

"Dispersion des bioagresseurs : méthodes d'étude et typologie"

CDD Sidonie LOIEZ
Décembre 2018 – mai 2019





Axe 2

"Développer de nouvelles actions autour de la diversification et de l'organisation des systèmes à l'échelle des exploitations agricoles, des territoires et des filières légumières"

Thème

"Produire et évaluer des outils pour une gestion collective des bioagresseurs à l'échelle du paysage"

✓ Les populations de bioagresseurs utilisent différentes ressources, à des échelles spatiales souvent plus larges que celle de la parcelle.



Identifier les déterminants de ce fonctionnement pour proposer des méthodes de gestion à ces échelles, impliquant des groupes de producteurs et une diversité d'acteurs.



MAIS

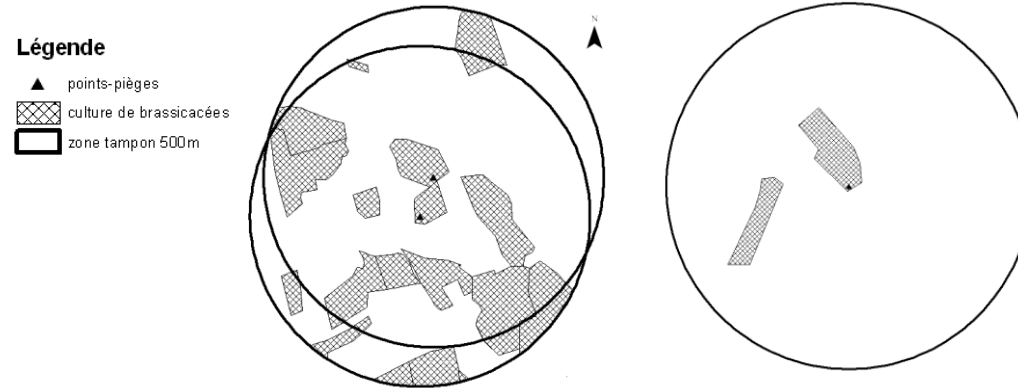
- ✓ Capacités de dispersion, ressources exploitées dans les différents compartiments de l'agroécosystème et les facteurs influençant les processus de colonisation des parcelles largement méconnus
- ✓ Grande diversité d'espèces (insectes, nématodes, agents pathogènes, adventices) de cycles biologiques et de caractéristiques écologiques



Brassinse - De la parcelle au paysage : changer d'échelle pour changer de stratégie de gestion des insectes ravageurs des brassicacées légumières ; 2009-2013



- ✓ Relation densité de la ressource (Brassicacées) / colonisation par la mouche du chou



Sources : IGN - BD ORTHO®; observations sur le terrain avril-mai 2010.
Carte : Lucie RAYMOND

- ✓ Mais relation spatiale infestation G1 ou année N / infestation G2 ou année N + 1 ?

MISSIONS



BIBLIOGRAPHIE: identifier les **méthodes d'étude** pour déterminer les **distances de dispersion des bioagresseurs**

TYPOLOGIE: **bioagresseurs aériens** des cultures légumières suivant leurs caractères biologiques et écologiques

Arthropodes (Insectes), bactéries, champignons, virus

Modes de dispersion variés : dispersion active (marche, vol); dispersion passive (vecteur, vent)

