Dossier de presse

Septembre 2020

Le programme AKER offre à la betterave sucrière un formidable potentiel de matériels génétiques, d'outils et de méthodes au service de la filière.

Ce dossier de presse retrace le chemin parcouru depuis huit années, et présente les résultats et les perspectives du programme AKER.

Sommaire

1. **Objectifs et contexte**
   - 1.1. Rappel des objectifs du programme AKER
   - 1.2. Le contexte a changé depuis 2012

2. **AKER apporte du matériel génétique nouveau**
   - 2.1. Un changement de paradigme
   - 2.2. Choix des 16 plantes de référence
   - 2.3. Création du matériel génétique
   - 2.4. Résultats obtenus

3. **AKER apporte des outils et des méthodes de phénotypage**
   - 3.1. Phénotypage des semences et plantules
   - 3.2. Phénotypage en végétation, au champ

4. **AKER, un programme ouvert**
   - 4.1. Une approche originale
   - 4.2. Des réponses à de nouvelles questions
   - 4.3. Une contribution dynamique pour une agriculture moderne

Annexes

Les responsables du programme AKER

Les 11 partenaires du programme AKER

Vient de paraître : La betterave sucrière – L'innovation compétitive

Vient de paraître

La betterave sucrière - L'innovation compétitive
Editions Quae – www.quae.com

La betterave sucrière est entrée dans l'ère du libéralisme avec la suppression des quotas de production en Europe. Elle se retrouve de plain-pied sur le marché mondial en concurrence avec la canne à sucre.
La France a bénéficié du Programme d'investissements d'avenir « AKER - Betterave 2020, l'innovation compétitive », qui a pour ambition de doubler le rythme de croissance annuelle du rendement en sucre par hectare de la betterave.
Il constitue une rupture scientifique en allant rechercher toute la diversité génétique disponible au niveau mondial, et en pratiquant le génotypage avant le phénotypage. Il met au point du matériel génétique nouveau, disponible pour être introduit dans les futures variétés de betteraves. Il offre également des outils et des méthodes innovantes dans les domaines du génotypage et du phénotypage, accompagnant les acteurs de la filière - betteraviers et sucriers - dans leur impérative amélioration de la compétitivité.
Cet ouvrage s'adresse principalement aux scientifiques et aux professionnels, et à tous ceux que la recherche, le développement et la formation dans le registre du vivant intéressent. Il vient clôturer huit années de travaux pluridisciplinaires rassemblant une centaine de collaborateurs.
Le programme AKER positionne pour longtemps la betterave dans le peloton de tête des espèces cultivées et contribue à fournir au consommateur un sucre de qualité produit localement et dans des conditions respectueuses de l'environnement.

Contact presse : Philippe Pelzer philippepelzer@gmail.com 06 50 17 05 29 www.aker-betterave.fr

AKER financé par

AKER soutenu par

Partenaires AKER

1- Objectifs et contexte

1.1. Les objectifs du programme AKER

À son lancement, en 2012, le programme AKER correspondait au souhait de remettre la betterave au centre du terrain de jeu des grandes cultures ; à la volonté d'en refaire un des supports scientifiques de la recherche agronomique ; à l'opportunité de s'inscrire dans les Programmes d'investissements d'avenir et de bénéficier de la dynamique du « Grand emprunt » lancé par les pouvoirs publics de l'époque.

Deux volets
Le premier volet du programme AKER se propose d'identifier la diversité génétique, de constituer une collection de référence allélique et d'opérer des croisements avec du matériel élite (matériel aux performances agronomiques correspondant aux attentes du marché), de manière à élargir la diversité génétique exploitable, à accélérer le progrès génétique et à obtenir de nouvelles variétés à haut potentiel.
Concomitamment, le second volet consiste, de manière originale, à valoriser toute la diversité acquise, à la contrôler et à l'évaluer par de nouvelles méthodes de phénotypage et de génotypage basées sur les outils à haut débit.

Quatre étapes
Sur le plan du matériel biologique, le programme AKER s'est déployé en quatre étapes et ouvre dorénavant sur la production de variétés améliorées, inscriptibles au Catalogue officiel des variétés et cultivables :

- la première étape (2012 et 2013) a consisté à identifier seize plantes de référence à partir de 10 000 ressources génétiques collectées et résumant la diversité disponible pour tous les allèles fréquents ;
- la deuxième étape (2013 à 2016) a mis en œuvre les croisements de la collection de référence avec du matériel élite pour obtenir des populations-sources variables ;
- la troisième étape (2017) s'est attachée à l'obtention et à la multiplication de ces populations-sources ;
- la quatrième étape (2018 et 2019) a consisté à évaluer et analyser les populations-sources en prenant en compte l'effet année et l'effet lieu ;
- enfin, le programme AKER a abouti à la sélection de nouvelles variétés et aux nouvelles connaissances associées, à partir de 2020.

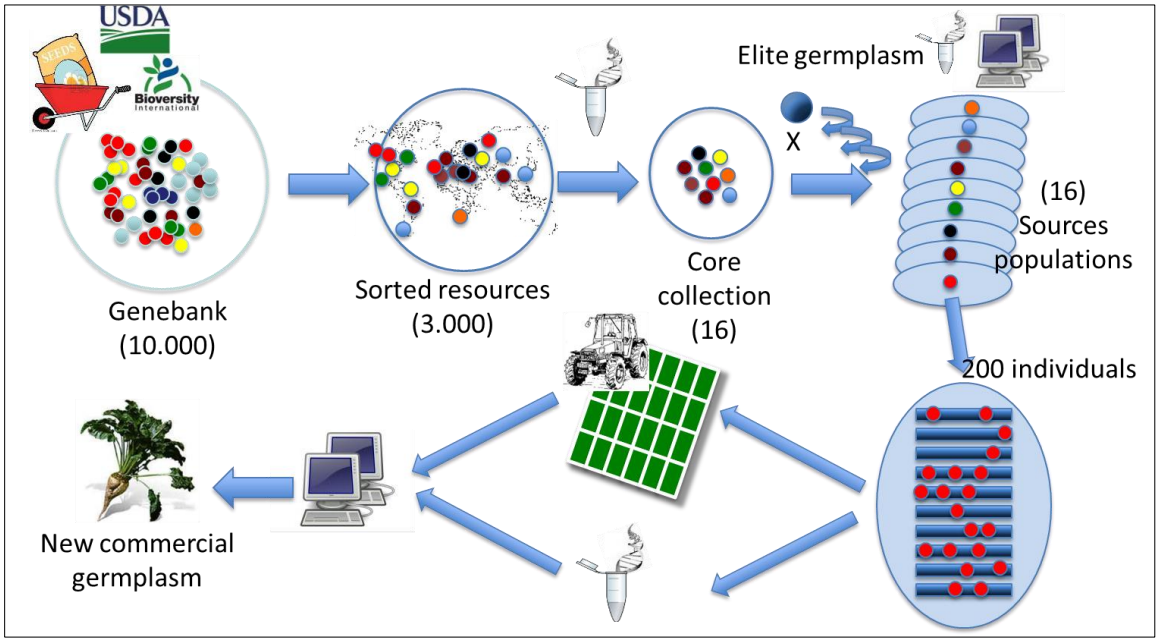

Figure 1. Schéma général du programme AKER, conçu à l'origine du projet.

AKER en chiffres

- 16 plantes de référence ;
- 40 millions de données moléculaires ;
- 8 km de cages d'hybridation ;
- 3 200 hybrides sélectionnés ;
- 63 000 parcelles de phénotypage au champ ;
- 11 partenaires ;
- 100 collaborateurs (dont 60 chercheurs) ;
- 18,5 M€ de budget (dont 5 M€ d'aides de l'État).

1.2. Le contexte a changé depuis 2012

Depuis le lancement du programme AKER en 2012, la filière betteravière a connu des transformations majeures en s'inscrivant dans une démarche de progrès continu tant en termes de productivité que d'efficiences économique et environnementale.
Ces modifications touchent l'ensemble de la chaîne de production, de la graine de betterave à la commercialisation du sucre, en passant par la culture et la transformation en sucre et en alcool. Elles ont un impact direct sur l'économie de la filière et ses pratiques agricoles.

La fin des quotas européens
La première de ces transformations, et certainement la plus importante pour l'organisation de la filière, est la fin des quotas sucriers. Le 1er octobre 2017, le système qui règlementait le secteur sucrier européen a pris fin. Les quantités produites ne sont désormais plus encadrées et la libéralisation du marché permet à chaque acteur de la filière de produire autant de sucre qu'il le désire, en vue, entre autres, de l'exporter.
Ainsi, dès la campagne suivante, alors même que les pays tiers continuaient d'accroître leurs volumes dans des proportions inédites, la production européenne de sucre a augmenté. Très rapidement, la production et les stocks de sucre mondiaux ont été confrontés à des excédents provoquant un effondrement des cours. Ceux-ci se sont alors établis à leur plus bas niveau depuis dix ans, engendrant une perte de rentabilité pour le secteur et se traduisant par des décisions de réorganisation, des restructurations, des fermetures d'usines et un ajustement de la rémunération des planteurs de betterave.

Des demandes sociétales plus exigeantes
À ces problématiques économiques s'ajoutent les demandes sociétales qui, elles aussi, se sont affirmées durant ces dernières années. Les consommateurs réclament une agriculture ayant moins, voire pas du tout, recours à l'usage des produits phytosanitaires et limitant aussi fortement que possible son impact sur la qualité du milieu et la biodiversité. Ces attentes se traduisent par un contrôle réglementaire de plus en plus marqué des productions agricoles. Un exemple récent en est l'usage des néonicotinoïdes en France, insecticides qui étaient utilisés en enrobage de semences pour lutter contre les pucerons verts vecteurs de la jaunisse. En 2019, leur utilisation a été totalement interdite sur le territoire alors même que la filière ne disposait pas de solutions alternatives aussi efficaces et préservant la faune auxiliaire. On notera que cet enrobage avec des néonicotinoïdes a dû être remplacé par des pulvérisations aériennes d'insecticides pouvant être moins sélectifs et beaucoup plus onéreux pour la filière. Sous cette même pression et dans le même temps, les possibilités d'amélioration de la productivité au travers de nouvelles techniques d'édition génomique (NBT) n'ont pas été autorisées en Europe, contrairement au reste du monde.
Dans ce contexte sans précédent, le programme AKER a pour ambition de mettre à disposition des agriculteurs des variétés de betterave sucrière qui concilieront attentes sociétales, environnementales, productivité et rentabilité, en s'appropriant l'ensemble des progrès technologiques actuels et parfois peu développés en 2012 (génomique, drones d'observation, traitement de l'image, phénotypage rapide, etc.).

