

Approches de type DNA-Barcoding sur les populations de thrips au sein des cultures ornementales sous serre.



Bout A.¹, Marchand A.^{1,2}, Disdier M.¹, Crochard D.¹, Ziegler M.¹, Reynaud P.³, Ris N.¹, Malausa T.¹, Robert F.²

¹ INRA, UMR 1355 ISA, F-06903 Sophia-Antipolis, France

² Astredhor, 44 rue d'Alésia 75682 PARIS Cedex 14 France

³ ANSES-LSV, CBGP, Campus International de Baillarguet, 34988 Montferrier-sur-Lez cedex, France

I. contexte

I - Le Plan Ecophyto :

- réduction des Pesticides,
- développement des stratégies de protection des cultures « bas-intrants »,
- complexification de la composante biotique des agro-écosystèmes.

II - les stratégies de protection IPM ou Contrôle Biologique nécessitent:

- Un niveau de précision supérieur,
- Un ensemble de méthodes de lutte spécifique contre les ravageurs.

III - Les thrips causent des pertes économiques majeures, sont difficiles à détecter et encore plus à identifier au niveau spécifique. Ces problèmes de diagnostic conduisent à des erreurs de stratégie pouvant être responsables d'échecs dans la gestion du ou des bio-agresseur(s) : chronologie des interventions inadaptée, inefficacité du traitement chimique, échec de la lutte biologique.

