

ABSTRACT

Vitis vinifera L. is a widely cultivated fruit crop, that naturally harbours a complex microbial ecosystem or plant microbiome, such as neutral, phytopathogenic or beneficial microorganisms. Among phytopathogens, those implied in Grapevine Trunk Diseases (GTDs) are responsible for the most destructive diseases worldwide, and currently no highly effective treatments are available. Beneficial microorganisms (BCAs) may play specific roles on plant protection against phytopathogens though, the present challenge is to understand how such BCAs interact with plant and their biotechnological potential for development of innovation strategies. In this context, the aim of this study was firstly to unveil the microbial communities associated with grapevine along its growth cycle until wine fermentation and, secondly, to better understand the grapevine – BCAs – GTDs interactions. Two potential BCAs isolated from grapevine were tested against Botryosphaeriaceae species and then deep characterized, namely for their colonisation potential, induction of defence mechanisms in grapevine, in the presence or not of *D. seriata* F98.1, and their genome analysis.

Results showed that grapevine microbiome was very dynamic along the growth cycle. As expected, the microbial biodiversity was higher in soils, and these microbial communities differed significantly from those of leaves and wine musts. A proportion of microbial communities was shared within these structures, suggesting the existence of a core microbiome. Several isolates were then obtained from grapevine and some of them significantly decreased *in vitro* the mycelium growth of several Botryosphaeriaceae species, such as Fito_S127B and Fito_F278 strain which were highly effective and thus selected as potential BCAs. These strains showed to produce a high range of extracellular enzymes with biocontrol value, and were able to successfully colonize grapevine: Fito_S127B was an epiphyte from rhizosphere, while Fito_F278 colonised grapevine from roots to leaves. The artificial inoculation of green stems with *D. seriata* F98.1 on cutting plants showed that the necrotic lesions length caused by the pathogen was significantly reduced by Fito_S127B, in contrast to Fito_F278, which was less effective. Furthermore, these BCAs activated some specific defence responses of grapevine, allowing a more rapid and solid response of plant against the pathogen. The genome analysis also showed that these BCAs strains are an important source of bioactive compounds of biocontrol value.

Overall, this study brought new insights on the structure of microbial communities of grapevine and their interactions. Moreover, highlighted that grapevine is a natural source of microorganisms with a promising biocontrol against GTDs, and that they can promote plant defence responses. Thus, these findings provide not only a better understand of the grapevine-BCAs- GTDs interactions but also a strong contribution to future GTDs management strategy.

Key-words: Grapevine microbiome, GTDs, beneficial microorganisms, Fito_S127B, Fito_F278, grapevine colonisation, plant defence mechanisms, grapevine protection.

RESUME

La vigne est une culture fruitière largement cultivée, qui abrite naturellement un microbiome complexe, i.e. colonisée par des microorganismes neutres, phytopathogènes ou bénéfiques. Parmi les phytopathogènes, ceux associés aux maladies du bois (MDB) induisent des maladies très destructrices, et les traitements disponibles pour les contrôler ont actuellement une efficacité partielle. Les microorganismes bénéfiques (BCAs) peuvent jouer un rôle spécifique dans la protection des plantes contre les phytopathogènes et le défi actuel est de comprendre comment ces microorganismes interagissent avec les plantes et leur potentiel biotechnologique pour le développement de stratégies innovantes. Dans ce contexte, l'objectif de cette étude était d'abord de caractériser les communautés microbiennes associées à la vigne tout au long de son cycle végétatif jusqu'à la fermentation du vin et, d'autre part, de mieux comprendre les interactions entre la vigne- BCAs – MDB. Pour cela, deux potentiels BCAs isolés de la vigne ont été testés contre des espèces de Botryosphaeriaceae et leur potentiel de colonisation, d'induction de mécanismes de défense dans la vigne, en présence ou non de *D. seriata* F98.1, ont été caractérisés ainsi que l'analyse de leur génome.

Les résultats ont montré que le microbiome de la vigne était très dynamique au cours de son cycle végétatif. Comme prévu, la biodiversité microbienne était plus élevée dans les sols, et les communautés variaient entre le sol, les feuilles et les moûts de vin. Une proportion de communautés microbiennes était similaire dans ces structures, ce qui suggère l'existence d'un microbiome commun. Plusieurs isolats ont été sélectionnés à partir de vignes et certains d'entre eux ont considérablement diminué la croissance du mycélium de plusieurs espèces de Botryosphaeriaceae, telles que les souches Fito_S127B et Fito_F278 qui ont été sélectionnés comme BCAs. Ces souches ont montré qu'elles produisaient une gamme élevée d'enzymes extracellulaires intéressantes pour le biocontrôle et ont pu coloniser avec succès la vigne : Fito_S127B était une épiphyte du système racinaire de la vigne, tandis que Fito_F278 pouvait coloniser l'ensemble de la plante, des racines aux feuilles. L'inoculation artificielle des tiges avec *D. seriata* F98.1 a montré que la longueur des nécroses causées par l'agent pathogène a été significativement réduite par Fito_S127B, contrairement à Fito_F278 qui était moins efficace. De plus, ces BCAs sont capables d'activer certaines réponses de défense de la vigne, permettant une réponse plus rapide et plus forte de la plante contre le pathogène. L'analyse du génome a également montré que ces souches sont une source des composés bioactifs, importants pour le biocontrôle.

Dans l'ensemble, cette étude a apporté de nouvelles connaissances sur la structure des communautés microbiennes de la vigne et leurs interactions. De plus, elle a confirmé que la vigne est une source naturelle de microorganismes prometteurs pour une gestion biologique des MDB et qu'ils peuvent promouvoir les réponses de défense des plantes. Ainsi, ces résultats fournissent non seulement une meilleure compréhension des interactions entre la vigne et les BCAs-MDB, mais aussi une forte contribution à la future stratégie de gestion durable des MDB.

Mots-clés : Microbiome de la vigne, MDB, microorganismes bénéfiques, Fito_S127B, Fito_F278, colonisation de la vigne, mécanismes de défense, protection