



Betterave2020

Dossier de presse / press pack

Cappelle-en-Pévèle, le 29 octobre 2013

Programme AKER : 2013... l'année de la sélection des plantes de référence

« Avec 15 plantes, on couvre 100 % de la variabilité allélique disponible au sein du genre *Beta* et complémentaire des ressources génétiques déjà utilisées actuellement ».

Sommaire

1. Collecte des 10.000 accessions
2. Analyse des 3.000 accessions retenues
3. Choix des 15 accessions sélectionnées
4. Croisements avec le matériel élite

Témoignage

Mitchell Mc Grath, Président du Comité Scientifique du programme AKER

Contact presse : Philippe Pelzer philippepelzer@gmail.com 06 50 17 05 29

www.aker-betterave.fr

AKER est
financé par



AKER est
soutenu par





Betterave2020

Préalable : élargir la variabilité génétique

Le génome diploïde ($2n=18$) de la betterave est de mieux en mieux connu : 9 chromosomes de base, 760cM, séquence génomique acquise (750Mb, 55.000 gènes). De nombreux outils de génomique sont disponibles (marqueurs SSR, nombreuses cartes génétiques, banques BAC, séquences EST...) ou en cours de développement (marqueurs SNP, carte physique).

On constate que la variabilité génétique utilisée en sélection est de plus en plus étroite. L'amélioration génétique des plantes dépend cependant essentiellement de l'apport continu de cette variabilité. On peut estimer la variabilité réellement utilisée à moins de 20 % du total disponible. D'où l'importance d'élargir cette variabilité dès le début du programme AKER.

1. Collecte des 10.000 accessions

La variabilité allélique de l'espèce betterave est conservée essentiellement dans deux banques de gènes internationales : GRIN-ARS et EURISCO. La première, www.ars-grin.gov située aux USA, collecte et multiplie les ressources génétiques ; elle est disponible pour l'utilisateur via internet. La seconde, www.eurisco.ecpgr.org située en Europe, recense la liste de toutes les espèces du genre *Beta* ; elle redirige l'utilisateur vers l'organisme détenteur. Au total, 46 organismes possédant du matériel génétique ont été recensés.

On estime à 10.000 plantes de référence la ressource potentiellement utilisable. La première tâche du WP2 du programme AKER (Caractérisation et exploitation de la diversité naturelle) a consisté à recenser ces plantes disponibles à travers le monde. Sur le total, 1/3 proviennent des USA, 1/3 d'Allemagne et le solde se répartit parmi les autres pays.

Un travail de « nettoyage » des informations a été nécessaire. Début 2013, l'inventaire et l'analyse des 10.000 plantes disponibles a permis de sélectionner les 3.000 retenues. C'est ce que l'on appelle la collection de référence. Parmi elle, un tiers est constitué de betteraves sauvages (*Beta maritima*, *macrocarpa*, *adanensis*, *patula*) ; les autres sont des betteraves sucrières cultivées ou apparentées cultivées (potagères, fourragères).

2. Analyse des 3.000 plantes retenues

Un prélèvement d'ADN a été réalisé sur ces 3.000 plantes pour effectuer un génotypage. Puis, elles ont fait l'objet d'un marquage moléculaire dans le cadre du WP3 du programme AKER (Séquençage et développement de marqueurs pour le génotypage).

Deux types de marqueurs ont été utilisés : SNP (Single Nucleotide Polymorphism) issu du matériel de sélection et DArT (Diversity Array Technology) issu de l'ensemble y compris du matériel sauvage. Les premières analyses SNP (378) ont été réalisées en Europe ; les secondes DArT (4.500) l'ont été en Australie. Au total, ces analyses représentent 12 millions de points de marquage moléculaire.



Betterave2020

3. Choix des 15 plantes de référence

L'équipe du WP2 a fait tourner un logiciel de collection de référence sur 800 des 4.500 analyses réalisées avec les marqueurs DArT.

L'objectif consiste à mesurer des différences et à calculer des richesses alléliques et des distances génétiques, représentatives de la diversité. Pris deux à deux, plus la différence totale est forte, plus la distance est importante. Sur l'ensemble des plantes de référence, et pour des distances équivalentes, l'apport plus ou moins fort de nouveautés alléliques sera essentiel pour le sélectionneur.