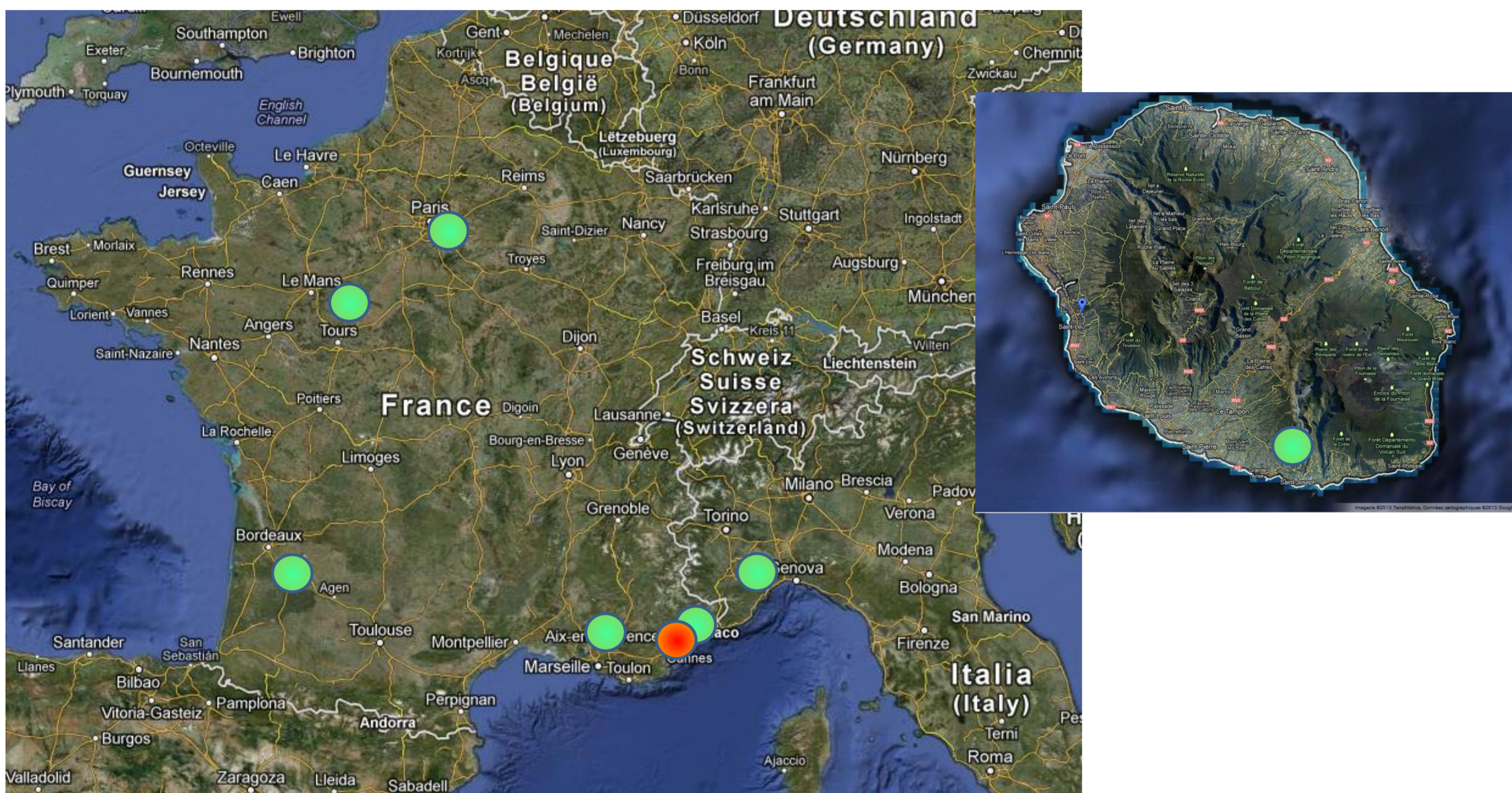
II. Partenariat

Partenariat INRA – Astredhor dans le cadre d'un projet Casdar RFI « Biothripidae »

Participation des stations d'expérimentation du réseau Astredhor et partenaire :

- CREAT
- SCRADH
- AREXHOR
- GIE plante et fleurs du Sud Ouest
- ARMEFLHOR

IV. Réseau d'échantillonnage



Réseau de prélèvement des échantillons de thrips dans les cultures sous serres horticoles. Ce réseau couvre la France métropolitaine, La Réunion et l'Italie (Ligurie). Chaque point correspond à un réseau local entre l'INRA UMR ISA et une station expérimentale du réseau Astredhor, l'IRF (Italie) et des producteurs locaux.

VI. Diversité des thysanoptères

198 séquences individuelles sur COI,
182 séquencées avec succès,
146 identifiées morphologiquement,
36 haplotypes répartis dans 22 clusters (supportés statistiquement).

9 clusters sont confirmés comme étant 9 espèces différentes :

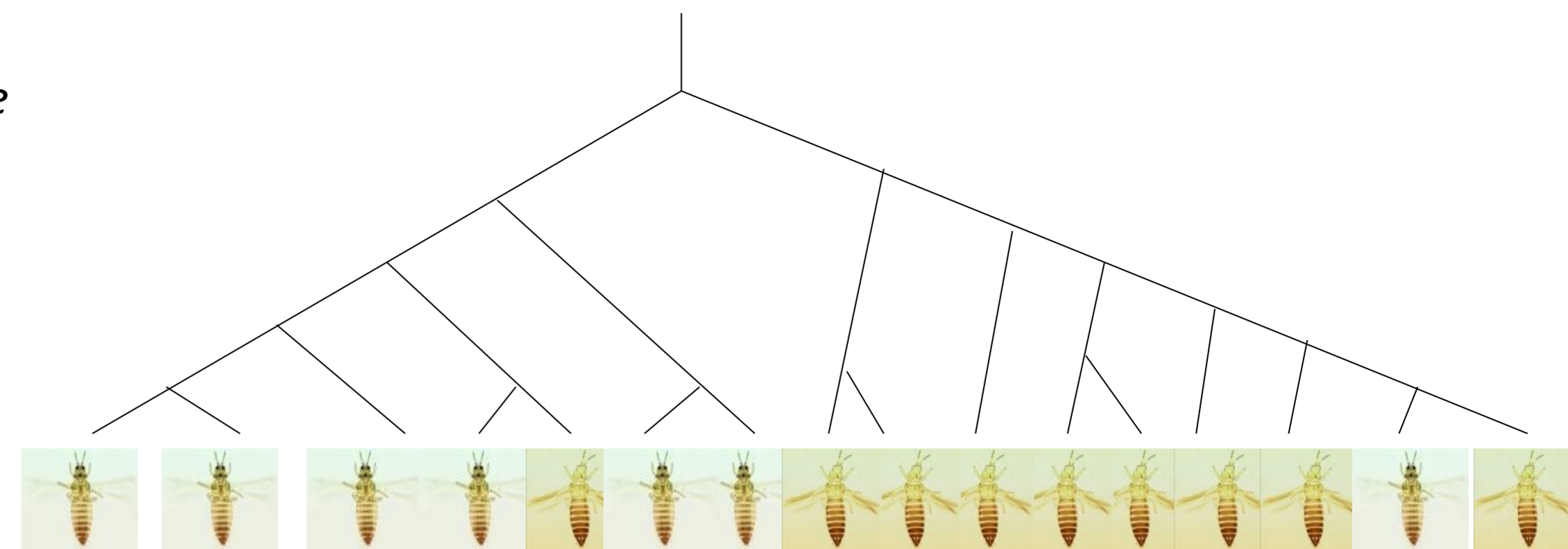
- *Frankliniella occidentalis*
- *Thrips tabaci*
- *Thrips hawaiiensis*
- *Thrips verbasci*
- *Thrips major*
- *Thrips physapus*
- *Hercinothrips femoralis*
- *Hercinothrips bicinctus*
- *Pezothrips kellyanus*

