

Geno Vigne®

Analyse des résistances de créations variétales de raisin de table et pré- développement en vue de leur inscription (TABLE-RES)

Rapport final Février 2015

Numéro et libellé de l'action dans lequel s'inscrit l'opération :

Axe 3 - Volet 2 : Recherche « amont » sur les variétés

Action 26 : Réorienter la sélection variétale vers des variétés plus résistantes, prenant en compte l'objectif de diminution de l'usage des pesticides.

Durée : 3 ans, début en Janvier 2012

Pilote de l'action : MAAPRAT/DGER/SDI/BFR

Description de l'opération :

1. Rappel du contexte

La production de raisin de table en France est essentiellement basée sur des variétés *Vitis vinifera* traditionnelles qui présentent une sensibilité plus ou moins marquée au mildiou et à l'oïdium : Alphonse Lavallée N, Cardinal Rg, Chasselas B, Muscat de Hambourg N, pour ne citer que les plus importantes.

Plus récemment l'INRA a créé un certain nombre de variétés nouvelles selon des objectifs divers :

- précocité : Prima N, Isa B, Ora B
- apyrénie : Danuta B
- rusticité et facilité de conservation : Alval N

A la demande des professionnels producteurs de raisin de table, l'INRA de Montpellier a initié un programme visant à obtenir *in fine*, des variétés résistantes au mildiou et à l'oïdium et présentant des caractéristiques culturelles, technologiques et organoleptiques permettant d'envisager leur développement à une large échelle.

Les fongicides représentent 80 % des produits phytosanitaires utilisés en viticulture. La filière de raisin de table est directement exposée à ce problème car le fruit frais est consommé directement à la différence des cépages de cuve. Il est admis que l'utilisation de cépages résistants aux maladies fongiques (mildiou, oïdium) permettrait de réduire de 80 à 100 % l'emploi de fongicides sur de telles parcelles, et donc d'atteindre ces objectifs de réduction, et, de fait, d'apporter des garanties

aux consommateurs. Répondre à cet objectif permettrait également de relancer une production concurrencée par les variétés produites dans des pays plus chauds : Espagne, Italie, Afrique du Nord, voire dans l'Hémisphère Sud : Italia, Flame seedless, Crimson seedless, Red Globe, Sugraone, Sultanine (Thompson seedless)....

Le contexte scientifique national et international de la question de recherche posée : quelles sont les connaissances scientifiques actuelles sur le sujet ?

L'intérêt pour les créations variétales résistantes dépasse largement le cadre national du fait de la demande croissante de la part des consommateurs de fruits contenant le moins possible de résidus phytosanitaires.

D'un point de vue scientifique, il est important d'obtenir du matériel végétal présentant des résistances durables, c'est-à-dire ayant plusieurs sources de résistances, on parle alors de résistances polygéniques ou oligogéniques.

Résumé des connaissances acquises :

Les espèces apparentées du genre *Vitis* et du genre *Muscadinia*, interfertiles avec *Vitis vinifera* L. *sativa*, présentent des résistances monogéniques ou quantitatives aux stress biotiques et abiotiques, mais malheureusement des caractères de qualité défavorables. Certaines de ces résistances ont déjà été utilisées au travers d'hybrides (HPD) mais du fait des caractères qualitatifs défavorables des espèces, n'ont pas permis l'obtention de variétés de qualité. L'utilisation des méthodes de sélection assistée par marqueurs devraient permettre d'atteindre plus facilement ce but. L'étude de populations en ségrégation issues de croisements interspécifiques (*Vitis vinifera* L. *sativa* avec d'autres espèces des genres *Vitis* et *Muscadinia* ou d'autres hybrides interspécifiques) mais aussi dans un croisement intraspécifique (*Vitis vinifera* L. *sativa* X *Vitis vinifera* L. *sativa*) a permis l'identification de gènes majeurs (*Rpv1*, *Rpv2* et *Rpv3* pour le mildiou et *Run1* et *Ren1* pour l'oïdium) mais aussi de QTLs de résistance au mildiou et à l'oïdium (Pauquet et al., 2001; Merdinoglu et al., 2003; Fisher et al., 2004; Barker et al., 2005; Hoffmann et al. 2008 ; Marguerit et al. 2009).

2. Actions à mettre en œuvre

L'INRA Montpellier (UMR AGAP, équipe DAVEM) a produit 4 290 pépins au total entre 2007 et 2009 (voir bilan en annexe 3) en choisissant les parents de type raisins de table afin d'apporter soit la résistance aux maladies seule soit des caractères complémentaires (apyrénie, arôme muscat, etc.). Les pépins ont été semés en 2008, et en 2009 a été analysé par SAM le matériel à l'aide de marqueurs encadrant le fragment génomique contenant les gènes *Run1* et *Rpv1* (marqueurs VMC4f3 et VMC8G9) et un marqueur lié au gène du sexe (marqueur VVIB23). Les individus nommés Résistant dans les listes de croisements suivants sont porteurs des gènes *Run1* et *Rpv1*.

Parmi les croisements 2007, 80 plantes ont été sélectionnées pour la présence des gènes *Run1* et *Rpv1* ainsi que le gène conférant le caractère hermaphrodite ; elles ont été transférées en serre au Pôle National Matériel Végétal de l'Institut français de la vigne et du vin (IFV), Domaine de l'Espiguette. Après un examen sous serre, une dizaine a été présélectionnée pour multiplication avant passage au stade VATE (Valeur Agronomique, Technologique et Environnementale) :

- Croisement 3408 (5879 Roucaneuf = SV 12-309 X Résistant 3181)
- Croisement 3409 (6495Mtp2 Teresa Pirovano 192 X Résistant 3197)
- Croisement 3410 (5223Mtp4 Seibel 5813 X Résistant 3197) croisement 3411 (Résistant 3184-22-9 X 5601Mtp1 Seibel 13666)

Parmi les croisements 2008, 52 plantes ont été sélectionnées pour la présence des gènes d'intérêt préalablement cités. Les croisements réalisés étaient les suivants :

- Croisement 3413 (6588Mtp1 Aladin X Résistant 3197-469)
- Croisement 3414 (Résistant 3197-220 X 6619Mtp1 Bronx Seedless)
- Croisement 3417 (6587Mtp1 Amandin X Résistant 3184-47-9)
- Croisement 3418 (6622Mtp1 Candin X Résistant oïdium 3197-469)

La présélection s'effectuera cette année sur la base de l'observation des baies.

Parmi les croisements 2009, la sélection a été réalisée toujours sur la base de la présence des marqueurs moléculaires liés aux caractères de résistance et d'hermaphrodisme. 364 plantules sont actuellement en serre au Domaine de l'Espiguette. Les croisements réalisés étaient les suivants :

- Croisement 3421 (Chambourcin X Résistant 3180-16-8)
- Croisement 3422 (Couderc X Résistant 3180-16-8)
- Croisement 3423 (Amandin X Mélange de pollen de Résistants)
- Croisement 3424 (Roucaneuf X Résistant 3197-7-8)
- Croisement 3425 (Villard Blanc X Résistant 3197-4-69)
- Croisement 3426 (Primus X Résistant 3181-24-9)
- Croisement 3427 (Résistant 3197-2-33 X Himrod)
- Croisement 3428 (Résistant 3184-47-9 X Perdin Blanc)

En 2010, 8 croisements ont été réalisés toujours entre des HPD (Regent et Chambourcin) et des individus résistants, 564 plantules sont actuellement en serre en attente d'un prélèvement pour analyse moléculaire. En plus de la recherche d'autres sources de résistances chez ces individus, des analyses complémentaires seront réalisées en 2011 : caractères de qualité (arôme muscat, apyrénie, etc...) à l'aide de marqueurs moléculaires.

Le programme envisagé se décline en trois grandes phases :

- Evaluation des résistantes au mildiou et à l'oïdium de 30 géotypes présélectionnés, en milieu contrôlé et au champ.

- Recherche des sources de résistance au mildiou et à l'oïdium présentes dans ces individus sur la base de données bibliographiques.

- Introduction des géotypes présélectionnés au centre de sélection de l'IFV : Pôle National Matériel Végétal pour sélection sanitaire et multiplication préalable à l'expertise au vignoble : VATE nécessaire à l'inscription des variétés au Catalogue National qui sera mise en place hors le présent appel à projets 2011 du Comité Scientifique du Comité Technique Permanent de la Sélection des plantes cultivées (CTPS).

3. Procédure de sélection du projet présenté

Le projet présenté a été sélectionné dans le cadre de l'AAP 2011 du CTPS. Ce projet a fait l'objet d'une évaluation par 2 experts missionnés par le Comité scientifique du CTPS à la suite de laquelle le responsable scientifique du projet UMT Géno-Vigne® a pu être auditionné et questionné lors de la réunion plénière des 5 et 6 mai 2011.

A la suite du processus d'évaluation, le CS du CTPS a jugé ce projet éligible à une subvention en émettant les commentaires suivants :

« Ce projet affiche pour ambition d'aboutir rapidement à l'inscription de variétés de raisin de table résistantes à des stress biotiques. C'est une production limitée en surfaces, mais fortement dépendante de l'apport de produits phytosanitaires pour la protection de la qualité des fruits. Le

développement de variétés portant des résistances génétiques constitue un levier central pour cette production et répond aux attentes des consommateurs.

Ce projet combine des observations de terrain et des analyses génétiques approfondies.

Ce projet porte sur le développement d'une méthodologie de sélection pouvant être utile pour d'autres filières viticoles (raisin de cuve, jus de raisin), en mobilisant des résistances spécifiques et une résistance partielle, assurant ainsi des constructions réellement durables.

La recherche de la garantie de la présence de sources de résistances durables (sources multiples par parasite) est bien explicitée dans les objectifs et la méthodologie mise en œuvre est adaptée. Les croisements choisis et les analyses effectuées sur ces croisements ont pour objectif d'aboutir à la création de matériel avec des sources de résistances « durables » et sans risque de contournement élevé. Le marquage moléculaire sera utilisé pour caractériser les gènes présents, même s'il sera insuffisant pour aider à une bonne gestion des résistances. Des tests pathologiques seront donc indispensables et seront utilisés pour valider l'effet des QTL.