2- AKER apporte du matériel génétique nouveau

2.1. Un changement de paradigme

Dès 2012, le programme AKER a affiché son objectif : « améliorer la compétitivité de la betterave à l'horizon 2020 en doublant le rythme de croissance annuelle de son rendement en sucre par hectare ».

Le programme AKER correspond à un changement de paradigme dans le domaine de la recherche et de la sélection betteravière, sous-tendu par deux affirmations : AKER fait de la prédiction ; et il gère la variabilité génétique.

On ne fait plus de la sélection *a posteriori*, mais *a priori*. Dans le déroulement du programme, le génotypage est effectivement arrivé avant le phénotypage. Auparavant, on évaluait les plantes au champ et on s'aidait ensuite de la génétique. À présent, on commence par utiliser la génétique, et on évalue ses résultats *a posteriori*. Cela conduit à faire de la prédiction en travaillant sur des modèles. D'où l'importance de la bio-informatique, discipline incontournable dans AKER.

Le programme gère la variabilité en allant rechercher la diversité à travers les 10 000 ressources génétiques disponibles, pour aboutir au choix des seize plantes de référence représentatives de cette diversité. La démarche consiste à rechercher, incorporer, organiser, valoriser la variabilité, à faire en sorte qu'elle soit toujours disponible pour réagir et faire face à de nouvelles contraintes.

En réalité, il s'agit de maintenir la diversité dans une vision dynamique et durable de son utilisation. Cette démarche s'effectue en déployant toutes les techniques modernes mises à disposition des chercheurs. Le programme AKER offre ainsi un potentiel de diversités : celles qui sont utiles dès à présent et celles qui sont neutres, voire avec un coût métabolique, mais qui pourront être utiles plus tard afin de répondre à de nouvelles questions qui ne manqueront pas de se poser, comme les résistances à certains bioagresseurs.

Diminuer par deux le temps de la sélection

Demain, il faudra répondre à des objectifs nouveaux (apparition d'une nouvelle maladie, nouveau cadre réglementaire, nouveaux débouchés, etc.) en le moins de temps possible. L'objectif du programme AKER est de diminuer par deux ce temps de « réactivité ». D'une part, AKER a bénéficié de techniques permettant d'aller plus vite dans la sélection. Ainsi, la technique « graine à graine », prônant un cycle court en conditions hors-sol contrôlées sous serre (vernalisation, induction, croisements), a permis de déployer le programme de sélection en cinq ans au lieu de dix ans. D'autre part, AKER offre lui-même les moyens de raccourcir les schémas de sélection, notamment avec la sélection génomique qui devrait permettre de réduire le cycle de sélection d'une année sur les cinq actuellement nécessaires, soit 20 %, pour obtenir une nouvelle variété.

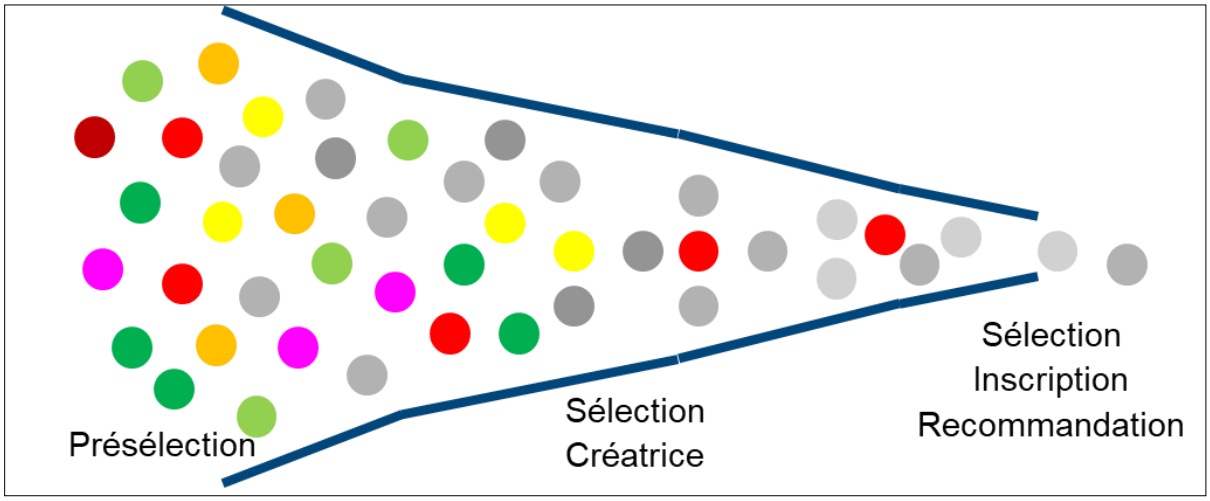

Figure 2. AKER gère la variabilité : élargir l'entonnoir pour ensuite le raccourcir.

2.2. Choix des 16 plantes de référence

Au départ, le programme AKER a recensé 46 banques de gènes possédant du matériel génétique pour l'espèce betterave à travers le monde. On a analysé 10 000 accessions, 3 000 ont constitué la collection de référence et 16 plantes ont été retenues en final.

Collection de référence

La variabilité allélique de la betterave est conservée essentiellement à travers deux réseaux internationaux : Grin-Ars (aux Etats-Unis) et Eurisco (en Europe)[1]. L'inventaire et l'analyse des 10 000 accessions disponibles dans ces banques de gènes ont permis d'en sélectionner 3 000 sur la base d'un échantillonnage réalisé par représentation géographique pour les betteraves sauvages/exotiques, et par représentation proportionnelle pour les betteraves cultivées (sucrières, fourragères, potagères). Ces 3 000 accessions retenues ont constitué la collection de référence.

Enfin, après une analyse génétique réalisée dans cette collection de référence, le programme AKER a sélectionné seize plantes de référence. Conformément aux hypothèses formulées au départ, ces seize plantes de référence couvrent 100 % de la variabilité allélique disponible au sein du genre *Beta* et complémentaire des ressources génétiques déjà utilisées actuellement en sélection.

[1] www.ars-grin.gov et www.eurisco.ecpgr.org.

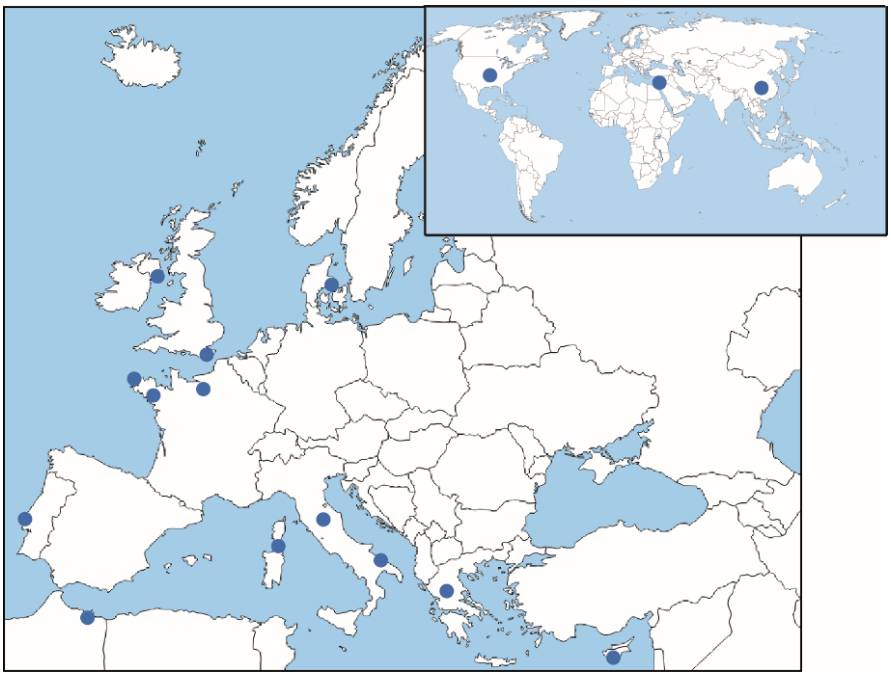

Figure 3. Répartition géographique des seize plantes de référence.

Figure 4. Collection des seize plantes de référence.

2.3. Création du matériel génétique

L'objectif du schéma de création du matériel génétique AKER est de « pulvériser » des morceaux d'ADN exotique porteurs de variabilité au moyen de croisements successifs dans le matériel élite.
Dès 2013, les seize plantes de référence ont été croisées avec du matériel élite afin d'introgresser, c'est-à-dire introduire de façon naturelle par croisement, de nouveaux allèles d'origine exotique.
En 2014 et 2015, les croisements F_1 (*F = filial generation*) obtenus (élite × exotique) ont été rétrocroisés successivement par l'élite. L'objectif des rétrocroisements était d'augmenter la part de l'élite, tout en gardant des morceaux de la plante exotique. À chaque génération, 100 000 plantes ont été produites. L'analyse moléculaire permettait d'en choisir 450 qui allaient servir aux croisements pour la génération suivante.
En 2016, est intervenue la fixation des plantes issues de croisements par autofécondation. Ont été ainsi semées en serre 250 000 plantes pour en sélectionner 3 200 pour la suite du programme.
Enfin, en 2017, ont été pratiquées des hybridations au champ sur une même plante femelle de manière à représenter la variabilité des 3 200 génotypes mâles. Les hybrides obtenus furent ensuite phénotypés en 2018 et 2019.

