

Projet SIGNE

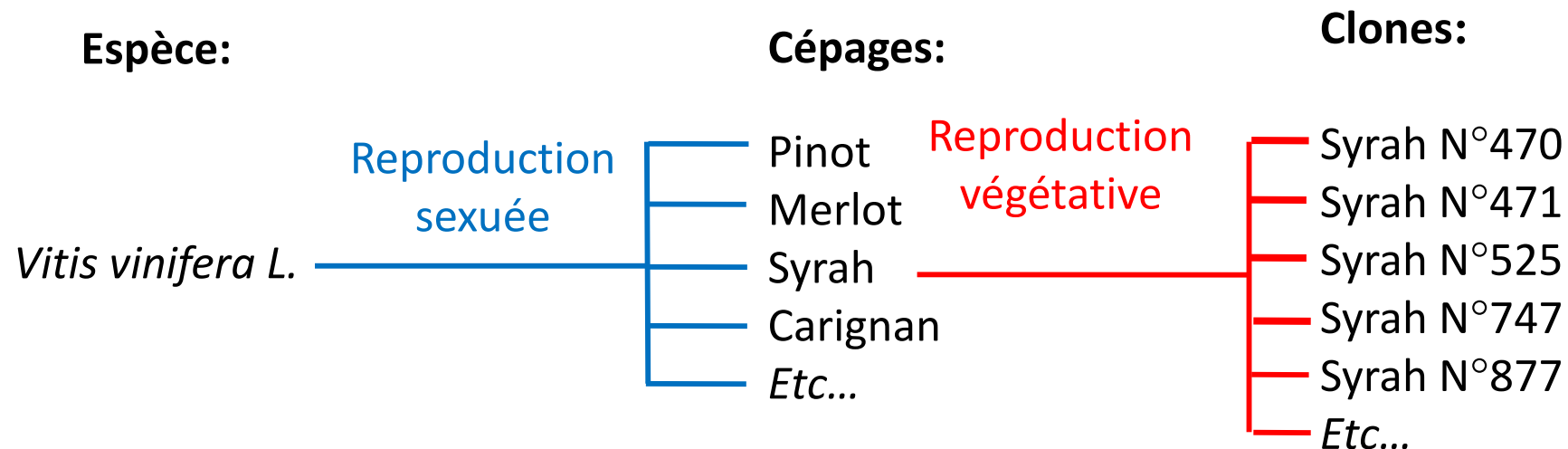
SPIR, un outil de traçabilité et de gestion de la variabilité intra-variétale chez la vigne.

Noémie Lafouge, Martin Ecartot, Loïc Le Cunff, Pierre Roumet, Christophe Sereno

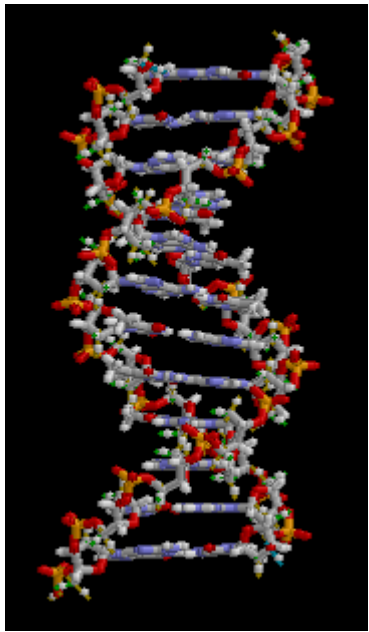


Le paysage viticole français : focus sur le matériel végétal

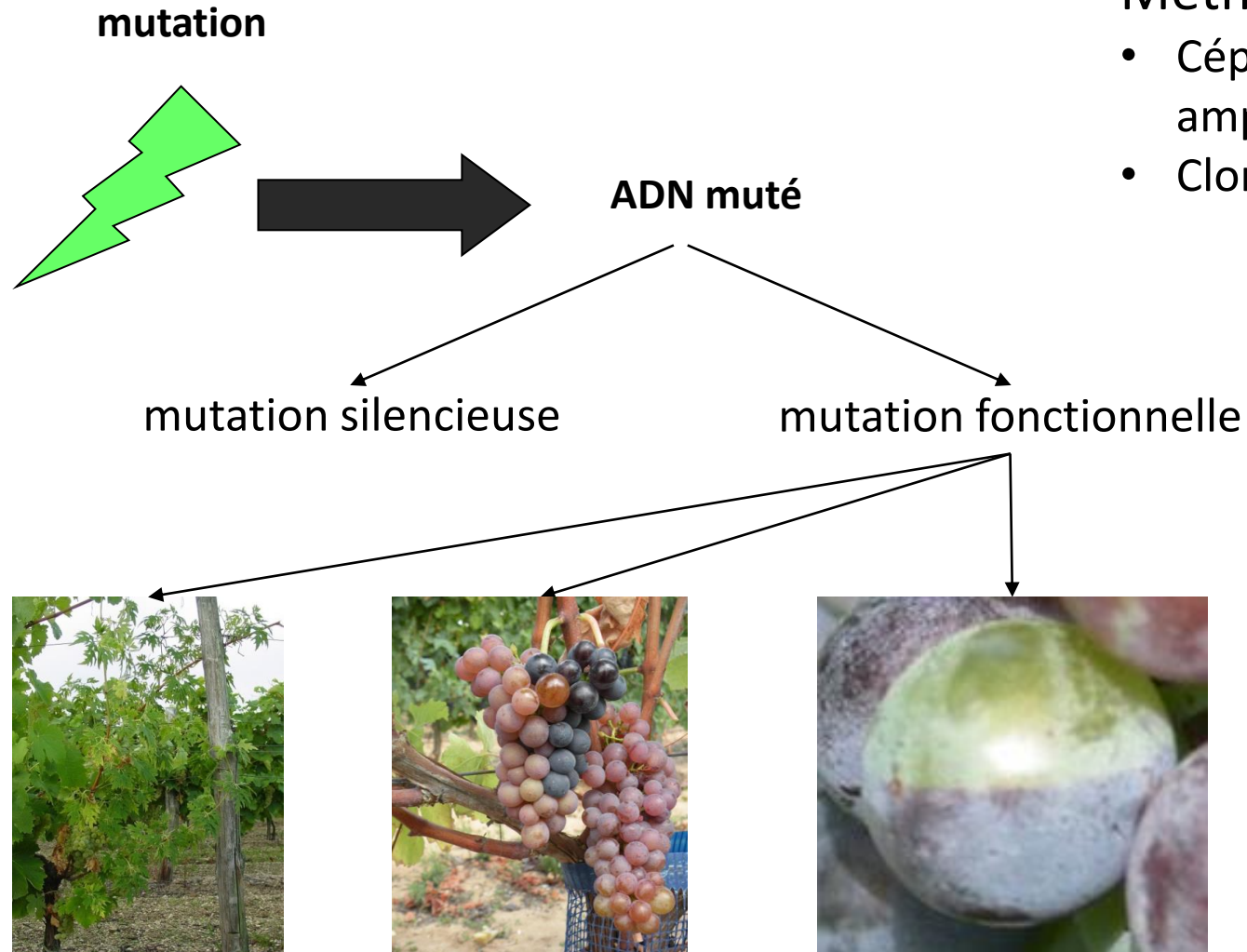
- Plus de **600** cépages autochtones en France (com pers JM Boursiquot)
- Catalogue Officiel : **358** variétés (cuve, table, hybride) et **31** porte-greffes
- Inscription (dont Classement)
 - Chaque année : **2** à **5** variétés inscrites
- Plus de **1 200** clones agréés
 - Chaque année : ~**10** nouveaux clones agréés