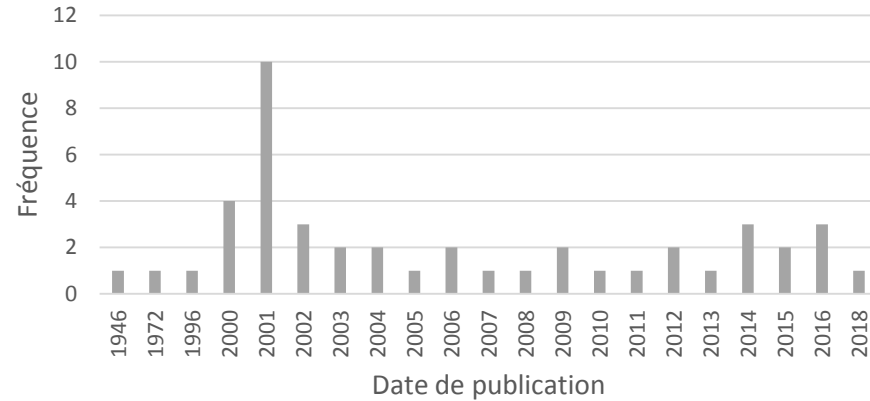
Distances de dispersion différentes

Spécialistes ou généralistes

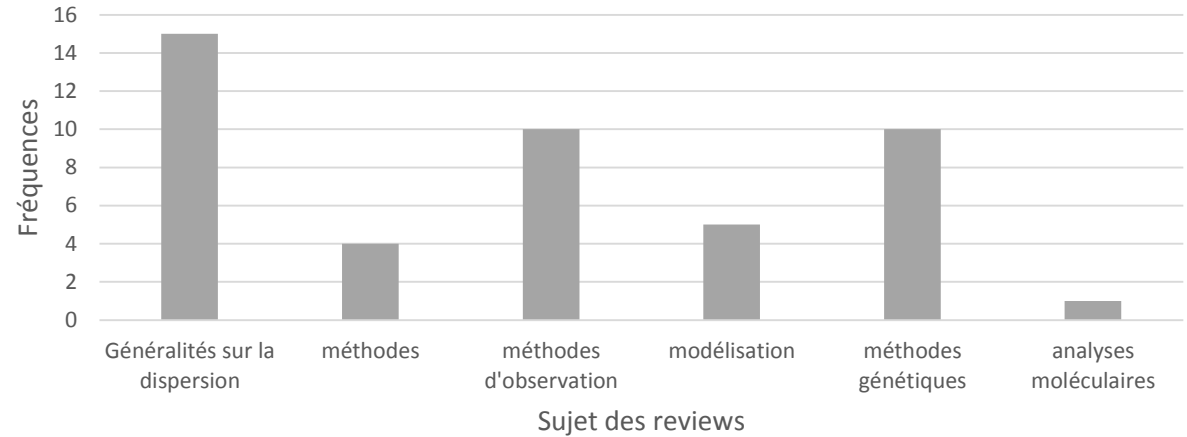
BIBLIOGRAPHIE

Recherche bibliographique : 162 articles (revues ou articles originaux)

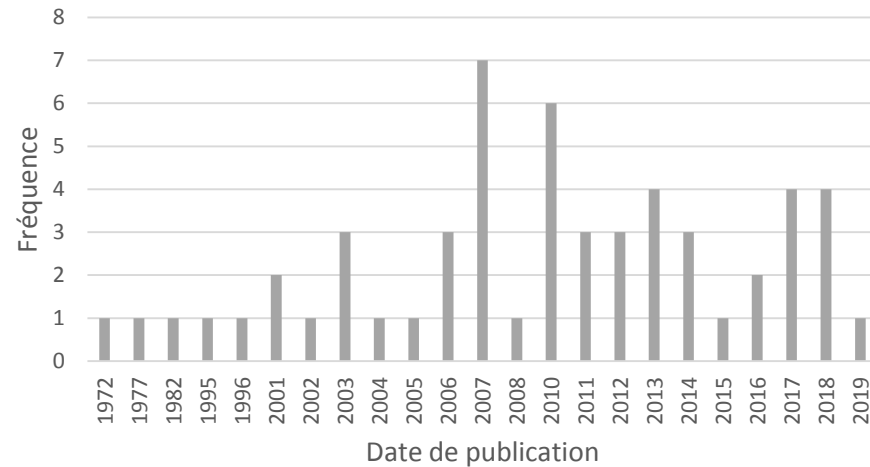
Répartition des reviews lus suivant leur date de publication



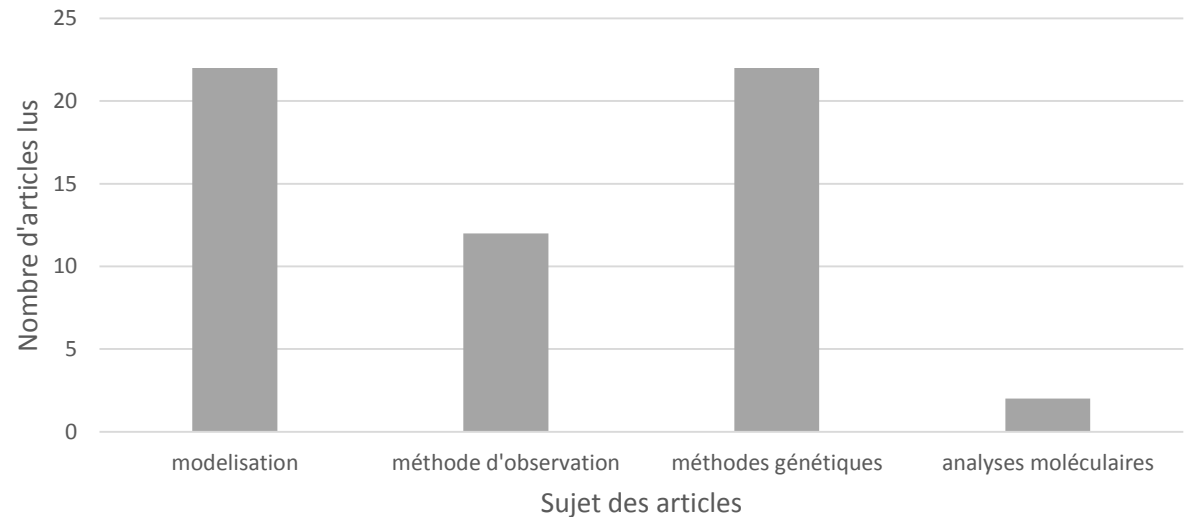
Répartition des reviews lus suivant leur sujet



