

# SÉSAM

GÉNÉRALISATION DE L'APPROCHE DE SÉLECTION ASSISTÉE PAR MARQUEURS POUR LES LEVURES OENOLOGIQUES EN EXPLOITANT LES DONNÉES GÉNOMIQUES DE LEVURES INDUSTRIELLES


 PROJET  
 TERMINÉ

## PORTEUR DU PROJET

Biolaflfort



### PARTENAIRES

- › ISVV
- › INRA : plateforme génomique fonctionnelle et plateforme métabolomique



### LABELLISATION

avril 2014

### PÉRIODE DU PROJET

septembre 2015 - mars 2018  
 Durée : 36 mois



### COÛT TOTAL DU PROJET

393 236 €

### FINANCEMENT OBTENU

154 618 €

### FINANCEURS

- › Conseil Régional de la Nouvelle Aquitaine
- › ANRT (Association Régionale de Recherche Technologique)

## Objectifs

L'objectif du projet SÉSAM (Séquençage & Sélection Assistée Marqueur) vise à généraliser l'utilisation de la sélection assistée par marqueurs (SAM) pour l'amélioration de souches de levures œnologiques. Pour ce faire, trois axes de recherches seront poursuivis :

- 1- L'extension d'un programme de détection de QTL à large échelle permettra de compléter le portefeuille de variations génétiques d'intérêt dont dispose la société. Cet axe de recherche sera réalisé dans le cadre d'une thèse CIFRE financée par la société BIOLAFFORT.
- 2- Le séquençage du génome d'une soixantaine de souches commerciales et l'analyse de leur structure génomique avec la mise en place d'une stratégie d'analyse bioinformatique.
- 3- La mise en place d'une stratégie de croisement universelle permettant l'amélioration rapide par croisement de n'importe quelle souche.

## Enjeux

- › Disposer d'un outil permettant de prédire à priori la performance des souches de levures
- › Développer une plateforme universelle de croisement permettant la sélection de souches de levures optimales assistée par marqueurs
- › Garder le leadership en matière d'innovation et de sélection de souches

## Retombées

- › Post-doc en bioinformatique pour développer une stratégie d'analyse des génomes
- › Augmentation espérée du CA grâce à l'amélioration des levures
- › Publications : articles scientifiques

Contact

Virginie Moine  
 BIOLAFFORT

Tél : 05 56 86 53 04

Mail : virginie.moine@laffort.com

www.laffort.com



L'INNOVATION AU SERVICE  
DE LA FILIÈRE VITIVINICOLE

### Le cluster & le projet

« Grâce aux progrès des techniques de séquençage de l'ADN, on peut accéder facilement à la séquence complète du génome des levures. L'étude comparative du génome des souches de levures permet de comprendre leurs mécanismes d'adaptation au vin. En 2009, grâce au projet SAGESSE labellisé par INNO'VIN et soutenu par la région Aquitaine, l'ISVV et la société Biolaffort ont initié des études génomiques permettant de comprendre le rôle clé de réorganisation de structure dans le démarrage de la fermentation alcoolique (Thèse Adrien Zimmer, 2014). En collaboration avec les Universités de Lisbonne et de Madisson (USA), nous avons également découvert que le génome des souches de *Saccharomyces uvarum* (une espèce oenologique d'intérêt) présentait une composante hybride particulière. (Almeida et al. Nature comm. 2014). Forts de ces succès, la société Biolaffort continue d'explorer le génome d'une soixantaine de levures industrielles par ce nouveau projet. »

Virginie Moine  
Directrice Scientifique  
Laffort

**SÉSAM**  
GENERALISATION DE L'APPROCHE DE SELECTION ASSISTEE PAR MARQUEURS POUR LES LEVURES  
OENOLOGIQUES EN EXPLOITANT LES DONNEES GENOMIQUES DE LEVURES INDUSTRIELLES

### Le saviez-vous ?

La société Laffort développe des levains industriels par des approches de croisement depuis 1998. Cette stratégie consiste à obtenir par hybridation naturelle des individus présentant des caractéristiques optimales. Initialement réalisés en mesurant l'aptitude des souches au cours de la fermentation ces travaux ont pris un essor important grâce à l'identification des gènes contrôlant les caractéristiques technologiques des levains industriels (thèse Philippe Marullo, 2005).

« Le projet SAGESSE labellisé par Inno'vin en 2009, avait permis d'intituler des études pour comprendre le rôle clé de réorganisation de structure dans le démarrage de la fermentations alcoolique »

Grâce à l'identification de ces cibles génétiques, il devient possible de sélectionner dans un premier temps les individus sur la base de leur pédigrée génétique. Cette approche élargit considérablement le nombre d'individus étudiés puisqu'il est possible en quelques mois de passer au crible un millier d'individus. Des tests fermentaires plus classiques sont ensuite utilisés. Ces méthodes se calquent sur celle utilisée depuis des décennies en agronomie pour la sélection des variétés végétales et des races animales.

### Abstract

SésAM's objective is to generalize marker assisted breeding to improve yeast strains. This project will consist in 3 research areas :

- extending a large scale QTL detection program
- sequencing 60 commercialized strains and analyzing their genomic structure while constructing a bioinformatic pipeline
- implementing a universal breeding strategy allowing a quick improvement of any industrial strain through

Its innovative, intuitive nature lies in proposing descriptions of smells and flavours in the form of specially-adapted universally recognisable images and diagrams. this will be achieved subsequent to a scientific study.

Credits photo : Poincet, CIVB, Roy

### Inno'Vin

210 chemin de Leysotte - CS 5008

33 882 Villenave d'Ornon

Gilles Brianceau / tél : 05 57 57 58 62

Thomas Rospars / tél : 05 57 57 59 05

Manon Garcia / tél : 05 57 57 59 05

WWW.INNOVIN.FR

### NOS SOUTIENS



GRAND::COGNAC

BORDEAUX