Les clones de vigne



ADN



Crédit : S. Julliard



Crédit : L. Bordenave



Crédit : T. Lacombe

Méthodes d'identifications:

- Cépages: ampélographie et ampélographie moléculaire
- Clones : ampélographie

Etat de l'art

- Diago et al., 2013 et Fernandes et al., 2014 et 2018 : identification de 3 cépages et de 4 clones de Cabernet-Sauvignon par sur des feuilles et 5 cépages sur des rameaux par caméra hyperspectrale

Identification of grapevine varieties using leaf spectroscopy and partial least squares

Maria P. Diago^a, A.M. Fernandes^{b,*}, B. Millan^a, J. Tardaguila^a, P. Melo-Pinto^{b,c}

^a Instituto de Ciencias de la Vid y del Vino, University of La Rioja, CSIC, Gobierno de La Rioja, C/Madre de Dios, 51, 26006 Logroño, Spain

^b CITAB - Centre for the Research and Technology of Agro-Environmental and Biological Sciences, Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro, Quinta de Prados, 5000-911 Vila Real, Portugal

^c Department of Engineering, Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro, Quinta de Prados, 5000-911 Vila Real, Portugal

Automatic discrimination of grapevine (*Vitis vinifera* L.) clones using leaf hyperspectral imaging and partial least squares

Article in The Journal of Agricultural Science · April 2014

DOI: 10.1017/S0021859614000252

Assessment of grapevine variety discrimination using stem hyperspectral data and AdaBoost of random weight neural networks

Armando Fernandes^{a,*}, Andrei Utkin^a, José Eiras-Dias^b, José Silvestre^b, Jorge Cunha^b, Pedro Melo-Pinto^{c,d}

^a INOV INESC Inovação, Rua Alves Redol, 9, 1000-029, Lisboa, Portugal

^b INIAV - Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, Av. da República, Quinta do Marquês, 2780-157, Oeiras, Portugal

^c CITAB - Centre for the Research and Technology of Agro-Environmental and Biological Sciences, Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro, 5000-801, Vila Real, Portugal

^d Departamento de Engenharias, Escola de Ciências e Tecnologia, Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro, 5000-801, Vila Real, Portugal

- Pas de littérature à propos de la prédiction clonale dans des environnements différents

Matériel et méthode

- Matériel végétal: 3 cépages et 10 clones

Cépage	Syrah				Cabernet-Sauvignon			Gamay		
N° de clone	471	525	747	877	015	169	685	222	509	787

- Mesures:
 - 2 ans
 - 11 semaines/an
 - 1 date/semaine
- 3 conservatoires :
 - Domaine de l'Espiguette Le Grau du Roi: les 3 cépages
 - Beaujolais : Gamay
 - Aude: Syrah et Cabernet-Sauvignon (sauf 685)

Matériel et méthode

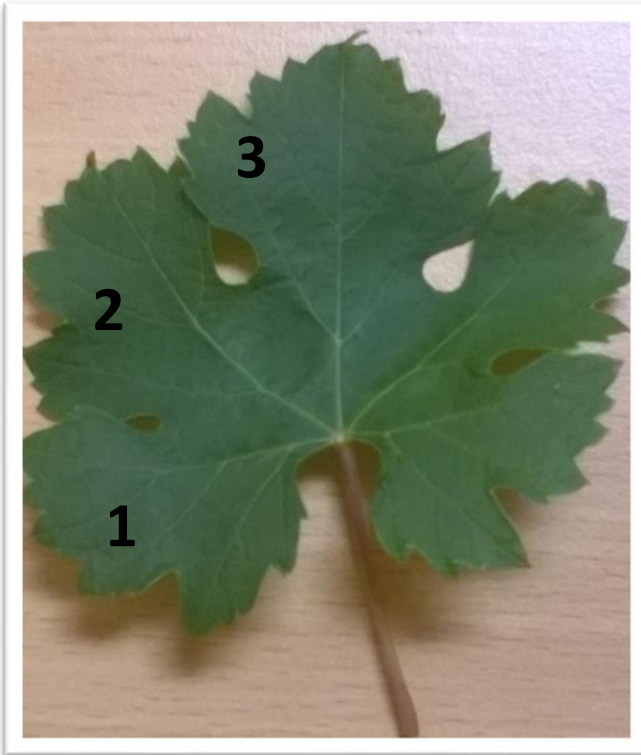
- Collecte des spectres

- 3 souches par clone
- 2 feuilles par souche
- 3 mesures par feuille

18 spectres
par clones



180 spectres pour les 10
clones = 1 date



- Spectromètre : ASD FielSpec4 amplitude de mesure de 350 à 2500 nm
- Mesures de la transflectance
= reflectance avec fond blanc
- Utilisation d'une pince à feuille

