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

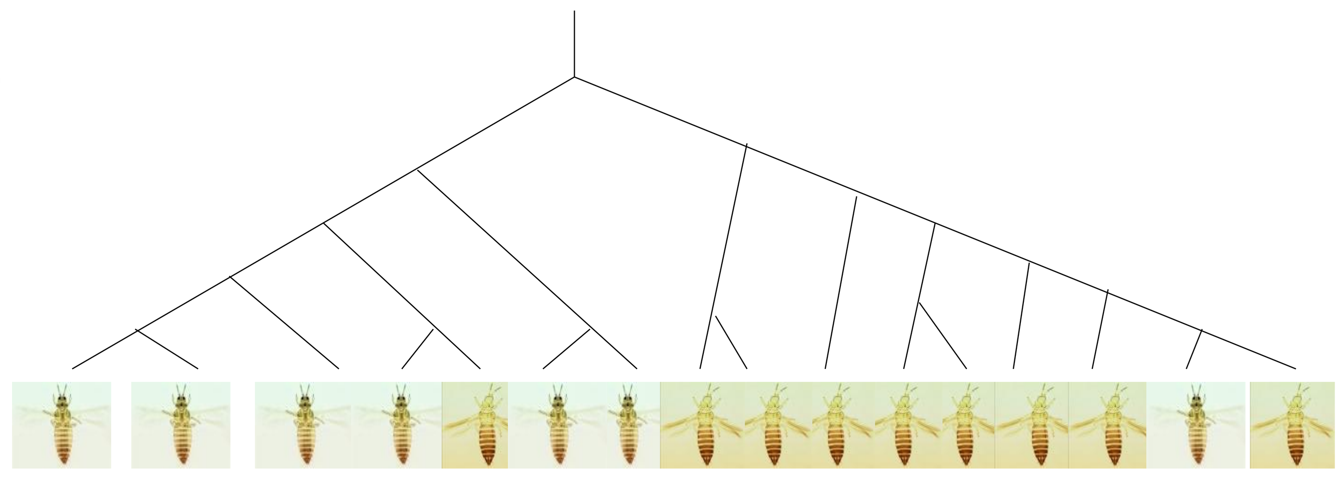
Bout A.[1], Marchand A.[1,2], Disdier M.[1], Crochard D.[1], Ziegler M. [1], Reynaud P. [3], Ris N.[1], Malausa T.[1], Robert F.[2]
[1] *INRA, UMR 1355 ISA, F-06903 Sophia-Antipolis, France*
[2] *Astredhor, 44 rue d'Alésia 75682 PARIS Cedex 14 France*
[3] *ANSES-LSV*, CBGP, Campus International de Baillarguet, 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.



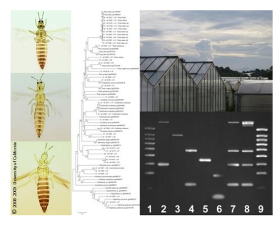
Efficacité de l'Insecticide « A »	-	+	-	+	+	+	-	+	-	+	-	-	+	-	+	-
Efficacité de l'insecticide « B »	+	-	+	-	+	+	-	+	+	+	-	+	-	-	+	+
Efficacité de l'auxiliaire « A »	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
Efficacité de l'auxiliaire « B »	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+