Conclusion :

- Les communautés de thrips sont majoritairement dominées par l'espèce *T. tabaci* (47% des individus),
- **4 espèces** (*F. occidentalis* and 3 non-identifiées) sont présentes à des fréquences moyennes supérieures à 5%,
- Au moins **17 espèces plus rares** peuvent être observées au niveau des serres françaises.

- Cluster validé
- Cluster indéfini
- Cluster ambigu (28S, topologie de l'arbre, etc.)

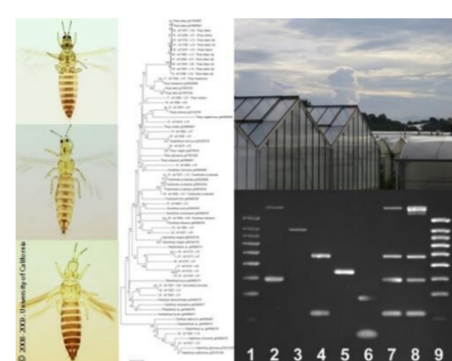
Arbre phylogénétique obtenu sur la Cytochrome Oxidase I (COI). Cet arbre a été inféré sous MEGA06 (Tamura et al., 2013) en utilisant la méthode Neighbor-Joining, le test des distances Kimura 2-parameters et 500 répétitions. Des séquences issues de Genbank ont été associées dans le but d'apporter des informations d'identifications complémentaires.



Efficacité de l'Insecticide « A »	-	+	-	+	+	+	-	+	-	+	-	+	-	+	-
Efficacité de l'insecticide « B »	+	-	+	-	+	+	-	+	+	+	-	+	-	+	+
Efficacité de l'auxiliaire « A »	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
Efficacité de l'auxiliaire « B »	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+

➔ Importance du diagnostic précis des espèces de ravageurs et une meilleure compréhension des interactions biotiques.

