



HAL
open science

Pathogènes de la vigne et choix du matériel végétal: prévention et création variétale

Timothée Flutre

► **To cite this version:**

Timothée Flutre. Pathogènes de la vigne et choix du matériel végétal: prévention et création variétale. Coursus ingénieur (Module "diagnostic agronomique"), 2016. hal-02798135

HAL Id: hal-02798135

<https://hal.inrae.fr/hal-02798135v1>

Submitted on 5 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Module « diagnostic agronomique » de VetAgro Sup

Pathogènes de la vigne et choix du matériel végétal: prévention et création variétale

Timothée Flutre

INRA (BAP), AGAP (DAAV), Géno-Vigne

03/05/2016

Plan

Bref rappel de génétique

Contexte historique chez la vigne

Sélection clonale

Regain d'intérêt pour les croisements dirigés du greffon

Sélection génomique pour les caractères « complexes »

Plan

Bref rappel de génétique

Contexte historique chez la vigne

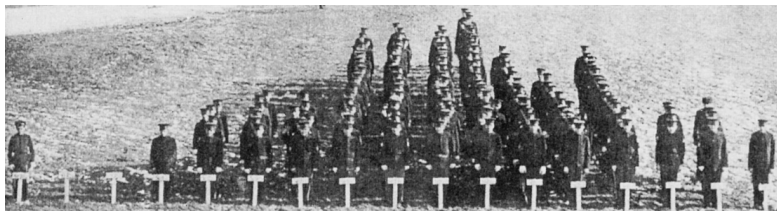
Sélection clonale

Regain d'intérêt pour les croisements dirigés du greffon

Sélection génomique pour les caractères « complexes »

Génétique : étude de la transmission de variation héritable

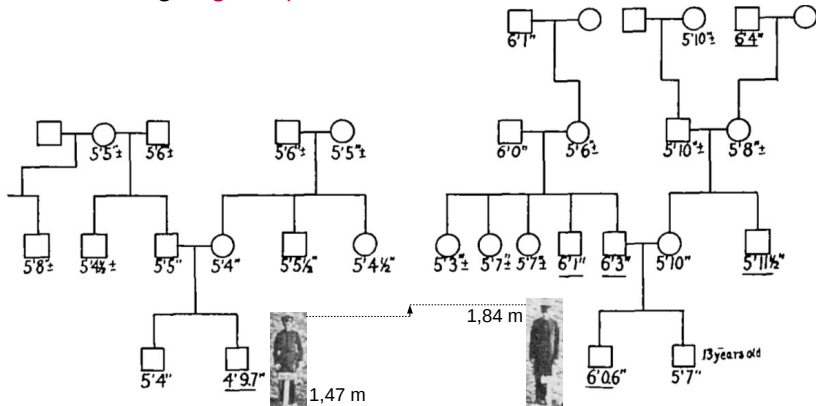
1) Pour un caractère donné, on observe de la **variation**, dite « **phénotypique** », entre individus, représentée par un histogramme :



Blakeslee (1914) : étudiants masculins du même âge triés selon leur taille

Génétique : étude de la transmission de variation héritable

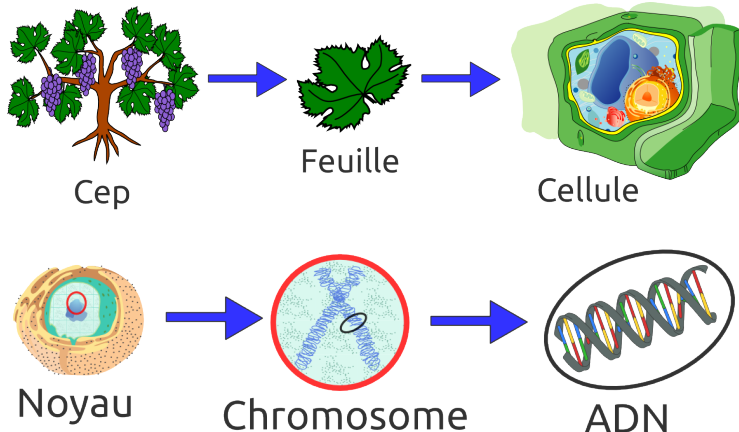
2) Une part de cette variation du caractère peut être expliquée par de la **variation** d'origine **génétique** :



Blakeslee (1914) : pedigrees des plus petit et plus grand étudiants

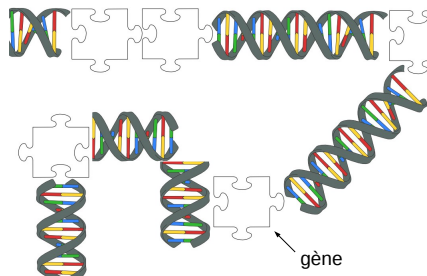
De la plante à la molécule d'ADN

Toutes les plantes sont composées de **cellules**, chacune ayant un noyau à l'intérieur duquel se trouvent les **chromosomes** renfermant une double hélice d'**ADN**, support matériel de « l'information génétique » :



Aspects génomiques à l'échelle de l'espèce

Gènes : fragments d'ADN permettant de fabriquer des molécules nécessaires à la vie de l'organisme ; par exemple capter l'énergie lumineuse, pomper l'eau du sol, fabriquer les sucres, acides et précurseurs d'arômes, dégrader des toxines, etc



Génome : vu comme l'ensemble des gènes de l'espèce en question

Aspects génotypiques à l'échelle de l'individu

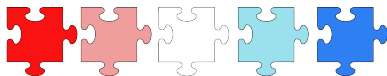
Allèles : différentes versions d'un même gène



Génotype : vu comme l'ensemble des allèles de l'individu en question

Aspects génotypiques à l'échelle de l'individu

Allèles : différentes versions d'un même gène

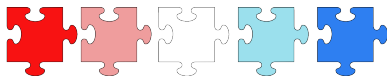


Génotype : vu comme l'ensemble des allèles de l'individu en question

⇒ plus deux individus sont apparentés, plus ils ont de chance d'avoir hérité des mêmes allèles aux mêmes gènes, et donc plus leurs génomes sont similaires

Aspects génotypiques à l'échelle de l'individu

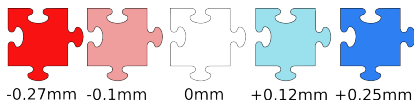
Allèles : différentes versions d'un même gène



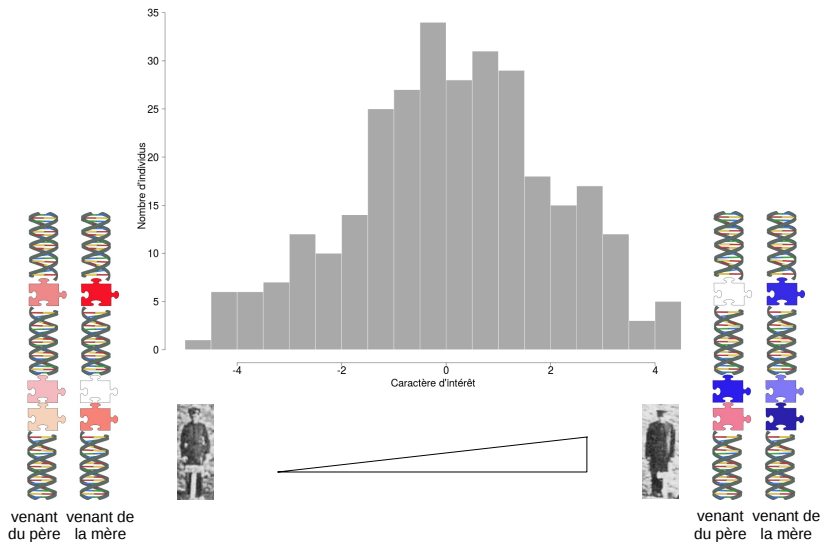
Génotype : vu comme l'ensemble des allèles de l'individu en question