Le partenariat avec les producteurs qui sera mis en œuvre et renforcé permettra de s'assurer de l'intérêt des producteurs vis-à-vis des variétés qui seront créées dans ce projet, et de leur acceptabilité par les utilisateurs. En effet, on est ici dans une filière très attachée à ses variétés traditionnelles, Muscat et Chasselas. Une incertitude demeure sur la réussite de la mise en marché des variétés qui seront créées dans ce projet. Elles seront en effet très différentes des variétés traditionnelles. Mais le fait que le partenariat de ce projet mobilise à la fois la recherche et un institut technique au travers de l'UMT permet de maximiser la probabilité de réussite de ce projet. Il pourrait y avoir un partenaire professionnel de la filière raisin de table associé au projet (type syndicat ou station expérimentale spécialisée) pas forcément en tant que réalisateur d'action mais dans le cadre d'un groupe de travail ou de suivi. »

Le Groupe Experts Recherche, dans sa séance du 8 septembre 2011, a sélectionné ce projet pour qu'il soit proposé à un financement sur crédits Ecophyto 2011 car celui-ci entre dans les priorités thématiques de recherche retenues dans la feuille de route du GER (rapport d'étape de juin 2011 – Thème n° 7 : Déploiement spatial des résistances variétales dans une optique d'efficacité durable).

Points d'étape :

A partir de 2012 : Recherche de QTLs de résistances

- 2012 : multiplication sous serres de 7 accessions présélectionnées en 2010 dans les serres du Pôle National Matériel Végétal de l'IFV. En 2012-2013 et 2013-2014 : Biotests sur la plateforme de phénotypage de l'INRA Colmar, UMR SVQV – Objectif : phénotypage de 7 à 10 génotypes en 2012-2013 puis 10 génotypes environ en 2013-2014.

- 2012-2013 : Multiplication des génotypes issus des croisements 2008 et 2009 sous serres et observations

- 2012-2014 : Greffage et plantations des premiers essais pour VATE, finalité inscription d'une ou plusieurs variétés nouvelles à partir de 2016.

Description des travaux Multiplication : Dans les serres du Pôle National Matériel Végétal, il s'agit d'élever les génotypes récemment introduits pour une mise à fruit dans les meilleurs délais : conduite en cor-de-chasse. Par ce moyen, il est envisagé de trier les premiers génotypes sur les critères suivants : hermaphrodisme, taille des grappes et des baies, apyrénie, fertilité.

Phénotypage : Il s'agit d'utiliser l'outil et l'expertise de l'INRA Colmar, UMR SVQV en la matière.

Le protocole consiste en la mise en œuvre de bio-essais mildiou et oïdium sur feuilles ou disques foliaires maintenus en survie en utilisant la plateforme de phénotypage selon les modalités suivantes :

- pour le mildiou : note de résistance sur feuilles (OIV 452), surface sporulante, photos,

- pour l'oïdium : note de résistance sur feuilles (OIV 455), photos.

Toutes ces observations étant présentées en référence à 4 variétés témoins (sensible, partiellement et totalement résistant) évaluées dans les mêmes conditions. Pour chaque variété le test comprendra 3 répétitions et 3 isolats de mildiou et 2 isolats d'oïdium.

En complément de ces recherches sur la plateforme de phénotypage, des tests au champ seront réalisés pour tester *in situ* le comportement des variétés présélectionnées vis-à-vis de l'oïdium et ce en focalisant sur la résistance des baies. Ces travaux seront menés par l'IFV Rhône-Méditerranée.: Modalités : confection de 10 pots de chacune des variétés et mise en place de ces pots dans des parcelles plantées avec des variétés sensibles et où la pression en oïdium est réputée élevée. Recherche de QTLs de résistance – UMT Géno-Vigne® De manière concomitante, la recherche des sources de résistance connues sera réalisée par l'UMT Géno-Vigne® : Run1, Rpv1, Regent ou autres... Dans le même temps, il est envisagé de procéder à la recherche d'autres sources de résistances. Ceci sera réalisé sur les génotypes les plus intéressants.

Rapport Final Février 2015

Le document ci-après présente les travaux conduits de Février 2012 à Février 2015.

Intervenants : Loïc Le Cunff, Christophe Sereno, Bernard Molot, Agota Fodor, Pascal Bloy, Mathieu Dufour, Sabine Wiedemann-Merdinoglu, Delphine Legrand, Brice Kucharczyk, Pauline Lamblin, Jean-François Mallet, Auriane Eysseric (stagiaire), Eymeric Lecoeur, Marc Farnos, Laurent Audeguin,

Sommaire

I.	Pré-sélection des génotypes sous serre, observations phénotypiques et sélection assistée par marqueurs.....	7
A.	Sélection assistée par marqueurs.....	7
1.	Génotypage pour vérification du caractère hermaphrodite :	7
2.	Génotypage pour vérification du pyramidage :	8
B.	Phénotypage 2012/2013/2014	8
1.	Suivi phénologique, observations.....	10
2.	Suivi des maladies cryptogamiques sous serre.....	11
3.	Phénotypage Plateforme Colmar	11
4.	Tests black rot en serre	15
II.	Groupe de suivi des travaux.....	16
III.	Sélection, conservation, diffusion, multiplication et évaluation du matériel.....	17
A.	Génotypage pour validation des parentés et inscription dans la base de données pour traçabilité.....	17
B.	Multiplication diffusion et conservation des 16 génotypes pré-sélectionnés.....	17
C.	Evaluation au vignoble.....	18
IV.	Croisement et recherche de marqueurs liés aux caractères d'intérêt pour la filière autres que la résistance.....	20
A.	Croisements réalisés	20
B.	Déterminisme génétique de la taille de la baie.....	21
V.	Conclusion	24
	Annexe 1 : présentation des génotypes retenus pour la mise en place d'une expérimentation de type VATE.....	27

I. Pré-sélection des génotypes sous serre, observations phénotypiques et sélection assistée par marqueurs

Au début de ce projet en 2012, sont présents dans la serre, 285 génotypes porteurs du locus contenant Run1 et Rpv1. Cependant des sélections supplémentaires sont nécessaires pour identifier des génotypes candidats à l'inscription. Ces sélections sont de deux types, moléculaires lorsque les marqueurs liés aux caractères d'intérêt sont connus et morphologiques lorsqu'aucune donnée moléculaire n'est disponible pour la sélection précoce.

A. Sélection assistée par marqueurs

Intervenants : Loïc Le Cunff, Delphine Legrand, Auriane Eysseric (stagiaire)

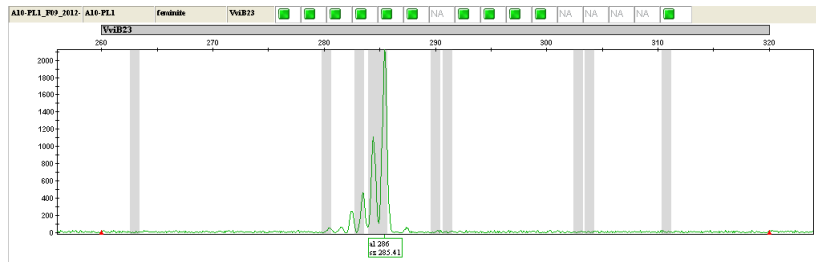


Photo d'ensemble des génotypes (L. Audeguin)

1. *GENOTYPAGE POUR VERIFICATION DU CARACTERE HERMAPHRODITE :*

Intervenants : Loïc Le Cunff, Delphine Legrand, Auriane Eysseric (stagiaire)

Au vu des résultats d'observations sous serre, un grand nombre de génotypes semblent femelles (étamines atrophiées, forte coulure). Une sélection assistée par marqueurs a été alors effectuée afin de confirmer ou d'infirmer ces observations. De ces analyses, il est possible de mettre en évidence 104 génotypes homozygotes pour l'allèle 286 (figure ci-dessous), 133 génotypes hétérozygotes possédant l'allèle 286. Des observations sous serre ont confirmé le caractère hermaphrodite de ces 237 génotypes. Les quarante génotypes restant ne possèdent pas l'allèle 286 et sont femelles.



Génotype homozygote pour l'allèle 286 (capture d'écran du logiciel GeneMapper® v4.1n.K)

Les génotypes femelles ont été éliminés.

2. GENOTYPAGE POUR VERIFICATION DU PYRAMIDAGE :

Intervenants : Loïc Le Cunff, Delphine Legrand, Auriane Eysseric (stagiaire)

Afin de garantir une résistance durable, la communauté scientifique internationale (résolution OIV-VITI_515-2013) recommande de proposer à l'inscription des génotypes présentant deux loci de résistance pour une maladie. L'INRA pour ses propres créations a opté pour ce schéma et l'IFV souscrit à cette stratégie. Dans ce projet, les deux maladies ciblées sont le mildiou et l'oïdium. Les sources de résistance pyramidées sont Run1 et Ren3 pour l'oïdium et Rpv1 et Rpv3 pour le mildiou. Nous avons donc génotypé, les 285 génotypes présents en serre à la recherche de Rpv3 et Ren3. Après cette recherche, 59 individus se sont révélés pyramidés pour les gènes Run1, Rpv1, Ren3 et Rpv3.

B. Phénotypage 2012/2013/2014

Intervenants : Auriane Eysseric (stagiaire), Laurent Audeguin, Loïc Le Cunff, Sabine Wiedemann-Merdinoglu Mathieu Dufour, Pauline Lamblin, Jean-François Mallet, Bernard Molot, Cédric Stessels

Les plants sont taillés en cor de chasse afin de conserver un maximum de bois dans un minimum d'espace et de faciliter la mise à fruit. Les vignes sont palissées régulièrement, un rameau est laissé au pied pour préparer la taille en cor de chasse de l'année suivante. Ceci évite l'épuisement du plant.



Exemple de génotypes candidats (photo : A. Eysseric et P. Lamblin)

Parmi les 59 génotypes (tableau suivant) et afin d'accélérer l'identification de génotypes candidats pour l'inscription, 16 individus ont été sélectionnés sur la base des observations de 2012 et surgreffés sur la parcelle de Mandon (cf. point III.1). Afin de ne pas éliminer un individu intéressant des compléments d'observations sur ces 59 génotypes ont été réalisés en 2013 et 2014.

Le tableau suivant indique les individus pyramidés, leur emplacement dans la serre, le numéro du croisement dont ils sont issus ainsi que les parents utilisés. Une dernière colonne indique dans quelle catégorie le génotype a été classé (OK 16 génotypes sélectionnés en 2012 pour le Raisin de Table en orange ; observé et non retenu pour le Raisin de Table).

