



HAL
open science

Déterminants génétiques de la composition des baies de raisins

Eric Duchêne

► **To cite this version:**

Eric Duchêne. Déterminants génétiques de la composition des baies de raisins: Application à la création variétale dans le cadre du changement climatique. Amélioration des plantes. Université de Strasbourg, 2017. tel-03160921

HAL Id: tel-03160921

<https://hal.science/tel-03160921>

Submitted on 5 Mar 2021

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.



UNIVERSITÉ DE STRASBOURG



ÉCOLE DOCTORALE DES SCIENCES DE LA VIE ET DE LA SANTÉ

UMR 1131 « Santé de la Vigne et qualité du vin »

INRA-Université de Strasbourg

Habilitation à diriger des recherches

présentée par

Éric DUCHÊNE

le 14 novembre 2017

Déterminants génétiques de la composition des baies de raisins

Application à la création variétale dans le cadre du changement climatique

Membres du jury

Mme Mathilde Causse, Directrice de recherches, INRA
M. Joseph Schacherer, Professeur, Université de Strasbourg
M. Laurent Torregrosa, Professeur, Montpellier SupAgro
Mme Elisabeth Dirlewanger, Directrice de recherches, INRA
Mme Danièle Werck, Directrice de recherches, CNRS

rapporteur
rapporteur
rapporteur
examinatrice
examinatrice

Garant : **M. Philippe Huguency**, Directeur de recherches, INRA

Habilitation à diriger des recherches

Éric DUCHÊNE

Plan général

Curriculum Vitae détaillé.....	5
Parcours scientifique	21
Projet de recherche.....	47
Références bibliographiques	57
Abréviations et glossaire.....	65

Habilitation à diriger des recherches
Éric DUCHÊNE

Curriculum vitae détaillé

Eric Duchêne

INRA, 28 rue de Herrlisheim, BP20507, 68021 Colmar Cedex
eric.duchene@inra.fr

Né le 9 septembre 1964 à Metz (57)
Marié, père de deux enfants

Formation

2015 : Doctorat de l'Université de Strasbourg. École doctorale des sciences de la vie et de la santé-
Spécialité : Sciences Agronomiques : « Une exploration des possibilités génétiques pour
l'adaptation de la vigne au changement climatique ». Soutenance le 12 octobre 2015.
1987: Diplôme d'Ingénieur de l'Institut National Agronomique Paris-Grignon (INA PG à l'époque,
AgroParisTech aujourd'hui) spécialité « Sciences et techniques des productions végétales »
1984: Entrée à l'INA PG après deux années de classes préparatoires au lycée Poincaré à Nancy (54)
1982: Baccalauréat C, lycée Jean Moulin à Forbach (57)

Parcours professionnel

Depuis mars 1996:

Ingénieur de recherche à l'Institut National de la Recherche Agronomique (INRA) à Colmar (68):
génétique et écophysiologie de la vigne. Responsable d'un programme sur le déterminisme
génétique de la qualité des baies de raisins. Expertise sur les effets du changement climatique sur
la vigne.

Encadrement de personnel technique permanent (deux techniciennes) et de stagiaires.

Vingt-trois articles publiés et un brevet. Seize articles dont je suis « corresponding author ». 461
citations au 9/9/2017, h-index de 11.

De mars 1991 à février 1996:

Ingénieur à l'Institut Technique des Céréales et des Fourrages (ITCF), devenu Arvalis-Institut du
Végétal: responsable des programmes sur l'écophysiologie des protéagineux. Boigneville (91).

De mars 1990 à décembre 1990:

Ingénieur développement pour la société semencière Northrup King Semences: mise en place et
suivi d'essais maïs, tournesol, soja dans la moitié Nord de la France. Châteaudun (28).

D'octobre à décembre 1989:

Ingénieur chargé d'études pour la société GEOSYS: analyses d'images de télédétection pour
estimer l'impact de la sécheresse de 1989. Ramonville Saint-Agne (31).

Août et septembre 1989:

Chargé de mission pour la Fédération régionale des coopératives agricoles de Midi-Pyrénées:
faisabilité de la culture d'orge brassicole et de cultures d'oléagineux industrielles dans la région
Midi-Pyrénées. Auzerville-Tolosane (31).

Mars à septembre 1987:

Stage de fin d'études à l'INRA Colmar (68): intérêts et limites des engrais verts.

Service National

Service national au titre de la coopération sur l'île de la Dominique aux Antilles, de février 1988 à avril 1989. Employé par le Ministère Français de la Coopération de l'époque.

Mise en place et suivi d'expérimentations végétales sur bananiers et cultures légumières. Gestion d'un réseau de distribution de semences. Rédaction du journal local.

Connaissances

Agronomie générale et agronomie viticole.

Ecophysiologie.

Génétique quantitative.

Analyses statistiques.

Chromatographie en phase gazeuse.

Biologie moléculaire.

Compétences

Définition de plans d'expérience en agronomie/génétique.

Manipulations de données de biologie moléculaire, y compris données issues de NGS (Next Generation Sequencing): logiciels Geneious, IGV, logiciels sous Unix (SamTools, ...), environnement Galaxy.

Logiciels de cartographie génétique (JoinMap, Carthagene, R/qtl).

Logiciels de détection de QTLs (MapQTL, QTL Cartographer, R/qtl).

Analyses statistiques et programmation sous R.

Scripts d'analyse d'images sous ImageJ.

Vingt-trois articles publiés et un brevet. Seize articles (encadrés) dont je suis « corresponding author ». 461 citations au 9/9/2017, h-factor de 11.

E. Duchêne. How can grapevine genetics contribute to the adaptation to climate change? *Oenone*, 2016. **50**, 113-124. [dx.doi.org/10.20870/oeno-one.2016.50.3.98](https://doi.org/10.20870/oeno-one.2016.50.3.98).

T. Ilc, D. Halter, L. Miesch, F. Lauvoisard, L. Kriegshauser, A. Ilg, R. Baltenweck, P. Hugueney, D. Werck-Reichhart, **E. Duchêne**, N. Navrot. A grapevine cytochrome P450 generates the precursor of wine lactone, a key odorant in wine. *New Phytologist*, 2016. **213** (1) : p. 264-274. DOI:10.1111/nph.14139 (E. Duchêne co-corresponding author avec N. Navrot).

Z. Dai, H. Wu, V. Baldazzi, C. van Leeuwen , N. Bertin , H. Gautier , B. Wu, **E. Duchêne**, E. Gomès, S. Delrot, F. Lescourret, and M. Génard. Inter-species comparative analysis of components of soluble sugar concentration in fleshy fruits. *Frontiers in plant science*, 2016, 7, number 649.

E. Duchêne, V. Dumas, N. Jaegli, and D. Merdinoglu. Genetic variability of descriptors for grapevine berry acidity in Riesling, Gewürztraminer and their progeny. *Australian Journal of Grape and Wine Research*, 2014. **20** (1): p. 91-99.

E. Duchêne, F. Huard, and P. Pieri. Grapevine and climate change: what adaptations of plant material and training systems should we anticipate? *Journal International des Sciences de la Vigne et du Vin*, 2014. **Special LACCAVE**, p. 61-69.

S. Guillaumie, A. Ilg, S. Rety, M. Brette, C. Trossat-Magnin, S. Decroocq, C. Leon, C. Keime, T. Ye, R. Baltenweck-Guyot, P. Claudel, L. Bordenave, S. Vanbrabant, **E. Duchêne**, S. Delrot, P. Darriet, P. Hugueney, and E. Gomes. Genetic Analysis of the Biosynthesis of 2-Methoxy-3-Isobutylpyrazine, a Major Grape-Derived Aroma Compound Impacting Wine Quality. *Plant Physiology*, 2013. **162** (2): p. 604-615.

C. van Leeuwen, H.R. Schultz, I. Garcia de Cortazar-Atauri, **E. Duchêne**, N. Ollat, P. Pieri, B. Bois, J.P. Goutouly, H. Quenol, J.M. Touzard, A.C. Malheiro, L. Bavaresco, and S. Delrot. Why climate change will not dramatically decrease viticultural suitability in main wine-producing areas by 2050. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2013. **110** (33): p. E3051-E3052.

E. Duchêne, G. Butterlin, V. Dumas, and D. Merdinoglu. Towards the adaptation of grapevine varieties to climate change: QTLs and candidate genes for developmental stages. *Theoretical and Applied Genetics*, 2012. **124** (4): p. 623-635.

E. Duchêne, V. Dumas, N. Jaegli, and D. Merdinoglu. Deciphering the ability of different grapevine genotypes to accumulate sugar in berries. *Australian Journal of Grape and Wine Research*, 2012. **18** (3): p. 319-328.

P. Hugueney, **E. Duchêne**, and D. Merdinoglu. 1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate synthase alleles responsible for enhanced terpene biosynthesis. **Brevet international WO 2012/052171 A1**, Génoplante-Valor, 2012. En exploitation par la société DEINOVE.

A.S. Miclot, S. Wiedemann-Merdinoglu, **E. Duchêne**, D. Merdinoglu, and P. Mestre. A standardised method for the quantitative analysis of resistance to grapevine powdery mildew. *European Journal of Plant Pathology*, 2012. **133** (2): p. 483-495.

E. Duchêne, F. Huard, V. Dumas, C. Schneider, and D. Merdinoglu. The challenge of adapting grapevine varieties to climate change. *Climate Research*, 2010. **41** (3): p. 193-204.

E. Peressotti, **E. Duchêne**, D. Merdinoglu, and P. Mestre. A semi-automatic non-destructive method to quantify grapevine downy mildew sporulation. *Journal of Microbiological Methods*, 2010. **84**: p. 265-271.

E. Duchêne, G. Butterlin, P. Claudel, V. Dumas, N. Jaegli, and D. Merdinoglu. A grapevine (*Vitis vinifera* L.) deoxy-d-xylulose synthase gene colocalizes with a major quantitative trait loci for terpenol content. *Theoretical and Applied Genetics*, 2009. **118** (3): p. 541-552.

E. Duchêne, J.L. Legras, F. Karst, D. Merdinoglu, P. Claudel, N. Jaegli, and F. Pelsy. Variation of linalool and geraniol content within two pairs of aromatic and non aromatic grapevine clones. *Australian Journal of Grape and Wine Research*, 2009. **15**: p. 120-130.

E. Duchêne and C. Schneider. Grapevine and climatic changes: a glance at the situation in Alsace. *Agronomy and Sustainable Development*, 2005. **25**: p. 93-99.

G. Lebon, **E. Duchêne**, O. Brun and C. Clément. Phenology of flowering and starch accumulation in grape (*Vitis vinifera* L.) cuttings and vines. *Annals of Botany*, 2005. **95**: p. 71-79.

G. Lebon, **E. Duchêne**, O. Brun, C. Magné, and C. Clément. Flower abscission and inflorescence carbohydrates in sensitive and non-sensitive cultivars of grapevine. *Sexual Plant Reproduction*, 2004. **17**: p. 71-79.

E. Duchêne, N. Jaegli, and R. Salber. Incidence du rapport feuille/fruit au cours d'une année n sur la fertilité des bourgeons l'année n+2 : cas du Gewurztraminer et du pinot noir en serre. *Journal International des Sciences de la Vigne et du Vin*, 2003. **37** (4): p. 257-260.

E. Duchêne, N. Jaegli, R. Salber, and J.-P. Gaudillère. Effects of ripening conditions on the following season's growth and yield components for Pinot noir and Gewurztraminer grapevines (*Vitis vinifera* L.) in a controlled environment. *Journal International des Sciences de la Vigne et du Vin*, 2003. **37** (1): p. 39-49.

E. Duchêne, C. Monamy, F. Langellier, N. Jaegli, R. Salber, D. Meluc, and L. Panigai. Incidence au vignoble des conditions de maturation sur l'élaboration du rendement au cours de l'année suivante. *Journal International des Sciences de la Vigne et du Vin*, 2003. **37** (2): p. 103-116.

E. Duchêne, D. Meluc, L. Panigai, F. Langellier, C. Monamy, and C. Schneider. Elaboration du nombre de baies par m² pour le pinot noir et le chardonnay en Alsace, Bourgogne et Champagne. *Journal International des Sciences de la Vigne et du Vin*, 2001. **35** (4): p. 215-224.

E. Duchêne, C. Schneider, and J.-P. Gaudillère. Effects of nitrogen nutrition timing on fruit set of grapevine, cv. Grenache. *Vitis*, 2001. **40** (1): p. 45-46.

E. Duchêne, C. Schneider, C. Hennequet, and S. Huet. Estimating the seed content of *Vitis vinifera* cv. Gewürztraminer berries by two parameters related with the fecundation process. *Vitis*, 1999. **38** (2): p. 61-66.

- E. Duchêne** (2015) Une exploration des possibilités génétiques pour l'adaptation de la vigne au changement climatique. Université de Strasbourg. Thèse en VAE soutenue le 12 octobre 2015. 179 pages.

Interventions orales dans des colloques internationaux

- E. Duchêne**, N. Ollat, E. Marguerit, A. Coupel-Ledru, E. Lebon, T. Simonneau. How can grapevine genetics contribute to the adaptation to climate change? *Climwine2016*. Bordeaux, France, 10-13 April 2016.
<https://www6.inra.fr/laccave/ClimWine2016/Download-oral-presentations/Session-Adaptation-to-climate-change>
- V. Dumas, O. Loeffler, **E. Duchêne**. Evaluation de la diversité phénotypique chez la vigne pour les stades de développement et recherche des déterminants génétiques. *Phéno2015*, Clermont-Ferrand, France, 17-19 November 2015
- E. Duchêne**, Z. Dai, G. Butterlin, V. Dumas, N. Jaegli and D. Merdinoglu. Towards the adaptation of grapevine genotypes to climate change: genetic determinism of phenology and berry quality parameters. *Eleventh International Conference on Grapevine Breeding and Genetics*. Beijing, China, 28 July - 2 August 2014.
- E. Duchêne**, V. Dumas, N. Jaegli, D. Merdinoglu and Z. Dai. Deciphering the genetic variability of berry sugar content in grapevine varieties. *Ninth International Symposium on Grapevine Physiology and Biotechnology*. La Serena, Chile, 21-26 April 2013.
- E. Duchêne** and C. Schneider. Conséquences écophysologiques des évolutions climatiques au cours du cycle de développement de la vigne en Alsace. *Réchauffement climatique, quels impacts probables sur les vignobles?* Dijon, France, 28-30 March 2007.
http://chaireunesco-vinetculture.u-bourgogne.fr/colloques/actes_clima/Actes/Article_Pdf/Duchene.pdf
- E. Duchêne** and D. Merdinoglu. Determinism of the terpenol content in a 'Muscat Ottonel' self-progeny. *Grapevine Genetics and Breeding*. Udine, Italy, 2-6 July 2006.
- E. Duchêne** and D. Merdinoglu. Genetic determinism of the terpenol content in a muscat Ottonel self-progeny. *Macromolecules and secondary metabolites of grapevine and wine*. Reims, France, 19-21 May 2006.
- E. Duchêne**. Relations entre croissance et nouaison sur des parcelles de Gewurztraminer en Alsace. *12^e journées du GESCO*. Montpellier, France, 3-7 July 2001.

Interventions orales en tant que conférencier invité

- "Les enjeux de l'adaptation de la viticulture au changement climatique" *Fête de la science*, Colmar, 14 octobre 2016
- "Impact du changement climatique sur la vigne et possibilités d'adaptation" *Association Pour la Protection de l'Air en Alsace*, Strasbourg, 29 septembre 2016.
- "Impact du changement climatique sur la vigne et le vin: quel matériel végétal et quelles pratiques culturelles?" *SITEVI*, Montpellier, 24 novembre 2015

- "Les enjeux de l'adaptation de la viticulture au changement climatique". *La filature/Université de Mulhouse*, 2 novembre 2015
- "La vigne en Alsace: quels impacts et possibilités d'adaptation?" *Les conférences du Jardin des sciences - Université de Strasbourg*, 22 Octobre 2015
audiovideocast.unistra.fr/avc/courseaccess?id=15685
- "Impacts attendus des changements climatiques sur la vigne et possibilités d'adaptations". *Assemblée générale "Union Champagne"*, Avize, 16 janvier 2015
- "What could be a grapevine variety adapted to climatic conditions of the future?" *IBMP Plant Biology day*, Strasbourg, 30 octobre 2014.
- "Impacts attendus des changements climatiques sur la vigne et possibilités d'adaptations". 54^e *congrès des œnologues de France*, Ribeauvillé, 22 mai 2014.
- "Genetics of grape berry quality", série de 7 conférences données à l'INIA (*Instituto de Investigaciones Agropecuarias*) à La Platina, Santiago de Chile, du 26 au 31 mars 2014 à l'invitation de Patricio Hinrichsen, sous-directeur.
- "Les enjeux du changement climatique sur les activités agricoles et viticoles en France". *Société Météorologique de France*, Paris, 23 mars 2011.
- "Les changements climatiques et la vigne en Alsace". *Association Pour la Protection de l'Air en Alsace*, Colmar, 12 avril 2011.
- "Les changements climatiques et la vigne en Alsace". *Cave de Cleebourg*, Cleebourg, 19 mars 2010.
- "Grapevine and climate change in Alsace : observed evolutions and possible adaptations with new varieties". *Rencontres Franco-Allemande des conseillers viticoles*, Fribourg (Allemagne), 8 décembre 2009.
- "Apport de la génétique pour comprendre les composantes de la qualité de la baie de raisin". 5^e *Rencontres du Végétal*, Angers, 14 janvier 2009.
- "De combien la "voie hiver" permettrait-elle d'accroître le potentiel de rendement? Quelles sont les limites actuelles?" *Forum Pois 96*, Paris, 28 mars 1996.
- "Agronomie du pois dans l'Europe de l'Ouest". *Académie d'Agriculture de France*, Paris, 3 mai 1995.

Actes de colloques et chapitres d'ouvrages

- Les plantes au rythme des saisons. 2017. Ouvrage collectif. Editions Biotope. ISBN : 978-2-366621-96-9. **E. Duchêne** rédacteur et photographe du chapitre "vigne".
- I. García de Cortázar-Atauri, **E. Duchêne**, A. Destrac-Irvine, G. Barbeau, L. de Rességuier, T. Lacombe, A.K. Parker, N. Saurin, C. van Leeuwen. Grapevine phenology in France: from past observations to future evolutions in the context of climate change. *Oeno-one* 2017, 51, 115-126. DOI : 10.20870/oeno-one.2016.0.0.1622
- P. Vivin, É. Lebon, Z. Dai, **E. Duchêne**, E. Marguerit, I. García de Cortázar-Atauri, J. Zhu, T. Simonneau, van Leeuwen, S. Delrot, N. Ollat. Combining ecophysiological models and genetic analysis: a promising way to dissect complex adaptive traits in grapevine. *Oeno-one* 2017, 51, 181-189. DOI : 10.20870/oeno-one.2016.0.0.1588
- E. Duchêne**, V. Dumas, N. Jaegli, D. Merdinoglu, Z. Dai, Z. Deciphering the genetic variability of berry sugar content in grapevine cultivars. *Acta Horticulturae*, 2017, 1157, 83-86.