⇒ plus deux individus sont apparentés, plus ils ont de chance d'avoir hérité des mêmes allèles aux mêmes gènes, et donc plus leurs génomes sont similaires

⇒ estimer les effets des allèles permet ensuite de prédire le phénotype d'un individu



Synthèse



Plan

Bref rappel de génétique

Contexte historique chez la vigne

Sélection clonale

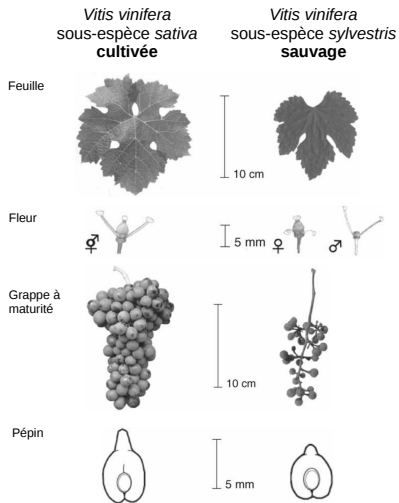
Regain d'intérêt pour les croisements dirigés du greffon

Sélection génomique pour les caractères « complexes »

Quelques jalons historiques

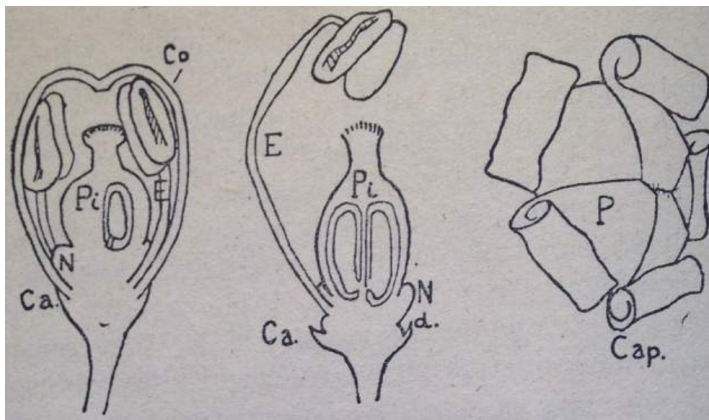
This et coll. (2006), Lacombe (2012) :

- ▶ **-8000/-4000** : découverte du vin et domestication au sein de *Vitis vinifera* (actuelles Iran, Turquie et Géorgie)
- ▶ **500** : viticulture bien répartie en Europe ; différenciation probable cuve-table et couleurs
- ▶ **Moyen-Age** : apparition de noms toujours utilisés (ex. Grenache)



adapté de This, Lacombe & Thomas (*Trends in Genetics*, 2006)

Anatomie de la fleur hermaphrodite de vigne cultivée



Levadoux (1946) : calice (Ca), corolle (Co), pistil (Pi), étamines (E), capuchon (Cap), pétales (P), nectaires (N), disque nectarifère (d)

Vocabulaire spécifique « vigne » du matériel végétal

Cépage : voir Boursiquot et This (PAV, 1999)

- ▶ terme uniquement francophone, apparu au XVI^e siècle
- ▶ plusieurs ceps appartiennent au même cépage s'ils proviennent tous du même pépin (reproduction sexuée)
- ▶ exemples : Syrah (croisement entre Dureza et Mondeuse blanche), Grenache (parents inconnus)

Variété : ou « cultivar » (*cultivated variety*)

- ▶ les ceps d'un cépage donné partageant une (des) mutation(s) somatique(s) ayant une (des) conséquences phénotypiques *qualitative(s)* et *stable(s)* sont distingués comme étant une « variété » de ce cépage
- ▶ exemple où cépage = variété : Syrah
- ▶ exemple où cépage ≠ variété : Grenache blanc, Grenache gris, Grenache noir, etc

Clone :

- ▶ les ceps sains d'une variété donnée partageant une (des) mutation(s) somatique(s) ayant des conséquences phénotypiques *quantitatives* sont distingués comme étant un « clone » de cette variété
- ▶ exemples : clone 1188 de Syrah, clone 1212 de Grenache noir, etc

Voir le catalogue des vignes cultivées en France : [PI@ntGrape](#).

Evolution du matériel végétal jusqu'au XIX^e siècle

Apparition de **nouveaux cépages** :

- ▶ évènements de reproduction sexuée
- ▶ croisements non-dirigés
- ▶ allo-fécondation (auto-fécondation rare car fardeau génétique)

Apparition de **nouvelles variétés** :

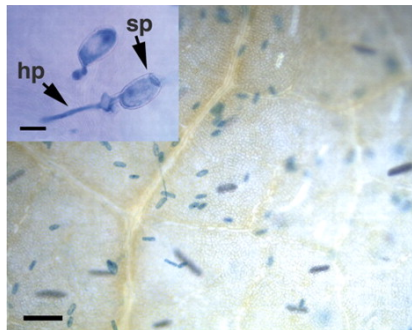
- ▶ mutations somatiques
- ▶ sélection massale (identification visuelle des « bons sarments » sur plusieurs années)
- ▶ multiplication végétative pour planter une nouvelle parcelle

Arrivée au XIX^e siècle de nouveaux pathogènes en Europe

1845 : le champignon ascomycète *Erysiphe necator* venant de l'est de l'Amérique du Nord arrive en Europe et cause l'**oïdium** (*powdery mildew* en anglais) ; voir Gadoury et coll. (2011)



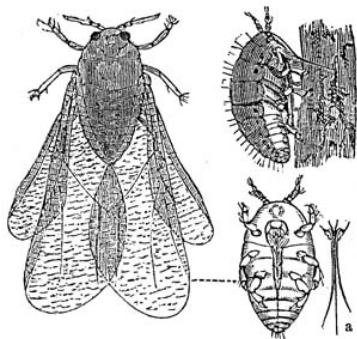
Gary Grove, WSU-IAREC



adapté de Fung et coll. (2008)

Arrivée au XIX^e siècle de nouveaux pathogènes en Europe

1863 : l'insecte hémiptère *Daktulosphaira vitifoliae* venant d'Amérique du Nord est détecté en France et cause le **phylloxéra**



Meyers Konversations-Lexikon, Wikimedia



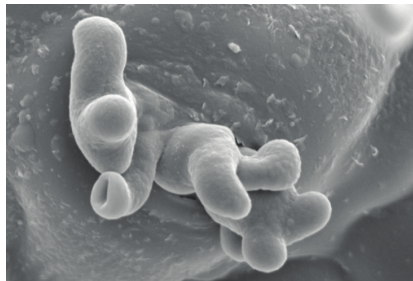
Joachim Schmid, Wikimedia, CC BY 3.0

Arrivée au XIX^e siècle de nouveaux pathogènes en Europe

1878 : le pseudo-champignon oomycète *Plasmopara viticola* venant d'Amérique du Nord est détecté en Europe et cause le **mildiou** (*downy mildew* en anglais) ; voir Gessler et coll. (2011)