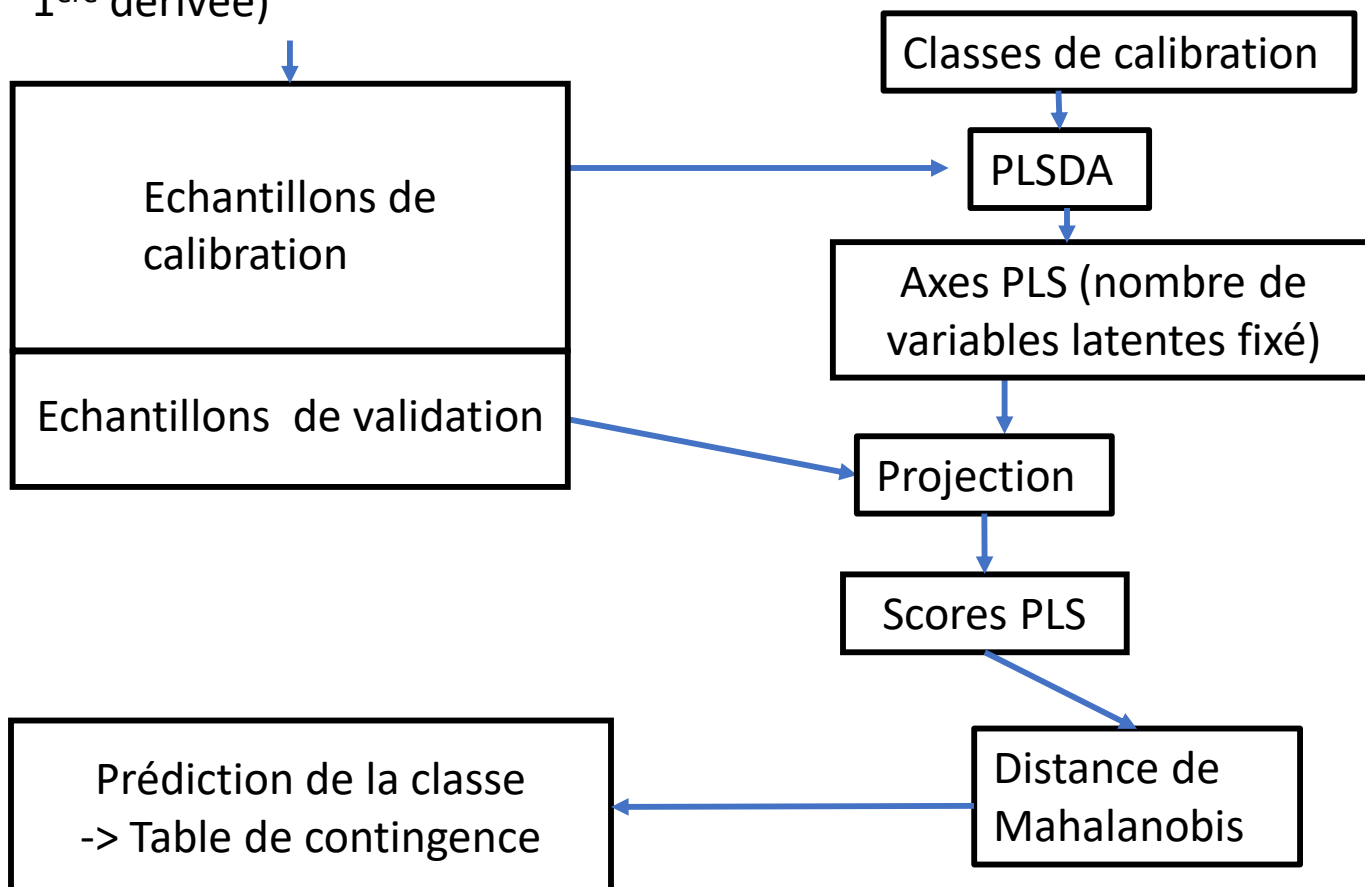


Analyses des données

Schéma général de la PLSDA

Prétraitements (SNV,
dérivation Savitzky-Golay ,
1^{ère} dérivée)

Jeu de données (spectres)



- Niveaux d'identification: cépages et clones
- Etapes d'analyse:
 - Identification des 3 cépages et des 10 clones de manière indépendante
 - Prédiction des clones à partir de la prédiction des cépages sur un même site

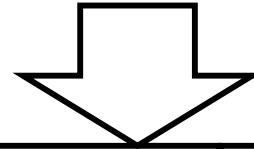
Validation croisée (CV) → Obtention des variables latentes (VL)