- E. Duchêne**, G. Butterlin, P. Claudel, V. Dumas, N. Jaegli, P. Hugueney, G. Arnold, D. Merdinoglu. Genetic determinism of the 'Muscat' flavour in grapevine (*Vitis vinifera* L.) cultivars. *Acta Horticulturae*, 2017, 1157, 87-92.
- E. Duchêne**, N. Ollat, E. Marguerit, A. Coupel-Ledru, E. Lebon, T. Simonneau. Grapevine genetics and climate change. *Climwine2016*, Bordeaux, France 10-13 April, 2016 (Sous presse).
- A. Destrac-Irvine, G. Barbeau, L. De Resseguier, T. Dufourcq, V. Dumas, I. Garcia de Cortazar-Atauri, B. Genna, H. Ojeda, N. Saurin, C. van Leeuwen, **E. Duchêne**. Harmonising grapevine phenology recording for budburst and flowering as recommended by the Perpheclim project. 19th International GIESCO Meeting, Pech Rouge, France, 31 May - 5 June, 2015 (corresponding author, Actes de colloque à paraître).
- https://www.researchgate.net/publication/280945080_HARMONISING_GRAPEVINE_PHENOLOGY_RECORDING_FOR_BUDBURST_AND_FLOWERING_AS_RECOMMENDED_BY_THE_PERPHECLIM_PROJECT_HARMONISATION_DES_NOTATIONS_DE_DEBOURREMENT_ET_DE_FLOraison_selon_les_recommandations_du_p_e_duchene **E. Duchêne**, G. Butterlin, P. Claudel, V. Dumas, N. Jaegli, P. Hugueney, and D. Merdinoglu. Genetic determinism of the Muscat flavour in grapevine (*Vitis vinifera* L.) varieties. *Ninth International Symposium on Grapevine Physiology and Biotechnology*. La Serena, Chile, 21-26 April 2013.
- F. Bertrand, H. Brédif, **E. Duchêne***, E. Josien, and M. Tabeaud. Chapitre 15: Activités agricoles et territoires, in "*S'adapter au changement climatique. Agriculture, écosystèmes et territoires*", J.-F. Soussana, Editor. 2013. Editions QUAE: Versailles. p. 255-266.
- * Coordinateur de la rédaction
- E. Duchêne**, G. Arnold, G. Butterlin, P. Claudel, V. Dumas, N. Jaegli, P. Hugueney, D. Merdinoglu. Genetic determinism of geraniol and linalool concentrations in grapevine berries, in "*Oeno 2011, Actes de colloques du 9ième symposium International d'Oenologie de Bordeaux*". Université de Bordeaux Segalen Ed. (Dunod, Paris), pp 192-195.
- E. Duchêne** and D. Merdinoglu. Determinism of the terpenol content in a 'Muscat Ottonel' self-progeny, in "*Proceedings of the Ninth International Conference on Grapevine Genetics and Breeding (Udine, Italy, 2-6 July 2006). Acta Horticulturae Book 827*", ISHS, Editor. 2009. p. 281-285.
- E. Duchêne** and D. Merdinoglu. Genetic determinism of the terpenol content in a muscat Ottonel self-progeny, in "*Macromolecules and secondary metabolites of grapevine and wine*". Philippe Jeandet, Alexandra Condreux, Editors. 2007. Lavoisier: Paris. p. 301-306.
- E. Duchêne** L'agronomie du pois dans l'Europe de l'Ouest. *Compte-rendus de l'Académie d'Agriculture*, 1995. **81**, p. 49-60.
- E. Duchêne** and B. Carrouée. Stades de développement du pois. in "*Agrophysiologie du pois protéagineux*". B. Ney, E. Duchêne, B. Carrouée, and F. Angevin, Editors. 1994. UNIP-ITCF-INRA: Paris. p. 35-38.
- E. Duchêne** and B. Gaillard. La physiologie du pois et ses applications en parcelles d'agriculteurs: comment expliquer les différences de rendement et de teneurs en protéines? in "*Agrophysiologie du pois protéagineux*". B. Ney, E. Duchêne, B. Carrouée, and F. Angevin, Editors. 1994. UNIP-ITCF-INRA: Paris. p. 239-246.
- F. Deneufbourg and **E. Duchêne**. Effet du calibre des semences de pois protéagineux sur le potentiel de rendement, in "*Agrophysiologie du pois protéagineux*". B. Ney, E. Duchêne, B. Carrouée, and F. Angevin, Editors. 1994. UNIP-ITCF-INRA: Paris. p. 247-252.
- E. Duchêne** Culture du pois protéagineux et conditions hivernales: comment choisir ses variétés. in "*Agrophysiologie du pois protéagineux*". B. Ney, E. Duchêne, B. Carrouée, and F. Angevin, Editors. 1994. UNIP-ITCF-INRA: Paris. p. 253-257.

- E. Duchêne** and G. Etévé. Typologie des variétés: applications au choix de la variété et à sa conduite. in "Agrophysiologie du pois protéagineux". B. Ney, E. Duchêne, B. Carrouée, and F. Angevin, Editors. 1994. UNIP-ITCF-INRA: Paris. p. 269-277.

Posters dans des colloques nationaux et internationaux, interventions dans des colloques nationaux

(en tant qu'auteur principal seulement, les interventions orales sont encadrées)

- E. Duchêne**, G. Butterlin, P. Claudel, N. Jaegli. Consequences of elevated temperatures during ripening on the biosynthesis of monoterpenols in grape berries. Sustainable grape and wine production in the context of climate change. *Climwine2016*. Bordeaux, France, 10-13 April 2016.
- A. Destrac-Irvine, G. Barbeau, L. De Resseguier, T. Dufourcq, V. Dumas, I. Garcia de Cortazar-Atauri, B. Genna, H. Ojeda, N. Saurin, C. van Leeuwen, **E. Duchêne**. Harmonising grapevine phenology recording for budburst and flowering as recommended by the Perpheclim project. *19th International GIESCO Meeting*. Pech Rouge, France, 31 May - 5 June, 2015.
- E. Duchêne**, V. Dumas, N. Jaegli, D. Merdinoglu, C. Monamy, D. Moncomble, and L. Panigai. Adaptation au changement climatique : apport de la génétique. *Première Rencontre du Nouveau Réseau Vigne et Vins Septentrional*. Colmar, France, 1-2 July 2013.
- E. Duchêne**, G. Butterlin, P. Claudel, V. Dumas, N. Jaegli, P. Hugueney, and D. Merdinoglu. Comment créer une variété de type Muscat à partir du Riesling et du Gewurztraminer. *Première Rencontre du Nouveau Réseau Vigne et Vins Septentrional*. Colmar, France, 1-2 July 2013.
- E. Duchêne**, F. Huard, V. Dumas, C. Schneider, and D. Merdinoglu. Adapter le matériel végétal au changement climatique : ne pas sous-estimer le défi à relever. *Première Rencontre du Nouveau Réseau Vigne et Vins Septentrional*. Colmar, France, 1-2 July 2013.
- E. Duchêne**, G. Butterlin, P. Claudel, V. Dumas, N. Jaegli, P. Hugueney, and D. Merdinoglu. Genetic determinism of the Muscat flavour in grapevine (*Vitis vinifera* L.) varieties. *Ninth International Symposium on Grapevine Physiology and Biotechnology*. La Serena, Chile, 21-26 April 2013.
- E. Duchêne**, G. Arnold, G. Butterlin, P. Claudel, V. Dumas, N. Jaegli, P. Hugueney, D. Merdinoglu. Genetic determinism of geraniol and linalool concentrations in grapevine berries. *Oeno 2011, 9^{ème} symposium International d'Oenologie de Bordeaux*. Bordeaux, France, 15-17 June 2011.
- E. Duchêne**, F. Huard, C. Schneider, and D. Merdinoglu. Adapting grapevine varieties to climate change: can the genetic variability meet the challenge? *ACCAE : Adaptation au changement climatique de l'agriculture et des écosystèmes*. Clermont-Ferrand, France, 20-22 October 2010.
- E. Duchêne**, G. Butterlin, P. Claudel, V. Dumas, N. Jaegli, and D. Merdinoglu. A grapevine (*Vitis vinifera* L.) deoxy-D-xylulose synthase gene colocalizes with a major QTL for terpenol content. *Plant GEM*, Lisboa, Portugal, 7-10 October 2009.
- E. Duchêne** and D. Merdinoglu. Identification de QTLs liés aux teneurs en monoterpénols dans une autofécondation de muscat Ottonel (*Vitis vinifera* L.). *Colloque DGAP*, Batz sur mer, France, 25-27 September 2006.

E. Duchêne, N. Jaegli, and R. Salber. Effets d'opérations d'effeuillage et d'égrappage sur le comportement de la vigne deux années plus tard. *Troisièmes rencontres scientifiques et techniques du Réseau Vignes et Vins Septentrionaux*. Colmar, France, 1-2 April 2004.

E. Duchêne and C. Schneider. La vigne et les changements climatiques : un regard sur la situation Alsacienne. *Troisièmes rencontres du réseau Vignes et Vins Septentrionaux*. 2004. Colmar, France, 1-2 April 2004.

E. Duchêne and C. Schneider. La vigne et les changements climatiques : un regard sur la situation Alsacienne. *Journées INRA MICCES 04*. 2004. L'Isle sur la Sorgue, France, 22-23 janvier 2004.

E. Duchêne. Physiologie de la floraison - Maîtrise des rendements. *Deuxièmes Rencontres du Réseau Vignes et Vins Septentrionaux*. Reims, France, 25-26 April 2002.

E. Duchêne, C. Magné, and C. Hilt. Physiologie de la floraison, maîtrise des rendements et perspectives. *Premières Rencontres du Réseau Vignes et Vins Septentrionaux*. Dijon, France, 27-28 April 2000.

E. Duchêne and C. Schneider. Effects of nitrogen nutrition on fruit set of grapevine (*Vitis vinifera* L.) during current and following growing season. *6th International Symposium on grapevine physiology and biotechnology*. Heraklion, Greece, 11-15 June 2000.

E. Duchêne. Variabilité génétique du rythme d'émission des feuilles chez la Vigne - relation avec la précocité de floraison. *10^e Journées du GESCO*. Changins, Switzerland, 26-28 May 1998.

E. Duchêne and C. Plai. Plant density response of three pea varieties in Normandy. *2nd European Conference on grain legumes*. Copenhagen, Denmark, 9-13 July 1995.

E. Duchêne and F.X. Turpin. Environmental factors and combining pea varieties performances. *2nd European Conference on grain legumes*. Copenhagen, Denmark, 9-13 July 1995.

E. Duchêne, J. Desbureaux, F.P. Roques, P. Gate, and F. Deneufbourg. Resistance to frost and to winter conditions of combining pea varieties. *3rd ESA Congress*. Abano-Padova (Italy), 18-22 September 1994.

E. Duchêne, P. Gate, and G. Etévé. Development and morphology variability of combining varieties of pea (*Pisum sativum* L.) cultivated in France. *3rd ESA Congress*. Abano-Padova (Italy), 18-22 September 1994.

Communications orales ou posters à des congrès en tant que collaborateur

P. Aigrain, F. Brugiere, **E. Duchêne**, I. Garcia de Cortazar-Atauri, J. Gautier, E. Giraud-Heraud, H. Hannin, N. Ollat, J.M. Touzard (2016) Adaptation to the climate change: Interest of a prospective approach/Adaptation au changement climatique : l'intérêt d'une démarche prospective. *39th World Congress of Vine and Wine*. Bento Gonçalves (Brazil) from 23 - 28 October 2016.

I. Garcia de Cortazar-Atauri, J.M. Audergon, P. Bertuzzi, C. Anger, M. Bonhomme, I. Chuine, H. Davi, S. Delzon, **E. Duchêne**, J.M. Legave, C. Pichot, H. Raynal, C. Van Leeuwen, Perpheclim Team. PERPHECLIM ACCAF Project - Perennial fruit crops and forest phenology evolution facing climatic changes. *International Symposium on Apricot Breeding and Culture*. Shenyang, China, 29 June - 3 July 2015.

E. Vigne, V. Komar, M. Tannieres, G. Demangeat, **E. Duchêne**, D. Steyer, G. Lemarquis, C. Ritzenthaler, O. Lemaire. Comparative pathogenic effects of distinct Grapevine fanleaf virus strains on *Vitis vinifera* cvs Gewurztraminer and Chardonnay. *18th Congress of the*

International Council for the Study of Virus and Virus-like Diseases of the Grapevine (ICVG).
Ankara, Turkey, 7-11 September 2015.

- I. Garcia de Cortazar-Atauri, J.M. Audergon, P. Bertuzzi, C. Anger, M. Bonhomme, I. Chuine, H. Davi, S. Delzon, **E. Duchêne**, J.M. Legave, C. Pichot, H. Raynal, C. Van Leeuwen, Perpheclim Team. PERPHECLIM ACCAF Project - Perennial fruit crops and forest phenology evolution facing climatic changes. *Climate Smart Agriculture*. Montpellier, France, 16-18 March 2015.
- S. Wiedemann-Merdinoglu, V. Dumas, E. Prado, S. Blanc, P. Blasi, E. Peressotti, C. Onimus, M.C. Lafarge, M.A. Dorne, M.C. Piron, **E. Duchêne**, P. Mestre, C. Schneider, D. Merdinoglu. Breeding for durable resistance to downy and powdery mildews in grapevine. *7th International Workshop on Grapevine Downy and Powdery Mildew*. Vittoria-Gasteiz, Spain, 20 June - 4 July 2014.
- S. Wiedemann-Merdinoglu, V. Dumas, M.A. Dorne, M.C. Lafarge, **E. Duchêne**, P. Mestre, D. Merdinoglu. High throughput phenotyping of a *Vitis vinifera* collection for downy and powdery mildews. *COST action FA1003-GRAPENET. East-West Collaboration for Grapevine Diversity Exploration and Mobilization of Adaptive traits for Breeding*. Lisbon, Portugal, 7-8 October 2014.
- A. Ilg, S. Guillaumie, G. Butterlin, P. Claudel, R. Baltenweck-Guyot, V. Dumas, N. Jaegli, S. Meyer, M. Fischer, M. Brette, S. Decroocq, C. Trossat-Magnin, S. Delrot, P. Darriet, E. Gomes, D. Merdinoglu, **E. Duchêne**, P. Hugueney. La biosynthèse des arômes dans la baie de raisin. *Première Rencontre du Nouveau Réseau Vigne et Vins Septentrional*. Colmar, France, 1-2 July 2013
- S. Wiedemann-Merdinoglu, V. Dumas, P. Coste, M.A. Dorne, **E. Duchêne**, P. Mestre, D. Merdinoglu. Development of a phenotyping platform to assess grapevine resistance to downy and powdery mildew. *2nd International Plant Phenotyping Symposium*. Jülich, Germany, 5-7 September 2011.
- N. Ollat, D. Lecourieux, J.P. Goutouly, C. Van Leeuwen, E. Marguerit, A. Peccoux, F. Barrieu, L. Fernandez, P. This, L. Torregrosa, **E. Duchêne**, J.R. Lissarrague, J. Cacho, J. Rivas, R. Lamuela, J.M. Martinez-Zapater, A. Ageorges, M. Kelly, E. Lebon, A. Pellegrino. Multidisciplinary research to select new cultivars adapted to climate changes. *17th International GIESCO Meeting*. Asti, Italy, 29 August - 2 September 2011.

Revue grand public depuis mon entrée à l'INRA (auteur principal)

- E. Duchêne.** Savoir s'adapter sans s'uniformiser, le défi des cépages français face au changement climatique. *The conversation*, 5 décembre 2016. <https://theconversation.com/savoir-sadapter-sans-suniformiser-le-defi-des-cepages-francais-face-au-changement-climatique-69534>
- E. Duchêne** and F. Pelsy (2015) Comment contrôler le potentiel de qualité organoleptique du raisin lors des processus de création variétale chez la Vigne? *Revue des œnologues*, **157**: p.61-63
- E. Duchêne.** Comment l'évolution de l'environnement et du contexte socio-économique peut peser sur les choix d'encépagement. *Les Vins d'Alsace*, 2012. **Octobre**: p. 24-26.
- E. Duchêne.** L'évolution des stades dans le passé et dans le futur. *Les Vins d'Alsace*, 2011. **Avril**: p. 41.
- E. Duchêne.** Les changements climatiques en Alsace et la vigne en Alsace: y-a-il danger? *Les Vins d'Alsace*, 2011. **Avril**: p. 21-22.

- E. Duchêne** and C. Schneider. Le suivi des stades de développement de la vigne à l'INRA et leurs utilisations dans les programmes de recherches. Les Vins d'Alsace, 2011. **Avril:** p. 45.
- E. Duchêne.** Effets des conditions de maturation des raisins sur les composantes du rendement au cours des années suivantes. Les Vins d'Alsace, 2003. **Octobre:** p. 12-15.
- E. Duchêne.** Effets des conditions de maturation des raisins sur la croissance et le développement au cours des années suivantes. Les Vins d'Alsace, 2003. **Septembre:** p. 24-25.
- E. Duchêne.** Gestion des réserves et élaboration du rendement. Le Vigneron Champenois, 2003. **Juillet/Août:** p. 24-32.

Formations : Interventions ponctuelles depuis 2015

- « Génétique de la composition des raisins ». Intervention pour le diplôme national d'œnologue de l'université de Reims, Colmar, 18 mai 2017.
- “ Déterminants génétiques pour l'adaptation au changement climatique (phénologie, qualité des raisins) ”. Stage UPA (professeurs scientifiques des classes préparatoires biologiques et géologiques BCPST, TB et ATS-Bio), Colmar, 25 août 2016 (organisateur du stage sur la journée).
- “ La collection ampélographique de l'INRA Colmar ”. Maison pour la Science en Alsace au service des professeurs, Colmar, 8 mai 2016.
- Accueil et présentation du centre INRA de Colmar à des lycéens, 1^{er} avril et 19 avril 2016.
- “ Observations sur le changement climatique et la vigne en Alsace - projections pour le futur ”. CETA Centre-Alsace, Ribeauvillé, 10 mars 2016.
- “ Vers de nouvelles variétés de vigne résistantes aux maladies pour une viticulture durable ”. Syndicat viticole de Gertwiller, Colmar, 9 mars 2016.
- “La vigne : son fonctionnement à l'échelle de la plante et de la parcelle ”. Session de formation pour la chambre d'agriculture de la Côte-d'Or, Beaune, 12 novembre 2015.
- “ Influence du climat sur la phénologie et la maturation ”. Session de formation IFV, Ostheim, 4 février 2015.
- “ Génétique de la composition des raisins ”. Maison pour la Science en Alsace au service des professeurs, Colmar, 11 mai 2015.

Enseignement : Interventions régulières

- Cours en Master "Vigne et Terroirs". Université de Bourgogne. 6 heures par an depuis 2010: "La génétique de la vigne et ses utilisations".
- Cours en Licence professionnelle "Biotechnologies", Université de Haute-Alsace. 6 heures par an depuis 2011: "Plans d'expérience et analyses de variances".

Responsabilités scientifiques

- Coordinateur du projet FranceAgrimer « TypicAl » 2017-2018
- Membre du comité de suivi de la thèse d'Antoine Bigard (Montpellier SupAgro, encadrants : L. Torregrosa et C. Romieu)
- Membre du comité scientifique du colloque “ Climwine2016 ”, Bordeaux, 10-13 avril 2016.

- Membre du comité scientifique du colloque " Phéno2015 ", Clermont-Ferrand, 17-19 novembre 2015.
- Coordinateur du Work Package 4 "QTL analysis for the biosynthesis of oxygenated terpenoids", ANR InteGrape ANR-13-BSV6-0010-01 2013. 2014-2016 (Coord. P. Hugueneu).
- Coordinateur du Work Package 1 "Genetic mapping of grapevine progenies and QTL analysis". ANR Vitaroma PCS-09-GENM-131. 2010-2013 (Coord. P. Hugueneu).
- Co-animateur du groupe de travail "Adaptation et territoires, produits d'origine" dans le cadre de l'atelier de réflexion prospective INRA-ANR "ADAGE" (Adaptation de l'agriculture et des écosystèmes anthropisés au changement climatique). 2009.
- Responsable du projet "Déterminisme génétique des teneurs en sucres et de l'acidité des variétés de vigne". Financement FranceAgriMer. 2008-2009.
- Responsable du projet "Déterminisme génétique du potentiel aromatique des variétés de vigne". Financement FranceAgriMer. 2004-2006.
- Coordinateur du projet " Physiologie de la floraison-maîtrises des rendements". Réseau Vignes et Vins Septentrionaux. Financement Conseil Régional d'Alsace 1998-2002.
- Reviewer pour Heredity, BMC Plant Biology, Theoretical and Applied Genetics, Australian Journal of Grape and Wine Research, Ecological Indicators, Journal of Agricultural and Food Chemistry, Journal of Experimental Botany, Journal international des Sciences de la Vigne et du Vin, Vitis, Climate Research, Scientia Agricola, International Journal of Biometeorology, Euphytica, Agricultural and Forest Meteorology, Journal of Plant Physiology, Regional Environmental Change, Molecular Breeding, Food Chemistry, Frontiers in plant sciences.

Participations à des groupes d'expert ou à des projets

- Membre du conseil scientifique du "Réseau Vigne et Vins Septentrional".
- Membre du conseil scientifique des utilisateurs de l'Unité de Recherches en Génomique Info (URGI, INRA Versailles).
- Membre du conseil scientifique des utilisateurs du Service d'Expérimentation Agronomique et Viticole (SEAV) de l'INRA Colmar
- Membre du comité de pilotage du projet INRA Perpheclim (Projet autour de la phénologie des espèces pérennes face aux changements climatiques). Coordinateur des actions concernant la vigne.
- Membre du conseil des utilisateurs du projet INRA Adonis* (Outil informatique de saisie de données).
- Membre du conseil des utilisateurs du projet INRA Ephesis* (Projet de base de données nationale de centralisation des données phénotypiques).
- Participant au projet INRA Laccave* (Long term impacts and adaptations to Climate Change in Viticulture and Enology).
- Expert pour le conseil économique et scientifique d'Europol'Agro (CARINNA: Champagne-Ardenne Research Innovation Agency, Reims, organisme chargé de gérer des fonds des collectivités locales de Champagne-Ardenne) de 2007 à 2010.

•

Responsabilités d'encadrement

Co-encadrant de la doctorante Thuy Thanh Truong « Analyse génétique et fonctionnelle de la biosynthèse des arômes des raisins » (Phillippe Hugueney, directeur de thèse).

