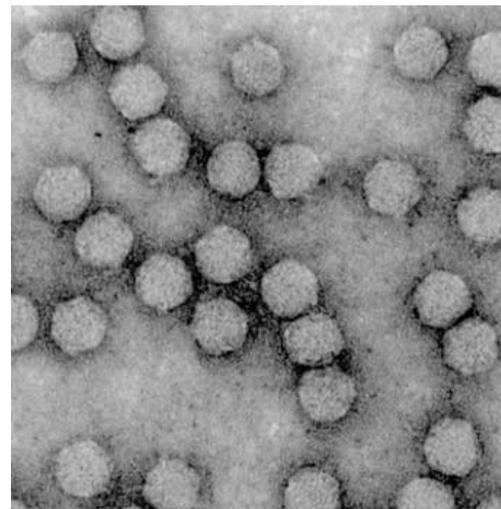




**RESAPHID**



**BEET-RES**

Vers l'identification des réservoirs des vecteurs et des virus de la jaunisse de la betterave

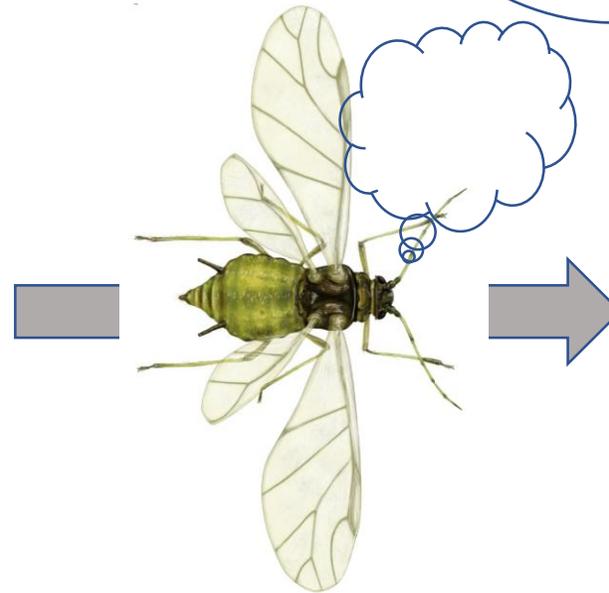
Coordination : Jean-Christophe SIMON (INRAE Rennes)

## Paysages agricoles



D'où viens-tu ?  
Portes-tu des  
virus et  
lesquels?

## Betteraves cultivées



# Une problématique complexe



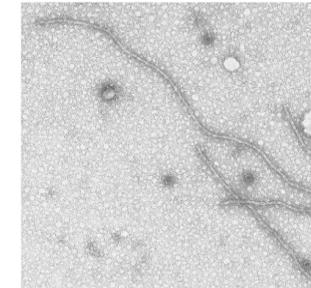
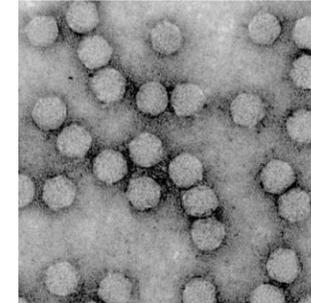
*Myzus persicae*,  
puceron vert du  
pêcher



*Aphis fabae*,  
puceron noir  
de la fève

**Principaux pucerons  
vecteurs**

Pucerons "généralistes" =  
+sieurs centaines de plantes  
hôtes



**Virus de la  
betterave**

4 virus  
(BMYV, BChV, BYV, BtMV)

Spectre d'hôtes méconnu

# Objectifs de RESAPHID et BEET-RES

Inférer à partir d'outils moléculaires :

- la capacité migratrice des pucerons vecteurs
  - pour définir l'unité de gestion
- les plantes-sources des virus et des vecteurs qui colonisent les betteraves
  - pour intégrer ces réservoirs dans les stratégies de gestion
- l'importance relative des différents réservoirs sur l'incidence de la maladie
  - pour cibler les actions de gestion

# Echantillonnage des pucerons et des plantes

- Types d'échantillonnage

- Plantes cultivées et non cultivées à proximité des parcelles de betteraves peu avant la période de colonisation (début avril) dans les principaux bassins de production
- Piégeage des pucerons (piège à suction et bacs jaunes) tout au long de la période de colonisation (mai-juin)
- Suivi de parcelles de betteraves (dans plusieurs départements) pendant la période de colonisation (mai-juin)