Analyse des données

- Identification des 3 cépages et des 10 clones de **manière indépendante**

Tirage avec regroupement des souches

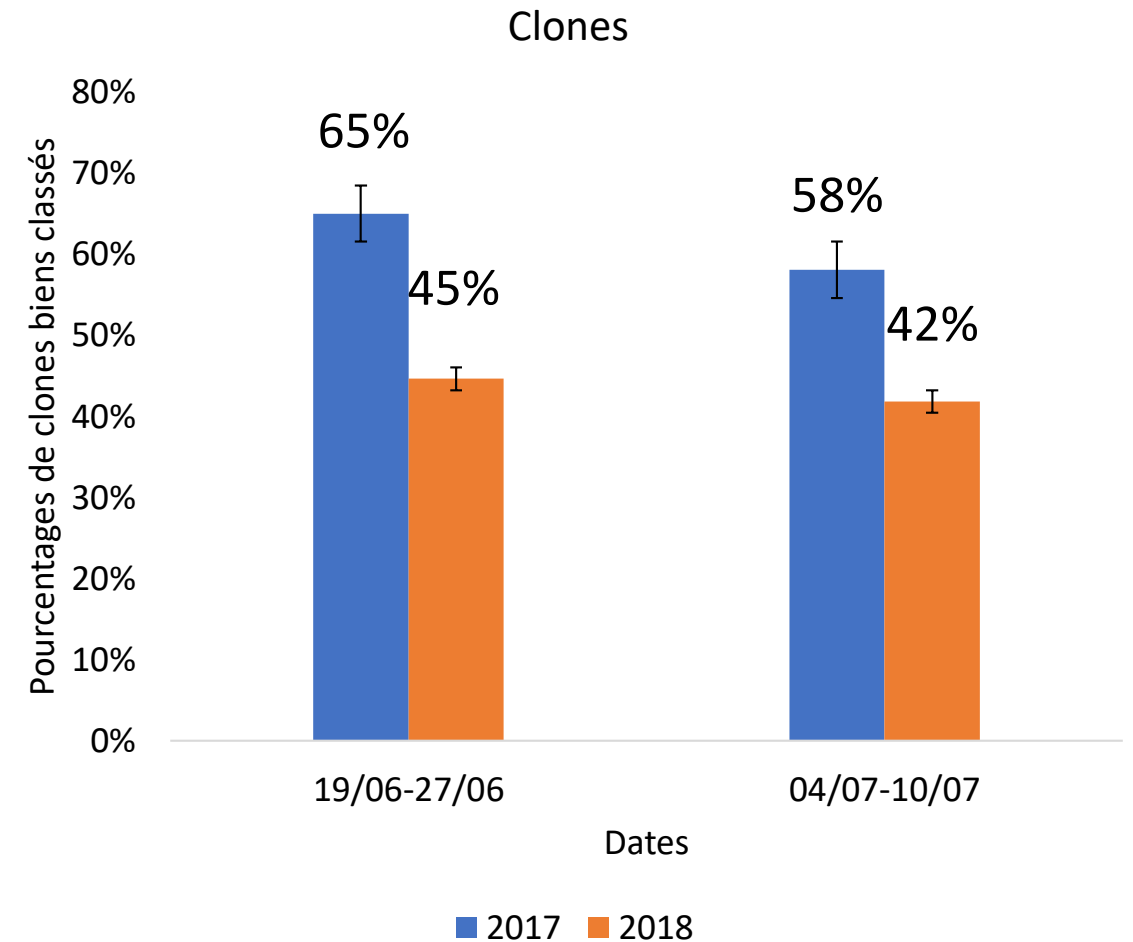
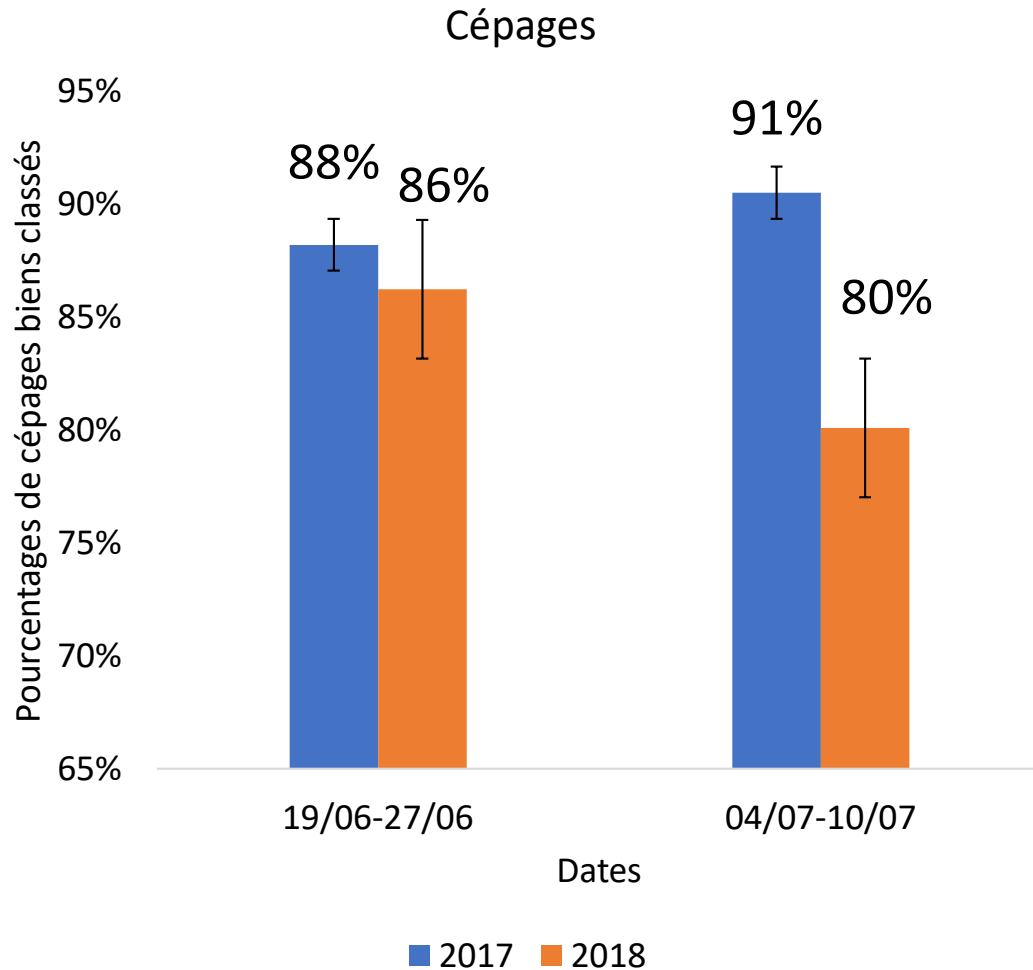
S1-01	S1-02	S1-03	S1-04	S1-05
S1-06	S2-01	S2-02	S2-03	S2-
04	S2-05	S2-06	S3-01	S3-02
S3-03	S3-04	S3-05	S3-06	



CALIBRATION	VALIDATION
S2-01 S2-02 S2-03 S2-04 S2-05 S2-06 S3-01 S3-02 S3-03 S3-04 S3-05 S3-06	S1-01 S1-02 S1-03 S1-04 S1-05 S1-06

