

Protéger les betteraves sucrières en l'absence de néonicotinoïdes

En 2023, FranceAgriMer a mis en œuvre un appel à projets visant à recueillir des projets pour lutter contre la jaunisse de la betterave, proposés par des consortia constitués d'acteurs de la recherche et du transfert, dans le cadre de la poursuite du Plan National Recherche et Innovation (PNRI). Ce Plan vise à trouver des solutions de protection des cultures de betterave sucrière suite au retrait des néonicotinoïdes. Grâce au travail conjoint de la recherche fondamentale et de la recherche appliquée, des possibilités se dessinent, tant

via la prophylaxie que par l'identification de nouveaux leviers curatifs. Ces leviers, combinés les uns avec les autres, pourraient permettre de limiter l'impact de la jaunisse sur les betteraves. De l'identification des réservoirs et des pucerons vecteurs, aux solutions de biocontrôle testées, et la quantification de leurs bénéfices et limites, ce numéro de la revue permet de dessiner les lignes pour assurer une production satisfaisante et durable suite au retrait des néonicotinoïdes et ainsi assurer la pérennité de cette filière industrielle.



/// Crédit photo : Aline WAQUET / INRAE



Innovations Agronomiques

Volume 103 – Juin/Juillet 2025

Protéger les betteraves sucrières en l'absence de néonicotinoïdes

En 2023, FranceAgriMer a mis en œuvre un appel à projets visant à recueillir des projets pour lutter contre la jaunisse de la betterave, proposés par des consortia constitués d'acteurs de la recherche et du transfert, dans le cadre de la poursuite du Plan National Recherche et Innovation (PNRI) pour lutter contre la jaunisse de la betterave. Ce Plan vise à trouver des solutions de protection des cultures de betterave sucrière suite au retrait des néonicotinoïdes. Grâce au travail conjoint de la recherche fondamentale et de la recherche appliquée, des possibilités se dessinent, tant via la prophylaxie que par l'identification de nouveaux leviers curatifs. Ces leviers, combinés les uns avec les autres, pourraient permettre de limiter l'impact de la jaunisse sur les betteraves. De l'identification des réservoirs des vecteurs, aux solutions de biocontrôle testées, et la quantification de leurs bénéfices et limites, ce numéro de la revue permet de dessiner les lignes pour assurer une production satisfaisante et durable suite au retrait des néonicotinoïdes et ainsi assurer la pérennité de cette filière industrielle.

Directeur de la publication : Philippe Mauguin, Président directeur Général INRAE

Rédaction en chef : Christian Huyghe, Chargé de mission à la Direction Scientifique Agriculture INRAE, et Isabelle Litrico, Directrice Scientifique Agriculture INRAE

Coordination éditoriale : Aurélie Gauguery, Responsable des Carrefours de l'Innovation INRAE

Comité scientifique : Claire Rogel-Gaillard, Sophie Thoyer et Christian Lannou, Directrices et directeur scientifiques Agriculture adjoints ; Sophie Nicklaus, Directrice scientifique Alimentation et bioéconomie adjointe ; Alban Thomas et Pierre Renault, Directeurs scientifiques Environnement adjoints, INRAE ; Nathalie Munier-Jolain, Directrice générale déléguée à la science et à l'innovation adjointe, INRAE ; Isabelle Pion, Chargée de mission agroécologie et transition des systèmes agricoles, Direction de l'Appui aux Politiques Publiques, INRAE ; Marianne Sellam, Directrice scientifique et technique, ACTA, Luc Mounier, Enseignant-chercheur, VetAgro Sup ; Nicolas Brault, Directeur adjoint de l'unité de recherche Interact, Institut Polytechnique UniLaSalle ; Alessia Lefébure, Directrice, Sciences Po Aix.

Coordination scientifique du numéro : Fabienne Maupas, Directrice du département technique et scientifique de l'ITB ; Christian Huygues, Président du Comité de coordination de PNRI ; Guy Richard, Président du Conseil scientifique du PNRI.

Initiée en 2007, la revue de transfert Innovations agronomiques a pour ambition de diffuser les savoirs et de favoriser les échanges entre les acteurs de la recherche et les professionnels de l'agriculture, de l'alimentation et de l'environnement, et de faciliter leur appropriation par les acteurs de la chaîne de valeur agri-alimentaire (professionnels du secteur, chercheurs, conseillers, R&D, agriculteurs, enseignants et apprenants, décideurs publics, société civile, etc.). Elle complète la démarche générale de transfert des Carrefours de l'Innovation INRAE (<https://ciag.hub.inrae.fr/>) qui réunissent ces acteurs impliqués dans les travaux au cœur des défis mondiaux et sociétaux de notre siècle : production et performance économique, santé, changement climatique, raréfaction des ressources non renouvelables, préservation de la biodiversité, des ressources naturelles et de l'environnement, qualité de vie et des emplois...

La revue est une propriété d'INRAE, intégralement financée sur des fonds publics.