Gessler et coll. (2011)



Gessler et coll. (2011)

Arrivée au XIX^e siècle de nouveaux pathogènes en Europe

1885 : le champignon ascomycète *Guignardia bidwelli* venant d'Amérique du Nord est détecté en Europe et cause la **pourriture noire** (*black rot* en anglais)



Ulrich et coll. (2009)

Pertes dues à l'oïdium et lutte chimique

Production de l'Hérault : de 4 Mh en 1848 à < 1 Mh en 1854

Stratégie principale : **soufre**

- ▶ Henri Marès : mémoire de 1856 détaillant l'emploi du soufre (doses, traitement, période)
- ▶ repris dans tous les vignobles français en 1862

Legros & Argelès (2000)



1888, Wikimedia

Pertes dues au phylloxéra et lutte génétique

Production française : de 84 Mh en 1875 à 23 Mh en 1889

Stratégie principale : greffage sur porte-greffes résistants

- ▶ d'espèces américaines ou hybrides (croisements dirigés)
- ▶ à adapter aux différents contextes pédo-climatiques
- ▶ apparition de la profession de pépiniériste viticole

Legros (2005), Schneider et coll. (2014)



Timothée Flutre, Wikimedia, CC BY-SA 4.0

Aspects pratiques d'un croisement dirigé

Castration des fleurs de la variété « mère », puis dépôt de pollen de la variété « père » :



Timothée Flutre, Wikimedia, CC BY-SA 4.0



Source : Christophe Schneider (INRA)

Stratégie génétique fin XIX^e-début XX^e

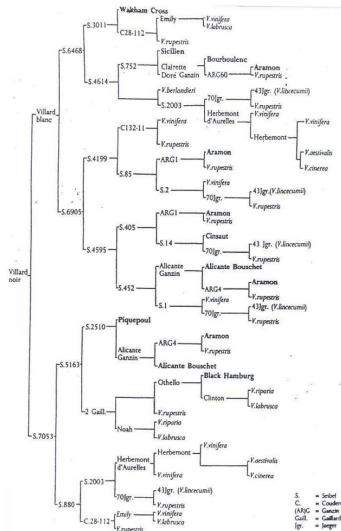
Pedigree du Villard Noir :

But : combiner résistances génétiques contre phylloxera (racines) avec celles contre mildiou et oïdium (feuillage et grappes)

Effort d'hybridation sans précédent :

- ▶ plus de 1700 hybrides créés ;
- ▶ jusqu'à 400 000 ha cultivés (30% du vignoble) en 1958.

Rousseau et coll. (2012), Schneider et coll. (2014)



Raisons de l'échec des hybrides producteurs directs (HPD)

- ▶ vins de moins bonne, voire médiocre, qualité
- ▶ en 1935, interdiction de 6 cépages à cause de la quantité de méthanol produit au cours de la fermentation alcoolique
- ▶ à partir de 1953, primes à l'arrachage et absence d'aide à la plantation, réduction des droits de plantation
- ▶ interdiction des HPD en appellation d'origine
- ▶ recours aux produits phytosanitaires (notamment molécules de synthèse)

⇒ à partir de 1960, fort déclin en France de la création variétale pour les résistances mildiou-oïdium

Rousseau et coll. (2012), Schneider et coll. (2014)

Poursuite des croisements intra-*vinifera*

Bilan du Domaine de Vassal (Sète) : sur 50 ans

- 3 350 croisements
- 290 000 pépins plantés (soit l'équivalent de 72 ha)
- 87 individus par croisement en moyenne
 - Mini : 1 (Muscat de Hambourg x Sultanine, 1951)
 - Maxi : 1893 (Carignan x Grenache, 1962)
- 52% des croisements : cuve, 48% : table
- 12 variétés de cuve (9 N & 3 B)
- 15 raisins de table (7 N & 8 B)
- Soit au total : 1 pour 11 000 (3 ha de plants de semis) mais 12 variétés intéressantes seulement, soit 1 pour 24 000 (6 ha de plants de semis)

Jean-Michel Boursiquot, Montpellier SupAgro (2015)

Poursuite des croisements contre la maladie du court-noué

grapevine fanleaf virus (GFLV) :

- ▶ népovirus isolé en 1960
- ▶ transmission via nématode *Xiphinema index* dans le sol
- ▶ lutte par arrachage, jachère, nématicides



Source : Loïc Le Cunff (IFV)

Résistance génétique chez *Muscadinia rotundifolia* mais celle-ci ne peut être utilisée comme porte-greffe (pas de reprise à l'enracinement des boutures, sensibilité à la chlorose, incompatibilité au greffage avec *V. vinifera*), donc programme de croisements en cours avec des porte-greffes existants à l'INRA de Bordeaux.

Plan

Bref rappel de génétique

Contexte historique chez la vigne

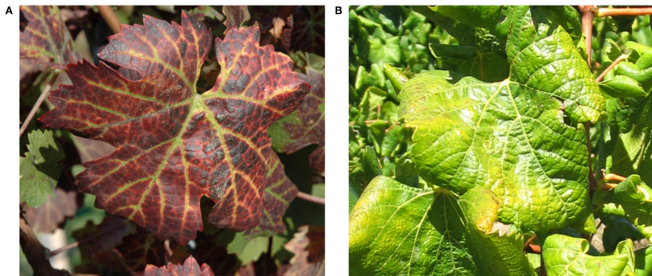
Sélection clonale

Regain d'intérêt pour les croisements dirigés du greffon

Sélection génomique pour les caractères « complexes »

D'autres virus

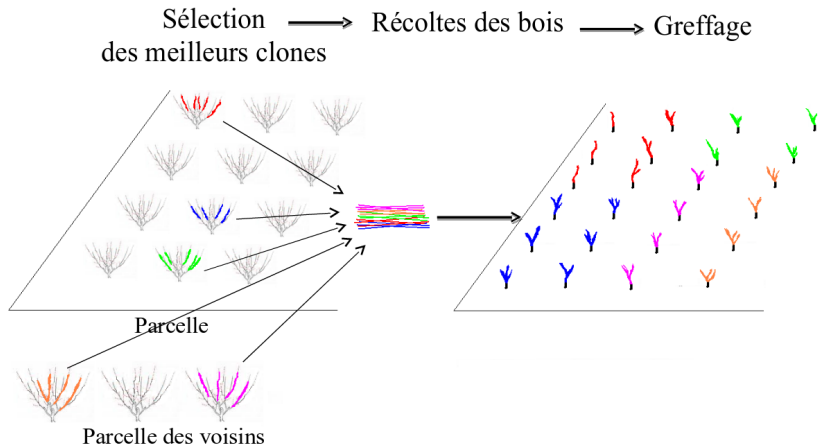
enroulement (*grapevine leafroll associated viruses*, GLRaV) :
provoqué par 7 virus ; deux ayant des cochenilles comme vecteur ;
maladie à virus de la vigne la plus répandue dans le monde



Maree et coll. (2013)