Sample Name	Rang	Emplacement	Croisement	Parent 1	Parent 2	Année
A07-PL1	3B	12	3423	Amandin	AB N°3184-47-9 / Mélange de pollen	2009
B11-PL1	3B	6	3423	Amandin	AB N°3184-47-9 / Mélange de pollen	2009
H10-PL3	3B	27	3425	Villard Blanc	AB N°3197-47-9	2009
D04-PL4	2A	45	3421	Chambourcin	AB N°3180-16-8	2009
C10-PL9	1B	31	3411	Seibel 13666	AB N°3184-22-9	2007
F10-PL2	1B	1	3408	Roucanneuf (S.V. 12-309)	AB N°3181 / AB N°3197-78	2007
C03-PL5	2B	9	3421	Chambourcin	AB N°3180-16-8	2009
A02-PL6	3B	22	3425	Villard Blanc	AB N°3197-47-9	2009
G08-PL1	3B	25	3423	Amandin	AB N°3184-47-9 / Mélange de pollen	2009
H02-PL3	3A	13	3428	Perdin Blanc	AB N°3184-47-9	2009
A09-PL5	2A	2	3421	Chambourcin	AB N°3180-16-8	2009
H02-PL4	2B	5	3421	Chambourcin	AB N°3180-16-8	2009
E03-PL4	2A	9	3421	Chambourcin	AB N°3180-16-8	2009
F02-PL5	2B	52	3421	Chambourcin	AB N°3180-16-8	2009
C04-PL2	1B	61	3421	Chambourcin	AB N°3180-16-8	2009
D03-PL2	1A	45	3421	Chambourcin	AB N°3180-16-8	2009
B05-PL5	2B	18	3421	Chambourcin	AB N°3180-16-8	2009
E04-PL8	2B	11	3421	Chambourcin	AB N°3180-16-8	2009
F06-PL4	2B	23	3421	Chambourcin	AB N°3180-16-8	2009
A06-PL3	3B	34	3423	Amandin	AB N°3184-47-9 / Mélange de pollen	2009
D06-PL3	3B	15	3424	Roucanneuf (S.V. 12-309)	AB N°3181 / AB N°3197-78	2009
E05-PL8	2A	26	3421	Chambourcin	AB N°3180-16-8	2009
E12-PL5	2B	38	3421	Chambourcin	AB N°3180-16-8	2009
F05-PL4	2A	12	3421	Chambourcin	AB N°3180-16-8	2009
F12-PL4	2B	47	3421	Chambourcin	AB N°3180-16-8	2009
H01-PL4	2A	29	3421	Chambourcin	AB N°3180-16-8	2009
H04-PL8	2A	34	3421	Chambourcin	AB N°3180-16-8	2009
B08-PL4	1B	60	3421	Chambourcin	AB N°3180-16-8	2009
B12-PL2	1A	49	3421	Chambourcin	AB N°3180-16-8	2009
F04-PL8	2A	6	3421	Chambourcin	AB N°3180-16-8	2009
B04-PL5	2A	33	3421	Chambourcin	AB N°3180-16-8	2009
C11-PL2	1A	44	3421	Chambourcin	AB N°3180-16-8	2009
D06-PL10	1A	30	3408	Roucanneuf (S.V. 12-309)	AB N°3181 / AB N°3197-78	2007
B02-PL2	1A	41	3421	Chambourcin	AB N°3180-16-8	2009
D02-PL4	2B	2	3421	Chambourcin	AB N°3180-16-8	2009
C09-PL5	2A	19	3421	Chambourcin	AB N°3180-16-8	2009
G06-PL5	2A	20	3421	Chambourcin	AB N°3180-16-8	2009
G09-PL5	2A	31	3421	Chambourcin	AB N°3180-16-8	2009
E03-PL3	3B	13	3424	Roucanneuf (S.V. 12-309)	AB N°3181 / AB N°3197-78	2009
A04-PL4	1B	16	3418	Candin	AB N°3197-469	2008
G03-PL1	1A	48	3423	Amandin	AB N°3184-47-9 / Mélange de pollen	2009
D07-PL3	1B	53	3424	Roucanneuf (S.V. 12-309)	AB N°3181 / AB N°3197-78	2009
F02-PL3	1B	37	3424	Roucanneuf (S.V. 12-309)	AB N°3181 / AB N°3197-78	2009
A04-PL1	3B	32	3423	Amandin	AB N°3184-47-9 / Mélange de pollen	2009
B04-PL3	3A	31	3423	Amandin	AB N°3184-47-9 / Mélange de pollen	2009

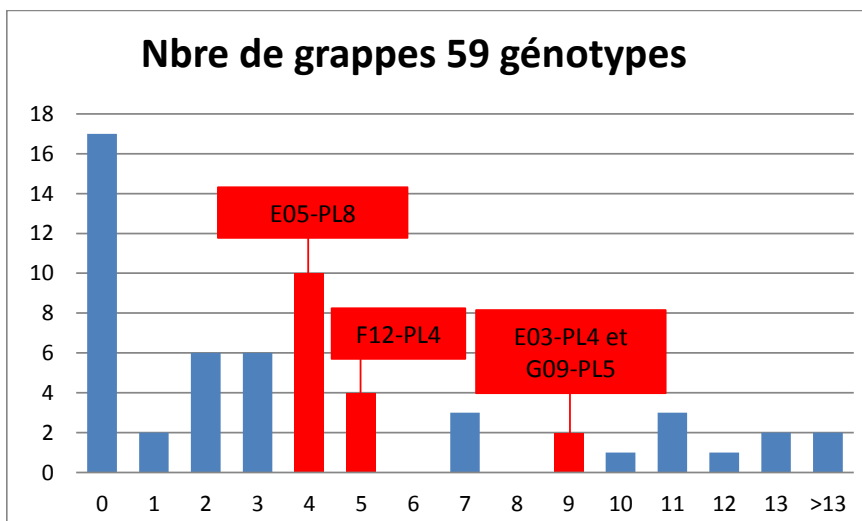
B10-PL3	3B	33	3423	Amandin	AB N°3184-47-9 / Mélange de pollen	2009
D10-PL5	2B	43	3421	Chambourcin	AB N°3180-16-8	2009
F12-PL5	2B	4	3421	Chambourcin	AB N°3180-16-8	2009
D05-PL3	1B	56	3424	Roucanneuf (S.V. 12-309)	AB N°3181 / AB N°3197-78	2009
A05-PL2	3A	12	3425	Villard Blanc	AB N°3197-47-9	2009
G09-PL7	3A	7	3422	Couderc noir (7120)	AB N°3180-16-8	2009
F01-PL1	3B	24	3423	Amandin	AB N°3184-47-9 / Mélange de pollen	2009
D07-PL5	2A	59	3421	Chambourcin	AB N°3180-16-8	2009
D11-PL3	3B	3	3424	Roucanneuf (S.V. 12-309)	AB N°3181 / AB N°3197-78	2009
G12-PL5	2A	10	3421	Chambourcin	AB N°3180-16-8	2009
A01-PL1	1A	31	3411	Seibel 13666	AB N°3184-22-9	2007
C03-PL6	1A	15	3413	Aladin	AB N°3197-469	2007
G02-PL10	1A	28	3411	Seibel 13666	AB N°3184-22-9	2007
G12-PL7	1A	12	3413	Aladin	AB N°3197-469	2007

1. SUIVI PHENOLOGIQUE, OBSERVATIONS

Intervenants : Auriane Eysseric (stagiaire), Mathieu Dufour, Pauline Lamblin, Jean-François Mallet

L'observation d'un seul plant par accession, l'entassement de la végétation engageant à la prudence quant aux extrapolations sur le comportement potentiel au champ. Surtout en matière d'appréciation de la maturité. Néanmoins, il est intéressant de noter les variations en termes de fertilité (voir tableaux ci-dessous) ; tous les génotypes après comptage des inflorescences ont été « ramenés » à 6 grappes maximum.

Année du croisement	Année d'observation	Numéro du croisement	Géniteurs HPD	Phénologie		Phénotype					Récolte			
				50 % Floraison	50 % véraison	Tailles baies	Formes des baies	Formes des grappes	Ailes	Compacité	Nombre de grappes au départ	Nombre de grappes	Longueur moyenne Pédoncule (en cm)	Longueur moyenne grappes (en cm)
2009	2012	3421	Chambourcin	14-mai	N.A	Petites	Sphériques	Cylindrique	1	Compacte	4	4	8,75	10
2009	2012	3421	Chambourcin	21-mai	N.A	Moyennes	Sphériques	Cylindrique	1	Lâche	9	5	16,4	7,3
2009	2012	3421	Chambourcin	21-mai	N.A	Petites	Sphériques	Conique	1 à 2	Compacte	12	6	4,3	12
2009	2012	3421	Chambourcin	11-mai	N.A	Petites	Sphériques	Cylindrique	2	Lâche	4	4	19,8	6,9
2009	2012	3423	Amandin	11-mai	N.A	Moyennes	Sphériques	Cylindrique	2	Moyenne	4	3	7	12
2009	2012	3423	Amandin	14-mai	N.A	Moyennes	Ovoïdes	Entonnoir	2	Lâche	3	3	6,7	10,2
2009	2012	3425	Villard Blanc	09-mai	N.A	Petites	Ovoïdes	Cylindrique	2	Moyenne à Compacte	5	5	5,2	16,9
2009	2012	3425	Villard Blanc	14-mai	N.A	Grosses	Sphériques	Cylindrique	0	Lâche	4	4	19,8	6,9
2009	2012	3421	Chambourcin	29-mai	N.A	Petites	Sphériques	Cylindrique	0	Lâche	2	2	6,5	7
2009	2012	3421	Chambourcin	11-mai	N.A	Moyennes	Sphériques	Conique	2	Lâche	4	4	7,2	19,8
2009	2012	3421	Chambourcin	14-mai	N.A	Petites	Sphériques	Cylindrique	1	Lâche	4	4	18,8	9,6
2009	2012	3421	Chambourcin	11-mai	N.A	Petites	Sphériques	Cylindrique	0	Moyenne	2	2	4,5	16
2009	2012	3421	Chambourcin	11-mai	N.A	Moyennes	Sphériques	Cylindrique	0	Moyenne	3	3	14,7	6
2009	2012	3421	Chambourcin	11-mai	16-juil	Petites	Sphériques	Conique	0	Compacte	5	4	14,1	5
2009	2012	3421	Chambourcin	14-mai	N.A	Moyennes	Sphériques	Cylindrique	1	Moyenne	8	5	15,6	6,5
2009	2012	3421	Chambourcin	14-mai	N.A	Petites	Sphériques	Cylindrique	0	Lâche	7	5	17,3	10,8
2009	2012	3421	Chambourcin	11-mai	N.A	Petites	Sphériques	Conique	1	Moyenne	8	5	5	9,9
2009	2012	3421	Chambourcin	14-mai	N.A	Moyennes	Sphériques	Cylindrique	0 à 1	Moyenne	9	5	4,6	15
2009	2012	3421	Chambourcin	09-mai	N.A	Petites	Sphériques	Conique	1	Lâche	5	5	4,5	20,8
2009	2012	3421	Chambourcin	14-mai	N.A	Petites	Sphériques	Cylindrique	1	Compacte	6	4	8,5	12



2. SUIVI DES MALADIES CRYPTOGAMIQUES SOUS SERRE

Intervenants : Auriane Eysseric (stagiare), Mathieu Dufour, Pauline Lamblin, Jean-François Mallet

Les génotypes sont conduits sans traitements anti-oïdium et anti-mildiou. Seuls sont effectués des traitements acaricides et insecticides.