Revue en accès libre diamant, publiée par INRAE. Les articles sont relus et validés par des experts scientifiques et opérationnels.

Site de la revue : <https://ciag.hub.inrae.fr/revue-innovations-agronomiques>

Contact : innovations-agronomiques@inrae.fr

Adresse : Institut national de recherche pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement – 147 rue de l'Université – 75338 Paris Cedex 07

ISSN : 1958-5853 (édition électronique)

ISBN (PDF) : 978-2-7380-1481-8

ISBN (ePub) : 978-2-7380-1482-5

DOI : <https://doi.org/17.180/innovagro-2025-vol103>

Pour citer ce numéro : Collectif. (2025). *Innovations agronomiques*, volume 103, juin/juillet 2025. *Protéger les betteraves sucrières en l'absence de néonicotinoïdes* (Version 1). Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement. <https://doi.org/17.180/innovagro-2025-vol103>

Photo de couverture : Aline Waquet / INRAE

Licence : CC BY 4.0



Cet article est publié sous la licence Creative Commons (CC BY 4.0)

<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>

Pour la citation et la reproduction de cet article, mentionner obligatoirement le titre de l'article, le nom de tous les auteurs, la mention de sa publication dans la revue *Innovations agronomiques* et son DOI, la date de publication.



**RÉPUBLIQUE
FRANÇAISE**

*Liberté
Égalité
Fraternité*

INRAE

Sommaire

Yannis NIO, Christelle BUCHARD, Franck DUVAL, Chantal FAURE, Frédérique MAHEO, Ghislain MALATESTA, Armelle MARAIS, Amélie MONTEIRO, Laurence SVANELLA-DUMAS, Thierry CANDRESSE et Jean-Christophe SIMON, 2025 - **Identification des réservoirs des vecteurs et des virus responsables des jaunisses de la betterave.**
Innovations Agronomiques 103, 1-9

<https://doi.org/10.17180/ciag-2025-vol103-art01>

Damien ROLLANDEZ, Manon AVIGNON, Pierre-Antoine BOURDON et Johann FOURNIL, 2025 - **Attraction d'insectes auxiliaires contre le puceron vert, vecteur de la jaunisse de la betterave.**
Innovations Agronomiques 103, 10-19

<https://doi.org/10.17180/ciag-2025-vol103-art02>



Véronique BRAULT, Martin DRUCKER, Quentin CHESNAIS, Aurélie MARMONIER, Hélène SCHLAEFLI, Souheyla KHECHMAR, Armelle MARAIS, Thierry CANDRESSE, Amélie MONTEIRO, Ghislain MALATESTA et Fabienne MAUPAS, 2025 - **Nouveaux éclairages sur les virus responsables de la jaunisse de la betterave sucrière.**
Innovations Agronomiques 103, 20-30

<https://doi.org/10.17180/ciag-2025-vol103-art03>

Christian PELTIER et Samuel QUINTON, 2025 - **Enseigner-apprendre la transition agroécologique dans l'enseignement agricole : l'exemple des alternatives aux néonicotinoïdes.**
Innovations Agronomiques 103, 31-44

<https://doi.org/10.17180/ciag-2025-vol103-art04>

Amélie MONTEIRO, Audrey FABAREZ et Fabienne MAUPAS, 2025 - **Solutions de biocontrôle contre Myzus persicae.**
Innovations Agronomiques 103, 45-52

<https://doi.org/10.17180/ciag-2025-vol103-art05>

Audrey FABAREZ, Paul TAUVEL, Ophélie BOLINGUE, Quentin TILLOY, Damien ANDRIEU et Fabienne MAUPAS, 2025 - **Alternative aux néonicotinoïdes en betteraves sucrières : Synthèse de 4 années d'expérimentation.**
Innovations Agronomiques 103, 53-63

<https://doi.org/10.17180/ciag-2025-vol103-art06>

Louis BOURDIN, Marie-Hélène JEUFFROY, Blandine RENAULT, Rémy BALLOT, Olivier RECHAUCHERE et Jean-Marc MEYNARD, 2025 - **Construire collectivement des alternatives aux néonicotinoïdes pour la betterave sucrière.**
Innovations Agronomiques 103, 64-78

<https://doi.org/10.17180/ciag-2025-vol103-art07>



Identification des réservoirs des vecteurs et des virus responsables des jaunisses de la betterave

Yannis NIO¹, Christelle BUCHARD¹, Franck DUVAL¹, Chantal FAURE⁴, Frédérique MAHEO¹, Ghislain MALATESTA³, Armelle MARAIS⁴, Amélie MONTEIRO², Laurence SVANELLA-DUMAS⁴, Thierry CANDRESSE⁴, Jean-Christophe SIMON¹

¹ INRAE, UMR IGEPP (Institut de Génétique, Environnement et Protection des Plantes). Domaine de la Motte, 35653 Le Rheu Cedex, France