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

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

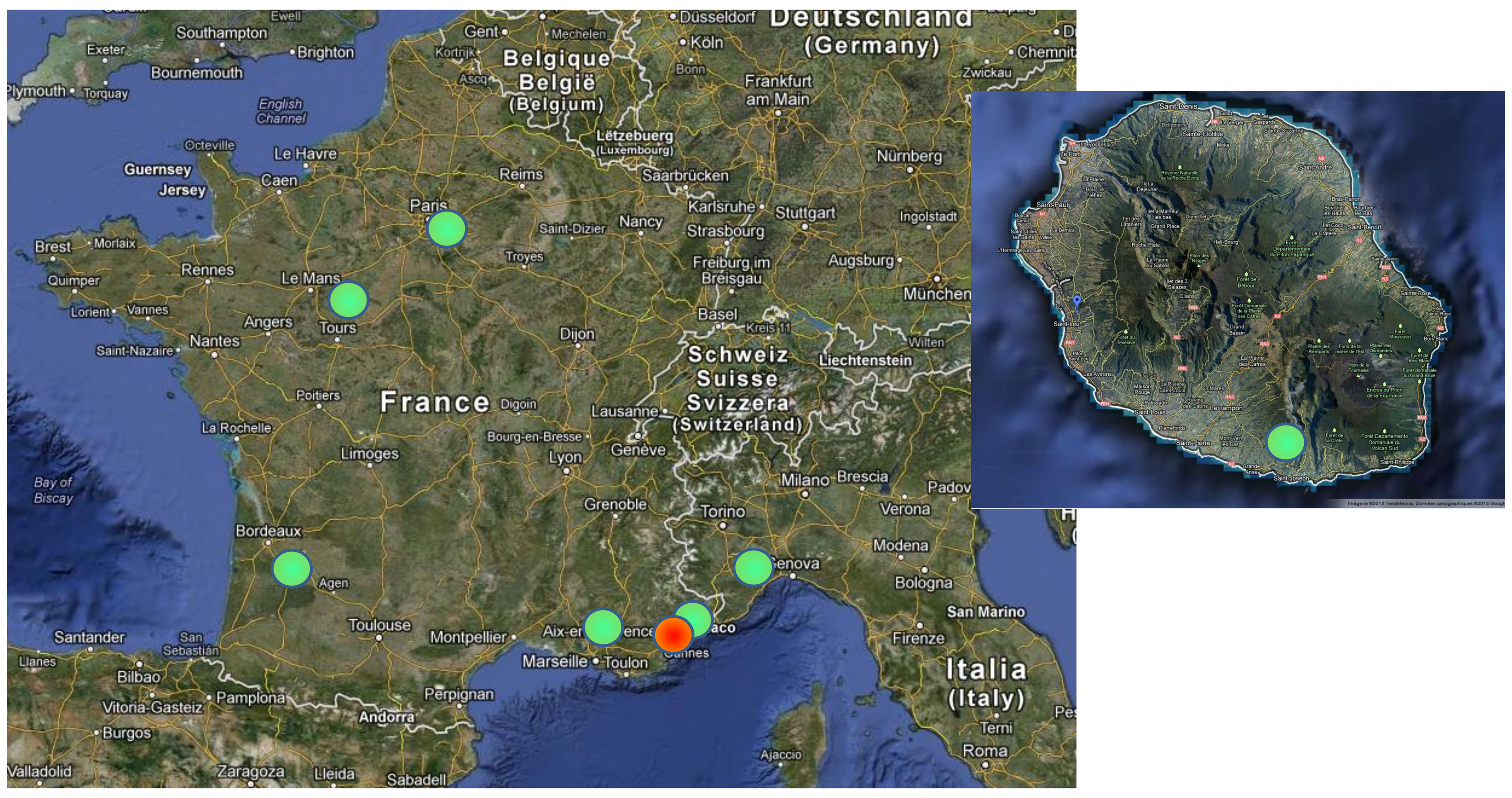
III. Objectifs



- 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

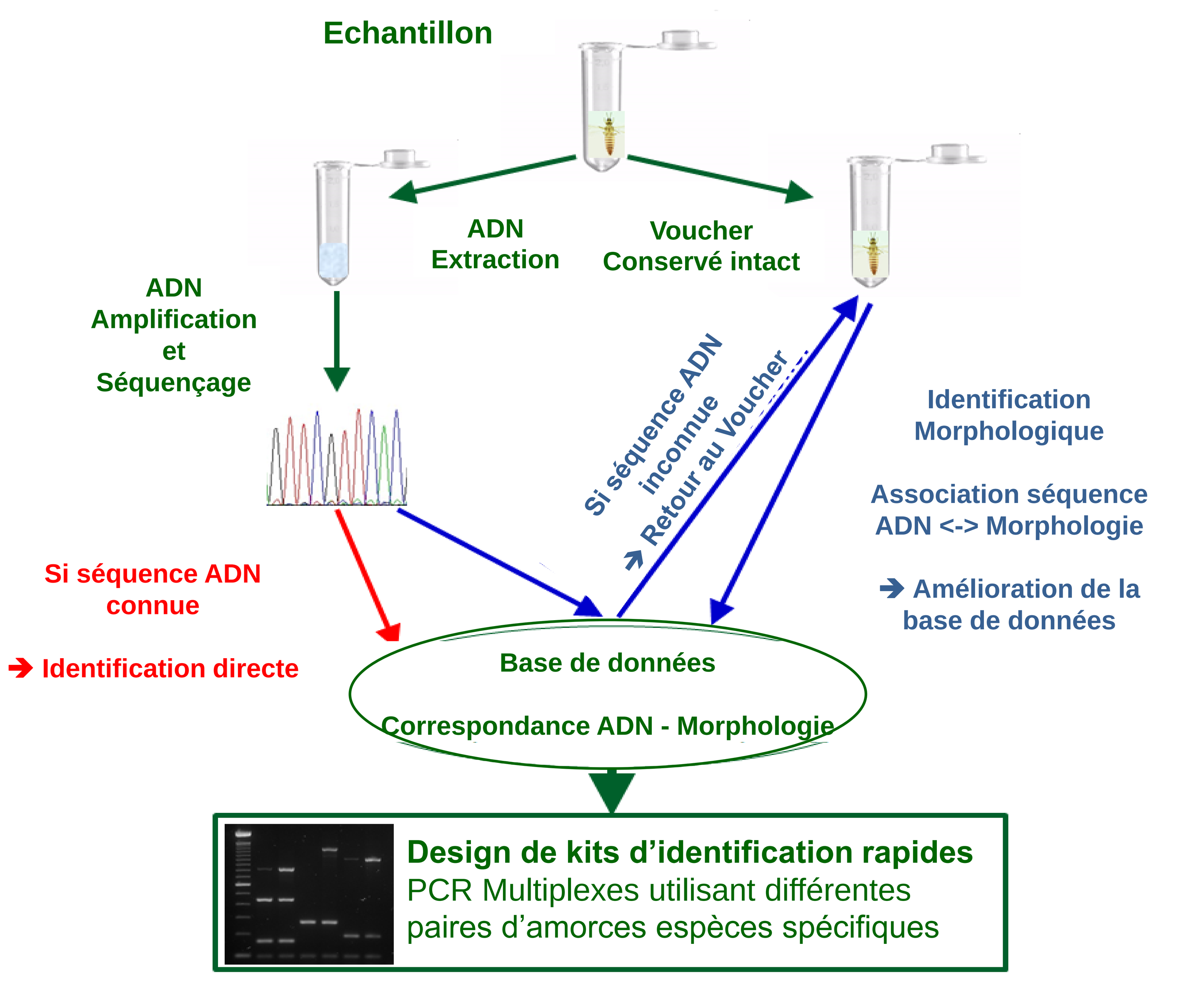
➔ Mise au point de moyens de caractérisation de type « DNA Barcoding » pour les thysanoptères qui comportent de nombreux représentants considérés comme des ravageurs majeurs des cultures (par exemple *Franklieniella occidentalis* ou *Thrips tabaci*) mais aussi des auxiliaires potentiels (comme *Franklinothrips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

