



au cœur de l'actualité viti-vinicole

COMPTE-RENDU TECHNIQUE

LA DIVERSITÉ INTRA-VARIÉTALE EN VITICULTURE :

une richesse à conserver et exploiter pour s'adapter

Mercredi 14 janvier 2026

SIVAL, 9h45 à 12h30

Parc des Expositions d'Angers, salle Maine



Organisé par l'Institut Français de la Vigne et du Vin
Pôle Val de Loire-Centre
Dans le cadre de l'édition 2026 du Sival



➤ La diversité intra-variétale en viticulture : Une richesse à conserver et exploiter pour s'adapter

Pour s'adapter aux bouleversements climatiques, aux transitions agroécologiques et aux attentes sociétales, la filière viticole dispose d'une ressource longtemps considérée comme discrète mais qui revient sur le devant de la scène :

la diversité intra-variétale.

Ni rupture, ni révolution spectaculaire – mais une richesse patiemment accumulée par les générations de vignerons, de sélectionneurs et de chercheurs. Une richesse que le colloque Euroviti, organisé par l'IFV dans le cadre du Sival, invite à mieux comprendre, préserver et mobiliser.

Car au-delà des cépages qui façonnent nos terroirs, c'est leur variabilité interne, héritée de l'histoire génétique, des pratiques culturelles et des dynamiques d'évolution, qui offre un formidable levier d'adaptation. Ce potentiel demeure sous-utilisé alors même qu'il peut apporter des réponses concrètes aux défis du vignoble : adaptation aux stress abiotiques, maîtrise de la maturité, maintien des identités aromatiques...

Autant d'atouts que les interventions de cette conférence viendront éclairer.

Les experts de l'IFV ouvriront le colloque en rappelant les fondements de cette diversité, les efforts de conservation menés dans les conservatoires, et les modalités de diffusion, de la pré-multiplication jusqu'à la plantation.

La seconde partie de la matinée projettera la filière vers l'avenir avec des interventions de l'ESA, de l'iNRAE et de l'IFV. Les travaux de recherche en cours témoignent d'une montée en puissance des approches innovantes :

- valoriser l'existant, en explorant les marges d'adaptation offertes par la diversité au sein même des cépages ;
- décrypter le génome pour mieux comprendre la structure de cette diversité, illustrée ici par des exemples emblématiques comme le Chenin ou le Merlot ;
- s'interroger sur les nouvelles techniques génomiques (NGT) pour créer, compléter ou stimuler cette diversité.

En rassemblant scientifiques, pépiniéristes et acteurs de terrain, le colloque Euroviti 2026 marque une étape essentielle : reconnaître que l'avenir du vignoble dépend autant des innovations de rupture que d'un héritage vivant, parfois insoupçonné. La diversité intra-variétale n'est pas seulement un patrimoine : c'est un outil stratégique, un espace d'opportunités et une promesse d'adaptation durable.

Organisation et renseignements

Institut Français de la Vigne et du Vin

Pôle Val de Loire-Centre

42, rue Georges Morel

BP 60057 - 49071 BEAUCOUZÉ

Tél.: +33 (0)2 41 39 98 55

Fax.: +33 (0)2 41 22 56 76

e-Mail : etienne.goulet@vinevin.com

Parc des Expositions d'Angers

Route de Paris

49044 ANGERS CEDEX 01

Tél. : +33 (0)2 41 93 40 40

Fax. : +33 (0)2 41 93 40 50

e-Mail : info@sival-angers.com

<https://www.sival-angers.com/>



SOMMAIRE

EDITO P 2

1. Origines, conservation et exploitation de la diversité intra-variétale
Loïc LE CUNFF et Olivier YOBREGAT, IFV P 4

2. La diversité intra-variétale en Val de Loire : les conservatoires, les derniers clones agréés et l'offre Entav Diversité
Virginie GRONDAIN et Etienne GOULET, IFV P 8

3. Diffusion de la diversité intra-variétale : de la pré-multiplication à la plantation, les différentes étapes et les dernières évolutions
Anastasia ROCQUE, IFV et David GAUTREAU, PVVL P 15

4. Innover avec l'existant : la diversité intra-variétale comme ressource d'adaptation
Etienne NEETHLING, ESA P 19

5. Analyse de la diversité intra-variétale au niveau du génome entier, que peut-on en tirer ? Cas du Chenin et du Merlot
Patrice THIS, INRAE P 23

6. NGT, un outil pour générer de la diversité
Loïc LE CUNFF, IFV et Olivier ZEKRI, Pépinières Mercier P 28

➤ Origines, conservation et exploitation de la diversité intra-variétale

Olivier YOBREGAT

IFV Sud-Ouest, V'Innopôle,
1920 Route de Lisle sur Tarn, 81310 PEYROLE
Tel. : 06 14 77 53 90
e-Mail : olivier.yobregat@vignevin.com

Loïc LE CUNFF

IFV – UMT GENO-VIGNE®
Bâtiment 3 bureau 112,
CIRAD UMR AGAP, TA A 108/03,
Avenue Agropolis, 34398 MONTPELLIER CEDEX 5

RÉSUMÉ

La multiplication végétative, destinée initialement à la propagation à l'identique de géotypes choisis à partir d'un unique semis, permet l'émergence de diversité au sein de variétés par l'accumulation de mutations. Les clones représentant une même variété, bien qu'issus d'un géotype commun, peuvent ainsi présenter des différences notables valorisables au niveau agronomique par la sélection.

Les mutations génétiques responsables de cette diversité sont de nature différente, et peuvent aussi se cumuler avec des phénomènes épigénétiques, susceptibles de moduler l'expression des gènes et parfois partiellement transmissibles par multiplication végétative.

La sélection humaine a structuré et amplifié cette diversité, pour la mettre au service d'objectifs de production. Pour préserver et continuer à diversifier l'offre de matériel végétal à la viticulture, la France a constitué un réseau de conservation exceptionnel, organisé autour de conservatoires nationaux et formé d'un tissu de 40 acteurs régionaux. Plus de 20 000 accessions y sont conservées dans plus de 180 parcelles, permettant une exploitation durable de la diversité intravariétale. En plus de 50 ans, près de 1 400 clones ont été agréés, dont plus de 1 000 toujours disponibles. Malgré la durée importante des procédures, ce système collectif garantit fiabilité, stabilité et enrichissement continu du matériel végétal destiné à la filière viticole.

MOTS CLÉS

Diversité intravariétale
Mutations somatiques
Sélection clonale
Conservatoires
Matériel végétal



Depuis les épisodes de primo-domestication de l'espèce *Vitis vinifera*, la multiplication végétative a été utilisée par les Hommes pour propager à l'identique les variétés issues d'un unique semis dont les comportements leur apparaissaient favorables. Durant environ 11 millénaires, tirant partie de la grande aptitude des individus de cette espèce au bouturage (qui se traduit par une capacité remarquable à émettre des racines à partir d'un fragment d'organe, le plus souvent un sarment), les Hommes ont ainsi fait voyager les variétés sur de grandes distances, et ont maintenu certaines de ces mêmes variétés sur de très longues périodes (potentiellement des millénaires !).

La répétition de cycles de multiplication végétative, le maintien en vie d'un même génotype, son exposition à de nombreuses conditions et stress sont des facteurs qui ont favorisé l'émergence de la diversité intravariétale (clonale) au sein de variétés initialement « fixées », c'est-à-dire destinées à être reproduite à l'identique après leur sélection par les cultivateurs.

I. Origine de la diversité clonale

Bien que les individus d'une même variété partagent une origine génétique commune, les clones sélectionnés aujourd'hui montrent des différences parfois importantes dans leur comportement agronomique, leur morphologie, leur physiologie, leur tolérance aux stress ou encore leur profil aromatique.

Comme toute plante pérenne multipliée sans phase de recombinaison liée à la multiplication sexuée, la vigne connaît des modifications génétiques (et épigénétiques ?) qui peuvent s'accumuler au fil du temps.

À chaque cycle de multiplication, lors de la division cellulaire dans les méristèmes, siège d'un processus intense de divisions cellulaires, peuvent survenir des mutations spontanées. Leur accumulation progressive aboutit à une variabilité entre les individus, potentiellement proportionnelle à l'ancienneté et à la diffusion géographique d'un génotype. Ces mutations somatiques représentent la principale source de variation intravariétale.

Plusieurs mécanismes aboutissant à des mutations peuvent être distingués :

II.

2.1. Les mutations ponctuelles

Ce sont des modifications d'une ou quelques bases dans l'ADN, issues principalement d'erreurs de réplication ou de réparations imparfaites. Généralement neutres, elles peuvent néanmoins affecter un gène impliqué dans la définition d'un caractère (couleur des baies, vigueur, fertilité, réponses à l'environnement, ...), leur accumulation au cours du temps accentuant leur impact dans les génotypes très anciennement multipliés.

une fraction importante du génome de la vigne. Dans différentes conditions (stress par exemple), ils peuvent s'insérer dans des gènes et en bloquer le fonctionnement, modifier des systèmes de régulation ou impacter l'architecture tridimensionnelle du génome.

Un exemple emblématique est l'insertion d'un rétrotransposon dans le gène *VvMybA1*, bloquant la synthèse des anthocyanes et occasionnant le passage de baies noires à blanches.

2.2. Les insertions, délétions et réarrangements chromosomiques

Ce sont des pertes, des gains ou des déplacements de portions d'ADN. Plus rares mais plus impactantes, elles peuvent modifier durablement des traits morphologiques ou physiologiques.

2.4. Les chimères

La vigne présente un méristème organisé en couches : L1 (épiderme), L2 (mésophylle, gamètes) et parfois L3 (tissus internes).

Une mutation peut toucher une seule couche, entraînant des chimères périclinales (mutation affectant une couche entière, transmissible de façon stable), mériclinales (sur une partie d'une couche) ou sectorielles (sur une portion radiale d'un méristème, mutation plus instable).

2.3. Les éléments transposables

Les transposons (fragments d'ADN susceptibles de se déplacer d'un endroit du génome à un autre) représentent

III. Facteurs influençant l'apparition de diversité

3.1. Le rôle des stress et du vieillissement

Parce que la vigne est une plante pérenne souvent multipliée à partir d'individus âgés, le vieillissement physiologique de la souche-mère joue aussi un rôle dans la diversification clonale.

Les stress abiotiques (sécheresse, chaleur, rayonnement UV) sont susceptibles d'augmenter le taux de mutations ou d'induire des modifications épigénétiques.

Les stress biotiques (virus, phytoplasmes, bactéries, ...) peuvent également influencer l'expression de certains gènes ou la stabilité génomique. Au fil du temps durant lequel une variété est propagée, l'environnement contribue ainsi à façonner la diversité génétique au sein de cette même variété.

3.2 L'épigénétique : un niveau supplémentaire de variation

Outre les mutations génétiques, les variations épigénétiques — méthylation de l'ADN, modifications des histones — peuvent moduler l'expression des gènes sans en changer la séquence. Ces effets sont le plus souvent réversibles, mais la multiplication végétative peut conserver en partie certaines de ces marques, qui peuvent donc contribuer aux différences clonales. Ce sujet doit encore faire l'objet de travaux fondamentaux visant à préciser les conditions de stabilité de ces modifications épigénétiques.

IV. La sélection humaine : un amplificateur majeur

La diversité clonale s'accumule donc naturellement au fil du temps, mais c'est l'humain qui détermine son utilisation agronomique par diverses techniques de sélection, qui peuvent faire une large part à l'empirisme, ou au contraire s'appuyer sur des protocoles élaborés d'évaluations techniques.