² ITB (Institut Technique de la Betterave). 45 rue de Naples - 75008 Paris, France

³ ITB (Institut Technique de la Betterave). Pole Betteravier du Griffon, 4 rue Denis Papin 02000 Laon, France

⁴ Univ. Bordeaux, INRAE, UMR 1332 BFP (Biologie du Fruit et Pathologie). 71 avenue Edouard Bourlaux, CS 20032, 33882 Villenave d'Ornon Cedex, France

Correspondance : jean-christophe.simon@inrae.fr

DOI : <https://doi.org/10.17180/ciag-2025-vol103-art01>

Résumé

L'interdiction des néonicotinoïdes utilisés contre les pucerons vecteurs des virus responsables des jaunisses de la betterave a mobilisé d'importants efforts pour identifier des alternatives. Cette étude, menée de 2021 à 2023 dans les principaux bassins betteraviers, visait à identifier les réservoirs hivernaux de vecteurs et de virus pour les intégrer dans des stratégies de gestion. Les résultats montrent que colza et moutardes sont des réservoirs majeurs de pucerons colonisant les betteraves au printemps, mais ne sont pas sources de virus. En revanche, les repousses de betteraves, et potentiellement la phacélie et la féverole, apparaissent comme des réservoirs combinés de vecteurs et de virus. Le rôle des betteraves sauvages en tant que réservoirs semble limité car les variants viraux qui les infectent sont différents de ceux sur betteraves sucrières. Ces travaux fournissent des pistes pour mieux comprendre les dynamiques épidémiques et guider la gestion.

Mots-clés : jaunisses de la betterave, virus, vecteurs, réservoirs hivernaux, dynamique épidémique, diversité clonale

Abstract: Identifying the reservoirs of vectors and viruses of beet yellows

The ban on neonicotinoids used against aphids transmitting viruses responsible for beet yellows has spurred significant efforts to identify alternatives. This study, conducted from 2021 to 2023 in major beet-growing regions, aimed to identify the winter reservoirs of vectors and viruses for integration into management strategies. The results show that oilseed rape and mustards are major reservoirs of aphids colonizing sugar beet in spring, although they are not the sources of beet viruses. Sugar beet volunteers and, potentially, phacelia (and faba bean for BtMV) appear as combined reservoirs of both vectors and beet viruses. The potential role of wild beets seems limited due to the specificity of the viral populations infecting them. This work provides clues to better understand epidemic dynamics and guide disease management.

Keywords: beet yellows, virus, vectors, winter reservoirs, epidemic dynamics, clonal diversity



1. Introduction

En France, les jaunisses de la betterave sont causées par quatre principaux virus appartenant à des familles distinctes et présentant des modes de transmission variés. Le Beet mild yellowing virus (BMV) et le Beet chlorosis virus (BChV) font partie de la famille des *Solemoviridae* et sont transmis selon le mode persistant, le Beet yellows virus (BYV) appartient aux *Closteroviridae* et est transmis selon le mode semi-persistant ; enfin le Beet mild virus (BtMV) appartient aux *Potyviridae* et est transmis selon le mode non-persistant (Brault et al., 2025). La betterave sucrière étant une culture annuelle, les parcelles sont exposées chaque année au printemps à des contaminations par des pucerons ailés qui peuvent porter ces différents virus. Cependant les plantes réservoirs sur lesquelles les pucerons acquièrent les virus sont mal connues (Stevens et al., 1994). Le principal vecteur de ces virus est le puceron vert du pêcher, *Myzus persicae*, bien qu'*Aphis fabae*, le puceron noir de la fève, puisse également jouer un rôle significatif dans les épidémies de jaunisses (Limburg et al. 1997, Schliephake et al. 2000). *M. persicae* possède un spectre d'hôtes très étendu, regroupant plus de 400 espèces, tant cultivées que sauvages, appartenant à 40 familles botaniques différentes (Bass et al., 2014). De son côté, *A. fabae*, bien que préférant les Fabacées, peut également se nourrir sur des centaines d'espèces appartenant à diverses familles botaniques (Blackman & Eastop, 2000). Cette diversité des plantes-hôtes potentielles, tant pour les virus que pour leurs vecteurs, représente un défi majeur pour l'identification des réservoirs des jaunisses de la betterave. L'identification de ces réservoirs est pourtant cruciale pour développer des stratégies de gestion prophylactique efficaces contre les jaunisses. Dans le cadre du Programme National de Recherche et d'Innovation (PNRI) visant à lutter contre ces maladies, nous avons entrepris une étude destinée à identifier les réservoirs des virus des jaunisses et de leurs pucerons vecteurs. Pour ce faire, des échantillonnages de pucerons et de plantes ont été réalisés dans les principaux bassins de production de betterave sucrière en France. Notre étude s'est notamment concentrée sur la recherche de *M. persicae* et de virus de la betterave sur des espèces de plantes, cultivées ou non, susceptibles de les héberger durant l'hiver. Si ces pucerons ont acquis des virus sur ces réservoirs hivernaux, ils pourraient alors les transmettre aux cultures de betteraves. Par ailleurs, nous avons cherché à inférer l'origine des individus migrants de *M. persicae* s'apprêtant à coloniser les nouvelles cultures.