Dans cette serre, sont présentes également des accessions de *Vitis vinifera* sensibles à l'oïdium, qui participent à la pression oïdium ambiante.

Dans la serre, cohabitent également des accessions de *Vitis vinifera* sensibles à l'oïdium.

Au final, un seul individu qui s'est révélé être une erreur de génotype (vraisemblablement le gène Run1 non introgressé) est totalement sensible à l'oïdium. Cet individu a été éliminé.



Oïdium sur génotype non introgressé (photo : A. Eysseric)

3. PHENOTYPAGE PLATEFORME COLMAR

Intervenant : Laurent Audeguin, Loïc Le Cunff, Sabine Wiedemann-Merdinoglu

Conformément au projet « TABLERES », il était prévu qu'une vingtaine de génotypes créés de novo, soient expédiés sur la plateforme de phénotypage de l'INRA de Colmar. Une réunion s'est tenue le 20 septembre 2012 à l'INRA (présents S Merdinoglu, C Schneider, L Audeguin) et il a

été convenu de fournir des greffons durant l'hiver 2013-2014 pour des résultats attendus fin du 3^{ème} semestre 2014.

Les 20 géotypes ont été envoyés à l'INRA de Colmar cependant certains ne se sont pas développés suffisamment pour réaliser les biotests sur la plateforme. Ces individus seront re-testés en 2015 sans frais supplémentaire. Les 16 individus pré-sélectionnés sont inclus dans les 20 géotypes envoyés.

Ci-dessus le rapport envoyé par l'INRA de Colmar.

Rapport du phénotypage pour la résistance au mildiou et à l'oïdium de 20 géotypes dans le cadre du projet TableRes.

Sabine Wiedemann-Merdinoglu. 2 Décembre 2014.

Préparation du matériel végétal.

Le matériel végétal provenant de 20 géotypes a été réceptionné sous forme de bois, le 20 janvier 2014 à l'INRA.

Le matériel est resté en chambre froide jusqu'à la préparation des boutures-bois.

Le 27 février, 15 boutures-bois ont été produites pour chaque géotype et pour chaque témoin.

Le 26 mai, un dénombrement des boutures ayant raciné et ayant une croissance normale a été établi ceci afin de calculer un pourcentage de reprise au bouturage.

Le pourcentage de reprise au bouturage a varié de 13 à 100 % pour les géotypes étudiés. (Tableau 1). Les géotypes n'ayant pas permis un nombre suffisant de boutures n'ont pu être testés.

Tableau 1 : Pourcentage de boutures-bois en croissance produites pour chaque géotype et chaque témoin.

	<i>nombre</i>	<i>%</i>
<i>A01-PL1</i>	<i>14</i>	<i>93</i>
<i>A02-PL6</i>	<i>4</i>	<i>26</i>
<i>A04-PL4</i>	<i>9</i>	<i>60</i>
<i>A07-PL1</i>	<i>14</i>	<i>93</i>
<i>A09-PL5</i>	<i>6</i>	<i>40</i>
<i>B11-PL1</i>	<i>12</i>	<i>80</i>
<i>C03-PL5</i>	<i>9</i>	<i>60</i>
<i>C04-PL2</i>	<i>2</i>	<i>13</i>
<i>C10-PL9</i>	<i>11</i>	<i>73</i>
<i>D03-PL2</i>	<i>8</i>	<i>53</i>
<i>D04-PL4</i>	<i>15</i>	<i>100</i>
<i>E03-PL4</i>	<i>11</i>	<i>73</i>
<i>E05-PL8</i>	<i>3</i>	<i>20</i>
<i>F02-PL5</i>	<i>7</i>	<i>46</i>
<i>F10-PL2</i>	<i>15</i>	<i>100</i>
<i>F12-PL4</i>	<i>9</i>	<i>60</i>
<i>G08-PL1</i>	<i>6</i>	<i>40</i>
<i>H02-PL3</i>	<i>10</i>	<i>66</i>
<i>H02-PL4</i>	<i>3</i>	<i>20</i>
<i>H10-PL3</i>	<i>9</i>	<i>60</i>
<i>Riparia Gloire</i>	<i>10</i>	<i>66</i>
<i>Rupestris du Lot</i>	<i>8</i>	<i>53</i>
<i>Cabernet sauvignon</i>	<i>12</i>	<i>80</i>

22-8-78	8	53
Regent	6	40
Cinsault	10	66

Phénotypage pour la résistance au mildiou

Pour chaque génotype et pour chaque témoin, 3 plantes de taille homogène ont été choisies. Les génotypes E05-PL8 et H02-PL4 n'ont pu être évalués du fait d'un nombre insuffisant de plantes ou d'une trop grande disparité de taille entre les plantes disponibles. Sur chaque plante testée, une feuille de même rang a été prélevée. Sur chaque feuille, 3 disques de 2cm de diamètre ont été réalisés et mis en survie dans des plaques à puits. Les 3 disques d'une même feuille ont été déposés sur 3 plaques différentes selon un dispositif expérimental établi au préalable (voir document ppt). Chaque plaque a été inoculée à concentration identique avec une souche de mildiou différente : EAU08, LEDNICE et RESDUR. Ces souches ont des caractéristiques différentes :

Complément d'information au rapport fournie par l'INRA de Colmar :

La souche EAU08 est résistante au Famoxadone, à l'Iprovalicarbe, mais sensible au Méfénoxam

La souche LEDNICE est connue pour son agressivité, elle contourne la résistance de la vigne conférée par le gène Rpv3

La souche correspond à celle naturellement présente dans les essais du programme RESDUR à Colmar.

Après 6 jours d'incubation en conditions contrôlées, chaque disque a été observé à la loupe binoculaire afin d'évaluer les symptômes de la maladie selon 1 échelle de notation OIV 452.

L'échelle de notation OIV 452 est constituée de 5 classes (1, 3, 5, 7, 9). La note 1 est attribuée à une sensibilité maximale résultant d'une sporulation abondante alors que la note 9 est attribuée à une résistance totale associée à l'absence de sporulation. De la nécrose peut être observée pour les notes OIV de 7 et de 9. **Les génotypes dont la note OIV est supérieure à 5 peuvent être considérés comme résistants.** Pour chaque génotype et chaque souche, la moyenne des OIV des 3 disques est présentée dans le tableau 2.

Tableau 2. Note moyenne OIV 452 et intervalle de confiance ($p < 0,05$) de chaque génotype et de chaque témoin, pour chaque souche.

	Souches		
	EAU08	LEDNICE	RESDUR
A01-PL1	9.0 ± 0.0	5.7 ± 0.8	9.0 ± 0.0
A02-PL6	7.0 ± 0.0	4.3 ± 0.8	7.0 ± 0.0
A04-PL4	7.0 ± 0.0	5.7 ± 0.8	6.3 ± 0.8
A07-PL1	6.3 ± 0.8	5.0 ± 0.0	7.0 ± 0.0
A09-PL5	7.7 ± 0.8	5.0 ± 0.0	9.0 ± 0.0
B11-PL1	7.7 ± 0.8	7.0 ± 0.0	7.7 ± 0.8
C03-PL5	7.0 ± 0.0	6.3 ± 0.8	7.0 ± 0.0
C04-PL2	7.0 ± 0.0	4.3 ± 0.8	7.0 ± 0.0
C10-PL9	7.7 ± 0.8	5.0 ± 0.0	8.3 ± 0.8
D03-PL2	7.7 ± 0.8	5.7 ± 0.8	9.0 ± 0.0
D04-PL4	7.0 ± 0.0	7.0 ± 1.3	7.0 ± 0.0
E03-PL4	7.0 ± 0.0	5.7 ± 0.8	7.0 ± 0.0
E05-PL8			
F02-PL5	8.3 ± 0.8	5.0 ± 0.0	5.7 ± 0.8
F10-PL2	7.0 ± 0.0	5.7 ± 0.8	7.0 ± 0.0
F12-PL4	5.0 ± 0.0	4.3 ± 0.8	6.3 ± 0.8
G08-PL1	8.3 ± 0.8	7.7 ± 0.8	9.0 ± 0.0
H02-PL3	8.3 ± 0.8	5.0 ± 0.0	6.3 ± 0.8

<i>H02-PL4</i>			
<i>H10-PL3</i>	6.3 ± 0.8	5.7 ± 0.8	7.7 ± 0.8
<i>Riparia Gloire</i>	6.3 ± 1.5	9.0 ± 0.0	8.3 ± 0.8
<i>Rupestris du Lot</i>	5.0 ± 1.3	7.7 ± 0.8	7.0 ± 1.3
<i>Cabernet sauvignon</i>	5.0 ± 2.3	6.3 ± 0.8	5.0 ± 2.3
<i>Cinsault</i>	5.0 ± 0.0	3.0 ± 0.0	4.3 ± 0.8

Phénotypage pour la résistance à l'oïdium.

