

Analyse de la variabilité et du déterminisme génétique du fonctionnement hydrique et carboné d'un panel de diversité de vigne en situation de déficit hydrique

Coindre Eva

Les contraintes imposées ces dernières années par le changement climatique obligent la viticulture à s'adapter pour garantir une production durable. La disponibilité en eau est fortement réduite car étroitement liée au risque de pénurie d'eau dans certaines régions viticoles, notamment le pourtour méditerranéen. La ressource en eau est donc un enjeu majeur à partager entre les cultures agricoles et les besoins des populations, rendant l'irrigation des vignobles de moins en moins envisageable. Pour maintenir la pérennité des vignobles, il est nécessaire de mieux les adapter au changement climatique, à la fois en termes de conduite culturale et via la sélection de nouvelles variétés. Cela passe en particulier par le développement de variétés mieux adaptées à la sécheresse, ce qui implique l'identification de génotypes plus économes en eau.

Cependant, réduire la consommation d'eau est souvent associé à une diminution de la production de biomasse en raison du couplage physiologique entre transpiration et photosynthèse. Malgré tout, il semble possible de découpler en partie ces deux processus, notamment en explorant une large gamme de variabilité génétique pour laquelle les équilibres globaux entre fonctionnement carboné et hydrique peuvent être affectés, permettant ainsi d'optimiser les réponses des vignes au déficit hydrique du sol.

Dans cette thèse, j'ai étudié un panel de diversité composé de 279 variétés de *Vitis vinifera*, la vigne cultivée. Ce panel a été conduit dans une expérience en serre avec trois traitements hydriques (de bien irrigué à déficit hydrique sévère) et dans une expérience au champ. Le fonctionnement hydrique et carboné de près de 2500 plantes a été étudié.

Toutefois, les mesures conventionnelles de phénotypage des caractères physiologiques peuvent être destructrices et/ou chronophages. Ces méthodes ne conviennent donc pas au phénotypage d'un grand nombre de plantes, généralement requis pour des études génétiques. Pour résoudre ce problème, j'ai développé une stratégie de développement de modèles de calibration mettant en relation des mesures conventionnelles avec des données collectées à haut-débit. Ainsi, seul un sous-échantillon du nombre total de plantes a été phénotypé avec les méthodes conventionnelles, tandis que l'ensemble des plantes ont été phénotypées avec des techniques rapides et innovantes de phénotypage à haut-débit (spectroscopie proche infra-rouge – NIRS, poro-fluorescence). J'ai alors construit des modèles de prédiction en utilisant des méthodes statistiques appropriées pour prédire les caractères physiologiques à l'échelle foliaire en

utilisant uniquement les données de phénotypage à haut-débit. L'originalité du dispositif expérimental en serre (différents traitements hydriques) m'a alors permis d'étudier l'impact du déficit hydrique sur la précision des prédictions, mettant en évidence que le caractère de l'efficacité d'utilisation de l'eau était moins bien prédit dans le cas où les plantes subissaient un déficit hydrique sévère du sol. Pour d'autres caractères, en revanche, les modèles de prédiction étaient suffisamment précis pour être utilisés sur l'ensemble du panel de diversité, quel que soit le niveau d'intensité de déficit hydrique du sol subi par les plantes. C'est notamment le cas pour la masse surfacique et la teneur en eau des feuilles, ainsi que l'assimilation nette de carbone qui ont ainsi pu être prédits pour l'ensemble des plantes n'ayant pas été phénotypées avec les méthodes conventionnelles.