Répartition des articles lus suivant leur date de publication



Répartition des articles lus suivant leur sujet



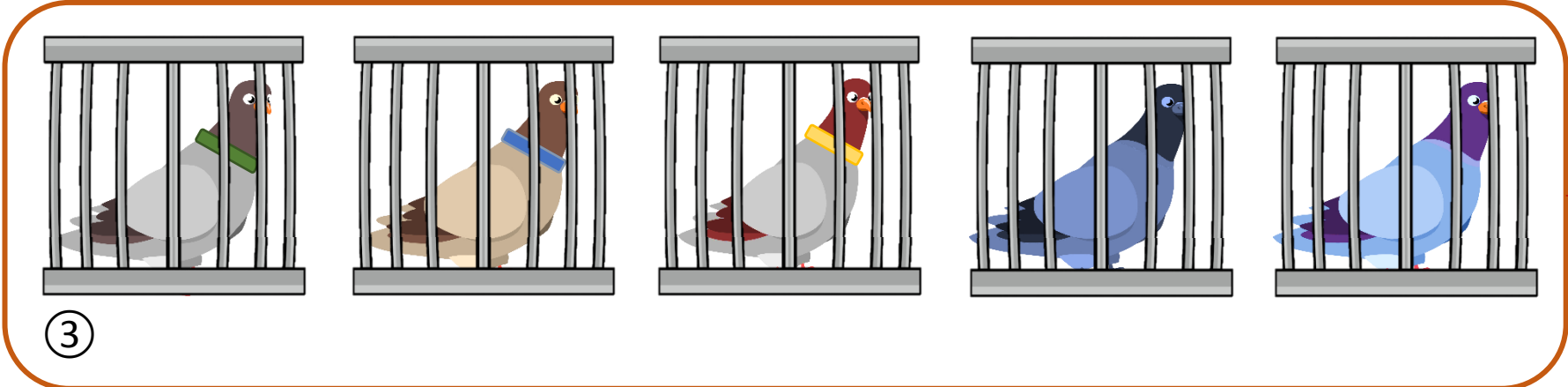
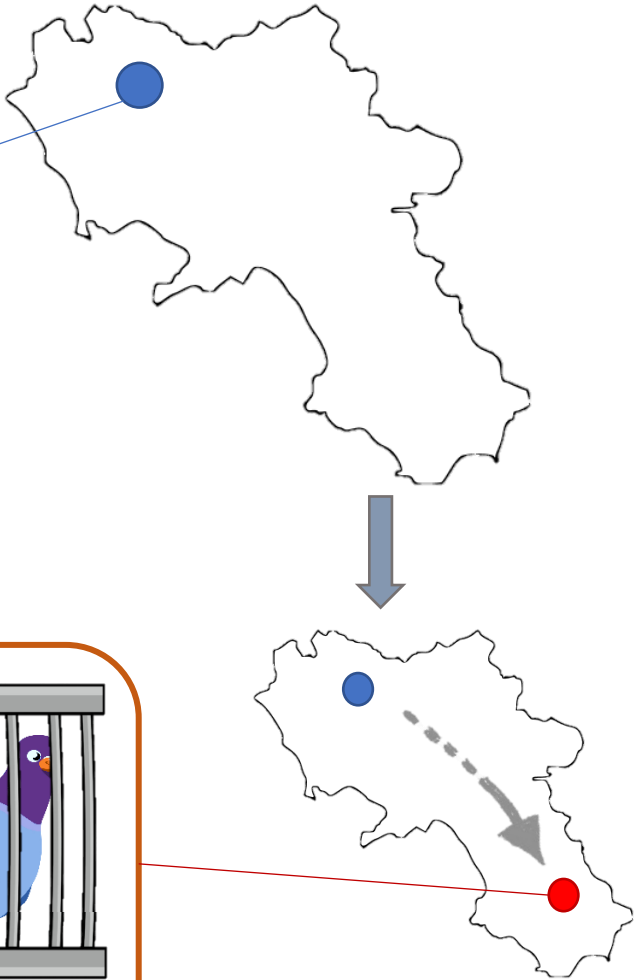
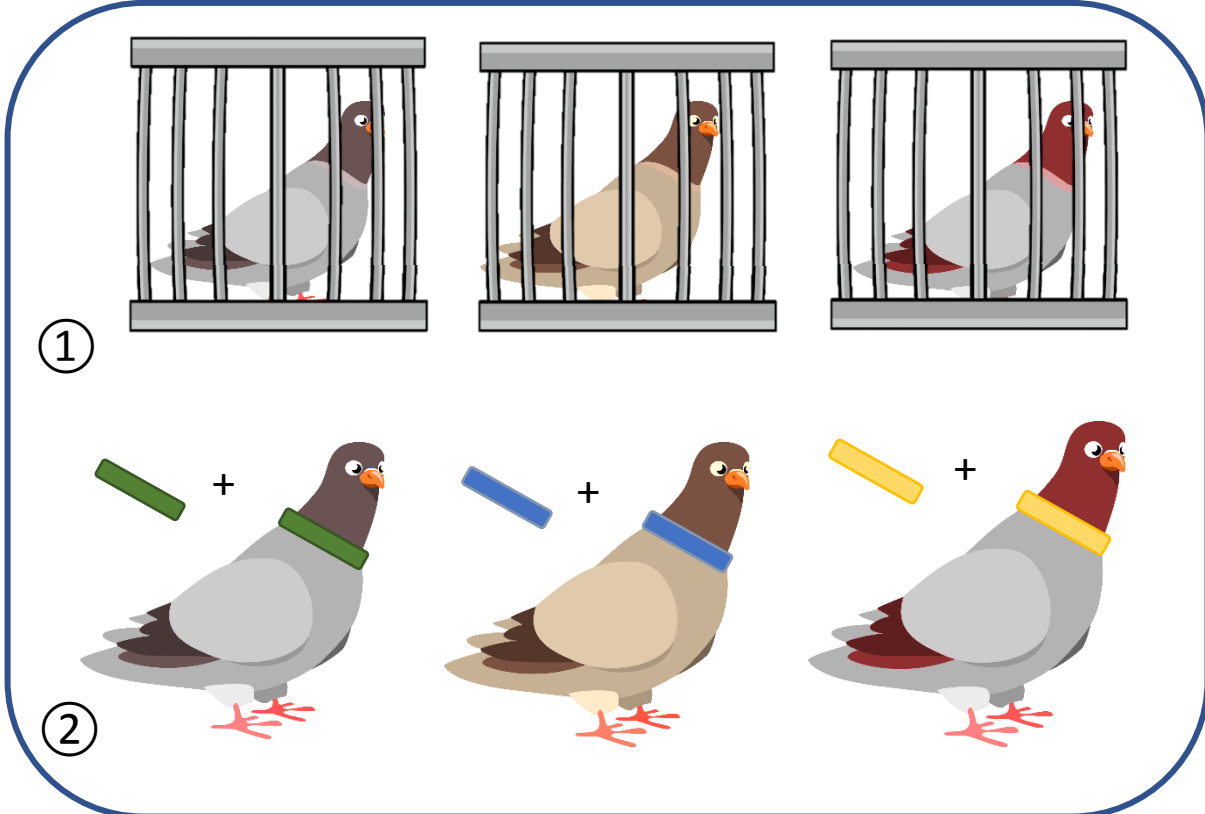
+ rencontres avec des scientifiques experts en génétique des populations et modélisation



Quatre grandes catégories de méthodes :

- Observation directe et indirecte
- Capture – marquage - recapture
- Analyses moléculaires (ADN / méthodes génétiques) et isotopiques
- Modélisation