2. Méthodologie

La recherche des réservoirs des vecteurs a été menée durant trois années consécutives (2021 à 2023) dans le cadre du projet **Resaphid** financé par le PNRI et s'est appuyée sur un échantillonnage intensif des pucerons à des moments critiques de la culture de la betterave, en utilisant différentes stratégies. La campagne d'échantillonnage menée au printemps 2021 s'est concentrée principalement sur des récoltes de pucerons sur betteraves et à partir de pièges (bacs jaunes) placés dans certaines parcelles de betteraves. En 2022, une campagne d'échantillonnage plus approfondie a été réalisée dans trois bassins de production de betterave sucrière (Oise, Ain et Loiret). Elle a été conduite sur des plantes cultivées et non cultivées dans l'environnement de parcelles de betterave et juste avant l'émergence des jeunes plants de betterave, ceci afin de se placer dans un contexte réaliste (coïncidence temporelle et proximité spatiale des réservoirs potentiels et des jeunes plants de betterave au moment de leur sensibilité à la colonisation par des pucerons et aux infections virales qui peuvent en découler). En réponse à des interrogations sur le rôle éventuel des betteraves porte-graines dans la dissémination des jaunisses vers les parcelles de production, un échantillonnage spécifique a également été conduit en avril 2022 dans des parcelles de porte-graines situées dans le Loiret. La campagne de 2023 a été conçue pour répondre simultanément aux objectifs du projet Resaphid et du projet **BeetRes**, un projet compagnon axé sur l'identification des réservoirs viraux également financé par le PNRI. En s'appuyant sur une analyse bibliographique et sur les résultats obtenus lors des prospections antérieures, une liste d'environ vingt espèces végétales susceptibles d'abriter des vecteurs de virus a été établie. Ces espèces ont fait l'objet d'un échantillonnage en avril 2023 dans quatre bassins de production de



betterave (Normandie, Somme-Oise, Champagne et Centre-Val de Loire), avec un objectif d'assembler des pools de cinquante plantes par espèce végétale et par site lorsque cela était possible. Simultanément, des prélèvements ont été effectués sur des betteraves porte-graines et des cordons de déterrage afin d'explorer l'hypothèse d'un cycle épidémique des virus entièrement réalisé sur betteraves cultivées. Des betteraves sauvages (*Beta maritima*) ont également été échantillonnées. Les plantes échantillonnées ont fait l'objet d'une recherche exhaustive des virus par analyse du virome grâce à une technique basée sur le séquençage haut débit d'ARN bicaténaires hautement purifiés (Marais *et al.*, 2018). Cette approche non ciblée permet en effet de détecter l'ensemble des variants viraux circulant, y compris ceux qui ne seraient pas détectés par des méthodes sérologiques ou moléculaires classiques. Les pucerons collectés sur les différentes plantes-hôtes et dans les pièges pour les trois années d'étude ont été d'abord identifiés sur la base de critères morphologiques, complétés par des analyses moléculaires en cas d'ambiguïté. En effet, plusieurs espèces de pucerons, autres que *M. persicae* (comme *Aulacorthum solani*, *Cryptomyzus galeopsidis*, *Hyperomyzus lactucae*, *Macrosiphum euphorbiae* et *Myzus ascalonicus*), ont été recensées sur les plantes cultivées et non cultivées échantillonnées, et leurs jeunes stades larvaires peuvent facilement être confondus morphologiquement. Les individus appartenant à l'espèce *M. persicae* ont ensuite été soumis à des analyses de génotypage individuel grâce à des marqueurs génétiques utilisés dans des travaux précédents (Roy *et al.*, 2023). Ces analyses ont permis d'évaluer la diversité génétique et de caractériser la structuration des clones de *M. persicae* en fonction des plantes-hôtes et des régions géographiques.

3. Principaux résultats

3.1. Bilan des campagnes d'échantillonnage

Une soixantaine d'espèces botaniques ont été inspectées durant ces diverses prospections réalisées début avril en 2021, 2022 et 2023. Des pucerons du genre *Myzus* ont ainsi pu être prélevés sur 27 plantes différentes et *Aphis fabae* sur 5 (Tableau 1). Une confirmation de la détermination morphologique des pucerons a été réalisée par barcoding moléculaire (amplification du gène de la cytochrome oxydase et séquençage du fragment amplifié). Cette approche a permis de mettre en lumière quelques erreurs de détermination, notamment sur des jeunes stades de pucerons. Ainsi une confusion sur la seule base morphologique reste possible entre *Myzus ascalonicus*, *Myzus certus* et *Myzus persicae*. L'utilisation du barcoding moléculaire sur des échantillons de référence a permis de résoudre complètement ces problèmes d'identification. Une telle identification précise des pucerons vecteurs de jaunisses est essentielle pour bien comprendre les relations avec les plantes hôtes et les différents virus. Une fois cette mise au point faite, nous avons pu préciser la gamme d'hôte des différentes espèces de pucerons observée sur la base de nos prospections. Au total, *M. persicae* est l'espèce la plus généraliste puisqu'on la retrouve sur 24 espèces botaniques différentes. *M. ascalonicus* est également très polyphage (12 hôtes) mais semble préférer les hôtes non cultivés. Le nombre d'hôtes pour *A. fabae* est très sous-estimé car cette espèce n'a pas été traitée prioritairement dans le projet.

