



## Thèse - Estimation du risque d'invasion d'arthropodes de quarantaine

### Anticiper les risques d'invasion : le niveau de l'espèce est-il toujours le plus pertinent ?

Les espèces décrites actuellement ne sont pas des entités génétiques homogènes. Dans le cadre des organismes de quarantaine, nuisibles très dangereux que les pays tentent de maîtriser par des mesures de lutte obligatoire, les lignées évolutives d'une même espèce pourraient ainsi présenter des risques d'invasion différents. La thèse de Martin Godefroid, au sein du Centre de biologie pour la gestion des populations (CBGP) de l'Inra de Montpellier, s'intéresse au cas des arthropodes. Il propose de combiner des outils moléculaires récents avec des approches de modélisation pour identifier rapidement les lignées les plus menaçantes.



Comment mieux estimer les risques d'invasion d'organismes menaçant les forêts et les cultures majeures d'un point de vue économique et dont le risque d'invasion est jugé sérieux, soient les organismes de quarantaine ? C'est le

sujet de la thèse de Martin Godefroid, au Centre de biologie pour la gestion des populations (CBGP) de l'Inra de Montpellier. Il s'est intéressé aux arthropodes, le groupe le plus invasif après les plantes.

#### L'unité écologique plutôt que l'espèce

Aujourd'hui, l'analyse du risque phytosanitaire (ARP), qui permet de décider de la présence d'un nuisible dans la liste de quarantaine, se fonde sur l'espèce.

Le projet entend dépasser ce niveau en considérant, à la place, l'unité écologique et l'histoire évolutive des espèces. « *Ce ne sont pas des entités génétiques homogènes, justifie Martin Godefroid. Il y a une diversité intraspécifique, au sein d'une même espèce, avec des lignées qui présentent probablement un potentiel d'invasion différent. Le risque est donc*

*actuellement mal calculé : il est sur ou sous-estimé, entraînant parfois des mesures de gestion obligatoires inutiles.* »

Des exemples existent. Chez *Wasmannia auropunctata*, la petite fourmi de feu, toutes les entités génétiques ne présentent pas le même risque d'invasion sur une zone géographique donnée.

#### Un comportement différent selon le climat

Le travail de thèse, qui se fonde sur l'utilisation de la biologie moléculaire pour distinguer les lignées, s'est intéressé au genre *Dendroctonus*, un groupe de coléoptères ravageurs de conifères extrêmement nuisible, qui présente généralement une grande diversité intraspécifique.

« *Les Etats-Unis hébergent trois lignées de Dendroctonus valens Leconte qui pourraient avoir un potentiel d'invasion différent en Europe selon les conditions climatiques. Toutes ne méritent peut-être pas les mêmes mesures de contrôle.* »

Autre cas : la mouche des fruits, *Ceratitis fasciventris Bezzi*, qui présente deux lignées bien différenciées avec des niches climatiques différentes.

« *Des outils d'identification moléculaire existent qui permettent la caractérisation immédiate d'un individu à partir de gènes et pourraient servir à identifier rapidement ces lignées* », indique Martin Godefroid.

Le travail est réalisé en collaboration avec deux instituts de recherche au Mexique et au Portugal.

Contact(s) scientifique(s) :

Responsable : M.Godefroid ([martin.godefroid@supagro.inra.fr](mailto:martin.godefroid@supagro.inra.fr)).

Participants : J.-Y. Rasplus, J.-P. Rossi.

Partenaires : A. Zaldívar Riverón (Université de Mexico, Unam), M. Branco (Institut supérieur d'agronomie de Lisbonne, Isa).

Pour en savoir plus : [www.smach.inra.fr](http://www.smach.inra.fr)