- Identification des espèces de pucerons

- Critères morphologiques
- Analyses moléculaires si ambiguïtés

- Echantillons utilisables pour analyses moléculaires



# Bilan échantillonnage des pucerons 2021-2024

Nom vernaculaire	Nom latin	<i>Myzus persicae</i>	<i>M. ascalonicus</i>	<i>Aphis fabae</i>
Artichaut	<i>Cynara cardunculus</i>	Yellow		Yellow
Aubergine	<i>Solanum melongena</i>	Yellow		
Bardane	<i>Arctium lappa</i>	Green		
Bourse-à-pasteur	<i>Capsella bursa-pastoris</i>	Green	Yellow	
Betterave	<i>Beta vulgaris</i>	Red		Red
Betterave maritime	<i>Beta maritima</i>			Red
Bourrache	<i>Borago officinalis</i>	Green		
Cameline	<i>Camelina sativa</i>	Green		
Camomille	<i>Matricaria chamomilla</i>	Green		Yellow
Capselle	<i>Capsella bursa-pastoris</i>	Yellow	Yellow	
Cardamine	<i>Cardamine hirsuta</i>	Yellow		
Cerfeuil sauvage	<i>Anthriscus sylvestris</i>		Yellow	
Chénopode	<i>Chenopodium album</i>	Green	Green	
Colza	<i>Brassica napus</i>	Red		
Epinard	<i>Spinacea oleracea</i>	Green		
Fumeterre	<i>Fumaria officinalis</i>	Yellow		
Fève	<i>Vicia faba</i>			Red
Laiteron des champs	<i>Sonchus arvensis</i>		Yellow	
Laitue	<i>Lactuca sativa</i>		Green	
Marguerite des champ	<i>Leucanthemum vulgare</i>	Green		
Mouron blanc	<i>Stellaria media</i>		Red	
Moutardes	<i>Sinapis sp.</i>	Red		
Myosotis des champs	<i>Myosotis arvensis</i>		Green	
Plantain lancéolé	<i>Plantago lanceolata</i>		Green	Green
Pomme de terre	<i>Solanum tuberosum</i>	Red		
Phacélie	<i>Phacelia tanacetifolia</i>	Red		
Séneçon commun	<i>Senecio vulgaris</i>	Green	Yellow	
Silène	<i>Silene alba</i>		Green	
Valériane	<i>Valeriana officinalis</i>		Green	
Véronique commune	<i>Veronica persica</i>	Yellow	Red	
<b>Nombre d'espèces hôtes</b>		<b>20</b>	<b>13</b>	<b>6</b>

- Possibilité d'erreurs de détermination au sein du genre *Myzus*
  - sur plantes-hôtes (jeunes stades) : confusion possible *Myzus persicae* vs *M. ascalonicus*
  - dans les pièges : confusion possible *Myzus persicae* vs *M. certus*
- Confirmation par barcoding moléculaire sur spécimens de référence



- *Myzus persicae* abondant sur colza et moutardes = **réservoirs majeurs de pucerons**
- Présence régulière sur **phacélie**
- Occasionnel sur **certaines adventices ou plantes sauvages**