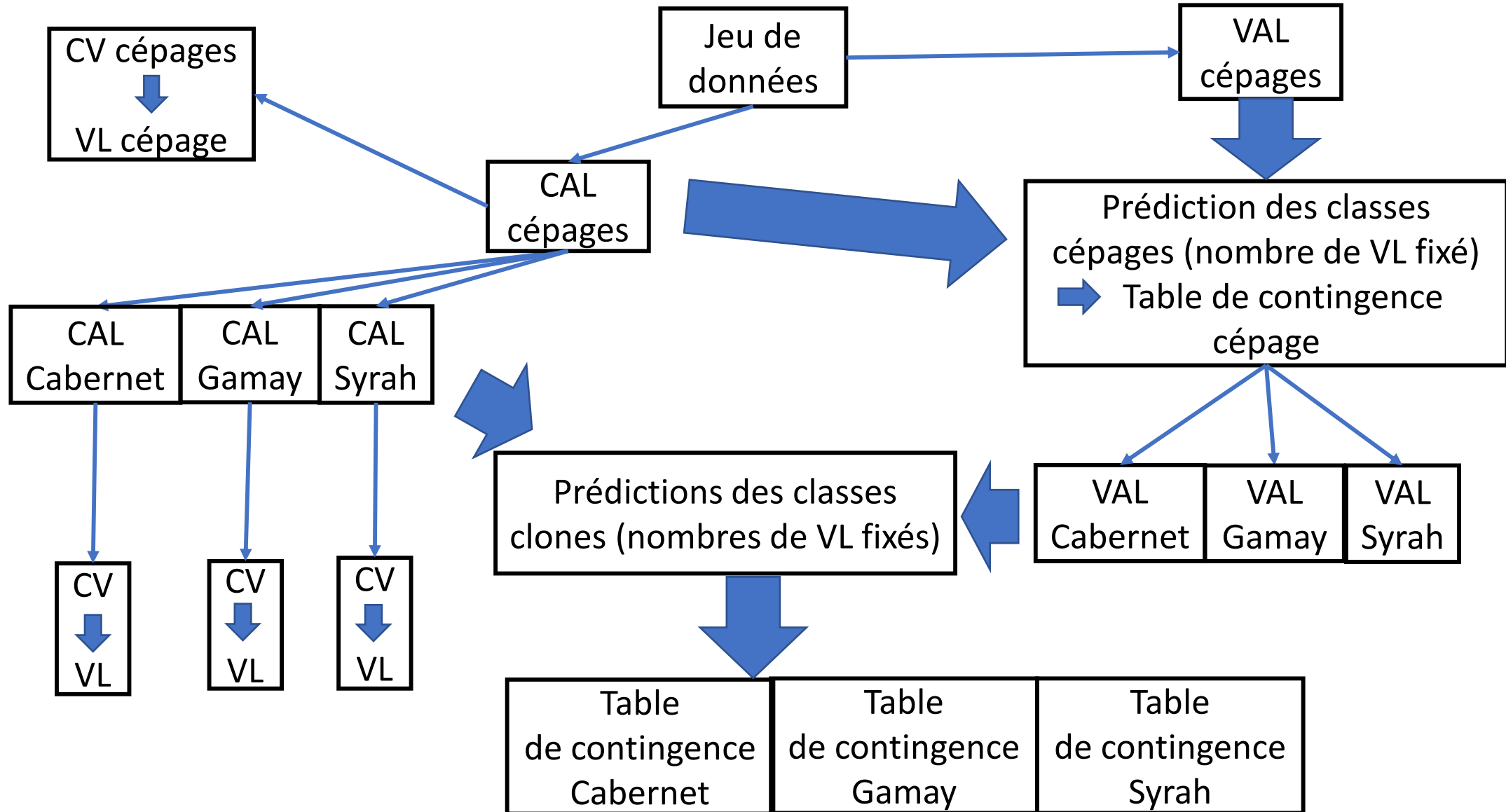
Résultats

- Prédiction des cépages et des clones: validation croisée **avec regroupement