Capture – Marquage - Recapture

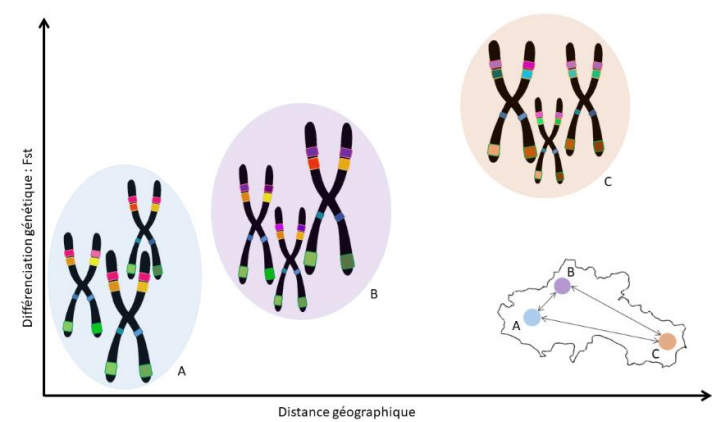


Méthodes génétiques

- Méthodes basées sur le calcul du F_{st}

(estimation des différences de fréquences alléliques entre populations)

- Estimation du F_{st}
- Estimation de la taille efficace de la population
- Comparaison du F_{st} estimé avant et après dispersion
- Assignation
 - Aux parents : pour un individu étudié, méthode qui cherche à assigner les ou un parent(s) par l'approche du parent le plus probable
 - A la population : pour un individu étudié, méthode qui cherche à assigner l'individu à la population source la plus probable.



Analyses isotopiques

- Méthode des isotopes stables : Les isotopes stables sont la signature de régions géographiques, ils sont assimilés par les tissus lors de leur formation et identifiables par analyse moléculaire.
- Méthode des éléments traces : la concentration en éléments traces varie suivant la position géographique, ils sont identifiables par analyse moléculaire.



méthodes	Suivi d'organismes à dispersion :		Etude de la dispersion :		Echelle d'étude :		Donne accès à :		Prend en compte :	Avantages	Limites		
	détails	active	passive	longue distance	courte distance	individus populations	distance	trajectoire direction				biologie environnement	
Observations directes	Observation directe	X		X	X		X	X	X	X	Description de trajectoires <i>Référence</i> <i>Reynolds et Riley 2002</i>	Chronophage Organismes facilement observables et/ou à dispersion courte distance Appareil d'observation de nuit coûteux <i>Référence</i> <i>Reynolds et Riley 2002</i>	
	Vol en laboratoire	X (vol)		X	X		X			X	Information sur les capacités ou les caractéristiques du vol <i>Kamonen et Müller 2018 ; Minter et al. 2018 ; Shirai et Yano 1994</i>	Perturbation des organismes <i>Minter et al. 2018</i>	
Observation indirecte	Vidéographie	X		X	X	X		X	X	X	Description du comportement, des mouvements des organismes Précision (accès aux endroits cachés, non perturbation par l'observateur) <i>Southwood et Henderson 2000 Reynolds et Riley 2002 ; Riley et Drake 2002</i>	Dépend de la qualité de l'appareil <i>Reynolds et Riley 2002</i> Perturbation de l'analyse par les contrastes <i>Reynolds et Riley 2002</i>	
		Piégeage	X	X	X	X	X	X	X	X	X	Capture de nombreux individus simultanément <i>Southwood et Henderson 2000</i>	Dépend des conditions climatiques Petite aire d'étude <i>Mesquida et Renard 1982 Facchinelli et al. 2007 ; Komonen et Müller 2018</i>
	Observations par radars	X (vol)	(X)			X		X	X	X	Détection de nombreux individus simultanément Non perturbation par l'observateur <i>Southwood et Henderson 2000 Chapman et al. 2003</i>		
		radar météorologique (vol)	X	(X)			X		X	X	X	Détermination des insectes détectés <i>Chapman et al. 2003</i>	Non identification des individus (erreur possible) <i>Southwood et Henderson 2000</i>
		radar entomologique (vol)	X				X		X	X	X		
	RFID	X		X	(X)	(X)	X	X	X	X	X	Longue durée des balises passives Accès aux endroits cachés de l'observateur <i>Reynolds et Riley 2002 ; Nathan et al. 2003 Kho et al. 2019</i>	Petite aire d'étude Positionnement des balises difficile Pas de suivi individuel possible <i>Reynolds et Riley 2002 ; Bonter et Bridge 2011 Pilkay et al. 2013 ; Kim et al. 2016 ; Kho et al. 2019 Ovasainen et al. 2008 ; Kho et al. 2019</i>
	Harmonic radar	X		X		X	X	X	X	X	X		
	PIT	X		X	X		X	X	X	X	X	Suivi individuel possible <i>Connette et Semlitsch 2012</i>	
	Téléométrie	X		(X)	X	X		X	X	X	(X)	Information de comportement et de localisation Accès aux endroits cachés de l'observateur <i>Reynolds et Riley 2002 ; Cushman 2010 ; Jensen et al. 2013 Cagnacci et al. 2010</i>	Perte des balises Coût des appareils <i>Bonter et Bridge 2011 Hebblewhite et Haydon 2010</i>
	VHF	X		X	X		X	X	X	X	X		Petite aire d'étude <i>Cagnacci et al. 2010</i>
Argos	X		X	X	X		X	X	X	X	Suivi en temps réel <i>Reynolds et Riley 2002</i>	Peu de précisions <i>Eckert et Stewart 2001 ; Reynolds et Riley 2002</i>	
GPS	X		X	X	X		X	X	X	X	Précision des données <i>Hebblewhite et Haydon 2010</i>		