- Bilan très partiel pour *Aphis fabae* car pas espèce focale du projet Resaphid

# Bilan provisoire : détection des virus dans les plantes

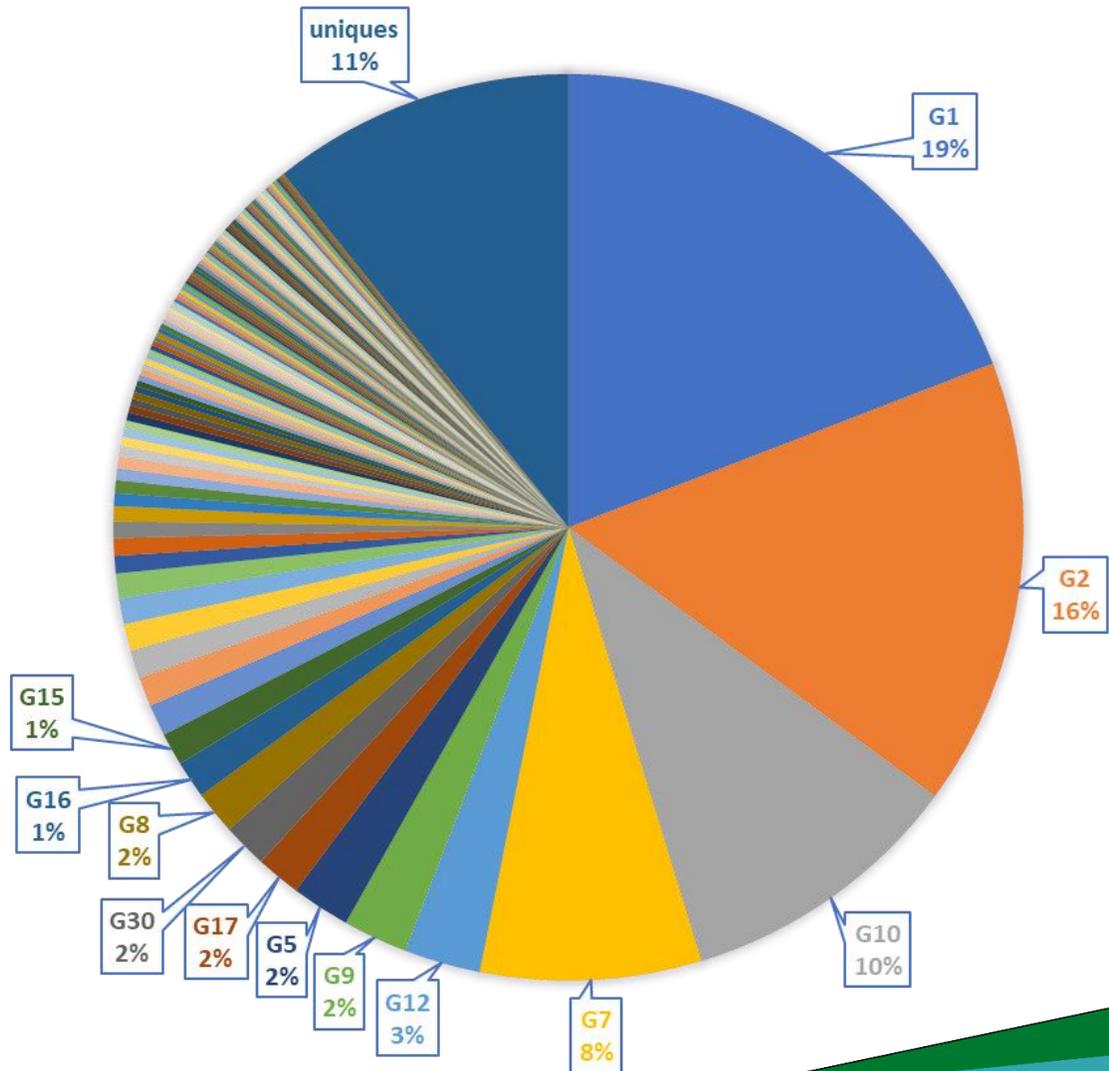
Nom vernaculaire	Nom latin	Famille	BMYV	BChV	BYV	BtMV
Betterave cultivée	<i>Beta vulgaris</i>	Amaranthaceae	X	X	X	X
Betterave maritime	<i>Beta maritima</i>	Amaranthaceae			X	X
Bourrache	<i>Borago officinalis</i>	Boraginaceae				
Camomille	<i>Matricaria chamomilla</i>	Brassicaceae				
Capselle bourse-à-pasteur	<i>Capsella bursa-pastoris</i>	Asteraceae				
Cardamine	<i>Cardamine hirsuta</i>	Brassicaceae				
Chénopode	<i>Chenopodium album</i>	Chenopodiaceae				
Colza	<i>Brassica napus</i>	Brassicaceae				
Epinard	<i>Spinacea oleracea</i>	Amaranthaceae				
Fève	<i>Vicia faba</i>	Fabaceae				X
Fumeterre	<i>Fumaria officinalis</i>	Papaveraceae				
Lamier pourpre	<i>Lamium purpureum</i>	Lamiaceae				
Mercuriale	<i>Mercurialis annua</i>	Euphorbiaceae				
Mouron blanc	<i>Stellaria media</i>	Caryophyllaceae				
Mouron rouge	<i>Lysimachia arvensis</i>	Primulaceae				
Moutarde blanche	<i>Sinapis alba</i>	Brassicaceae				
Moutarde des champs	<i>Sinapis arvensis</i>	Brassicaceae				
Phacélie	<i>Phacelia tanacetifolia</i>	Boraginaceae			X	X
Plantain lancéolé	<i>Plantago lanceolata</i>	Plantaginaceae				
Ravenelle	<i>Raphanus raphanistrum</i>	Brassicaceae				
Rumex	<i>Rumex sp.</i>	Polygonaceae				
Séneçon commun	<i>Senecio vulgaris</i>	Asteraceae				
Véronique commune	<i>Veronica persica</i>	Plantaginaceae				