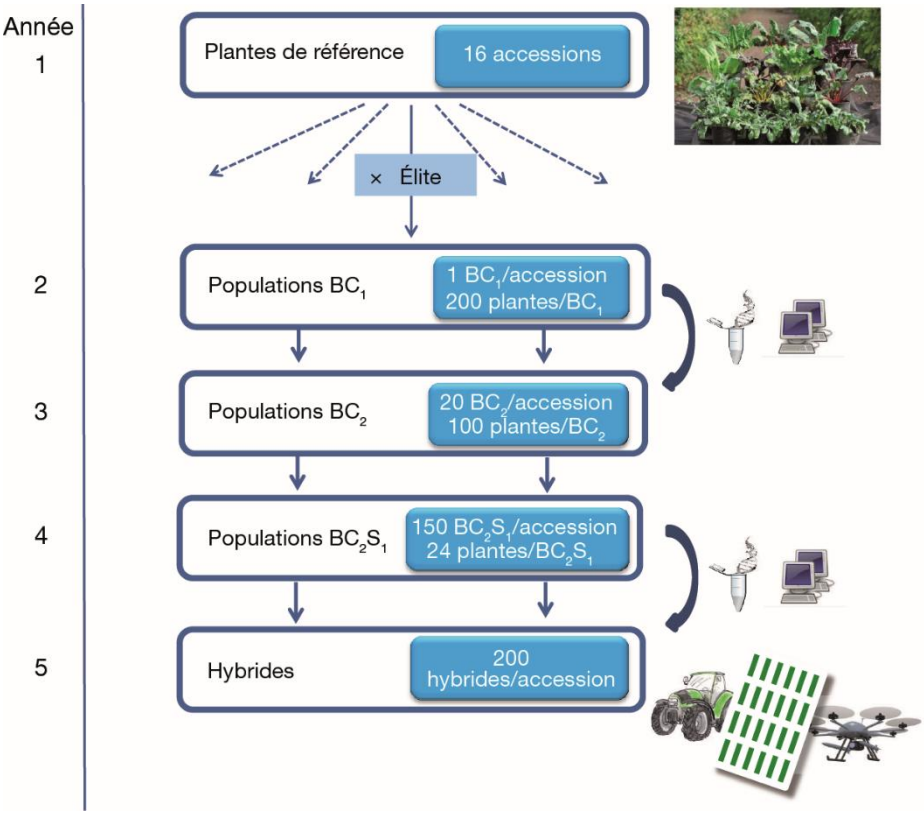

Figure 5. Schéma de création du matériel génétique AKER.

Critères d'évaluation des 3 200 hybrides

- Rendement en sucre blanc par hectare
- Dynamique de croissance
- Montée à graine
- Maladies foliaires
- Conservation

Du rendement à la compétitivité

Le rendement en sucre blanc par hectare est la résultante d'un certain nombre de critères de sélection. Il est donc naturel que le programme AKER s'intéresse à toutes les composantes de ce rendement. Il s'agit aussi bien de la précocité de levée permise par la résistance au froid de la graine, de l'adaptation de la plante aux conditions sèches en cours de végétation, que de la résistance aux maladies par le biais des gènes de tolérance, de l'absorption et de l'optimisation de l'azote dans le cycle de végétation, etc. L'objectif est d'être plus productif, mais aussi de l'être dans un maximum d'environnements différents et avec le minimum d'intrants.

La sélection traditionnelle s'est longtemps concentrée sur le critère de la productivité par hectare. Il convient maintenant d'aller plus loin avec le programme AKER en sélectionnant une betterave qui réponde au souci de robustesse de la productivité à travers tous les critères qui y contribuent directement ou indirectement.

Ainsi, le rendement est un des critères de la productivité qui, elle-même, est au service de la compétitivité, devenue le maître-mot du programme : « l'innovation compétitive ».

2.4. Résultats obtenus

Les résultats génétiques du programme AKER apportent des avancées significatives sur les critères rendement et richesse, mais plus encore sur les maladies et la montée à graine. Ces avancées ont été vérifiées par l'analyse des QTL (*Quantitative Trait Loci*). Les résultats obtenus sont source de stabilité pour la culture de la betterave et pour la filière dans son ensemble.

Les résultats des essais de phénotypage des 3 200 hybrides issus du programme de sélection ont été dépouillés. Les caractères analysés ont été le rendement en sucre par hectare (poids racine, richesse en sucre, impuretés), la sensibilité de ces populations à différentes maladies — cercosporiose, oïdium, forte pression rhizomanie (FPR) — ou encore la montée à graine. On peut ainsi mettre en évidence de la ressource génétique utile, bénéfique ou toxique.

Résultats du phénotypage

Le premier travail consiste en l'observation de la distribution des valeurs phénotypiques des individus des seize populations de référence par rapport aux témoins génétiques. Les profils obtenus sont différents suivant les critères. Pour information, le matériel élite démontrait déjà une très bonne richesse en sucre, résultat de la sélection.

Si l'on observe la courbe de variabilité pour ce caractère, l'effet attendu est négatif (la moyenne est en-deçà des témoins élites) et les maxima sont très légèrement supérieurs aux élites. En d'autres termes, les ressources exotiques font régresser la valeur des betteraves sucrières cultivées et de rares

fragments d'exotiques apportent une amélioration, qui demeure, dans tous les cas, relativement faible car limitée par le seuil physiologique. Pour le caractère rendement, on se situe apparemment encore bien en-deçà d'un plafond. La variabilité est forte et on peut observer des individus portant de forts gains. La distribution est large et suit une loi normale (statistiques) démontrant l'existence de très nombreuses régions génomiques impliquées. Pour le sélectionneur, la potentialité du programme AKER est ici clairement évidente.
Un troisième type de profil peut également être observé : des distributions bimodales, c'est-à-dire des courbes en dos de chameau. C'est notamment le cas pour les distributions de notes de maladie. Ces variations sont révélatrices de fragments exotiques à effets plus forts et d'une discontinuité dans l'expression de la variabilité. Le caractère est sous influence de quelques régions génomiques seulement.

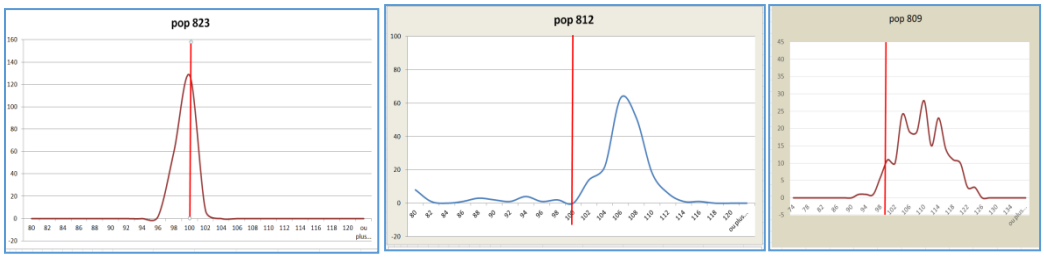

Figure 6. Exemple des différents profils observés selon le critère phénotypé. A : teneur en sucre ; B : rendement sucre/ha ; C : résistance au *cercospora*.

Si tous ces résultats donnent une première image de la variabilité utile, il faut cependant regarder plus précisément pour distinguer celle qui le sera à court terme ou à long terme. Le court terme s'évalue à l'aune des meilleurs hybrides observés et donc directement exploitables s'il dépasse les témoins commerciaux. Le long terme se caractérise quant à lui par de nouveaux programmes de croisements pour accumuler les effets détectés.
Pour mesurer le progrès génétique, il faut en effet regarder l'ensemble des caractères mesurés. Un individu donné peut apporter par exemple un gain de rendement mais aussi de la sensibilité à une maladie. À ce stade, on ne construit pas des génotypes par croisements successifs, on constate une diversité de performances réunies ou non dans des mêmes génotypes.
Lorsque l'on regarde le classement des résultats par critère, on découvre leur appartenance à certaines populations plutôt qu'à d'autres. Pour le critère rendement par exemple, quatre des seize populations observées pour l'instant démontrent leur capacité à fournir des génotypes à performances significativement supérieures. Pour un autre critère, d'autres populations seront mises en évidence.

Figure 7. Résultats 2018 spatialisés selon les critères de rendement en sucre blanc (WSY), teneur en sucre (% S) et rendement racine (T/HA). Les accessions présentent toutes des sources de progrès pour ces critères et celles marquées en bleu présentent des performances significativement supérieures.

Relation entre phénotypage et génotypage

Si l'on prend le critère teneur en sucre, bien que l'on ait pu observer finalement un potentiel d'amélioration certainement limité par l'impact physiologique et la teneur déjà élevée du matériel actuel, de nouvelles zones du génome ont été détectées et vont contribuer à l'élaboration d'une teneur en sucre plus élevée.

Il reste à le vérifier, mais on peut d'ores et déjà envisager l'accumulation de zones génomiques favorisant la teneur en sucre élevée et/ou la caractérisation de ces zones pour leur interaction avec l'environnement.

Ce raisonnement peut bien sûr s'étendre à tous les caractères : le rendement racine, sans aucun doute, mais aussi la résistance aux maladies, par exemple lorsqu'il existe des souches différentes de pathogènes ou une agressivité/virulence dépendante de l'environnement. L'annotation des zones génomiques est donc un travail essentiel. Les résultats multilocaux et pluriannuels vont permettre d'en estimer la ou les valeurs d'assignation. Ces connaissances sont essentielles pour une meilleure exploitation des effets génétiques.

Les caractères évalués de façon dynamique sont également des éléments indicateurs de l'élaboration du rendement et de la capacité d'adaptation des plantes Pour le rendement racine, des accessions sont de pousse rapide mais plafonnent, et d'autres, plus lentes au démarrage, continuent à progresser

lorsque les durées de végétation sont plus longues. Les conditions météorologiques déterminent évidemment la durée de cette course, mais on peut simuler de nombreuses situations. C'est tout l'objet des indicateurs et de leur mesure dynamique.
Ce raisonnement peut aussi s'appliquer aux maladies : certaines accessions peuvent présenter de bons comportements qui malheureusement se dégradent en milieu/fin de végétation alors que d'autres, nettement moins bons, sans aller jusqu'à une trop grande sensibilité, démontreront une constance appréciable, n'évoluant pas ou peu. Enfin, pour disposer d'une caractérisation agronomique complète, il faut, pour ces génotypes à haut potentiel agronomique, analyser la qualité des semences et les dynamiques de germination, en particulier à basses températures, ce trait constituant un facteur majeur d'adaptation.