À partir des années 1960, la sélection clonale moderne a systématisé de dernier processus : chaque clone officiellement reconnu correspond à une souche sélectionnée pour ses performances et testée en parcelle d'étude avant agrément et multiplication. La sélection sanitaire, visant à éliminer (ou

assainir) les clones porteurs de virus graves, a également orienté les choix.

Ce processus a eu deux effets :

- Amplifier les divergences clonales au sein du matériel sélectionné en isolant et multipliant des génotypes légèrement différents.
- Mettre en lumière l'importance de la conservation et de l'étude de la diversité intravariétale, précieuse source d'adaptation disponible au sein même des variétés largement connues et cultivées.

V. Le polymorphisme clonal observable

Une fois éliminés les facteurs de variation qui ne sont pas dus à des différences stables d'ordre génétique entre les individus (viroses et autres maladies, effets de l'environnement, stress...), le polymorphisme clonal peut potentiellement concerner tous les champs d'expression du phénotype :

- Caractères ampélographiques variés : intensité de la pigmentation anthocyanique des différents organes, découpeure des feuilles (nombre de lobes, profondeurs des sinus latéraux), forme du sinus pétiolaire, couleur, brillance, texture du limbe, villosité...
- Port, architecture, entre-cœurs, ramifications
- Vigueur, expression végétative
- Phénologie (notamment maturité)
- Baies : taux de nouaison, millerandage, forme, taille, épaisseur de la pellicule, pruine, pépins

- Grappes : fertilité, taille, architecture, compacité, grappillons
- Sensibilité au botrytis (compacité et architecture de la grappe, maturité)
- Potentiel technologique : teneur en sucres, acidité, couleur (pellicule, pulpe), composés phénoliques, précurseurs d'arômes, composés aromatiques...

Au-delà des caractères qualitatifs et quantitatifs potentiellement valorisables dans des sélections agronomiques, on trouve également dans la diversité des individus présentant des mutations « spectaculaires » non souhaitables pour la production agricole, mais utiles pour étudier par exemple le déterminisme génétique de différents caractères : quasi-stérilité due à des malformations des pièces florales, absence de pulpe dans les baies, rabougrissements, ...

VI. L'état de la conservation de la diversité intravariétale en France

Structuré autour du conservatoire de l'INRAE de Vassal-Marseillan (34), héritier d'une longue lignée de collections dont l'histoire remonte à la fin du XVIII^e siècle (un ouvrage est en cours de rédaction sur ce sujet) et de celui du Pôle National Matériel Végétal de l'IFV (Le Grau du roi, 30), le réseau des Partenaires de la Sélection (ou CTNSP) compte aujourd'hui 40 membres. Formellement constitué en 2001, et partiellement financé par un retour de la diffusion de matériel végétal français à l'étranger sous la marque ENTAV by INRAE-IFV, le réseau compte aujourd'hui plus de 180 parcelles regroupant plus de 20 000 accessions représentant la diversité des cépages français.

Ce réservoir sert de base aux travaux de sélection toujours menés sur le territoire, et qui visent à enrichir la palette de

diversité mise à disposition des vignerons. En parallèle, des prospections sont toujours organisées chaque année en différents points du vignoble, dans le but de continuer à alimenter les conservatoires, tant que perdurent des parcelles ou d'anciennes implantations ensauvagées susceptibles de renfermer une part de diversité non encore rassemblée.

Deux sites internet permettent de visualiser les réalisations et les différents travaux menés par les Partenaires de la Sélection :

<https://partenaires-selection-vigne.fr/>

https://bioweb.supagro.inra.fr/collections_vigne/Home.php

VII. L'exploitation de la diversité : la sélection

En France, la sélection institutionnelle s'est d'abord effectuée au sortir de la dernière guerre sous la forme de sélection massale, visant à assurer la conformité et la pureté variétale des variétés greffons et porte-greffes, et à éliminer de la multiplication le matériel végétal virosé (notamment par le court-noué, qui s'était très largement répandu depuis la reconstitution post-phylloxérique). La sélection clonale telle que nous la connaissons aujourd'hui France a concrètement débuté en 1962 (avec la création de l'ANTAV dans les sables du Domaine de l'Espiguette, aujourd'hui le Pôle Matériel Végétal de l'IFV).

Les premiers clones ont été agréés en 1971. Progressivement, le processus de sélection s'est amélioré. Les méthodes de détection des agents pathogènes, basées au tout début sur de l'observation visuelle, ont bénéficié de l'apport des analyses sérologiques (tests ELISA) puis génétiques, en complément de l'indexage sur un génotype sensible, qui reste la méthode de référence.

En plus de 50 ans de travaux, le processus de sélection a connu 3 grandes phases :

- Sélection de clones réguliers, souvent parmi les plus productifs d'un cépage donné, sains vis-à-vis des viroses graves. Le Cabernet-Sauvignon 15, ou les Chardonnay 76 et 96 en sont des illustrations
- Sélection de clones qualitatifs destinés principalement aux appellations, à potentiel de production plus limité et aptitude élevée à accumuler les sucres. On peut citer le Cabernet-Sauvignon 412, le Chardonnay 548, les Pinot noir 828 ou 943
- Sélection de clones de diversification, visant à compléter et élargir une gamme existante. Parmi eux, les clones de Syrah 1140, 1141 ou 1188 non-sujets au dépérissement, les Chardonnay 1066, 1067 et 1068, les Cabernet-Sauvignon 1124 et 1125 (issus de familles sanitaires ou d'assainissements de clones porteurs de viroses et considérés comme qualitatifs). La diversité disponible s'enrichit ainsi régulièrement dans les différentes régions, afin d'approcher l'objectif de la sélection française : rassembler, étudier et sélectionner la diversité, de façon à la représenter au mieux dans le matériel végétal diffusé à la filière.

Aujourd'hui, près de 1400 clones ont été sélectionnés depuis le début des années 1970, dont 1081 sont toujours maintenus et disponibles pour la multiplication.

CONCLUSION

Tel qu'il est réalisé en France, ce travail peut apparaître lourd, fastidieux et long (il faut environ 15 ans pour finaliser une sélection, à partir du repérage de souches candidates dans les vieilles parcelles). Cependant, cette durée et le fait que les travaux soient effectués par des organismes publics ou des structures collectives constituent indéniablement un gage de fiabilité des résultats. Sur le long terme, on peut souligner l'effet cumulatif de ce travail : sauf radiations ponctuelles justifiées par l'avancée des connaissances, toutes les sélections anciennes restent maintenues et disponibles, et la gamme de diversité sélectionnée et multipliable ne fait que s'étoffer au cours du temps. Pour certaines variétés emblématiques, la sélection peut apparaître aujourd'hui bien aboutie, mais pour de nombreux cépages un gros travail reste à poursuivre. Cette qualité des évaluations ainsi que la pérennité des suivis du matériel dans le temps ont d'ailleurs fortement contribué à la reconnaissance et au succès du matériel végétal français à l'étranger.

BIBLIOGRAPHIE

- Audeguin, L., Boidron, R., Bloy, P., Grenan, S., Leclair, P., Boursiquot, J.-M. (2000). L'expérimentation des clones de vigne en France. État des lieux, méthodologie et perspectives. *Bulletin O.I.V.*, vol. 73, n° 829-830, pp. 181-190.
- Bouquet, A. (2008). La vigne et sa diversité génétique (revue bibliographique). *Progrès Agricole et Viticole*, 125, n°6.
- Boursiquot, J.-M., Lacombe, T., Bouquet, A. (1999). Une mémoire pour demain : le Domaine de Vassal, conservatoire génétique de la vigne. *Revue française d'œnologie*, n°177, juillet-août.
- Branas, J., (1974). Viticulture. *Imp. Dehan, Montpellier*.
- Carrier, G., Le Cunff, L., Dereeper, A., Legrand, D., Sabot, F., Bouchez, O., ... & This, P. (2012). Transposable elements are a major cause of somatic polymorphism in *Vitis vinifera* L. *PloS one*, 7(3), e32973.
- Dong, Y., Duan, S., Xia, Q., Liang, Z., Dong, X., Margaryan, K., ... & Chen, W. (2023). Dual domestications and origin of traits in grapevine evolution. *Science*, 379 (6635), 892-901.
- Huglin, P., Guyot, R., Valat, C., Vuittenez, A. (1980). L'évaluation génétique et sanitaire du matériel clonal de la vigne. *Bulletin O.I.V.*, vol.53, n° 597.
- Collectif, 2025. Catalogue des vignes cultivées en France. <https://www.plantgrape.fr>
- Lacombe, T., Boursiquot, J.-M., Audeguin, L. (2004). Prospection, conservation et évaluation des clones de vigne en France. *Bulletin O.I.V.*, vol 77, 885-886.
- Pelsy, F. (2010). Molecular and cellular mechanism of diversity within grapevine varieties. *Heredity*, 104: 331-340.
- Robinson, H., Strack, T., Schmidt, M., Callipo, P., Nsibi, M., Schmid, J., ... & Voss-Fels, K. P. (2025). Exploring intra-varietal variation for complex traits in grapevine (*Vitis vinifera* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 138 (12), 305.
- Schellenbaum, P., Mohler, V., Wenzel, G., & Walter, B. (2008). Variation in DNA methylation patterns of grapevine somaclones (*Vitis vinifera* L.). *BMC Plant Biology*, 8(1), 78
- Valat, C. (1972). La sélection clonale de la vigne, facteur d'amélioration de la productivité du vignoble français. *Options Méditerranéennes*, n°12
- Truel, P. (1990). Rôle des collections ampélographiques dans la sélection de la vigne. *Progrès Agricole et Viticole*, 107, n°11.
- Leclair, P. (1989). Conservation de la variabilité génétique des cépages : exemple des cépages bordelais. *Connaissance de la Vigne et du Vin, hors série n° 15-16*.
- Yobrégat, O., Sereno, C., Audeguin, L., Lacombe, T., & Boursiquot, J. M. (2011). Conservation de la diversité intravariétale de la vigne en France : situation générale en 2010, perspectives et priorités pour l'avenir. *Le Progrès agricole et viticole*, 10, 211-220.

➤ La diversité intra-variétale en Val de Loire : les conservatoires, les derniers clones agréés et l'offre ENTAV Diversité.

Virginie GRONDAIN et Etienne GOULET

Institut Français de la Vigne et du Vin

Pôle Val de Loire-Centre – 49260 MONTREUIL-BELLAY

e-Mails : virginie.grondain@vignevin.com – etienne.goulet@vignevin.com

RÉSUMÉ

La crise du phylloxéra, l'évolution des pratiques et les enjeux climatiques sont autant de facteurs ayant impactés la diversité génétique des cépages. Face à ce constat, la préservation des ressources, la sélection et la diffusion de matériel végétal sont des enjeux majeurs pour s'adapter aux nouvelles conditions de production. Depuis de nombreuses années, le Val de Loire est mobilisé afin de préserver et de diffuser la diversité intra-variétale. Tout d'abord c'est l'ATAV Val de Loire (association créée en 1965) et l'INRA Angers, qui ont assuré ces missions, et désormais depuis 2008, c'est l'IFV Pôle Val de Loire-Centre (membre du Réseau des Partenaires de la Sélection Vigne) qui a repris l'ensemble de ces activités en mettant en place (et/ou en renouvelant) les conservatoires de cépages du Val de Loire et en diffusant le matériel végétal auprès des professionnels de la filière.

MOTS CLÉS

Diversité
Préservation
Conservation
Sélection
Diffusion



Quels sont les cépages conservés par l'IFV Val de Loire-Centre et ses partenaires ?

Initiée depuis la fin des années 1960, la préservation de la diversité intra-variétale est au cœur des préoccupations des professionnels de la filière viticole ligérienne qui soutient l'ensemble des programmes de conservation de l'IFV et de ses partenaires.

