**Aptitudes agro-œnologiques des hybrides interspécifiques complexes de vigne: incidence des régions génomiques issues des espèces sauvages du genre Vitis.**

**Résumé**

Les espèces du genre *Vitis*, résistantes aux maladies fongiques sont utilisées comme géniteurs pour la création variétale de vigne. L’introgression des gènes de résistance des espèces sauvages pourrait introduire des caractères culturaux et organoleptiques inattendus. Mon travail a consisté à (1) mettre en évidence les liaisons génétiques entre les gènes de résistance et les déterminants génétiques de caractères agro- œnologiques et (2) mettre en relation l’espèce d’origine et les facteurs impliqués dans ces caractères. Pour cela, j’ai réalisé une analyse génétique et phénotypique sur une population d’hybrides interspécifiques de vigne portant différentes combinaisons de QTL (Quantitative Trait Loci) de résistance au mildiou et à l’oïdium. J’ai établi des cartes génétiques de cette population et identifié des QTL de phénologie, de développement végétatif, de rendement et de composition des raisins. Les liaisons génétiques entre ces différents QTL sont mises en évidence. J’ai décrit la composition des génomes des descendants en fonction de leur origine généalogique et géographique.

**Mots clés**

*Vitis vinifera*, espèces sauvages, QTL, gènes de résistance, mildiou, oïdium, caractères agronomiques

**Summary**

Grapevine wild relatives are used in plant breeding as a natural source of resistance to mildews. The introgression of resistance genes into varieties imply a risk of linkage drag around these genes. My work intended to (1) describe the genetic link between resistance genes and the genetic determinism of agronomical and oenological traits and (2) identify the species of origin of these genetic factors. I have conducted a phenotypic and genotypic analyses on one population of interspecific grapevine hybrids carrying different combinations of mildews resistance genes. I constructed high density genetic maps and identified QTL of phenology, vigor, yield components and berry composition. I identified the species of origin of chromosomal regions of the offspring. Finally, I studied the genetic link between all detected QTL.

**Keywords**

*Vitis vinifera*, wild species, QTL, resistance genes, powdery mildew, downy mildew, agronomical traits