Mise en place de la sélection clonale

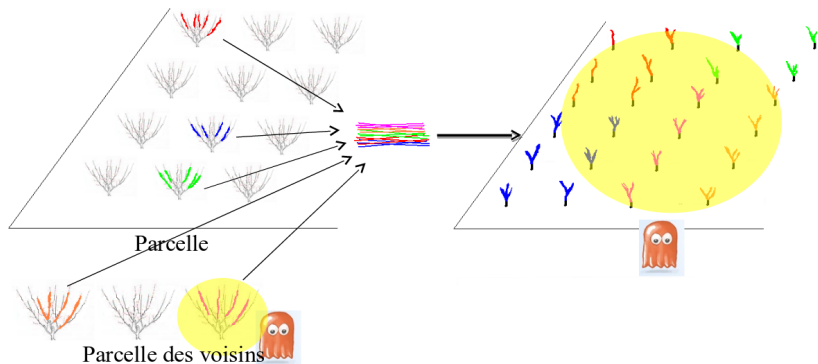
Avant 1963 :



Mise en place de la sélection clonale

Avant 1963 :

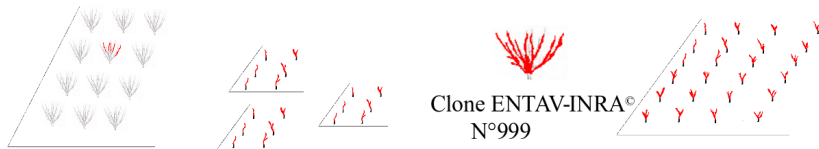
- Fort taux de contamination



Mise en place de la sélection clonale

Après 1963 : création de l'ANTAV

Prospections → Evaluations → Agrégation et mise en collection → Commercialisation



- Caractères agronomiques
- Etat sanitaire

illustration : Loïc Le Cunff (IFV)

Principes de la sélection clonale


Définition de l'OIV : un clone est la descendance végétative conforme à une souche choisie pour son identité indiscutable, ses caractères phénotypiques et son état sanitaire.

Processus long (15 ans) : voir document détaillé sur [PI@ntGrape](#)

- ▶ prospection
- ▶ sélection sanitaire et sélection génétique
- ▶ agrément au CTPS pour inscription au catalogue
- ▶ multiplication et commercialisation

Sources du matériel végétal

72 sites de conservatoires répertoriés en 2015 :

- 
1. [CIVC](#)
 2. [INRA Colmar](#)
 3. [CIVA](#)
 4. [IFV Pôle Val-de-Loire](#)
 5. [INRA Angers](#)
 6. [Association Technique Viticole de Bourgogne](#)
 7. [Société de Viticulture du Jura](#)
 8. [CA Saône-et-Loire](#)
 9. [BNIC](#)
 10. [Conservatoire du Vignoble Charentais](#)
 11. [Sicarex Beaujolais](#)
 12. [Centre d'Ampélographie Alpine Pierre Galet](#)
 13. [CA Gironde](#)
 14. [INRA Bordeaux](#)
 15. [CA Dordogne](#)
 16. [CA Ardèche](#)
 17. [CA Lot](#)
 18. [CA Drôme](#)
 19. [CA Lot-et-Garonne](#)
 20. [GVA du Chasselas](#)
 21. [CEFEL Moissac](#)
 22. [CA Tarn-et-Garonne](#)
 23. [CA Vaucluse](#)
 24. [SICA La Tapy](#)
 25. [CA Gers](#)
 26. [CA Haute-Garonne](#)
 27. [IFV Pôle Sud-Ouest](#)
 28. [Syndicat Général des Vignerons Réunis des Côtes-du-Rhône](#)
 29. [CA Gard](#)
 30. [CA Landes](#)
 31. [Union Plaimont](#)
 32. [CA Pyrénées-Atlantiques](#)
 33. [CA Hérault](#)
 34. [INRA Vassal-Montpellier SupAgro](#)
 35. [IFV Pôle Matériel Végétal et IFV Sièges](#)
 36. [CA Bouches-du-Rhône](#)
 37. [CA Var](#)
 38. [CA Aude](#)
 39. [CA Pyrénées-Orientales](#)
 40. [CRVI](#)

Y. Evieux (2016), RFCV

Introduction au Domaine de l'Espiguette (Grau-du-Roi)

Initialement l'ANTAV, maintenant l'IFV :



Source : IFV

Vignes franc de pied car sols sableux ne contenant ni phylloxéra ni nématodes vecteurs du court-noué.

Sélection sanitaire

Pour la vigne, il n'existe pas actuellement de traitement curatif concernant les virus, d'où l'accent mis sur la prévention.

Dépistage de 6 maladies à virus via différentes techniques :

- ▶ test ELISA (en premier)
- ▶ indexage par greffage ligneux ou herbacé
- ▶ RT-PCR (pas en routine)

Maintien du bon état sanitaire par conservation du matériel initial sain et suivi lors de la multiplication.

Sélection génétique

Parcelle expérimentale pour clones sains candidats :

- ▶ sol homogène et terroir traditionnel de la variété étudiée
- ▶ plantation avec au moins un clone certifié
- ▶ suivi viticole de 5 ans
- ▶ vinifications et dégustations d'au moins 3 millésimes

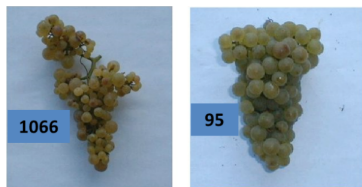
Exemple du clone 1141 de Syrah N : PI@ntGrape

	Identité et disponibilités		Données Agronomiques		Données Technologiques	
N° de Clone	• Origine <i>i</i>	■ Sélection <i>i</i>	□ Fertilité <i>i</i>	* Niveau de production <i>i</i>	♦ Richesse en sucre <i>i</i>	✦ Potentiel couleur <i>i</i>
	+ Année d'agrément <i>i</i>	* Références Agronomiques <i>i</i>	◆ Poids des grappes <i>i</i>	» Vigueur <i>i</i>	✖ Acidité totale <i>i</i>	✦ Structure tannique <i>i</i>
	▲ Surface en multiplication <i>i</i>		○ Taille de baies <i>i</i>	* Sensibilité au Botrytis <i>i</i>	▼ Intensité aromatique <i>i</i>	✦ Aptitudes œnologiques <i>i</i>
1141	• Rhône	■ CA26 - IFV	□ moyenne à inférieure	* inférieur	♦ supérieure	✦ moyen à supérieur
	+ 2012	* Côtes-du-Rhône	◆ inférieur	» moyenne	✖ moyenne	✦ supérieure
	▲		○ inférieure	* moyenne à inférieure	▼	✦ Vins appréciés pour leur qualité olfactive et leur équilibre en bouche

ENTAV  INRA[®] Clone présentant très peu de symptômes de dépérissement. Apprécié pour la qualité des vins obtenus.