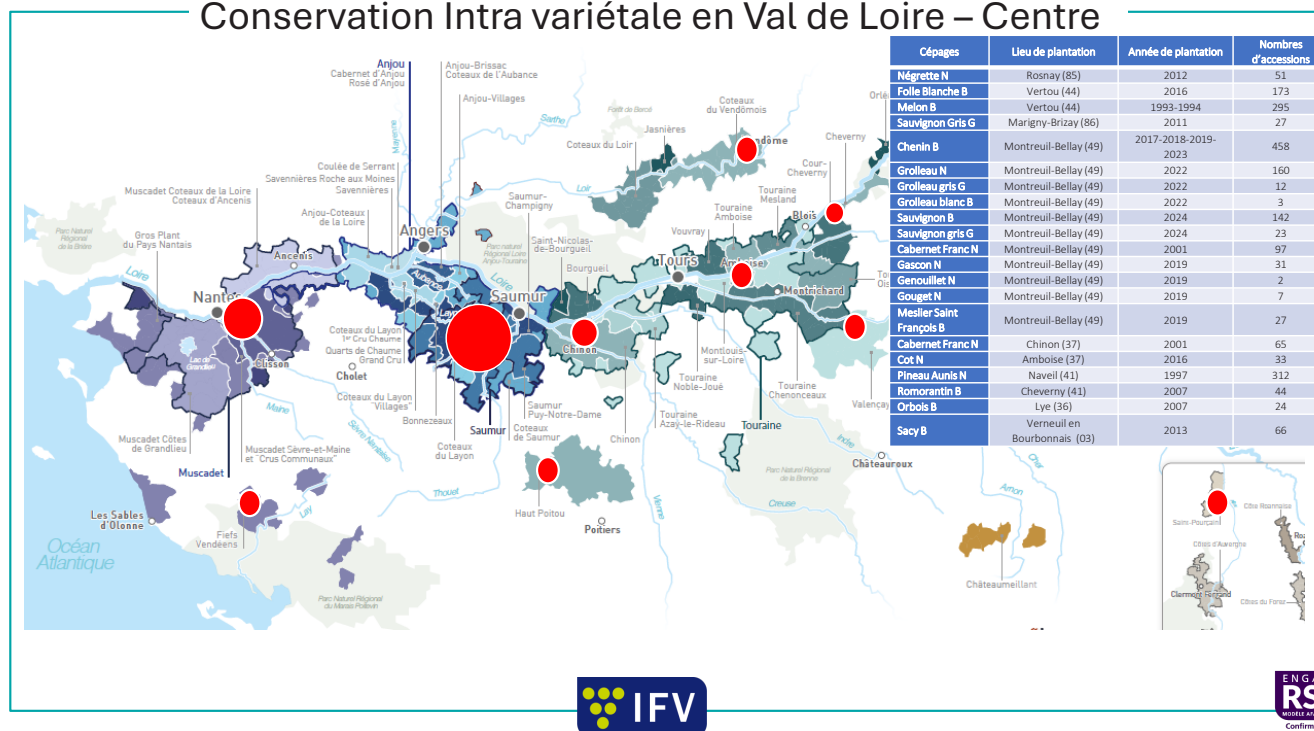
Entre 1980 et 2000, ce travail a d'abord été mené sur les cépages emblématiques du Val de Loire comme le Chenin B, Cabernet Franc N, Cot N, le Melon B le Grolleau N ou encore les Sauvignon B et Sauvignon gris G.

A partir des années 2000, un travail important de recensement a été réalisé à l'aide de partenaires locaux, et des pro-

grammes de conservation de cépages patrimoniaux ont vu le jour comme le Sacy B à Saint-Pourçain-sur-Sioule, ou le conservatoire de cépages rares du Centre de la France initié par l'URG, le Vinopôle d'Amboise et l'IFV, composé des cépages Gouget N, Gascon N, Meslier-Saint-François B et Genouillet N, planté en 2022 sur le domaine expérimental de l'IFV à Montreuil-Bellay.

A ce jour, l'IFV Val de Loire-Centre et ses partenaires ont implanté 21 parcelles conservatoires (pour 19 cépages différents) sur l'ensemble du bassin viticole de la Vallée de la Loire.

Conservation Intra variétale en Val de Loire – Centre



Cependant, lorsqu'un conservatoire est mis en place, son maintien est parfois compromis pour diverses raisons : notamment le vieillissement naturel de la parcelle, la contamination par des viroses et autres maladies du bois ou encore la pérennité des sites. Soucieux de ces enjeux, un programme de renouvellement et de déplacement de ces conservatoires les plus anciens a été entrepris. La mise en œuvre de ces transferts demande un grand investissement tant financier qu'humain, mais ils sont aujourd'hui considérés comme des actions prioritaires, et soutenus par la profession et les collectivités territoriales. Dans ce cadre, les conservatoires de Cabernet Franc N, de Cot N, de Folle Blanche B, de Grolleau N ou de Sauvignon B ont été renouvelés récemment.

Parfois, à l'occasion du renouvellement d'un conservatoire, de nouvelles prospections sont initiées sur de vieilles parcelles dans des secteurs géographiques qui n'avaient pas fait l'objet de visites auparavant, permettant ainsi d'enrichir la diversité déjà conservée. Ce fut par exemple le cas lors du renouvellement du conservatoire de Chenin B débuté en 2016 avec de nouvelles prospections en Loire, Aveyron mais aussi Afrique du Sud ; le conservatoire de Romorantin B qui sera replanté en 2026 à Cheverny à quant à lui était enrichi de plus d'une centaine d'accessions par de nouvelles prospections en 2024, permettant ainsi de passer de 44 à 141 accessions conservées pour ce cépage unique de l'appellation Cour-Cheverny.

CÉPAGE	PLANTATION ORIGINE	ANNÉE DU RENOUELEMENT	DÉPARTEMENT
Renouvellement OK			
Cabernet franc N	1986	2001	37
Chenin B	1983 - 1998	Depuis 2016	49
Cot N	1986	2016	37
Folle blanche B	1993	2016	44
Grolleau (Noir, Gris et Blanc)	1997	2022	49
Sauvignon B	1994-2000	2024	49
Sauvignon gris G	2000	2024	49
Sauvignon gris G	1992	2001	86
Renouvellement en cours			
Romorantin	2007	Prévue en 2026	41
Cabernet franc	2001	Prévu en 2026	49
Melon	1993	Prévu en 2027	44
Renouvellement à prévoir			
Orbois	2007	A prévoir	

Tableau 1 : Programme de renouvellement des conservatoires IFV VDL-Centre

En quoi la diversité intra-variétale peut-elle répondre aux enjeux de viticulture actuelle et future ?

Un conservatoire répond avant tout à son objectif de préservation de la diversité génétique d'un cépage, mais il peut aussi servir de support à la caractérisation de la diversité phénotypique des différentes accessions conservées : forme des feuilles ou des grappes, couleur des bois, différence de phénologie ou rendement. Toutes ces différences peuvent apporter des solutions d'adaptation pour la filière viticole en fonction des besoins du moment, mais surtout en essayant d'anticiper les besoins futurs ; cette diversité de comportement peut être valorisée par des programmes de sélection permettant de faire agréer de nouveaux clones aux caractéristiques agronomiques singulières et bien identifiées, de proposer des sélections de groupes d'accessions aux comportements relativement similaires ou à l'inverse des sélections représentant le maximum de diversité génétique. L'ensemble de ce matériel végétal sera mis à disposition des pépiniéristes pour être multiplié et diffusé auprès des viticulteurs.

Quelles réponses apportées à la filière par la sélection clonale en Val de Loire ?

En Val de Loire, pour mener à bien les programmes de sélection clonale, une collaboration étroite a été mise en place avec les acteurs locaux permettant ainsi de répondre au mieux aux exigences de la filière en fonction des objectifs de production souhaités. En effet, la sélection de nouveaux clones est un processus relativement long et la principale difficulté rencontrée est d'anticiper les besoins à moyen terme. Il est donc essentiel d'appréhender au mieux les enjeux afin de pouvoir mettre à disposition de la profession le matériel végétal attendu.

Au cours des deux dernières décennies, l'IFV Val de Loire-Centre et ses partenaires ont contribué à l'agrément de 17 nouveaux clones au total.

CÉPAGE	CLONE	ANNÉE AGRÉMENT	PRINCIPALES CARACTÉRISTIQUES DU CLONE
MELON B : <u>Attente de la profession :</u> Sélection de clones plus qualitatifs et moins productifs pour des vins d'AOC Muscadet, notamment pour les futures Dénominations Géographiques Complémentaires.			
Melon B	1057	2000	Rendement inférieur en moyenne de 40 % et un gain de 1 degré d'alcool probable par rapport au témoin CI 232. Vins fins et équilibrés dans la typicité du produit.
Melon B	1120	2008	Rendement plus faible que le témoin (clone 232) en raison de la taille plus réduite des grappes. Le taux d'alcool probable sont comparables au témoin. Les vins obtenus ont un profil plus intense, plus fruité et floral avec une bouche plus grasse et une meilleure longueur en bouche.
FOLLE BLANCHE B : <u>Attente de la profession :</u> Rendement modéré, une richesse en sucre supérieure, une acidité totale plus faible et une plus forte intensité aromatique des vins obtenus.			
Folle blanche B	1131	2009	Niveau de production faible à modéré, acidité totale inférieur au témoin (cl 281) et richesse en sucre supérieure. Les vins obtenus offrent également une perception d'acidité plus faible et qualité sensorielle globale supérieur au témoin.
Folle blanche B	1132	2009	Niveau de production modéré similaire au témoin (cl 281), richesse en sucre supérieure et acidité totale inférieure. Au niveau sensoriel, les vins se distinguent par un caractère minéral supérieur, ses expressions d'arômes en bouche et sa qualité globale.
CHENIN B : <u>Attente de la profession :</u> Proposer des clones permettant de répondre à un contexte climatique changeant : plus qualitatifs que les clones agréés témoins et offrant une large gamme de précocité et de rendement.			
Chenin B	1206	2014	Adapté à la production de vins liquoreux. Bonne richesse en sucre et moins productif. Apprécié en dégustation.
Chenin B	1207	2014	Précoce adapté à la production de vins liquoreux. Bonne richesse en sucre et moins productif. Le meilleur en dégustation des vins liquoreux.
Chenin B	1208	2014	Précoce adapté à la production de vins blancs secs. Bonne richesse en sucre et moins productif. Le meilleur en dégustation des vins secs.
Chenin B	1209	2014	Tardif adapté à la production de vins de bases ou de blancs secs. Richesse en sucre plus faible et acidité élevée. Apprécié en dégustation lors des années précoces.
GROLLEAU GRIS G : <u>Attente de la profession :</u> Aucun clone agréé - proposer des choix aux vignerons et de pallier le manque de matériel certifié pour ce cépage.			
Grolleau gris G	1118	2008	Permet l'obtention de moûts avec un taux d'alcool probable satisfaisant et une acidité faible. Au niveau sensoriel, rondeur et longueur en bouche en font un clone intéressant.
Grolleau gris G	1135	2009	Clone à rendements modérés avec un taux d'alcool probable moyen. Ce clone se distingue par sa bonne qualité olfactive malgré une acidité prononcée.
Grolleau gris G	1136	2009	Clone à rendement modéré. Concentration en sucre plus faible et acidité totale plus élevée. Au niveau sensoriel, ce clone se distingue par son intensité olfactive bien supérieure.

CABERNET FRANC N :Attente de la profession :

Sélectionner des clones complémentaires à ceux déjà existants avec une gamme de précocité étendue, un rendement faible à moyen et une très bonne qualité des baies et des vins.

