

Analyse fonctionnelle et structurale de la région génomique de *Vitis rotundifolia* contenant le gène *Rpv2* de résistance au mildiou de la vigne

Plasmopara viticola, oomycète responsable du mildiou de la vigne entraîne des pertes considérables pour la viticulture. Actuellement, la lutte contre ce pathogène repose sur les produits phytosanitaires, qui présentent des impacts négatifs sur la santé et l'environnement. Une stratégie alternative est la création variétale, qui consiste à introgresser des facteurs de résistance issus d'espèces américaines ou asiatiques dans des variétés européennes sensibles (*Vitis vinifera*). *V. rotundifolia*, une espèce de vigne américaine, est **totale**ment résistante au mildiou grâce, entre autres, au locus *Rpv2*, localisé sur le chromosome 18, qui induit la résistance aux premiers stades de développement de *P. viticola*. Grâce à l'analyse d'individus recombinants, nous avons réduit la taille de la région génomique contenant ***Rpv2***. Ensuite, l'annotation fonctionnelle des gènes de cette région, combinée à des analyses d'expression génique et de génomique comparative a permis d'identifier deux gènes candidats appartenant à la famille des TIR-NBS-LRR (**TNL**). Les protéines TNL activent les mécanismes de défense de la plante au contact d'un facteur moléculaire du pathogène, appelé Avr. Nous avons débuté les démarches d'identification d'**AvrRpv2** utilisant une stratégie d'effectoromique, avec sélection d'effecteurs candidats sur la base de leur cinétique d'expression et de leur prédiction structurale d'interaction avec les TNL. Même si la nature d'AvrRpv2 reste à élucider, nos travaux ont permis d'identifier trois effecteurs de *P. viticola* capables d'induire la mort cellulaire à différents niveaux.

Functional and structural analysis of the *Vitis rotundifolia* genomic region containing the *Rpv2* grapevine downy mildew resistance gene

Plasmopara viticola, the oomycete responsible for grapevine downy mildew, causes considerable losses in viticulture. Currently, control of this pathogen relies on phytochemicals, which have detrimental effects on health and the environment. An alternative strategy is plant breeding, which involves introducing resistance factors from American and Asian species into susceptible European varieties (*Vitis vinifera*). *V. rotundifolia*, an American grapevine species, is **totally resistant** to downy mildew due, in part, to the *Rpv2* locus, located on chromosome 18, which induces resistance at the early developmental stages of *P. viticola*. Using recombinant individuals, we reduced the size of the genomic region containing ***Rpv2***. Next, functional annotation of the genes at the *Rpv2* locus, combined with gene expression and comparative genomics analyses, enabled us to identify two candidate genes belonging to the TIR-NBS-LRR (**TNL**) family. TNL proteins activate plant defense mechanisms when they interact with a molecular factor of the pathogen, known as Avr. We began the process of identifying AvrRpv2 using an effectoromics strategy, with a selection of candidate effectors based on the kinetics of expression as well as on the structural prediction of their interactions with the TNLs. Although the nature of AvrRpv2 remains elusive, our work enabled the identification of three effectors capable of inducing cell death at different levels.