des souches**



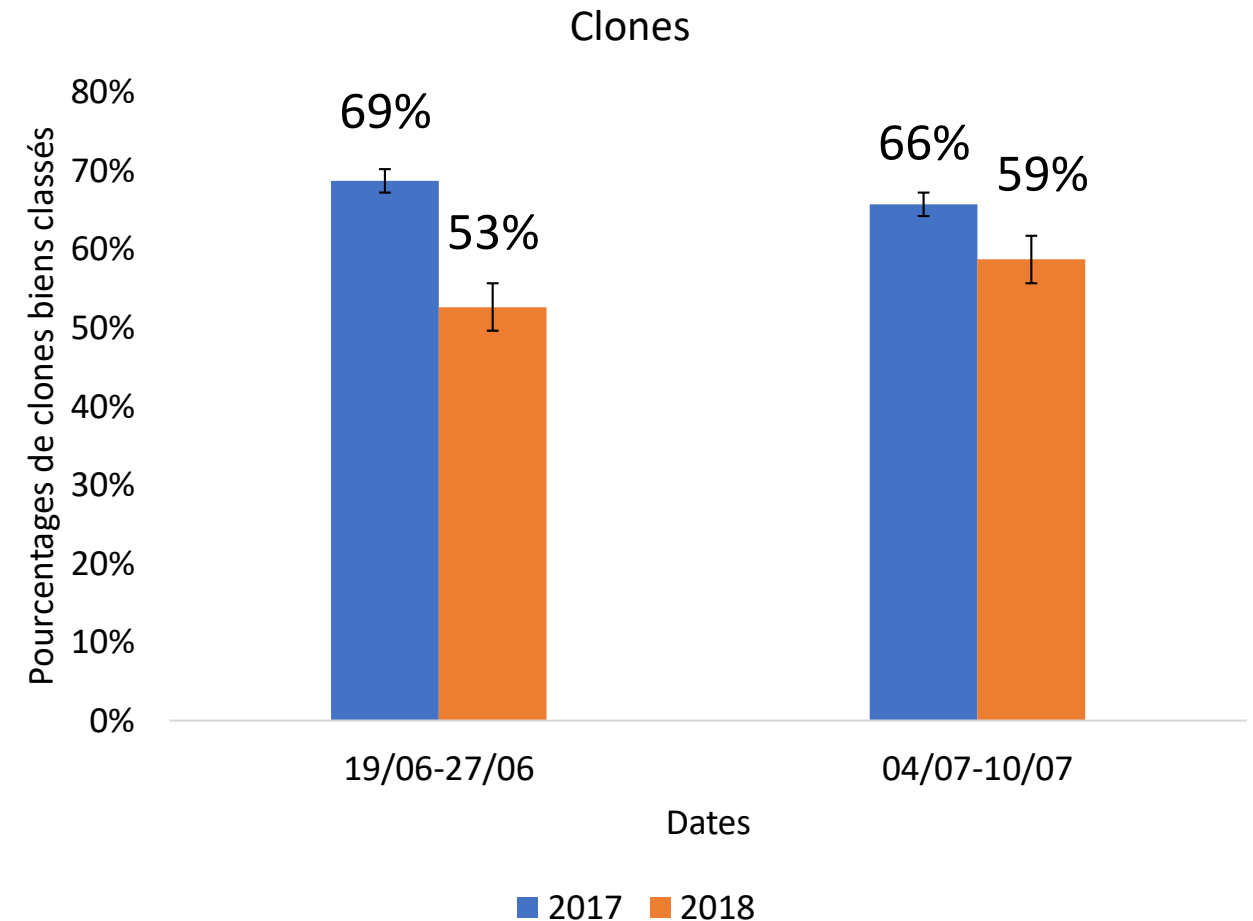
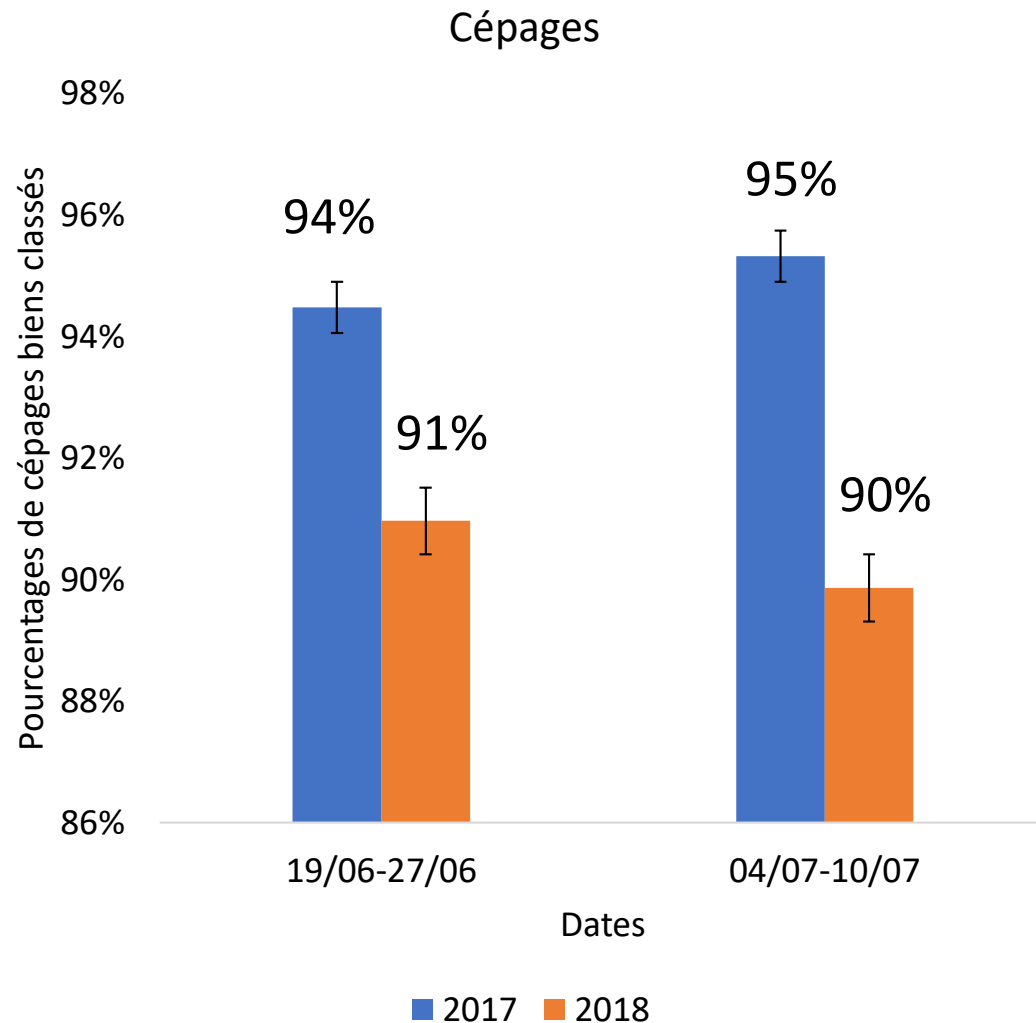
Analyse des données