Participation à la thèse de Jeremy Vilette « Identification et caractérisation de canaux K⁺ de vigne impliqués dans le contrôle de l'acidité du raisin » (Isabelle Gaillard ; INRA BPMP Montpellier, directrice de thèse).

J'encadre au quotidien deux techniciennes pour environ 60% de leur temps de travail.

J'ai encadré jusqu'en 2012 un assistant ingénieur pour environ 50% de son temps de travail et en 2013 un assistant ingénieur en contrat à durée déterminée pour 6 mois.

J'ai encadré depuis 2003 seize stagiaires de niveau bac+2 à bac+5:

- Sabrina Della Bruna (2017) Master 1. AgroParisTech (75)
- Loeffler O. (2015) Master 2. Université de Strasbourg (67).
- H.Logel (2014). Licence Pro. Université de Bourgogne – Agrosup Dijon (21).
- M.Farny (2014). L3. Université de Strasbourg (67).
- E. Grelet (2013). L3. Université de Strasbourg (67).
- S. Barléon (2012). Licence Pro. IUT de Nancy Brabois (54).
- L. Meyer (2011). L3. Université de Strasbourg (67).
- J.B. Lafon (2010). Licence pro. IUT de Colmar (68).
- J. Jung (2009). L3. Université de Bourgogne, Dijon (21).
- C. Murfitt (2008). L3. Université Louis Pasteur Strasbourg (67)
- E. Prémillieu (2007) . L3. Université de Bourgogne, Dijon (21).
- C. Ullmann (2006). DUT. IUT Louis Pasteur, Schiltigheim (67).
- C. Dulery (2005). IUP. Université des sciences et technologies de Lille, Villeneuve d'Ascq (59)
- C. Blin (2005). DUT. IUT Louis Pasteur, Schiltigheim (67).
- A. Payebien (2004). DESS. Université Louis Pasteur, Strasbourg (67).
- Y. Maurin (2004). DUT. Université de Haute-Alsace, Colmar (68).
- V. Kempf (2004). DUT. IUT Robert Schumann, Illkirch-Graffenstaden (67).

Activités pour le collectif

Conception et maintenance de bases de données.

Appui en analyses statistiques sur le centre INRA de Colmar.

Expertise en analyse d'images.

Autres activités non détaillées

Rédactions et rapports de projets, interventions au sein de l'INRA et dans le cadre de projets Européens, interventions dans les médias (dernières en date: « Le vin en ébullition » Ecomédia production, 2016 ; « Autour du monde, sur les traces du climat », Arte, samedi 23 août 2014 à 20h45).

Habilitation à diriger des recherches
Éric DUCHÊNE

Parcours scientifique

Table des matières

I. Présentation générale	25
II. Comprendre et modéliser le fonctionnement d'un peuplement végétal	26
A. Le pois protéagineux	26
B. La formation des baies et des pépins chez la vigne.....	27
C. Phénologie et composition de la baie	32
D. L'impact des changements climatiques sur la vigne	34
III. Relier le fonctionnement d'un génome à un caractère mesurable sur une plante	35
A. Le contexte: acquérir des connaissances pour créer les variétés de vigne du futur	35
B. Obtenir des données sur les plantes.....	37
C. Obtenir de l'information sur les génomes et construire des cartes génétiques	38
D. Rechercher des loci à effet quantitatif (Quantitative Trait Loci)	38
E. Identifier des gènes candidats et caractériser la variabilité génétique dans ces gènes	42
F. Evaluer le niveau d'expression des gènes	43
1. <i>PCR quantitative</i>	43
2. <i>RNA seq</i>	44
IV. Conclusion	44

Notes pour le lecteur

* : le mot correspondant est expliqué dans le glossaire en fin de document
 Les références en gras sont celles dans lesquelles ma contribution a été significative.

I. Présentation générale

Ingénieur Agronome de formation, je travaille depuis 1996 à l'Institut National de la Recherche Agronomique (INRA) à Colmar. J'ai développé une activité autonome dans mes fonctions et j'ai au sein du laboratoire « Génétique et Amélioration de la Vigne » la responsabilité de programmes de recherche sur le déterminisme génétique de la qualité de la baie de raisin et sur l'adaptation de la vigne au changement climatique.

Après ma formation d'ingénieur agronome à l'Institut National Agronomique Paris-Grignon (INA P-G, aujourd'hui AgroParisTech), je suis parti en 1988 en Service National au titre de la Coopération à la Dominique, petite île anglophone des Antilles. J'y ai mis en place, conduit et analysé des essais agronomiques sur bananier et sur cultures légumières, ce qui a constitué une première expérience de démarche expérimentale.

De retour en France, ma recherche d'emploi m'a conduit à effectuer deux contrats à durée déterminée, l'un de deux mois pour une fédération de coopératives agricoles, l'autre de trois mois pour une société privée de télédétection. Lors d'un troisième contrat à durée déterminée de dix mois, je partageais avec un autre collègue la responsabilité d'un réseau d'essais de variétés de maïs, tournesol et soja sur toute la moitié Nord de la France. Il s'agissait d'évaluer en conditions agricoles des variétés issues des programmes de sélection de la société Northrup King Semences avant leur éventuelle commercialisation. J'ai ainsi pu mettre en œuvre des compétences en construction de dispositifs expérimentaux et en analyse de données, sur la base de connaissances agronomiques et phytotechniques.

L'expérience acquise au cours de cette période m'a permis d'être recruté au printemps 1991 en contrat à durée indéterminée à l'Institut Technique des Céréales et des Fourrages (ITCF, aujourd'hui Arvalis-Institut du végétal) à Boigneville (91). J'ai eu la responsabilité à l'échelle nationale des programmes sur l'écophysiole des protéagineux. Mon rôle consistait à définir des objectifs, définir les facteurs et les modalités à étudier, écrire des protocoles pour environ 50 essais en France, commander les semences nécessaires, centraliser les résultats et produire des synthèses.

Dans le contexte de cet organisme de développement agricole, j'ai été au contact des réalités de terrain, j'ai tissé un réseau dense de relations tant du côté du monde agricole que de celui de la recherche académique. Cette proximité a été pour moi une école de formation à la pensée scientifique mais aussi aux concepts et aux méthodes employées. Ce contact avec le milieu de la recherche scientifique a été très enrichissant pour la suite de ma carrière.

Après cinq années à l'ITCF, des raisons personnelles m'ont amené à chercher du travail en Alsace, et c'est ainsi que j'ai été recruté en 1996 par concours sur un poste d'ingénieur de recherche à l'INRA de Colmar.

Le profil de poste correspondait à mes compétences en agronomie et en écophysiole: développer des outils pour la prévision de rendement de la vigne en Alsace, voire en Bourgogne et en Champagne. La problématique de recherche était de comprendre et de hiérarchiser les facteurs déterminant le taux de transformation des fleurs en baies (taux de nouaison). A partir de

1998, une nouvelle équipe « Génétique et Amélioration de la Vigne » a été créée avec l'objectif de développer des programmes de génétique de la vigne. J'ai intégré cette équipe qui est aujourd'hui une des composantes de l'Unité Mixte de Recherche 1131 INRA-Université de Strasbourg « Santé de la Vigne et Qualité du Vin ».

Parallèlement à la poursuite d'expérimentations sur la nouaison, j'ai commencé à développer un programme sur l'origine génétique des variations de la composition aromatique des raisins. J'ai progressivement acquis des connaissances et des compétences non seulement sur les outils de marquages moléculaires de l'ADN, sur les techniques de cartographies génétiques et sur la détection d'effets génétiques quantitatifs (Quantitative Trait Loci, QTL), mais aussi sur les techniques de dosage des composés volatils des baies et des vins (chromatographie en phase gazeuse). Après les premiers résultats obtenus sur les déterminants génétiques de la synthèse de métabolites secondaires, la problématique a été élargie à la teneur en sucres et à l'acidité des raisins, en intégrant la variabilité des stades de développement ainsi que des contraintes liées à l'adaptation au changement climatique.

La gestion de ce projet de recherche comprend la définition des objectifs scientifiques, la mise en place des dispositifs, le choix des techniques de marquage moléculaire et d'acquisition des données phénotypiques* sur les plantes, l'exploitation des données et la rédaction des publications. Les résultats obtenus ont été valorisés dans des publications et des interventions dans des colloques. Je vais à présent développer ces différents aspects.

II. Comprendre et modéliser le fonctionnement d'un peuplement végétal

Une des disciplines de l'agronomie est l'étude des relations d'un peuplement végétal avec son environnement. Elle consiste à décrire des relations quantitatives entre le sol (disponibilité en eau, en éléments minéraux, ...), le climat (rayonnement, température, humidité, ...) et le comportement d'une plante dans un peuplement (formation des organes, croissance, ...). Il s'agit de décomposer le comportement d'une plante en processus élémentaires (taux d'interception du rayonnement par exemple), d'ajuster et de tester des relations mathématiques entre des conditions environnementales et ces processus (relation entre quantité de rayonnement intercepté et production de biomasse aérienne par exemple) puis de reconstruire un modèle global en agrégeant des processus élémentaires.

J'ai acquis mes premières compétences en écophysiologie en travaillant à l'ITCF sur les cultures protéagineuses, le pois en particulier.

A. Le pois protéagineux

En collaboration avec l'INRA, j'ai travaillé à la modélisation des stades de développement, l'émission des feuilles et des fleurs, en fonction des températures. En utilisant le concept de « sommes de températures » [62], j'ai caractérisé la variabilité génétique existant pour les paramètres de ces modèles [47]. J'ai travaillé à l'estimation de la production de biomasse à partir des données de températures de l'air et de rayonnement incident, ainsi qu'au calcul de la consommation en eau d'une culture de pois.

Les compétitions entre appareil végétatif et appareil reproducteur sont difficiles à quantifier chez le pois protéagineux, qui est une plante à croissance indéterminée. J'avais intégré dans des méthodes de diagnostic les résultats des travaux de M.H. Jeuffroy de l'INRA Grignon [80], qui visaient à formaliser les compétitions pour les assimilats entre les feuilles et les gousses en formation. Les connaissances acquises grâce aux nombreuses relations avec les chercheurs de l'INRA ainsi que mes propres résultats m'avaient permis de produire des documents de synthèse sur l'écophysiologie du pois, des posters pour des congrès internationaux [37, 40, 55, 56, 61] des chapitres de livres [14, 18, 38, 45, 46] et d'effectuer des interventions devant un large public [19, 20].

Ces connaissances étaient par ailleurs diffusées grâce à des formations destinées aux techniciens agricoles et aux agriculteurs que j'organisais. Je les avais également formalisées pour un logiciel, « Winclima », qui permettait de simuler la production de biomasse et le rendement d'une culture de pois à partir de données de sol et de climat, sur des principes similaires à ceux d'autres modèles de cultures proposés par la communauté scientifique internationale tel que STICS [4]. Ce sont ces compétences en écophysiologie qui m'ont permis d'être recruté à l'INRA.

B. La formation des baies et des pépins chez la vigne

Une des problématiques de l'équipe dans laquelle un poste d'ingénieur de recherche était ouvert à l'INRA de Colmar était de prévoir le rendement de la vigne en fonction des conditions de l'année. Il s'agissait d'identifier les facteurs climatiques qui avaient un effet sur la formation des baies et des pépins (la nouaison), et si possible de quantifier ces relations. Le jury de recrutement a estimé que j'avais, bien que n'ayant pas de diplôme de doctorat, les compétences nécessaires pour conduire ce type de recherche.

J'ai donc poursuivi à l'INRA des activités liées à l'écophysiologie, mais sur la vigne. Un de mes premiers résultats a été de modéliser l'émission des feuilles en fonction des températures pour plusieurs génotypes [21]. J'ai également montré que l'on pouvait décrire la nouaison chez la vigne à partir d'une approche probabiliste [60]. Deux probabilités, celle de former un endosperme (p_e) et celle de former un embryon (p_s) suffisent à décrire la distribution des pépins au sein d'une population de baies de raisin (Figure 1).

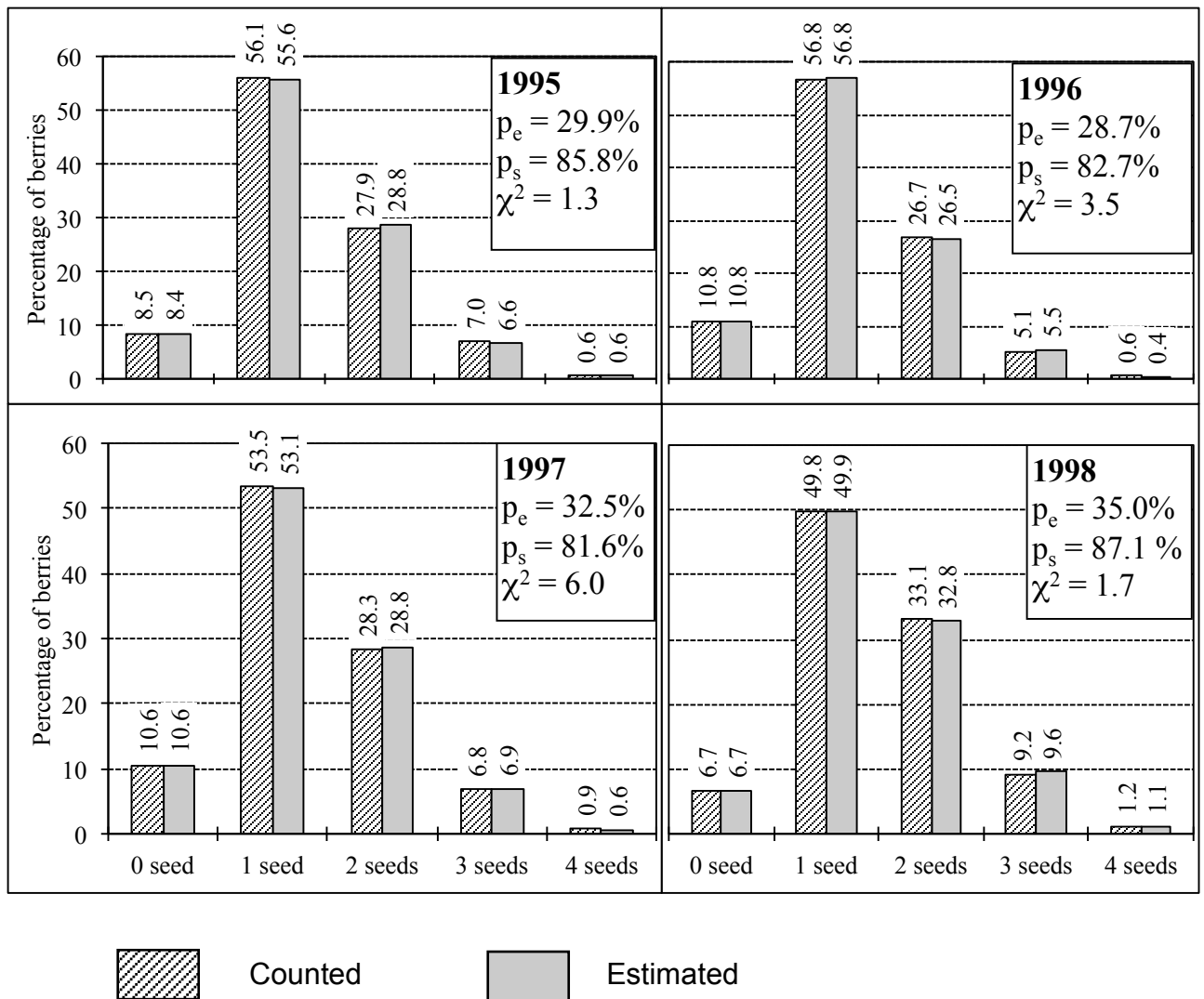


Figure 1 : Comparaison entre les distributions des pépins observées et prédites à partir de deux paramètres dans des baies de raisin de Gewurztraminer. Figure extraite de [60].

Dans le cadre de ce programme « déterminisme de la nouaison » chez la vigne, j'ai conçu, suivi et valorisé des dispositifs expérimentaux en serre et au vignoble. Un diagnostic de la nouaison à l'échelle des trois vignobles septentrionaux [53] a permis de clairement établir comment le nombre de fleurs pouvait être un facteur limitant du nombre de baies, et donc du rendement (Figure 2).

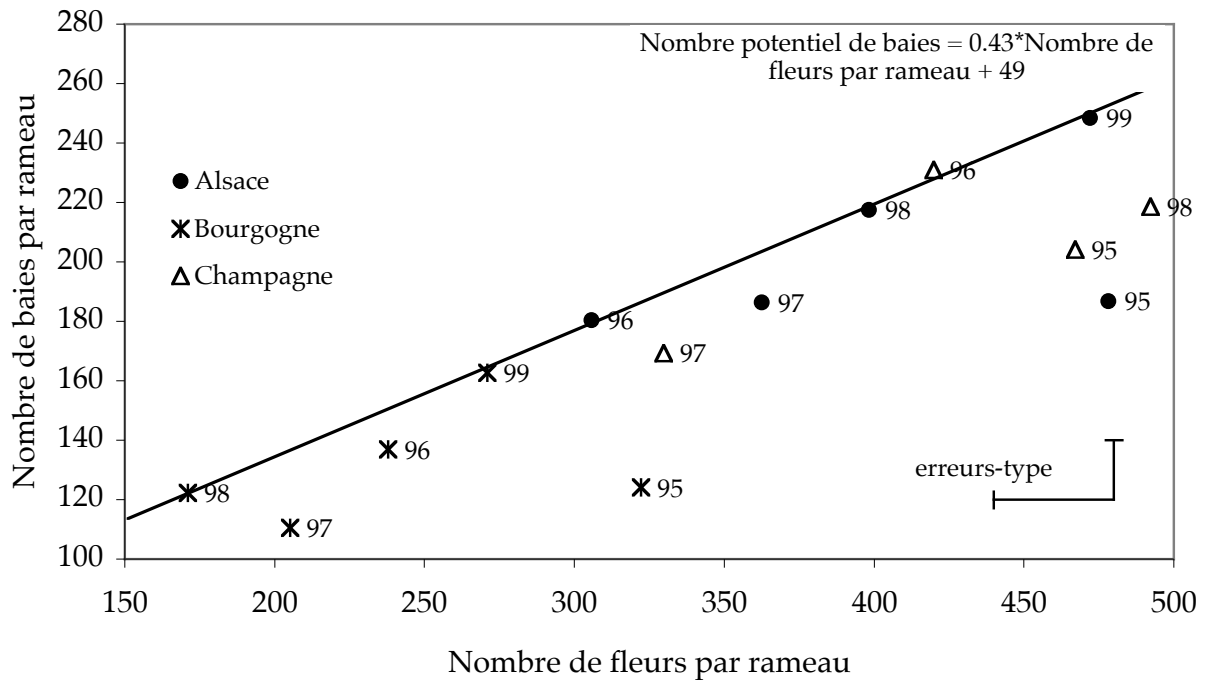


Figure 2 : Relations entre nombre de fleurs par rameau et nombre de baies par rameau pour le Pinot noir en Alsace, Bourgogne et Champagne entre 1995 et 1999 (environ 35 valeurs par point). Extrait de [53].

J'ai voulu tester l'hypothèse que l'accumulation des réserves hivernales pouvait conditionner le rendement de l'année qui suit en modulant soit le nombre de fleurs, soit le taux de nouaison. Ces travaux étaient menés en collaboration avec des organismes professionnels de Champagne (CIVC) et de Bourgogne (BIVB), ainsi qu'avec l'INRA de Bordeaux (J.P. Gaudillère). À partir de protocoles que j'ai imaginés, des expérimentations en serre et au vignoble ont été conduites pour tester cette hypothèse. Un tel programme requiert des connaissances en écophysiologie pour définir les modalités à étudier et les données à acquérir, mais aussi des compétences en statistiques pour construire les dispositifs expérimentaux et analyser les données. Ce programme m'a permis de présenter un poster dans un congrès international [57] et de rédiger quatre publications dans des revues à comité de lecture [50, 51, 54, 59]. J'ai ainsi montré que pénaliser la constitution des réserves en modifiant le rapport feuille/fruit une année n modifiait l'année n+1 non seulement la capacité de croissance des plantes (Tableau 1) mais également le nombre de fleurs par plante et le poids des raisins (Tableau 2).

Tableau 1 : Biomasses et surfaces foliaires par rameau à la nouaison au vignoble en Alsace l'année n après des opérations d'égrappages l'année n-1 (Réserves +, R+ : mise en réserves forte) ou d'effeuillage (R- : mise en réserves faible). Extrait de [54].