Exemple de stabilité phénotypique

Les caractères « compacité de la grappe » et « taille des baies » sont stables en Bourgogne et en Nouvelle-Zélande :



**Clones de Chardonnay
Bourgogne**

Source : ATVB



**Clones de Chardonnay
New Zealand**

Source : IFV

Source : Laurent Audeguin (IFV)

Synthèse



Produits phytosanitaires



Diffusion de matériel sain
Arrachage

Greffage
Création variétale (PG)
Arrachage

illustration : Loïc Le Cunff (IFV)

Plan

Bref rappel de génétique

Contexte historique chez la vigne

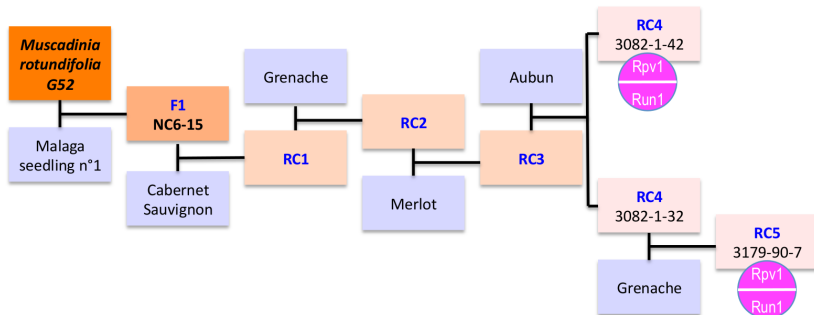
Sélection clonale

Regain d'intérêt pour les croisements dirigés du greffon

Sélection génomique pour les caractères « complexes »

Croisements d'Alain Bouquet

De 1974 à 2000, 6 recroisements avec des *Vitis vinifera* pour y transférer la résistance de *Muscadina rotundifolia* à l'oïdium (gène Run1) et au mildiou (gène Rpv1) :

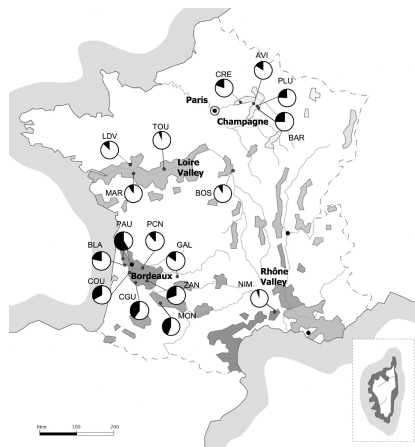


Bouquet et coll. (2000), Schneider et coll. (2014)

Souches résistantes aux fongicides

Exemple des fongicides *quinone outside inhibiting* (QoI) :

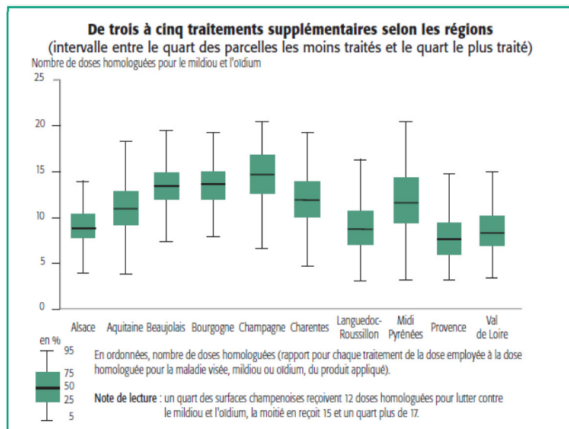
- ▶ inhibent une étape-clé de la respiration mitochondriale des champignons
- ▶ introduits en France en 1998, mais résistance déjà détectée en 2000
- ▶ mutation apparue deux fois indépendamment



Chen et coll. (2007)

Demande sociétale et plan EcoPhyto

- ▶ 2006 : première enquête sur les pratiques culturales des viticulteurs réalisée par le ministère de l'Agriculture
- ▶ 2007 : Grenelle de l'Environnement
- ▶ 2010 : mise en place d'un IFT de référence

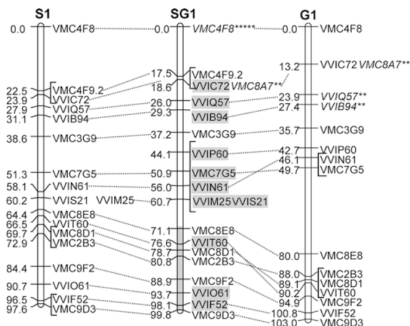


Source : SSP – Agreste – Enquête sur les pratiques phytosanitaires en viticulture 2010

Amélioration des connaissances en génétique

Construction de cartes génétiques couvrant tout le génome :

- ▶ détection de *quantitative trait locus* (QTL) dans la recherche de gènes de résistance
- ▶ sélection assistée par marqueurs (SAM), donc précoce

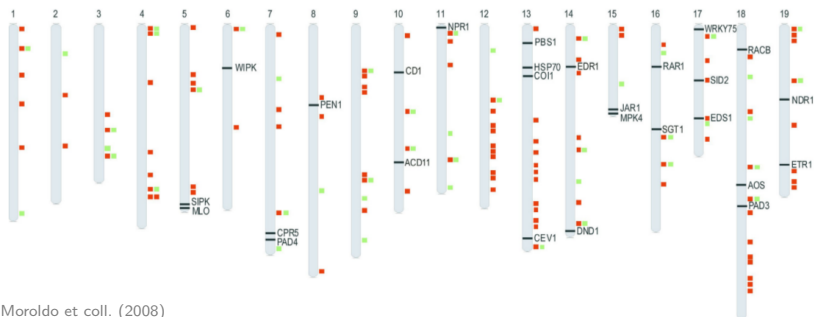


Adam-Blondon et coll. (2004)

Amélioration des connaissances en génomique

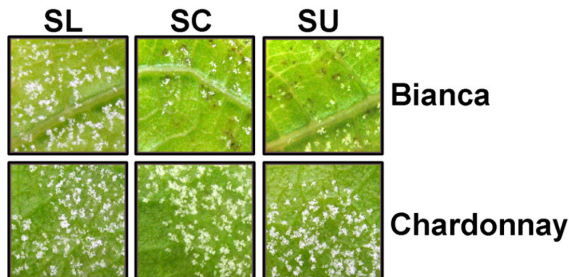
Séquençage d'un génome de référence (Jaillon et coll., 2007) :

- ▶ premières annotations structurales et fonctionnelles
- ▶ localisation de gènes analogues de résistance et signalisation



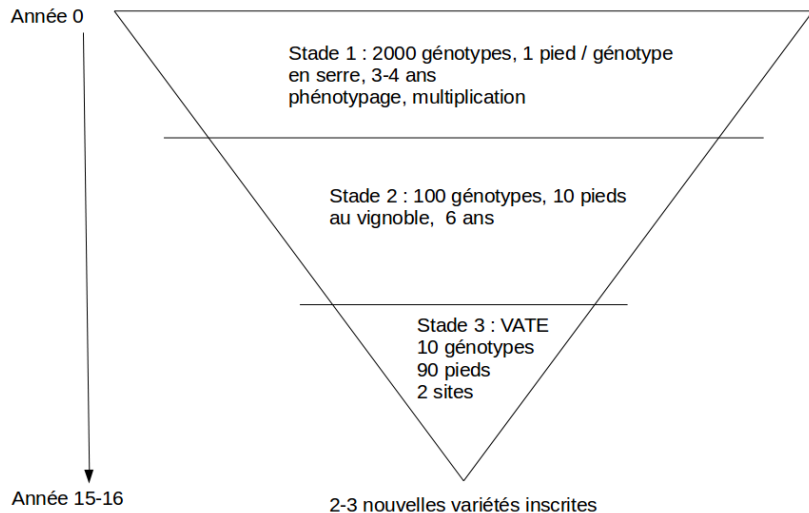
Contournement de variétés monogéniques

En 2010, cas de la variété Bianca n'ayant que le gène Rpv3 contre le mildiou :



Peressotti et coll. (2010)

Schéma actuel de création variétale



Programme ResDur de l'INRA (1/3)

Objectifs finalisés (Schneider et coll. (2014)) :

- ▶ résistance quasi-totale et *durable* contre mildiou et oïdium ;
- ▶ qualité comparable à l'actuelle pour la production de vin ;
- ▶ adaptation à l'échelle nationale ;
- ▶ utilisation à court terme : vin de pays (85/15) et vin sans IG.