Par la suite, je me suis intéressée à la variabilité et au déterminisme génétique des caractères prédits à la fois en serre et au vignoble. En effet, la majorité des études explorant l'architecture génétique de caractères physiologiques ont été menées en serre, dans des environnements contrôlés où il est plus facile de maîtriser les niveaux de stress appliqués aux plantes. Cependant, la validation des résultats entre les conditions contrôlées de la serre et un environnement plus réaliste au champ est souvent négligée, limitant potentiellement les conclusions quant à l'applicabilité, au vignoble, des résultats obtenus en serre. J'ai constaté que les corrélations inter-environnement étaient soit faibles (masse surfacique, teneur en eau des feuilles), soit inexistantes (assimilation nette de carbone, conductance stomatique). Les conditions de culture avaient donc totalement bouleversé le classement des variétés. Pour autant, j'ai identifié un groupe de variétés qui partageait un profil de fonctionnement foliaire similaire entre les deux environnements avec des valeurs moyennes à fortes d'assimilation nette de carbone et de conductance stomatique. Grâce à l'utilisation d'une matrice de génotypage dense, développée en parallèle de cette thèse, et d'études d'association simple- et multi-environnement, j'ai détecté des régions génomiques associées à la variabilité des caractères. Parmi un total de 132 régions génomiques détectées, 94 étaient spécifiques à un environnement (serre ou champ), expliquant la faible corrélation des caractères entre les deux environnements. Toutefois, les analyses multi-environnements ont mis en évidence 33 régions génomiques dont l'effet sur les caractères était similaire entre les environnements et 5 régions génomiques qui présentaient un effet contraire entre les environnements. Des gènes candidats pour le contrôle des caractères physiologiques ont été identifiés, régulant par exemple le taux de transport d'électron. Ces résultats soulignent l'intérêt de comparer les environnements afin d'identifier des régions génomiques robustes pour les caractères physiologiques qui pourraient ainsi être utiles pour la sélection de nouvelles variétés.

Pour autant, le déficit hydrique du sol est difficile à contrôler au vignoble, que ce soit à cause des conditions environnementales ou de l'hétérogénéité du sol. Pour détecter des régions génomiques impliquées dans la réponse des plantes au déficit hydrique, il reste préférable de

contrôler au maximum l'environnement en réalisant des expériences en serre. Pour cela, j'ai tiré parti de l'expérience réalisée en serre sur le panel de diversité pour caractériser avec précision la dynamique du potentiel hydrique du sol pour chaque plante. Au cours de l'expérience, les plantes étaient maintenues à des niveaux de déficit hydrique qualitatifs, calculés à partir du poids du pot et d'une estimation de la biomasse végétative de la plante. *A posteriori*, la biomasse végétative des plantes a été corrigée en intégrant la biomasse des grappes. Cela m'a permis de constater que des plantes ayant le même traitement hydrique qualitatif n'étaient en réalité pas maintenues au même déficit hydrique du sol. Afin de caractériser la réponse des plantes au déficit hydrique du sol, j'ai choisi de me focaliser sur le caractère : conductance stomatique. J'ai calculé des ratios entre traitements hydriques qualitatifs ainsi que des normes de réaction basées sur le potentiel hydrique du sol réalisé. J'ai ainsi pu mettre en évidence une grande variabilité dans la réponse des variétés de vigne à la sécheresse. La matrice de génotypage dense m'a ensuite permis de déchiffrer le déterminisme génétique de la réponse de la conductance stomatique au déficit hydrique. De façon intéressante, les régions génomiques détectées ne co-localisaient pas avec celles identifiées pour le niveau moyen du caractère étudié précédemment, ce qui suggère que le contrôle génétique de la réponse au déficit hydrique diffère du contrôle moyen du caractère. Des gènes candidats liés à la réponse des plantes au déficit hydrique ont par ailleurs pu être mis en évidence et constituent ainsi des bases pour une meilleure compréhension des mécanismes physiologiques sous-jacents.

Dans l'ensemble, cette thèse a permis une avancée majeure dans le développement méthodologique d'un phénotypage à haut débit pour les caractères physiologiques, utilisable à la fois dans des environnements contrôlés et au vignoble, dans des environnements réalistes de production. A terme, ce phénotypage pourrait être intégré dans les schémas de sélection de façon à mieux prendre en compte le fonctionnement physiologique de la plante. Le grand nombre de variétés phénotypées a par ailleurs aidé à la détection de régions génomiques contrôlant la variabilité observée. Des gènes candidats pertinents ont ainsi pu être proposés pour une future validation fonctionnelle. Ces travaux participent à la compréhension générale du déterminisme génétique du fonctionnement hydrique et carboné d'un grand nombre de variétés de vigne en situation de déficit hydrique. Cela ouvre la voie à l'amélioration et à la caractérisation de nouvelles variétés de vigne plus tolérantes à la sécheresse permettant ainsi une adaptation des vignobles au changement climatique.