Détection des QTL
La génétique d'association (GWAS) permet de faire le lien entre les données de phénotypage et celles de génotypage issues des 3 200 hybrides sélectionnés, de manière à détecter des QTL (*Quantitative Trait Loci*), c'est-à-dire des régions génomiques associées avec la variation d'un phénotype.
Des QTL ont été détectés sur les neuf chromosomes de la betterave, et ce pour l'ensemble des populations étudiées. Leur nombre varie d'une population à l'autre. Si certains se retrouvent dans différentes populations, les QTL semblent être souvent spécifiques d'une population et par conséquent spécifiques de l'accession exotique de référence. Ainsi seulement quatorze QTL ont été détectés dans deux populations et un seul dans trois populations.
Sur les 1 380 QTL détectés, tous caractères mesurés confondus, 322 expriment un effet positif de l'allèle exotique, soit environ un quart. Si l'on prend en compte d'autres critères que ceux liés au rendement en sucre blanc, comme la résistance aux maladies (cercosporiose et oïdium) et la montée à graine, 200 QTL ont été détectés et 89, soit un peu moins de la moitié, ont un effet favorable.
Si l'on regarde maintenant les résultats toutes populations confondues par critère phénotypique/génotypique, pour le rendement en sucre et ses composantes, de très nombreux QTL ont été détectés mais finalement assez peu sont favorables (donc utiles au sens strict). Ils sont répartis sur quasiment tous les chromosomes. Mais on peut distinguer des zones plus favorables comme celles des chromosomes 7, 8 et 9 pour les éléments mélassigènes ou au contraire peu favorables (chromosome 2).

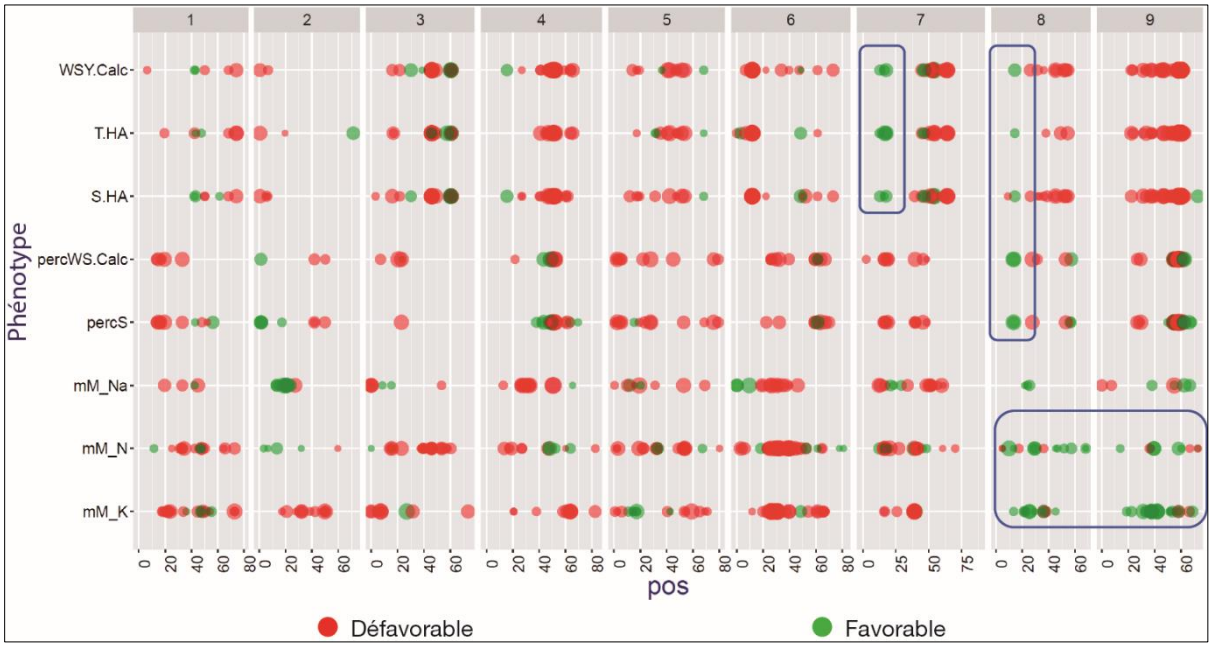

Figure 8. Effet de l'allèle exotique sur la variation des QTL liés au rendement.

Pour les maladies, on distingue finalement beaucoup moins de QTL. En revanche, ceux-ci sont largement favorables et donc très prometteurs tant pour la cercosporiose que pour l'oïdium. Ces QTL sont essentiellement détectés dans quatre populations : 802, 811, 823 et 830. Certains semblent communs entre ces deux maladies. Pour la montée à graine, de nombreuses zones génomiques à effet négatif ont été mises en évidence. Ces zones sont différentes du gène connu de l'annualité et devraient donc permettre d'améliorer la résistance à la montée à graine du matériel élite, indépendamment de l'aspect annuel/bisannuel.

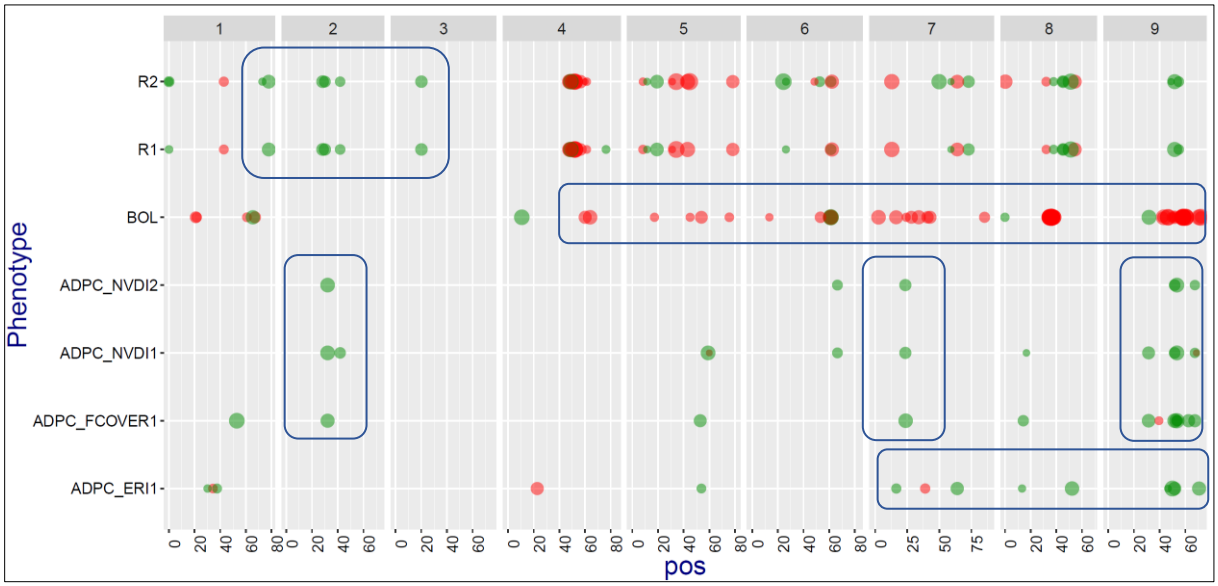

Figure 9. Effet de l'allèle exotique sur la variation des QTL liés à la résistance aux maladies.

Ces ressources de résistance/tolérance ont été comparées aux ressources déjà exploitées dans les programmes actuels d'amélioration de la betterave sucrière et leur originalité a été mise en évidence.
Les résultats de l'analyse des QTL par caractère montrent une richesse et une distribution génomique forte. Il faut toutefois distinguer deux cas un peu particuliers : celui de la sensibilité à la montée à graine et celui de la sensibilité au *cercospora*. Les sources exotiques apportent clairement de la sensibilité à la montée à graine, ce à quoi on pouvait s'attendre dans la mesure où ce caractère a été fortement contre-sélectionné tout au long de l'amélioration de la betterave sucrière. Mais d'un autre côté, elles apportent également de la résistance aux maladies comme le *cercospora*. Il est d'ailleurs étonnant que, pour cette dernière, contrairement à l'oïdium, on n'observe quasiment pas d'allèles défavorables exotiques.

Perspectives

Les résultats de 2019 démontrent une cohérence de performance des principales accessions choisies parmi les meilleures (et les plus mauvaises) « performeuses » de 2018. Cette confirmation pluriannuelle dans la détection des meilleures représente autant d'arguments pour soutenir la robustesse de l'expérimentation face à la variation pluriannuelle, notamment avec des indicateurs climatiques qui ont largement démontré le contraste très marqué entre les années 2018 et 2019. Le dispositif expérimental est donc robuste et permet en outre d'identifier des génotypes avec une forte adaptation à une large diversité d'environnements. On récupère donc de la *fitness* ou capacité d'adaptation à partir des génomes des betteraves exotiques.
Face aux enjeux du réchauffement climatique et surtout de sa plus grande instabilité, outre de fortes potentialités en termes de performances, il est important de constater que l'on peut générer des ressources de stabilité, plus aptes à absorber les inévitables variations de l'environnement. Les

variétés élites de demain pourront ainsi, par leur capacité d'adaptation plus élevée, assurer un revenu plus prévisible, tant pour l'agriculteur betteravier que pour l'industriel sucrier, rassurer le conseil agronomique par un mode d'emploi plus solide et finalement répondre à des exigences environnementales plus fortes.

AKER va apporter du matériel génétique nouveau et pour longtemps

Le programme AKER est un stimulateur d'innovation, répondant aux aspirations de la filière qui souhaite continuer à bénéficier du progrès génétique pour améliorer sa compétitivité. Il va apporter du matériel génétique remarquable qui viendra irriguer les futures variétés, et ce pour longtemps.

À court terme, les sélectionneurs du programme sont en mesure de détecter un groupe d'hybrides aux performances confirmées qui pourraient être déposés à l'inscription au CTPS (Comité technique permanent de la sélection) en 2022. Il faudra encore compter à partir de là deux ans d'inscription et une année de recommandation, soit trois ans avant sa commercialisation.