Variable	Effet « Réserves »	Chardonnay		Gewurztraminer		Pinot noir	
		R-	R+	R-	R+	R-	R+
Poids frais total du rameau hors grappes (g)	*** ⁽¹⁾	99,4 ^{b(2)}	139,0 ^a	103,4	126,5	149,3 ^b	194,3 ^a
Poids frais des limbes du rameau principal (g)	***	34,7 ^b	40,1 ^a	31,4	35,0	41,1	44,6
Poids frais des limbes d'entrecoeurs (g)	***	9,8	18,2	11,7 ^b	16,6 ^a	18,7	28,2
Surface foliaire du rameau principal (cm ²)	**	1754 ^b	2031 ^a	1305	1461	1631	1728
Surface foliaire des entrecoeurs (cm ²)	**	646	1162	693 ^b	973 ^a	969	1435
Surface foliaire totale (cm ²)	**	2400 ^b	3193 ^a	1997 ^b	2434 ^a	2600	3163

⁽¹⁾ NS : Non Significatif. *, **, *** : significatif à $p \leq 0,05$, $p \leq 0,01$, $p \leq 0,001$ respectivement.

⁽²⁾ des lettres différentes indiquent que la différence R+/R- pour une variété est significative au seuil $p \leq 0,05$.

Tableau 2 : Composantes du rendement à l'échelle de la plante en serre l'année n après des opération d'égrappages l'année n-1 (Réserves +, R+ : mise en réserves forte) ou d'effeuillage (R- : mise en réserves faible). Extrait de [51].

Variable	Effet « Réserves »	Gewurztraminer		Pinot noir	
		R-	R+	R-	R+
Nombre de fleurs	** ⁽¹⁾	638.3 ^{b(2)}	1936.7 ^a	1971.0	3078.6
Nombre de baies (>3mm)	***	308.7 ^b	890.9 ^a	753.1 ^b	1279.9 ^a
Poids des baies (g)	***	97.0 ^b	303.7 ^a	327.1 ^b	602.6 ^a

⁽¹⁾ NS : Non Significatif. *, **, *** : significatif à $p \leq 0,05$, $p \leq 0,01$, $p \leq 0,001$ respectivement.

⁽²⁾ des lettres différentes indiquent que la différence R+/R- pour une variété est significative au seuil $p \leq 0,05$.

Des expérimentations en serre ont également mis en évidence d'une part le rôle de la nutrition azotée une année n sur les composantes du rendement l'année n+1 (Tableau 3), d'autre part le rôle de l'alimentation en eau (Figure 3).

Tableau 3 : Conséquences de l'alimentation azotée :
 S98-99 : en 1998 sur le statut foliaire et la nouaison en 1999
 S99-99 : en 1999 sur le statut foliaire et la nouaison en 1999
 Extrait de [59].

Expé.	Niveau de nutrition azotée	Teneur en azote des feuilles ⁽²⁾ (g.m ⁻²)	Indice de chlorophylle (SPAD502) ⁽²⁾	Nb de baies par grappe	Taux de nouaison (%)	Nb de pépins par baie	Nb de pépins par grappe
S98-99	0	1.34 a ⁽³⁾	34.8c	21b	7.2a	1.51a	31b
	N/5	1.38 a	36.1b	28ab	8.0a	1.46a	39ab
	N	1.52 a	38.7a	45a	15.6a	1.55a	68a
S99-99	LN	1.21 ab	32.7b	31a	4.9b	1.28b	42a
	MN	1.11 b	32.8b	37a	6.8ab	1.21b	45a
	HN	1.36 a	34.7a	48a	10.3a	1.47a	71a

⁽¹⁾ : en fin de saison

⁽²⁾ : au début de la floraison

⁽³⁾ : les moyennes suivies de la même lettre ne sont pas différentes au seuil de 5% (test de Tukey-Kramer)

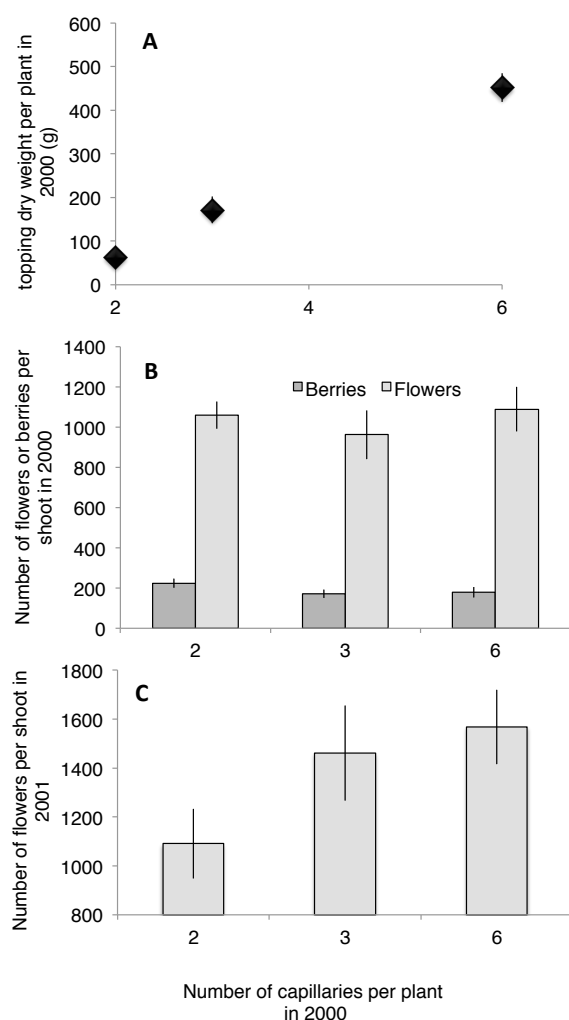


Figure 3: effet de l'alimentation en eau sur la croissance et le nombre de fleurs. Expérimentation en serre dans des containers de 80l. Deux, trois ou six capillaires ont été laissés par container une semaine avant la floraison en 2000. Les mêmes plantes ont été correctement alimentées en eau en 2001. (A): Poids de sec de rognage en 2000. (B) Nombre de fleurs et de baies par rameau en 2000. (C) Nombre de fleurs par rameau en 2001. Extrait de [49].

C. Phénologie et composition de la baie

J'ai jusqu'à ce jour poursuivi ce type d'approche, mais en y intégrant la notion de variabilité génétique. J'ai ainsi mis au point un modèle de prévision des stades de développement (débourrement*, floraison, véraison*) pour le Riesling et le Gewurztraminer, les deux principales variétés de vigne cultivées en Alsace [48]. Ce modèle, utilisant les températures de l'air, est actuellement utilisé par le Comité Interprofessionnel des Vins d'Alsace (CIVA), pour proposer en temps réel aux viticulteurs une prévision des stades pour l'année en cours [7]. La structure de ce modèle a été utilisée pour décrire la variabilité génétique existant parmi les descendants d'un croisement entre Riesling et Gewurztraminer, ce qui a permis non seulement d'identifier des régions du génome (QTLs) impliquées dans la variabilité des stades de développement [36], mais aussi de prévoir les dates de réalisation de ces stades pour des variétés virtuelles dans les conditions climatiques du futur [48]. Ce type de simulation permet de quantifier quelle pourrait être l'augmentation des températures pendant la maturation des raisins. En l'occurrence, j'ai pu montrer que choisir des variétés plus tardives ne permettrait pas de retrouver dans le futur les conditions de maturation relativement fraîches que nous connaissons actuellement [48, 49].

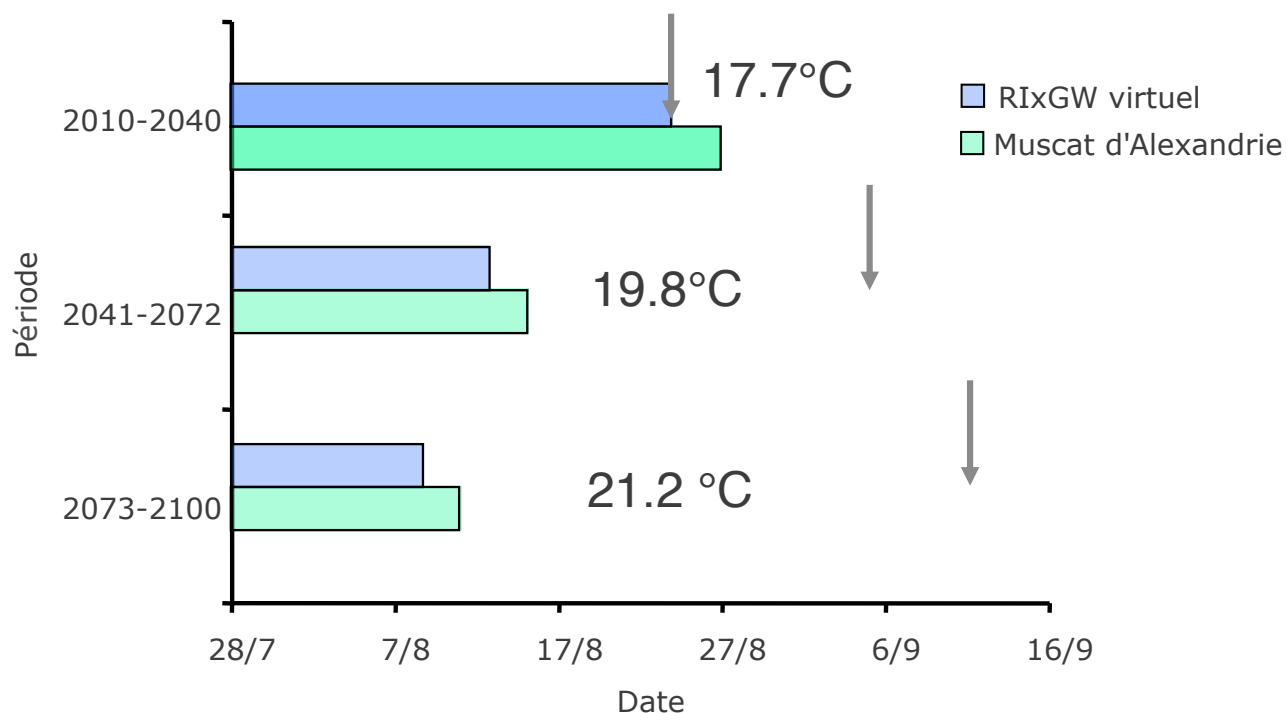


Figure 4 : Dates de véraison prédites pour le Muscat d'Alexandrie et pour le descendant du croisement Riesling x Gewurztraminer le plus tardif que l'on puisse envisager de créer (Poste de Colmar, scénario GIEC A1B). Les chiffres présentent les températures moyennes pendant les 35 jours qui suivent le 24/8. Pour la période 2010-2040, avec une véraison le 24/8, on retrouve par la suite des températures de maturation similaires à celles de la période 1976-2008 pour le Riesling ou le Gewurztraminer (17,7°C). Les flèches verticales indiquent les dates, de plus en plus tardives, auxquelles on devrait retrouver ces conditions dans le futur. Extrait de [48].

Ce résultat a conduit à accentuer l'effort de recherche sur les teneurs en sucres et l'acidité des raisins. Là encore, j'ai utilisé une approche d'écophysiologie pour caractériser la variabilité génétique. Les teneurs en sucres des raisins dépendent des conditions environnementales

pendant la maturation. Les dates de début de maturation, c'est à dire la date de véraison, sont donc un des premiers éléments à prendre en compte pour analyser un résultat de teneur en sucres. On sait par ailleurs que l'accumulation des sucres dépend de la capacité de photosynthèse globale de la plante et des quantités de raisins sur cette même plante. On intègre ces éléments en caractérisant le rapport feuille/fruit d'un plant de vigne. A partir des données de la bibliographie, d'un dispositif expérimental que j'avais mis en place au vignoble à Bergheim (68), de protocoles d'acquisition de données que j'avais rédigés, j'ai montré que l'évolution des teneurs en sucres dans nos conditions dépendaient des sommes de températures après la véraison et du rapport feuille/fruit [41, 43]. Ce résultat a permis de proposer une méthode innovante pour caractériser la capacité de n'importe quel génotype de vigne à accumuler des sucres.

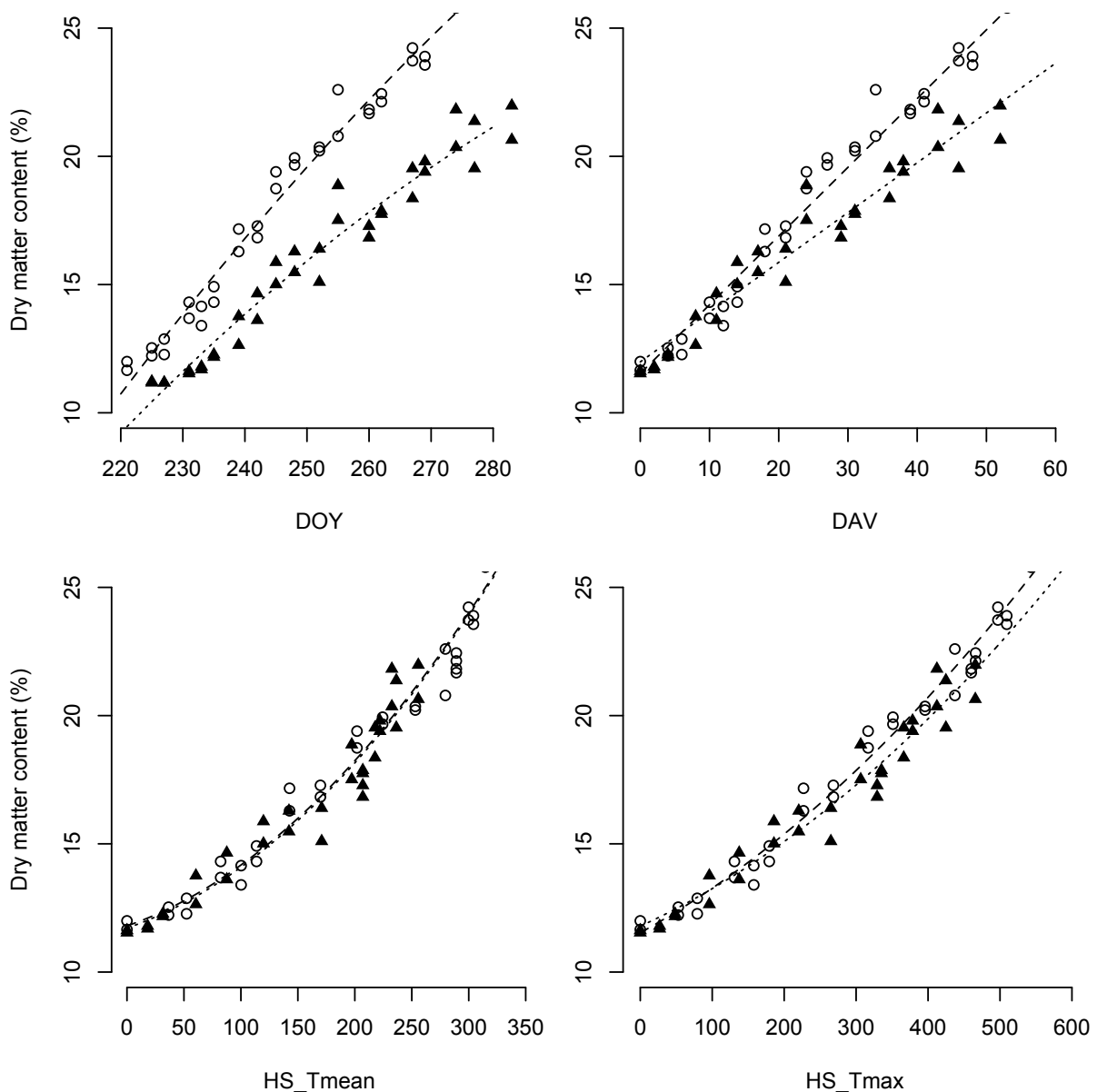


Figure 5. Evolution de la teneur en matière sèche des baies de raisin en 2008 selon quatre échelles de temps. Cercles vides : Gewurztraminer. Triangles plein: Riesling. DOY: day of year. DAV: Nombre de jours après véraison. HS_Tmean: cumul de sommes de températures moyennes base 10°C à partir de la véraison. HS_Tmax: cumul de sommes de températures maximales base 10°C à partir de la véraison. Extrait de [41].

Le fait de prélever des raisins après un cumul fixe de températures depuis la véraison (230 degrés.jours avec les températures moyennes), et de tenir compte du rapport feuille/fruit, a permis de mettre en évidence un QTL pour l'accumulation des sucres sur le chromosome 8 [30]. Avec un collègue de l'INRA de Bordeaux, Zanwhu Dai, nous avons été plus loin. A partir d'un modèle dynamique qu'il avait publié [11], nous avons montré qu'il existait une variabilité génétique pour la capacité des génotypes à valoriser les sucres importés dans les baies en sucres fermentescibles [10, 30].

A partir du même dispositif expérimental, j'ai pu proposer une équation décrivant l'évolution des teneurs en acide malique des raisins en fonction des températures [42]. Ce résultat, qui reste à ma connaissance unique à ce jour, ouvre la porte à des simulations de l'acidité des raisins sous un climat plus chaud, et permet de tester le comportement de génotypes virtuels comme cela a été fait pour les stades de développement [48].

D. L'impact des changements climatiques sur la vigne

L'intégration des connaissances sur les relations entre conditions de milieu et fonctionnement de la vigne est particulièrement utile dans le contexte de réchauffement climatique. J'ai ainsi publié en 2005 un article dont les 146 citations au 9/9/2017 en font un des trois articles les plus cités dans le monde sur ce sujet [58]. L'intérêt principal de ce travail est qu'il présente le bilan quantitatif de plusieurs décennies d'évolution en Alsace, sous l'angle de l'impact du climat (températures, rayonnement, disponibilité en eau) évalué année par année pour les phases réellement observées du cycle de développement (débourrement-floraison, floraison-véraison, maturation des raisins). Je suis régulièrement sollicité pour la rédaction d'articles ou pour des présentations sur ce sujet [22-29, 31, 44]. Un de mes articles [48] est d'ailleurs cité dans le dernier rapport du GIEC [78].

Ce travail de synthèse de données et de veille bibliographique est complété par des dispositifs expérimentaux. Dans le cadre du programme INRA Laccave*, j'ai mis en place une expérimentation dans laquelle des boutures fructifères de Riesling de Gewurztraminer, et de certains de leurs descendants, ont été placées en enceintes climatiques pendant la phase de maturation des raisins, sous deux régimes de températures. Ce dispositif a permis de montrer que les teneurs en linalol des raisins (arômes muscatés) étaient d'autant plus faibles à la récolte que les températures étaient élevées et que cela était cohérent avec une baisse du niveau d'expression d'un gène codant pour une linalol synthase [35]. (Figure 6).

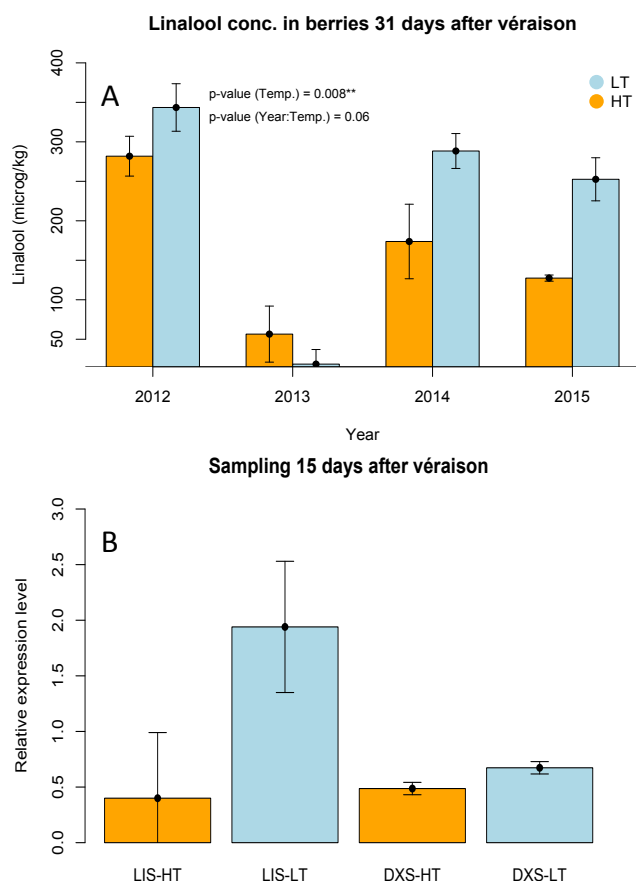


Figure 6 : Conséquences de températures élevées pendant la maturation de raisins de Riesling sur les teneurs en linalol des raisins. **A.** Teneurs en linalol libre et lié 31 jours après véraison, pour quatre années d'expérimentation sur boutures fructifères. **B.** Niveau d'expression d'un gène codant pour une deoxy-D-xylulose-5-phosphate synthase (DXS) et d'un gène codant pour une linalol synthase (LIS). LT, « Low temperatures »: 15°C nuit/24°C jour. HT, « High temperatures » : 21°C nuit/30°C jour. Extrait de [35].

Mes missions initiales axées sur l'écophysiologie de la vigne ont fortement évolué autour des années 2000 avec la montée en puissance de programmes sur les déterminants génétiques de la composition des baies de raisins.