Cabernet Franc N	1155	2018	Présentant un niveau de production inférieur, plus précoce et avec une richesse en sucre supérieure. Clone apprécié pour son aptitude à l'élaboration de vins de garde.
Cabernet Franc N	1203	2014	Adapté à l'élaboration de vins rouges de qualité dans un contexte de changement climatique : peu productif, plus tardif et moins riche en sucre.
Cabernet Franc N	1204	2014	Un peu plus précoce et avec un niveau de production inférieur (grappes plus petites). Intensité aromatique supérieur au témoin (cl 214).

GROLLEAU NOIR N :Attente de la profession :

Agréer de nouveaux clones différents des clones agréés entre 1973 et 1975. Gamme de précocité étendue, rendements modérés en adéquation avec les exigences de qualité de la filière viticole ligérienne.

Grolleau noir N	1318	2019	Débourrement plus tardif, pouvant le rendre relativement moins sensible aux gelées de printemps. Il a des caractéristiques proches du clone 366, clone polyvalent adapté à l'élaboration de vins rouges et rosés. À privilégier en zones gélives.
Grolleau noir N	1341	2020	Caractérisé par un faible rendement par rapport au témoin et une maturité technologique relativement élevée. Adapté à la production de vins rouges.
Grolleau noir N	1343	2020	Millerand, il est caractérisé par un faible rendement, et une moindre sensibilité au Botrytis par rapport au témoin. Présentant une maturité technologique relativement élevée, il est adapté à la production de vins rouges.

Tableau 2 : Agréments de clones par IFV Val de Loire-Centre depuis 2000

D'autres programmes de sélection sont en cours à l'IFV Val de Loire-Centre et à court et moyen terme, nous pourrions proposer à l'agrément de nouvelles sélections de Sauvignon B, de Pineau d'Aunis N ou encore de Sauvignon gris G.

En quoi la diversité intra-variétale peut-elle répondre aux enjeux de viticulture actuelle et future ?

Quelles complémentarités apportent les sélections de diversité patrimoniale ?

En tant que membre historique du réseau des Partenaires de la Sélection Vigne, l'IFV a la possibilité de diffuser des greffons de « Diversité patrimoniale » depuis 2013 pour valoriser tout ou partie de la diversité génétique des conservatoires.

L'Orbois B fut le premier conservatoire en vallée de la Loire dont les greffons ont été vendus sous contrat avec les pépiniéristes à partir de 2017.

Depuis 2020, pour donner suite à une demande croissante pour ce type de matériel végétal présentant une large diversité génétique mais aussi phénotypique, l'IFV Val de Loire-Centre a enrichi son offre. Il est désormais possible pour les viticulteurs de commander en diversité patrimoniale du Sacy B, du Chenin B, du Meslier Saint François B, du Gascon N et du Gouget N. Dans les prochaines années, le Romorantin ainsi que les Grolleau Noir et Gris viendront compléter l'offre « Diversité patrimoniale », et à terme, l'ensemble des conservatoires de l'IFV Val de Loire-Centre devrait être inscrit

en vignes-mères permettant ainsi de valoriser l'ensemble de la diversité conservée.

Bien qu'inscrites en catégorie « standard » auprès de FranceAgriMer, ces vignes-mères produisant ces greffons sont gérées comme pour la production de matériel en catégorie « Certifié », avec une implantation sur des terrains vierges de vigne ou avec un repos du sol suffisant, un greffage sur des porte-greffes de base et avec des suivis sanitaires effectués tous les 10 ans. La récolte des greffons se fait de manière aléatoire sur l'ensemble de la parcelle, assurant ainsi au bénéficiaire d'avoir une large diversité génétique pour la variété demandée. Les greffons sont vendus sous marque Entav Diversité, et la signature d'un contrat de licence mentionnant les engagements de l'IFV Val de Loire-Centre et de l'acheteur est obligatoire. Ce matériel vendu sous marque Entav diversité est soumis aux mêmes accords que pour le certifié en termes de redevance, chaque fagot vendu contribue donc également à soutenir financièrement la conservation et la sélection française au travers des partenaires de la sélection vigne.

CONCLUSION

La conservation de la variabilité génétique au sein des cépages cultivés de vigne revêt un intérêt particulier dans un contexte socio-économique et climatique en rapide évolution. Une partie de cette biodiversité a déjà disparu lors de l'arrachage de vieilles parcelles ou la cessation d'activité de petits exploitants. Le fait de disposer de collections physiques sur des sites pérennisés permet d'avoir une réponse immédiate du comportement de la vigne face à différents aléas et offre la possibilité d'évaluer chacune des accessions. La filière viticole en Val de Loire l'a bien compris ; les conservatoires génétiques y sont bien présents, leur création où leur renouvellement sont soutenus par la profession. Ce patrimoine constitue un gage de durabilité de l'activité économique de la filière, en offrant la possibilité de disposer d'un réservoir génétique et phénotypique important pour continuer à s'adapter aux conditions futures.

A RETENIR

- Un conservatoire assure le maintien de la diversité génétique des cépages.
- Constitué de 40 membres au niveau national, le Réseau des Partenaires de la Sélection Vigne est un collectif impliqué dans la préservation et l'amélioration des ressources génétiques viticoles en France.
- Depuis 1970, 20 conservatoires ont été implantés en Val de Loire pour 18 cépages différents.
- Les conservatoires servent à la fois de support à l'agrément de nouvelles sélections clonales et à la diffusion de matériel « Diversité patrimoniale ».

PERSPECTIVES

- Un programme de renouvellement des conservatoires est mis en place afin de maintenir l'ensemble des ressources génétiques du Val de Loire.
- Les conservatoires sont en permanence enrichis et des prospections menées régulièrement avec nos partenaires.
- L'étude de la diversité intra-variétale de nos conservatoires pourra nous permettre de proposer dans quelques années des sélections « diversité patrimoniale » orientées.

BIBLIOGRAPHIE

Audeguin L., Boidron R., Leclair P., Boursiquot J.M., 1998. Les conservatoires de clones de cépages de cuve en France. Etat des lieux, méthodologie et perspectives. *Progrès agricole et viticole*, 1998, 115, N°23. 503-514

Barbeau G., Sélection de nouveaux clones Cabernet Franc et Chenin. *La recherche vous parle* 23 Janvier 2015

Bouquet A., Boursiquot J.M., 1995. La conservation des ressources génétiques de la vigne. *Journal international des sciences de la vigne et du vin*. N° hors série, 41-45

Yobrégat, O., Sereno, C., Audeguin, L., Lacombe, T., & Boursiquot, J. M. (2011). Conservation de la diversité intravariétale de la vigne en France : situation générale en 2010, perspectives et priorités pour l'avenir. *Le Progrès agricole et viticole*, 10, 211-220

Grondain V., Barbeau G., 2015 La conservation des cépages dans les Pays de la Loire. *Revue* 303 N° 139

Grondain V., Goulet E., 2019. Matériel végétal : derniers résultats des travaux de sélection clonale en Val de Loire. *La recherche vous parle* 2019

Collectif, 2025. Catalogue des vignes cultivées en France.
<https://www.plantgrape.fr>
<https://partenaires-selection-vigne.fr/>

➤ Diffusion de la diversité intra-variétale : de la prémultiplication à la plantation

Anastasia ROCQUE

Institut Français de la Vigne et du Vin
Domaine de L'Espiguet, 30240 LE GRAU-DU-ROI
Tel. : 04 66 51 40 45
e-Mail : anastasia.rocque@vignevin.com

David GAUTREAU

PVVL
Les Loges, 49380 BELLEVIGNE-EN-LAYON
Tel. : 02 41 54 17 00
e-Mail : david@pvvl.fr

RÉSUMÉ

La diversité intra-variétale constitue aujourd'hui un enjeu central pour accompagner l'évolution du vignoble face aux changements climatiques, aux pressions sanitaires et aux attentes qualitatives de la filière. Les conservatoires viticoles, riches d'un patrimoine génétique collecté et caractérisé depuis plusieurs décennies, offrent une ressource précieuse pour soutenir cette adaptation. L'émergence d'approches telles qu'**ENTAV Diversité** permet désormais de valoriser pleinement cette variabilité en diffusant des assemblages de génotypes représentatifs de la diversité d'un cépage.

Ce nouveau modèle de diffusion repose sur un schéma structuré incluant la sélection des accessions en conservatoire, la prémultiplication, la multiplication chez les pépiniéristes et la mise à disposition d'un matériel diversifié auprès des viticulteurs. La collaboration étroite avec les pépiniéristes constitue un élément clé : elle garantit le maintien des assemblages, leur traçabilité et la cohérence du matériel végétal destiné à la plantation. Cette organisation offre aux professionnels un outil supplémentaire pour renforcer la résilience de leurs vignobles.

Les cépages ligériens, tels que le Chenin, le Melon B, le Cabernet franc ou encore le Pineau d'Aunis, illustrent particulièrement bien l'intérêt de cette diffusion de diversité. Leur variabilité phénotypique, largement documentée dans les conservatoires régionaux, ouvre la voie à des profils de vigueur, de comportements physiologiques et de réponses environnementales diversifiés, utiles pour s'adapter aux hétérogénéités climatiques et pédologiques.

La diffusion de la diversité intra-variétale ne constitue pas seulement une innovation technique : elle marque une évolution profonde dans la manière d'envisager la gestion du matériel végétal. En proposant un matériel génétiquement diversifié, contrôlé et structuré, elle permet d'allier préservation de l'identité des cépages et anticipation des conditions de production futures. Elle offre ainsi une perspective durable et opérationnelle pour renforcer la robustesse du vignoble et accompagner les transitions de la filière viticole.

MOTS CLÉS

Diversité intravariétale
Matériel végétal
Prémultiplication
Sélection
Plants de vigne
Pépiniériste

La diversité intravariétale constitue aujourd'hui un levier essentiel pour sécuriser la production viticole, renforcer la résilience du vignoble et préserver l'identité des cépages. Depuis l'évolution des schémas de sélection et de diffusion du matériel végétal, l'enjeu n'est plus seulement de produire des clones homogènes, mais de maintenir et diffuser une diversité génétique fonctionnelle. Cette diversité, mobilisable face au changement climatique ou aux maladies émergentes, doit être préservée tout au long du parcours du plant : de la prémultiplication à la plantation.

Pourquoi la diversité intravariétale est-elle un enjeu stratégique aujourd'hui ?

La diversité intra-variétale représente un complément essentiel aux outils déjà disponibles dans le domaine du matériel végétal, notamment à la sélection clonale. Alors que la sélection clonale permet de proposer aux viticulteurs des références fiables, stabilisées et bien caractérisées, la diversité intra-variétale offre une gamme plus large de comportements au sein d'un même cépage. Cette complémentarité permet de répondre à des objectifs agronomiques ou environnementaux variés.

La mobilisation de cette diversité est particulièrement pertinente dans un contexte de variabilité climatique accrue et d'évolution des conditions de production. En s'appuyant sur un ensemble de génotypes issus des conservatoires, il devient possible d'anticiper des réponses différenciées face aux aléas (stress hydrique, températures extrêmes, pressions sanitaires) tout en conservant l'identité variétale.

L'objectif est ainsi d'enrichir l'offre existante, non pas en opposition mais en synergie avec la sélection clonale, en proposant aux viticulteurs une boîte à outils plus large, capable de s'adapter à différents contextes et enjeux.

Comment se déroule la phase de prémultiplication et quels sont ses objectifs ?

La prémultiplication constitue la première étape structurante du schéma de diffusion du matériel végétal. Son objectif principal est d'assurer la production d'un matériel sain, fidèle et représentatif de la diversité recherchée.

Cette étape repose sur :

- La sélection d'accessions issues des conservatoires ;
- Des contrôles sanitaires rigoureux ;
- La mise en place de parcs de prémultiplication permettant une production maîtrisée ;
- Une organisation garantissant la traçabilité depuis la source génétique.