À moyen et long termes, le programme AKER va permettre de produire des variétés ultraperformantes en introgressant des fragments intéressants du génome des plantes de référence dans des variétés existantes. Cette dynamique était déjà en cours, avant même la fin du programme AKER.

Avant et après AKER

Avant AKER, travailler avec des ressources génétiques sur lesquelles nous n'avions aucune information était une tâche laborieuse, notamment à partir de populations exotiques dont le niveau de rendement était extrêmement faible. Il fallait d'abord screener le matériel pour identifier une nouvelle résistance par ex., introduire cette résistance dans des populations de cartographie pour trouver la région génomique d'intérêt et seulement après, être capable de suivre cette introgression dans du matériel élite nouveau à partir d'un programme de back-cross. Un processus long et laborieux (plus de 12 ans avant de pouvoir au mieux déposer un candidat au CTPS) et pas toujours récompensé car les critères phénotypiques mesurées sur du matériel sauvage ne sont pas toujours exprimés une fois introgressés dans un fond génétique élite et cultivé.

Aujourd'hui grâce à AKER, nous disposons de 3 200 lignées, très bien caractérisées tant du point de vue phénotypique que du point de vue génomique, dont le rendement moyen est celui de la lignée élite utilisée en 2012, donc bien meilleure qu'une accession sauvage. On dispose donc d'un réservoir immense de fragments exotiques dans un fond élite, directement utilisables car d'un niveau de rendement très acceptable, voir excellent selon la lignée. On va donc pouvoir facilement puiser dans ce réservoir pour répondre à tous les nouveaux défis de la filière. Et nous devrions donc être capables de déposer des candidats répondants à tel ou tel critère de sélection en 7 ans contre 12 ans auparavant.

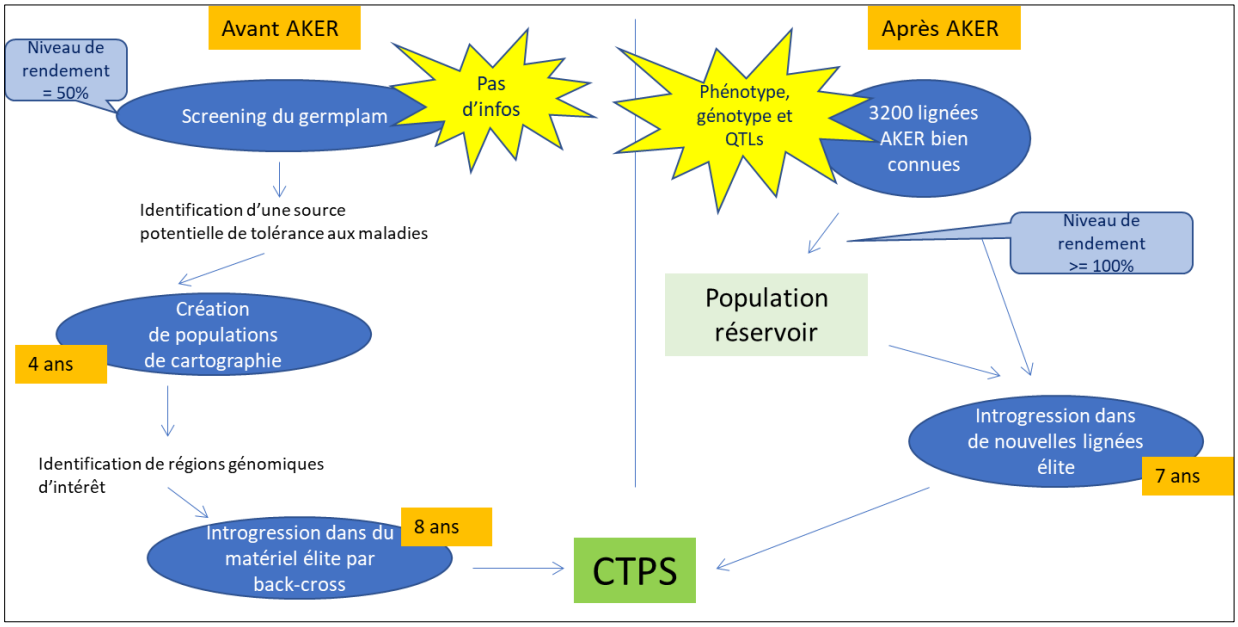

Figure 10. Apport du programme AKER à la sélection conventionnelle

Pas d'OGM dans le programme AKER !
Rappelons que les cultures OGM sont interdites en Europe, et donc en France. Le programme AKER est précisément un programme alternatif par rapport aux OGM. Il permet de travailler sur l'ensemble du génome de la betterave, et non sur de simples gènes d'autres espèces, spécifiques, n'appartenant pas à la betterave, comme c'est le cas avec les OGM. La stratégie d'AKER s'appuie pleinement sur la connaissance de la génomique et des gènes, et son ambition dépasse largement celle des OGM qui ne se focalisent que sur des caractères bien précis. En outre, tandis que la stratégie OGM tire aussi parti de la variabilité entre espèces, voire entre règnes (gènes d'origine animale, mais aussi bactérienne, virale…), le programme AKER se focalise sur la seule variabilité disponible dans les espèces du genre *Beta*. Cette variabilité, qui reste à exploiter, est encore très grande, voire infinie dans ses combinaisons.

2- AKER apporte des outils et des méthodes de phénotypage

Le phénotypage, ou évaluation des caractères, consiste à étudier les caractères observables (phénotypes). Le phénotype est le résultat de l'interaction du génotype (des gènes) avec l'environnement. Sa précision dépend de la qualité des outils et des méthodes employés. De plus, le phénotypage à haut débit permet d'analyser directement un grand nombre d'individus dans un environnement donné, mais aussi indirectement dans différentes conditions environnementales. On parle du phénotypage à différentes échelles : de la cellule au champ, en passant par la semence ou la parcelle. Dans le cadre du programme AKER, le phénotypage se concentre sur tous les stades visibles en culture, de la semence à la récolte.

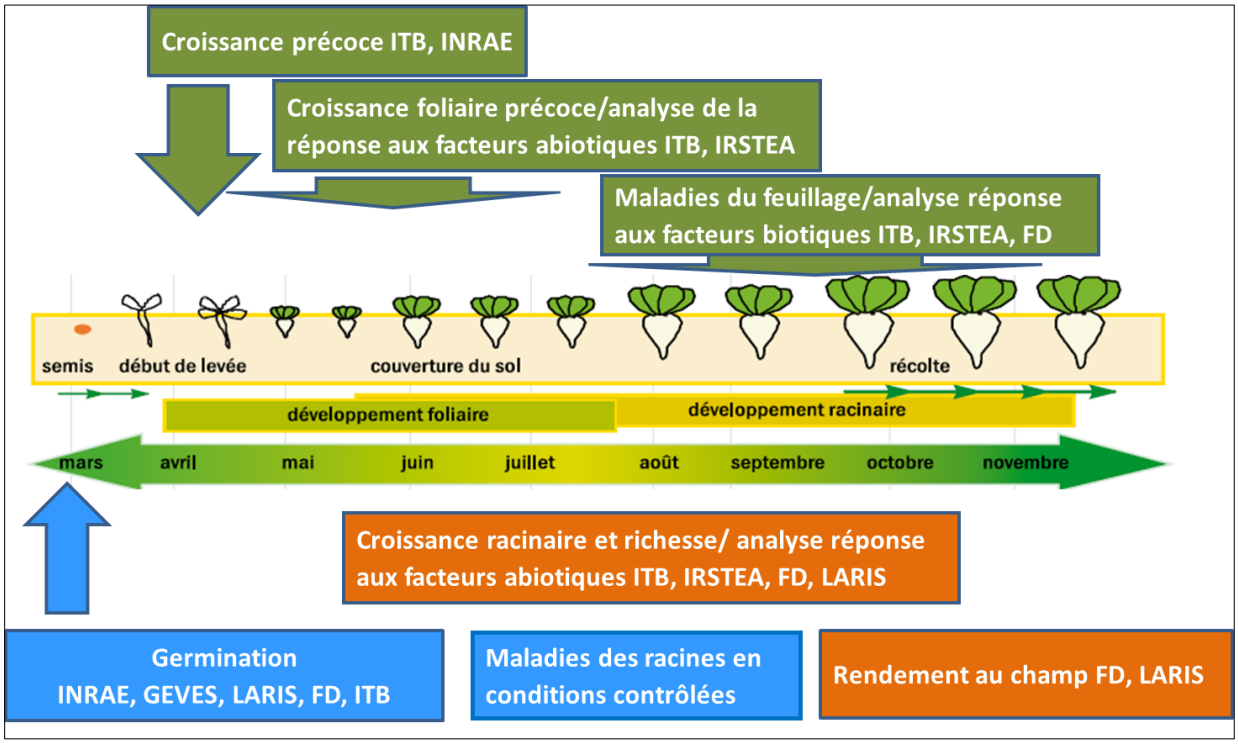

Figure 11. Programme de phénotypage mis en place dans le cadre d'AKER.

3.1. Phénotypage des semences et plantules

Le phénotypage des semences consiste à évaluer leurs caractères physiques et physiologiques grâce à des techniques d'instrumentation et d'imagerie. Il comprend deux volets : l'un descriptif (analyses structurale, physique et chimique de la semence), l'autre physiologique (germination de la semence et croissance de la plantule dans différentes conditions contrôlées). L'objet de l'étude est donc bien

la semence et les prémices de la levée au champ. la semence et les prémices de la levée au champ.

Objectifs du phénotypage

Les chercheurs impliqués dans le programme AKER à l'Inra, au Geves et à l'université d'Angers, s'attachent à développer des méthodes innovantes permettant d'évaluer la qualité physique et germinative des semences de betterave. Pour cette raison, ils favorisent le phénotypage automatisé à haut débit piloté par l'informatique. Au terme du programme AKER, 3 200 génotypes ont été ainsi analysés.

L'objectif essentiel consiste à vérifier s'il existe de la variabilité génétique dans la structure de la graine, au stade de sa germination et au début de la croissance des plantules. Les chercheurs s'intéressent plus particulièrement aux phases précoces : la semence et sa germination dans des conditions favorables, ou au contraire en conditions stressantes (par exemple à basses températures). Toutes ces mesures réalisées à un stade précoce, allant jusqu'à la germination et à la croissance d'une très jeune plantule, doivent permettre d'alimenter des algorithmes de prédiction pour un ensemble de caractéristiques liées à des plantes adultes. Ainsi, le taux de sucre d'une plante adulte peut être prédit par le taux de sucre de la jeune plantule, et sa capacité d'enracinement par la vitesse d'élongation racinaire.