Pour chaque génotype et chaque témoin, 6 plantes de taille identique ont été choisies. Les génotypes A07-PL1, A09-PL5, C04-PL2, E03-PL4, H02-PL4, H10-PL3 n'ont pu être testés du fait d'un nombre insuffisant de plantes ou d'une trop grande disparité de taille entre les plantes disponibles. Sur chaque plante, une jeune feuille vernissée a été prélevée. Les 6 feuilles d'un même génotype ont été désinfectées puis disposées dans 6 boîtes de Pétri carrées selon un dispositif expérimental prédéfini au préalable. Les souches C13 (groupe A) et EN356 (groupe B) ont été utilisées pour inoculer chacune 3 feuilles d'un même génotype.

Complément d'information au rapport fournie par l'INRA de Colmar :

Les deux souches (A et B) appartiennent à deux groupes génétiques distincts, la souche A est légèrement plus agressive que la souche B.

Après incubation en conditions contrôlées pendant une durée de 9 jours, le développement du pathogène a été observé sur chaque feuille à la loupe binoculaire. Sur chaque feuille, 5 champs ont été observés. Le développement du mycélium et de la sporulation ont été notés indépendamment selon une échelle de notation constituée de 5 classes (1, 3, 5, 7, 9) pour laquelle la note de 1 correspond à un développement mycélien ou à une sporulation très abondante et la note de 9 correspond à l'absence de mycélium ou de sporulation. Ainsi pour chaque feuille et pour chaque trait, une moyenne de la note obtenue pour les 5 champs a été calculée puis une moyenne générale a été calculée pour les 3 feuilles d'un même génotype, pour chaque souche. A partir de ces 2 notes a été attribuée une note OIV 455 pour chaque génotype.

Pour tous les génotypes testés, à l'exception du génotype C03-PL5 pour lequel aucune spore n'a germé, les spores ont germé et ont donné naissance à un mycélium. La croissance de celui-ci a été stoppée rapidement. Le faible développement mycélien, associé parfois à de la nécrose de la feuille au point de présence des haustoria, n'a en général pas permis la sporulation. Dans les cas où de la sporulation a été observée ($SPO > 7$ et < 9), celle-ci a été rare. Les résultats des observations sont présentés dans le tableau 3.

Tableau 3. Valeurs moyennes des traits MYC, SPO et de l'OIV 455 et intervalle de confiance pour chaque génotype et chaque souche.

souches	C13			EN356		
	MYC	SPO	OIV455	MYC	SPO	OIV455
<i>A01-PL1</i>	8.6 ± 0.4	9.0 ± 0.0	9	8.7 ± 0.4	9.0 ± 0.0	9
<i>A02-PL6</i>	8.3 ± 0.5	9.0 ± 0.0	9	8.1 ± 0.5	9.0 ± 0.0	9
<i>A04-PL4</i>	7.5 ± 0.5	9.0 ± 0.0	9	8.7 ± 0.4	8.7 ± 0.4	7
<i>A07-PL1</i>						
<i>A09-PL5</i>						
<i>B11-PL1</i>	7.3 ± 0.5	9.0 ± 0.0	9	8.3 ± 0.5	9.0 ± 0.0	9
<i>C03-PL5</i>	9.0 ± 0.0	9.0 ± 0.0	9	9.0 ± 0.0	9.0 ± 0.0	9
<i>C04-PL2</i>						
<i>C10-PL9</i>	7.7 ± 0.5	9.0 ± 0.0	9	9.0 ± 0.0	9.0 ± 0.0	9
<i>D03-PL2</i>	7.7 ± 0.5	9.0 ± 0.0	9	7.9 ± 0.5	9.0 ± 0.0	9
<i>D04-PL4</i>	8.7 ± 0.4	9.0 ± 0.0	9	9.0 ± 0.0	9.0 ± 0.0	9

<i>E03-PL4</i>						
<i>E05-PL8</i>	8.1 ± 0.5	9.0 ± 0.0	9	6.9 ± 0.9	8.7 ± 0.4	7
<i>F02-PL5</i>	8.5 ± 0.5	9.0 ± 0.0	9	9.0 ± 0.0	9.0 ± 0.0	9
<i>F10-PL2</i>	7.7 ± 0.5	9.0 ± 0.0	9	7.7 ± 0.5	9.0 ± 0.0	9
<i>F12-PL4</i>	5.3 ± 0.8	9.0 ± 0.0	9	4.7 ± 0.8	7.1 ± 0.7	7
<i>G08-PL1</i>	8.7 ± 0.4	9.0 ± 0.0	9	9.0 ± 0.0	9.0 ± 0.0	9
<i>H02-PL3</i>	8.6 ± 0.8	9.0 ± 0.0	9	7.9 ± 0.5	9.0 ± 0.0	9
<i>H02-PL4</i>						
<i>H10-PL3</i>						
<i>Cabernet sauvignon</i>	1.7 ± 0.5	3.0 ± 0.9	3	3.0 ± 0.0	4.3 ± 0.5	3
<i>Cinsault</i>	2.3 ± 0.5	3.0 ± 0.0	3	3.0 ± 0.0	4.7 ± 0.4	5
<i>Regent</i>	4.5 ± 1.0	6.6 ± 0.9	7	6.5 ± 0.5	8.7 ± 0.4	7
<i>22-8-78 (génotype résistant)</i>	7.0 ± 0.0	9.0 ± 0.0	9	9.0 ± 0.0	9.0 ± 0.0	9

4. TESTS BLACK ROT EN SERRE

Intervenants : Bernard Molot, Cédric Stessels, Laurent Audeguin

Les génotypes résistants ne font pas l'objet de traitements anti-mildiou (ni anti-oïdium), il nous a semblé intéressant de confronter les génotypes à du Black rot, maladie importante au vignoble, qui est bloqué par les traitements anti-mildiou et anti-oïdium.



Black rot sur feuilles de Sauvignon (photos : L. Audeguin)

Suite à la récolte de feuilles de Sauvignon par B Molot puis mise à incubation pendant quelques jours, des pulvérisations ont été effectuées sur le feuillage d'une quinzaine de génotypes. Aucun symptôme n'est apparu par la suite au cours de la période végétative ni sur feuilles, ni sur grappes.

II. Groupe de suivi des travaux

Intervenants : Laurent Audeguin, Loïc Le Cunff, Christophe Sereno, Pascal Bloy

Comme souhaité par le comité scientifique et technique du CTPS, les techniciens et professionnels des 2 bassins viticoles (Cefel, bassin Sud-Ouest et La Tapy, bassin Sud-Est) ont effectué trois visites pour observer les géotypes (en juillet 2012, septembre 2012 et en août 2013) et une visite en août 2014 sur la parcelle de Mandon (cf. point II.1). Ces rencontres ont été l'occasion de présenter l'avancement de ce projet.

A l'issue ces deux premières visites, il a été révélé les éléments suivants:

- La résistance des géotypes a été bien appréciée par les professionnels,
- les critères, tels que la taille de la baie, ne sont pas tout à fait ceux attendus. Afin de répondre à l'attente des professionnels l'identification de marqueurs moléculaires liés à ce caractère est nécessaire. Une étude permettant ces identifications et l'évaluation de la prédiction de la taille des baies en utilisant uniquement l'information issue de l'ADN a été menée dans le cadre de ce projet,
- la mise en place d'essais (surgreffage de quelques souches) auprès des stations expérimentales en 2013 et 2014 selon la disponibilité en greffons, ceci afin d'affiner les observations et ensuite d'engager des dispositifs dits VATE de manière plus pertinente,
- l'utilisation de certains géniteurs pyramidés et dont les caractéristiques semblent intéressantes pour les croiser (pollen de géniteurs résistants) avec des variétés dites emblématiques (voir point 4) afin d'obtenir des variétés avec les autres critères attendus (grosses baies, forme de la grappe).

En complément de ces propositions, nous avons décidé en 2012 de surgreffer une parcelle sur le site de l'Ecole Nationale d'Agronomie de Montpellier (SupAgro) avec les 16 géotypes préalablement sélectionnés. Le plan de cette parcelle nommée Mandon est en point III.1

Lors de la visite suivante en août 2013, les professionnels ont choisi 6 géotypes (H10-PL3, B11-PL1, G08-PL1, H02-PL3, A09-PL5 et D04-PL4) pour surgreffage dans les stations expérimentales de la Tapy et du Cefel. Le niveau de résistance à l'oïdium et au mildiou dans ces deux stations s'est avéré important, la première production de grappe sera observée en 2015.

Une visite sur le site de Mandon en août 2014 a permis la sélection de 3 numéros présentés de manière plus détaillée en annexe 1 (C10-PL3, B11-PL1 et A07-PL1) pour une possible installation en VATE en 2015 et 2016.

III. Sélection, conservation, diffusion, multiplication et évaluation du matériel

Intervenants : Delphine Legrand, Loïc Le Cunff, Christophe Sereno, Jean-François Mallet, Mathieu Dufour, Marc Farnos

A. Génotypage pour validation des parentés et inscription dans la base de données pour traçabilité.

Intervenants : Delphine Legrand, Loïc Le Cunff

Les 16 génotypes présélectionnés en vue d'une éventuelle valorisation directe ont été officiellement introduits pour sélection clonale.

La procédure dans ce cas nécessite que soit effectué leur génotypage (23 marqueurs microsatellites (VMC1b11, VMC4f3, VVIb01, VVIh54, VVIIn16, VVIIn73, VVIp31, VVIp60, VVIq52, VVIv37, VVIv67, VVMD21, VVMD24, VVMD25, VVMD27, VVM28, VVMD32, VVMD36, VVMD5, VVMD7, VVS2, VVrZag62, VVrZag79). L'objectif étant de vérifier la généalogie de ces génotypes.