La prémultiplication joue ainsi un rôle stratégique : elle transforme la diversité conservée, souvent en faible quantité, en un matériel prêt à entrer dans les circuits de multiplication tout en préservant son identité génétique et sanitaire. Elle constitue également un espace d'observation privilégié permettant de mieux comprendre les comportements des accessions, en particulier pour les cépages ligériens qui présentent une variabilité notable.

Quelles sont les étapes entre la prémultiplication et la mise à disposition des plants pour la plantation ?

Entre la prémultiplication et la mise à disposition des plants pour la plantation, plusieurs étapes structurées permettent d'assurer la cohérence et la qualité du matériel végétal.

1. Multiplication chez les pépiniéristes agréés :

Les pépiniéristes jouent un rôle central dans la diffusion de la diversité. Ils reçoivent le matériel prémultiplié (plants de base) et assurent la multiplication commerciale en respectant les assemblages définis.

2. Contrôles et certifications :

L'ensemble du processus reste encadré par les réglementations relatives au matériel certifié, garantissant qualité, identité variétale et traçabilité. Des contrôles annuels sont effectués par l'autorité compétente : FranceAgriMer.

3. Mise à disposition aux viticulteurs :

La phase de mise à disposition constitue un point clé pour assurer que le matériel livré aux viticulteurs respecte les garanties sanitaires et génétiques établies en amont. Les plants fournis doivent présenter un état sanitaire conforme

aux exigences du matériel certifié, et leur identité génétique doit être strictement conforme aux accessions sélectionnées. La traçabilité, depuis les conservatoires jusqu'aux lots livrés, permet d'assurer cette conformité et de garantir que la diversité choisie parvient intacte aux professionnels du terrain. Les viticulteurs peuvent alors planter un matériel adapté aux enjeux actuels.

La diffusion de la diversité intra-variétale s'inscrit pleinement dans le schéma classique de production et de diffusion du matériel végétal, en mobilisant de manière structurée les ressources conservées dans les collections et en s'appuyant sur les étapes établies que sont la sélection en conservatoire, la prémultiplication, la multiplication en pépinière et la mise à disposition du matériel certifié. Elle renforce ainsi le dispositif existant en élargissant l'éventail des génotypes proposés aux professionnels.

Ce fonctionnement permet de préserver la qualité sanitaire et génétique du matériel tout en valorisant la variabilité présente au sein d'un même cépage. Dans ce cadre, la

diversité intra-variétale devient une composante naturelle et complémentaire de l'offre en matériel végétal, apportant des réponses adaptées aux contextes de production variés.

En intégrant cette diversité dans le schéma de diffusion

avec la marque ENTAV Diversité, la filière se dote d'un outil supplémentaire pour accompagner les transitions en cours, maintenir la qualité des productions et renforcer la résilience du vignoble, tout en restant fidèle aux principes et exigences du matériel certifié.

A RETENIR

- La diversité intra-variétale est un levier essentiel d'adaptation et de résilience du vignoble.
- ENTAV Diversité valorise les conservatoires en diffusant des assemblages de génotypes plutôt qu'un clone unique.
- Le rôle des pépiniéristes est central pour maintenir la cohérence et la traçabilité de ces assemblages.
- La diffusion de matériel diversifié répond à une demande croissante des viticulteurs.

PERSPECTIVES

- Développer davantage d'expérimentations régionales pour caractériser la diversité disponible.
- Approfondir les liens entre diversité génétique et comportements agronomiques en contexte climatique changeant.
- Renforcer les outils de traçabilité et les collaborations avec les pépiniéristes.
- Étendre la démarche ENTAV Diversité à de nouveaux cépages.
- Accompagner les viticulteurs dans l'adoption de matériels diversifiés.



➤ Innover avec l'existant : la diversité intra-variétale comme ressource d'adaptation

Etienne NEETHLING

ESA, USC 1422 GRAPPE-INRAE,
Ecole Supérieure des Agricultures,
55 rue Rabelais, 49007 ANGERS
e-Mail : e.neethling@groupe-esa.com

RÉSUMÉ

Afin de répondre aux incertitudes climatiques, l'étude de la diversité intra-variétale est essentielle pour évaluer le potentiel d'adaptation et d'évolution des cépages cultivés. Cette recherche examine dans quelle mesure cette diversité peut constituer une stratégie d'adaptation au changement climatique. L'analyse porte sur plusieurs cépages en France, ainsi qu'au Portugal et en Afrique du Sud, pour lesquels des données de floraison et de véraison ont été collectées sur différents clones et accessions. Pour chaque stade phénologique, les besoins en chaleur ont été estimés à partir des données issues des stations météorologiques locales, puis les performances des modèles ont été vérifiées. Les projections climatiques ont ensuite été intégrées afin d'anticiper l'évolution future de la diversité intra-variétale. Les résultats mettent en évidence une variabilité phénotypique marquée parmi les cépages étudiés et soulignent l'intérêt de la diversification pour renforcer leur résilience face au changement climatique. Ce travail constitue une première étape vers une quantification des besoins en chaleur des différents génotypes d'un même cépage et vers l'évaluation de leur potentiel comme leviers d'adaptation pour maintenir l'identité des vins dans le contexte du changement climatique.

MOTS CLÉS

Diversité clonale
Phénotypage
Adaptation
Changement climatique
Viticulture

Produit localement mais commercialisé à l'échelle mondiale, le secteur vitivinicole a longtemps considéré le cépage comme un élément central de qualité, d'authenticité et d'identité régionale. Chaque cépage présente une niche climatique fine qui conditionne son adaptation écologique à un ensemble de facteurs environnementaux. Aujourd'hui, le changement climatique remet en cause ces niches, en particulier les seuils supérieurs d'adaptation des cépages traditionnels. L'augmentation des températures accélère la maturation, produisant des raisins plus riches en sucres et moins acides, ce qui peut affecter l'équilibre des vins ou encore, leur complexité aromatique. Dans le contexte de l'adaptation de la viticulture au changement climatique, les producteurs peuvent mobiliser la diversité variétale afin de limiter les

impacts attendus du changement climatique, notamment en sélectionnant des cépages plus tolérants à la chaleur et à la sécheresse. Malgré les travaux en cours portant sur la diversité génétique des cépages, des porte-greffes ou sur le développement des variétés plus résistantes aux maladies, l'étude de la diversité intra-variétale demeure essentielle pour évaluer le potentiel d'adaptation et d'évolution des variétés actuellement cultivées. Dans cette perspective, cette étude (ANR-SWICC) vise à déterminer dans quelle mesure la diversité intra-variétale peut constituer un levier d'adaptation. Pour ce faire, le projet a collaboré avec plusieurs institutions en France, au Portugal et en Afrique du Sud afin de collecter des données sur plus de 2 500 génotypes appartenant à 12 cépages rouges et blancs (*Figure 1*).

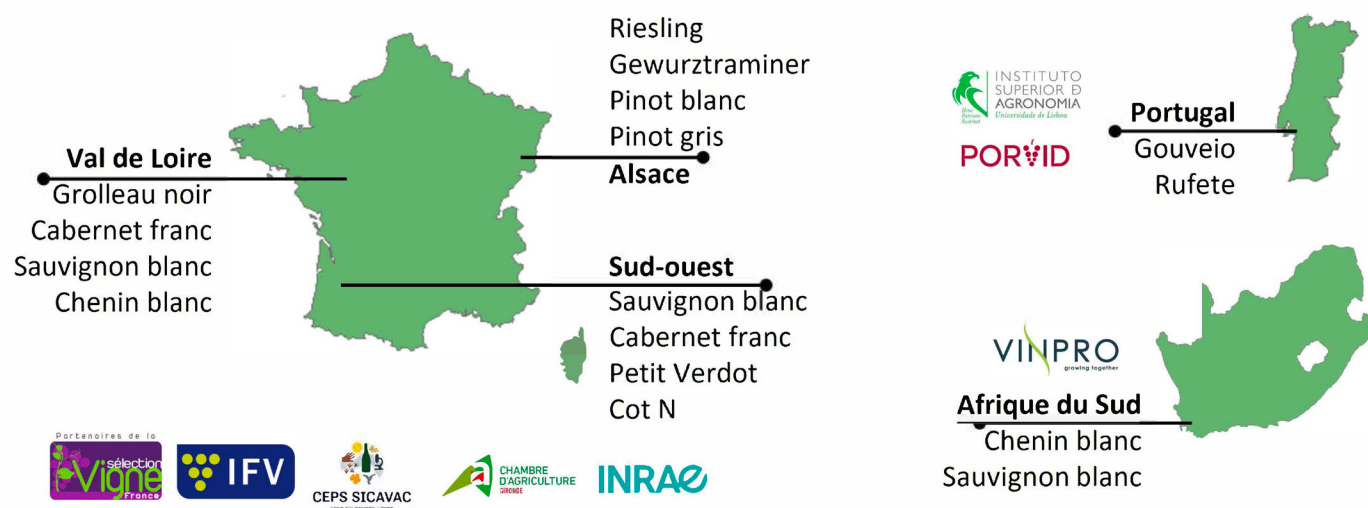


Figure 1 : Principaux cépages étudiés dans le projet ANR-SWICC. Les mesures agronomiques ont été collectées pour plus de 2 500 génotypes appartenant à ces 12 cépages

Quelles formes de diversité phénotypique intra-variétale ont été observées parmi les cépages étudiés ?

Les données historiques et les mesures ces dernières années convergent pour démontrer une importante diversité phénotypique intra-variétale concernant les dates de floraison et de véraison. Dans le Val de Loire pour le cépage Chenin blanc (*Tableau 1*), les observations historiques issues du conservatoire régional des années 90 ont montré que les génotypes les plus précoces et les plus tardifs pouvaient différer de 4 à 9 jours pour la floraison selon les années (différence moyenne de 7 jours). À la véraison, cette variabilité augmentait fortement, avec 12 à 20 jours d'écart selon la saison, soit un écart moyen de 16 jours entre les génotypes les plus précoces et les plus tardifs. Les données collectées en 2023 et 2024 dans le nouveau conservatoire ont illustré en moyenne un écart de 7 jours pour la floraison et de 17 jours pour la véraison entre les génotypes étudiés. Cette diversité croît avec la richesse de la population étudiée. Une analyse de plus de 60 clones de Sauvignon blanc en

Val de Loire, caractérisés sur six saisons de croissance, a montré une corrélation positive entre la variation phénotypique et le nombre de génotypes inclus. À l'aide d'un indice de précocité du cycle reproductif, un regroupement hiérarchique a distingué quatre groupes phénologiques. Les populations les plus riches présentaient systématiquement des variations phénotypiques plus larges pour la floraison et la véraison. Ainsi, partir d'une population génétiquement riche augmente donc la probabilité d'identifier des traits différents concernant des indicateurs tels que la tolérance à la sécheresse, la sensibilité aux maladies, ou la composition des baies. Dans l'ensemble, ces résultats soulignent que la diversité intra-variétale est non seulement importante mais également écologiquement significatif. En effet, une grande partie des génotypes tardifs dans les conservatoires restent sous-utilisée dans la pratique commerciale.