Il est à noter que le colza, la moutarde et la phacélie (*Phacelia tanacetifolia*) sont des hôtes majeurs de *M. persicae* et constituent de ce fait des réservoirs importants susceptibles de produire des migrants qui pourraient par la suite coloniser les parcelles de betterave au moment de la levée. La pomme de terre est également un bon hôte pour *M. persicae* mais cette culture n'est pas présente aux stades où la betterave est vulnérable aux virus.

Les échantillonnages réalisés début avril 2022 dans trois parcelles de betteraves porte-graines situées dans le Loiret ont révélé une très faible infestation par pucerons (3 *M. persicae* dans une seule des trois parcelles échantillonnées), ce qui suggère une très faible contribution de cette culture au risque de



jaunisses sur betterave sucrière. Toutefois la prospection de 2023 a montré une situation différente, avec une assez forte présence de *M. persicae* dans les parcelles porte-graines inspectées. Des *M. persicae* ont également été trouvés dans les cordons de déterrage ou autres repousses de culture de betteraves lors de la prospection de 2023. Ces échantillonnages 2023 ont également confirmé la présence fréquente des virus de jaunisses sur ces différentes populations de betteraves cultivées.

Tableau 1 : Présence des différentes espèces de pucerons sur les plantes-hôtes échantillonnées durant les campagnes 2021, 2022 et 2023. Abs : absent, Occas : présence occasionnelle (occurrence dans un ou quelques prélèvements), Freq : fréquent (occurrence dans de nombreux prélèvements).

Nom vernaculaire	Nom latin	<i>Myzus ascalonicus</i>	<i>Myzus persicae</i>	<i>Aphis fabae</i>
Ammi élevé	<i>Ammi majus</i>	Abs	Occas	Abs
Artichaut	<i>Cynara cardunculus</i>	Abs	Occas	Occas
Aubergine	<i>Solanum melongena</i>	Abs	Occas	Abs
Barbarée	<i>Barbarea vulgaris</i>	Abs	Occas	Abs
Bardane	<i>Arctium lappa</i>	Abs	Occas	Abs
Bourse-à-pasteur	<i>Capsella bursa-pastoris</i>	Occas	Occas	Abs
Betterave	<i>Beta vulgaris</i>	Abs	Freq	Freq
Bourrache	<i>Borago officinalis</i>	Abs	Occas	Abs
Cameline	<i>Camelina sativa</i>	Abs	Occas	Abs
Camomille	<i>Matricaria chamomilla</i>	Abs	Occas	Occas
Cardamine hérissée	<i>Cardamine hirsuta</i>	Abs	Occas	Abs
Cerfeuil sauvage	<i>Anthriscus sylvestris</i>	Occas	Abs	Abs
Chénopode	<i>Chenopodium album</i>	Occas	Occas	Abs
Colza	<i>Brassica napus</i>	Abs	Freq	Abs
Epinard	<i>Spinacea oleracea</i>	Abs	Occas	Abs
Fumeterre	<i>Fumaria officinalis</i>	Abs	Occas	Abs
Fève	<i>Vicia faba</i>	Abs	Abs	Freq
Laiteron des champs	<i>Sonchus arvensis</i>	Occas	Abs	Abs
Laitue	<i>Lactuca sativa</i>	Occas	Abs	Abs
Marguerite des champs	<i>Leucanthemum vulgare</i>	Abs	Occas	Abs
Mouron blanc	<i>Stellaria media</i>	Freq	Abs	Abs
Moutardes	<i>Sinapis sp.</i>	Abs	Freq	Abs
Myosotis des champs	<i>Myosotis arvensis</i>	Occas	Abs	Abs
Plantain lancéolé	<i>Plantago lanceolata</i>	Occas	Occas	Occas
Pomme de terre	<i>Solanum tuberosum</i>	Abs	Freq	Abs
Phacélie	<i>Phacelia tanacetifolia</i>	Abs	Freq	Abs
Ravenelle	<i>Raphanus raphanistrum</i>	Abs	Freq	Abs
Rumex	<i>Rumex obtusifolius</i>	Abs	Occas	Abs
Séneçon commun	<i>Senecio vulgaris</i>	Occas	Occas	Abs
Silène	<i>Silene alba</i>	Occas	Abs	Abs
Valériane	<i>Valeriana officinalis</i>	Occas	Abs	Abs
Véronique commune	<i>Veronica persica</i>	Freq	Occas	Abs
Nombre d'espèces hôtes		12	24	5