Année intro	Variété	Code Origine	N° ENTAV	n° échantillon	RESULTATS IDENTIFICATIONS	REMARQUES IDENTIFICATIONS
2013	H02-PI3 B	H02-PI3	E1	13.47.03	profil inconnu	Issu d'un croisement avec Villard B OK
2013	G08-PI1 N	G08-PI1	E1	13.47.04	profil inconnu	Issu d'un croisement avec Amandin OK
2013	F02-PI5 N	F02-PI5	E1	13.47.05	profil inconnu	Issu d'un croisement avec Chambourcin OK
2013	C04-PI2 N	C04-PI2	E1	13.47.06	profil inconnu	Issu d'un croisement avec Chambourcin OK
2013	H02-PI4 N	H02-PI4	E1	13.47.07	profil inconnu	Issu d'un croisement avec Chambourcin OK
2013	H10-PI3 B	H10-PI3	E1	13.47.08	profil inconnu	Issu d'un croisement avec Villard B OK
2013	A09-PI5 N	A09-PI5	E1	13.47.09	profil inconnu	Issu d'un croisement avec Chambourcin OK
2013	E03-PI4 B	E03-PI4	E1	13.47.10	profil inconnu	Issu d'un croisement avec Chambourcin OK
2013	A02-PI6	A02-PI6	E1	13.47.11	profil inconnu	Issu d'un croisement avec Villard B OK
2013	C10-PI9 N	C10-PI9	E1	13.47.12	profil inconnu	Issu d'un croisement avec Seibel 13-666 OK
2013	D04-PI4 N	D04-PI4	E1	13.47.13	profil inconnu	Issu d'un croisement avec Chambourcin OK
2013	G09-PI5 B	G09-PI5	E1	13.47.14	profil inconnu	Issu d'un croisement avec Chambourcin OK
2013	C03-PI5 B	C03-PI5	E1	13.47.15	profil inconnu	Issu d'un croisement avec Chambourcin OK
2013	B11-PI1 B	B11-PI1	E1	13.47.16	profil inconnu	Issu d'un croisement avec Amandin OK
2013	F10-PI2 N	F10-PI2	E1	13.47.17	profil inconnu	Issu d'un croisement avec Seyve-Villard 12-309 OK
2013	F12-PI4 B	F12-PI4	E1	13.47.18	profil inconnu	Issu d'un croisement avec Chambourcin OK

B. Multiplication diffusion et conservation des 16 génotypes pré-sélectionnés

Intervenants : Loïc Le Cunff, Christophe Sereno, Jean-François Mallet, Mathieu Dufour, Marc Farnos

Ces 16 génotypes ont été mis en multiplication rapide (de 1 à 3 conteneurs selon la disponibilité en greffons). Ce matériel a déjà servir pour fournir les stations expérimentales de la Tapy et du Cefel pour le surgreffage. La diffusion du matériel a été accompagnée d'un accord signé par les

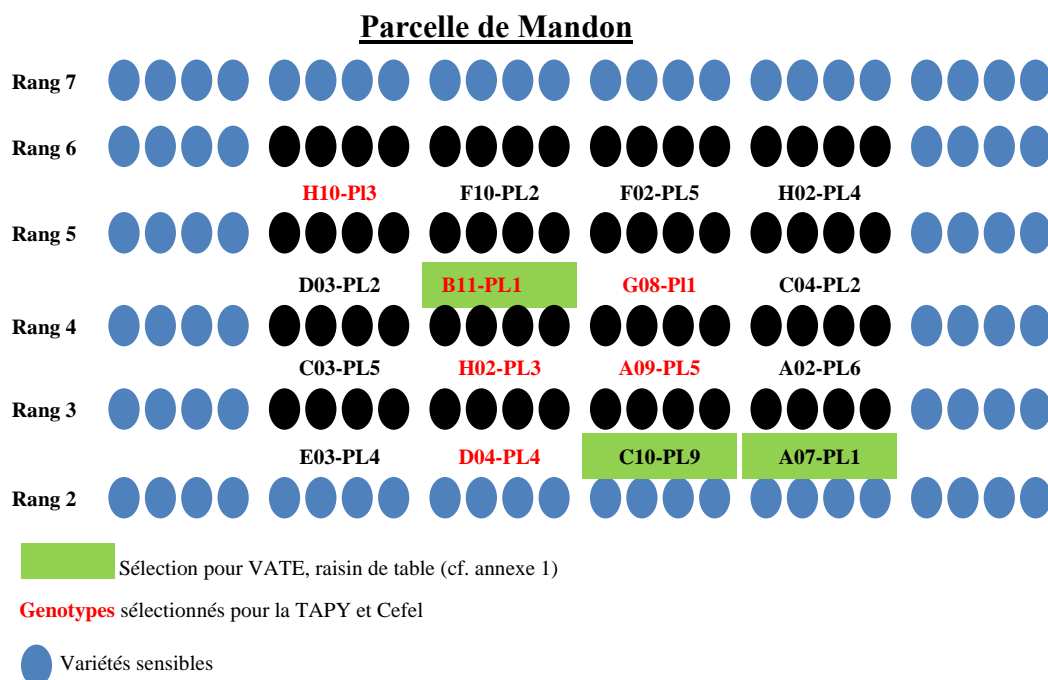
différentes parties afin d'éviter une multiplication non contrôlée du matériel. La multiplication rapide servira aussi à partir de l'hiver prochain à la mise en place d'essais au champ (VATE).

Depuis début 2013, ces génotypes sont conservés en conteneurs (un conteneur par génotype) et ce matériel servira de point de départ de la filière de diffusion du matériel végétal (sélection clonale) si l'un de ces génotypes était inscrit au Catalogue officiel.

C. Evaluation au vignoble

Intervenants : Loïc Le Cunff, Marc Farnos

Afin d'observer des génotypes résistants au vignoble, nous avons entrepris en 2012 un surgreffage sur une parcelle appartenant à Montpellier Supagro. Cette parcelle sert aux travaux pratiques des étudiants pour reconnaître les symptômes du mildiou et de l'oïdium (parcelle non traitée). Les génotypes résistants surgreffés correspondent aux 16 présentant des caractéristiques intéressantes pour les raisins de table (notés OK et surlignés en orange dans la partie I de ce document). Chaque génotype a été greffé sur quatre pieds.



En 2014, nous avons pu observer la première production en conditions réelles. Les professionnels ont pu sélectionner 3 génotypes prometteurs (cf. annexe 1). Nous avons mesuré le niveau de Terpenols de ces raisins, ils sont tous neutres (cf tableau suivant).

Echantillon	Terpenols (µg/L)					
	Linalol	Nerol	Geraniol	Citronellol	alpha-terpineol	Rose oxyde
A02-PL6	nd	0,31	nd	nd	nd	nd
G09-PL5	4,25	1,61	3,86	0,39	24,03	nd
A09-PL5	1,72	1,53	4,04	0,44	12,60	nd

B11-PL1	nd	0,34	nd	nd	nd	nd
C03-PL5	0,93	0,82	1,74	0,35	1,43	nd
C04-PL2	3,43	1,40	9,07	1,23	36,65	0,10
C10-PL9	2,41	0,63	2,05	nd	7,65	nd
D04-PL4	2,52	1,28	9,61	2,25	53,88	0,18
E03-PL4	nd	0,37	0,77	0,41	nd	nd
F02-PL5	1,94	0,36	2,04	nd	2,94	nd
F10-PL2	0,29	0,24	1,07	nd	5,59	nd
G08-PL1	2,35	2,82	6,35	0,97	20,92	0,01
H02-PL3	0,16	0,25	0,47	nd	nd	nd
H02-PL4	1,12	1,07	2,97	0,42	7,45	nd
H10-PL3	3,53	0,57	0,90	0,00	nd	0,00

En 2014, des feuilles infectés par du Black rot ont été introduites sur la parcelle et des brumisateurs ont été installés afin d'apporter l'humidité nécessaire, juste avant le lever du soleil, pour une bonne fructification du champignon. Aucun symptôme n'a été observé cette année.

IV. Croisement et recherche de marqueurs liés aux caractères d'intérêt pour la filière autres que la résistance

Intervenants : Loïc Le Cunff, Delphine Legrand, Agota Fodor, Eymeric Lecoœur, Brice Kucharczyk, Pauline Lamblin, Marc Farnos, Laurent Audeguin,

Suite aux discussions avec les professionnels de la filière (cf. point II), a été ajouté au projet un nouvel axe comprenant deux actions distinctes 1) la réalisation de croisements avec des variétés historiques pour se rapprocher des caractéristiques raisins de table et 2) l'étude d'une population de 279 génotypes de l'espèce *Vitis vinifera L.* couvrant la diversité de l'espèce pour trouver des marqueurs moléculaires permettant de prédire précocement (stade 3 feuilles) la taille des baies et la validation des marqueurs identifiés sur une population candidate (composée de génotypes disponibles dans les bases de données).

A. Croisements réalisés

Intervenants : Loïc Le Cunff, Delphine Legrand, Brice Kucharczyk, Eymeric Lecoœur, Pauline Lamblin, Marc Farnos, Laurent Audeguin,

En 2013 et 2014, plusieurs croisements ont été réalisés avec deux objectifs majeurs :

-Obtenir des génotypes proches des attentes des professionnels.



Suite aux échanges avec les professionnels, il a été décidé d'effectuer des croisements entre certains génotypes résistants et des variétés historiques traditionnelles dites emblématiques. Ce choix est motivé par la demande des professionnels d'élargir les caractéristiques de ces nouveaux cépages. La résistance au mildiou et l'oïdium reste le premier critère mais nous travaillons aussi sur la taille de la baie (pas de marqueurs moléculaire connus, voir paragraphe suivant) et le goût muscat (1 seul gène connu impliqué, le génotype donneur choisi est le Muscat d'Alexandrie).

Les variétés emblématiques ont été choisies pour leur réputation mais aussi sur la base du nombre de variétés de table conservées au domaine de Vassal et issues de leur descendance. C'est ainsi que le Muscat d'Alexandrie pour le goût muscat et la couleur blanche et l'Alphonse Lavallée pour la couleur rouge et la taille des baies ont été sélectionnés. 14 croisements indépendants ont été réalisés à raison d'au moins deux grappes par croisement.