Les outils de phénotypage

L'Inra, l'université d'Angers (Laris) et le Geves ont élaboré et développé ensemble des outils d'imagerie et de traitement numérique, dont les performances ont été évaluées et améliorées tout au long du programme. Différentes modalités modernes d'imagerie, inspirées de l'imagerie biomédicale, ont été testées pour leur apport au phénotypage du végétal. En termes de recherche, certaines études ont fait figure de « premières » dans leur application au phénotypage de la betterave. Au-delà de ces études fondamentales en laboratoire, les techniques de phénotypage identifiées comme les plus pertinentes ont été développées jusqu'à des mises en œuvre en routine, par des systèmes automatisés dédiés, sur de grandes populations de semences en conditions variées. Les méthodes de traitement numérique des images ont aussi été largement développées. Des techniques spécifiques ont été élaborées et mises en œuvre pour reproduire informatiquement les critères des experts humains dans l'analyse des caractères phénotypiques. La grande variabilité de comportement du matériel génétique AKER a également demandé de nombreuses adaptations techniques comme celle de repousser les limites des conditions de l'observation.

- Radiographie
- Radiographie 2D
- Tomographie 3D par rayons X
- IRM (imagerie par résonance magnétique)
- Bancs automatisés de germination Multicam
- Banc automatisé Eloncam
- Imagerie thermographique
- Imagerie hyperspectrale
- Imagerie de biospeckle

Perspectives offertes par les outils de phénotypage

À côté des techniques d'imagerie prospective, dont les capacités d'acquisition sont encore relativement réduites, d'autres équipements déjà développés sur d'autres espèces et d'autres projets ont été adaptés et optimisés au phénotypage des semences de betterave : il s'agit des équipements Multicam et Eloncam. La tomographie RX 3D a été mise en œuvre et développée de façon spécifique pour le programme AKER. L'ensemble de ces trois équipements, accompagnés des méthodes de traitement d'images automatisées, ont permis de réaliser le phénotypage des quelque 3 200 hybrides de betterave produits au cours du programme.

Sur sa durée, AKER a accompagné et contribué au déploiement des sciences et technologies de l'information au service du phénotypage du végétal. On dispose à présent d'un ensemble d'instruments et de techniques d'imagerie qui peuvent être exploités pour de nombreuses autres études, sur des cultures très variées, pour progresser à la fois dans la connaissance fondamentale et dans la maîtrise pratique du phénotypage.

Les traitements informatiques les plus avancés au terme du programme exploitent les méthodes les plus récentes de l'intelligence artificielle et de l'apprentissage automatique. Plutôt que de se baser sur une énonciation explicite des critères à programmer informatiquement pour l'extraction des caractères phénotypiques, ces nouvelles approches se basent sur l'apprentissage automatique par ordinateur. À partir d'un ensemble d'images préalablement classifiées et annotées par l'expert, le système informatique est capable de s'adapter afin d'inférer par lui-même des règles de fonctionnement intégrant la démarche de l'expert humain. Toutes ces avancées dans l'instrumentation et le traitement des données pour le phénotypage ouvrent de larges perspectives pour progresser dans une meilleure connaissance et maîtrise du végétal.

Conséquences du phénotypage des semences pour la filière

Si l'on considère l'importance de l'agronomie pour la culture de la betterave, un phénotypage pertinent s'appuie sur la bonne connaissance de l'élaboration du rendement et de sa modélisation. En effet, le rendement est fonction de multiples facteurs comme la vitesse de couverture du sol par la plante, ou encore la quantité d'eau ou d'azote disponible. D'où l'importance d'étudier la rapidité d'implantation en conditions froides liées aux semis de plus en plus précoces, le développement des feuilles face aux maladies, la résistance au stress hydrique, l'assimilation de l'azote. De plus, une couverture plus rapide du sol limite le développement des mauvaises herbes, d'où un moindre recours aux traitements herbicides.

Pour le betteravier tout comme pour le sucrier, l'objectif final consiste à obtenir le meilleur rendement économique possible, tenant compte de l'optimisation des procédés et de leur impact environnemental. Le consommateur, quant à lui, est sensible au coût final du produit, à la localisation de la production et au respect de son environnement. Indéniablement, pour les prescripteurs de la filière, le programme AKER permet de mieux appréhender les besoins de chacun des acteurs de manière à leur fournir les outils permettant d'y répondre. Le conseil prendra de plus en plus d'importance dans la dynamique de la filière betterave-sucre.

3.2. Phénotypage en végétation, au champ

La solution combinant l'imagerie multispectrale embarquée sur drone et les méthodes d'estimation par indices de végétation semble satisfaire toutes les contraintes opérationnelles requises pour le phénotypage haut débit des couverts de betterave au champ. Elle a été mise en œuvre en 2018 et 2019 pour phénotyper les 3 200 génotypes du programme AKER.

Phénotypage des parties aériennes
Aux côtés des variables de phénotypage classiques (rendement, notations visuelles de maladies, etc.), des méthodes ont été mises au point dans le cadre du programme AKER pour caractériser le développement et la croissance du couvert tout au long de la culture. Parmi ces variables, la structure des plantes (fraction verte, indice foliaire, etc.) renseigne sur leur capacité à intercepter le rayonnement photosynthétique incident, tandis que la teneur en chlorophylle foliaire renseigne sur leur capacité à absorber ce rayonnement intercepté pour la photosynthèse. Ces variables structurelles et biochimiques font progresser la connaissance du comportement des variétés dans leur interaction avec leur environnement. Elles sont également de précieux indicateurs d'éventuels stress.
Pour accéder à ces mesures, la télédétection optique est un outil essentiel pour estimer les variables de façon non destructive au cours du temps. En effet, la plupart d'entre elles affectent la réponse spectrale des couverts végétaux entre 400 et 2 500 nm, et sont donc théoriquement mesurables *via* des capteurs multi- ou hyperspectraux embarqués sur satellite, avion, drone ou plateforme terrestre.

Les exigences du phénotypage au champ
Le cas particulier du phénotypage au champ impose un certain nombre de contraintes opérationnelles à l'utilisation de la télédétection. La caractérisation de parcelles d'essais de quelques mètres carrés nécessite des observations à haute résolution spatiale (typiquement, de l'ordre de quelques centimètres, voire moins). De plus, ces mesures doivent être réalisées avec des temps de revisite relativement courts afin de pouvoir suivre les stades critiques du développement de la culture. Elles doivent également avoir un débit suffisant afin de pouvoir caractériser les quelque 3 000 génotypes créés dans AKER. Enfin, les estimations doivent être suffisamment précises pour bien discriminer les génotypes. Au cours du programme, différentes solutions de phénotypage ont été envisagées, depuis des mesures optiques réalisées au sol jusqu'au développement de méthodes dédiées à l'imagerie multispectrale embarquée sur drone, technique utilisée finalement pour le phénotypage.

- Photogrammétrie
- Imagerie hyperspectrale
- Spectroradiométrie

Vers le phénotypage haut débit
Pour phénotyper 6 000 parcelles d'essais en une journée, le très haut débit s'imposait. Alors en plein essor, l'utilisation de caméras RGB et multispectrales embarquées sur drone apparut comme la meilleure solution, permettant d'acquérir suffisamment d'informations spectrales en un temps

raisonnable. La caméra multispectrale Airphen (Hiphen) a été choisie pour la pertinence de ses six bandes spectrales comprises entre 450 et 850 nm.
Dès 2016, les méthodes basées sur l'utilisation d'indices de végétation ont été appliquées sur des images acquises par une caméra multispectrale embarquée sur drone. À nouveau, de nombreuses données expérimentales ont été collectées entre 2016 et 2017 pour valider que les mesures acquises par drone permettaient d'obtenir des résultats similaires à ceux obtenus à partir des mesures au sol. L'exploitation de la résolution centimétrique des images multispectrales *via* le calcul d'indices de végétation permet ainsi de prédire correctement la quantité de chlorophylle et d'azote dans les feuilles.
Pour toutes les variables agronomiques, les méthodes développées dans AKER, basées sur l'exploitation de la finesse de la résolution spatiale, permettent d'améliorer significativement les performances des estimations par rapport aux méthodes classiques de télédétection appliquées aux réflectances moyennées sur tous les pixels de chaque parcelle. Elles confirment ainsi les bons résultats obtenus au sol avec la caméra hyperspectrale.

Figure 12. Drone hexacoptère utilisé pour le phénotypage dans le cadre du programme AKER.

Mesure de la richesse de la partie racinaire
La spectrométrie proche infrarouge est une découverte récente à fort potentiel dans les secteurs de l'agriculture et l'agroalimentaire, notamment pour ses caractères non destructif, rapide et peu coûteux.
Dans le cadre du programme AKER, un modèle a été développé pour prédire la richesse à partir d'un spectromètre posé sur la partie émergente des betteraves. Ce développement résulte d'une collaboration avec Irstea et plus particulièrement le laboratoire COMiC (Capteurs optiques pour les milieux complexes) qui a apporté son savoir-faire en chimiométrie. Pour développer un tel système, les chercheurs ont mis en relation le spectre mesuré et la teneur en sucre de la betterave entière.

Le spectromètre Scio commercialisé par Consumer Physics remplit les exigences de gamme spectrale et présente l'avantage d'être léger pour une utilisation facile au champ. Il est couplé à une application smartphone permettant de lire les mesures spectrales des betteraves directement sur place.
À partir de 2017, de nombreux échantillons ont été analysés pour calibrer l'outil. Pour cela, l'ITB a réalisé des prélèvements de betteraves à différentes dates, de juin à novembre, sur plusieurs variétés soumises à des régimes azotés contrastés afin de disposer de la gamme de variations la plus large possible dans le jeu de données de calibration.
Les résultats de validation montrent une erreur de 0,98 point de richesse pour une mesure faite à l'échelle d'une seule betterave, sachant que la gamme de variation de la teneur en sucre oscille entre 15 et 22 % dans le jeu de données disponibles. La précision s'améliore quand le nombre de betteraves mesurées augmente. Ainsi, pour 25 betteraves, l'erreur moyenne sur la richesse passe à 0,2 point, ce qui correspond à une différence significative de richesse entre deux variétés comparées sur un même site.