Des échantillonnages de pucerons ont également été menés toutes les semaines de la levée à début juin, en 2021 dans une parcelle de betteraves en Ile-et-Vilaine, en 2022 dans 5 parcelles (3 dans le



Loiret, 1 dans la Somme et 1 en Ile-et-Vilaine) et en 2023 dans 12 parcelles (3 dans le Loiret, 8 dans la Somme et 1 en Ile-et-Vilaine). La plupart de ces échantillonnages ont été réalisés par les membres du projet IAE Infrastructures Agroécologiques financé par le PNRI et coordonné par Anne Le Ralec (Institut Agro, Rennes).

L'ensemble des pucerons appartenant à l'espèce *M. persicae* ont été préservés dans l'alcool absolu en vue des analyses de génotypage.

3.2. Analyses des pucerons par génotypage

Les analyses par génotypage moléculaire des pucerons (*M. persicae*, exclusivement) s'appuient sur des marqueurs microsatellites polymorphes développés dans le cadre de projets antérieurs. Elles visent à caractériser le profil génétique des individus prélevés dans différents contextes. Tout d'abord, des échantillons de pucerons aptères ont été collectés sur diverses plantes hôtes (voir bilan des prospections) afin de déterminer s'il existe une différenciation génétique des populations de *M. persicae* selon la plante hôte. Ensuite, des échantillons ailés ont été récoltés à l'aide de bacs jaunes et de pièges à succion pour évaluer la diversité génétique des populations de pucerons en phase de colonisation des betteraves et tenter d'inférer leur origine géographique ou botanique (Figure 1). Enfin, des échantillons aptères ont été prélevés dans différentes parcelles de betteraves et à divers stades, de la levée à huit semaines après la levée. Cette dernière analyse vise à tester si la betterave exerce une pression de sélection sur les populations de *M. persicae* et à identifier les génotypes potentiellement mieux adaptés à cette culture.



Figure 1 : Dispositifs d'échantillonnage aérien des pucerons vecteurs. **A gauche**, petit bac jaune (au premier plan) et grand bac jaune (en arrière-plan), placés dans une parcelle de betterave (Rouvillers, Oise), Crédit Photo : Jean-Christophe Simon. **Au milieu**, individu ailé du puceron vert du pêcher, *Myzus persicae*. Crédit Photo : Bernard Chaubet. **A droite**, piège à succion de 12,2 m qui aspire en permanence le plancton aérien, dont les pucerons en vol. Ce piège est situé au Rheu (Ile et Vilaine), sur le domaine du centre de recherche INRAE de Rennes, Crédit Photo : Franck Duval.

Concernant la diversité et la structure génétique des populations de *M. persicae* dans le nord de la France, près de 4 000 individus ont été collectés entre 2020 et 2023 dans divers bassins de production de betteraves et sur 16 espèces botaniques. Parmi eux, 2 400 pucerons ont été génotypés à l'aide de 14 marqueurs microsatellites, constituant le jeu de données pour les analyses. Le rapport G:N, représentant le nombre de génotypes multilocus (G) rapporté à l'effectif total d'individus (N), varie de 0 (tous les individus partagent le même génotype) à 1 (chaque individu possède un génotype unique). Un rapport G:N élevé reflète donc une forte diversité génétique. Dans notre étude, la faible valeur observée (G:N = 0,16) indique une diversité clonale réduite, vraisemblablement liée à une hibernation majoritairement parthénogénétique des populations de *Myzus persicae* dans la zone géographique échantillonnée. Quatre génotypes multilocus particulièrement abondants, qualifiés de « superclones », représentent environ la moitié des individus analysés. Ces superclones sont présents d'une année sur l'autre, sur plusieurs plantes hôtes (dont la betterave) et sont largement distribués géographiquement.



Une forte proximité génétique a également été observée entre les individus présents sur betteraves et ceux sur colza et moutarde, avec près de 80 % des génotypes partagés. Cela confirme le rôle majeur de ces deux dernières cultures en tant que réservoirs hivernaux pour les populations de pucerons colonisant les betteraves au printemps.

L'analyse de la dynamique temporelle des populations de *M. persicae* sur betteraves a reposé sur 660 individus collectés en 2022 (trois parcelles dans le Loiret, une dans la Somme et une en Ile-et-Vilaine) et 741 en 2023 (trois parcelles dans le Loiret, huit dans la Somme et une en Ile-et-Vilaine). La diversité génotypique, mesurée par le rapport G:N décrit plus haut, est légèrement supérieure à celle observée à l'échelle régionale (0,23 en 2022 et 0,20 en 2023), reflétant une origine variée des individus colonisant les betteraves au printemps. Les superclones jouent cependant un rôle prédominant, représentant 54 % des individus en 2022 et 65 % en 2023. Le superclone le plus abondant sur l'ensemble des espèces botaniques échantillonnées domine également sur betterave, avec 23 % des individus en 2022 et 31 % en 2023. La dynamique temporelle de ces superclones reste stable, ceux-ci étant présents tout au long de la phase de colonisation printanière.

