

Résumé

Les variétés de vigne (*Vitis vinifera* L.) sont composées d'un ensemble de clones, tous issus de la même et unique plante propagée par multiplication végétative sur de longues périodes. Ce processus doit en principe assurer la transmission du patrimoine génétique de la plante mère à la plante fille, cependant des mutations spontanées peuvent apparaître et être, dans certains cas, à l'origine de nouveaux génotypes. Les éléments transposables, par la variabilité génétique que peut générer leur mobilité, sont une source potentielle de mutation. Dans un contexte général de compréhension des mécanismes biologiques qui participent à l'évolution des génomes au cours des cycles de multiplication végétative, l'objectif de la thèse est d'étudier la structure et la dynamique des rétrotransposons du génome de la vigne.

Au début de la thèse, trois rétrotransposons du génome de la vigne étaient décrits. Une première partie de ce travail est consacrée à la caractérisation de dix nouvelles familles de rétrotransposons qui se distinguent des trois éléments déjà connus chez la vigne, ainsi que des rétrotransposons décrits chez d'autres plantes. L'ensemble de ces familles comptent environ 1700 copies, complètes et potentiellement actives ou partiellement dégénérées, dont certaines se sont insérées dans le génome de la vigne au cours des deux derniers millions d'années. Au total, ces familles représentent près de 1,2 % du génome. Dans une deuxième partie, l'étude du niveau de transcription de ces rétrotransposons par des approches complémentaires montre que la présence de leurs transcrits est régulée dans les organes de la vigne en conditions normales de croissance, chaque famille d'éléments présentant un profil d'expression particulier selon l'organe considéré. De plus, l'expression de plusieurs rétrotransposons est induite dans les feuilles en réponse à la blessure et à l'infection par le mildiou.

Le rôle des rétrotransposons dans l'évolution du génome de la vigne et la genèse de diversité intra-variétale reste encore à déterminer. Cependant, l'induction de l'expression de différentes familles en condition de stress permet d'envisager que ces éléments pourraient avoir participé à l'adaptation du génome en réponse aux contraintes culturelles et aux conditions environnementales. De plus, la caractérisation de nouvelles familles d'éléments, dont certaines sont actives et présentes en un grand nombre de copies, peut permettre le développement d'outils moléculaires adaptés à l'identification et à la distinction des clones de vigne.

Mots-clés : *Vitis vinifera* L., diversité intra-variétale, rétrotransposon, éléments mobiles, stress, transcription, RT-PCR