III. Relier le fonctionnement d'un génome à un caractère mesurable sur une plante

A. Le contexte: acquérir des connaissances pour créer les variétés de vigne du futur

La qualité des raisins est un sujet qui préoccupe depuis toujours l'ensemble de la communauté qui gravite autour de la vigne et du vin, des producteurs aux chercheurs. La qualité des raisins détermine en effet largement la qualité des vins qui en seront issus. On distingue dans les raisins les métabolites primaires et les métabolites secondaires. Les métabolites primaires qui nous intéressent sont essentiellement des sucres et des acides. La quantité de sucres dans un

moût fixe la quantité d'alcool qui pourra être produite par les levures au cours de la fermentation alcoolique. Les acides organiques des raisins sont majoritairement de l'acide malique et de l'acide tartrique. Les concentrations de ces acides, vont, avec les concentrations en potassium, déterminer le pH, et donc la sensation d'acidité des moûts et des vins. Les métabolites secondaires, bien qu'ils soient présents à faibles concentrations, font l'intérêt des vins car ils sont à l'origine de leurs couleurs, de leur complexité aromatique, de leur longueur en bouche.

L'effet génétique est une composante incontournable dans le monde du vin. Un Gewurztraminer aura des arômes de rose et des notes épicées que ne pourra procurer aucune autre variété. Un Riesling ne produira jamais les mêmes vins qu'un Chardonnay, pas plus qu'un Pinot noir ne remplacera un Cabernet-Sauvignon. Comprendre les déterminants génétiques de la composition des raisins est essentiel lorsque l'on veut proposer de nouvelles variétés de vigne.

La démarche des sélectionneurs de vigne était, jusqu'il y a peu de temps, empirique. Elle consistait à croiser deux variétés pour chercher dans la descendance une variété cumulant des caractéristiques intéressantes des parents. Ainsi, dans les années 1970, la profession alsacienne a demandé à l'INRA de Colmar de lui proposer une variété ayant les caractéristiques organoleptiques du Muscat Ottonel mais dont le rendement serait régulier, ce qui est loin d'être le cas pour le Muscat Ottonel. M. André Bronner a été chargé de ce programme. Différents croisements ont été réalisés à partir de 1973. Près de 10 000 pépins ont été obtenus, des centaines de génotypes ont été plantés au vignoble. Il faut attendre 4 ou 5 ans après un croisement avant de pouvoir vinifier des raisins et évaluer les qualités des descendants, vinifications qu'il faut répéter plusieurs années pour avoir confiance dans les résultats. Finalement, une seule variété, appelée « Muscat cendré » a été inscrite au catalogue officiel des variétés en 1999, soit 26 ans après le lancement du programme. Cette description veut simplement montrer l'intérêt d'utiliser des marqueurs génétiques pour accélérer les programmes de sélection: en connaissant les relations entre la variabilité d'un marqueur sur le génome et les variations d'un caractère d'intérêt, on peut peu après la germination des pépins extraire l'ADN des plantules, révéler leur patrimoine génétique à l'aide de différentes méthodes et ne conserver que les plantules qui portent l'information génétique correspondant au caractère recherché. Cette démarche est appelée « Sélection Assistée par Marqueur » (SAM). Elle est aujourd'hui couramment utilisée par les équipes de recherche cherchant à créer de nouvelles variétés de vigne, avant tout résistantes aux maladies fongiques [63]. L'équipe « Génétique et amélioration de la vigne » (GAV) de Colmar est engagée dans cette démarche et propose l'inscription de variétés de vigne résistantes aux maladies fongiques au catalogue Français en 2017. L'évaluation des variétés pour leurs aptitudes œnologiques est actuellement uniquement réalisée au vignoble, plusieurs années après la plantation. Connaître les régions du génome gouvernant la qualité des raisins, identifier des marqueurs moléculaires liés à la qualité, est une démarche qui va de pair avec une amélioration de l'efficacité des programmes de sélection.

La démarche générale que j'utilise est :

- de définir des objectifs,
- de générer de la variabilité génétique, en créant des descendance de croisement,
- de révéler le patrimoine génétique des individus créés par des techniques de marquage moléculaire de l'ADN,
- de mesurer des caractères d'intérêt sur ces mêmes individus,

- d'utiliser des procédures statistiques, et des logiciels dédiés, pour trouver les relations entre patrimoine génétique et caractère étudié.

L'étape suivante consiste à démontrer, par des transformations génétiques, le rôle des gènes mis en évidence lors des analyses statistiques. Ce travail est pris en charge par l'équipe « Métabolisme secondaire de la Vigne » (MSV) du centre INRA de Colmar.

Dans notre contexte, nous cherchons en priorité les relations entre d'une part les variations alléliques de certains gènes ou de marqueurs moléculaires et d'autre part le potentiel aromatique, les teneurs en sucres et l'acidité des raisins. Il faut savoir que d'autres équipes travaillent par exemple sur les teneurs en anthocyanes, molécules responsables de la couleur des baies, ou sur les teneurs en tannins des raisins.

Le domaine des composés aromatiques des raisins qui nous intéressent est très vaste et comprend des composés phénoliques, soufrés ou terpéniques pour citer quelques familles [1]. La présence de composés terpéniques confère aux vins des arômes floraux et muscatés. Des terpénols tels que le géraniol, le linalol, le nérol, l' α -terpinéol sont responsables d'arômes de rose, de muguet, de citronnelle, de tilleul. Ces composés sont relativement difficiles à doser (phases d'extractions, d'hydrolyse, de séparation en chromatographie en phase gazeuse) mais dépendent fortement du génotype et relativement peu des conditions de production. *A contrario*, des paramètres simples à obtenir tels que les teneurs en sucres et l'acidité dépendent fortement des conditions de production et de la conduite de la vigne.

B. Obtenir des données sur les plantes

Le programme que je dirige a demandé la mise en place de populations d'études spécifiques et la valorisation de populations existantes. A ce jour, près de 1200 génotypes, représentant 4 populations, ont été manipulés au vignoble ou en serre dans le cadre de ce programme. Leur gestion est principalement sous la responsabilité d'un ingénieur d'études que j'encadre. J'ai la responsabilité de la définition des dispositifs, de leur mise en place et de leur suivi. Par exemple, j'ai dessiné le dispositif d'un essai comportant 120 génotypes au vignoble à Bergheim. Ce dispositif comprend 5 blocs complets, mais j'ai utilisé des procédures spécifiques de façon à ce que les génotypes soient répartis de manière à maximiser les confrontations au sein de la parcelle, à l'intérieur de 60 blocs incomplets. La mise en place et le suivi des expérimentations se fait en collaboration avec le Service d'Expérimentation Agronomique et Viticole du centre de Colmar.

Des mesures de caractères ampélométriques*, de phénologie*, de composantes du rendement sont réalisées de manière systématique sur les populations étudiées.

La qualité des raisins est évaluée d'une part par des critères simples de teneur en sucres et d'acidité (réfractométrie, pHmétrie, titration), d'autre part par des dosages d'arômes ou de précurseurs d'arômes par chromatographie en phase gazeuse ou en phase liquide. Les dosages biochimiques sont réalisés par une technicienne de notre équipe. Les dosages en chromatographie en phase gazeuse ou en phase liquide sont possibles grâce à l'expertise du laboratoire MSV de l'UMR, à la participation d'une partie de son personnel et grâce aux appareils dont cette équipe dispose. J'ai acquis par la lecture de la littérature et par mes collègues des compétences dans l'analyse et l'interprétation des données issues d'un chromatographe en phase gazeuse (Logiciel Chrom-Card for Trace GC de ThermoScientific). J'ai également préparé

une feuille Excel permettant de calculer automatiquement des résultats de concentrations finales à partir de données brutes. La caractérisation des teneurs en terpénols des baies, des moûts et des vins de couples de cépages isogéniques a permis de caractériser l'effet de variations clonales et a donné lieu à une publication [52].

C. Obtenir de l'information sur les génomes et construire des cartes génétiques

La caractérisation moléculaire des génotypes de vigne a été jusqu'il y a peu essentiellement réalisée à partir de marqueurs microsatellites ou SSRs (Simple Sequence Repeat). La migration dans des séquenceurs capillaires, de fragments PCR permet d'évaluer des différences de longueur de motifs dans les différents ADNs comparés. L'amplification PCR se fait à partir d'amorces spécifiques des régions flanquant le motif SSR. Ces amorces ont été définies souvent dans le cadre de consortiums nationaux ou internationaux [8]. J'ai également défini des amorces PCR spécifiques de motifs SSR à partir de la séquence complète du génome de la vigne [79].

Notre laboratoire utilise cette technique dans de nombreux programmes, y compris pour la création variétale. Cette expertise m'a été utile pour la réalisation des cartes génétiques du Muscat Ottonel, du Riesling et du Gewurztraminer [34, 36]. J'encadre une technicienne pour l'obtention des données génotypiques, à savoir de l'extraction des ADNs à l'identification des allèles pour les marqueurs SSRs. Je gère, sous forme de base de données, environ 45 000 points de génotypage. Ces données sont à la base de la construction des cartes génétiques. J'utilise pour cela des logiciels tels que JoinMap® ou les packages R/qtl ou R/ASMap sous R [30, 34, 36].

L'ordre de grandeur du nombre de marqueurs SSRs utilisés pour une carte génétique est de 100 à 200. Des techniques plus récentes permettent d'identifier des variations de séquence au niveau d'une seule base nucléotidique (Single Nucleotide Polymorphism ou SNP) avec une densité beaucoup plus élevée. Grâce aux collaborations que j'ai initiées avec l'INRA Evry (M.C. Le Paslier, unité EPGV), nous disposons désormais pour 120 génotypes de données sur 18071 SNPs grâce à l'utilisation d'une puce Illumina Infinium® mise au point spécifiquement pour la vigne. Ce nouveau type de données a nécessité un investissement dans l'écriture de scripts sous R pour le traitement et la mise en forme des données pour les cartes génétiques. Ce travail est actuellement valorisé par la manipulation de données issues de « Genotyping by Sequencing » (GBS). Nous avons à ce jour environ 113 000 SNPs identifiés grâce à cette technique parmi les descendants de la population RixGw. Je participe à la mise en œuvre de ces méthodes de pointe pour la vigne dans le cadre d'un métaprogramme INRA (SelGen/FruitSelGen, coordinateur Timothée Flutre). L'objet de ce programme est d'une part de manipuler des données de génotypage haute-densité et d'autre part de tester la faisabilité de la « Sélection génomique » pour des espèces cultivées pérennes.

D. Rechercher des loci à effet quantitatif (Quantitative Trait Loci)

Un QTL ou Quantitative Trait Locus est en français un « locus à effet quantitatif », c'est-à-dire une région du génome dont les variations induisent des variations dans un caractère d'intérêt évalué sur une plante. On détecte des QTLs en recherchant des liaisons statistiques entre la variabilité génétique dans une région du génome et des caractères mesurés ou observés.

Plusieurs méthodes sont disponibles, soient basées sur des analyses marqueur par marqueur (tests de Kruskal-Wallis, analyses de variance), soit en explorant les espaces entre les marqueurs et en calculant des vraisemblances (Interval Mapping, MQM mapping). Des logiciels tels que MapQTL® ou le package R/qtl sous R permettent de traiter des jeux de données génotypiques et phénotypiques pour rechercher des QTLs.

Ces méthodes m'ont permis de publier des résultats majeurs sur la synthèse des terpénols chez la vigne [32-34, 76], molécules qui confèrent des notes florales aux vins de Muscats ou de Gewurztraminer. J'ai ainsi montré que la synthèse de linalol était possible dans les descendants d'un croisement entre Riesling et Gewurztraminer. Le Gewurztraminer fournit une forme allélique très active d'une deoxy-D-xylulose-5-phosphate synthase (DXS), enzyme clé de la synthèse du substrat de tous les isoprénoïdes, tandis que le Riesling fournit une région du chromosome 10 où une linalol synthase est active (Figure 7).

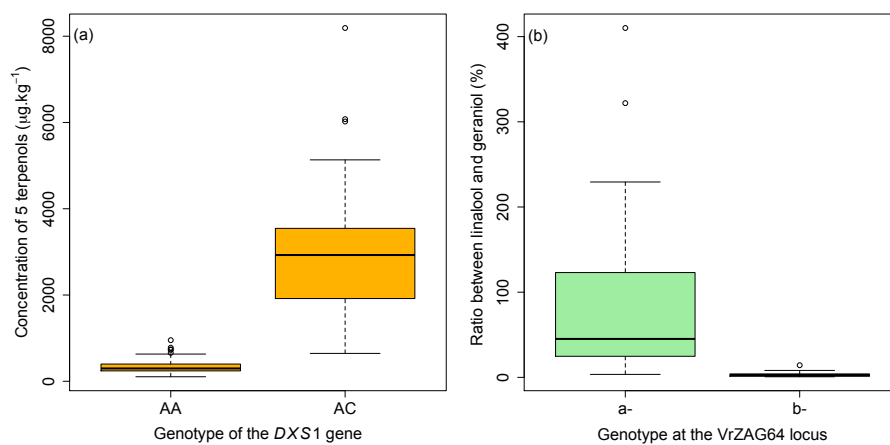


Figure 7 : Relations entre variabilité génétique dans la population RixGw et synthèse des terpénols.

(a) Variations alléliques provenant du Gewurztraminer du gène *DXS1*, et biosynthèse de 5 terpénols.

(b) Variations alléliques provenant du Riesling au marqueur microsatellite VrZAG64 et rapport entre teneurs linalol et en géraniol.

Ce résultat, complété par de la génomique fonctionnelle prise en charge par l'équipe MSV, est à l'origine d'une brevet exploité par une entreprise privé [13, 75]. Il est par ailleurs d'une importance capitale pour la sélection de nouvelles variétés résistantes aux maladies capables de produire des vins « muscatés ».

La même démarche a permis de confirmer le rôle d'un cytochrome P450 dans la synthèse de carboxylinalol, et au cours du vieillissement du vin, de wine lactone [76].

En utilisant les mêmes approches, j'ai identifié six QTLs indépendants gouvernant les stades de développement et proposé des gènes candidats susceptibles d'être à l'origine de la variabilité génétique [36] (Figure 8).

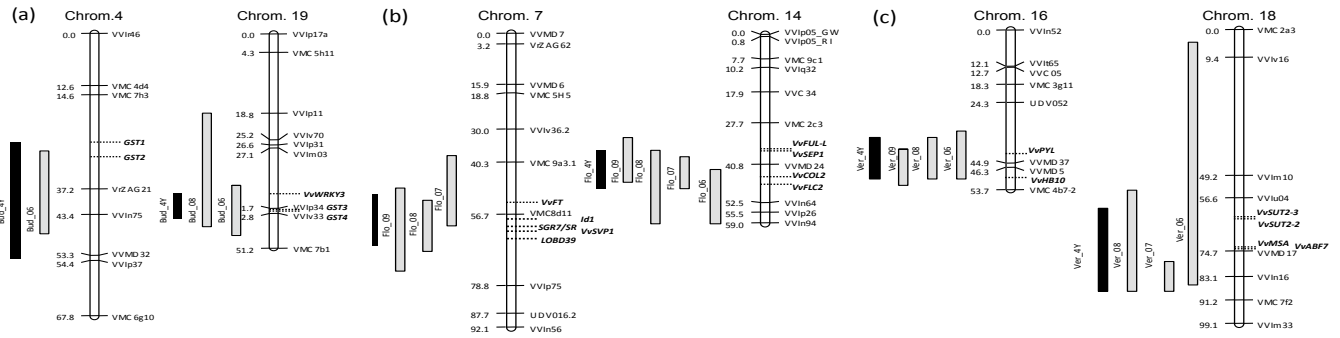


Figure 8 : Intervalles de confiance (« Bayesian credible intervals », probabilité de couverture de 0.95) pour des QTLs de phénologie dans la population RixGw sur la carte consensus (4Y = moyenne de 4 années en noir, en gris par année). Les gènes candidats sont positionnés avec des lignes pointillées. Extrait de [36].

(a) QTLs pour la durée 15 février-débourrement (Bud, en degrés.jours)

(b) QTLs pour la durée débourrement-floraison (Flo, en degrés.jours)

(c) QTLs pour la durée floraison-véraison (Ver, en degrés.jours)

Le fait que les QTLs pour les différents stades soient indépendants a permis la création de génotypes virtuels et la simulation de dates de véraison avec des scénarios climatiques du futur [48].

Après des résultats sur des QTLs liés à la synthèse des terpénols [34] et aux stades de développement [36], l'effort porte actuellement sur la recherche de QTLs pour les teneurs en sucres [30] (Figure 9) et pour l'acidité [30] dans un croisement Riesling x Gewurztraminer étudié au vignoble. Des QTLs ont pu être identifiés à partir de cartes génétiques construites à partir des données de puces à ADN [30, 39] et sont en cours de publication. Dans notre population RixGw la variabilité génétique des pH des raisins est bien expliquée par la variabilité du rapport [potassium]/[acide tartrique]. Des QTLs colocalisent pour ces caractères, sur le chromosome 13 par exemple (Figure 10).

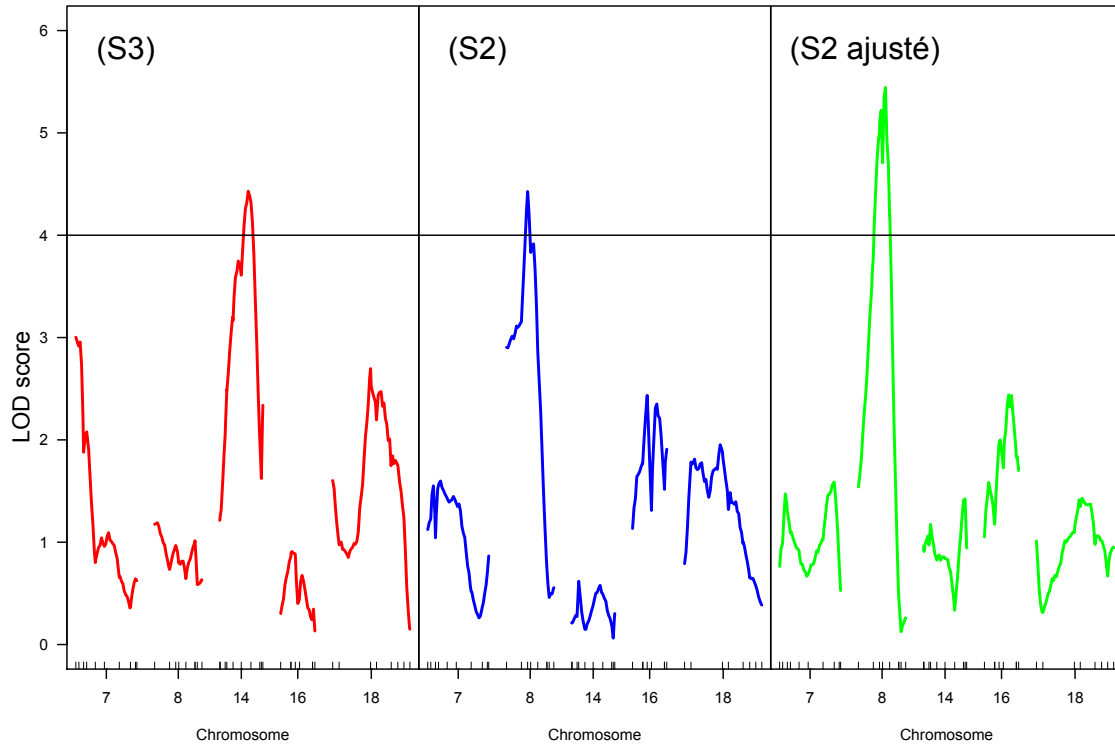


Figure 9 : Courbes de LOD score pour les teneurs en sucres moyennes sur trois années dans la population RixGw selon trois méthodes d'évaluation: (S3) à la récolte, même date pour tous les génotypes, (S2) 230 °C.d après véraison, (S2 ajusté) 230 °C.d après véraison mais ajusté pour le rapport fruit/feuille. Le trait horizontal correspond au LOD seuil au niveau $p = 0,05$ pour le génome entier. Les petits traits verticaux sur l'axe des abscisses donnent la position des marqueurs moléculaires sur la carte génétique. Extrait de [30].