3.3. Premiers résultats sur l'identification des réservoirs viraux

Les résultats des séquençages obtenus à partir de l'échantillonnage de plantes réalisé en 2023 révèlent plusieurs éléments clés sur les réservoirs potentiels des virus de la betterave.

Tout d'abord, le BYV et le BtMV ont été fréquemment détectés dans des populations de betteraves maritimes (*Beta maritima*) collectées dans plusieurs régions. Cependant, la majorité des isolats de ces virus identifiés chez *B. maritima* sont différents de ceux retrouvés dans les cultures de betterave. Cela suggère l'existence de barrières limitant les flux viraux entre ces deux types de betteraves et, en corollaire, que ces populations naturelles d'une espèce très proche de la betterave cultivée ne pourraient au mieux qu'être des réservoirs de peu d'importance. De plus, aucun des quatre virus des jaunisses n'a été détecté chez le colza. Ce résultat est corroboré par des analyses élargies réalisées dans le cadre du projet PPR CPA Deep Impact. Ces dernières, menées sur 50 parcelles de colza en 2022 et 2023 en Bretagne, Bourgogne et Occitanie, ont impliqué un échantillonnage d'un total de 4 800 plantes. Qui plus est, des expériences en conditions contrôlées au laboratoire n'ont révélé aucune infection du colza par les quatre virus des jaunisses après inoculation. L'ensemble de ces données invalide l'hypothèse que le colza puisse jouer un rôle de réservoir pour les virus de la betterave.

Parmi les 17 autres espèces végétales pour lesquelles des données sur le virome ont été acquises, des virus de la betterave n'ont été identifiés que chez la phacélie (deux populations infectées sur les six analysées) et la féverole (une population infectée sur les quatre analysées). Notamment, une population de phacélie collectée dans le Loiret était infectée par le BYV et le BtMV. Cette population contenait également d'autres virus transmis par pucerons, comme le Turnip yellows virus, qui infecte le colza, et le Soybean dwarf virus, qui infecte des légumineuses. Sachant que la phacélie peut également jouer un rôle de réservoir pour les pucerons, ces résultats suggèrent que cette espèce pourrait être un point focal dans la circulation de nombreux virus transmis par ces insectes, y compris ceux affectant la betterave. Quant à la féverole, le BtMV a été détecté dans une des quatre populations, ce qui pourrait faire de cette culture un réservoir de ce virus, puisqu'elle est aussi un hôte très apprécié par le puceron vecteur *A. fabae*.

Il est important de souligner que ni le BMV, ni le BChV n'ont été détectés dans les betteraves maritimes, ni dans les autres espèces échantillonnées, à l'exception des betteraves cultivées (repousses, cordons de déterrage, porte-graines). Chez ces dernières, le BYV et le BtMV ont également été identifiés. Il convient de noter que le BMV présente une faible prévalence en France. Jointe aux résultats ci-dessus, cette dernière observation suggère un rôle central des repousses de betteraves et, éventuellement, des porte-graines dans l'épidémiologie des virus des jaunisses.



4. Discussion - conclusion

4.1. Implications pour la gestion des réservoirs de jaunisses de la betterave et de leurs vecteurs

Nos résultats mettent en évidence l'importance de certaines cultures, notamment le colza et les moutardes, en tant que réservoirs majeurs des clones de *M. persicae* responsables des colonisations de betteraves au printemps. Bien que ces cultures ne soient pas identifiées comme des sources des virus des jaunisses, elles jouent vraisemblablement un rôle central dans la dynamique des populations de pucerons. Cela pourrait ouvrir la voie à des stratégies de gestion ciblées, bien que leur mise en œuvre sur des cultures aussi répandues que le colza, puisse s'avérer complexe.

En complément, la phacélie (pour le BYV et le BtMV), la féverole (pour le BtMV) et les betteraves repousses ou porte-graines (pour les quatre virus responsables des jaunisses) ont été identifiées comme des sources à la fois de vecteurs et de virus. Les premiers résultats soulignent notamment que la phacélie pourrait jouer un rôle significatif dans la dynamique épidémique si elle n'est pas détruite en amont de la période de contamination des semis de betterave. Malgré ces avancées, des incertitudes subsistent quant à l'identification complète des réservoirs des virus des jaunisses ainsi qu'à l'importance respective que pourraient avoir les différents réservoirs potentiels identifiés à ce stade.