Analyse moléculaire	Calcul du Fst	X X X X X X X X X	Estimation du flux de gène Détermination des caractéristiques de dispersion	<i>Neigel 2002 ; Wang et Whitlock 2003 ; Kaminen et Müller 2018</i> <i>Harrison et al. 2014</i>	Hypothèses pas toujours réalistes Dépend de la taille de la population Dépend du génotypage	<i>Neigel 2002</i> <i>Neigel 2002</i> <i>Chapuis et Estoup 2007</i>	
	Origine génétique	X X X X (X) (X) X X X	La méthode des distances génétiques ne dépend pas d'hypothèses Obtention d'informations sur la structure de la population	<i>Cornuet et al. 1999</i>	Dépend du génotypage Besoin de définir au préalable des groupes populationnels Besoin d'individus à stratégie reproductive avec de nombreux descendants	<i>Jones et al. 2010 ; Flanagan et Jones 2019</i> <i>Mutegi et al. 2012 ; Aylward et al. 2017 ; Nash et al. 2018</i> <i>Jones et al. 2010</i>	
	assignation à la population	X X X X X X X X					
	assignation aux parents	X X X X X X X X					
	Isotope stable	X X X X X X X	Détermination de l'histoire de vie d'un individu Marquage autonome	<i>Ramos et al. 2009</i> <i>Hobson 2005</i>	Etude préliminaire de cartographie des isotopes Dépend du tissu étudié	<i>Ramos et al. 2009</i> <i>Hobson 2005</i>	
Modèle phénoménologique	X X X X X X X X X (X)	Permet la prédiction de comportements	<i>Huse et Ellingsen 2008</i>	Pas d'explication des mécanismes (facteurs extérieurs parfois omis) Dépend des paramètres Difficulté à obtenir des données de paramétrage	<i>Jongejans et al. 2008</i> <i>Hassan et Hamed 2001</i> <i>Huse et Ellingsen 2008 ; Bauer et Klaassen 2013</i>		
modélisation	Modèle mécaniste	(X) X X X X X X (X) X (X) X	Description des mécanismes de dispersion Permet la prédiction de comportements	<i>Nathan et al. 2003 ; Meyer et al. 2017</i> <i>Nathan et al. 2003</i>	Effort informatique Nécessite une grande quantité de données Nombreuses incertitudes (phénomènes physiques aléatoires)	<i>Nathan et al. 2003 ; Bauer et Klaassen 2013 ; Evans et al. 2016</i> <i>Bauer et Klaassen 2013 ; Evans et al. 2016</i> <i>Nathan et al. 2005 ; Boehm et al. 2008 ; Leelössy et al. 2018</i>	
	modèles physiques	X X X X X X X X X	Description des trajectoires	<i>Collender et al. 2016</i>	Repose sur des hypothèses (ex. pas de dispersion longue distance)	<i>Higgins et Richardson 1996 ; Clark et al. 2001 ; Klein et al. 2003</i>	
	modèles de réaction-diffusion	X X X X X X X X X X	Prise en compte l'hétérogénéité du paysage	<i>Ciss 2013 ; Preisler et al. 2013 ; Potgieter et al. 2015</i>			
	modèles à intégration-différence	X X X X X X X X X X					

(x): pour les caractères qui ne sont pas forcément étudiés avec la méthode.
(vol): pour les méthodes qui étudient uniquement la dispersion active des organismes volants
ex. : exemple



