

ANALYSE INTEGREE DE LA REPONSE DE LA VIGNE A L'INFECTION PAR *P. VITICOLA*

Par l'étude d'un cas de contournement de résistance

Résumé

La création de variétés de vignes naturellement résistantes constitue une alternative respectueuse de l'environnement à l'utilisation de fongicides contre le mildiou. Cependant, un déploiement optimal de variétés résistantes nécessite une excellente connaissance des relations entre la vigne et *P. viticola*. Ces connaissances fondamentales pourront ensuite alimenter les stratégies pour le développement de variétés durablement résistantes au vignoble. Bianca est une variété de vigne résistante au mildiou qui possède le gène résistance Rpv3. Cette variété est résistante à la plupart des souches de *P. viticola*. Cependant, une souche virulente capable de l'infecter a été isolée. Dans ce projet, ce nouveau pathosystème original a été utilisé pour obtenir une image complète de l'impact sur la vigne de l'infection par *P. viticola*, en combinant des études de physiopathologie avec des analyses métabolomiques. Parallèlement, l'identification de métabolites et de séquences géniques spécifiques de *P. viticola* a permis le développement de méthodes de suivi dynamique de l'infection, par PCR quantitative et quantification de lipides caractéristiques du mildiou.

Mots clés : Vigne, mildiou, résistance, métabolomique

Abstract

The creation of naturally resistant grapevine varieties is an environment-friendly alternative to the use of fungicides against downy mildew. However, optimal deployment of resistant varieties requires an excellent knowledge of the relationship between grapevine and *P. viticola*. This fundamental knowledge can then feed the strategies for the development of grapevine varieties with sustainable resistance. Bianca is a downy mildew-resistant grapevine variety, due its Rpv3 resistance gene. This variety is resistant to most strains of *P. viticola*. However, a virulent strain capable of infecting Bianca has recently been isolated. In this project, we use this original pathosystem to obtain a complete picture of the impact *P. viticola* infection on grapevine, by combining physiopathological studies with metabolomic analyses. In addition, the identification of specific metabolites and gene sequences from *P. viticola* has allowed the development of original methods for dynamic monitoring of the infection process, through quantitative PCR and quantification of specific lipids.

Keywords: Grapevine, downy mildew, resistance, metabolomics