- Ugni Blanc

Analyse en Coordonnées Principales comparant les distances de Bray Curtis en fonction des cépages.

- Les résultats obtenus à partir de matrices ADN ou ARN sont significativement identiques >>> **mêmes conclusions biologiques**

- Un **core microbiome** (56% d'espèces communes) a pu être observé sur les 2 années de l'étude parmi les 27 espèces les plus abondantes (>1% AR), avec **3 espèces majoritaires: Aureobasidium pullulans, Cladosporium cladosporioides et Alternaria alternata**
- Profil similaire quelque soit le statut sanitaire des céps
- 6 (2019) à 12 (2020) espèces de pathogènes impliqués dans les MDB identifiées dont **Diaporthe ampelina, Diplodia seriata, et Neofusicoccum parvum**

Diversité des communautés virales



Distribution des phytophages au sein des vignes analysées (% plants infectés)

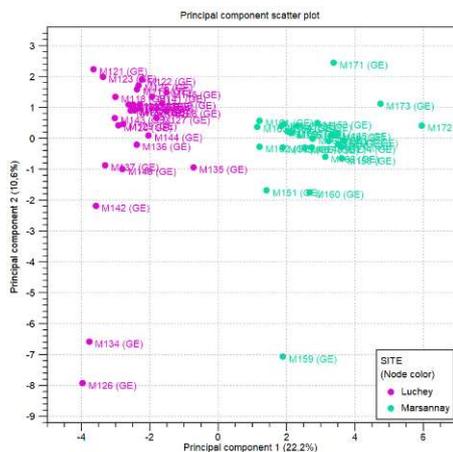
DISEASE NOTE

First Report of Grapevine Virus L Infecting Grapevine in Southeast France

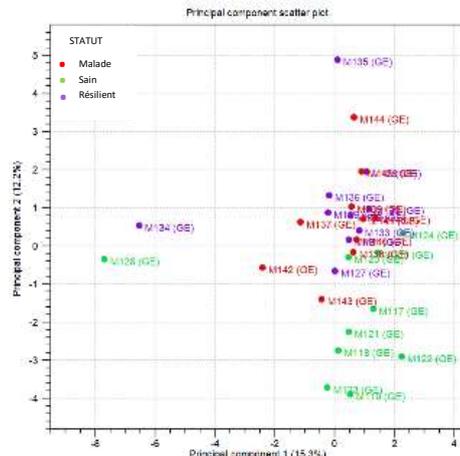
L. Svanella-Dumas, T. Candresse, M. Lefebvre, J. Lluch, S. Valliere, P. Larignon, and A. Marais

Affiliations

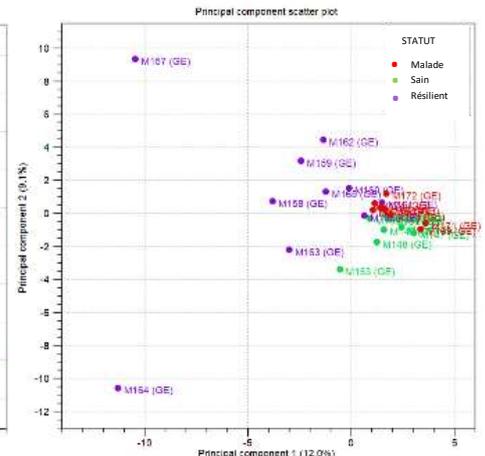
Published Online: 8 Apr 2022 | <https://doi.org/10.1094/PDIS-10-21-2310-PDN>



ACP du phytovirusome dans les vignobles du Luchey et de Marsannay >>> **claire séparation des sites/cépages**



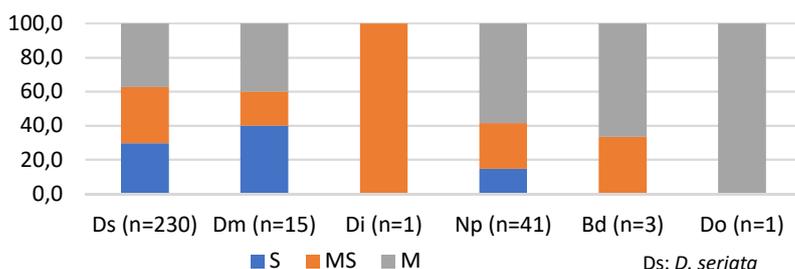
ACP du phytovirusome dans le vignoble de Marsannay en fonction de l'état sanitaire >>> **pas de séparation très nette des états sanitaires**



ACP du mycovirusome dans le vignoble de Marsannay en fonction de l'état sanitaire >>> **tendance à séparer les plants malades, des sains et résilients**

- Certains virus sont ubiquistes (GRSPaV)
- Description du GVL en France pour la première fois
- **Globalement, pas de virus spécifique d'un état sanitaire**
- Le phytovirusome permet une différenciation des sites ou/et des cépages, mais pas de l'état sanitaire
- Le mycovirusome permet, dans une certaine mesure, de séparer les vignes malades. Néanmoins, cette observation n'est pas généralisable à tous les vignobles