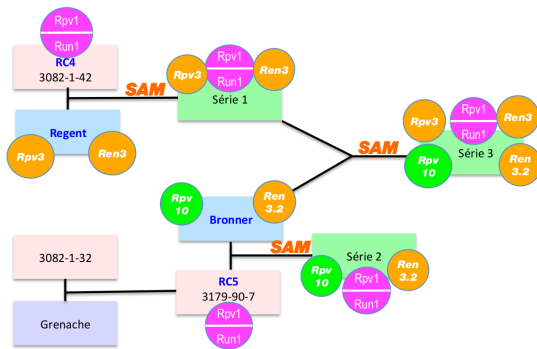
N.B. : *durable* signifie ici « (au moins) deux gènes de résistance par pathogène »

Programme ResDur de l'INRA (2/3)

Etapes (Schneider et coll. (2014)) :

- ▶ partir de géniteurs d'A. Bouquet (Rpv1 contre mildiou et Run1 contre oïdium) et de variétés étrangères Regent (Rpv3 et Ren3) et Bronner (Rpv10 et Ren3.2)
- ▶ Colmar : pyramider ces gènes de résistance par sélection assistée par marqueurs (beaucoup plus rapide)
- ▶ stade 2 sur sites INRA (Colmar, Bordeaux, Montpellier, Angers) : phénotyper vigne et vin (dont dégustation)
- ▶ stade 3 (VATE) sur sites des partenaires, puis inscription

Programme ResDur de l'INRA (3/3)



Depuis 2000 à Colmar, 3 croisements ont donné 13000 pépins, dont 750 individus prometteurs : 12 en stade 3 pour le croisement 1, 40 à l'issue du stade 2 pour le croisement 2, et 250 entrant en stade 2 pour le croisement 3.

Programme de l'UMT Géno-Vigne (1/3)

Objectifs finalisés (Le Cunff, com. pers.) :

- ▶ résistance quasi-totale et durable contre mildiou et oïdium ;
- ▶ *pool* de géniteurs résistants à re-croiser pour cuve, table ou agréments ;
- ▶ utilisation "cuve" à court terme : vin de pays et vin sans IG.

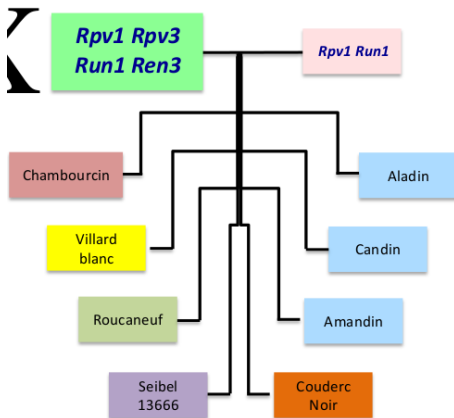
N.B. : *durable* signifie ici « (au moins) deux gènes de résistance par pathogène »

Programme de l'UMT Géno-Vigne (1/3)

Etapas (Le Cunff, com. pers.) :

- ▶ partir de géniteurs d'A. Bouquet (Rpv1 contre mildiou et Run1 contre oïdium) et d'hybrides français (Ren3, Rpv3)
- ▶ Montpellier, Grau-du-Roi : pyramider ces gènes de résistance par sélection assistée par marqueurs
- ▶ stade 2 à Montpellier : phénotyper vigne et vin (dégustations moins poussées)
- ▶ stade 3 : IFV SO et Angers (cuve), La Tapy et CEFEL (table)

Programme de l'UMT Géno-Vigne (3/3)



Depuis 2008, 8-10 croisements ont donné \approx 8000 pépins, pour un pool de 59 individus prometteurs (dont 16 en stade 2 dont 11 en VATE : 6 cuve, 4 table, 1 agrément).

Perspectives sur la cible « résistance »

- ▶ déploiement attendu de ces nouvelles variétés hybrides en France entre 2016 et 2023 (la SAM ayant réduit de 25 à 15 ans), mais plusieurs points juridiques restent en débat
- ▶ introgresser les autres gènes majeurs de résistance mildiou-oïdum découverts entre-temps (Rpv5, Rpv8, etc), mais prendra 10 ans
- ▶ continuer à pyramider pour éviter les contournements, par exemple celui récent de Run1 (Feechan et coll., 2013)
- ▶ se concentrer sur les autres pathogènes : champignon de la pourriture noire, champignons des maladies du bois, phytoplasme de la flavescence doré, etc

Retour de stratégies d'encépagement en mélange

Modéliser la propagation du mildiou au sein d'une parcelle :

Hypotheses tested	simulation number	plant distribution/type *	treatment	budbreak date	inoculation location
Effect of plant-pathogen synchronism on disease spread	1a	patches 1,3 /early budbreak patches 2,4 /late budbreak	No	118	center block 1
	1b	patches 1,3 /early budbreak patches 2,4 /late budbreak		128	
Effect of plant growth heterogeneities on disease spread	2a	patches 2,3 /vigour 0.2 patches 1,4 /vigour 1	No	118	center plot
	2b	alternate rows/vigour 1 /vigour 0.2			
Effect of heterogeneities of plant susceptibility on disease spread	3a	patches 2,3 /resistant patches 1,4 /susceptible	No	118	center plot
	3b	alternate rows/susceptible /resistant			
Effect of disease control	4a	whole plot vigour 1	fungicide at flowering	118	center plot
	4b	whole plot vigour 1	fungicide at shoot topping		

Calonnec et coll. (2014)

Plan

Bref rappel de génétique

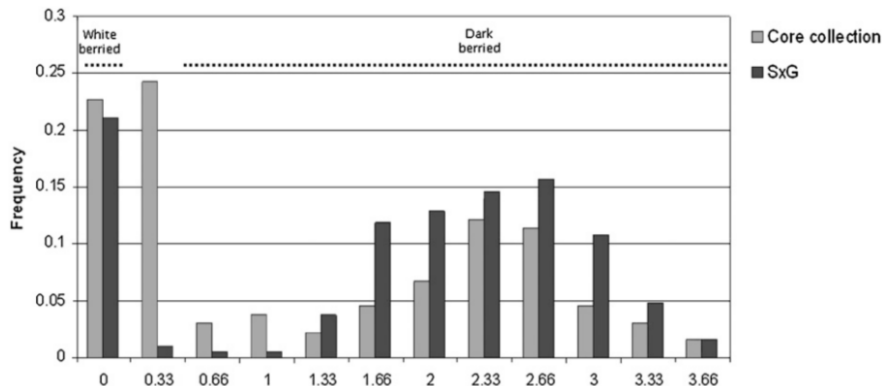
Contexte historique chez la vigne

Sélection clonale

Regain d'intérêt pour les croisements dirigés du greffon

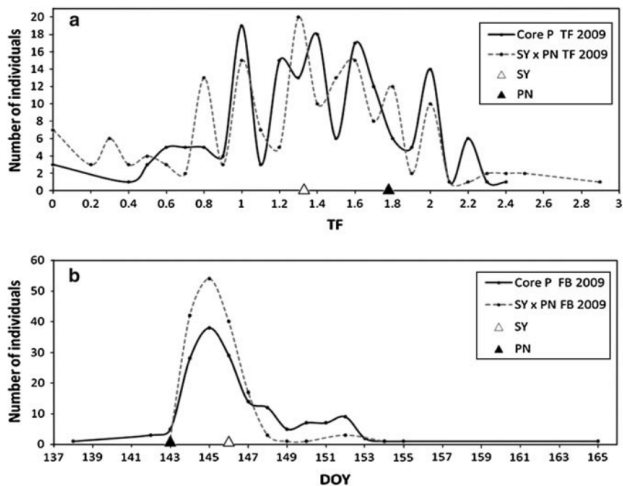
Sélection génomique pour les caractères « complexes »