IV. Réseau d'échantillonnage

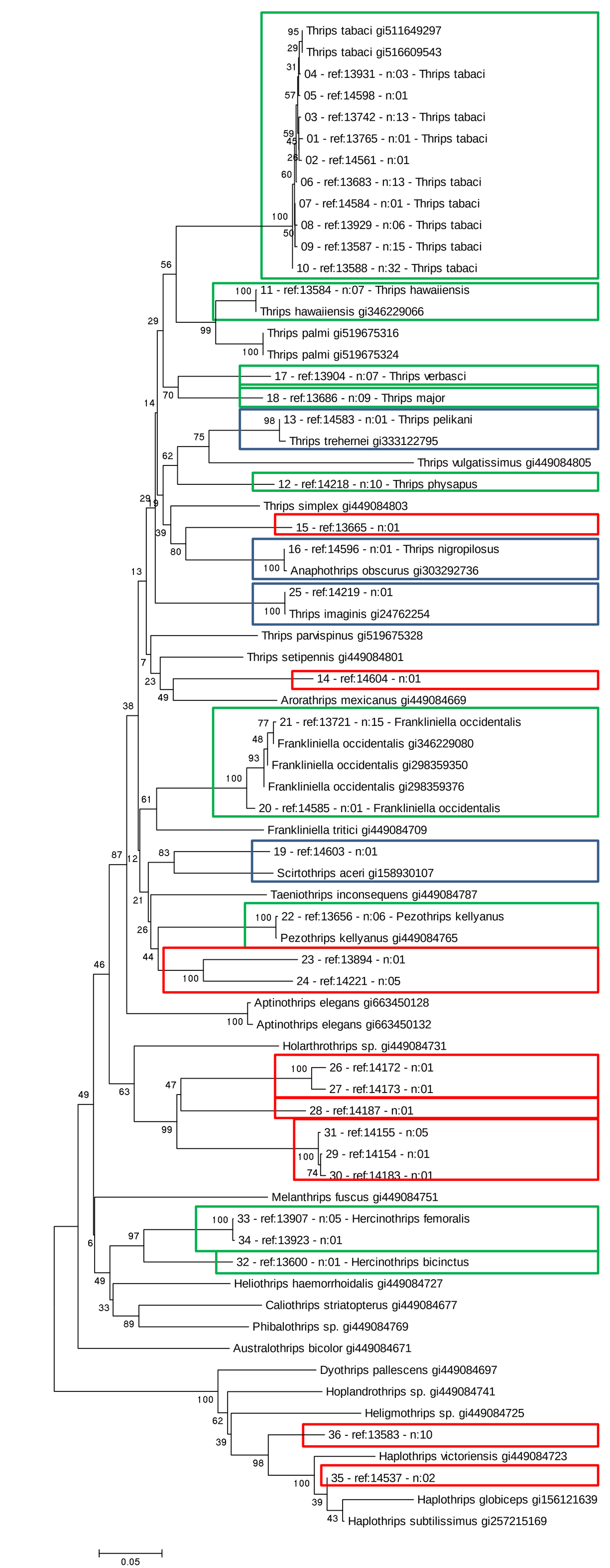


Réseau de prélèvement des échantillons de thrips dans les cultures sous serres horticoles. Ce réseau couvre la France métropolitaine, La Réunion et l'Italie (Ligurie). Chaque point correspond à un réseau local entre l'INRA UMR ISA et une station expérimentale du réseau Astredhor, l'IRF (Italie) et des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

V. Approche DNA-Barcoding



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.

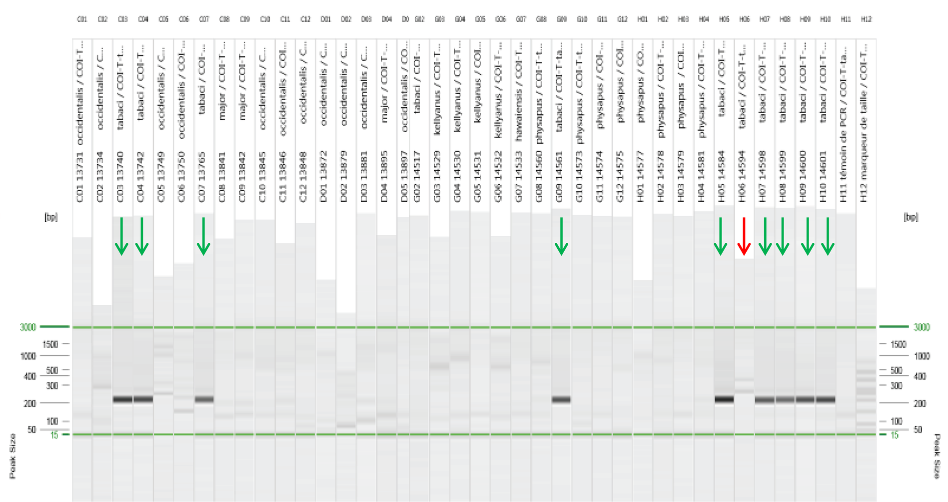
Cluster validé
Cluster indéfini
Cluster ambigu (28S, topologie de l'arbre, etc.)

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.

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**"

Les Rencontres du Végétal
AGROCAMPUS OUEST, ANGERS
8e édition 12 & 13 Janvier 2015