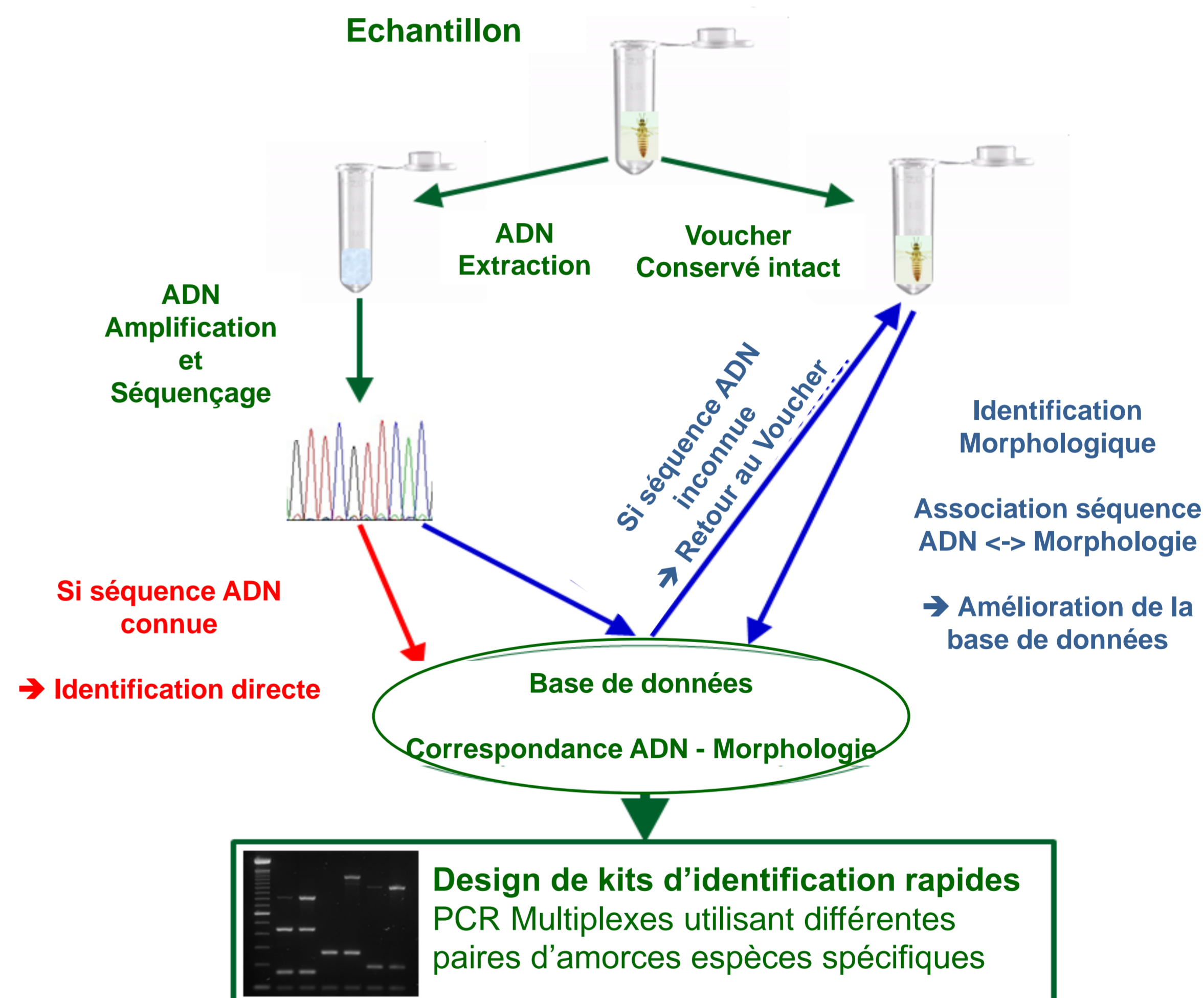
III. Objectifs



- Mieux appréhender la diversité réelle des Thysanoptères,
- Identifier l'origine des inoculum des populations de thrips,
- Construire des outils de diagnostic en routine précis, fiables, rapides et peu onéreux

➔ Mise au point de moyens de caractérisation de type « DNA Barcoding » pour les thysanoptères qui comportent de nombreux représentants considérés comme des ravageurs majeurs des cultures (par exemple *Frankliniella occidentalis* ou *Thrips tabaci*) mais aussi des auxiliaires potentiels (comme *Frankliniella vespiformis* et *Aeolothrips sp.*).