Diversité phénotypique au sein d'un croisement de vigne



anthocyanes, Fournier-Level et coll. (2009)

Diversité phénotypique au sein d'un croisement de vigne



phénologie, Grzeskowiak et coll. (2013)

Diversité phénotypique au sein d'un croisement de vigne

parents hétérozygotes et architecture génétique complexe :

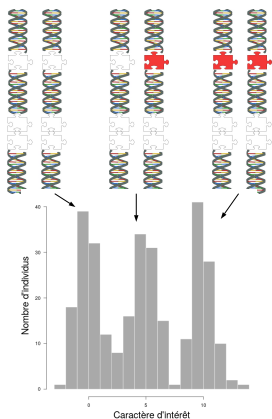
⇒ chaque croisement « éclate » les phénotypes des parents

⇒ la variation est aussi grande qu'au sein d'une *core collection*

Types d'architecture génétique

Un seul gène majeur :

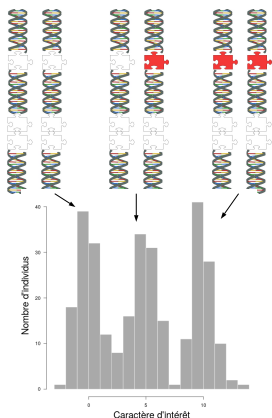
- ▶ plus simple à prédire
- ▶ exemple : résistance, muscaté



Types d'architecture génétique

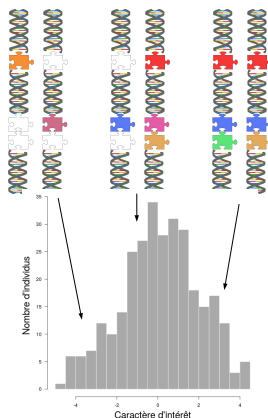
Un seul gène majeur :

- ▶ plus simple à prédire
- ▶ exemple : résistance, muscaté



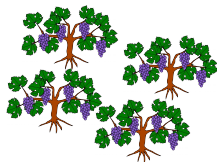
Beaucoup de gènes mineurs :

- ▶ plus dur à prédire
- ▶ exemples : rendement, qualité

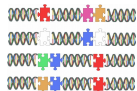


Prédiction génomique pour la sélection

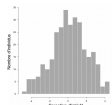
Ensemble d'apprentissage :



Génotype

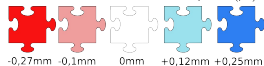


Phénotype



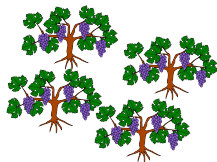
Modèle : $y \sim \mathcal{N}(W\alpha + ZX\beta, \sigma^2 I)$

Estimation d'effets alléliques (β)

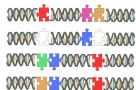


Prédiction génomique pour la sélection

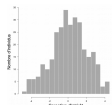
Ensemble d'apprentissage :



Génotypage

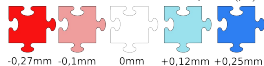


Phénotype

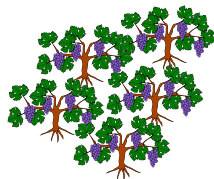


Modèle : $y \sim \mathcal{N}(W\alpha + ZX\beta, \sigma^2 I)$

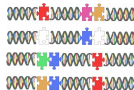
Estimation d'effets alléliques (β)



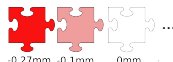
Ensemble de prédiction :



Génotypage



Effets alléliques



Modèle : $y \sim \mathcal{N}(W\alpha + ZX\beta, \sigma^2 I)$

Prédiction de phénotypes (y)

Exemple de sélection génomique à l'issue du stade 1

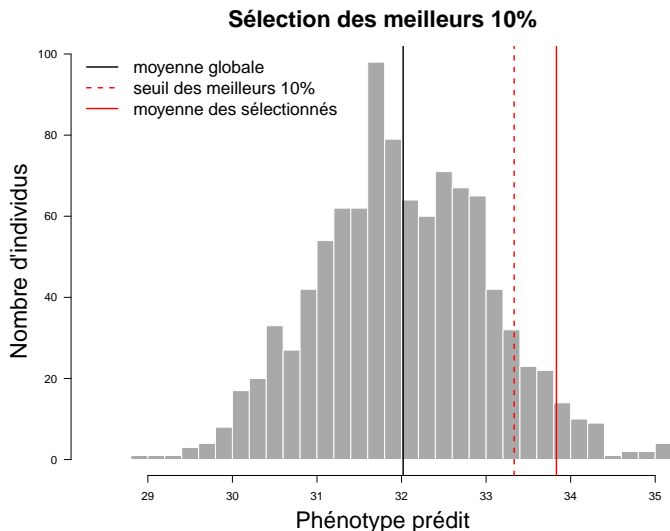
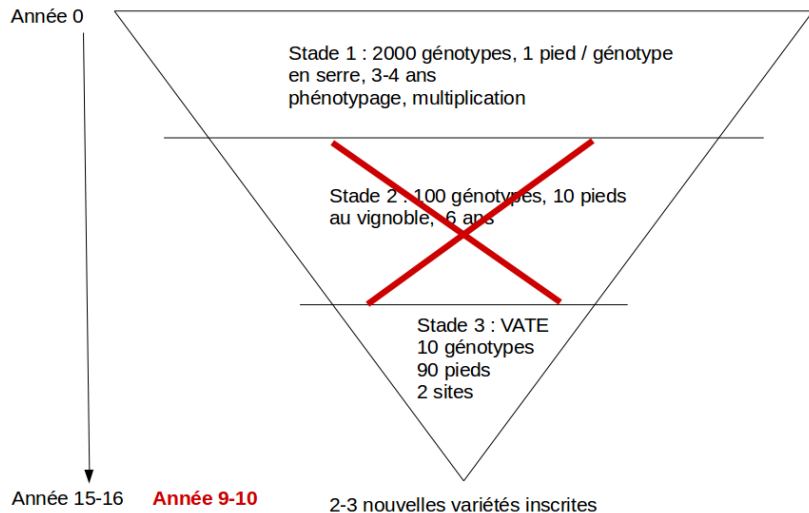
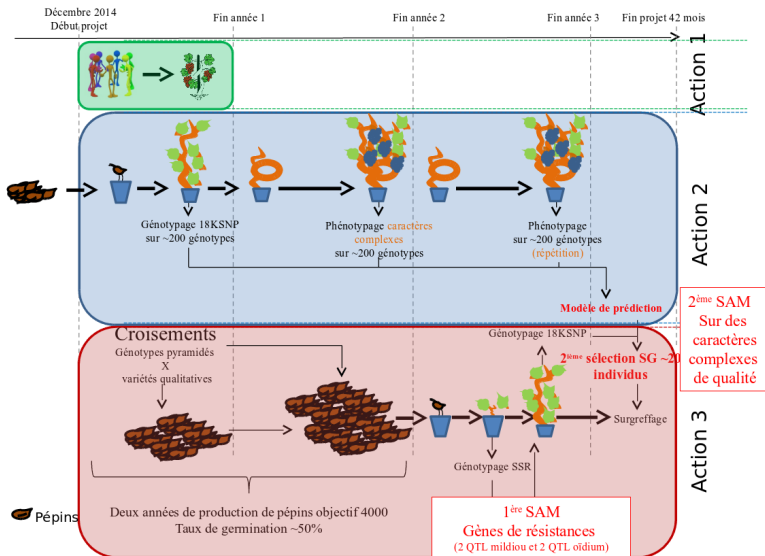