- Résultats partiels échantillonnage 2023 (Beet-Res), obtenus par séquençage des ARN viraux
- Betterave maritime : présence de virus mais isolats différents de ceux sur betterave cultivée + présence *A. fabae* = réservoir ??
- Phacélie : réservoir potentiel de BYV et BtMV et de *M. persicae*

# Bilan des analyses par génotypage

- Plus de 10000 pucerons récoltés, 5300 *M. persicae* identifiés
- Génotypage
  - Individuel
  - 14 marqueurs microsatellites polymorphes
- Bilan quantitatif
  - >3000 *M. persicae* avec un génotype complet
  - Données 2021, 2022 et 2023 (2024 en cours)
  - Echantillons dans 16 départements du nord de la France

# Diversité génotypique globale de *M. persicae*



- $G/N$  = nbre de génotypes /nbre d'individus génotypés
- $G/N$  global : 0,16
- 2/3 des individus appartiennent à 12 génotypes différents
- $1/2 = 4$  génotypes (superclones)



- Les populations de *M. persicae* du nord de la France se reproduisent essentiellement par voie clonale (pas de sexe)
- Quelques clones dominants composent les populations

# Distribution des superclones de *Myzus persicae*

N° clones	# copies	% total	# hôtes
G1	459	19%	11
G2	383	16%	12
G10	244	10%	5
G7	188	8%	5
G12	65	3%	5



= 45% des individus de *M. persicae* échantillonnés

**Les superclones** se retrouvent :

- d'une année sur l'autre : **bonne survie hivernale**
- en vol et sur plantes : **bonnes capacités migratrices**
- dans la plupart des départements : **large aire de distribution**
- sur betterave et Brassicaceae (et autres espèce) : **généralistes**

# Dynamique temporelle des superclones

**G10**



- Identifié préalablement (2009, 2011, 2013, 2014)
- Principalement sur colza
- Mais aussi sur tabac

**G1**



**G2**



- Non détecté précédemment : récente émergence ?