Figure 13. Spectromètre Scio pour l'analyse de la richesse de la betterave.

AKER, un incubateur de conseils personnalisés
Le conseil technique se professionnalise, à l'image de l'évolution que connaît le secteur médical. Le médecin généraliste n'est plus tant un thérapeute qu'un analyste de données, un aiguilleur vers les spécialistes. D'où l'importance de la médecine préventive…
Ainsi, AKER est un programme qui va profiter à l'amélioration des performances de la betterave par l'obtention d'un matériel génétique de qualité supérieure, mais il va également fournir des

publications, des tableaux de bord, des modèles à tous les prescripteurs, collaborateurs de l'ITB (Institut technique de la betterave) et techniciens des services agronomiques des sucreries. Les outils et méthodes de diagnostic et d'évaluation, tout comme la connaissance des gènes et des mécanismes sous-jacents, sont autant de moyens de consolider les structures de développement existantes, mais aussi d'apporter à leurs collaborateurs une formation continue et une possibilité d'évolution forte.
Au-delà de la sphère des prescripteurs, le programme AKER va offrir aux utilisateurs agriculteurs betteraviers un conseil personnalisé, un accompagnement agronomique pour que le nouveau matériel génétique proposé puisse exprimer au mieux son potentiel. Il va leur apporter également des outils d'aide à la décision. À titre d'exemple, la sonde de contact racinaire Scio miniaturisée est déjà disponible pour l'agriculteur, qui pourra mesurer très facilement et en direct la teneur en sucre de ses betteraves de façon non destructive. D'une manière générale, les outils de phénotypage seront à disposition de la filière betterave, avec une montée en puissance progressive.

3- AKER, un programme ouvert

4.1. Une approche originale

Le partenariat élargi, la collaboration pluridisciplinaire, l'installation dans la durée (huit ans) ont fait d'AKER un programme dynamique et évolutif, gage de pérennité.

Partenarial
Le programme AKER rassemble onze partenaires, issus à la fois du public (cinq unités INRAE, dont l'ex-Irstea, Geves) et du privé (le sélectionneur Florimond Desprez), de la recherche appliquée et du développement, du monde académique (universités d'Angers et de Lille, Agrocampus Ouest), au service de la filière betterave représentée dans son ensemble par l'ITB (Institut technique de la betterave).
En outre, les agriculteurs et les industriels ont été associés dans la mise en œuvre des orientations du programme, au sein d'un comité stratégique. Ils se sont accaparé le projet en échangeant sur ses priorités et en anticipant la diffusion de ses résultats.

Collaboratif
La force du programme AKER réside dans son caractère collectif. Il a réuni une centaine de collaborateurs de toutes disciplines, et qui ont appris à travailler ensemble. Il a permis aux différents partenaires de collaborer, de créer de nouveaux outils et de nouvelles méthodes, de publier dans les revues scientifiques, en un mot d'accélérer la recherche par la puissance collective.
AKER n'est pas une somme de projets individuels, mais un laboratoire commun. Il se caractérise par une grande cohérence centrée sur une thématique au service d'un objectif : améliorer la compétitivité de la betterave. La dispersion géographique des collaborateurs a été compensée par les échanges initiés lors des comités de coordination annuels, et par la communication interpersonnelle.

Pluridisciplinaire
AKER se situe au carrefour de nombreuses disciplines étudiées par ses différents partenaires, et trouve sa richesse dans cette diversité. Citons la génétique, la physique, l'optique, les mathématiques, la physiologie, la biochimie, la bio-informatique, la robotique, l'agronomie, etc. Il implique des partenaires qui ne sont pas forcément des spécialistes de la betterave, mais qui apportent leur expertise dans leur domaine de prédilection, favorisant « l'innovation ouverte ».
Cette pluridisciplinarité a facilité l'adaptation permanente des collaborateurs à l'évolution des technologies et des connaissances tout au long du programme.

Transversal
AKER produit d'ores et déjà des outils et des méthodes de sélection connus dans d'autres domaines (médical, végétal, vétérinaire…) ou extrapolables à d'autres espèces. On pense au marquage et au séquençage, mais aussi aux méthodes d'analyse des génomes, aux techniques d'imagerie pour le phénotypage, à la sélection génomique, etc.

La dynamique permettant d'obtenir du matériel génétique plus performant pourra bénéficier à d'autres espèces végétales. En effet, la betterave est une espèce au génome assez petit. Les connaissances accumulées sont, pour la plupart, généralisables voire adaptables à des espèces au génome plus grand et parfois plus complexe comme le blé.
La particularité de la betterave réside également dans le fait qu'il s'agit d'une plante industrielle à racine et bisannuelle. Toutes les connaissances accumulées sur sa phase végétative, et en particulier sur la racine, son architecture, sa physiologie, etc., seront transposables aux espèces à racines pivotantes ou plus complexes. Sa phase reproductrice, ses porte-graines, sa physiologie de la floraison, ses graines… sont également autant de modèles pour d'autres plantes dont on cherche à améliorer ces caractères.

Un continuum recherche-enseignement-entreprise

Agrocampus Ouest et l'université de Lille ont proposé chaque année dès le départ une semaine de formation pour des étudiants de niveau Master autour de la betterave et du programme AKER.
Une collaboration originale entre une grande école et une université a permis de réunir plus de 200 étudiants au total sur une durée de huit ans, en présentiel à Rennes à Agrocampus Ouest et en visioconférence à l'université de Lille. Le module de niveau Master (1 et 2) proposé s'intitule : « Sélection assistée par marqueurs et sélection génomique : application à une plante allogame, la betterave sucrière ».
L'originalité de cette collaboration réside à la fois dans le fait d'intégrer de la formation dans un programme de recherche, et dans les modalités et le fonctionnement de cette formation. Celle-ci alterne en effet cours théoriques, applications pratiques, travaux dirigés, et tables rondes élargissant les échanges grâce à la transversalité permise par le programme AKER.

4.2. Des réponses à de nouvelles questions

Le programme AKER apporte des réponses aux questions qui se posent aujourd'hui, et permettra de répondre aux nouvelles qui se poseront demain. Il en est ainsi des réponses de la génétique aux questions relatives aux maladies de la betterave.
La pression sociétale grandissante en faveur d'une réduction de l'utilisation des produits phytosanitaires entraîne l'interdiction de certaines substances actives. C'est le cas notamment avec la suppression des néonicotinoïdes destinés à lutter contre la jaunisse. La production agricole en général, et la betterave en particulier, fait ainsi face à de véritables défis pour maîtriser certains pathogènes et ravageurs avec de nouvelles méthodes : la résistance génétique est plus que jamais mise à contribution.

Proposer des variétés résistantes
La mission du semencier est de proposer aux agriculteurs les variétés qui, globalement, résistent le mieux aux bioagresseurs. Cependant, le sélectionneur ne conçoit plus des solutions individuelles, mais des solutions de marché : une plante dans son environnement de culture, destinée à recevoir certains traitements phytosanitaires. Dans tout programme de sélection de variétés résistantes ou tolérantes à

une maladie, les sélectionneurs — toutes espèces végétales confondues — se doivent d'anticiper les molécules phytosanitaires en cours de développement, celles qui seront moins utilisées ou amenées à disparaître du marché.
De plus, les maladies elles-mêmes évoluent dans leur fréquence, leur impact, leur virulence. Quel sera la maladie ou le ravageur important de la betterave demain ? Le changement climatique, les modifications d'itinéraires techniques (développement de différents types d'agriculture), la réglementation… tout cela contribue à une évolution de l'environnement agricole. Il faut donc disposer de la diversité génétique la plus large possible pour envisager d'y répondre. Une sorte d'assurance tous risques !

Concilier résistance et rendement
La diversité à elle seule ne peut cependant pas répondre à toutes les questions. On constate en effet que le matériel exotique utilisé directement dans des variétés impacte en même temps négativement le rendement. Il est donc compliqué de jouer sur les deux tableaux : la résistance se traduisant par un coût génétique, un important travail de sélection est à effectuer. Comme les plantes résistantes ne représentent qu'une fraction souvent minime de la diversité, le potentiel de diversité nécessaire au gain génétique pour les autres caractères favorables comme le rendement diminue. Ainsi, en termes de progrès génétique, plus les solutions complémentaires seront nombreuses, moins il sera nécessaire de mobiliser une partie de la variabilité, et plus le compromis pour protéger les plantes sera simple à identifier.
Les caractères de résistance sont parfois de type monogénique, c'est-à-dire que peu de gènes sont concernés. Or ces gènes peuvent produire de gros effets, contrairement aux caractères polygéniques, tels que le rendement, qui sont gouvernés par de nombreux gènes mais avec chacun de petits effets. Les introduire dans un matériel élite est donc plus facile et entraîne certainement moins d'impact négatif sur le rendement. Cela constituerait un terrain d'expérimentation privilégié avec les NBT (*New Breeding Technologies*), et notamment l'édition de gènes. Mais cette solution est à ce jour interdite en Europe en production — même si elle est autorisée pour la recherche fondamentale.

Combiner tous les leviers
Autre aspect important : en sélection végétale conventionnelle, les pas de temps de l'amélioration variétale sont assez longs (10-15 ans) et ne permettent pas une grande réactivité face aux évolutions environnementales. Il est temps de s'approprier les outils à disposition, de les optimiser et d'accélérer les cycles de sélection. Il faut prévoir les outils d'introgression pour le sélectionneur, afin de lui offrir la possibilité d'accélérer les processus d'introgression de gènes de résistance.
La génétique ne pourra pas résoudre tous les problèmes, mais elle est un maillon incontournable dans la réponse multifactorielle aux enjeux actuels : il serait condamnable de ne pas en tirer le meilleur parti. Si l'on veut viser le zéro phytosanitaire, on ne peut pas toutefois compter uniquement sur la génétique. Il faudra la combiner avec tous les autres leviers de l'agroécologie disponibles (prophylaxie, pratiques culturales, etc.) qui n'excluent pas d'ailleurs l'usage des produits de biocontrôle. Il faudra aussi sans doute consentir un certain niveau de maladie acceptable, qui restera en deçà du seuil de nuisibilité. La volonté de faire du « zéro maladie » a probablement été poussée à l'excès. Le *monitoring*

des populations de bioagresseurs est à considérer pour assurer la durabilité des résistances génétiques déployées.