Année du croisement	Femelle	Mâle
2013	A02-PL6 (Villard Blanc X AB n°3197-47-9 (croisement 3425))	Muscat d'Alexandrie
2013	C03-PL5 (Chambourcin X AB N°3180-16-8 (croisement 3421))	Kunleany (6668Mtp1)
2013	C04-PL2 (Chambourcin X AB N°3180-16-8 (croisement 3421))	Kunleany (6668Mtp1)
2013	C10-PL9 (Seibel 13666 X AB N°3184-22-9 (croisement 3411))	Muscat d'Alexandrie
2013	F05-PL2 (Chambourcin X AB N°3180-16-8 (croisement 3421))	Alphonse Lavallée clone 797
2013	F05-PL2 (Chambourcin X AB N°3180-16-8 (croisement 3421))	Kishmish Vatkana from Pesc
2013	F10-PL2 (Roucanneuf (S.V. 12-309) X AB N°3181 (croisement 3408))	Kishmish Vatkana from Pesc
2013	F10-PL2 (Roucanneuf (S.V. 12-309) X AB N°3181 (croisement 3408))	Alphonse Lavalée clone 797
2013	G08-PL1 (Amandin X mélange de pollen de Run1 (croisement 3423))	Kunleany (6668Mtp1)
2013	G08-PL1 (Amandin X mélange de pollen de Run (croisement 3423))	Alphonse Lavallée clone 797
2014	B11-PL1 (Amandin X mélange de pollen de Run (croisement 3423))	Alphonse Lavallée
2014	E03-PL4 (Chambourcin X AB N°3180-16-8 (croisement 3421))	Muscat d'Alexandrie
2014	B05-PL5 (Chambourcin X AB N°3180-16-8 (croisement 3421))	Muscat d'Alexandrie
2014	E04-PL8 (Chambourcin X AB N°3180-16-8 (croisement 3421))	Alphonse Lavallée
2014	Muscat d'Alexandrie	A09-PL5 (Chambourcin X AB N°3180-16-8 (croisement 3421))
2014	Muscat d'Alexandrie	H02-PL3 (Villard blanc X AB N°3197-47-9 (croisement 3425))
2014	Muscat d'Alexandrie	H10-PL3 (Villard blanc X AB N°3197-47-9 (croisement 3425))
2014	Alphonse Lavallée	A09-PL5 (Chambourcin X AB N°3180-16-8 (croisement 3421))
2014	Alphonse Lavallée	H10-PL3 (Villard blanc X AB N°3197-47-9 (croisement 3425))
2014	G08-PL1 (Amandin X mélange de pollen de Run1 (croisement 3423))	2510Mtp1 (Vassarga tchernaia)
2014	D03-PL2 (Chambourcin X AB N°3180-16-8 (croisement 3421))	2510Mtp1 (Vassarga tchernaia)

- L'autre objectif est de continuer le pyramidage de gènes de résistance au mildiou et à l'oïdium avec comme géniteurs en intégrant de nouvelles sources de résistances: des génotypes résistants comme le Kunleany (un hybride producteur direct porteur du gène de résistance au mildiou « Rpv8 »), Kishmish Vatkana et Vassarga tchernaia (deux variétés de Vitis vinifera portant un gène de résistance à l'oïdium « Ren1 »). 7 croisements indépendants ont été réalisés à raison d'une à deux grappes par croisement.

Le résultat des croisements 2013 n'a pas été très concluant, seuls 20 des 62 génotypes pyramidés pour les gènes de résistance (sur les 1000 pépins obtenus) se sont avérés ne pas être issus d'autofécondation. La majorité des plantes ont été mises en cor de chasse en 2014, nous attendons donc les premières grappes pour septembre 2015.

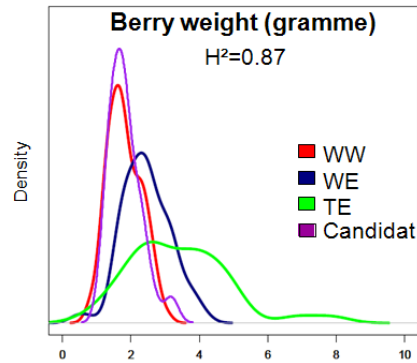
En 2014, nous avons obtenu 600 pépins qui ont été mis au froid pour lever la dormance et en germination début février 2015.

B. Déterminisme génétique de la taille de la baie

Intervenants : Loïc Le Cunff, Delphine Legrand, Agota Fodor,

Parmi les caractères identifiés par les professionnels (goût muscat, apyrénie, résistance au mildiou et à l'oïdium et taille de la baie), seul le caractère taille de la baie est complexe (un grand nombre de gènes impliqués). Il est cependant intéressant de noter que son héritabilité est très élevée entre 0,9 et 0,95 selon les études). Dans un premier temps nous avons phénotypé puis génotypé (par une approche GBS) deux populations, une de 279 génotypes de Vitis vinifera L. pour faire de la génétique d'association et identifier des marqueurs génétiques liés à la taille de la baie et une autre population pour l'évaluation de notre capacité à prédire la taille de la baie d'un génotype nouveau au stade précoce (uniquement avec son ADN).

Après le phénotypage des 279 génotypes et de la population candidate, nous avons mis en relation la taille de la baie (évalué par son poids en gramme) et l'origine du cépage. Il est clair sur l'histogramme suivant que la taille de la baie est différente en fonction de l'origine génétique de l'individu. Dans cet échantillon (279), nous retrouvons les trois origines génétiques de l'espèce *Vitis vinifera* L. (WW pour cuve de l'Europe de l'Ouest, WE pour cuve de l'Europe de l'Est et TE pour table de l'Europe de l'Est.).



Pour le génotypage, nous n'avons pour le moment pas fini l'analyse complète des résultats. Nous travaillons pour le moment avec un jeu de données d'environ 8000 marqueurs moléculaires SNP (alors que nous en attendons après analyse complète 50000).

Les résultats préliminaires indiquent que les gènes impliqués dans la variation de la taille de baie sont différents en fonction de l'origine génétique des individus (cf. figure suivante). A titre d'exemple dans la population WW 9 marqueurs ont été identifiés (points rouge sur la figure) alors que ces 9 marqueurs n'ont pas d'impact sur la taille de la baie dans les 2 autres populations. Le même résultat est observé avec la population TE, dans laquelle 3 marqueurs spécifique sont impliqués.

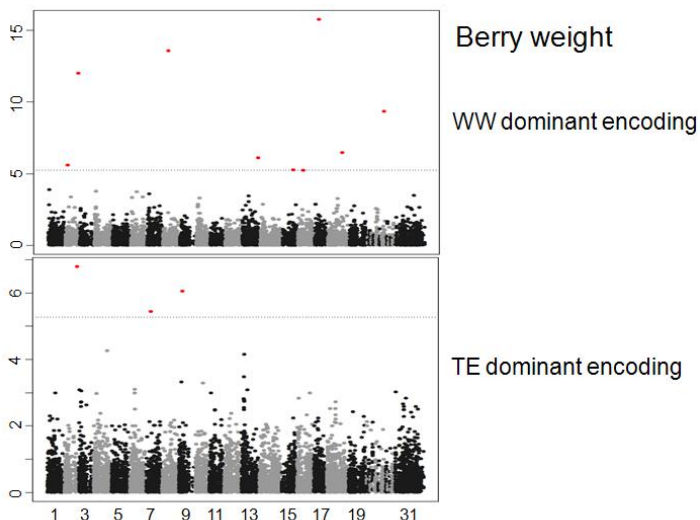


Figure ci-contre : Manhattan plot (en abscisse les marqueurs sur les chromosomes et en ordonnée une valeur correspondant à $-\log$ p-value du marqueur. Plus la valeur est haute plus le marqueur est associé

En rouge les marqueurs qui passent le seuil de significativité : zones du génome liées avec la variation de la taille de la baie en fonction de l'origine génétique, les points rouges correspondent aux marqueurs liés.

Nous avons ensuite testé la prédiction (prédire la taille de la baie uniquement avec des marqueurs moléculaires) sur notre population candidate. Le coefficient de corrélation entre les valeurs réelles (mesurées) et les valeurs prédites (dédites de l'information génétique) est différent selon la source des marqueurs (population utilisé pour les identifier). Ce coefficient est le même 0,35 si les marqueurs utilisés sont ceux identifiés dans la population TE ou dans la population WW et de 0,1

si l'on utilise la population WE. Etonnamment si l'on cumule l'information issue des trois populations ce coefficient est faible (0,2).

Ce résultat confirme que ce sont des zones du génome différentes qui impacte la taille de la baie en fonction de l'origine génétique. En perspective l'étude doit être refaite avec l'ensemble des marqueurs (50000 SNP) ce qui devrait 1) permettre une identification plus exhaustive des marqueurs impliqués dans la variation de la taille de la baie et 2) par conséquence permettre une meilleure prédiction de ce caractère au stade précoce.

V. Conclusion

Les travaux du projet TABLERES se sont déclinés durant la période Février 2012-Février 2015. Ce projet aura permis l'identification de génotypes résistants intéressants pour et par les acteurs de la filière comme prévu initialement.

Ces génotypes offrent une résistance durable à l'oïdium et au mildiou. Ils couvrent la gamme de couleur (un génotype à baie blanche, un à baie rouge et un à baie rose). Le poids des baies varie de 2,8 à 4,1 gramme (baies moyennes). Ils ont un goût sucré non aromatique. Ces génotypes correspondent à la demande des professionnels. Cependant suite aux discussions avec les professionnels des bassins de production de raisin de table, de nouveaux critères de sélection ont été proposés (une taille de baie plus importante, goût muscat ou encore apyrénie). Le programme a alors intégré un nouveau volet. Des croisements variétés résistantes x variétés emblématiques et la recherche de marqueurs moléculaires liés à la taille de la baie (un des critères les plus importants après la résistance aux maladies cryptogamiques que sont l'oïdium et le mildiou) ont été ajoutés à ce projet (point IV),

Nous disposons désormais d'un pool de génotypes dont certains vont être mis en VATE (3 génotypes ont été identifiés comme potentiellement intéressants pour la filière avec une utilisation directe), ce qui était l'ambition initiale du projet. Les autres génotypes seront analysés plus en détail pour une utilisation directe ou intégrés à d'autres programmes de création variétale comme géniteurs.

IFV, UMT Géno-Vigne® - Loïc Le Cunff et Laurent Audeguin
Février 2015

Annexe bibliographique

Aubertot JN, Clerjeau M, David C, Debaeke P, Jeuffroy MH, Lucas P, Monfort F, Nicot P & Sauphanor B. 2005. Stratégies de protection des cultures *in Réduire l'utilisation des pesticides et en limiter les impacts environnementaux*.

Aubertot JN, Barbier JM, Carpentier A, Gril JJ, Guichard L, Lucas P, Savary S, Savini I & Voltz (eds.). Quae, France. p:286-390.

Audeguin L. com. pers. Responsable sélection, recherche et développement. Pôle matériel végétal. IFV.

Baldi I, Filleul L, Mohammed-Brahim M, Fabrigoule C, Dartigues JF, Schwall S, Drevet JP, Salamon R & Brochard P. 2011. Neuropsychologic Effects of Long-Term Exposure to Pesticides: Results from the French Phytoner Study. *Environmental Health Perspectives* 109:839-844.