SPECIAL ISSUE ORIGINAL ARTICLE

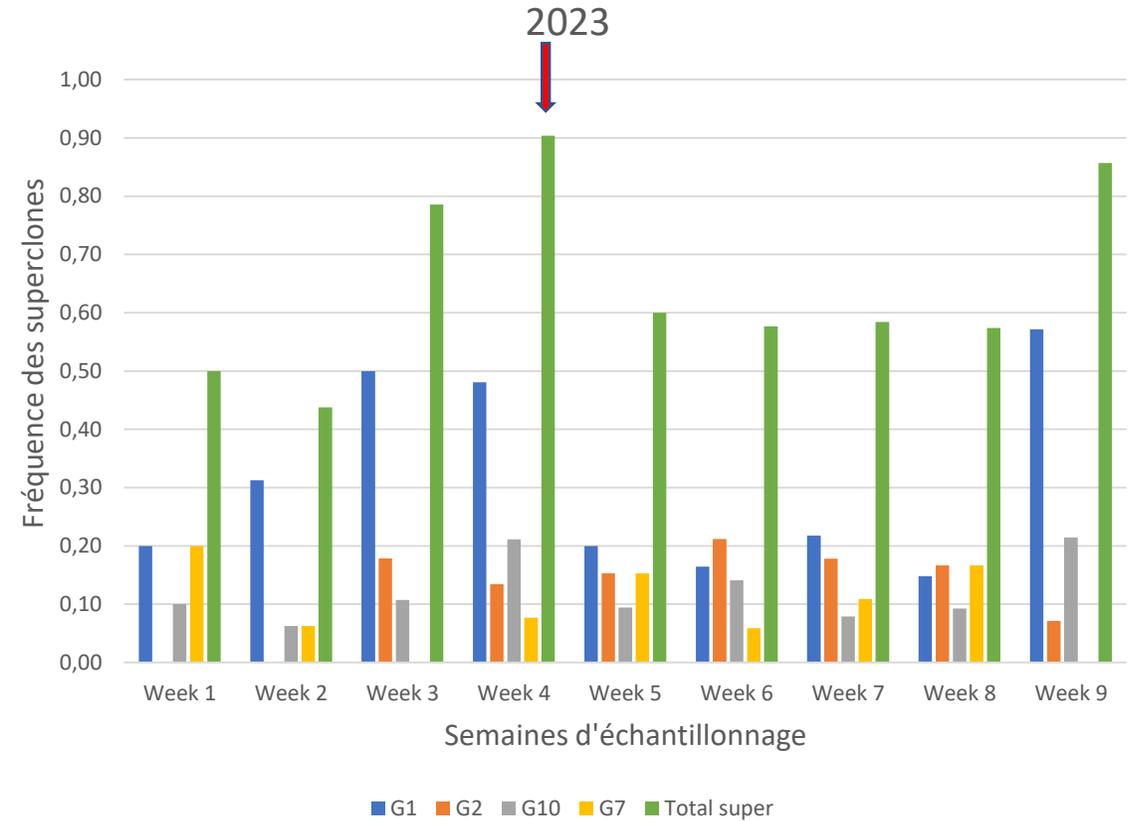
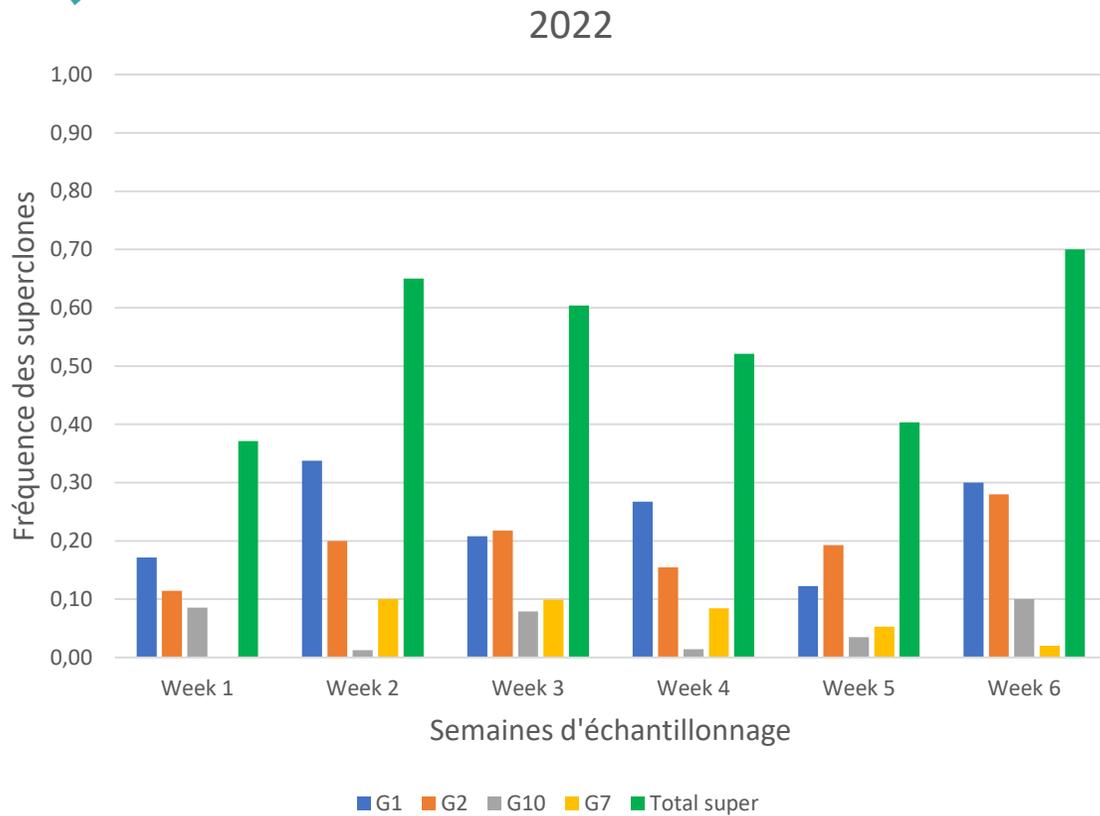
Evolutionary Applications **WILEY**