Nouvelles sources de résistance à la jaunisse
S'agissant particulièrement des maladies, les seize plantes de référence du programme AKER n'ont pas été phénotypées au départ. Qu'elles soient résistantes ou non, elles sont toutes considérées comme une ressource à évaluer dans un contexte génétique élite. Au cours du programme AKER, les 3 200 hybrides ont été évalués face à l'oïdium et à la cercosporiose. Le bannissement des néonicotinoïdes incite à l'utilisation de biotests dès à présent, afin de détecter de nouvelles sources de résistance à la jaunisse (aux virus ou aux pucerons vecteurs de la maladie). Le matériel introduit dans ces tests est constitué des pollinisateurs élites introgressés de fragments exotiques et non des 3 200 hybrides. Le tri est ainsi plus précoce et permettra d'envisager de multiples combinaisons hybrides.

4.3. Une contribution dynamique pour une agriculture moderne

La betterave a bénéficié depuis le XIX^e^ siècle des joyaux de la recherche publique et privée et des efforts de tous les acteurs. Le programme AKER s'inscrit au XXI^e^ siècle dans cette dynamique vertueuse.
La betterave est une filière d'exception par son organisation, son rayonnement, ses performances en progression constante. C'est une filière moderne, ouverte sur le monde, en prise directe avec les débats de société. C'est une filière qui s'assume, qui peut être fière du travail accompli, tout en étant consciente du chemin qui lui reste à parcourir au niveau international.
AKER apporte ainsi sa contribution scientifique positive et innovante pour une agriculture productive, respectueuse de la santé et de l'environnement de nos concitoyens.
Le programme met à disposition de la société la passion de ses chercheurs qui ont appris à travailler ensemble durant huit années dans une approche collaborative.
Il utilise les plus hautes technologies (génétique, numérique, bio-informatique…) au service de l'agriculture dans le respect des réglementations en cours (non OGM) et avec le souci des évolutions nécessaires (génétique *vs* phytosanitaire, abandon des néonicotinoïdes, etc.).
AKER offre une chance supplémentaire pour améliorer la compétitivité de la filière betterave française grâce à un investissement exceptionnel de 18,5 M€ (dont 5 M€ d'aides publiques) dans le cadre des Programmes d'investissements d'avenir.
Enfin, le bénéfice que peuvent attendre du programme AKER le consommateur et le contribuable réside dans une production locale d'un sucre de qualité. Cette production pérennise une filière et des emplois sur le territoire français et européen, dans des conditions économiques favorables pour les agriculteurs, les industriels et les consommateurs.

ANNEXES

Les responsables du programme AKER

Christian Huyghe, directeur scientifique Agriculture INRAE et chef de projet AKER. Il a une longue expérience dans le pilotage des projets de recherche, l'enregistrement des variétés et la réglementation des semences. Il est notamment président du GEVES et du Comité technique permanent de la sélection (CTPS).

Bruno Desprez, président de Florimond Desprez Veuve & Fils et président du Comité de coordination du programme AKER. Ingénieur agronome, docteur ès sciences, il est responsable de la recherche au sein du semencier Florimond Desprez.

Vincent Laudinat, directeur général de l'Institut technique de la betterave (ITB) et président du Comité interprofessionnel du programme AKER. Il pilote le département Recherche et développement de la filière betterave au service des betteraviers et des sucriers.

Les 11 partenaires du programme AKER

INRAE, direction scientifique Agriculture
L'Institut national de recherche pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement (INRAE) est un organisme français de recherche en agronomie fondé en 1946, ayant le statut d'établissement public à caractère scientifique et technologique (EPST), et placé sous la double tutelle du ministère chargé de la Recherche et du ministère chargé de l'Agriculture. Premier institut de recherche agronomique en Europe et deuxième dans le monde en nombre de publications en sciences agricoles et en sciences de la plante et de l'animal, INRAE mène des recherches finalisées pour une alimentation saine et de qualité, pour une agriculture durable, et pour un environnement préservé et valorisé. Il est issu de la fusion entre l'Inra et Irstea. www.inra.fr

INRAE, LIPM, Toulouse
Le laboratoire des Interactions plantes-microorganismes (LIPM) est une unité mixte de recherche CNRS-INRAE. Le LIPM explore en priorité les interactions entre les plantes et les microorganismes symbiotiques ou pathogènes, par des études concertées des partenaires microbiens et végétaux. Ces recherches sont réalisées sur un petit nombre d'espèces modèles (*Arabidopsis thaliana, Medicago truncatula*), mais aussi plus récemment sur des modèles d'intérêt agronomique tels que le tournesol, la tomate ou la betterave. www6.toulouse.inra.fr/lipm

INRAE, Urgi, Versailles
L'unité de recherche en Génomique-info (Urgi) est dédiée à la génomique des plantes et de leurs pathogènes. Son activité de recherche porte sur la structure et la dynamique du génome. L'Urgi comprend à ce jour deux équipes : l'une dédiée au développement d'outils pour l'analyse des génomes de plantes et de champignons, l'autre au développement du système d'information et de l'intégration

de données. L'unité héberge une plateforme bio-informatique appartenant à l'Institut français de bio-informatique (IFB). https://urgi.versailles.inra.fr

INRAE, IRHS, Angers
L'Institut de recherche en horticulture et semences (IRHS) regroupe les principaux acteurs de la recherche angevine en biologie végétale, sous les tutelles d'INRAE, d'Agrocampus Ouest et de l'université d'Angers. Ce laboratoire rassemble les expertises de généticiens/génomiciens, phytopathologistes, physiologistes/écophysiologistes, biochimistes, modélisateurs, bio-informaticiens et biophysiciens au service de la qualité et de la santé des espèces horticoles, et de la production de semences. https://www6.angers-nantes.inra.fr/irhs

INRAE, ITAP, Montpellier
L'UMR ITAP (Information et technologie pour les agroprocédés) développe des sciences et des technologies dans le but de mettre au point des équipements pour une agriculture durable et respectueuse de l'environnement. Au sein de l'ITAP, le laboratoire COMiC (Capteurs optiques pour les milieux complexes) s'intéresse à la conception de systèmes optiques et de méthodes de traitement de données en milieux complexes : imagerie multi- et hyperspectrale ; optique instrumentale et spectrométrie ; chimiométrie. https://itap.irstea.fr

Université d'Angers, Laris
Le Laboratoire angevin de recherche en ingénierie des systèmes (Laris) dépend de l'université d'Angers et travaille dans le domaine des sciences et technologies de l'information. Sur la place d'Angers, le Laris participe au développement de la plateforme d'instrumentation et d'imageries pour le végétal « Phenotic ». Différentes techniques d'imagerie sont examinées pour leur apport au phénotypage, certaines ont vocation à contribuer au phénotypage automatisé haut débit, d'autres sont plus exploratoires. www.univ-angers.fr

Geves, Angers
Le Groupe d'étude et de contrôle des variétés et des semences (Geves) a pour mission de mener les études nécessaires à l'homologation des variétés végétales nouvelles pour leur inscription au Catalogue officiel français, la protection juridique du droit des obtenteurs, la certification des semences avant leur commercialisation dans le cas des espèces soumises à une certification réglementaire. Il agit pour la description des variétés, l'évaluation du progrès génétique et l'appréciation de la qualité des semences. www.geves.fr

Agrocampus Ouest, Rennes
Agrocampus Ouest a une triple vocation de formation-recherche-innovation. L'établissement met les compétences de ses enseignants-chercheurs au service d'étudiants inscrits dans quatre cursus d'ingénieurs et autres formations allant de la licence au doctorat, pour former des professionnels du vivant, *managers* et citoyens engagés. Ces missions sont déclinées dans une double approche : intégrative et pluridisciplinaire, du gène à l'agrosystème ; territoriale, du local au global. www.agrocampus-ouest.fr

Université de Lille
L'université de Lille, université pluridisciplinaire d'excellence au cœur de l'Europe du Nord, est riche d'un patrimoine culturel et scientifique exceptionnel inscrit dans l'histoire de la région des Hauts-de-France. Forte de ses 72 000 étudiants, 6 700 collaborateurs, 66 unités de recherche et d'une offre de formation qui couvre l'ensemble des champs disciplinaires, elle s'impose comme un acteur majeur de la région pour la formation, la recherche et l'innovation, et par son engagement sur les questions de société.www.univ-lille.fr

Institut technique de la betterave
Organisme de recherche appliquée, l'Institut technique de la betterave (ITB) est le référent technique de la filière betterave à sucre : producteurs de betterave et fabricants de sucre, d'alcool et d'éthanol. En phase avec les attentes sociétales et environnementales, il mène des études dans quatre grands domaines : génétique et variétés, désherbage, maladies et ravageurs, agronomie et agroéquipements. L'ITB dispose d'un pôle d'expérimentation au Griffon (Aisne) et de huit délégations régionales. www.itbfr.org

Florimond Desprez
Florimond Desprez est une entreprise indépendante et familiale qui exerce les métiers d'obtenteur de variétés et de producteur de semences. Le groupe est un des *leaders* mondiaux des semences de betterave et se situe parmi les premiers obtenteurs européens en céréales à paille. Il est également un des acteurs majeurs du marché du plant de pommes de terre en Europe. Son Laboratoire betteraves et chicorée (LBE) s'appuie sur les travaux du Laboratoire de génétique et de biométrie (LGB), qui a pour mission d'apporter du matériel génétique nouveau et des outils d'aide aux sélectionneurs, sur ceux du Laboratoire de biotechnologies (LBI), qui fournit des outils d'aide à la sélection en cytologie, biologie cellulaire et biologie moléculaire, et enfin sur ceux du Laboratoire SmartPath (LSP) qui apporte son expertise en phytopathologie. www.florimond-desprez.com