			Floraison (JJ)				Véraison (JJ)			
SITE	ACCESSIONS	ANNÉE	MIN.	MOY.	MAX.	Δ	MIN.	MOY.	MAX	Δ
INRA	62	1997	158	160	164	6 jrs	234	241	248	14 jrs
	64	1998	168	170	172	4 jrs	232	239	248	16 jrs
	156	1999	165	167	171	6 jrs	228	239	242	14 jrs
LEPA	62	1997	158	161	166	8 jrs	233	236	245	12 jrs
	64	1998	163	166	171	8 jrs	220	229	240	20 jrs
	180	1999	162	165	171	9 jrs	227	236	246	19 jrs
IFV	280	2023	156	159	163	7 jrs	215	220	232	17 jrs
	280	2024	166	170	173	7 jrs	228	235	246	18 jrs

Tableau 3 : Diversité phénotypique au sein du Chenin blanc en Val de Loire pour les stades de floraison et de véraison (JJ = Jour de l'année depuis le 1er janvier et Δ = différence en jours, jrs). Les partenaires des données collectées sont INRAE et IFV

Quel est le potentiel adaptatif de la variabilité intra-variétale face au changement climatique du XXI^{ème} siècle ?

L'étude a estimé les besoins thermiques de chaque accession ou génotype afin d'atteindre les stades phénologiques de floraison et de véraison. Ces estimations ont été réalisées à l'aide de modèles de réponse linéaires et non linéaires, déjà validés au niveau variétal. Les projections climatiques intégrées aux modèles, couvrant les scénarios RCP 2.6, 4.5 et 8.5, ont permis d'évaluer la manière dont chaque accession pourrait réagir au réchauffement régional et de quantifier la capacité d'adaptation des cépages dans le contexte de leur diversité génétique. Les résultats indiquent que le changement climatique entraîne un avancement général de la phénologie pour toutes les accessions tout en maintenant l'écart relatif entre génotypes précoces et tardifs. Pour le Chenin Blanc, l'écart historique simulé entre accessions pour la véraison était d'environ 9 jours. Dans le scénario de réchauffement pessimiste (soit RCP 8.5) à la fin du siècle, cet écart se réduit à environ 6 jours (Figure 2). Ainsi,

jusqu'en 2050, la variabilité intra cépage pourrait largement compenser les effets du réchauffement, mais au-delà de cet horizon et particulièrement pour des scénarios de réchauffement plus marqué, cette capacité d'atténuation diminue. Enfin, la variabilité interannuelle des conditions climatiques joue également un rôle déterminant. Par exemple, en Val de Loire, les données historiques montrent l'évolution des températures de la saison de croissance au cours des 70 dernières années, ainsi que l'amplitude des variations saisonnières auxquelles les vignerons ont été confrontés, soulignant l'importance d'une stabilité temporelle pour la viticulture. En se fondant sur les principes de la sélection polyclonale, il apparaît que les accessions ou clones diversifiés assurent une plus grande stabilité temporelle, chaque clone apportant une valeur ajoutée à la population globale. Maintenir une diversité de clones précoces et tardifs paraît essentiel dans un contexte où le climat est de plus en plus incertain.

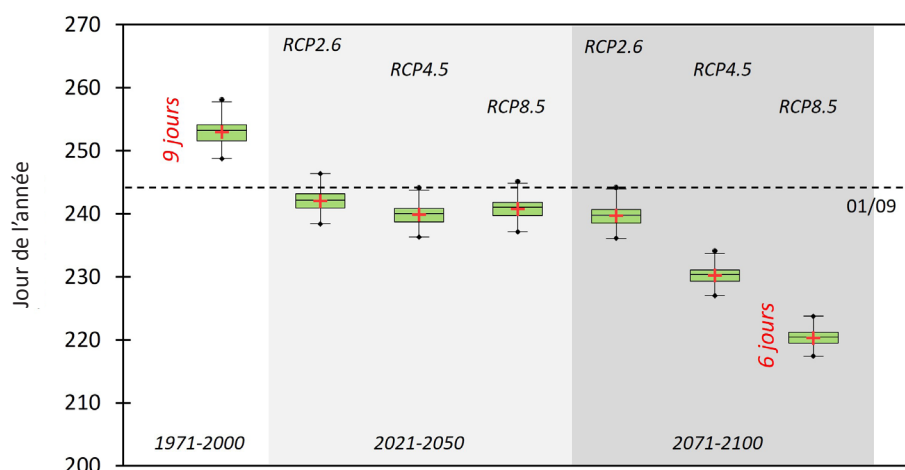


Figure 2 : Variabilité temporelle prévue pour le stade de véraison des différentes accessions de Chenin blanc en Val de Loire selon les scénarios climatiques et la période considérée

Comment la diversité intra-variétale se traduit-elle dans différents environnements ?

Pour explorer l'expression phénotypique des accessions dans des environnements contrastés et mieux comprendre leur potentiel d'adaptation, des études ont été menées sur trois saisons de croissance en collaboration avec VinPro et les sites démonstratifs Gen-Z en Afrique du Sud. Chaque site a été planté avec une sélection de clones sud-africains de Chenin Blanc et Sauvignon Blanc, accompagnés de clones de référence français (clones ENTAV). L'analyse de la phénologie a montré que le moment de la véraison variait fortement selon le site, principalement en raison des différences de température, soulignant l'influence du climat local sur l'expression phénotypique. En moyenne, la véraison en Afrique du Sud survient fin décembre, tandis qu'en France, dans un climat océanique plus frais, elle se produit à la mi-août, ce qui correspond approximativement à mi-février pour le climat sud-africain. Les observations ont révélé que la diversité phénotypique des clones sud-

africains était plus faible que celle des populations françaises plus importantes. Néanmoins, les comparaisons entre sites et saisons ont mis en évidence des variations entre clones sud-africains et clones français ENTAV. Les clones français présentaient généralement une véraison plus précoce, tandis que les clones sud-africains, plus tardifs, affichaient une composition des baies différente, avec des sucres plus faibles et une acidité totale plus élevée au même stade de récolte. En ce qui concerne le rendement, les clones sud-africains ont montré une variabilité plus importante, confirmant que le rendement est un trait fortement déterminé par le génotype. À l'inverse, la phénologie et la composition des baies sont davantage influencées par les interactions génotype × environnement. Ces résultats démontrent que la diversité intra-variétale joue un rôle clé dans la capacité des populations à s'adapter à des conditions environnementales variées.

A RETENIR

Des données ont été collectées sur les dates de floraison et de véraison des différentes accessions des cépages étudiés. Les résultats soulignent la forte diversité phénotypique des cépages et l'importance de la diversification pour renforcer la résilience face au changement climatique. Face à la grande incertitude climatique, la diversité intra-variétale apparaît comme une stratégie rationnelle, constituant une solution concrète, peu coûteuse et fiable pour réduire la sensibilité des cépages aux aléas climatiques, tout en préservant l'identité locale des vins.

PERSPECTIVES

Les travaux futurs doivent viser à mieux exploiter la diversité intra-variétale, en élargissant l'étude non seulement aux accessions conservées dans les conservatoires régionaux, mais aussi à celles potentiellement cultivées dans d'autres régions ou pays viticoles. Une meilleure connaissance de cette diversité permettra de caractériser plus finement les traits adaptatifs des accessions dans des contextes climatiques variés. Heureusement, des initiatives prometteuses sont déjà en cours, comme celles menées par InterLoire et l'IFV Val de Loire pour Chenin Blanc. La diversité génétique étant un processus continu, les travaux futurs consisteront à exploiter et intégrer les données « clonales » issues d'une large variété de contextes géographiques, afin de renforcer les stratégies d'adaptation viticole face aux défis climatiques.

REMERCIEMENTS

Nous souhaitons remercier tous les partenaires qui collaborent avec cette étude et la mise à disposition de leurs données agronomiques. Cette recherche bénéficie du financement de l'Agence Nationale de la Recherche (ANR) dans le cadre du projet SWICC (22-CE03-0003).

BIBLIOGRAPHIE

Morales-Castilla, I., García de Cortázar-Atauri, I., Cook, B.I., Lacombe, T., Parker, A., et al., 2020. Diversity buffers winegrowing regions from climate change losses. PNAS, 117 (6) 2864-2869.

Van Leeuwen, C., Destrac-Irvine, A., Dubernet, M., Duchêne, E., Gowdy, M., et al., 2019. An update on the impact of climate change in viticulture and potential adaptations. Agronomy, 9(9), 514.

Parker, A., Garcia de Cortázar, I., Chuine, I., Barbeau, G., Bois, B., et al., 2013. Classification of varieties for their timing of flowering and véraison using a modelling approach: a case study for the grapevine species *Vitis vinifera* L. Agric. For. Meteorol. 180, 249-264.

➤ Analyse de la diversité intra-variétale au niveau du génome entier, que peut-on en tirer ?

Cas du Chenin et du Merlot

Patrice THIS

UMR AGAP INRAE, UMT Geno-Vigne®

Tel. : 04 67 61 56 51

e-Mail : patrice.this@inrae.fr

RÉSUMÉ

La vigne évolue à la fois par reproduction sexuée, via les pépins et par multiplication végétative via bouturage et greffage. La reproduction sexuée produit des variétés différentes des parents, tandis que la multiplication végétative reproduit quasiment à l'identique les cépages parentaux. Via la multiplication végétative apparaissent malgré tout des différences qui donnent lieu à des clones différents. Les méthodes récentes de séquençage du génome entier des plantes permettent de différencier cépages et clones d'un même cépage. La diversité entre clones est cependant beaucoup plus faible que celle entre cépages. La communication présentera les travaux réalisés sur deux cépages, le 'Chenin blanc', et le 'Merlot'. L'étude de 55 clones de Merlot, dans un dispositif expérimental bien adapté, permet d'identifier des différences significatives de la concentration de sucre entre clones, correspondant à l'équivalent d'un degré d'alcool entre les clones les plus extrêmes pour ce caractère. Le clone peut donc être un levier intéressant contre le changement climatique. Enfin, l'étude de 27 clones de Chenin blanc, français et sud-africains permet de démontrer que les clones ont évolué différemment dans ces deux zones viticoles. Pour obtenir plus de diversité pour un cépage donné, il peut être intéressant de rechercher des clones dans des zones différentes du globe.

MOTS CLÉS

Diversité clonale
Identification
Génome
Changement climatique
Evolution

La vigne est une espèce pérenne à multiplication préférentiellement végétative, même si la reproduction sexuée est également possible. Un cépage nouveau, différents des parents est issue d'un pépin, résultat de la reproduction sexuée. Par multiplication végétative, un cépage est reproduit quasiment à l'identique par bouturage ou greffage. Après un nombre important de cycles de multiplication, peuvent apparaître des différences entre les vignes produites, qui représentent des clones différents (Figure 3). Ces variations peuvent toucher de nombreux caractères (rendement, sucres, port,...). Bien que le niveau variation entre clones soit plus faible que la différence entre cépages, les clones peuvent cependant être un moyen de faire face de certains défis de la viticulture, notamment vis-à-vis du changement climatique, d'autant que l'identité du cépage est maintenue. Selon les cépages, la diversité clonale est plus ou moins importante. Certains clones agréés sont disponibles pour les viticulteurs, mais il existe aussi beaucoup de clones présents dans des collections, nationale ou privés, non agréés. On parle alors d'accessions. Par ailleurs, la vigne voyage beaucoup et est cultivée dans des régions différentes. Elle peut ainsi évoluer différemment selon les régions du monde dans laquelle elle est cultivée, et donc multipliée.