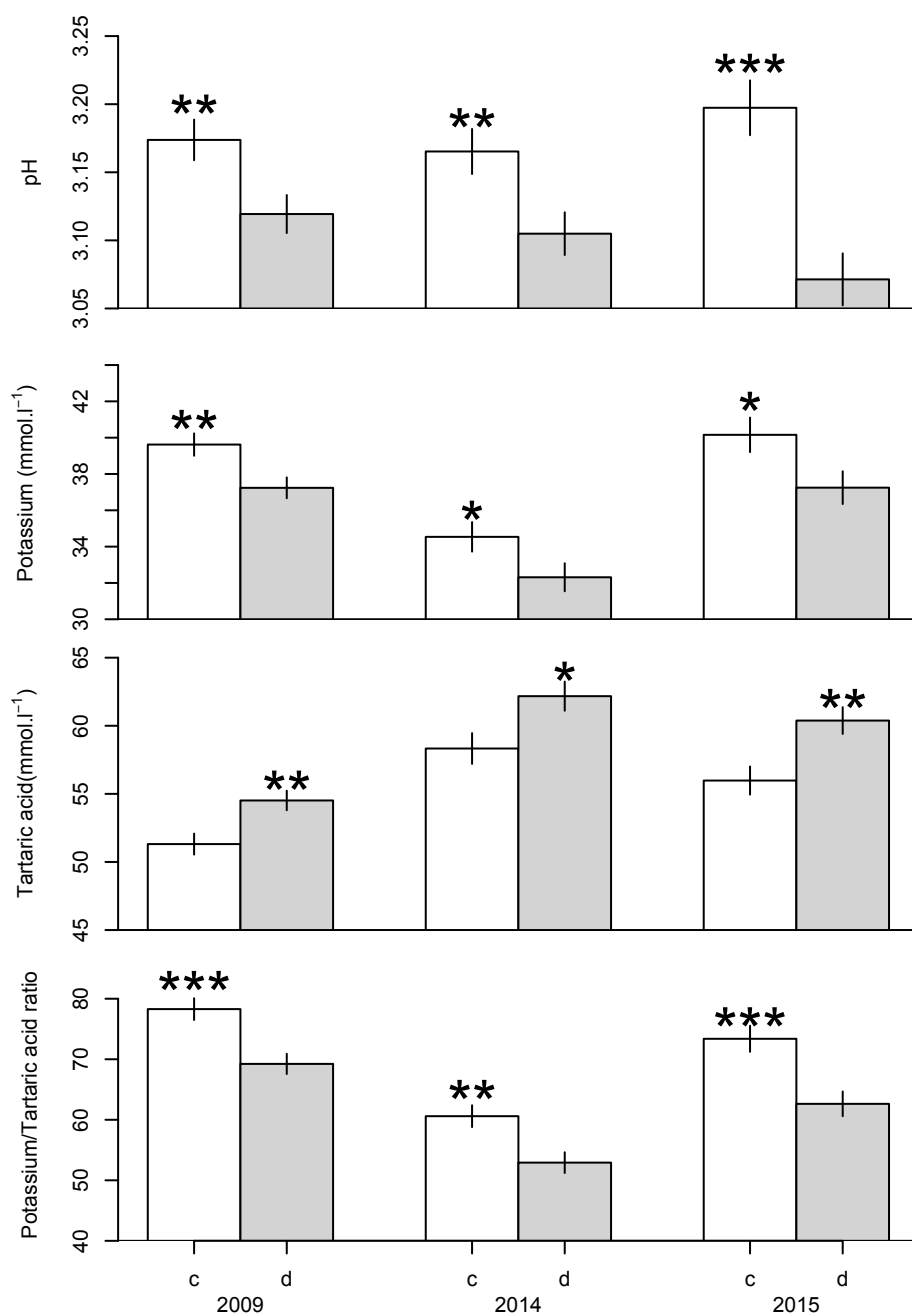


Figure 10: Effet des variations alléliques au locus c13b5287258 (chromosome 13) dans le génome du Gewurztraminer sur des paramètres de l'acidité dans la descendance RixGw (en préparation).

E. Identifier des gènes candidats et caractériser la variabilité génétique dans ces gènes

La détection de QTLs est un préalable pour aller plus loin dans la compréhension des mécanismes moléculaires à l'origine des variations de caractères observées ou mesurées. L'analyse bibliographique permet de lister des gènes présents dans les régions des QTLs susceptibles d'être impliqués dans ces variations. On appelle ces gènes des « gènes candidats », dont il faut essayer de montrer le rôle. Cette approche a été très utile pour proposer des gènes

impliqués dans la variabilité des stades de développement [36]. Elle a surtout été très fructueuse dans le cas des teneurs en arômes des raisins.

J'ai en effet montré que les variations alléliques d'un gène candidat, codant pour une deoxy-D-xylulose phosphate synthase (DXS) étaient fortement liées aux niveaux de teneurs en terpénols à la fois dans des descendants de Muscat Ottonel et de Gewurztraminer [34]. Le clonage de différentes formes alléliques de ce gène candidat a été réalisé dans notre équipe puis l'équipe MSV a pris en charge leur validation fonctionnelle par expression transitoire dans le tabac. Ce travail a permis de montrer que les protéines codées par les différentes formes alléliques de ces gènes avaient *in vivo* des activités enzymatiques très différentes. Des protéines DXS de Muscat Ottonel ou de Gewurztraminer sont beaucoup plus performantes que celles d'autres variétés, ce qui explique les teneurs en terpénols très élevées de ces deux variétés. Ce résultat a été valorisé par l'obtention d'un brevet international [75], qui a actuellement des applications industrielles [13].

La recherche de gènes candidats est actuellement quasiment automatisée grâce aux données de séquences génomiques disponibles et aux outils développés par l'équipe de bio-informatique de l'unité. Des outils (sous Unix) permettent en effet à partir de bornes physiques sur le génome, établies grâce aux d'intervalles de confiance de QTLs, de générer des fichiers FASTA de protéines « candidates » puis de rechercher automatiquement dans les bases de données des protéines homologues ainsi que leurs fonctions.

La recherche de variants alléliques dans le Riesling et le Gewurztraminer se fait ensuite dans des jeux de données de séquençage complet de ces deux variétés (Illumina paired-end 2x100bp). Des scripts sous Unix permettent d'explorer des régions d'intérêt pour détecter des SNPs, synonymes ou non, et le logiciel IGV peut ensuite être utilisé pour visualiser ces SNPs.

Des gènes candidats gouvernant l'équilibre entre terpénols et plus généralement des gènes participant à la synthèse de métabolites secondaires sont actuellement identifiés par cette approche dans le cadre de la thèse de Thuy-Thanh Truong, en étroite collaboration entre les équipes GAV et MSV.

F. Evaluer le niveau d'expression des gènes

A partir de l'intervalle de confiance d'un QTL, d'une liste de gènes présents dans cet intervalle et de données bibliographiques, il est exceptionnel de n'identifier qu'un seul gène candidat. Une des premières approches pour évaluer l'implication éventuelle de ces gènes est de vérifier 1) s'ils sont bien exprimés, 2) s'il existe une différence de niveau d'expression entre les génotypes comparés.

1. PCR quantitative

La PCR quantitative ou qPCR, est une technique disponible au laboratoire. Une des deux techniciennes que j'encadre a suivi des formations sur cette technique et réalise les manipulations proprement dites, de l'extraction des ARNs à une première mise en forme des résultats sur le logiciel spécifique de l'appareil (BioRad CFX96). Mon intervention consiste à définir les modalités à comparer, à organiser les prélèvements, à définir les couples d'amorces à utiliser et enfin à

effectuer les calculs finaux à partir des données brutes. Nous avons beaucoup travaillé sur le niveau d'expression du gène codant pour la DXS, en vain, puisque il a été finalement montré que les variations de teneurs en terpénols observées entre génotypes étaient dues à des différences d'activités enzymatiques [75]. Nous travaillons actuellement sur le niveau d'expression de gènes codant pour des terpénols synthases, avec des résultats encourageants. Nous avons ainsi pu mettre en relation une baisse de la synthèse de linalol à fortes températures et une baisse du niveau d'expression d'une linalol synthase [35] (Figure 6).

2. RNA seq

L'autre approche que nous avons utilisée est le séquençage total des ARN ou RNA seq. Dans le cadre d'un programme ANR, nous avons fait séquençer (Illumina, paired-end 2x38bp) les ARNs de baies de Riesling et de Gewurztraminer à deux stades: baies vertes et à mi-maturité. Grâce à une formation Aviesan à Roscoff en 2013, je suis autonome dans le traitement de ce type de données sous l'environnement Galaxy: alignements des séquences (TopHat/Bowtie), manipulations des fichiers de sortie (Samtools), comptages des fragments (Cufflinks, HTseq), analyses statistiques (DEseq). Actuellement, une ingénieure en bio-informatique prend en charge ces analyses au niveau de l'UMR.

Ces données nous ont permis d'identifier des gènes pour lesquels les différences d'expression entre génotypes étaient importantes, différences vérifiées ensuite par qPCR.

IV. Conclusion

Mes premières missions professionnelles, à l'ITCF, m'ont permis d'acquérir un savoir-faire dans la construction et l'analyse de dispositifs expérimentaux mais également d'exercer des responsabilités en tant que responsable national des programmes sur l'écophysiologie des protéagineux. Le contact avec le monde de la recherche, principalement à l'INRA, m'a fait partager les connaissances et les méthodes de pointe en matière d'écophysiologie des plantes cultivées annuelles. C'est également à l'ITCF que j'ai appris à mettre en forme de manière rigoureuse des résultats pour les diffuser. C'est pendant cette période que j'ai fait mes premiers pas dans la communauté scientifique internationale en présentant des posters dans des congrès. J'avais dans ce contexte une mission de transmission et de valorisation des savoirs entre le monde de la recherche et le monde agricole. Je reste toujours attaché à ce rôle, qui se traduit par un appui méthodologique à certaines actions (site web) ou expérimentations que peut conduire le CIVA.

Une fois entré à l'INRA, j'ai immédiatement pris la responsabilité de recherches sur la formation des baies et des pépins chez la vigne en utilisant des concepts que j'avais pu utiliser auparavant. La vigne, hormis le fait qu'elle est une plante pérenne capable de constituer des réserves, obéit aux mêmes règles de fonctionnement qu'un pois protéagineux. Les grandes lignes étant fixées, j'ai défini les objectifs à atteindre, rédigé des projets pour obtenir des financements, encadré du personnel pour mettre en place et suivre les dispositifs expérimentaux, analysé les données et valorisé les résultats.

La transition vers les travaux de recherche en génétique a ensuite constitué une évolution majeure, à la fois sur le plan des concepts et des connaissances. La quantification de composés secondaires par chromatographie en phase gazeuse, les techniques de marquage moléculaire de

l'ADN, la construction de cartes génétiques, la recherche de QTLs, la manipulation de données de génomique ont été autant de défis à relever. Une formation de base solide, des lectures bibliographiques et la participation à des réseaux au sein de l'INRA m'ont permis de progresser dans ces domaines. J'ai ainsi pris la responsabilité des activités sur le déterminisme génétique de la composition de la baie, ce qui passe par la définition des objectifs et des données à obtenir, la recherche de financements et l'encadrement de personnel.

La publication d'articles scientifiques et mes interventions dans des congrès internationaux sont la reconnaissance d'un travail collectif, dans lequel j'ai conçu les protocoles, obtenu les moyens matériels nécessaires, supervisé l'acquisition des données et su cristalliser les résultats.

Une reconnaissance de ces activités sous la forme d'une habilitation à diriger des recherches ouvrirait une nouvelle dimension à ma carrière.

Habilitation à diriger des recherches
Éric DUCHÊNE

Projet de recherche

I. Contexte et objectifs

La viticulture doit faire actuellement face à de nombreux défis. Au delà des inquiétudes croissantes sur les dépérissements de la vigne, la pression de la société pour réduire l'utilisation des produits phytosanitaires s'accroît et le réchauffement des conditions climatiques fait craindre une perte de l'équilibre plante-milieu-pratiques humaines lentement élaboré au cours des siècles passés.

La vigne (*Vitis vinifera*) n'occupe que 3% des surfaces cultivées en France mais utilise 15% du tonnage des fongicides vendus. Elle est en effet particulièrement sensible à deux maladies fongiques venues du continent américain au XIX^e siècle : le mildiou (*Plasmopara viticola*) et l'oïdium (*Erysiphe necator*). *Vitis vinifera* ne possède pas de mécanismes de défenses efficaces contre ces pathogènes, qui doivent être contrôlés par des méthodes chimiques. L'utilisation des produits phytosanitaires pose des problèmes de santé non seulement pour les viticulteurs mais également pour les populations vivant à proximité des vignobles. Pour la vigne, une des solutions pour réduire l'utilisation de fongicides est l'utilisation de variétés résistantes. Des variétés de vigne cultivées, issues principalement de programmes de sélection allemand et suisse portant des gènes de résistance au mildiou et à l'oïdium sont déjà disponibles pour les viticulteurs. En France, l'Inra de Colmar s'est engagé dans cette voie dans les années 2000 et a déposé en 2017 un dossier d'inscription au catalogue Français pour quatre variétés présentant de bonnes aptitudes œnologiques et résistantes au mildiou et à l'oïdium.

La preuve de concept étant faite, l'Inra de Colmar est maintenant financé par des organismes professionnels du Bordelais, de Champagne, du Cognac et du Sud-Est pour la création de variétés de vigne résistantes aux maladies mais dont les caractéristiques œnologiques doivent correspondre à un cahier des charges local. Aux critères de sélection sur la résistance aux maladies s'ajoutent donc des critères sur la composition des raisins. La teneur en alcool et l'acidité sont des paramètres essentiels pour tous les vins. L'alcool des vins est issu de la transformation des sucres présents dans les raisins par les levures. L'acidité est quant à elle déterminée par les teneurs en acides organiques des raisins mais aussi par leur teneur en cations, essentiellement représentés par le potassium. L'intérêt des vins réside également dans leur composition en métabolites secondaires. Ces molécules contribuent à la couleur des vins, à leur profil aromatique et à leur structure en bouche. La typicité des vins, et donc les exigences des différents vignobles, repose d'une part sur leur équilibre sucres-alcool/acidité, d'autre part sur leur composition en métabolites secondaires.

Si de nouveaux critères de sélection sur la composition des raisins doivent être pris en compte, l'utilisation de marqueurs moléculaires permettra une sélection performante de plantes peu après la germination des pépins et conduira ainsi à réduire les effectifs expérimentés au vignoble en se concentrant sur les génotypes répondant au plus près à un cahier des charges. Le processus de sélection sera d'autant plus efficace que l'on connaîtra mieux les déterminants génétiques de la composition des raisins : c'est le premier objectif de ce programme.

Nous chercherons à identifier les régions du génome participant aux variations de caractères d'intérêt, à proposer les gènes candidats responsables de ces variations ainsi que des marqueurs moléculaires utilisables dans les programmes de sélection. Pour cela, nous nous utiliserons les ressources génétiques existantes, en particulier une descendance de croisement entre le Riesling et le Gewurztraminer, des outils modernes de génotypage à haut-débit, la séquence complète du génome du Riesling et du Gewurztraminer ainsi que des outils performants de caractérisation de la composition des raisins.

Le contexte de l'amélioration des plantes actuel est cependant totalement nouveau à l'échelle de l'histoire humaine, en particulier pour les plantes pérennes. En effet, pour la première fois les conditions climatiques dans laquelle une variété sera utilisée seront différentes de celles dans lesquelles cette variété a été sélectionnée. Il est donc nécessaire d'anticiper l'effet des

changements climatiques sur la composition des raisins afin de prendre en compte dans les programmes de sélection des caractères qui permettraient aux nouveaux génotypes d'être moins sensibles aux effets du réchauffement climatique (tardiveté ?, composantes de l'acidité ?, ...). La création de génotypes virtuels, couplée à une démarche de modélisation utilisant des scénarios d'évolution climatique, permettra de tester les effets de choix de combinaisons alléliques sur la composition des raisins dans les conditions climatiques du futur.

II. La composition des raisins et ses déterminants génétiques

Les questions scientifiques relatives à cette problématique ont déjà commencé à être explorées : des ressources ont été mises en place et les résultats déjà obtenus permettent d'orienter les travaux futurs.

A. Ressources, outils et méthodes

Les travaux de recherche développés dans cette partie utiliseront en priorité la variabilité génétique existant au sein de la descendance d'un croisement entre Riesling et Gewurztraminer (RixGw). En 2006, 383 génotypes issus de ce croisement ont été plantés au vignoble. Des cartes génétiques utilisant des marqueurs microsatellites ont déjà permis l'identification de régions du génome (Quantitative Trait Loci ou QTL) participant à la variabilité génétique des stades de développement [36] ou de la composition en terpénols des raisins [76]. Des données de génotypage obtenues avec une puce à ADN (18071 « Single Nucleotide Polymorphism » ou SNPs sur 120 génotypes) et par séquençage (« Genotyping by sequencing » sur 252 génotypes) sont actuellement disponibles. Les séquences d'ADN génomique des deux parents sous forme de reads Illumina paired-end 2x150bp, mais aussi de reads de grande longueur obtenus avec la technologie SMRT de PacificBiosciences, sont en cours d'assemblage dans l'unité (Camille Rustenholz, MdC). Un jeu de données RNA-seq sur les parents pour deux stades de développement des baies permet par ailleurs une première estimation du niveau d'expression des gènes. L'unité dispose également de plusieurs populations de descendants de variétés résistantes au vignoble et de collections ampélographiques.

L'unité de recherche utilise du matériel analytique (UHPLC-MS et GC-LMS) moderne et performant pour la caractérisation des métabolites secondaires (équipe de P.Hugueney).

La construction des cartes génétiques et la recherche de QTLs s'effectuent à l'aide de logiciels spécialisés (JoinMap, MapQTL, R/QTL). Le travail d'analyse bio-informatique bénéficie d'un serveur local de 64 cœurs.

B. Les teneurs en sucres

La teneur en sucres des raisins est un paramètre essentiel déterminant la teneur en alcool des vins et éventuellement en sucres résiduels non fermentés. Il est la résultante du fonctionnement globale de la plante, à savoir de son activité photosynthétique, du volume de fruits à mener à maturité et à la physiologie même de la baie de raisin. Si des QTLs ont déjà été proposés chez la vigne, ils ont des effets faibles et/ou leur reproductibilité n'a pas été démontrée [6, 73, 104]. Une décomposition plus poussée du caractère, basée une approche de modélisation, est une voie possible pour progresser, comme cela a été montré pour la tomate [88] ou la pêche [89]. Une approche différente est d'étudier pourquoi certains génotypes issus de croisements avec des espèces différentes de *Vitis vinifera*, ont des teneurs en sucres toujours assez faibles. Un tel travail est en cours à l'UMR INRA-Montpellier SupAgro-CIRAD AGAP à Montpellier.

Nous avons montré en étudiant la descendance RixGw que les teneurs en sucres pour un génotype donné à une date donnée dépendaient :

- de la date de véraison, qui conditionne les conditions climatiques pendant la maturation des raisins [41]
- du rapport entre surface foliaire et quantité de raisins par plante [41],
- d'un coefficient de valorisation en sucres solubles du saccharose importé dans la baie [10].

Nous avons identifié des QTLs et proposé des gènes candidats pour les stades de développement [36]. Cette méthodologie a également permis la détection d'un QTL pour les teneurs en sucres sur le chromosome 8, indépendant du niveau de rendement et de la date de début de maturation [30]. Enfin, en collaboration avec l'INRA de Bordeaux (Zhanwu Dai), et sur la base d'un modèle écophysologique similaire à celui utilisé pour la pêche [89] ou la tomate [88], nous avons mis en évidence une variabilité génétique pour le taux de transformation des sucres importés dans la baie en sucres fermentescibles dans une population en ségrégation [10]. Ce travail mériterait d'être approfondi. L'obtention de paramètres de modèles écophysologiques pour les teneurs en sucres pour des centaines de génotypes est cependant un processus lourd et la portée des éventuels résultats assez incertaine. En effet, la multiplicité des facteurs qui gouvernent l'accumulation des sucres rend difficile le contrôle de leurs teneurs dans les raisins des futures variétés. Les méthodes agronomiques de contrôle de la photosynthèse par la surface foliaire (architecture du couvert, rognages, effeuillages) participent au contrôle des teneurs en sucres et peuvent être utilisés pour moduler les comportements variétaux. L'approche génétique n'est donc pas à mes yeux prioritaire.

C. L'acidité

L'acidité est un paramètre sensoriel essentiel: trop élevée les vins vont être jugés verts et agressifs, trop faible, les vins vont apparaître plats et mous. L'acidité participe également à la stabilité microbiologique des vins et à leur potentiel de vieillissement.

L'acidité des vins peut être caractérisée par une mesure de pH ou de l'acidité de titration. pH et acidité de titration dépendent des concentrations en acides organiques et des teneurs en cations des vins, essentiellement le potassium. Les principaux acides organiques des raisins sont l'acide malique (Mal) et l'acide tartrique (Tart), qui représentent à eux seuls plus de 90 % des acides des raisins [95]. L'acidité sera d'autant plus élevée que les teneurs en acides organiques seront fortes et que les teneurs en cations seront basses.