Barker CL, Donald T, Pauquet J, Ratnaparkhe MB, Bouquet A, Adam-Blondon AF, Thomas MR & Dry I. 2005. Genetic and physical mapping of the grapevine powdery mildew, resistance gene, *Run1*, using a bacterial artificial chromosome library. *Theoretical and Applied Genetics* 111:370-377.

Bloesch B & Viret O. 2011. *Stades phénologiques repères de la vigne*. [html pages]. Station de recherche Agroscope Changins-Wädenswil ACW. <http://www.agrometeo.ch/phenologie/stade-pheno-fr.pdf>

Boss PK & Thomas MR. 2002. Association of dwarfism and floral induction with a grape. *Nature* 416:847-850.

Di Gaspero G, Copetti D, Coleman C, Diego Castellarin S, Eibach R, Kozma P, Lacombe T, Gambetta G, Zvyagin A, Cindric P, Kovács L, Morgante M & Testolin R. Selective sweep at the *Rpv3* locus during grapevine breeding for downy mildew resistance. 2012. *Theoretical and Applied Genetics* 124:277-286.

Encyclopédie de la Vigne, du Vin et des Alcools. - *Encyclopédie Vinissime*. [html pages]. Club des amateurs de vins exquis. <http://www.cavesa.ch/encyclopedie>

Fechter I, Hausmann L, Daum M, Rosleff Sørensen T, Viehöver P, Weisshaar B & Töpfer R. 2012. Candidate genes within a 143 kb region of the flower sex locus in *Vitis*. *Mol Genet Genomics* 287:247-259.

Galet P. 1995. *Précis de pathologie viticole*. Lavoisier. France, 264 p.

Gnis. 2010. *Le catalogue : un outil au service de la biodiversité commercialisée et des consommateurs*. [html pages]. Gnis. <http://www.gnis.fr/index/action/page/id/859>

GraphPad Software. - . *Analyze a 2x2 contingency table*. [html pages]. GraphPad Software. <http://www.graphpad.com/quickcalcs/contingency1.cfm>

Hoffmann S, Di Gaspero G, Kovács L, Howard S, Kiss E, Galbács Zs, Testolin R, Kozma P. 2008. Resistance to Erysiphe necator in the grapevine 'Kishmish vatkana' is controlled by a single locus through restriction of hyphal growth. *Theoretical and Applied Genetics* 116:427-438.

IFV, INRA, Montpellier Supagro, & Viniflor. 2007. *Catalogue des variétés et clones de vigne cultivés en France*. Institut Français de la vigne et du Vin (ENTAV-ITV France), France, 455p.

IFV. 2012. *Présentation de l'IFV*. [html pages]. Institut Français de la Vigne et du Vin. <http://www.vignevin.com>.

INRA. 2003. *Principes des techniques de biologie moléculaire*. Tagu D & Moussard C (eds.). INRA, Paris, 176 p.

Marguerit E, Boury C, Manicki C, Donnart M, Butterlin G, Némorin A, Wiedemann-Merdinoglu S, Merdinoglu D, Ollat N & Decroocq S. 2009. Genetic dissection of sex

determinism, inflorescence morphology and downy mildew resistance in grapevine. *Theoretical and Applied Genetics* 118:1261–1278.

Ministère de l'agriculture, de l'alimentation, de la pêche, de la ruralité et de l'aménagement du territoire. -. *Ecophyto Késako*. [html pages]. Ministère de l'agriculture, de l'alimentation, de la pêche, de la ruralité et de l'aménagement du territoire. <http://agriculture.gouv.fr/Ecophyto-Kesako>.

Peressotti E, Wiedemann-Merdinoglu S, Delmotte F, Bellin D, Di Gaspero G, Testolin R, Merdinoglu D & Mestre P. 2010. Breakdown of resistance to grapevine downy mildew upon limited deployment of a resistant variety. *BMC Plant Biology* 2010 10:147.

R Core Team (2012). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org/>.

Riaz S, Tenschler AC, Ramming DW & Walker MA. 2011. Using a limited mapping strategy to identify major QTLs for resistance to grapevine powdery mildew (*Erysiphe necator*) and their use in marker-assisted breeding. *Theoretical and Applied Genetics* 122:1059–1073.

Suty L. 2010. *La lutte biologique : Vers de nouveaux équilibres écologiques*. Edition Quae, Versailles, 328p.

Vidaud J, Charmont S & Wagner R. 1993. *Le raisin de table*. Ctifl, France, 263p.

Vivc. - . *Traits and alleles relevant for breeding and genetics*. [html pages]. http://www.vivc.de/docs/dataonbreeding/111115_Table%20of%20Loci%20within%20VITIS.pdf

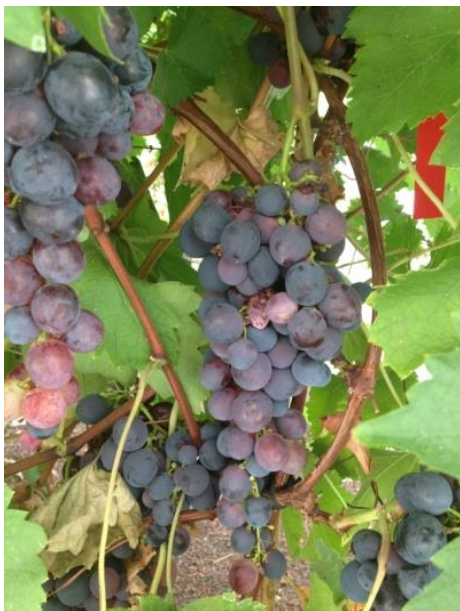
Welter LJ, Göktürk-Baydar N, Akkurt M, Maul E, Eibach R, Töpfer R & Zyprian ME. 2007. Genetic mapping and localization of quantitative trait loci affecting fungal disease resistance and leaf morphology in grapevine (*Vitis vinifera* L). *Molecular Breeding* 20:359–374.

Wiedemann-Merdinoglu S, Prado E, Schmidlin L, Pere Mestre, Coste P, Dumas V, Butterlin G, Bouquet A & Merdinoglu D. 2006. Analyse génétique de la résistance au mildiou de la vigne issue de *Muscadinia rotundifolia*. *Rencontres Scientifiques du Département de Génétique et d'Amélioration des Plantes 25-27 septembre 2006, Batz-sur-Mer*.

Annexe 1 : présentation des géotypes retenus pour la mise en place d'une expérimentation de type VATE

A07-PL1

Généalogie : Aladin X Alain Bouquet N°3197-47-9



Note de résistance OIV : (1 : Très sensible; 5 : Résistance; 9 Résistance totale)

Mildiou:

Souche 1 (EAU08, résistante au Famoxadone, à l'Iprovalicarbe, sensible au Méfénoxam): **6,3 ± 0,8**

Souche 2 (LEDNICE, Contourne *Rpv3*): **5 ± 0**

Souche 3 (RESDUR): **7 ± 0**

Moyenne: 6,1

Oïdium: deux souches avec des fonds génétiques différents et une agressivité légèrement différente (A>B)

Souche 1 (C13 groupe A): **9**

Souche 2 (EN356 groupe B): **9**

Black rot : Sur une année avec inoculation et brumisation, pas de symptômes

Production :

Analyses au 9 Septembre à Montpellier

Terpenols (µg/L) - faits par Nyseos						poids de 200 ba (gramme)
Linalol	Nerol	Geraniol	Citronellol	alpha-terpineol	Rose oxyde	
4,25	1,61	3,86	0,39	24,03	nd	847,40

nd = non détecté

Commentaires:

Combinaison minimum de gènes de résistance Ren3-Run1 (Oïdium) et Rpv1-Rpv3 (Mildiou)

Résistance à l'oïdium et mildiou

C10-PL9

Généalogie : Seibel 13666 X AB N°3184-22-9



Note de résistance OIV : (1 : Très sensible; 5 : Résistance; 9 Résistance totale)

Mildiou:

Souche 1 (EAU08, résistante au Famoxadone, à l'Iprovalicarbe, sensible au Méfénoxam): **7.7 ± 0.8**

Souche 2 (LEDNICE, Contourne *Rpv3*): **5 ± 0**

Souche 3 (RESDUR): **8.3 ± 0.8**

Moyenne: 7

Oïdium: deux souches avec des fonds génétiques différents et une agressivité légèrement différente (A>B)

Souche 1 (C13 groupe A): **9**

Souche 2 (EN356 groupe B): **9**

Black rot : Sur une année avec inoculation et brumisation, pas de symptômes

Production :

Grappes : compacité moyenne

Rendement : ~5kg / souche (surgreffage, 2 années)

Analyses au 9 Septembre à Montpellier

Terpenols (µg/L) - faits par Nyseos						poids de 200 baies (gramme)
Linalol	Nerol	Geraniol	Citronellol	alpha-terpineol	Rose oxyde	
2,41	0,63	2,05	nd	7,65	nd	570,30

nd = non détecté

Commentaires généraux:

Combinaison minimum de gènes de résistance Ren3-Run1 (Oïdium) et Rpv1-Rpv3 (Mildiou)

Grappes compactes.

B11-PL1

Généalogie : Amandin X Alain Bouquet N°3197-47-9



Note de résistance OIV : (1 : Très sensible; 5 : Résistance; 9 Résistance totale)

Mildiou:

Souche 1 (EAU08, résistante au Famoxadone, à l'Iprovalicarbe, sensible au Mefénoxam): **7,7 ± 0,8**

Souche 2 (LEDNICE, Contourne *Rpv3*): **7 ± 0**

Souche 3 (RESDUR): **7,7 ± 0,8**

Moyenne: 7,4

Oïdium: deux souches avec des fonds génétiques différents et une agressivité légèrement différente (A>B)

Souche 1 (C13 groupe A): **9**

Souche 2 (EN356 groupe B): **9**

Black rot : Sur une année avec inoculation et brumisation, pas de symptômes

Production :

Grappes lâches et moyenne.

Rendement : ~4kg / souche (surgreffage, 2 années)

Analyses au 9 Septembre à Montpellier

Terpenols (µg/L) - faits par Nyseos						poids de 200 baies (gramme)
Linalol	Nerol	Geraniol	Citronellol	alpha-terpineol	Rose oxyde	
nd	0,34	nd	nd	nd	nd	822,80

nd = non détecté

Commentaires:

Combinaison minimum de gènes de résistance Ren3-Run1 (Oïdium) et Rpv1-Rpv3 (Mildiou)

Un peu de pourriture si ramasser tardivement.