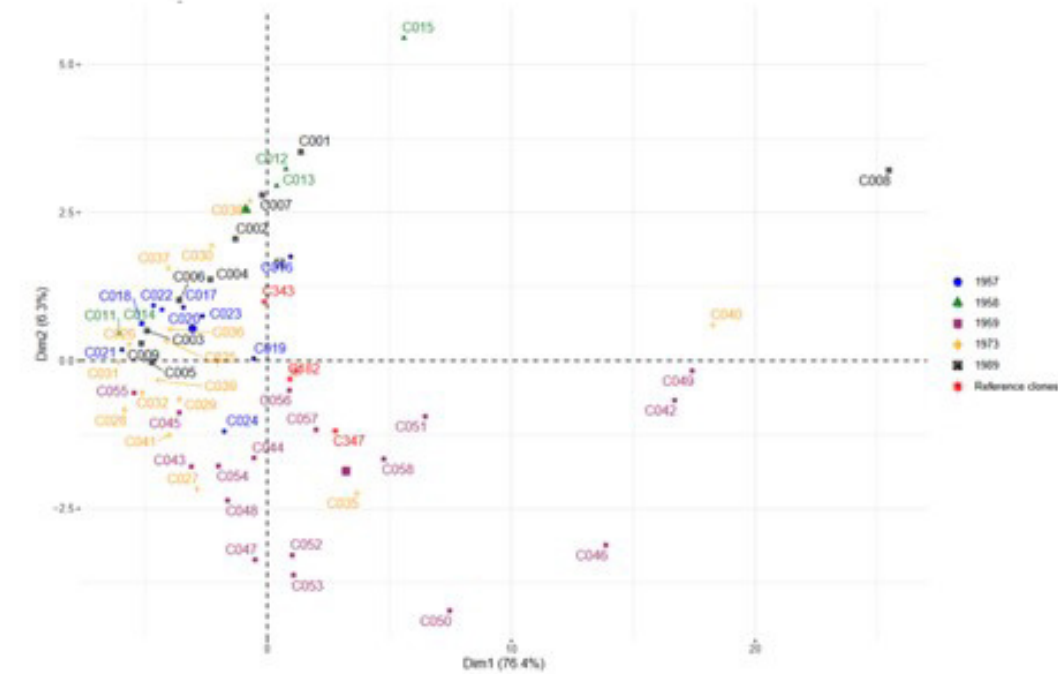


Figure 3 : Analyse en composantes principales des 55 accessions et 3 clones agréés ENTAV-INRA® de « Merlot ». L'analyse en composantes principales a été réalisée à partir de la matrice des distances calculée à partir des données moléculaires. Les accessions sont colorées en fonction de l'année de plantation de la plante mère. Les 3 clones agréés, servant de référence sont colorés en rouge

Les méthodes de séquençage du génome permettent-elles de différencier des clones d'une même variété ?

Séquencer le génome d'une plante c'est lire l'ensemble des lettres du code génétique (A, T, G, C correspondant aux 4 bases formant la molécule de l'ADN). Chez la vigne, l'ensemble du génome comprend environ 480 millions de paires de bases répartis dans les 19 chromosomes de la vigne. Diverses méthodes permettent de lire les bases composant le génome, on parle de méthodes de séquençage. Si l'on compare le génome de différentes variétés, il est possible d'identifier des différences entre les génomes : si on compare le génome de « Cabernet franc », de « Merlot » et de « Magdeleine noire des Charentes » par exemple, il est possible d'identifier jusqu'à 4,9 millions de base différentes sur les 480 millions du génome (Tableau 4, Sichel et al, 2023). De la même manière, il est possible de comparer le génome de deux clones et d'identifier des variants entre les clones. Dans le cas des clones, on peut identifier quelques milliers de bases différentes donc considérablement moins qu'entre variétés (Tableau 4, Sichel, 2023). Ces différences permettent cependant de distinguer les clones comme cela a été obtenu avec les clones de 'Merlot' (Figure 3).

COMPARAISON ENTRE	NOMBRE DE VARIANTS	% DE SNPs DANS LES VARIANTS	% DES VARIANTS DANS LES GÈNES	% des variants dans les séquences codantes
2 haplotypes de « Merlot »	3 561 942 ¹	89%	29%	4%
« Merlot » et « Cabernet franc »	2 730 140 ¹	86%	36%	5%
« Merlot » et « Magdeleine noire des Charentes »	4 987 693 ¹	89%	31%	5%
Entre clones de « Merlot »	7 565 ²	Non déterminé	Non déterminé	Non déterminé

Tableau 4 : Nombre de variant (SNPs ou insertion/deletions) identifié entre les deux haplotypes de « Merlot », entre un des haplotypes de « Merlot » et « Cabernet franc », ou entre un des haplotypes de « Merlot » et « Magdeleine noire des Charentes » ou entre clones de « Merlot »



Crédit photo : Novatech

La diversité clonale peut-elle réellement apporter une réponse vis-à-vis du changement climatique ?

La diversité au sein d'une collection privée de « Merlot » a été caractérisée à la fois au niveau de l'ADN à l'aide de méthodes de séquençage du génome et pour quelques caractères de la vigne, notamment la concentration en sucre des baies. Ce travail a été rendu possible grâce à un dispositif expérimental de bonne qualité, avec des répétitions (2 blocs avec une répartition aléatoire des 55 clones). L'analyse moléculaire des clones a permis de distinguer les 55 clones de Merlot (*Figure 3*). Sur la base des données de concentration de sucre du raisin de ces clones, les deux clones les plus extrêmes sur ce caractère ont présenté des concentrations de sucre significativement différentes, représentant l'équivalent d'un degré d'alcool dans les vins finaux. Il s'agit d'une faible variation, mais tout de même importante pour les vignerons Bordelais, et ce levier peut également être associé à d'autres leviers.

Des clones d'un même cépage issus de deux régions différentes du monde, après multiplication, ont-ils évolué ?

Un ensemble de 27 clones de Chenin blanc a été analysé. Il s'agit de 14 clones français agréés conservés par l'IFV au domaine de l'Espiguette (clones 220, 278, 416, 417, 624, 880, 982, 1018, 1206, 1207, 1208, 1209, 1286 et 1348), ainsi que 13 clones venant d'Afrique du Sud (clones 9, 24, 220, 426, 481, 550, 624, 737, 880, 1018, 1061, 1064). Certains clones provenant d'Afrique du Sud sont issus des clones français, mais ayant été multipliés plusieurs décennies en Afrique du Sud. La multiplication du matériel végétal en Afrique du Sud a également conduit à la création de

nouveaux clones. L'ensemble de ce matériel a été séquencé puis comparé grâce à une stratégie dite de « k-mers » afin de déterminer si le matériel français est distinct du matériel d'Afrique du Sud. L'analyse en composante principale des données moléculaires permet de bien distinguer le matériel français du matériel sud-africain (*Figure 4*). Cela démontre donc que les clones peuvent évoluer différemment selon les environnements. Si l'on cherche de la diversité originale dans une variété, il est donc intéressant d'aller chercher du matériel végétal issu de différentes régions du globe.

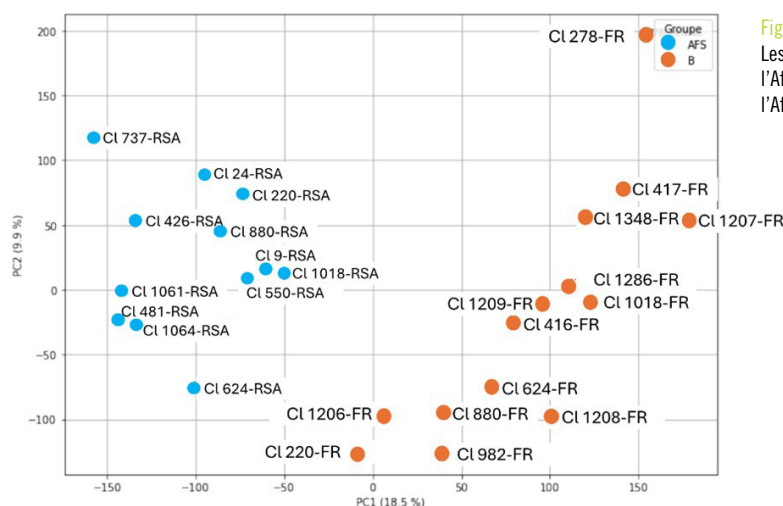


Figure 4 : Analyse en composantes principales de 26 clones de « Chenin blanc ». Les clones sont identifiés par leur nom + un suffixe : FR pour la France ou RSA pour l'Afrique du Sud. La couleur des symboles correspond à l'origine des clones : bleu pour l'Afrique du Sud et orange pour la France

CONCLUSION

Grâce à des méthodes de séquençage du génome entier, il est donc possible de caractériser et différencier les clones d'un même cépage. La comparaison des séquences des génomes des clones permet de répondre à des questions académiques, mais aussi plus appliquées ayant des répercussions pour la filière.



A RETENIR

- Le séquençage du génome de la vigne permet de différencier les cépages comme clones d'un même cépage.
- La diversité entre clones est cependant beaucoup plus faible que celle entre variétés (d'un ratio de l'ordre de 1 sur 1 000).
- La diversité clonale est un levier contre le changement climatique mais qui doit être utilisée en combinaison avec d'autres leviers car le gain est assez limité. Un des avantages est que l'on maintient l'identité du cépage.
- Les clones français de « Chenin blanc » sont très différents des clones d'Afrique du Sud, démontrant que les clones évoluent différemment selon les environnements et que pour obtenir plus de diversité pour un cépage donné, il peut être intéressant de rechercher des clones dans des zones différentes du globe.

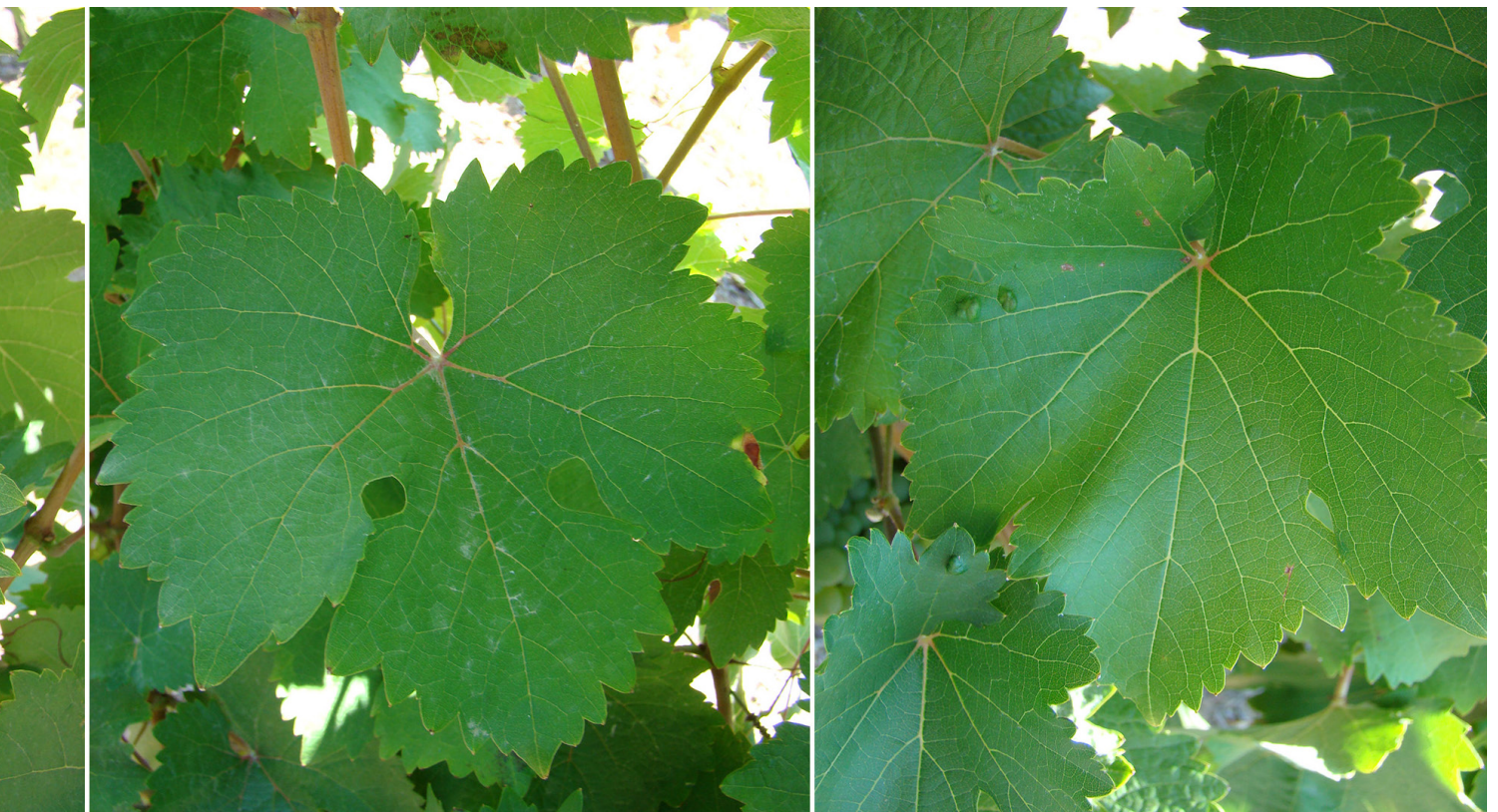
PERSPECTIVES

- Confirmer les différences entre clones, en répétant les analyses
- Eventuellement étendre le travail notamment sur Chenin blanc
- Aller vers l'identification des clones
- Comprendre les différences entre clones au niveau du génome
- Vérifier si certaines variations au niveau du génome sont associées à des différences du comportement des clones
- Comprendre mieux la différence entre clones français et sud-africain de Chenin blanc au moyen de données historiques