Les quantités d'acide tartrique par baie sont considérées comme constantes à partir de la véraison [12] alors que l'acide malique est dégradé au cours de la maturation, d'autant plus rapidement que les températures sont élevées [42, 99]. Pour les deux acides les concentrations baissent au cours de la maturation par un phénomène de dilution consécutif à l'augmentation du volume des baies. Des variations génétiques pour le pH des raisins dans des descendances de croisement de variétés *Vitis vinifera* ont déjà été décrites [3, 42] mais le lien avec des variations de teneurs en acide malique [Mal], de teneurs en acide tartrique [Tart], ou du rapport [Mal]/[Tart] n'ont pas été établies, bien que des QTLs aient été détectés pour ces caractères [6, 73, 104]. L'élément explicatif manquant est sans doute le potassium [K+]: bien que ce caractère puisse ségréger dans des descendances [3, 73], une trop faible héritabilité [73] a pu gêner la détection de QTLs. Il faut également avoir à l'esprit que les teneurs en potassium des jus peuvent également dépendre du porte-greffe utilisé, qui peut induire des variations de pH entre 3,76 et 4,27 dans des raisins de Syrah [82]. Par ailleurs des variations des teneurs en potassium des feuilles de descendants d'un croisement entre porte-greffe ont pu être mises en évidence [68]. Il serait donc légitime de travailler sur les déterminants génétiques de l'acidité des raisins par le biais des porte-greffe.

Pour notre part, nous avons identifié des QTLs pour les paramètres de l'acidité en utilisant 120 individus de la population RixGw. Ces QTLs sont beaucoup moins robustes (LOD score et pourcentage de variance expliquée, répétabilité) pour les concentrations seules ([Mal], [Tart], [K+]) que pour des ratios ([Mal]/[Tart], [K+]/[Tart]). Cette observation suggère que l'acidité des raisins est sous le contrôle de régulations complexes qui tendent sans doute à maintenir une

certaine homéostasie du pH dans les cellules et qui font que les concentrations en acide malique, en acide tartrique et en potassium ne peuvent varier indépendamment les unes des autres. La recherche et la validation de gènes candidats en cours se poursuivra en collaboration avec une équipe de l'Inra Montpellier (Isabelle Gaillard, unité BPMP). Les gènes à explorer en priorité participent aux échanges d'ions à travers la membrane vacuolaire. Il peut s'agir de transporteurs de malate, de canaux potassiques ou de pompes à protons, mais aussi de protéines régulatrices de ces transporteurs.

La validation des gènes candidats pourra se faire sous deux angles.

Si l'on se place du point de vue du sélectionneur, nous pourrions choisir une méthode de génotypage permettant de révéler la variabilité génétique à un locus donné : il peut s'agir de SNP au sein d'un gène ou de variations de taille d'amplicons PCR dans des régions à l'intérieur, ou flanquant, le gène d'intérêt. La robustesse de tels marqueurs de sélection pourra être évaluée parmi les 260 génotypes de la population RixGw non utilisés pour la recherche de QTLs. Plus largement, la portabilité d'un marqueur peut également être étudiée dans les collections ampélographiques disponibles à l'Inra, dans les populations en cours de sélection, ou dans les descendances de croisement réalisés pour la recherche de QTLs de résistance aux maladies disponibles au vignoble sur le site Inra de Colmar. Nous avons de plus l'intention d'implanter au vignoble un panel de 279 génotypes défini par l'Inra Montpellier pour les études de génétique d'association [87].

Nous chercherons en parallèle à mieux comprendre les déterminants moléculaires des variations génétiques de l'acidité des raisins. La validation fonctionnelle des gènes candidats passera alors par des techniques maîtrisées par l'UMR BPMP de l'Inra Montpellier (ovocytes de xénope, patch clamp). Cette collaboration est d'ores et déjà formalisée avec cette équipe puisque je participe à l'encadrement d'une thèse (Jérémy Vilette) sur ce sujet au sein du laboratoire d'Isabelle Gaillard. Si les résultats suggèrent que ce sont des variations de niveau d'expression plus que des variations de séquences protéiques qui sont à l'origine de la variabilité génétique, des RT-qPCR de gènes candidats sur des génotypes de la population seront réalisées puis la variabilité des séquences régulatrices analysée.

Le défi sera d'assembler l'ensemble des résultats pour comprendre la variabilité des pH des raisins. Une étape de modélisation sera vraisemblablement nécessaire. Nous avons déjà mis au point un outil permettant de calculer un pH en fonction des teneurs en acides organiques et en potassium [42].

D. Métabolisme secondaire

Les métabolites secondaires des raisins jouent un rôle central dans les qualités organoleptiques des vins car ils sont à la base de la coloration, des arômes et de la structure des vins.

Les composés phénoliques forment des familles de molécules très diverses à l'origine de la coloration rouge des raisins (les anthocyanes) ou contribuant aux sensations en bouche procurées par les vins (les tannins condensés) [5]. Ce sont des métabolites essentiels pour la qualité des vins rouges. L'insertion d'un rétrotransposon dans le promoteur d'un facteur Myb, mais également des mutations, constituent les mécanismes de base conduisant à des raisins blancs [81, 103]. L'étude plus fine des compositions et des équilibres en anthocyanes et tannins est en cours [9, 67, 74].

Notre priorité va essentiellement aux arômes et précurseurs d'arômes présents dans les raisins. Ces composés sont habituellement décrits comme des arômes primaires, par comparaison avec ceux qui apparaissent lors de l'élaboration du vin (fermentations alcoolique et malolactique, élevage en barrique,...), appelés arômes secondaires, et ceux apparaissant au cours du vieillissement, appelés arômes tertiaires

Des molécules aromatiques, au sens sensoriel, peuvent être directement présentes dans les raisins. C'est le cas pour les terpénols, les norisoprénoïdes ou les méthoxy-pyrazines. Elles peuvent

également résulter de la transformation de précurseurs au cours de la fermentation ou du vieillissement. Des variations alléliques peuvent générer des différences dans la biosynthèse d'arômes ou de précurseurs, aussi bien entre variétés qu'entre clones d'une même variété [34, 52]. Bien que les molécules issues des raisins participant au caractère olfactif des vins se comptent par centaines [77], des déterminants génétiques des variations ne sont connus que pour les terpénols [2, 34, 64, 76], les méthoxy-pyrazines [70] et la rotundone [16, 100].

D'autres types de molécules méritent cependant dans notre contexte des travaux plus approfondis.

Le 4-vinylguaiacol est un phénol volatil décrit comme élément essentiel de la typicité des vins de Gewurztraminer [102]. Il est sans doute à l'origine des arômes épicés des vins de ce cépage, car il participe aux arômes « clou de girofle » de certaines bières [84]. Il est formé au cours de la fermentation alcoolique à partir de l'acide férulique présent dans les moûts.

Le TDN (1,1,6-triméthyl-1,2-dihydronaphthalène) est par contre spécifique du Riesling [96] et lui confère des notes d'hydrocarbures à forte concentration, et participe *a priori* à son caractère minéral à faible concentration. Le TDN fait partie de la famille des norisoprénoïdes, molécules en C₁₃ issues de la dégradation des caroténoïdes. L'implication du 4-vinylguaiacol et du TDN dans la typicité respectivement du Gewurztraminer et Riesling n'est cependant pas clairement démontré.

Le cas des thiols volatils est différent. Ces composés très diversifiés peuvent apporter aux vins des notes très positives (cassis, fruit de la passion, pamplemousse). Ces molécules volatiles sont libérées au cours de la vinification par les levures qui hydrolysent des précurseurs cystéinylés ou glutathionylés présents dans les moûts [94]. Si le Sauvignon blanc est le cépage le plus emblématique, et le plus étudié, pour la contribution olfactive des thiols volatils, le Riesling et le Gewurztraminer en contiennent des quantités significatives [101]. Le 3-sulfanylhexan-1-ol (3-SH) pourrait ainsi contribuer aux arômes de fruits exotiques du Gewurztraminer [92]. Les travaux de Schüttler [97, 98] constituent une avancée majeure dans la caractérisation de la typicité des vins de Riesling. Ils confirment que le linalol, des oxydes terpéniques et le TDN sont des composés permettant de discriminer les vins de Riesling de vins de Sauvignon blanc ou de Chardonnay. Le résultat le plus novateur est cependant la mise en évidence de l'importance du 3-SH. En ne considérant que des vins de Riesling, la teneur en 3-SH, molécule associée au caractère « pamplemousse », est corrélée positivement à une évaluation de la typicité « Riesling » sur une échelle numérique [98].

L'unité de recherche de Colmar focalise son travail sur les composés participant à l'arôme des raisins et des vins. Nous avons obtenu des résultats significatifs sur la synthèse des terpénols en montrant le rôle central de la variabilité de séquences du gène codant pour une 1-deoxy-D-xylulose-5-phosphate synthase (DXS) dans la capacité de synthèse des terpénols en fortes quantités [34]. Cette découverte, valorisée par un brevet [75], fait l'objet d'une exploitation industrielle par la société DEINOVE [13]. Nous avons également montré le rôle d'un deuxième locus du chromosome 10 qui oriente la synthèse préférentiellement vers le linalol ou vers le géraniol [34]. En utilisant la même démarche et les mêmes outils que pour les déterminants génétiques des paramètres de l'acidité des raisins, nous poursuivrons les travaux engagés sur les arômes dans trois directions :

- Analyse en profondeur des gènes et des voies de régulation impliqués dans la variabilité génétique de synthèse des isoprénoïdes,
- Analyse du déterminisme génétique de la synthèse des thiols volatils, de phénols volatils et des caroténoïdes,
- Etude de différents fonds génétiques. Les travaux actuels sont essentiellement basés sur les descendants de la population RixGw. De nouvelles populations seront disponibles sous peu au vignoble ou seront créées au cours des processus de sélection. Tous ces jeux de génotypes pourront être utilisés pour tester la robustesse et la portabilité des résultats.

Je suis, avec P. Hugueney, co-encadrant d'une doctorante, Thuy Thanh Truong, sur ce sujet.

III. Interactions entre génome et environnement

Les productions végétales sont conduites dans des conditions d'environnement très diverses, avec des variations climatiques à grande échelle, des variations des types de sol, et enfin des variations climatiques interannuelles. Pour une plante comme la vigne se surimposent des modes de conduite différents entre vignobles et une incidence du porte-greffe utilisé. Les valeurs observées pour un caractère phénotypique pour une variété donnée, mais surtout les classements des variétés entre elles, sont souvent très instables. En d'autres termes les interactions génotype x environnement (GxE) mais aussi génotype x mode de conduite (GxC) et génotype x porte-greffe (GxPG) peuvent être très fortes. La connaissance des gènes impliqués n'est donc pas toujours suffisante pour prévoir un phénotype observé au vignoble. Les interactions Gx(ExCxPG) sont cependant différentes selon les caractères. Un caractère tel que la couleur des raisins, contrôlé par un locus du chromosome 2 [15], est observable quelles que soient les conditions de milieu et on pourrait faire le même constat pour les effets des variations alléliques dans le gène *DXS* sur la synthèse globale des terpénols. Par contre, les variations des teneurs en sucres, de l'acidité ou des teneurs en linalol des raisins sont beaucoup plus fluctuantes. Anticiper un phénotype au vignoble nécessite donc de connaître de manière aussi quantitative que possible les relations entre environnement et caractère. Des expérimentations avec des boutures fructifères en conditions contrôlées nous ont permis de montrer que les concentrations en linalol (arômes de muscat) étaient d'autant plus basses que les conditions de maturation étaient chaudes. Des résultats de RT-qPCR sur Riesling dans les mêmes conditions montrent que le niveau d'expression d'un gène codant pour une linalol synthase était plus faible à forte température qu'à basse température [35]. Nous disposons par ailleurs d'une relation entre températures et dégradation de l'acide malique [42] qui nous permet de simuler des valeurs d'acidité pour différentes conditions de maturation. Nous envisageons de poursuivre ces investigations sur de nouveaux dispositifs avec des plantes en pots à l'extérieur avec l'objectif de quantifier les effets de températures élevées, d'une part sur la composition des raisins, d'autre part sur le niveau d'expression des gènes impliqués dans les variations génétiques de caractères d'intérêt. Ces résultats devraient fournir une vision du risque que prendrait un sélectionneur à conserver dans ses descendance de croisement un gène dont les effets ne seraient plus significatifs dans un contexte de changement climatique.

IV. Construire les génotypes du futur

L'amélioration génétique est actuellement en pleine mutation, quelque soit l'espèce, animale ou végétale, avec la possibilité de génotypage à très haut débit. La « sélection assistée par marqueurs » consiste à trouver dans un descendant celui qui porte des allèles favorables pour certains caractères, à des loci bien identifiés. C'est cette méthode qui est actuellement employée pour la création de variétés de vigne résistantes aux maladies [63]. La possibilité d'obtenir des informations génétiques à très haute densité sur des génomes entiers a permis de proposer une nouvelle approche, la « sélection génomique » [86]. Cette méthode consiste à utiliser des informations de toutes les positions caractérisées d'un génome pour calculer la valeur d'un caractère pour un individu. Cette méthode est aujourd'hui employée à très grande échelle pour la sélection des bovins laitiers et s'étend à tous les ruminants [83]. Les réflexions sur l'utilisation de la sélection génomique dans les programmes de sélection de plantes sont très actives [72, 85]. Cette approche est en cours d'évaluation pour des plantes comme la tomate [17], le blé [71], le ray-grass [65] ou la vigne [66], pour citer en exemple quatre espèces dont les utilisations sont différentes. Nous participons actuellement à un programme visant à évaluer l'intérêt d'une telle méthode pour la vigne et les arbres fruitiers. Nous disposons pour ce faire de données de « Genotyping by sequencing » pour 252 génotypes de notre descendance RieslingxGewurztraminer. Il est peu vraisemblable que cette méthode soit pertinente pour des caractères bruts fortement soumis aux influences de l'environnement (sucres, acides,...). Par

contre elle peut permettre de déterminer de façon plus précise des valeurs de paramètres de modèles écophysiologiques. La recherche de valeurs génétiques de paramètres de modèles en utilisant la sélection génomique est déjà envisagée sur blé [93]. La connaissance du déterminisme génétique de paramètres de modèles permet de prévoir le comportement de génotypes dans différents environnements à partir de données génotypiques et de descripteurs du milieu [69, 91]. Il devient également possible de construire des génotypes virtuels et d'anticiper leur comportement dans des conditions de climat simulées pour le futur, comme par exemple pour les stades de développement de la vigne [48]. En connaissant les déterminants génétiques des caractères participant à l'adaptation, ainsi que l'impact des conditions climatiques sur la composition des raisins, il devient possible d'anticiper les comportements par l'évaluation de génotypes virtuels. Une fois un idéotype défini, créer le génotype réel correspondant est un véritable défi. Le nombre de descendants qu'il est matériellement possible d'obtenir en croisant deux génotypes de vigne est clairement un facteur limitant des programmes de sélection. Pour intégrer dans de nouvelles variétés à la fois des caractères de résistance à plusieurs maladies, des caractères agronomiques et des caractéristiques des raisins précises, il sera nécessaire de progresser sur les méthodes permettant de trouver les meilleurs compromis [90] mais aussi sur les schémas de sélection eux-mêmes, avec une optimisation de l'utilisation de la sélection assistée par marqueurs et de la sélection génomique.

Pour conclure...

L'ambition de ce projet de recherche est donc d'identifier des déterminants génétiques de caractères incontournables de la composition des raisins, d'apporter autant que faire se pourra des réponses sur les mécanismes moléculaires à l'origine des variations génétiques, mais également d'intégrer toutes les connaissances disponibles dans des outils permettant d'anticiper le comportement des variétés dans des conditions changeantes de milieu. L'UMR Santé de la vigne et qualité du vin de l'Inra Colmar dispose actuellement de matériel végétal, de ressources génomiques et analytiques de tout premier plan, mais aussi des savoir faire associés, pour que ce projet soit fructueux.

Habilitation à diriger des recherches
Éric DUCHÊNE

Références bibliographiques

1. J. Bakker, R. J. Clarke, in *Wine Flavour Chemistry*. (Wiley-Blackwell, Oxford, UK, 2011), pp. 155-238.
2. J. Battilana *et al.*, Functional effect of grapevine 1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate synthase substitution K284N on Muscat flavour formation. *J. Exp. Bot.* **62**, 5497-5508 (2011).
3. A. Bayo-Canha, J. I. Fernandez-Fernandez, A. Martinez-Cutillas, L. Ruiz-Garcia, Phenotypic segregation and relationships of agronomic traits in Monastrell x Syrah wine grape progeny. *Euphytica* **186**, 393-407 (2012).
4. N. Brisson *et al.*, STICS: a generic model for the simulation of crops and their water and nitrogen balances. I. Theory and parameterization applied to wheat and corn. *Agronomie* **18**, 311-346 (1998).
5. S. D. Castellarin, L. Bavaresco, L. Falginella, M. I. V. Z. Gonçalves, G. Di Gaspero, in *The biochemistry of the grape berry*, H. Geros, M. M. Chaves, S. Delrot, Eds. (Bentham Science Publishers Ltd., Sharjah, U.A.E., 2014).
6. J. Chen *et al.*, Construction of a high-density genetic map and QTLs mapping for sugars and acids in grape berries. *BMC Plant Biol.* **15**, 28 (2015).
7. CIVA. <http://technique.vinsalsace.pro/index.php?p=pheno>, Accès (réservé) le 9/9/2017.
8. L. Costantini *et al.*, Generation of a common set of mapping markers to assist table grape breeding. *Am. J. Enol. Vitic.* **58**, 102-111 (2007).
9. L. Costantini *et al.*, New candidate genes for the fine regulation of the colour of grapes. *J. Exp. Bot.* **66**, 4427-4440 (2015).
10. Z. Dai *et al.*, Inter-species comparative analysis of components of soluble sugar concentration in fleshy fruits. *Front. Plant Sci.* **7**, (2016).
11. Z. W. Dai *et al.*, Model-based analysis of sugar accumulation in response to source-sink ratio and water supply in grape (*Vitis vinifera*) berries. *Funct. Plant Biol.* **36**, 527-540 (2009).
12. S. DeBolt, R. Ristic, P. G. Iland, C. M. Ford, Altered light interception reduces grape berry weight and modulates organic acid biosynthesis during development. *HortScience* **43**, 957-961 (2008).
13. DEINOVE. www.deinove.com/fr/actualites/tous-les-communiques/deinove-franchit-avec-succes-letape-cle-1-son-programme-deinochem-et-recoit-1-million-deuros. Accès le 9/9/2017.
14. F. Deneufbourg, E. Duchêne, in *Agrophysiologie du pois protéagineux*, B. Ney, E. Duchêne, B. Carrouée, F. Angevin, Eds. (UNIP-ITCF-INRA, Paris, 1994), pp. 247-252.
15. A. Doligez *et al.*, Genetic mapping of grapevine (*Vitis vinifera* L.) applied to the detection of QTLs for seedlessness and berry weight. *Theor. Appl. Genet.* **105**, 780-795 (2002).
16. D. P. Drew *et al.*, Two key polymorphisms in a newly discovered allele of the *Vitis vinifera* TPS24 gene are responsible for the production of the rotundone precursor alpha-guaiene. *J. Exp. Bot.* **67**, 799-808 (2016).
17. J. Duangjit, M. Causse, C. Sauvage, Efficiency of genomic selection for tomato fruit quality. *Mol. Breed.* **36**. Article 29. (2016).
18. E. Duchêne, in *Agrophysiologie du pois protéagineux*, B. Ney, E. Duchêne, B. Carrouée, F. Angevin, Eds. (UNIP-ITCF-INRA, Paris, 1994), pp. 253-257.
19. E. Duchêne, Agronomie du pois dans l'Europe de l'Ouest. *Académie d'Agriculture de France*. Paris, 3 mai 1995.
20. E. Duchêne, De combien la "voie hiver" permettrait-elle d'accroître le potentiel de rendement? Quelles sont les limites actuelles? *Forum Pois 96*, Paris, 8 mars 1996.
21. E. Duchêne, Variabilité génétique du rythme d'émission des feuilles chez la Vigne - relation avec la précocité de floraison. *10^e Journées du GESCO* (Changins, Suisse, 26-28 mai 1998). Station fédérale de recherches en production végétale de Changins pp. 72-78.
22. E. Duchêne Les changements climatiques et la vigne en Alsace. *Association Pour la Protection de l'Air en Alsace*, Colmar, 12 avril 2011.