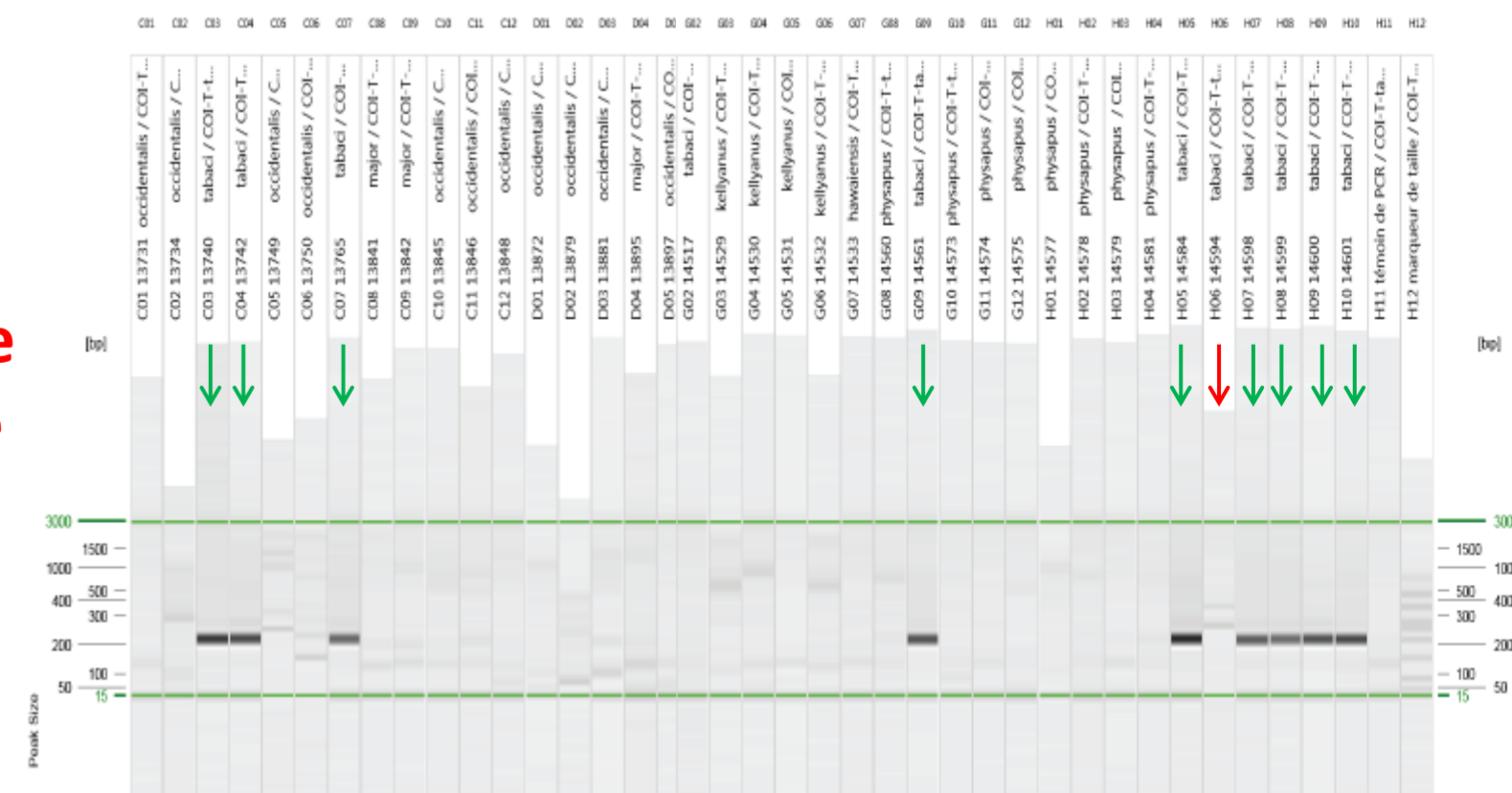
V. Approche DNA-Barcoding



VII. Diagnostic moléculaire

Exemple d'amplification spécifique d'ADN de *T. tabaci*.

➔ Le fragment attendu a une taille d'environ 200 paires de bases



Remarque : une fois le kit de diagnostic moléculaire validé et mis en routine, la détermination est rapide i.e. ½ journée, et peu onéreuse i.e. environ 5€ par individu (hors coûts de main-d'œuvre).

VIII. Support financier

- Le Ministère de l'Agriculture, de l'Agroalimentaire et de la Forêt (MAAF) : Projet CasDar IT1220 “Biothripidae”
- L'INRA à travers son département scientifique “Santé des Plantes et Environnement” :
- Projet “Approche de type DNABarcoding sur les thrips d'intérêts agronomiques”
- L'Europe via le projet INTERREG Italie-France, ALCOTRA :
- Projet “FIORIBIO II”

