

UNIVERSITE DE STRASBOURG

ECOLE DOCTORALE DES SCIENCES DE LA VIE ET DE LA SANTE

UMR 1131 « Santé de la Vigne et Qualité du Vin »

INRAE de Colmar

THESE présentée par : Clémentine BORRELLI

Soutenue le 8 décembre 2025

Pour l'obtention du grade de : Docteur de l'université de Strasbourg

Discipline/Specialité : Sciences agronomiques

Déterminisme génétique et potentiel de prédiction dans les populations du programme INRAE-ResDur pour la création de variétés de vigne résistantes aux maladies

THESE dirigée par :

M. Komlan AVIA

Chargé de recherche, INRAE (Colmar)

RAPPORTEURS :

Mme Laurence MOREAU

Directrice de recherche, INRAE (Paris-Saclay)

M. Patrice THIS

Directeur de recherche, INRAE (Montpellier)

AUTRES MEMBRES DU JURY :

Mme Camille RUSTENHOLZ

Directrice de recherche, INRAE (Colmar)

M. Charles-Éric DUREL

Directeur de recherche, INRAE (Angers)

Résumé

La viticulture française fait aujourd’hui face à deux défis majeurs : l’adaptation au changement climatique et la réduction de l’usage des produits phytosanitaires. Parmi les leviers disponibles, la création de nouvelles variétés de vigne résistantes aux maladies représente une solution prometteuse, dont la faisabilité a été démontrée à travers les premières variétés à résistance polygénique issues du programme d’innovation variétale INRAE-ResDur.

Cependant, la longueur du cycle de sélection, estimée à une quinzaine d’années, constitue un frein majeur à la diffusion rapide de ces innovations. De plus, les futurs idéotypes variétaux devront non seulement intégrer la résistance aux bioagresseurs, mais aussi répondre à des exigences agronomiques, technologiques et œnologiques adaptées à la diversité des contextes régionaux.

La plupart des caractères déterminant ces idéotypes présentent une architecture génétique complexe, souvent contrôlée par de nombreux loci à effet mineur, rendant la sélection assistée par marqueurs (SAM) peu efficace. L’émergence de nouvelles approches fondées sur la prédiction de la valeur génétique ouvre ainsi des perspectives inédites pour accélérer et fiabiliser la sélection variétale. Ces approches reposent sur un panel d’entraînement combinant des phénotypes détaillés et différents types de données omiques (marqueurs SNP, spectres NIR, métabolites, etc.). Des modèles statistiques relient ces deux niveaux d’information afin d’établir des équations de prédiction permettant ensuite d’estimer directement les performances phénotypiques de nouvelles populations à partir de leurs seules données omiques.

L’objectif de cette thèse était d’exploiter les populations issues du programme INRAE-ResDur pour (i) identifier les bases génétiques de caractères agronomiques et œnologiques à l’aide d’analyses de QTL et de GWAS, (ii) évaluer la précision de différents modèles de prédiction génomique, phénomique (NIR) et métabolomique (LC-MS) sur des populations biparentales et sur l’ensemble du matériel ResDur, et (iii) comparer ces approches à la sélection conventionnelle déjà mise en œuvre.

Les résultats ont permis de démontrer la faisabilité et la complémentarité des approches de sélection omique dans un contexte viticole. Ils ont conduit à la proposition d’un nouveau schéma de sélection, combinant sélection assistée par marqueurs, prédiction génomique et phénomique, permettant de réduire la durée du cycle de sélection de 15 à 9 ou 10 ans, d’accroître le gain génétique par unité de temps, et de favoriser l’intégration rapide de nouvelles sources de résistance dans les programmes de création variétale.

Abstract

French viticulture is currently facing two major challenges: adapting to climate change and reducing the use of phytosanitary products. Among the available strategies, the development of new disease-resistant grapevine varieties represents a promising solution, as demonstrated by the first polygenic-resistant cultivars released through the INRAE-ResDur varietal innovation program.

However, the long duration of the breeding cycle, estimated at around fifteen years, remains a major bottleneck limiting the rapid deployment of these innovations. Furthermore, future varietal ideotypes must not only combine disease resistance but also meet agronomic, technological, and oenological requirements adapted to the diversity of regional production contexts.

Most traits underlying these ideotypes exhibit a complex genetic architecture, often governed by numerous loci with small effects, which limits the efficiency of marker-assisted selection (MAS). The emergence of genomic prediction and related statistical approaches provides new opportunities to accelerate and enhance the reliability of breeding programs. These approaches rely on a training population combining detailed phenotypic data with various types of omics datasets (SNP markers, NIR spectra, metabolites, etc.). Statistical models are then used to establish prediction equations linking omic data to phenotypes, allowing the prediction of genetic values for new candidates based solely on their omic profiles.

The objectives of this thesis were to exploit populations from the INRAE-ResDur breeding program to (i) identify the genetic determinants of agronomic and oenological traits through QTL mapping and GWAS, (ii) evaluate the accuracy of various genomic, phenomic (NIR), and metabolomic (LC-MS) prediction models across biparental and multi-parental populations, and (iii) compare these approaches with conventional phenotypic selection already implemented in the program.

The results demonstrated the feasibility and complementarity of omic-based selection approaches in grapevine breeding. Based on these findings, a new integrated selection scheme was proposed, combining marker-assisted selection, genomic prediction, and phenomic prediction, reducing the breeding cycle from 15 to 9-10 years, increasing the genetic gain per unit time, and enabling the rapid integration of new resistance sources into grapevine improvement programs.