23. E. Duchêne, Les enjeux du changement climatique sur les activités agricoles et viticoles en France. *Société Météorologique de France*, Paris, 23 mars 2011.
24. E. Duchêne, Impacts attendus des changements climatiques sur la vigne et possibilités d'adaptations. *54^e congrès des œnologues de France*, Ribeauvillé, 22 mai 2014.
25. E. Duchêne, What could be a grapevine variety adapted to climatic conditions of the future? *IBMP Plant Biology day*, Strasbourg, 30 octobre 2014.
26. E. Duchêne, Impact du changement climatique sur la vigne et le vin: quel matériel végétal et quelles pratiques culturales ? *SITEVI*, Montpellier, 24 novembre 2015
27. E. Duchêne, Impacts attendus des changements climatiques sur la vigne et possibilités d'adaptations. *Assemblée générale "Union Champagne"*, Avize, 16 janvier 2015.
28. E. Duchêne, La vigne en Alsace: quels impacts et possibilités d'adaptation? *Les conférences du Jardin des sciences*. Université de Strasbourg, Strasbourg, 22 Octobre 2015. audiovideocast.unistra.fr/avc/courseaccess?id=15685.
29. E. Duchêne, Les enjeux de l'adaptation de la viticulture au changement climatique. *La filature/Université de Mulhouse*, Mulhouse, 2 novembre 2015.
30. E. Duchêne, Une exploration des possibilités génétiques pour l'adaptation de la vigne au changement climatique. Thèse de doctorat. École doctorale des sciences de la vie et de la santé- Spécialité : Sciences Agronomiques. Université de Strasbourg, Strasbourg, (2015).
31. E. Duchêne, Savoir s'adapter sans s'uniformiser, le défi des cépages français face au changement climatique. *The conversation*, 5 décembre 2016.
32. E. Duchêne *et al.*, Genetic determinism of geraniol and linalool concentrations in grapevine berries. *Oeno 2011, Actes de colloques du 9^{ième} symposium International d'Oenologie de Bordeaux*, Université de Bordeaux Segalen Ed. (Dunod, Paris), pp 192-195.
33. E. Duchêne *et al.*, Genetic determinism of the 'Muscat' flavour in grapevine (*Vitis vinifera* L.) cultivars. *Acta Hortic.* **1157**, 87-92 (2017).
34. E. Duchêne *et al.*, A grapevine (*Vitis vinifera* L.) deoxy-d-xylulose synthase gene colocalizes with a major quantitative trait loci for terpenol content. *Theor. Appl. Genet.* **118**, 541-552 (2009).
35. E. Duchêne, G. Butterlin, P. Claudel, N. Jaegli, Consequences of elevated temperatures during ripening on the biosynthesis of monoterpenols in grape berries. *Sustainable grape and wine production in the context of climate change - Climwine2016* (Bordeaux, France, 10-13 Avril 2016).
36. E. Duchêne, G. Butterlin, V. Dumas, D. Merdinoglu, Towards the adaptation of grapevine varieties to climate change: QTLs and candidate genes for developmental stages. *Theor. Appl. Genet.* **124**, 623-635 (2012).
37. E. Duchêne, B. Carrouée, Methodology for an agronomic diagnosis of pea crop. *2nd ESA congress* (Warwick, UK, 23-28 Août 1992). European Society for Agronomy Ed. pp. 60-61.
38. E. Duchêne, B. Carrouée, Stades de développement du pois in *Agrophysiologie du pois protéagineux*, B. Ney, E. Duchêne, B. Carrouée, F. Angevin, Eds. (UNIP-ITCF-INRA, Paris, 1994), pp. 35-38.
39. E. Duchêne *et al.*, Towards the adaptation of grapevine genotypes to climate change: genetic determinism of phenology and berry quality parameters. *Grapevine Breeding International Symposium* (Beijing, China, 28 July - 2 August 2014).
40. E. Duchêne, J. Desbureaux, F. P. Roques, P. Gate, F. Deneufbourg, Resistance to frost and to winter conditions of combining pea varieties. *3rd ESA Congress* (Abano-Padova, Italie, 18-22 Septembre 1994). European Society for Agronomy Ed. pp. 358-359.
41. E. Duchêne, V. Dumas, N. Jaegli, D. Merdinoglu, Deciphering the ability of different grapevine genotypes to accumulate sugar in berries. *Aust. J. Grape Wine Res.* **18**, 319-328 (2012).

42. E. Duchêne, V. Dumas, N. Jaegli, D. Merdinoglu, Genetic variability of descriptors for grapevine berry acidity in Riesling, Gewürztraminer and their progeny. *Aust. J. Grape Wine Res.* **20**, 91-99 (2014).
43. E. Duchêne, V. Dumas, N. Jaegli, D. Merdinoglu, Z. Dai, Deciphering the genetic variability of berry sugar content in grapevine cultivars. *Acta Hortic.* **1157**, 83-86 (2017).
44. E. Duchêne et al., Adapter le matériel végétal au changement climatique : ne pas sous-estimer le défi à relever. *Première Rencontre du Nouveau Réseau Vigne et Vins Septentrional*. Colmar, 1-2 juillet 2013.
45. E. Duchêne, G. Etévé, Typologie des variétés: applications au choix de la variété et à sa conduite in *Agrophysiologie du pois protéagineux*, B. Ney, E. Duchêne, B. Carrouée, F. Angevin, Eds. (UNIP-ITCF-INRA, Paris, 1994), pp. 269-277.
46. E. Duchêne, B. Gaillard, La physiologie du pois et ses applications en parcelles d'agriculteurs: comment expliquer les différences de rendement et de teneurs en protéines? in *Agrophysiologie du pois protéagineux*, B. Ney, E. Duchêne, B. Carrouée, F. Angevin, Eds. (UNIP-ITCF-INRA, Paris, 1994), pp. 239-246.
47. E. Duchêne, P. Gate, G. Etévé, Development and morphology variability of combining varieties of pea (*Pisum sativum* L.) cultivated in France. *3rd ESA Congress* (Abano-Padova, Italie, 18-22 Septembre 1994). European Society for Agronomy Ed. pp. 110-111.
48. E. Duchêne, F. Huard, V. Dumas, C. Schneider, D. Merdinoglu, The challenge of adapting grapevine varieties to climate change. *Clim. Res.* **41**, 193-204 (2010).
49. E. Duchêne, F. Huard, P. Pieri, Grapevine and climate change: what adaptations of plant material and training systems should we anticipate? *J. Int. Sci. Vigne Vin Special Laccave*, 59-67 (2014).
50. E. Duchêne, N. Jaegli, R. Salber, Incidence du rapport feuille/fruit au cours d'une année n sur la fertilité des bourgeons l'année n+2 : cas du Gewurztraminer et du pinot noir en serre. *J. Int. Sci. Vigne Vin* **37**, 257-260 (2003).
51. E. Duchêne, N. Jaegli, R. Salber, J.-P. Gaudillère, Effects of ripening conditions on the following season's growth and yield components for Pinot noir and Gewurztraminer grapevines (*Vitis vinifera* L.) in a controlled environment. *J. Int. Sci. Vigne Vin* **37**, 39-49 (2003).
52. E. Duchêne et al., Variation of linalool and geraniol content within two pairs of aromatic and non aromatic grapevine clones. *Aust. J. Grape Wine Res.* **15**, 120-130 (2009).
53. E. Duchêne et al., Elaboration du nombre de baies par m² pour le pinot noir et le chardonnay en Alsace, Bourgogne et Champagne. *J. Int. Sci. Vigne Vin* **35**, 215-224 (2001).
54. E. Duchêne et al., Incidence au vignoble des conditions de maturation sur l'élaboration du rendement au cours de l'année suivante. *J. Int. Sci. Vigne Vin* **37**, 103-116 (2003).
55. E. Duchêne, C. Plai, Plant density response of three pea varieties in Normandy. *2nd European Conference on grain legumes* (Copenhague, Danemark, 9-13 Juillet, 1995), Association Européenne pour le Recherche sur les Protéagineux Ed. pp. 159.
56. E. Duchêne, C. Plai, F. P. Roques, Influence of the sowing date on the yield and yield components of a pea crop (*Pisum sativum* L.) in Caen plain (Calvados-France). *1^o Conférence Européenne sur les Protéagineux* (Angers, France, 1-3 Juin 1992). Association Européenne de recherche sur les protéagineux Ed. pp. 285-286.
57. E. Duchêne, C. Schneider, Effects of nitrogen nutrition on fruit set of grapevine (*Vitis vinifera* L.) during current and following growing season. *6th International Symposium on grapevine physiology and biotechnology* (Heraklion, Greece, 11-15 Juin 2000).
58. E. Duchêne, C. Schneider, Grapevine and climatic changes: a glance at the situation in Alsace. *Agron. Sustain. Dev.* **25**, 93-99 (2005).

59. E. Duchêne, C. Schneider, J.-P. Gaudillère, Effects of nitrogen nutrition timing on fruit set of grapevine, cv. Grenache. *Vitis* **40**, 45-46 (2001).
60. E. Duchêne, C. Schneider, C. Hennequet, S. Huet, Estimating the seed content of *Vitis vinifera* cv. Gewürztraminer berries by two parameters related with the fecundation process. *Vitis* **38**, 61-66 (1999).
61. E. Duchêne, F. X. Turpin, Environmental factors and combining pea varieties performances. *2nd European Conference on grain legumes* (Copenhagen, Denmark, 9-13 Juillet 1995) Association Européenne pour le Recherche sur les Protéagineux Ed. pp. 214-215.
62. R. Durand, R. Bonhomme, M. Derieux, Seuil optimal des sommes de températures. Application au maïs (*Zea mays* L.). *Agronomie* **2**, 589-597 (1982).
63. R. Eibach, E. Zyprian, L. Welter, R. Töpfer, The use of molecular markers for pyramiding resistance genes in grapevine breeding. *Vitis* **46**, 120-124 (2007).
64. F. Emanuelli *et al.*, A candidate gene association study on muscat flavor in grapevine (*Vitis vinifera* L.). *BMC Plant Biol.* **10**, 241 (2010).
65. D. Fe *et al.*, Accuracy of Genomic Prediction in a Commercial Perennial Ryegrass Breeding Program. *Plant Genome* **9**, 12 (2016).
66. A. Fodor *et al.*, Genome-Wide Prediction Methods in Highly Diverse and Heterozygous Species: Proof-of-Concept through Simulation in Grapevine. *PLoS One* **9**, (2014).
67. A. Fournier-Level *et al.*, Quantitative Genetic Bases of Anthocyanin Variation in Grape (*Vitis vinifera* L. ssp *sativa*) Berry: A Quantitative Trait Locus to Quantitative Trait Nucleotide Integrated Study. *Genetics* **183**, 1127-1139 (2009).
68. H. J. Gong, D. H. Blackmore, P. R. Clingeleffer, S. R. Sykes, R. R. Walker, Variation for potassium and sodium accumulation in a family from a cross between grapevine rootsocks K 51-40 and 140 Ruggeri. *Vitis* **53**, 65-72 (2014).
69. J. F. Gu, X. Y. Yin, C. W. Zhang, H. Q. Wang, P. C. Struik, Linking ecophysiological modelling with quantitative genetics to support marker-assisted crop design for improved yields of rice (*Oryza sativa*) under drought stress. *Ann. Bot.* **114**, 499-511 (2014).
70. S. Guillaumie *et al.*, Genetic Analysis of the Biosynthesis of 2-Methoxy-3-Isobutylpyrazine, a Major Grape-Derived Aroma Compound Impacting Wine Quality. *Plant Physiol.* **162**, 604-615 (2013).
71. E. L. Heffner, A. J. Lorenz, J. L. Jannink, M. E. Sorrells, Plant Breeding with Genomic Selection: Gain per Unit Time and Cost. *Crop Sci.* **50**, 1681-1690 (2010).
72. J. J. M. Hickey, T. Chiurugwi, I. Mackay, W. Powell, Implementing Genomic Selection in, Genomic prediction unifies animal and plant breeding programs to form platforms for biological discovery. *Nat. Genet.* **49**, 1297-1303 (2017).
73. C. Houel *et al.*, Identification of stable QTLs for vegetative and reproductive traits in the microvine (*Vitis vinifera* L.) using the 18 K Infinium chip. *BMC Plant Biol* **15**, 205 (2015).
74. Y. F. Huang *et al.*, Dissecting genetic architecture of grape proanthocyanidin composition through quantitative trait locus mapping. *BMC Plant Biol.* **12**, 30 (2012).
75. P. Huguency, E. Duchêne, D. Merdinoglu, 1--deoxy--D--xylulose 5-phosphate synthase alleles responsible for enhanced terpene biosynthesis. Patent WO 2012/052171 A1. Génoplatte-Valor, France.
76. T. Ilc *et al.*, A grapevine cytochrome P450 generates the precursor of wine lactone, a key odorant in wine. *New phytologist* **213**, 264-274 (2016).
77. T. Ilc, D. Werck-Reichhart, N. Navrot, Meta-Analysis of the Core Aroma Components of Grape and Wine Aroma. *Front. Plant Sci.* **7**, 1472 (2016).
78. IPCC, *Climate Change 2014: Impacts, Adaptation, and Vulnerability. Part A: Global and Sectoral Aspects. Contribution of Working Group II to the Fifth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change.* C. B. Field *et al.*, Eds., (Cambridge University Press, Cambridge, United Kingdom and New York, NY, USA, 2014), pp. 1132.
79. O. Jaillon *et al.*, The grapevine genome sequence suggests ancestral hexaploidization in major angiosperm phyla. *Nature* **449**, 463-465 (2007).

80. M. H. Jeuffroy, F. Devienne, A simulation-model for assimilate partitioning between pods in Pea (*Pisum sativum* L.) during the period of seed set - validation in field conditions. *Field Crops Research* **41**, 79-89 (1995).
81. S. Kobayashi, N. Goto-Yamamoto, H. Hirochika, Retrotransposon-induced mutations in grape skin color. *Science* **304**, 982-982 (2004).
82. S. Kodur, J. M. Tisdall, P. R. Clingeleffer, R. R. Walker, Regulation of berry quality parameters in 'Shiraz' grapevines through rootstocks (*Vitis*). *Vitis* **52**, 125-128 (2013).
83. Institut de l'élevage.
http://idele.fr/no_cache/recherche/publication/idelesolr/recommends/la-selection-genomique-accessible-a-tous-les-ruminants.html. Accès le 9/9/2017.
84. D. Langos, M. Granvogl, Studies on the Simultaneous Formation of Aroma-Active and Toxicologically Relevant Vinyl Aromatics from Free Phenolic Acids during Wheat Beer Brewing. *J. Agric. Food Chem.* **64**, 2325-2332 (2016).
85. J. J. Marulanda *et al.*, Optimum breeding strategies using genomic selection for hybrid breeding in wheat, maize, rye, barley, rice and triticale. *Theor. Appl. Genet.* **129**, 1901-1913 (2016).
86. T. H. E. Meuwissen, B. J. Hayes, M. E. Goddard, Prediction of Total Genetic Value Using Genome-Wide Dense Marker Maps. *Genetics* **157**, 1819 (2001).
87. S. D. Nicolas *et al.*, Genetic diversity, linkage disequilibrium and power of a large grapevine (*Vitis vinifera* L) diversity panel newly designed for association studies. *BMC Plant Biol* **16**, 74 (2016).
88. M. Prudent *et al.*, Combining ecophysiological modelling and quantitative trait locus analysis to identify key elementary processes underlying tomato fruit sugar concentration. *J. Exp. Bot.* **62**, 907-919 (2011).
89. B. Quilot, J. Kervella, M. Genard, F. Lescourret, Analysing the genetic control of peach fruit quality through an ecophysiological model combined with a QTL approach. *J. Exp. Bot.* **56**, 3083-3092 (2005).
90. B. Quilot-Turion, M. Genard, P. Valsesia, M. M. Memmah, Optimization of Allelic Combinations Controlling Parameters of a Peach Quality Model. *Front. Plant Sci.* **7**, 1873 (2016).
91. M. Reymond, B. Muller, A. Leonardi, A. Charcosset, F. Tardieu, Combining quantitative trait Loci analysis and an ecophysiological model to analyze the genetic variability of the responses of maize leaf growth to temperature and water deficit. *Plant Physiol.* **131**, 664-675 (2003).
92. P. Ribéreau-Gayon, D. Dubourdieu, B. Donèche, A. Lonvaud, *Handbook of Enology Volume 1. The Microbiology of Wine and Vinifications. 2nd Edition.* (John Wiley & Sons Ltd, The Atrium, Southern Gate, Chichester, 2006) pp. 429.
93. R. Rincent *et al.*, Optimization of multi-environment trials for genomic selection based on crop models. *Theor. Appl. Genet.* **130**, 1735-1752 (2017).
94. A. Roland, R. Schneider, A. Razungles, F. Cavelier, Varietal thiols in wine: discovery, analysis and applications. *Chem. Rev.* **111**, 7355-7376 (2011).
95. H. P. Ruffner, Metabolism of tartaric and malic acids in *Vitis* - a review. *A. Vitis* **21**, 247-259 (1982).
96. G. L. Sacks *et al.*, Sensory Threshold of 1,1,6-Trimethyl-1,2-dihydronaphthalene (TDN) and Concentrations in Young Riesling and Non-Riesling Wines. *J. Agric. Food Chem.* **60**, 2998-3004 (2012).
97. A. A. Schüttler, Influencing factors on aromatic typicality of wines from *Vitis vinifera* L. cv. Riesling - sensory, chemical and viticultural insights. Thèse de doctorat, Université de Bordeaux 2/ Université de Giessen, (2013).
98. A. Schüttler, M. Friedel, R. Jung, D. Rauhut, P. Darriet, Characterizing aromatic typicality of Riesling wines: merging volatile compositional and sensory aspects. *Food Research International* **69**, 26-37 (2015).
99. C. Sweetman, V. O. Sadras, R. D. Hancock, K. L. Soole, C. M. Ford, Metabolic effects of elevated temperature on organic acid degradation in ripening *Vitis vinifera* fruit. *J. Exp. Bot.* **65**, 5975-5988 (2014).
100. H. Takase *et al.*, Cytochrome P450 CYP71BE5 in grapevine (*Vitis vinifera*) catalyzes the formation of the spicy aroma compound (-)-rotundone. *J. Exp. Bot.* **67**, 787-798 (2016).

101. T. Tominaga, R. Baltenweck-Guyot, C. Peyrot des Gachons, D. Dubourdieu, Contribution of volatile thiols to the aromas of white wines made from several *Vitis vinifera* grape varieties. *Am. J. Enol. Vitic.* **51**, 178-181 (2000).
102. G. Versini, Sull'aroma of the wine "Traminer aromatico" or "Gewürztraminer". *Vignevini* **12**, 57-65 (1985).
103. A. R. Walker *et al.*, White grapes arose through the mutation of two similar and adjacent regulatory genes. *Plant J* **49**, 772-785 (2007).
104. S. Yang *et al.*, Next Generation Mapping of Enological Traits in an F2 Interspecific Grapevine Hybrid Family. *PLoS One* **11**, e0149560 (2016).

ANR :	Agence Nationale de la Recherche
BAP :	Biologie et Amélioration des Plantes (département de recherche de l'INRA)
BIVB :	Bureau Interprofessionnel des Vins de Bourgogne
CIVA :	Conseil Interprofessionnel des Vins d'Alsace
CIVC :	Comité Interprofessionnel du Vin de Champagne
GAP :	Génétique et Amélioration des Plantes (ancien département de recherche de l'INRA)
GAV :	Génétique et Amélioration de la Vigne (équipe au sein de l'UMR 1131)
GIEC :	Groupe d'experts intergouvernemental sur l'évolution du climat (Intergovernmental Panel on Climate Change, IPCC en Anglais)
INRA :	Institut National de la Recherche Agronomique
ITCF :	Institut Technique des Céréales et des Fourrages
MSV :	Métabolisme Secondaire de la Vigne (équipe au sein de l'UMR 1131 de Colmar)
PCR :	Polymerase Chain Reaction, technique de biologie moléculaire permettant d'amplifier des régions précises du génome, situées entre deux « amorces ».
qPCR :	PCR quantitative
QTL :	Quantitative Trait Locus
SAM :	Sélection Assistée par Marqueur
SNP :	Single Nucleotide Polymorphism, variation nucléotidique sur une seule base dans le génome.
SSR :	Simple Sequence Repeat, type de marqueur moléculaire sur l'ADN permettant de caractériser la longueur de répétitions dans des motifs microsatellites.
UMR :	Unité Mixte de Recherche

Adonis : projet INRA national sur la saisie informatique portable

Ampélogométriques : mesures ou observations qui permettent de décrire un pied de vigne (ampelos = vigne en grec).

Débourrement : moment où les bourgeons débourrent au printemps, début de l'émission des feuilles.

Ephesis : projet INRA national sur le stockage en base de données des données acquises sur les plantes.

Laccave : projet INRA sur l'adaptation de la viticulture au changement climatique

Perpheclim : projet INRA sur la phénologie des arbres forestiers, des arbres fruitiers et de la vigne.

Phénologie: description des stades de développement (floraison par exemple).

Phénotypage : caractérisation d'une plante par des notations et des mesures telles que des stades de développement, des mesures de biomasse, des teneurs en composés minéraux ou organiques, des niveaux de résistances à des pathogènes, etc...

Véraison : début de la maturation des raisins: changement de couleur et de consistance, début de l'accumulation des sucres.