- Prédiction des clones à **partir de la prédiction des cépages** sur un même site



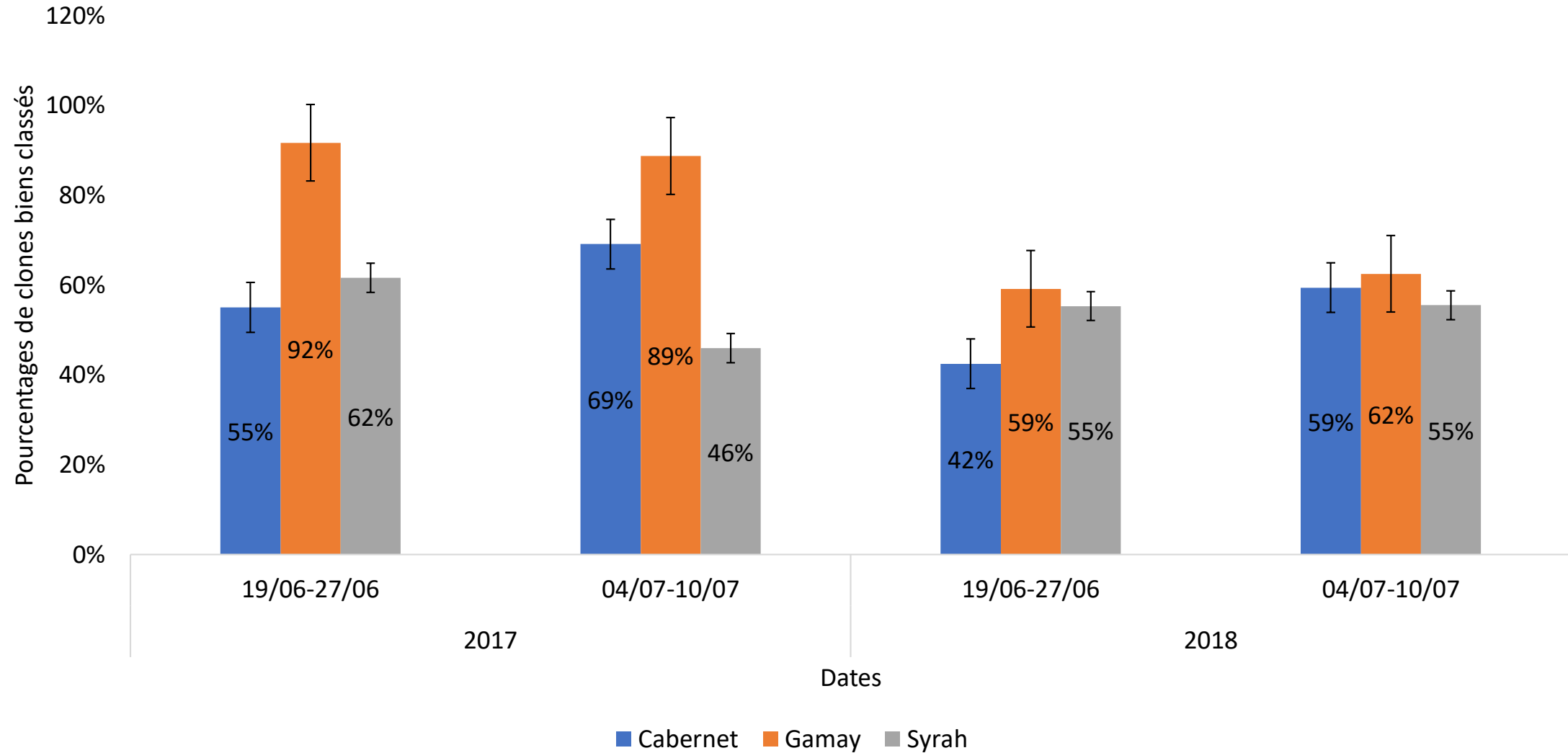
Résultats

- Prédiction des **cépages puis des clones**: PLSDA sur un même site



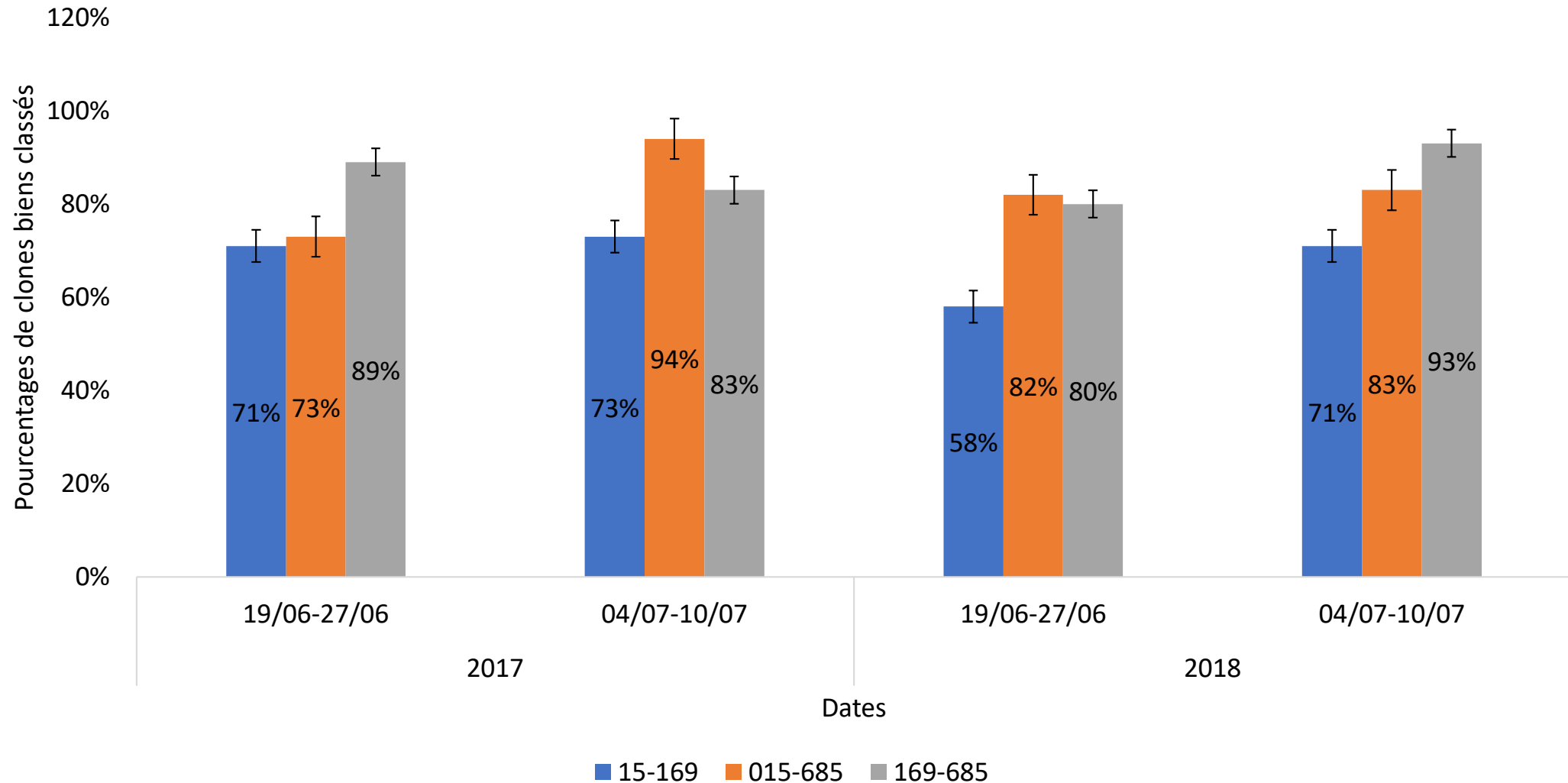
Résultats

- Impact de chaque cépage sur la prédiction clonale



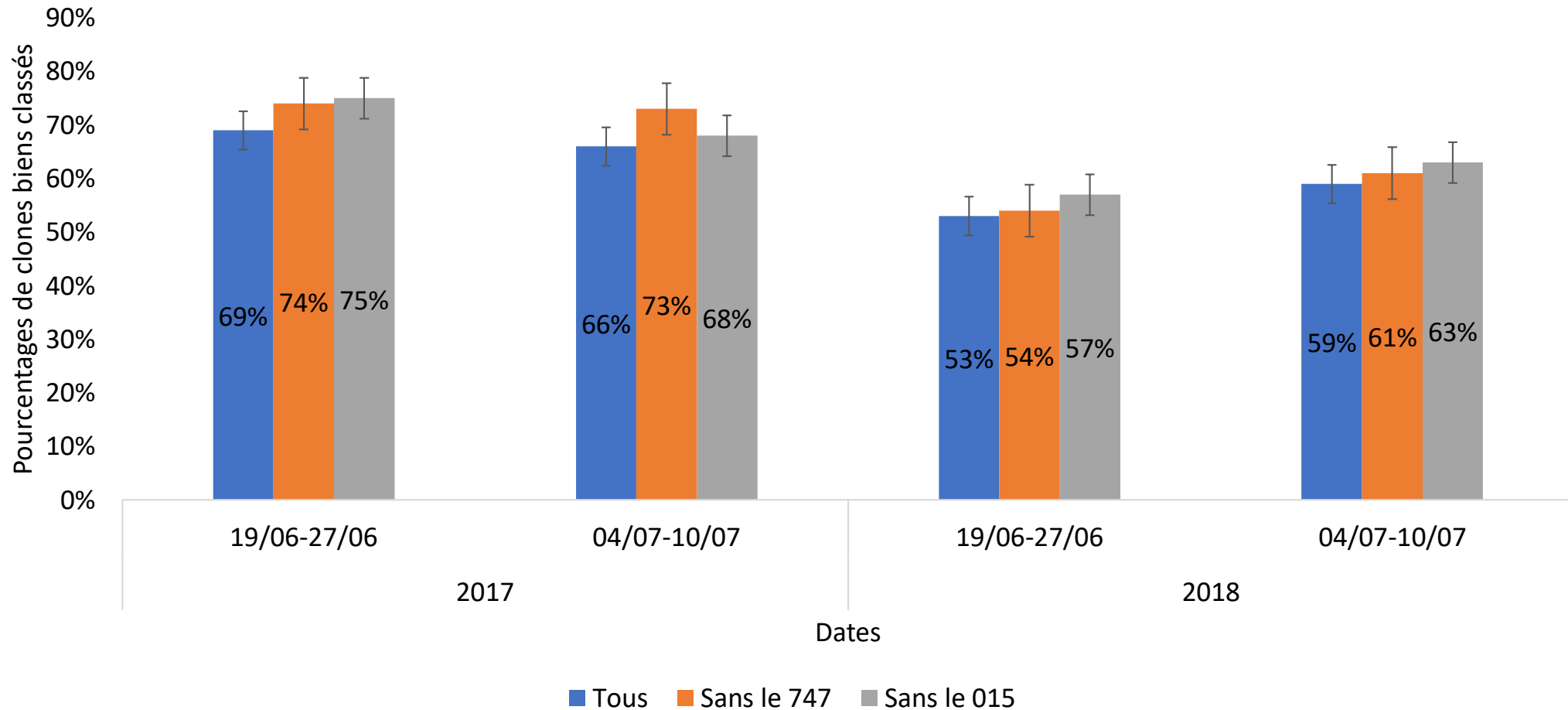
Limites de l'étude

- Clone éventuellement non identifiable: **Cabernet-Sauvignon**



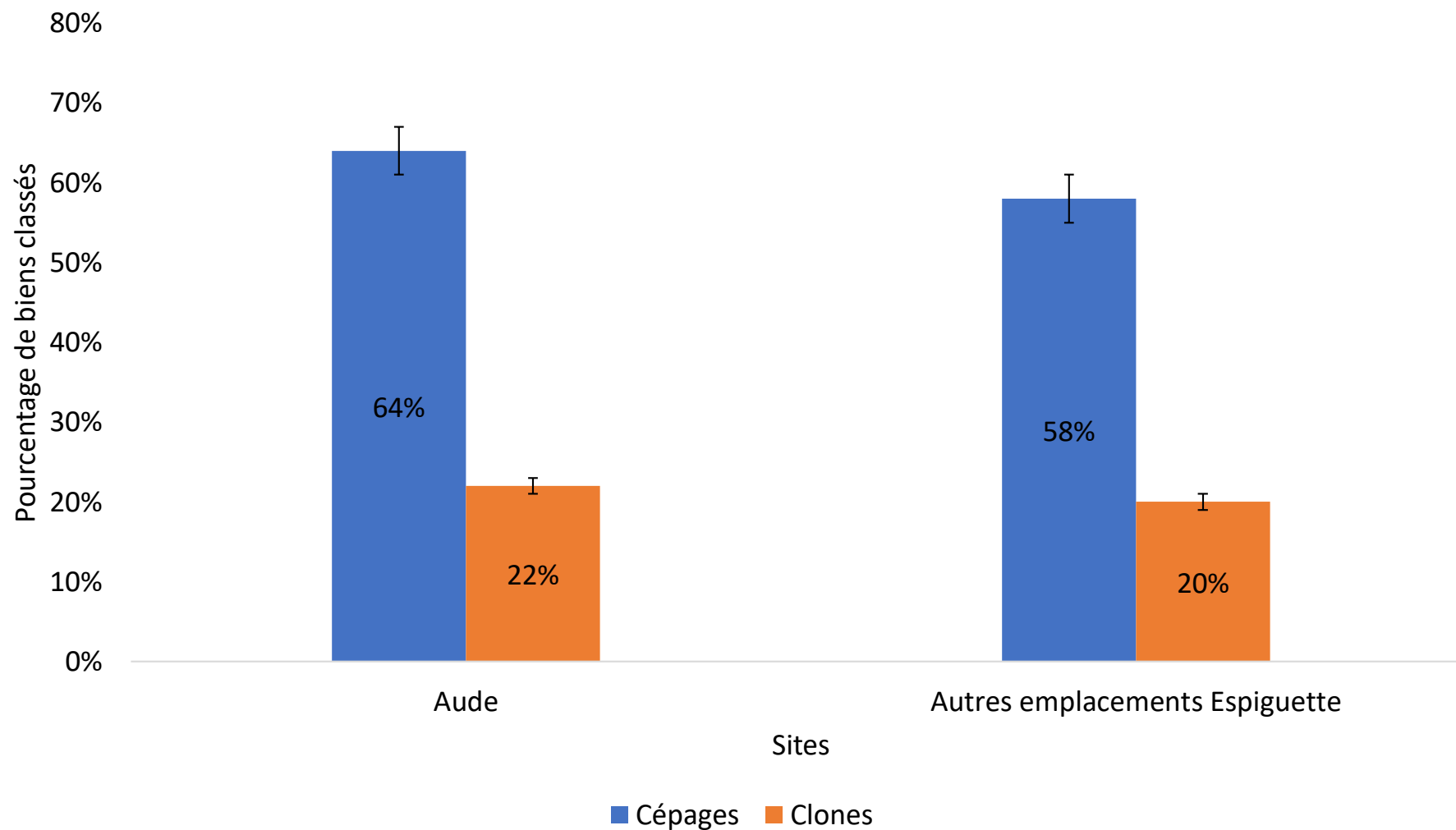
Limites de l'étude

- Prédiction des **clones** en retirant ceux difficilement identifiables



Limites de l'étude

- Prédiction des **cépages** et **clones** d'autres sites (parcelle d'entraînement de l'Espiguette en calibration)



Conclusion

- Utiliser la prédiction cépage pour prédire les clones permet une meilleure identification des clones.
- Certains couples de clones sont proches spectralement donc difficilement séparables. Le retrait d'un de ces clones améliore légèrement les prédictions.
- Le modèle pour la prédiction des clones n'est pas robuste. Il est meilleur dans le cas de la prédiction des cépages.

Perspectives

- Tester d'autres méthodes :
 - SVM
 - Plus proches voisins
 - Utiliser la probabilité d'appartenance à une classe
- Améliorer la robustesse en groupant plusieurs sites et années pour avoir une calibration plus étendue.