Schéma envisagé de création variétale : éviter le stade 2

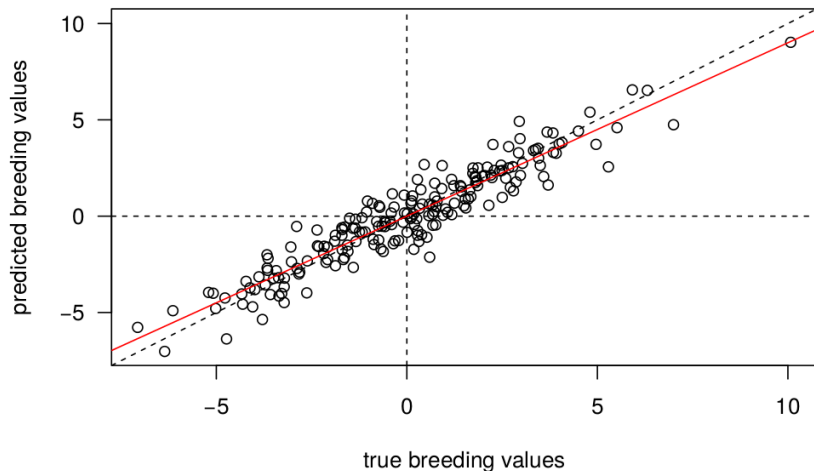


Cas du projet EDGARR pour la filière rosé (L. Le Cunff)



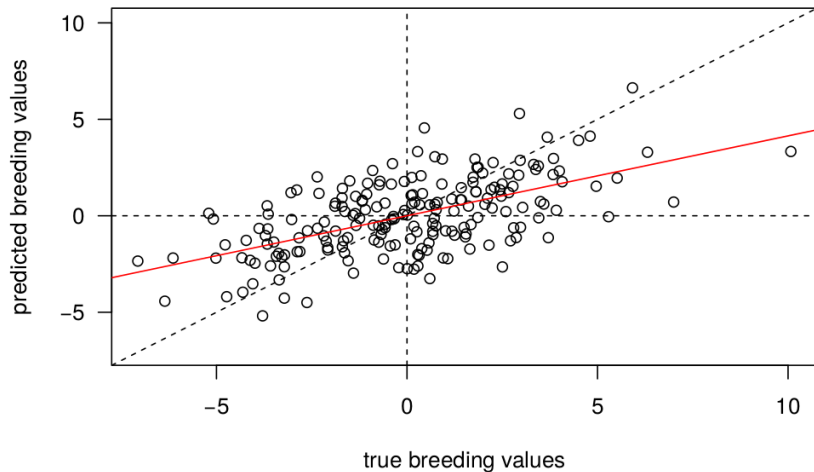
Précision de la prédiction

Héritabilité (*narrow sense*) à 70% :

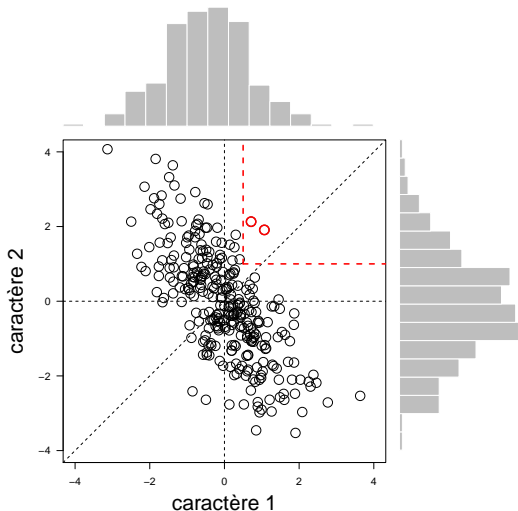


Précision de la prédiction

Héritabilité (*narrow sense*) à 10% :



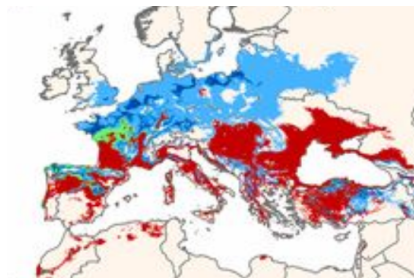
Co-variation génétique entre caractères



- ▶ plus long et coûteux de mesurer plusieurs caractères la même année sur toutes les mêmes plantes
- ▶ plus difficile d'estimer conjointement les effets alléliques
- ▶ moins évident de définir les « meilleurs » individus

Défi du changement climatique

Scénario très pessimiste (Hannah et coll., 2013) :



- Current Suitability**
- Suitability Retained > 50% GCMs**
- Suitability Retained > 90% GCMs**
- Novel Suitability > 50% GCMs**
- Novel Suitability > 90% GCMs**

Co-conception d'idéotypes

conception : démarche d'aide à la réflexion (Adam et coll., 2014)

1. définition du cahier des charges (caractères d'intérêt)
2. conception de l'idéotype (mécanismes sous-jacents)
3. évaluation de l'idéotype (expérimentation)

Co-conception d'idéotypes

conception : démarche d'aide à la réflexion (Adam et coll., 2014)

1. définition du cahier des charges (caractères d'intérêt)
2. conception de l'idéotype (mécanismes sous-jacents)
3. évaluation de l'idéotype (expérimentation)

co- : interactions avec les parties concernées (*stakeholders*)

- ▶ processus de « traduction » (Callon, 1986)
- ▶ besoin de flexibilité et d'ouverture (Voinov et Bousquet, 2010)

Partage : connaissances, données génétiques et phénotypiques, matériel végétal, décisions, risques ?

Remerciements

L'ensemble des membres de l'équipe DAAV de l'UMR AGAP, notamment Loïc Le Cunff (IFV), Jean-Michel Boursiquot (Montpellier SupAgro) et Thierry Lacombe (INRA).

Certaines illustrations sont des adaptations d'illustrations disponibles sur [Wikimedia](#) (sous différentes licences) :

- ▶ cep de vigne (CC BY-SA 3.0)
- ▶ cellule de plante (domaine publique)
- ▶ ADN (CC BY-SA 3.0)
- ▶ pièce de puzzle (CC0 1.0)

En accord avec la licence [CC BY-SA 3.0](#), les adaptations sont également utilisables sous cette licence.

Remarques

Ce document a été présenté par T. Flutre le 3 mai 2016 aux étudiants du module « diagnostic agronomique » de VetAgro Sup. Il est gratuitement accessible sur le site [Prod'INRA](#) répertoriant les productions des agents de l'INRA. En cas de réutilisation de certaines informations issues de ce document, vous êtes tenus de le citer, ainsi que les sources primaires indiquées. N'hésitez pas non plus à [contacter l'auteur](#) pour toute précision afin d'éviter les erreurs d'interprétation, ou pour accéder à certaines références.