Ces travaux ont permis de sensibiliser à l'importance des réservoirs dans la gestion des jaunisses. Ils ont dès à présent débouché sur des recommandations pratiques diffusées au sein de la filière visant notamment à mieux gérer les repousses, les cordons de déterrage et la phacélie, identifiés comme autant de réservoirs potentiels. En parallèle, le développement d'outils diagnostiques pour la détection rapide des virus dans les populations de pucerons pourrait renforcer les capacités de surveillance épidémiologique et faciliter des interventions adaptées au niveau local. Toutefois, ces outils nécessitent encore des améliorations pour surmonter les difficultés liées notamment à la détection des virus à transmission semi-persistante ou non persistante dans les pucerons.

4.2. Avancées scientifiques et poursuite des travaux

L'identification des réservoirs de pucerons vecteurs et des virus associés aux jaunisses de la betterave constitue un objectif ambitieux et complexe. Ces difficultés étaient anticipées dès le début des travaux, car cette question reste irrésolue, tant en France qu'en Europe.

Les méthodes employées pour avancer sur la problématique des réservoirs ont reposé sur un échantillonnage extensif des pucerons présents sur une large gamme de plantes-hôtes et dans différents contextes géographiques. Plus de 10 000 pucerons ont été identifiés et le génotypage individuel des *M. persicae* échantillonnés a permis d'évaluer la diversité génétique et les dynamiques populationnelles entre différentes plantes-hôtes et régions géographiques du principal vecteur de jaunisses de la betterave. Les résultats ont mis en évidence une faible diversité des populations de *M. persicae* dans le nord de la France et l'existence de quelques superclones qui passent l'hiver sur des plantes telles que le colza et les moutardes, avant de coloniser les betteraves, où ils jouent un rôle prépondérant dans la dynamique des populations sur cette culture. Ces clones, caractérisés par leur forte plasticité écologique et leur important potentiel de dispersion, représentent des cibles prioritaires pour de futures recherches visant à préciser leurs capacités vectrices et à mieux comprendre les raisons de leur succès écologique.

Dans le même temps, l'analyse exhaustive du virome des différentes espèces végétales échantillonnées a permis (1) d'exclure un rôle de réservoir pour le colza, (2) de proposer que les betteraves sauvages (*B. maritima*) n'aient vraisemblablement qu'un rôle au mieux très limité, (3) de soulever la question d'un éventuel rôle de réservoir pour la phacélie (et de la féverole pour le BtMV). Le fait que les polérovirus BMV et BChV n'aient pas été retrouvés hors des betteraves cultivées souligne par ailleurs l'importance centrale que pourrait avoir la betterave cultivée elle-même (repousses, cordons



de déterrage, éventuellement porte-graines) dans le cycle de la jaunisse, ce qui a déjà conduit à de nouvelles recommandations en direction des producteurs afin de renforcer l'efficacité de la lutte prophylactique.

Le nouveau projet **Redivibe** (coordonné par Véronique Brault, INRAE Colmar), conduit dans le cadre du PNRI-C, rassemble des virologues et des entomologistes pour prolonger les travaux présentés dans cet article. Il vise à relever le défi d'identifier et de quantifier l'impact des différents réservoirs des jaunisses de la betterave et de leurs pucerons vecteurs. Ce projet contribuera à développer des solutions opérationnelles pour mieux gérer cette maladie, qui constitue une menace importante pour la filière sucrière française.

Éthique

Les auteurs déclarent que les expérimentations ont été réalisées en conformité avec les réglementations nationales applicables.

Déclaration sur la disponibilité des données et des modèles

Les données qui étayent les résultats évoqués dans cet article sont accessibles sur demande auprès de l'auteur de correspondance de l'article.

Déclaration relative à l'Intelligence artificielle générative et aux technologies assistées par l'Intelligence artificielle dans le processus de rédaction.

Les auteurs n'ont pas utilisé de technologies assistées par intelligence artificielle dans le processus de rédaction.

ORCID des auteurs

T. CANDRESSE : <https://orcid.org/0000-0001-9757-1835>

A. MARAIS : <https://orcid.org/0000-0003-2482-1543>

J.C. SIMON : <https://orcid.org/0000-0003-0620-5835>

C. BUCHARD : <https://orcid.org/0009-0004-7280-6959>

Contributions des auteurs

Conception du projet : TC, AMA, JCS

Echantillonnage au champ : YN, CB, FD, AMO, GM, TC, JCS

Expérimentation : YN, FM, FD, CB, GM, CF, LS, AMA

Analyse des données : YN, FM, JCS, TC

Rédaction du draft : JCS

Relecture, finalisation du manuscrit : JCS, TC

Déclaration d'intérêt

Les auteurs déclarent ne pas travailler, ne pas conseiller, ne pas posséder de parts, ne pas recevoir de fonds d'une organisation qui pourrait tirer profit de cet article, et ne déclarent aucune autre affiliation que celles citées en début d'article.

Remerciements

Les auteurs tiennent à remercier Anne Le Ralec, Ségolène Buzy et Léna Barascou pour les échantillons de *M. persicae* prélevés sur betteraves dans le cadre du projet IAE du PNRI. Un grand merci aussi à