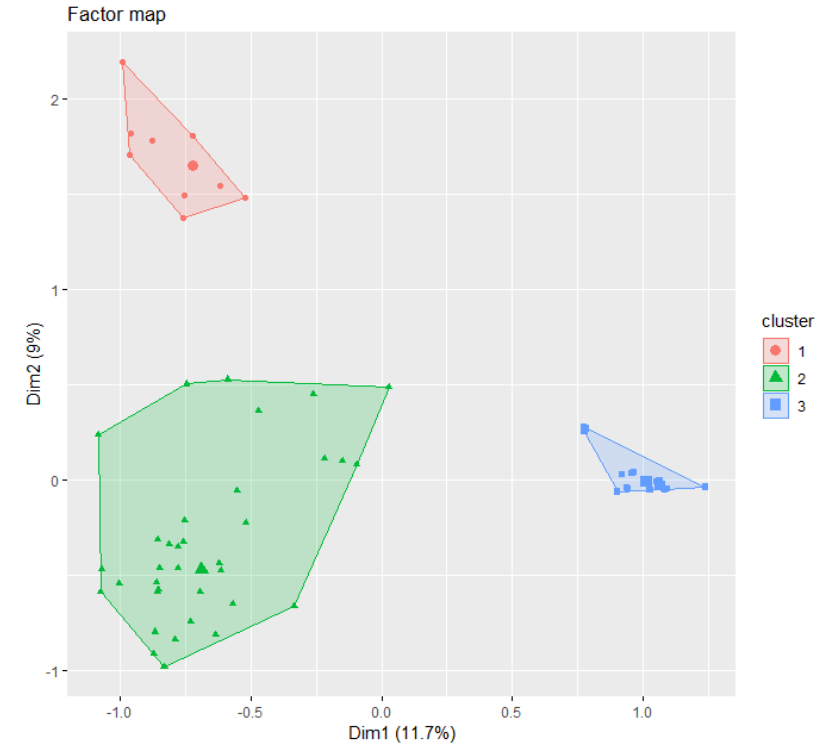
TYPOLOGIE DES BIOAGRESSEURS

Objectif : regroupement des espèces ayant des caractéristiques de dispersion communes

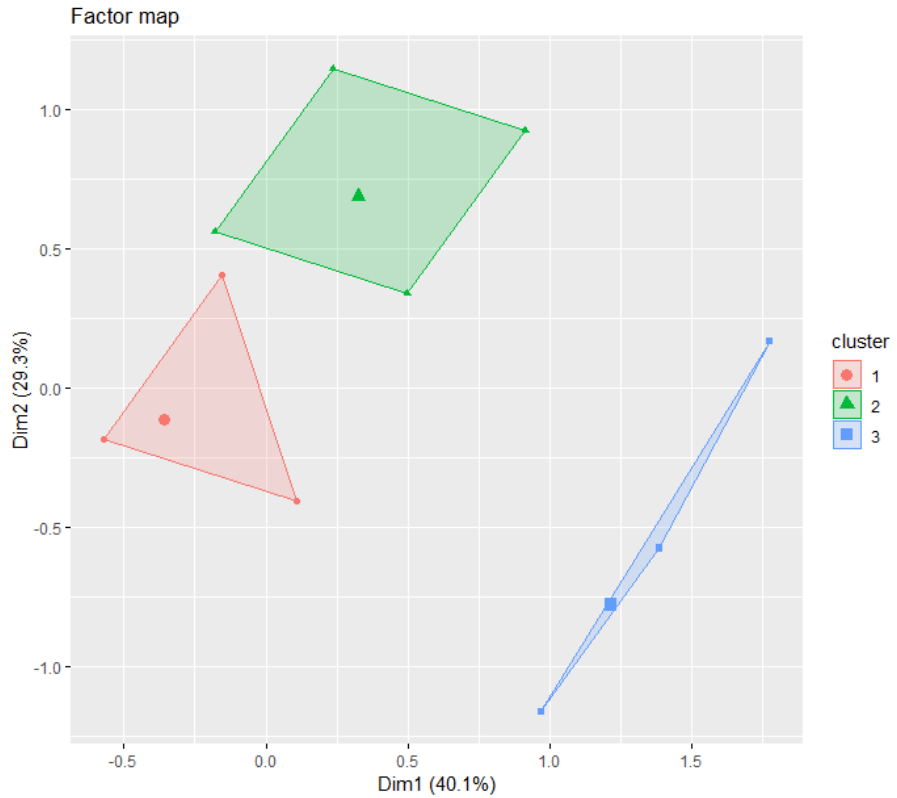
- ✓ Matériau de base : la liste des bioagresseurs des cultures légumières établie par le GIS PIClég (groupes de travail bioagresseurs aériens et telluriques)
- ✓ Bioagresseurs aériens exclusivement
- ✓ Sélection des bioagresseurs :
 - choix des cultures par la surface cultivée,
 - sélection des bioagresseurs les plus nuisibles (sauf adventices)
- ✓ Compléments apportés au tableau initial par recherche bibliographique