Host plants and insecticides shape the evolution of genetic and clonal diversity in a major aphid crop pest

Lise Roy<sup>1,2</sup> | Benoit Barrès<sup>1</sup> | Cécile Capderrey<sup>1</sup> | Frédérique Mahéo<sup>3</sup> |  
Annie Micoud<sup>1</sup> | Maurice Hullé<sup>3</sup> | Jean-Christophe Simon<sup>3</sup>

Roy et al. 2022, Evolutionary applications

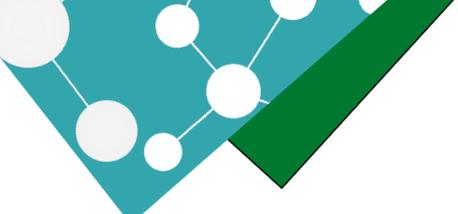
# Dynamique saisonnière des superclones sur betteraves



Certaines semaines, 90% des pucerons échantillonnés sur betterave appartiennent à un des 4 superclones (et 70% à 2) !

# Conclusions et perspectives

- L'identification des réservoirs de vecteurs et de virus des jaunisses de la betterave n'est pas simple
  - Diversité des plantes-hôtes sur lesquelles les virus et les vecteurs passent l'hiver
  - Réservoirs "actifs" de jaunisses = vecteurs x virus
  - Complexité du processus épidémiologique
  - Outils d'investigation à valider, améliorer, développer, imaginer
- Des pistes intéressantes à poursuivre
  - Colza et moutardes = réservoirs majeurs des vecteurs même si pas réservoirs de virus
  - Phacélie = présence fréquente de *M. persicae* et occurrence de certains virus
  - Cycle complet des virus et des vecteurs possible sur betteraves (portes-graines et résidus de culture) : contribution relative à évaluer
  - Les populations de vecteurs sont constituées de qq superclones : analyser leurs caractéristiques vectorielles et biologiques



# REDIVIBE : un nouveau projet financé par le PNRI-C

- REDIVIBE : REservoirs et DIspersion des Virus de la BEtterave
- Partenaires : INRAE Colmar (Véronique Brault, coordinatrice), INRAE Bordeaux, INRAE Rennes et l'Institut Technique de la Betterave
- Objectifs
  - Prolonger l'identification des réservoirs des virus responsables des jaunisses de la betterave, ainsi que des pucerons vecteurs
  - Caractériser les flux de dispersion des virus de leurs réservoirs vers les cultures
  - Définir le rôle respectif des deux principaux pucerons vecteurs, *M. persicae* et *A. fabae*, dans l'établissement et la dispersion de la maladie
- Démarrage : avril 2024, pour 3 ans

# Personnes impliquées

- INRAE Rennes, UMR IGEPP
  - Yannis Nio
  - Christelle Buchard
  - Franck Duval
  - Fabrice Legeai
  - Stéphanie Robin
  - Ségolène Buzy
  - Loic Daniel
  - Anne Le Ralec
  - Frédérique Mahéo
  - Sylvie Hudaverdian
  - Stéphanie Morlière

- INRAE Colmar, UMR SVQV
  - Véronique Brault
  - Quentin Chesnais
  - Aurélie Marmonier
- INRAE Bordeaux, UMR BFP
  - Thierry Candresse
  - Armelle Marais-Colombel
- ITB
  - Amélie Monteiro
  - Ghislain Malatesta
  - Fabienne Maupas
  - Les personnes des différentes délégations

**Merci à toutes ces personnes et bien d'autres !**