Le résultat obtenu a permis de sélectionner plusieurs jeux de 15 plantes intéressantes. Ces jeux seront progressivement séquencés d'ici fin 2013 par l'équipe du WP3 pour en choisir un seul à terme. Mais les chercheurs du programme AKER savent d'ores et déjà que 15 plantes permettent de couvrir 100 % de la variabilité allélique disponible au sein du genre *Beta* et complémentaire des ressources génétiques déjà utilisées actuellement. L'ensemble des plantes de référence constitue un échantillon représentatif de la richesse génétique totale.

Ces travaux confirment l'hypothèse formulée au départ, à savoir qu'un petit nombre de plantes choisies avec des méthodes et des outils adéquats permet de représenter l'essentiel de la diversité génétique.

4. Croisements avec le matériel élite

Au printemps 2013, l'équipe du WP2 a réalisé des croisements F1 des jeux de 15 plantes retenues avec le matériel élite (composant de matériel génétique existant).

Les graines issues de ces croisements ont été récoltées. Un prélèvement d'ADN a été effectué pour vérifier qu'il n'y avait pas de contamination dans le matériel génétique obtenu. Les premiers rétrocroisements ont été réalisés pour les plantes annuelles, ils le seront l'an prochain pour les plantes biennuelles.

Le programme se poursuivra en 2015 avec les rétrocroisements de 2^{ème} génération, toujours avec le matériel élite ; en 2016 avec les autofécondations des rétrocroisements de 2^{ème} génération ; en 2017 avec la production des hybrides.

Ces travaux entraînent un très grand nombre de données collectées et analysées. A titre d'exemple, en 2015 et 2016, 60.000 prélèvements d'ADN seront réalisés sur les plantes obtenues à partir des différents croisements.



Betterave2020

Témoignage

Mitchell McGrath,

Président du Comité Scientifique du programme AKER,
Généticien de l'unité betterave et soja à l'USDA (US Department of Agriculture)

« Le programme AKER est très ambitieux, mais il a déjà accompli de grandes choses »

C'est un grand plaisir et un honneur pour moi de contribuer à servir le programme AKER en tant que Président du Comité Scientifique. Ayant travaillé dans la sélection, la génétique et la génomique de la betterave sucrière aux Etats-Unis depuis plus de 17 ans, il est clair que le fait de relever les défis lancés par le programme AKER est essentiel pour la poursuite du progrès génétique. Ce programme vise l'amélioration des variétés de betterave à sucre, autant que la rentabilité durable des producteurs de betteraves à travers le monde.

Au début du programme, là où nous en sommes actuellement, les partenaires d'AKER et les scientifiques ont fait un travail fantastique dans la caractérisation de la diversité présente dans les différentes espèces. Comme la betterave sucrière, cultivée, porte une petite fraction seulement de cette diversité, elle présente une source riche de nouveauté génétique qui apportera un grand potentiel pour l'amélioration de la betterave.

En effet, de nombreux caractères importants ont déjà été capturés par le processus de domestication à partir des espèces sauvages. L'objectif du programme AKER est de repérer et transférer systématiquement de la diversité oubliée dans la betterave à sucre. De telle manière qu'elle puisse être déployée pour relever les défis continus auxquels sont confrontés les producteurs et les transformateurs de betterave.

Au cours des prochaines années, les nouvelles méthodes mises au point dans le cadre du programme AKER permettront d'évaluer la diversité avec une plus grande précision qu'aujourd'hui. Les processus de sélection en seront grandement facilités. Les objectifs du programme AKER seront ainsi atteints et la communauté des sélectionneurs et des généticiens de la betterave à sucre et d'autres espèces en bénéficiera.

Certes, le programme AKER est très ambitieux. Mais il a déjà accompli de grandes choses en réfléchissant attentivement au processus actuel de développement des variétés et en apportant de nouvelles ressources génétiques et des technologies modernes. Ceci pour relever les défis à long terme afin d'accroître la productivité agricole. C'est un plaisir pour moi de pouvoir jouer un modeste rôle dans ce processus.