✓ Variables explicatives sélectionnées

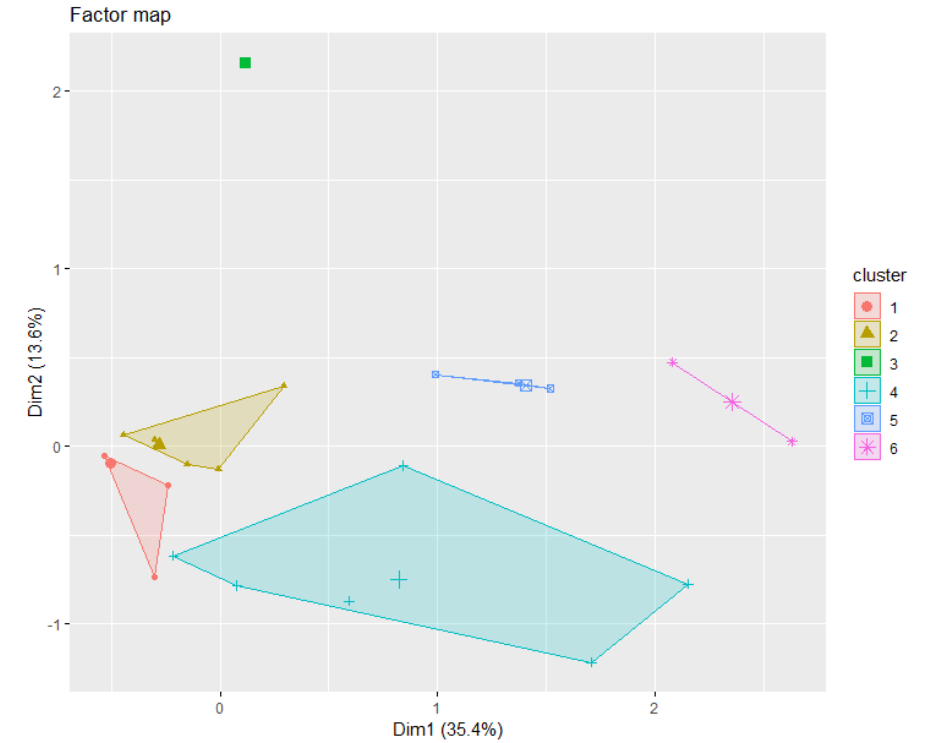
- Période de dispersion
- Stade dispersif
- Dispersion active ou passive
- Locomotion juvénile ou adulte
- Existence d'une migration obligatoire



Groupes de bioagresseurs obtenus par une classification hiérarchique (HCPC) 1 : pucerons ; 2 : autres insectes ; 3 : champignons pathogènes



Groupes de champignons pathogènes obtenus par une classification hiérarchique (HCPC) 1 : dispersion eau et vent ; 2 : dispersion par les semences ; 3 : dispersion par d'autres facteurs / non connus



Groupes d'insectes (non pucerons) obtenus par une classification hiérarchique (HCPC) 1 : taille moyenne (1 à 10mm) se dispersant uniquement par le vent ; 2 : grande taille (10 à 80mm) capables de se disperser en volant ; 3 : taille moyenne se déplaçant en marchant et en volant ; 4 : organismes pouvant se disperser par le vent ; 5 : dispersion uniquement par la marche ; 6 : individus non ailés et de petite taille (0.1mm à 5mm)



CONCLUSION

- ✓ Pas vraiment de méthodes "révolutionnaires" ou très innovantes
- ✓ Une synthèse complète des méthodes existantes, de leurs avantages / inconvénients et de leurs domaines d'application
- ✓ Une base de réflexion pour la conception de programmes de recherche visant à comprendre les processus de dispersion des bioagresseurs des cultures légumières dans le paysage



PERSPECTIVES

- ✓ Un ou plusieurs territoires
- ✓ Un ensemble de bioagresseurs d'un même système de culture représentant plusieurs types de dispersion
- ✓ Une étude de basée sur la combinaison de méthodes d'étude adaptées à chaque type

Capture-marquage-recapture



Piégeage

Modélisation



...

Génétique des populations



MERCI DE VOTRE ATTENTION