Botryosphaeriaceae et mycovirus

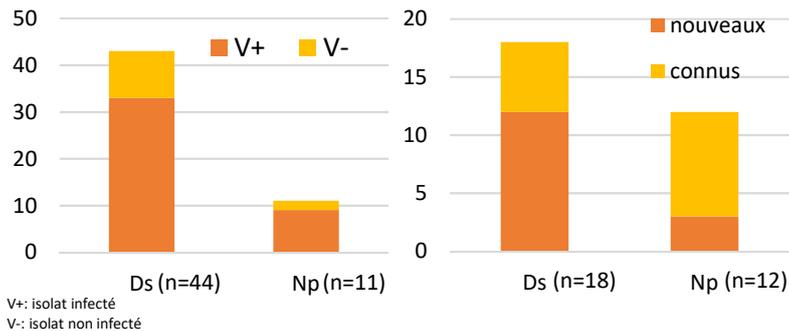


Distribution des espèces de Botryosphaeriaceae dans les 3 catégories de plants

Ds: *D. seriata*
Dm: *D. mutila*
Di: *D. intermedia*
Np: *N. parvum*
Bd: *B. dothidea*
Do: *Dothiorella* sp.

- **6 espèces de Botryosphaeriaceae** ont été isolées à partir d'écorce et/ou bois
- Espèces majoritaires: ***D. seriata*** et ***N. parvum***
- **Np est plus souvent associé à des plants malades (58%)** mais pas spécifiquement
- Ds et Dm sont distribués de façon quasi équivalente dans les 3 catégories de plants
- Tendance à ce que les plants sains n'aient pas permis d'isoler des Botryosphaeriaceae

Recherche de mycovirus dans 55 isolats (*D. seriata*/*N. parvum*)



V+: isolat infecté
V-: isolat non infecté

Proportion de souches de Ds et Np infectées

Proportion de virus connus et nouveaux

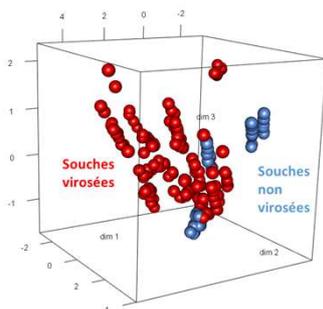


■ Bunyvirales ■ Botourmiaviridae
 ■ Narnaviridae ■ Virgaviridae
 ■ Totiviridae ■ Deltaflexiviridae
 ■ Endornaviridae ■ Mitoviridae
 ■ Partitiviridae ■ Gammaflexiviridae
 ■ Hypoviridae ■ Polymycoviridae
 ■ Mymonaviridae ■ Riboviria

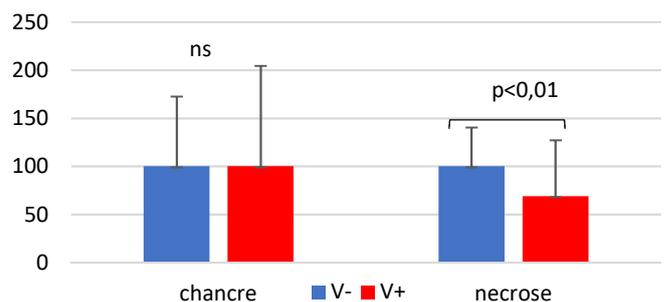
Distribution des mycovirus au sein des familles virales

- La majorité des isolats sont infectés (~80%)
- Grande diversité: 14 familles virales différentes
- 30 mycovirus détectés dont 14 nouveaux (46%)
- 3 mycovirus partagés entre Ds et Np

Impact des mycovirus sur l'agressivité et la croissance de Np



Analyse en composantes principales de la croissance et de l'agressivité des souches Np selon leur état d'infection



Mesure de l'agressivité des souches Np selon leur statut d'infection

- Les traits de vie (croissance et agressivité) sont différenciés en fonction du statut d'infection des souches de Np
- Les souches de Np infectées par des mycovirus sont globalement moins agressives que les souches non infectées
- Observation non vérifiée pour les souches de *D. seriata*

Travaux en cours:

- Agréger ensemble les données de diversité des communautés virales et fongiques
- Construire les réseaux de co-occurrence et les relier à l'état sanitaire des vignes
- Identifier le rôle des mycovirus sur les traits de vie de *D. seriata*
- Identifier et caractériser les mycovirus ayant un impact sur l'agressivité des *Botryosphaeriaceae* sp.



A. Marais, J. Vallance, G. Comont, L. Svanella-Dumas, M. Laurens, MF. Corio-Costet, T. Candresse, C. Faure, P. Larignon, M. Lefebvre, S. Valière, J. Lluch, O. Bouchez

Pour en savoir plus

www.plan-deperissement-vigne.fr/Mycovir

Armelle Marais

armelle.marais-colombel@inrae.fr

Accompagner les filières 80ans FranceAgriMer



INRAE



université de BORDEAUX



Genotoul GeT



save santé & agrécologie du vignoble

BORDEAUX SCIENCES AGRO