BIBLIOGRAPHIE

Sichel, V., Sarah, G., Girollet, N., Laucou, V., Roux, C., Roques, M., Mournet, P., Cunff, L.L., Bert, P.F., This, P., Lacombe, T. : 2023. Chimeras in Merlot grapevine revealed by phased assembly. BMC Genomics 24, 396. <https://doi.org/10.1186/s12864-023-09453-8>

Sichel, V.: 2023: Identification et sélection intra-variétale de la vigne à l'aide des outils génomiques actuels. Thèse de l'institut Agro Montpellier et de l'université de Montpellier, soutenue le 14 décembre 2023, Montpellier



➤ NGT, un outil pour générer de la diversité

Loïc LE CUNFF

Institut Français de la Vigne et du Vin,
Domaine de l'Espiguette, 30240 LE GRAU DU ROI
Tel. : 04 67 61 65 32
e-Mail : loic.lecunff@vignevin.com

Olivier ZEKRI

Pépinières Mercier, Laboratoire Novatech,
Le Champ des Noël's, 85770 LE GUE DE VELLUIRE
Tel. : 06 32 03 41 34
e-Mail : olivier.zekri@mercier-groupe.com

RÉSUMÉ

Les nouvelles techniques génomiques (NGT) ouvrent la voie à une diversification accélérée du matériel végétal viticole. Elles permettent de générer, au sein d'un même génotype, une variabilité ciblée qui complète les approches classiques de croisement et de sélection. Ces technologies offrent de nouvelles perspectives pour répondre aux défis majeurs auxquels la filière viticole est confrontée : adaptation au changement climatique, réduction des intrants phytosanitaires, et évolution des attentes du marché.

Cette communication croise deux regards complémentaires : celui de la recherche publique (IFV/Inrae) et celui d'un sélectionneur privé (Pépinières Mercier), qui explorent les bases scientifiques et les verrous techniques liés à l'utilisation des NGT sur la vigne pour s'engager dans le développement de nouvelles lignées issues de programmes d'édition génomique. Ensemble, ils illustrent comment les NGT peuvent devenir un outil d'analyse de la fonction des gènes et un levier puissant de création de diversité génétique, tout en posant des questions de réglementation, d'acceptabilité et de valorisation des innovations.

MOTS CLÉS

NGT
Sélection variétale
Diversité génétique
Viticulture
Innovation

INTRODUCTION

La viticulture mondiale fait face à des transformations profondes : changement climatique, évolution des pathogènes, pression sociétale sur les intrants, et mutation des goûts des consommateurs. Ces enjeux appellent une diversification rapide et raisonnée du matériel végétal, qu'il s'agisse de variétés, de porte-greffes ou de clones. Dans ce contexte, les Nouvelles Techniques Génomiques (NGT) apparaissent comme une voie complémentaire à la sélection conventionnelle, offrant la possibilité de générer de la diversité génétique ciblée sans recours au transfert de gènes étrangers. Cela permet aussi dans un contexte de recherche, d'explorer plus facilement les fonctions des gènes et de comprendre les mécanismes moléculaires des caractères cibles de l'amélioration variétale.

En quoi les NGT représentent-elles une nouvelle source de diversité génétique ?

Les mutations à l'échelle sur l'ADN peuvent engendrer l'apparition de nouvelles caractéristiques chez une variété, en viticulteur ce phénomène est déjà utilisé via la sélection clonale. En effet la diversité intravariétale est une recherche de « variants » au sein d'une variété, dont l'existence est due à une ou plusieurs mutations de l'ADN de la « variété initiale ». Ces nouvelles technologies de génomiques (NGT) permettent de réaliser des mutations ciblées sur l'ADN. Avec les NGT, nous pouvons obtenir la mutation recherchée dans la variété voulue. Cependant à la différence du criblage d'un conservatoire où l'ensemble des mutations sont identifiables via les caractéristiques propres mesurées sur chaque accessions, les NGT ne peuvent être utilisés que sur les mutations connues. Même si la recherche avance et que la fonction de plus en plus de gènes est connue, encore peu de caractères peuvent être ciblés via ces nouvelles technologies. De plus cette technologie même si des exemples d'études ont montré leur faisabilité, elle reste encore peu efficiente chez la vigne et nécessite des développements méthodologiques.

L'IFV et Inrae avance sur les deux aspects : I) acquérir un savoir-faire solide pour utiliser ces technologies afin de mieux caractériser la fonction des gènes et II) augmenter le nombre de cibles et donc le nombre de caractères cibles de ces technologies.

Malgré ses limites, ces technologies sont déjà testées par l'IFV et Inrae sur des cibles très intéressantes comme la réduction des intrants fongicides (mildiou/oidium/court-noué/botrytis) et des caractères d'adaptation aux changements sont déjà travaillés afin de valider leur intérêts pour la filière.

En tant que sélectionneur privé, Mercier s'est engagé depuis 2018 dans le développement de nouvelles variétés de vigne, dans une logique de diversification génétique au service de la filière. Nos programmes visent à proposer aux viticulteurs des solutions variétales adaptées aux défis d'aujourd'hui et de demain :

- résistance durable aux bioagresseurs (champignons, virus, insectes) ;
- résilience accrue vis-à-vis du stress hydrique et thermique ;
- qualité sensorielle en adéquation avec l'évolution des attentes des consommateurs.

Les NGT constituent un levier parmi d'autres pour accélérer cette diversification, en permettant d'explorer de nouvelles combinaisons génétiques plus rapidement qu'avec les croisements traditionnels. Et en permettant d'explorer un champ des possibles plus large qu'avec les croisements traditionnels.

Comment ces technologies sont-elles mises en œuvre dans un contexte appliqué ?

Le laboratoire NOVATECH, développe des programmes de recherche autour des NGT appliquées à la vigne depuis 2013. Concrètement, plus de 30 gènes candidats sont actuellement à l'étude sur une centaine de variétés, avec trois pistes principales :

- la résistance à l'oidium,
- la tolérance au stress hydrique,
- et la résistance aux virus.

Ces recherches visent à créer des lignées pré-commerciales qui pourront enrichir le réservoir génétique disponible pour la sélection future. L'IFV et Inrae travaillent ensemble sur des plants de vigne obtenues avec ces technologies dans des serres de types S2 pour valider leurs niveaux de tolérances vis-à-vis de l'oidium, du mildiou et du botrytis. En effet les impacts des mutations visant à l'obtention, avec ces technologies, de ces tolérances (différentes des gènes des résistance utilisés en sélection conventionnelle) sont peu documentés, et des études sérieuses doivent être menées. Dans le cadre d'un projet PERP SVA, des mutations sur des gènes connus chez d'autres espèces pour apporter une amélioration vis-à-vis des stress biotiques et abiotiques ont été recherchés chez la vigne et près de 1 000 gènes ont pu être ainsi identifiés ouvrant la voie à des multiples améliorations du matériel végétal via ces technologies.

Toutefois, les essais en plein champ pour validation en « conditions réelles » ne sont pas encore possibles en Europe : la réglementation européenne sur les NGT, toujours en discussion, conditionne le passage du laboratoire au vignoble.

Quels sont les défis pour l'intégration de ces innovations dans la filière viticole ?

Les principaux enjeux sont triples :

- Scientifique : produire des plantes issues de ces technologies en routine et comprendre suffisamment les mécanismes moléculaires ;
- Réglementaire : la mise en place d'un cadre clair et harmonisé au niveau européen pour les essais, la production et la commercialisation des variétés NGT ;
- Sociétal : l'acceptation de ces technologies par le consommateur et par la filière, nécessitant une communication pédagogique sur la différence entre NGT et OGM ;
- Filière et gouvernance : la compatibilité des innovations génétiques avec les règles actuelles des AOC, des clones et des procédures d'homologation, pour permettre une appropriation collective et maîtrisée.

CONCLUSION

Les NGT représentent une opportunité majeure de diversification et de résilience pour la viticulture. Elles permettent de renouveler le patrimoine génétique viticole, de l'enrichir, et de le rendre plus adaptable aux nouvelles contraintes. Mais leur adoption passera par une construction commune entre recherche publique, sélectionneurs privés et filière professionnelle, afin d'allier innovation, transparence et durabilité.

A RETENIR

- Les NGT sont un outil de mutation ciblée générant de la diversité génétique afin de mieux décrypter la fonction des gènes.
- Elles peuvent accélérer ou accroître la réponse variétale face aux enjeux climatiques et sanitaires.
- Les verrous actuels sont scientifiques, réglementaires et sociétaux.
- Leur mise en œuvre nécessite un dialogue entre science, sélection et filière.

PERSPECTIVES

- Attente de la validation du cadre réglementaire européen (NGT-1).
- Mise en place d'essais au vignoble pour les premiers géotypes édités pour évaluer leur intérêt et répondre à des questions scientifiques
- Développement d'un dialogue filière pour l'intégration dans les systèmes d'appellation.
- Poursuite du travail collaboratif public-privé pour explorer de nouveaux gènes d'intérêt.

BIBLIOGRAPHIE

Moffa L, Mannino G, Bevilacqua I, Gambino G, Perrone I, Pagliarini C, Berteà CM, Spada A, Narduzzo A, Zizzamia E, Velasco R, Chitarra W, Nerva L. CRISPR/Cas9-driven double modification of grapevine MLO6-7 imparts powdery mildew resistance, while editing of NPR3 augments powdery and downy mildew tolerance. *Plant J.* 2025 Apr;122(2):e17204. doi: 10.1111/tpj.17204.

Bertini E, D'Inca E, Zattoni S, Lissandrini S, Cattaneo L, Cifollillo C, Amato A, Fasoli M, Zenoni S. Transgene-free Genome Editing in Grapevine. *Bio Protoc.* 2025 Feb 20;15(4):e5190. doi: 10.21769/BioProtoc.5190.

Giacomelli L, Zeilmaker T, Giovannini O, Salvagnin U, Masuero D, Franceschi P, Vrhovsek U, Scintilla S, Rouppe van der Voort J, Moser C. Simultaneous editing of two DMR6 genes in grapevine results in reduced susceptibility to downy mildew. *Front Plant Sci.* 2023 Aug 21;14:1242240. doi: 10.3389/fpls.2023.1242240.



Crédit photo : Novatech

